

# **DOKTORI ÉRTEKEZÉS**

**Lepres Luca Annamária**

**Gödöllő**

**2026**



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

**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  
EKKE, 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

.....

Csákiné Prof. Dr. Michéli Erika

Az iskolavezető jóváhagyása

.....

Dr. Geml József

A témavezető jóváhagyása

.....

Dr. Táncsis András

A témavezető jóváhagyása

## Tartalom

1. Bevezetés .....	5
2. Célkitűzések .....	6
3. Irodalmi áttekintés .....	8
3.1 A szőlőnövény mikrobiomját befolyásoló biotikus és abiotikus tényezők .....	8
3.1.1 Abiotikus tényezők .....	9
3.1.1.1 Talaj .....	9
3.1.1.2 Szél és eső, mint a szőlőültetvények mikrobiális cseréjének meghatározó tényezői .....	9
3.1.1.3 Szezonális változás hatásai a szőlőnövény részeinek mikrobiom-dinamikájára .....	10
3.1.2 Biotikus tényezők .....	10
3.1.2.1 A szomszédos növényzet és a növényi genotípus szerepe a szőlőültetvények mikrobiális közösségeinek alakításában .....	10
3.1.2.2 Rovarok, mint vektorok .....	11
3.1.2.3 Antropogén hatás a szőlőültetvények mikrobiális közösségeire .....	11
3.2 Tájélemek és konnektivitás szerepe a szőlőültetvények mikrobiális közösségeinek terjedésében és stabilitásában .....	12
3.3 A szőlő és a termesztett gyümölcsfajok közötti kórtani kapcsolatok .....	13
3.3.1 A szőlő korai tőkeelhalása .....	14
3.3.1.1 Botrioszfériás elhalás .....	15
3.3.1.2 Eutipás elhalás .....	16
3.3.1.3 Esca komplex .....	16
3.3.1.4 Fomopsziszos elhalás .....	17
3.3.1.5 Feketelábúság .....	18
3.3.2 A gyümölcsfák fás betegségei és azok kapcsolata a szőlő korai tőkeelhalásával .....	18
3.4 Core mikrobiom: a növények mikrobiális ujjlenyomata .....	20
3.5 Indikátorfajok: az ökoszisztéma állapotának jelzői .....	21
3.6 A növényi mikrobiom vizsgálata <i>DNS metabarcoding</i> technika alkalmazásával .....	22
4. Anyag és módszer .....	24
4.1 A vizsgált növények bemutatása .....	24
4.1.1 Szőlő ( <i>Vitis vinifera L.</i> ) .....	24
4.1.2 Kajsziarack ( <i>Prunus armeniaca L.</i> ) .....	25
4.1.3 Körte ( <i>Pyrus communis L.</i> ) .....	26
4.1.4 Gyepűrózsa ( <i>Rosa canina L.</i> ) .....	27
4.1.5 Kőkény ( <i>Prunus spinosa L.</i> ) .....	28
4.2 Mintavételi területek .....	29

4.3	Mintavétel és mintavételi stratégia .....	31
4.4	DNS-kivonás, PCR és szekvenálás .....	32
4.5	Bioinformatikai feldolgozás .....	33
4.6	Statisztikai elemzések.....	34
5.	Eredmények és azok megbeszélése .....	36
5.1	A gombák fajgazdagságának és abundanciájának mintázatai a levél- és fás szövetekben .....	37
5.2	A gombaközösségek összetételét meghatározó tényezők a levelekben és a fás szövetekben: gazdanövény kontra környezeti tényezők.....	40
5.3	A cserjések közelségének hatása a szőlő gombaközösségeire .....	45
5.4	<i>Rosaceae</i> fajok, mint potenciális inokulumforrások a szőlőtermesztésben .....	47
5.4.1	Közös növénypatogén gombák a vizsgált növényekben.....	47
5.4.2	GTD-t okozó kórokozók jelenléte a vizsgált növényekben .....	48
5.5	Évjárat hatás a levél- és fás minták mikrobiális közösségeiben.....	50
5.6	A vizsgált növények <i>core</i> mikrobiom meghatározása és összehasonlítása .....	51
5.7	Indikátor fajok a vizsgált növényekben.....	58
5.8	A fás szövetek gombaközösségeinek szezonális dinamikája .....	61
5.8.1	Kora tavasz (március).....	61
5.8.2	Nyár eleje (június).....	61
5.8.3	Ősz (szeptember).....	62
6.	Következtetések és javaslatok.....	63
7.	Új tudományos eredmények .....	66
8.	Összefoglalás .....	67
9.	Summary .....	70
10.	Mellékletek .....	72
11.	Köszönetnyilvánítás .....	157

## 1. BEVEZETÉS

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 kutatásom során tájleptéki megközelítést alkalmaztam, mivel a mikrobiális közösségek összetétele nemcsak lokális szinten, hanem térben és időben is dinamikusan változik. E mintázatokat olyan tényezők alakítják, mint az élőhely-fragmentáció, a vegetációs szukcesszió vagy az emberi beavatkozások, például a művelési ágak változása. Vizsgálataim során összehasonlítottam a különböző gazdanövényekhez kötődő gombaközösségeket, a termőhelyek és mintavételi időpontok hatásait, valamint feltártam a növényekben előforduló közös kórokozók jelenlétét is. A modern mikroökológiai elemzési eszközök, mint a közösségi struktúra elemzés, a *core* mikrobiom meghatározás és az indikátor fajok vizsgálata lehetővé tették ezen komplex kapcsolatrendszerek feltárását, és új távlatokat nyitnak a fenntartható szőlőtermesztés ökológiai alapjainak megértésében.

Az értekezés témáját az alábbi közlemények adják:

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.

## 2. CÉLKITŰZÉSEK

Doktori kutatásom középpontjába a szőlő, valamint annak szomszédságában termesztett és őshonos gyümölcstermő 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 osztozhatnak-e közös, gazdasági jelentőségű kórokozókban.

Mivel a szőlő Magyarország egyik legfontosabb kultúrnövénye, kutatásom egyik kiemelt célja a tőkeelhalásos betegségeket (*Grapevine Trunk Diseases, GTDs*) okozó gombák jelenlétének vizsgálata a tájmozaikban együtt élő más gyümölcstermő 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.

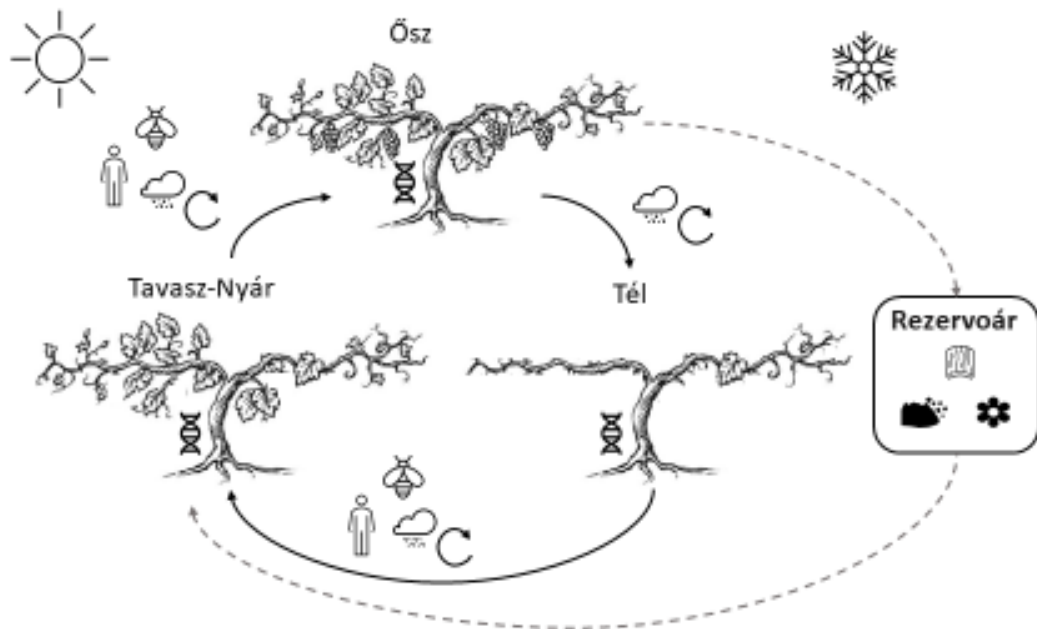
Összefoglalva a célkitűzéseim a következők:

1. Annak meghatározása, hogy a gombaközösségek alakulását elsősorban abiotikus (termőhely, szezonális, évszak) 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 oszthatnak-e közös, gazdasági jelentőségű patogéneket
4. A szőlő tökeelhalásos 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

### 3. IRODALMI ÁTTEKINTÉS

#### 3.1 A szőlőnövény mikrobiomját befolyásoló biotikus és abiotikus tényezők

A szőlőültetvények mikrobiomját folyamatosan alakítják a térbeli és időbeli változások, valamint a biotikus és abiotikus tényezők összetett kölcsönhatásai (PANCHER et al. 2012, ZARRAONAINDIA et al. 2015, CASTAÑEDA et al. 2018, MOLNÁR et al. 2022, LEAL et al. 2024) (1. ábra). Az éghajlati és időjárási viszonyok döntően befolyásolják, hogy a szőlő fejlődési szakaszai hogyan ismétlődnek évről évre, hogyan alakul a termőterület változatossága, és miként fejlődnek, illetve cserélődnek a szőlő és környezete között élő mikroorganizmusok. Számos potenciális rezervoár, például a talaj, a szőlőtőke kérge és a szomszédos növények biztosítanak áttelelő élőhelyet a szőlőhöz társuló gombák és baktériumok számára (KNIEF et al. 2010, MARTINS et al. 2012, BOKULICH et al. 2014). A mikrobiális szaporodást és terjedést tovább befolyásolják az emberi tevékenységek, a rovar interakciók és az időjárási események, különösen a tavaszi, nyári és őszi vegetációs időszakokban. A különböző természetű növényfajok mikrobiomja és a közeli vegetációban található környezeti mikrobiális rezervoárok közötti kapcsolatok azonban alig ismertek (COMPANT et al. 2011, BERG et al. 2014). A továbbiakban ezen tényezők szőlőnövény mikrobiomjára gyakorolt hatását részletezem.



1. ábra: A szőlőültetvény mikrobiomját alakító biotikus és abiotikus tényezők Forrás: GRIGGS et al. (2021) alapján fordítva és módosítva.

### **3.1.1 Abiotikus tényezők**

#### **3.1.1.1 Talaj**

A tudományos megközelítésekben sokáig a talaj számított a növényi felszíneken előforduló mikrobioták legfőbb forrásának és elsődleges rezervoárjának (MARTINS et al. 2013, ZARRAONAINDIA et al. 2015, WAGNER et al. 2016). A feltételezeten talajból származó mikroorganizmusok jelen vannak mind a szőlő, mind más növények endoszférájában és filloszférájában is (COMPANT et al. 2008, MORRISON-WHITTLE és GODDARD 2015, ZARRAONAINDIA et al. 2015, COLEMAN-DERR et al. 2016, WAGNER et al. 2016). Noha az átadás iránya nehezen állapítható meg, a filloszféra és a talaj mikrobiotáinak hasonlóságát magyarázhatja a szőlőültetvény mikrobiotájának gyakori keveredése szél és eső révén. Ezek a természetes erők különböző mértékben juttatják el a talajhoz kötődő mikroorganizmusokat (MADDEN 1997, BOWERS et al. 2011, BOCK et al. 2012, ALBRIGHT és MARTINY 2018) és lehetővé teszik azok kétirányú cseréjét a talaj és a növényi felszín között (MADDEN 1997).

#### **3.1.1.2 Szél és eső, mint a szőlőültetvények mikrobiális cseréjének meghatározó tényezői**

A szél és az eső valószínűleg a szőlőültetvényekben zajló mikrobiális csere fő abiotikus mechanizmusai (GRIGGS et al. 2021). A szőlő endoszférájába a föld feletti szerveken keresztül is bejuthatnak mikroorganizmusok, ami patogenezishez vezethet. Például a *Botrytis cinerea* gyakori gombás, szél által terjedő kórokozó, amely a virágokra jutva látens endofita fertőzősként van jelen a fejlődő szőlőtőkékben (HAILE et al. 2017). A gombapatogének a metszési sebek révén is bejuthatnak, és többfajú betegségkomplexekben fordulhatnak elő, mint például az esca esetében (MORALES-CRUZ et al. 2018). A levegő mikroorganizmusokkal telített, amelyek aeroszolokban szállítódnak (WOMACK et al. 2010) és regionális, illetve kontinentális léptékben légáramlatok révén terjednek (KELLOGG és GRIFFIN 2006, SCHMALE és ROSS 2015). Regionális léptékben a közeli felszín feletti légkör mikrobiális közösségei a földhasználat (pl. városi kontra mezőgazdasági) és az évszak (pl. növényi növekedéshez kapcsolódva) szerint strukturálódnak (BOWERS et al. 2013, GRIGGS et al. 2021). Ezenkívül a szél szerepet játszik a filloszféra-mikrobiomok beoltásában, mivel azok kezdetben tükrözik a helyi levegőbeli mikrobiomokat (MAGNIEN et al. 2014). Ültetvény szinten a szél és az eső méteres nagyságrendben képes gombapatogéneket (és más mikrobákat) terjeszteni egyes növények és a talaj között (MADDEN 1997, BOCK et al. 2012, MAHAFFEE és STOLL 2016, HAILE et al. 2017). Például a *Botryosphaeriaceae* fajok konídiumai eső (vagy öntözés) hatására a piknidiumokból kiszabadulnak, majd az esőcseppek fröccsenésével – széllel kiegészülve akár több méterre is – terjednek, terjedésük mértékét pedig az eső intenzitása és mennyisége határozza meg (SHAFI et al. 2015).

### **3.1.1.3 Szezonális változás hatásai a szőlőnövény részeinek mikrobiom-dinamikájára**

Az ültetvény egy ciklikusan változó rendszer, amelyben a növények fenológiai fejlődése és az ahhoz kapcsolódó mikrobiom előre jelezhető szezonális pályát követ. A szőlő télen nyugalmi állapotban van, tavasszal pedig a hajtások jelennek meg vegetatív struktúrákkal, megelőzve a virágokat és a gyümölcsöt. A levelek és a gyümölcs szerkezete és funkciója a szezon során folyamatosan változik, ami meghatározó tényező a mikrobiom szerkezetének alakulásában. A gazdanövény morfológiai átalakulásai nyomást gyakorolnak a mikrobiótára, amelyet a közösségi szukcesszió és a mikroba–mikroba kölcsönhatások tovább formálnak (GRIGGS et al. 2021). A szőlő levelein és gyümölcsén található mikrobiom esetében különösen jól megfigyelhetők a szezonális változások és a növényi kompartmentek közötti eltérések (LEVEAU és TECH 2011, MARTINS et al. 2012, MORRISON-WHITTLE és GODDARD 2015, ZARRAONAINDIA et al. 2015). E mintázatok évről évre ismétlődnek, bár helyspecifikus hatások is kimutathatók. Mivel a vegetációs időszak elején a levélfelszíni mikrobiális közösségek hasonlóak, később azonban eltérő irányt vesznek, amit a gazdálkodási gyakorlatok (MARTINS et al. 2012), valamint a mikroba–mikroba kölcsönhatások is befolyásolnak (AGLER et al. 2016). A környezeti tényezők és a gazdanövény genotípusa együttműködve gazdagíthatják bizonyos „központi” mikrobák jelenlétét, amelyek a további közösségi összetételt is meghatározzák (AGLER et al. 2016). A korai kolonizálók különösen fontosak, mivel képesek módosítani a növényfelszín fizikai tulajdonságait, illetve olyan metabolitokat termelni, amelyeket más mikroorganizmusok hasznosítanak, ezzel alakítva a közösség későbbi szerkezetét (BODENHAUSEN et al. 2014, CHAPPELL és FUKAMI 2018, TOJU et al. 2018). Ennek eredményeként a szőlő levélfelszíni mikrobiomja szezonálisan ismétlődő pályát követ, amelynek jellegzetessége az  $\alpha$ -diverzitás csökkenése és a  $\beta$ -diverzitás növekedése a különböző gazdák között (PINTO et al. 2014). Ezzel szemben a fás részek mikrobiomját a szezonális tényezők kevésbé befolyásolják, mivel azok szerkezetileg stabilabbak, hosszabb élettartamúak, évszaktól függetlenül jelen vannak és eltérő ökológiai szerepet töltenek be (TANUNCHAI et al. 2022).

### **3.1.2 Biotikus tényezők**

#### **3.1.2.1 A szomszédos növényzet és a növényi genotípus szerepe a szőlőültetvények mikrobiális közösségeinek alakításában**

A növény genotípusa által irányított mikrobiális szimbioták bevonása befolyásolhatja a lokális mikrobiális közösség összetételét, amely tükrözi a szőlőfajták, takarónövények, gyomok és más helyi növényzet genetikai keverékét. A szomszédos növények olyan mikrobioták rezervoárjai lehetnek, amelyek már alkalmazkodtak a filloszféra kihívásaihoz, például az UV-sugárzáshoz, míg a szőlőültetvények gyomnövényei olyan endofita mikrobiotákat hordoznak, amelyek összetételét

a gazdanövény genotípusa határozza meg (BULGARELLI et al. 2015, SAMAD et al. 2017). A szél és más, helyspecifikus vektorok szabályozhatják a filloszféra-mikrobioták keveredésének mértékét a „szomszédságon” belül, helyszíntfüggő módon. Esetlegesen egyes borászok a helyi növényzetet a *terroir* jellemzőjeként említik, és ismert, hogy a szomszédos növényekből származó molekulák a borban is kimutathatók (POITOU et al. 2017).

### **3.1.2.2 Rovarok, mint vektorok**

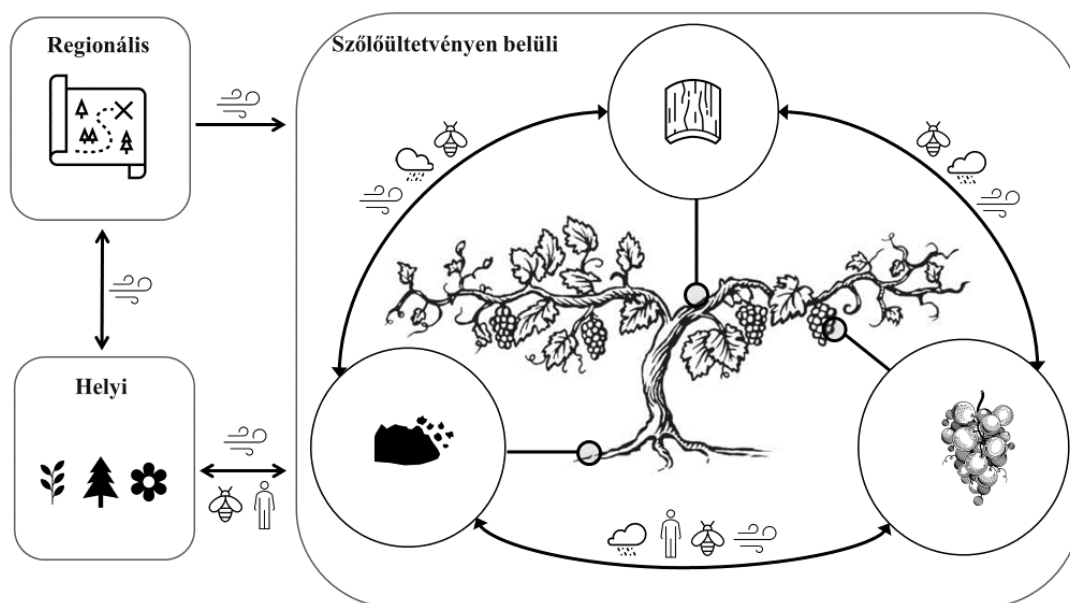
A rovarok szintén közvetíthetnek mikrobiotákat az endoszférába. A szőlő esetében jó példa a *Xylella fastidiosa*, a Pierce-betegség kórokozója (BHOWMICK et al. 2016, LÓPEZ-FERNÁNDEZ et al. 2017) vagy a szőlő arany színű sárgaság fitoplazma betegség kórokozója (BELLI et al. 2010), melyet kabócák (*Cicadellidae*) terjesztenek (BELLI et al. 2010, LÓPEZ-FERNÁNDEZ et al. 2017). Egyre több bizonyíték támasztja alá, hogy a rovarok kulcsszerepet játszanak a szőlőültetvények mikrobiomjának alakításában, különösen az élesztők terjesztésében. A muslicák (*Drosophilidae*) kulcsszerepet játszanak a szőlő savanyú rothadásáért felelős mikroorganizmusok, köztük az élesztők és ecetsavbaktériumok terjesztésében, mivel sebzett bogyókon közvetítik a fertőzést és elősegítik a betegség kialakulását (BARATA et al. 2012). Brandenburg és munkatársai (2024) a rovarok szerepét vizsgálták a szőlő tökeelhalásos betegségeit okozó kórokozók terjesztésében. Eredményeik szerint a *Phaeomonilla chlamydospora* jelen volt a közönséges fülbemászók (*Forficula auricularia*) testén, és a mikrobiom-elemzések megerősítették a gomba exoskeletonon való jelenlétét. A kutatás arra utal, hogy az aranyos fülbemászók potenciális vektorként járulhatnak hozzá a kórokozók szőlőültetvényekben történő terjedéséhez. Összeségében tehát a rovarok, mint vektorok mind térben, mind időben biztosítják a mikrobiális populációk fennmaradását. Mely meghatározó a levél- és bogyófelület közösségeinek szezonális kialakulásában (CHAPPELL és FUKAMI 2018, TOJU et al. 2018).

### **3.1.2.3 Antropogén hatás a szőlőültetvények mikrobiális közösségeire**

Az emberi tevékenységek – például a növényvédelmi kezelések, különösen a fungicidek alkalmazása – közvetlen hatással vannak a szőlő mikrobiomjára, miközben szelekciós nyomásuk révén hosszabb távú hatásokkal is járhatnak, amelyek a növényhez kötődő fitopatogén populációkat is érinthetik (AGARBATI et al. 2019, SPITZMÜLLER et al. 2026). Az antropogén beavatkozások továbbá közvetett módon is befolyásolhatják a mikroorganizmusok terjedését, többek között, a rovarirtó szerek használata, a lombkorona-művelési gyakorlatok, a szőlőültetvényekben dolgozók (akik potenciális vektorként működhetnek) valamint más, a mikrobiális vektorokra és a mikroklímára ható művelési eljárások révén. Több tanulmány is rámutatott arra, hogy a különböző művelési rendszerek eltérő mikrobiális közösségekkel járnak

együtt (BEVIVINO et al. 2014, MORRISON-WHITTLE et al. 2017, CASTANEDA et al. 2018, GIRALDO-PEREZ et al. 2021), ezeknek az eredményeknek a megbízhatóságát korlátozza, hogy a legtöbb vizsgálat nem vette figyelembe a parcellák közötti különbségeket és a helyszíni sajátosságokat (GRIGGS et al. 2021). Griggs és munkatársai (2021) szerint emiatt a jövőbeli kutatásokban elengedhetetlen, hogy a művelési gyakorlatok hatásának elemzése során kontrollálják a parcellahatásokat és a helyszíni variabilitást.

### 3.2 Tájelemek és konnektivitás szerepe a szőlőültetvények mikrobiális közösségeinek terjedésében és stabilitásában



2. ábra: Mikrobióták terjedési útvonalai a szőlőültetvényben. Forrás: GRIGGS et al. (2021) alapján fordítva és módosítva.

A környező táj szintén rezervoárként szolgálhat a szőlőültetvények mikrobiális kolonizátorai számára, amelyeket a szél vagy rovarok közvetíthetnek (GRIGGS et al. 2021) (2. ábra). A *Saccharomyces* élesztőfajok (HYMA és FAY 2013, DASHKO et al. 2016) és számos más gomba nemzetség (FORT et al. 2016) megoszlását is bizonyították már a környező erdők és a szőlőültetvények között. Hasonlóképpen, a vad *Vitis* fajok az ültetvényeket körülvevő kezeletlen élőhelyeken rezervoárjai lehetnek jótékony és patogén mikrobiotáknak egyaránt, amelyeket rovarok közvetíthetnek az élőhelyek között, így a szőlőültetvény és a környező növényzet között is (BAUMGARTNER et al. 2005, KERNAGHAN et al. 2017). Helyi léptékben a diszperziós korlátok hatásai nyilvánvalók, ugyanakkor a tájelemek meghatározóbb szerepet játszanak a mikrobiális terjedési mintázatok alakításában a légáramlatokkal kölcsönhatásban. Ezek a mintázatok megjelennek az ültetvények között és tájléptékben is (MEENTEMEYER et al. 2012),

de kisebb, gazdasági szinten is kimutathatók, például ültetvényeken belüli gradiens formájában (THEOFEL et al, 2020) vagy a mikroorganizmusok eltérő eloszlásában (MADDEN 1997, BOCK et al. 2012, MAHAFFEE et al. 2016). Például az *Erysiphe necator* (a szőlő lisztharmatának kórokozója) helyi szél általi terjedését befolyásolja a táj konnektivitása és heterogenitása (MEENTEMEYER et al. 2012), mivel a szélterjedés képes helyi léptékben összekapcsolni a mikrobiális ökoszisztémákat, vagyis több különálló mikrobiomot egy nagyobb földhasználati rendszeren belül, így a mikrobiális diszperziót a tájelemek és a földhasználat is alakíthatja. Egy ültetvény konkrét elhelyezkedése, elrendezése és tájléptékű jellemzői szezonálisan stabil mikrobiomokat eredményezhetnek, valamint évről évre stabil diszperziós mintázatokat alakíthatnak ki az ültetvényeken belül és között, finoman befolyásolva a mikrobioták cserearányát a talaj, a növények és a környező légtér között (GRIGGS et al. 2021).

### **3.3 A szőlő és a termesztett gyümölcsfajok közötti kórtani kapcsolatok**

Számos tanulmány foglalkozott már a szőlő és a rózsafélék családjába tartozó gyümölcsfák – például az almatermésűek és a csonthéjasok – közös fás megbetegedést okozó gombakórokozóival, amelyek a szőlő korai tőkeelhalását is okozzák (CLOETE et al. 2011, DAMM et al. 2008, GUARNACCIA et al. 2022). Az ilyen vizsgálatok kiemelt jelentőségűek, mivel a közös kórokozók nemcsak a szőlőültetvényekben, hanem a gyümölcsösökben is komoly gazdasági károkat okozhatnak, így a fertőzési források és a terjedési utak feltárása alapvető a hatékony növényvédelmi stratégiák kidolgozásához (GRAMAJE et al. 2016, 2018). Ezen túlmenően a kórokozók ökológiai kapcsolatrendszerének megértése hozzájárulhat a fenntartható termesztési rendszerek kialakításához, valamint a fajok közötti átviteli kockázat mérsékléséhez (JAT et al. 2021). Ezért a továbbiakban áttekintem a szőlő korai tőkeelhalásának legfontosabb jellemzőit, valamint bemutatom, hogy a korábbi kutatások mely gyümölcsfajok esetében tártak fel összefüggést a szőlőtőkeelhalást és a gyümölcsfák fás betegségeit okozó gombafajok között.

### 3.3.1 A szőlő korai tőkeelhalása

A szőlő korai tőkeelhalását okozó betegségek a nemzetközi szakirodalomban *Grapevine Trunk Diseases* (GTDs) néven ismert betegségcsoportot alkotják, és napjainkban a szőlőültetvények egyik legjelentősebb növény-egészségügyi problémájának számítanak (KENFAOUI et al. 2022). A tőkeelhalásos betegségek súlyosságát egyrészt a tőkék hosszú távú életképességére gyakorolt hatásuk, másrészt a világszerte jelentős gazdasági károkat okozó következményeik adják, amelyek az ültetvények termőképességének fokozatos csökkenésében és korai pusztulásában nyilvánulnak meg. Más, a szőlőt érintő gombás betegségekkel – például a lisztharmattal (*Erysiphe necator*) vagy a peronoszpórával (*Plasmopara viticola*) – szemben a szőlőtőke-elhalás (GTD) elleni védekezés mind az oltványtermesztők, mind a borszőlőtermesztők számára komoly kihívást jelent, elsősorban a betegség összetett és kiszámíthatatlan lefolyása miatt (MUGNAI et al. 1999, BERTSCH et al. 2013, GRAMAJE 2018). Gyakran előfordul, hogy amikor a szőlőtőkén megjelennek az első levéltünetek, a fás részek belsejében már súlyos károsodás zajlott le (CALZARANO et al. 2004). A helyzetet tovább nehezíti, hogy a leveleken jelentkező tünetek rendszertelenül, sokszor kiszámíthatatlan módon tűnnek fel, különösen az esca-komplex betegségeknel. Előfordulhat például, hogy egy tőkén az egyik évben látványos tünetek mutatkoznak, míg a következő évben teljesen eltűnnek, amit a környezeti, éghajlati és műveléstechnológiai tényezők együttese befolyásol (MARCHI et al. 2006, SOSNOWSKI et al. 2011, VAN NIEKERK et al. 2011). Különösen nehézé teszi a betegség elleni védekezést az eltérő hosszúságú látens időszak, azaz a tünetek gyakran csak több évvel a fertőzés után jelentkeznek. Mely tényező nagymértékben megnehezíti a betegség időben történő felismerését és a hatékony beavatkozást (BERTSCH et al. 2013). A szőlő korai tőkeelhalását számos, taxonómiaileg eltérő gombafaj okozza, amelyek képesek megtelepedni a szőlőtőkék fás részeiben. Ezek a kórokozók hasonló tüneteket, járványtani jellemzőket és gazdasági károkat idéznek elő és világszerte megtalálhatóak valamennyi szőlőtermő régióban (MONDELLO et al. 2018). 2018-ig világszerte 133 gombafajt azonosítottak a GTD-hez kapcsolódóan, amelyek 34 különböző nemzetségbe tartoznak. Habár ezek közül nem mindegyik esetében sikerült a Koch-posztulátumok maradéktalan teljesítésével kísérletileg igazolni a patogenitást. Ez arra utal, hogy bár e fajok jelenléte gyakran korrelál a tünetekkel, nem minden esetben bizonyított az oki szerepük a betegség kialakulásában (GRAMAJE 2018). További kihívásokat jelent, hogy a szőlő törzsbetegségeinek etiológiája az elmúlt években egyre összetettebbé vált, mivel számos új gombás kórokozó jelent meg és került leírásra (GRAMAJE et al. 2018), például Magyarországon a *Neofabraea kienholzii* és *Kalmusia longispora* fajokat (LENGYEL et al. 2020, KARÁCSONY et al. 2021) és Iránban a *Biscogniauxia rosacearum*-ot (BAHMANI et al. 2021) írták le. A fertőzés legfőbb bejutási pontjai a metszési sebek, de a kórokozók mechanikai sérüléseken vagy fagyás okozta repedéseken

keresztül is behatolhatnak. A gombák a szőlőtőke faszövetében terjednek, ahol korhadást idéznek elő, amely végül a növény fokozatos pusztulásához vezet. Az elhalt szövetekben képződő termőtestek spórái csapadék jelenlétében a szél segítségével szóródnak szét, újabb fertőzéseket indítva el (ROLSHAUSEN és KIYOMOTO 2012). Egy tanulmány megállapította, hogy a *Botryosphaeriaceae* két fajának konídiumai egyetlen esőzés során akár 2 m-re is elszóródhatnak az inokulum forrástól (AMPONSAH 2009). Ezenkívül számos, GTD-t okozó gombás kórokozóról is beszámoltak, amelyek rákosodást és elhalást okoznak számos fás évelő növénykultúrában (CARTER 1991, GRAMAJE et al. 2016). Ennek megfelelően bebizonyosodott, hogy ezek közül néhány gazdanövény elsősorban szőlőültetvények közelében, de az *Eutypa lata* esetében akár 50 km-nél is távolabb a szőlőtermő területektől is fertőzésforrásként szolgálhat (RAMOS 1975, PETZOLDT et al. 1983).

A tőkeelhalásos betegségek összefoglaló név alatt több betegségcsoportot különböztetünk meg, melyek megkülönböztetésének alapját elsősorban jellegzetes tünetegyütteseik adják. A következőkben röviden összefoglaltam az öt fő betegségcsoport jellemző tüneteit, a fő kórokozókat és a fertőzés dinamikáját, amelyek alapján a tőkeelhalásos betegségek elkülöníthetők egymástól.

### **3.3.1.1 Botrioszfériás elhalás**

A botrioszfériás elhalás világszerte elterjedt (SMART 2015). A *Botryosphaeriaceae* család fajait sokáig nem hozták kapcsolatba a szőlő korai tőkeelhalásával, csupán szaprofitának vagy másodlagos kolonizáló szervezetnek tekintették ezeket a fajokat, 2006-ig a *Botryosphaeria* nemzetséghez tartozóan 13 szőlőben előforduló patogén fajt azonosítottak (ÚRBEZ-TORRES et al. 2006). A különböző borvidékekről leggyakrabban izolált fajok közé tartozik a *Diplodia seriata* (CASTILLO-PANDO et al. 2001), a *Diplodia mutila* (TAYLOR et al. 2005), a *Neofusicoccum parvum*, a *Neofusicoccum luteum* (CROUS et al. 2006), a *Neofusicoccum australe* (SLIPPERS et al. 2004), a *Botryosphaeria dothidea* (SLIPPERS et al. 2007), valamint a *Lasiodiplodia theobromae* (ÚRBEZ-TORRES 2010). A *Botryosphaeriaceae* család fajai gyakran látens patogénekként viselkednek, és sok esetben nem mutatnak szigorú gazdaspecifitást. A gazdanövényhez való affinitásukat jelentős mértékben a környezeti tényezők befolyásolják (HRYCAN et al. 2020). Számos tanulmány szerint a tünetek megjelenése különböző gazdanövényeknél gyakran egybeesik az aszályos időszakokkal vagy más extrém környezeti eseményekkel (SLIPPERS és WINGFIELD 2007, BATISTA et al. 2021, GARBELOTTO 2024). A betegség tünetei közé tartoznak a rügelhalás, a hajtások visszaszáradása, a levelek hervadása, a kéreg alatt megjelenő barnulás és a vízszállító szövetek részleges elzáródása. Ezek a folyamatok

hosszú távon a tőkék fokozatos pusztulásához és az ültetvény élettartamának csökkenéséhez vezethetnek (BILLONES-BAAIJENS és SAVOCCHIA 2019, MORET et al. 2024). A *Botryosphaeria dothidea* és más fajok a *Botryosphaeriaceae* családban sokáig sebzéseken keresztül fertőző kórokozókként voltak számontartva. Az elmúlt néhány évtized során azonban ezeket a gombákat elsősorban endofitaként ismerték fel, amelyek egészséges fás növényi szöveteket fertőznek meg, és nyugalmi állapotban maradnak egészen addig, amíg valamilyen stresszhatás be nem következik (FISHER et al. 1993, SMITH et al. 1996, SLIPPERS és WINGFIELD 2007).

### 3.3.1.2 Eutipás elhalás

Az eutipás elhalást a *Diatrypaceae* család 24 faja okozhatja (TROUILLAS et al. 2010, LUQUE et al. 2012, PITT et al. 2013, ROLSHAUSEN et al. 2014), ezek közül a legvirulensebb és leggyakoribb az *Eutypa lata* (CARTER 1991), amely az egyetlen faj, amelyről ismert, hogy levéltüneteket okoz (TROUILLAS és GUBLER 2010). Ez a kórokozó többféle élő mezőgazdasági növényen is előfordulhat, többek között szőlőn, almatermésűeken és csonthéjas gyümölcsfákon (CARTER 1991, MUNKVOLD 2001, MOYO et al. 2018). A fertőzés során a gomba a tőke belső szöveteiben, elsősorban az érrendszerben terjed, ennek következtében nekروزis alakul ki, amely a növény fejlődésének visszamaradását okozza. A fertőzött szőlőtőkéken megfigyelhető tünetek közé tartozik a barnás, szektoros elhalás a fás részekben, valamint a hajtásnövekedés gyengülése. A betegség azonban hosszú lappangási időszakot követően válik csak láthatóvá, ami megnehezíti a fertőzés korai felismerését és a fajták fogékonyságának pontos megítélését. Az *E. lata* olyan enzimeket termel, amelyek lebontják a sejtfalat, ezzel károsítva a szállítószöveteket. Emellett fitotoxikus vegyületei a növényi nedvekkel a levelekbe is eljutnak, ahol torzulásokat és gyenge fejlődést okoznak (TEY-RULH et al. 1991, MOLYNEUX et al. 2002, MAHONEY et al. 2005, ROLSHAUSEN et al. 2014). A levéltünetek a fertőzés után 3–8 évvel jelenhetnek meg (CARTER 1978, TEY-RULH et al. 1991) és évről évre változhatnak (SOSNOWSKI et al. 2007). A törpe hajtások fürtjei egyenetlenül érnek, kicsik és súlyos esetekben a bogyók összezsugorodnak és elhalnak (GRAMAJE et al. 2018).

### 3.3.1.3 Esca komplex

Az esca különösen Európában okoz komoly károkat (SMART 2015). Ez egy összetett betegség, amelyet legalább három gombafaj jelenléte okoz, melyek leggyakrabban a *Phaeoconiella chlamydospora*, *Phaeoacremonium aleophilum* és a *Fomitiporia mediterranea* (GRAMAJE et al. 2018). A kórokozók a faszövetben lokalizálódnak, kisebb arányban az éves hajtásokban, de sosem találhatóak meg a levelekben, ahol a tünetek jelentkeznek. A *Phaeoconiella*, *Phaeoacremonium*

fajok és a *F. mediterranea* egyenként történő vagy együttes inokulációja nem befolyásolja a faszövetben előforduló tünetek mértékét (SPARAPANO et al. 2000). A *Phaeoacremonium* nemzetség tagjait szőlőtőkékéből rendszeresen izolálják függetlenül attól, hogy azok mutatnak-e tüneteket, de számos fás gazdanövény betegségeit társították már világszerte (DI MARCO et al. 2004, AROCA és RAPOSO 2009). A *Phaeoacremonium* fajok a *Petri-betegség*, a pusztító szőlőtőkebetegségek (tőkeelhalás, ágelhalás), valamint a fiatal szőlőtőkék pusztulásának kórokozói (MOSTERT et al. 2006a). Előfordulásuk tünetmentes egyedekben arra utal, hogy hosszabb lappangási idővel vagy szubletális hatással rendelkeznek, és a szövetekben opportunistá módon telepednek meg (LARIGNON és DUBOS 1997, HALLEEN et al. 2007). A szőlőn rendszerint együtt fordulnak elő más, fatestet kolonizáló gombákkal, például a *Phaeomoniella chlamydospora*, *Fomitiporia mediterranea* vagy a *Stereum hirsutum* fajokkal, amelyek együttes jelenléte a fás részek betegségeit, mint például az esca-szindrómát eredményezhetik (MUGNAI et al. 1999, FISCHER 2002). Halleen és munkatársai (2007) feltételezték, hogy ezek a gombák önmagukban nem képesek betegséget okozni, hanem más gombákkal együtt, szinergikus módon vesznek részt a betegségkomplexben. Az esca kétféle módon jelenhet meg, Az egyik a krónikus formája az úgynevezett szőlőlevél csíkozottság betegség (*grapevine leaf stripe disease*). A fertőzött tőkék levéltünetei a szakirodalom szerint igen változatosak: száradás, lehullás, vörösödés és sárgulás (LECOMTE et al. 2012). A legjellemzőbb levéltünet ebben a formában a „tigriscsíkos” levélfoltosság (SURICO 2009). Az akut vagy apoplektikus forma, a teljes növény, vagy egy kordonkar rész, illetve több hajtás hirtelen elhervadásával jellemezhető. A levéltünetek közé tartozik a perzselődés, lehullás és összeszáradás. Gyakran figyelhető meg a szőlőfürtök száradása is (MUGNAI et al. 1999). Mindkét esca forma levéltünetei a késő tavasz vagy nyár folyamán jelennek meg és évről évre változhatnak, hasonlóan az eutipás elhalás levéltüneteihez (GRAMAJE et al. 2018).

#### **3.3.1.4 Fomopsziszos elhalás**

A fomopsziszos elhalás tüneteinek nagymértékben hasonlítanak a botrioszfériás elhalás tüneteinek. Jellemzőek a szőlővesszők fás részein kialakuló többéves rákos elváltozások, valamint a fertőzött hajtások rügyeinek kihajtás-elmaradása (ÚRBEZ-TORRES et al. 2013). Jelenleg hét, a *Diaporthe* nemzetségbe tartozó faj ismert, amely a szőlő fás részeit képes megfertőzni (BAUMGARTNER et al. 2013, ÚRBEZ-TORRES et al. 2013). Ezek közül a fomopsziszos vesszőelhalást leggyakrabban a legvirulensebb faj, a *Diaporthe ampelina* okozza, amely az Egyesült Államokban *Phomopsis cane and leaf spot*, míg Európában *excoriose* (fomopsziszos betegség) néven ismert (PHILLIPS 1998, 2000, ÚRBEZ-TORRES et al. 2013).

### 3.3.1.5 Feketelábúság

A feketelábúság egy viszonylag újonnan leírt betegség, melyek főleg a fiatal szőlőket fertőzik. Kórokozóiként eddig a *Campylocarpon*, *Cylindrocladiella*, *Dactylonectria*, *Ilyonectria*, *Neonectria* és *Thelonectria* nemzetségekhez tartozó 24 faj is kimutatásra került (AGUSTÍ-BRISACH et al. 2014, LOMBARD et al. 2014, CARLUCCI et al. 2017). A betegség fekete, besüppedt, elhalt (nekrózisos) foltokról ismerhető fel a gyökereken, valamint a tőkék törzsének alsó részén látható vörösesbarna elszíneződésről. A kéreg eltávolításakor a gyökéralapról kiinduló fekete elszíneződés és faszöveti nekrosis figyelhető meg, amely a fiatal tőkék pusztulását okozza (HALLEEN et al. 2006).

### 3.3.2 A gyümölcsfák fás betegségei és azok kapcsolata a szőlő korai tőkeelhalásával

Több tanulmány foglalkozott a gyümölcsfák és egyéb fás szárú évelő növények fás részeit érintő betegségek vizsgálatával, melyek a „*Fungal Trunk Diseases*” (FTDs) kifejezést használják a fás részek különféle megbetegedéseinek leírására (GUARNACCIA et al. 2022). E betegségek külső és belső tünetei főként különféle gombás szervezetek behatolásának következményeként alakulnak ki, amelyek közvetlenül vagy közvetve károsítják és elzárják a növények szállítószöveteit. Ezek a kórokozók gyakran metszési sebek, sérülések vagy sztomák (gázcserenyílások) révén jutnak be a növénybe. Ennek hatására különféle tünetek, például rákos elváltozások, ágrészek elhalása, illetve a fatest korhadása jelenhet meg, amelyek idővel a terméshozam és minőség csökkenéséhez vezethetnek. Hasonlóan a szőlő tőkeelhalásos betegségekhez az érintett részek a gyümölcsfák esetében is fokozatosan pusztulnak el, és akár évekbe is telhet, mire a belső fatest károsodása olyan mértékűvé válik, hogy az gyümölcsfa elpusztul (MUGNAI et al. 1999, BROWN-RYTLEWSKI és MCMANUS 2000, LALANCETTE és ROBINSON 2001, SLIPPERS és WINGFIELD 2007, VAN NIEKERK et al. 2011).

Dél-Afrikában több kutatás is vizsgálta a szőlő és a gyümölcsfák fás megbetegedéséért felelős kórokozóit és a betegség tüneteit. A leírások szerint ott gyakori, hogy gazdaságilag nem jövedelmező alma- és körteültetvényeket gyakran szőlővel váltják fel. Ugyancsak gyakori, hogy a csonthéjas gyümölcsösöket a szőlőültetvények közvetlen közelébe telepítik (DAMM et al. 2008, CLOETE et al. 2011). A dél-afrikai almatermő fák elhalásos vagy rákos tüneteiből izolált gombák közé tartozik a *Chondrostereum purpureum* és a *Diaporthe ambigua* (SMITS et al. 1996, CROUS et al. 2006). A *Botryosphaeria ribis* és a *Leucostoma personii* (elhalásos tünetekből), valamint *Schizophyllum commune* (törzskorhadásos tünetekből) almatermő fákból, míg *Diplodia seriata* körtefákból lett izolálva (CROUS et al. 2006). A csonthéjas gyümölcsfák esetében világszerte számos gombanemzetség ismert, amely törzsbetegségeket okoz. Ezek közé tartozik a *Botryosphaeria*, *Chondrostereum*, *Diplodia*, *Eutypa*, *Leucostoma*, *Neonectria*, *Neofabraea*,

*Neofusicoccum*, *Phomopsis* és *Valsa* (GLAWE et al. 1983, JONES and ALDWINKLE 1991, KANEMATSU 2002, SLIPPERS et al. 2007). Számos törzspatogén, például az *Eutypa lata*, *Phomopsis* fajok és a *Botryosphaeriaceae* család tagjai kozmopolita elterjedésűek (CARTER et al. 1983, MURALI 2006, SLIPPERS et al. 2007), míg más kórokozók, például a *Phaeoconiella chlamydospora* és a *Phaeoacremonium* fajok pontos gazdanövényei nem ismertek. Viszont számos *Phaeoacremonium* fajt más gazdanövényekről, különösen csonthéjas gyümölcsfajokról is izoláltak. A *Pm. griseorubrum* kivételével minden ismert *Phaeoacremonium* fajt, amelyet *Prunus* fán kimutattak, korábban már szőlőtőkéből is izolálták (GROENEWALD et al. 2001, MOSTERT et al. 2006b). Damm és munkatársai (2008, 2010) 14 különböző *Phaeoacremonium*- és 4 *Phaeoconiella* fajt mutattak ki csonthéjas gyümölcsfákból. Kanadában (HAUSNER et al. 1992) és Dél-Afrikában (MONSTER et al. 2006a) is jelentették a *Phaeoacremonium aleophilum*-ot (*T. minima*) kajszibarackról (*Pr. armeniaca*) és cseresznyéről (*Pr. pennsylvanica*) is. A *Ph. parasiticum*-ot a tünetes kajszibarackfákból izolálták Tunéziában (HAWKSWORTH et al. 1976). Rumbos (1986) a *Pm. parasiticum*-ot a vadcserecsznye (*Pr. avium*) súlyos ágelhalásos betegségének okozójaként írta le Görögország különböző részein. Számos cseresznyefajtát találtak fogékonynak a betegségre, amely levélhullást, hervadás és a faszövet elszíneződését okozta. Az egyik gyümölcsösben, ahol a gomba szoros kapcsolatban állt a kéregbogarakkal (*Scolytidae*) és a fémcsapó bogarakkal (*Buprestidae*), a fák többsége megbetegedett és elpusztult. A *Pm. parasiticum* cseresznye-, kajszibarack-, olajbogyó- és őszibarackfákon okozott xilémsérüléseket (RUMBOS 1986). A *Togninia minima* fajt a *Vitis* és a *Prunus* fajokon is megtalálták Dél-Afrikában (MOSTERT et al. 2006b) és megállapították, hogy lehetséges, hogy ez a kórokozó egyik gazdanövényről a másikra is képes terjedni. Cloete és munkatársai (2011) megállapították, hogy a törzspatogének jelenléte az idős alma- és körte ültetvényekben hosszú távú veszélyt jelenthet az ezek közelében telepített fiatal szőlőültetvényekre, mivel ezek a régi fák potenciális inokulumforrást jelenthetnek. Az alma- és körtefák fás részein megfigyelt tünettípusok hasonlóak voltak azokhoz, amelyeket Van Niekerk és munkatársai (2011) a szőlő törzsbetegségeinél leírtak. Néhány faj – például *Pr. brasiliense*, *Pr. variable*, *Phomopsis theicola* és *Pm. iranianum* – csupán egy-egy tünettípushoz kapcsolódott, de előfordulásuk nem volt elég gyakori ahhoz, hogy egyértelmű összefüggést lehessen megállapítani közöttük és a tünetek között. Az ék alakú nekrotikus tünetek túlnyomó jelenléte arra utalt, hogy nagy számban lehettek jelen a *Botryosphaeriaceae* család tagjai vagy az *E. lata*, mivel ez a tünettípus korábban is gyakran társult ezekkel a kórokozókkal a szőlőn (MOLLER és KASIMATIS 1978, VAN NIEKERK et al. 2004). E tünettípusból valóban nagy számban sikerült *Botryosphaeriaceae* tagokat izolálni a körte- és almafákból (CLOETE et al. 2011). Egy közelmúltbeli, a *Botryosphaeriaceae* családot vizsgáló tanulmány is kimutatta (DAMM et al. 2007), hogy a *Prunus* fajok igen gazdag

„csapdanövényként” szolgálnak sok ilyen gombafaj számára. Ez a jelenség a fitopatogén aszkomikóták (tömlősgombák) esetében gyakoribb lehet, mint azt korábban feltételezték, mivel több faj a *Botryosphaeriaceae*, *Cryphonectriaceae* és *Valsaceae* családokból is kimutatható volt gyümölcsfák ágaiból, törzseiből, és más közeli fás növényekre is átterjedt (ADAMS et al. 2005, 2006, CROUS et al. 2006, GRYZENHOUT et al. 2006, DAMM et al. 2007).

Damm és munkatársai (2008) szerint a csonthéjas gyümölcsültetvényeket a szőlőtőkebetegségek potenciális inokulumforrásainak kell tekinteni. E kórokozók patogén vagy szaprofitikus fennmaradása a gyümölcsösökben komoly következményekkel járhat a szőlőültetvények betegségeinek kezelésében, különösen azokon a területeken, ahol a szőlőültetvényeket gyümölcsfák közvetlen közelében telepítették. Ennek különös jelentősége van a vegyes ültetvények vagy a különböző kultúrák térbeli közelsége esetén, mivel a csonthéjas gyümölcsösök inokulumforrásként szolgálhatnak a szomszédos szőlőültetvények számára is. A metszési sebek és más sérülések, amelyek gyakoriak a szőlő- és gyümölcstermesztés során, potenciális belépési kapuként szolgálhatnak e patogének számára (DAMM et al. 2008).

### **3.4 Core mikrobiom: a növények mikrobiális ujjlenyomata**

A növényi mikrobiom – különösen a rizoszférában élő mikrobák – kulcsszerepet játszanak a növények egészségének fenntartásában, biotikus és abiotikus stresszekre adott válaszaikban (TOJU et al. 2018, WANG et al. 2023). A génszekvenálási technológiák fejlődése lehetővé tette a növényekhez kapcsolódó mikrobiomok szerkezetének és funkcióinak részletes feltérképezését (TOJU et al. 2018). A kutatások azt mutatják, hogy a növényeket nem véletlenszerűen kolonizálják a mikrobák, hanem mikrobiomtípusokba sorolhatók, melyek egy adott növényfaj populációján belül visszatérően megfigyelhetők (TOJU et al. 2018). Ezek a típusok nemcsak a növényfajtól (BULGARELLI et al. 2015, EDWARDS et al. 2015, MARASCO et al. 2018) hanem a mezőgazdasági gyakorlatoktól is függhetnek (EDWARDS et al. 2015, HARTMAN et al. 2018). Emellett egyre nagyobb kutatási érdeklődés mutatkozik a növényekkel kapcsolatos betegségeket okozó mikroorganizmusok iránt, és azonosítottak néhány, a növényegészségügyre kedvezően ható specifikus mikroflórát (WANG et al. 2023).

Ezzel párhuzamosan egyre hangsúlyosabbá vált a *core* mikrobiom koncepciója, amely tág értelemben azokat a mikroorganizmusokat – illetve genomikus vagy funkcionális jellemzőiket – jelöli, amelyek tartósan jelen vannak egy adott gazdaszervezetben vagy környezetben. Ezt a stabil mikrobiális közösséget gyakran a különböző mintákban közös taxonok alapján határozzák meg, ugyanakkor gyakorlati definíciójára még nem alakult ki egységes módszertan (TOJU et al. 2018). A fogalom később kibővült és a kutatások eltérően értelmezik: a *core* mikrobiom tagok általában olyan fajok, amelyek térbeli elterjedtségük, időbeli állandóságuk, ökológiai szerepük vagy a

gazdaszervezet működéséhez való hozzájárulásuk révén kiemelkedő jelentőségűek (RISELY 2020).

A *common core* a gazdapopuláción belül legelterjedtebb mikrobiális taxonokat jelöli, amelyeket általában egy előre meghatározott előfordulási küszöbérték alapján azonosítanak (30–95 %) (HUSE et al. 2012, AINSWORTH et al. 2015). Léteznek fejlettebb megközelítések is, amelyek nemcsak az előfordulási gyakoriságot, hanem abundanciát és béta diverzitáshoz való hozzájárulást is figyelembe vesznek (SHADE és STOPNISEK 2019), illetve térbeli eloszlásokat és abiotikus tényezőkkel való kapcsolatokat is vizsgálnak (HAMADY et al. 2010, THOMAS et al. 2019). A *common core* hasznos eszköz a mikrobiomok strukturális mintázatainak vizsgálatára, fajspecifikus mikrobiális ujjlenyomatként szolgálhat és segít a fajok ökológiája és mikrobiomja közti kapcsolatok feltárásában (MOELLER et al. 2014, NISHIDA és OCHMAN 2018).

### **3.5 Indikátorfajok: az ökoszisztéma állapotának jelzői**

Az indikátorfajok olyan élőlények, amelyek jelenléte, hiánya vagy gyakorisága értékes információt nyújt egy közösség, élőhelytípus vagy környezeti állapot jellemzésére és változásainak kimutatására (DE CÁCERES et al. 2010). Az indikátorfaj-elemzés (*Indicator Species Analysis*, ISA) módszerét Dufrene és Legendre (1997) vezette be, amely egy faj relatív abundanciáját és előfordulását vizsgálja annak megállapítására, mennyire szoros a kapcsolata előre meghatározott csoportokkal. Az asszociáció erősségét randomizációs tesztekkel értékelik, és az ISA akkor mutat magas értékeket, ha egy faj egyszerre nagyobb abundanciával és gyakrabban fordul elő ugyanabban a csoportban (SEVERNS és SYKES 2020). Ez a megközelítés például hasznos lehet a potenciális kórokozók körének szűkítésére (BAKKER 2008).

Az indikátorfajok meghatározása alapvetően két vagy több csoport összehasonlítását igényli. A csoportok lehetnek különböző helyszínek, egyazon helyszínen belüli kezelési módok, vagy eltérő időpontban végzett mintavételezések. A szignifikáns indikátorok azonosítása mindig a vizsgálat skálájától és tipológiai szintjétől függ (DUFRENE és LEGENDRE 1997, HESS et al. 2006). A helyszíncsoport-kombinációk figyelembevétele növeli az elemzés rugalmasságát, mivel részletesebb képet ad az élőhely-preferenciákról, és lehetővé teszi, hogy különválasszuk az adott közösségtípust jellemző fajokat azoktól, amelyek inkább átmeneteket jeleznek (DE CÁCERES et al. 2010).

Zacharias és Roff (2001) két fő indikátorfaj-csoportot különböztetnek meg, Az „összetétel-indikátorok” egy adott élőhely, közösség vagy ökoszisztéma jelenlétét jelzik, míg az „állapot-indikátorok” inkább annak állapotára utalnak, A különbség főként abban rejlik, hogy az összehasonlítás élőhelyek között vagy egy adott élőhelyen belül történik (ZACHARIAS és ROFF 2001, BAKKER 2008).

Az indikátorfajok alkalmazása például a növényi mikrobiom vizsgálatokban lehetőséget ad a gazdanövény-specifikus közösségek elkülönítésére. Ugyanakkor a módszerek megvannak a korlátai is: egyetlen faj vagy szűk fajcsoport nem képes az ökológiai integritás minden dimenzióját átfogóan reprezentálni (CARIGNAN és VILLARD 2002). Ezért az eredményeket mindig úgy kell értelmezni, hogy azok csak részleges képet nyújtanak a teljes ökológiai változatosságról (BAKKER 2008).

### **3.6 A növényi mikrobiom vizsgálata *DNS metabarcoding* technika alkalmazásával**

A növényi mikrobiom, vagyis a növényekhez kötődő baktériumok, gombák és egyéb mikroorganizmusok közössége kulcsfontosságú szerepet játszik a növények egészségében, fejlődésében és a fenntartható termelésben. A mikrobiom pontos feltérképezése elengedhetetlen a növényi ökológiai folyamatok, a kórokozó-dinamikák és a termesztési gyakorlatok hatásainak megértéséhez (FITZPATRICK et al. 2020). A rendelkezésre álló technikák azonban nagymértékben befolyásolják a vizsgálatok hatékonyságát. A hagyományos tenyésztési módszerek hátránya, hogy a gyorsan növekvő gombák túldominálják a lassan növekvőket, továbbá számos faj izolálása kifejezetten nehéz (MORALES-CRUZ et al. 2018).

Az újgenerációs szekvenálás (*Next Generation Sequencing – NGS*) forradalmasította a genomikai kutatásokat (GOODWIN ET AL. 2016). Az NGS és a DNS-vonalkódolás kombinációja a *DNS-metabarcoding* technika, amelynek „meta” előtagja a különböző fajokból származó vonalkód-szekvenciák összességére utal (STAATS et al. 2016). A gombák molekuláris azonosításában legszélesebb körben használt szakasz az ITS (*internal transcribed spacer*) régió, amelyet több mint két évtizede alkalmaznak nagy fajközi változékonysága, többkópiás jellege és konzervált primerhelyei miatt. Az ITS1 és ITS2 régiók általában jó felbontást biztosítanak a fajok közötti, sőt olykor a fajon belüli szinten is (BLAALID et al. 2013). A *DNS-metabarcoding* során a szekvenálás mindkét irányban (5'→3' és 3'→5') történik, amely növeli a szekvencia minőségét, lehetővé teszi polimorfizmusok észlelését, valamint kiküszöböli a szekvenálási hibákat. A kétirányú szekvenálás eredményeként létrejött adatok megbízhatósága és pontossága jelentősen javul, ami precízebb taxonómiai azonosítást tesz lehetővé (ELBRECHT et al. 2018, PORTER és HAJIBABAEI 2018). A *DNS-metabarcoding* technika egyik legnagyobb előnye, hogy kultúrafüggetlen, vagyis olyan mikroorganizmusokat is azonosít, amelyek hagyományos tenyésztési módszerekkel nem izolálhatók. Emellett lehetővé teszi komplex mikrobiális közösségek egyidejű, kvantitatív jellemzését közvetlenül a környezeti mintákból (TABERLET et al. 2012). A módszer alapja a konzervált genetikai markerek (pl. 16S rDNS baktériumok, ITS régió gombák, rps10 gén oomicéták esetében) amplifikációja és nagy átérésztőképességű szekvenálása (WHITE et al. 1990, JANDA és ABBOTT 2007, SAPKOTA és NICOLAISEN 2015, RIIT et al. 2016, FOSTER et al.

2022). A kapott szekvenciákat gondozott, szakmailag ellenőrzött adatbázisokkal vetik össze, így lehetővé válik az ismert és korábban nem jellemzett taxonok azonosítása (SUDERMANN et al. 2024).

Számos szekvenálási platform alkalmas metabarkódolásra. Ezek jelentősen eltérnek az olvasatok hosszában, a hibaarányokban, a szekvenálás mélységében és az egy mintára jutó költségben, amelyek mind figyelembe veendőek a célzott mikroorganizmusok vizsgálata előtt (LATZ et al. 2022). Minél hosszabbak a barkódok, annál nagyobb a potenciál a taxonómiai vonalak elkülönítésére, de a metabarkódolást jellemzően rövid olvasatú szekvenálási technológiával végzik, mivel ezek nagyobb olvasatmennyiséget és alacsonyabb hibaarányt biztosítanak (SUDERMANN et al. 2024). A legnépszerűbb második generációs technológia, az Illumina *sequencing-by-synthesis* platform, nagy pontosságú olvasatokat biztosít alacsony költségek mellett, rendkívül nagy átírási képességgel, de az olvasatok hossza 150–300 bp között van. Az Illumina azonban lehetőséget biztosít páros végű (*paired-end*) szekvenálásra is a hosszabb DNS-*fragments* mindkét végéről. Az olvasatpárokat a közepén átfedő bázisok összeillesztésével lehet egyesíteni, így akár 550 bp hosszúságú szekvenciákat is előállíthatunk (SUDERMANN et al. 2024).

A *DNS-metabarcoding* technika tehát drasztikusan felgyorsította a biológiai sokféleség azonosításának folyamatát (COISSAC et al. 2012, TABERLET et al. 2012). Alkalmazása különösen ígéretes a szőlőtermesztésben, mivel lehetővé teszi a tőkék gyökér- és levélmikrobiomjának, valamint a talajmikrobiom összetételének feltárását, továbbá a *terroir* specifikus mikrobiális jellegzetességek azonosítását (LEAL et al. 2024). A módszer jelentősége abban is megmutatkozik, hogy képes egyetlen mintában számos, egyidejűleg jelenlévő kórokozó, így például a GTD-t okozó gombák kimutatására, amelyek gyakran más, a faszövetet kolonizáló fajokkal együtt fordulnak elő (AGLER et al. 2016, MORALES-CRUZ et al. 2018, GEIGER et al. 2022).

## 4. ANYAG ÉS MÓDSZER

### 4.1 A vizsgált növények bemutatása

#### 4.1.1 Szőlő (*Vitis vinifera* L.)

A szőlő (3. ábra) a szőlőfélék (*Vitaceae*) családjába tartozik, amely mintegy 60, egymással termékenyülni képes vad *Vitis*-fajt foglal magába. Ezek elterjedési területe Ázsiára, Észak-Amerikára és Európára terjed ki szubtrópusi, mediterrán, valamint mérsékelt kontinentális éghajlaton (PÉROS et al. 2023). A nemzetség fajai közül gazdasági szempontból kiemelkedő jelentősége a *V. vinifera*-nak van, míg néhány észak-amerikai faj – például a *V. rupestris*, *V. riparia* és *V. berlandieri* – elsősorban alanyként kerül alkalmazásra a szőlőkórokozókkal vagy kártevőkkel, többek között a filoxérával, a lisztharmattal és a peronoszpórával szembeni ellenálló képességük miatt. A ma széles körben termesztett fajták túlnyomó többsége, amelyet gyümölcs-, must- és elsősorban bortermelésre használnak, a *V. vinifera* L. *subsp. vinifera* (vagy *sativa*) csoportba tartozik, amely a vad *V. vinifera* L. *subsp. sylvestris* [(Gmelin) Hegi] alakjaiból származtatható (THIS et al. 2001, SEFC et al. 2003, CRESPIAN 2004). A szőlő házasítása feltehetően Kr. e. 7–4. évezred között történt a Fekete-tenger és Irán közötti térségben (MCGOVERN et al. 2003, HARRIS 2024). A termesztett formák ezt követően az emberi közvetítés révén elterjedtek a Közel-Kelet, a Közép-Kelet és Közép-Európa területén, amelyek másodlagos házasítási központokként szolgálhattak (GRASSI et al. 2003, TERRAL et al. 2010). A *Vitis vinifera* így az egyik legősibb kultúrnövénynek tekinthető, amelynek vad ősfarmái napjainkban is fennmaradtak (OLMO 1996).

Botanikai szempontból a *V. vinifera* egy gyors növekedésű, liánszerű faj, amely kedvező körülmények között elérheti a 12–15 méteres magasságot (AOUEY et al. 2016). Levelei váltakozó állásúak, tenyeresen tagoltak, három–öt karéjjal, szív alakú alappal és durván fogazott széllel. A levéllemez felszíne fényes sötétzöld, fonáka világosabb árnyalatú és többnyire szőrtelen. A növény kacsok segítségével kapaszkodik, hajtásai a szár kauláris csúcsából fejlődnek, internódiumokra tagolódnak, és a fejlődés során fokozatosan fásodnak. Gyökérzete rendszerint 2–5 méter mélyre hatol a talajba, de bizonyos esetekben a 12–15 métert is elérheti. Termése a bogyó, közismert nevén szőlő, amely a vad alakokban kisebb méretű, gömbölyű vagy tojásdad, sötétkék vagy viaszbevonatos világos színű. A termesztett változatok ezzel szemben jóval nagyobbak (akár 3 cm hosszúak), és színük a zöldtől a pirosig, illetve a liláig terjed (PARIHAR és SHARMA 2021).



3. ábra: Szőlő

#### **4.1.2 Kajsziбарack (*Prunus armeniaca* L.)**

A kajsziбарack (4. ábra) a rózsafélék családjába tartozó, közepes termetű gyümölcsfa, amely 4–12 méter magasra is megnőhet. Koronája széles és terjedelmes, levelei széles tojásdad alakúak, rendszerint szíves vállból erednek, kihegyezettek, 2–3-szorosan fűrészes szélűek. Virágai a lombfakadás előtt, tavasszal nyílnak, fehérek vagy halvány rózsaszínűek (TÓTH 1997). Termése gömbölyű vagy kissé lapított, 3–6 cm átmérőjű, héja bársonyos tapintású, sárga vagy narancssárga, gyakran pirossal fedett. Húsa lédús, édes-savanykás és aromás, egy nagy, lapos magot rejt. A kajsziбарack gyümölcse az egyik legértékesebb és legsokoldalúbban hasznosítható gyümölcs (TÓTH 1997).

Őshonos elterjedési területe nem teljesen tisztázott a kiterjedt őskori termesztés miatt, de általánosan Kína északi, északnyugati és északkeleti tartományait, valamint Koreát és Japánt tekintik a faj eredeti hazájának. Ma széles körben termesztik Euráziában és Amerikában, másodlagos diverzitási központjai Közép-Ázsiában, a Kaukázusban, Iránban, kisebb mértékben Dél-Európában és az USA déli részén találhatóak (LIM 2012).

Magyarországon a török hódoltság idején kezdték a kajsziбарack termesztését, majd a 16. századtól rendszeresen említik a korabeli írásos források. Népies nevei sokfélék: kajszi, kajsziбарack, sárgabarack, tengeribarack, majombarack. A kajszi hazai elterjedése a 19. század közepén vett nagy lendületet, amikor az Alföld befásítására tett erőfeszítések részeként széles körben telepítették, gyakran szőlőültetvények közé. Bár az 1950-es években létesített nagyüzemi ültetvények egy része nem optimális termőhelyre került, a kiskertekben továbbra is sikeresen

termesztették ezt a gyümölcsöt. Dr. Entz Ferenc, a szabadságharc honvéd főorvosa és pomológus szerint „Európában Magyarország a kajszibarack igazi hazája” (SURÁNYI és MOLNÁR 1981, SURÁNYI 2003).



4. ábra: Kajszibarack

#### 4.1.3 Körte (*Pyrus communis* L.)

A körte (5. ábra) közepes vagy nagytermetű lombhullató fa, amely 4–15 méter magasra is megnőhet, koronája széles és elterülő, gyakran szabálytalan formájú. Levelei tojásdad vagy elliptikus alakúak, 5–12 cm hosszúak, fűrészszélűek, felszínük fényes zöld, fonákjuk világosabb. Virágai áprilisban nyílnak, fehérek vagy halvány rózsaszínűek, 2–3 cm átmérőjűek, tömegesen jelennek meg a rövid hajtásokon, és rovarok által történő beporzásra specializálódtak, bár bizonyos fajták öntermékenyek is lehetnek. Almatermése jellegzetesen körte alakú, változó méretű (5–10 cm hosszú, 4–7 cm széles), héja sima, sárga, gyakran pirossal fedett, húsa lédús, édes-savanykás, aromás, és több magot tartalmaz. Gyümölcse frissen fogyasztva, valamint feldolgozott formában egyaránt értékes (BRITTON et al. 1913, QUINET és WESEL 2019).

A *Pyrus* nemzetség a harmadidőszakban alakult ki Nyugat-Kínában, ahol a körte házasítása is megkezdődött, majd Kis-Ázsián keresztül terjedt el Európába, Észak-Amerikába és Japánba. Elsődleges házasítási központjai Kína, valamint a Közel-Kelet és a Kaukázus hegysége, míg másodlagos diverzitási központjai Közép-Ázsia és Dél-Európa, Európában fő termesztési területei Franciaország, Olaszország, Németország, Spanyolország és Magyarország. Kereskedelmi szempontból a körte európai és ázsiai csoportokra osztható: az előbbieket hosszúkásabbak, telt,

húsos állagúak, míg az utóbbiak szemcsés textúrájúak és kerekdedek. A körte a világ egyik legfontosabb gyümölcse, legnagyobb termelője Kína (BAJAJ 2012).

Az európai nemesítés a *P. communis* és *P. nivalis* fajtákból indult ki. A közönséges európai körte genetikai állományában más fajok, például *P. eleagrifolia*, *P. spinosa*, *P. nivalis* és *P. syriaca* hatása is kimutatható, míg a *P. nivalis* több mint 400 éve szolgál bortermelésre Nagy-Britanniában és Franciaországban (BRITTON 1913, SILVA et al. 2014, QUINET és WESEL 2019).



5. ábra: Körte

#### 4.1.4 Gyepűrózsa (*Rosa canina* L.)

A gyepűrózsa (6. ábra), közismert nevén csipkerózsa vagy vadrózsa, a *Rosa* nemzetségbe tartozó hermafrodita cserjefaj, amely Magyarország teljes területén őshonos (ALMÁSI et al. 2005). A *Rosa* nemzetség több mint száz fajt foglal magában, amelyek az északi félteke mérsékelt és szubtrópusi övezeteiben fordulnak elő (KRUSSMAN 1981). A gyepűrózsa széles ökológiai tűrőképességének köszönhetően világszerte elterjedt (YAZICI 2024). Fajnevét a latin *caninus* („kutyához tartozó”) szóból eredeztetik, amely a római kori orvoslás hagyományaihoz kapcsolódik: a növényt egykor a veszett kutya harapásának kezelésére alkalmazták, bár e feltételezés farmakológiai megalapozottságát a modern vizsgálatok nem támasztják alá (ALMÁSI et al. 2005). Magyarországon a *R. canina* elsődlegesen vadon gyűjtött gyógynövényként hasznosul, gyakorlati szempontból egységes taxonként kezelve. Botanikai értelemben azonban gyűjtőfajnak (*species aggregatum*) tekintendő, amely számos, morfológiai bélyegek alapján elkülöníthető mikrofajt és alfajt foglal magában (BERNÁTH 2000).

A faj május és július között virágzik (KUTBAY és KILINC 1996). Bár öntermékeny, nagy virágai a rovarbeporzáshoz alkalmazkodtak, így a kereszteződés gyakori (UGGLA 2004). Termései, a csipkebogyók, egyedül vagy 2–15 darabos fürtökben fejlődnek. Ezeket – csakúgy, mint a friss virágokat – széles körben hasznosítják az élelmiszer-, a kozmetikai és a gyógyszeriparban (USER 1967). A csipkebogyók télen is a bokron maradnak, így fontos táplálékforrást jelentenek a vadon élő állatok számára, és hozzájárulnak a biológiai sokféleség fenntartásához (BILIR 2011). Ökológiai jelentősége elsősorban erőteljes gyökérzetéből és széles koronájából adódik, amelyek révén javítja a talaj vízmegtartó képességét, védi a talajfelszínt, és mérsékli az eróziót. Emellett indikátorfajként is funkcionálhat különböző környezeti feltételek jellemzésében (OZKAN és BILIR 2008).



6. ábra: Kőkény és gyepúrózsa egymás mellett, az általam vizsgált cserjés társulásban

#### 4.1.5 Kőkény (*Prunus spinosa* L.)

A kőkény (6. ábra) 1–5 méter magasra növe, sűrűn elágazó, lombhullató cserje, amelynek hajtásai gyakran tüskévé módosulnak, kérge sötétszürke színű. Levelei kisméretűek, 2–5 × 1–2 cm nagyságúak, váltakozó állásúak, obovális–lándzsás alakúak, szélük finoman fogazott, felszínük matt zöld. Virágai fehérek, 1–1,7 cm átmérőjűek, amelyek a levelek megjelenése előtt, március és május között nyílnak. Termése 1–1,5 cm átmérőjű, gömbölyű, kékesfekete csonthéjas termés, amelynek zöldes, erősen fanyar húsa nehezen választható el a magtól. A gyümölcsök ősszel érnek, ugyanakkor gyakran a téli hónapokban is a növényen maradnak (ERNST 1969, VAN WYK 2005).

A faj természetes elterjedési területe Dél- és Közép-Európa jelentős részére kiterjed, az Ibériai-félsziget déli felét kivéve (MORTIMER et al. 2000). Élőhelyei jellemzően erdősélek, napos sziklás lejtők, szurdokok, folyóvölgyek, rétek és legelők, ahol az alacsony síkságoktól a hegyvidékig előfordul (MORTIMER et al. 2000, KELCEY és MÜLLER 2011). A kökény a cserjések egyik fő alkotóeleme, különösen az erdők és gyepek határán kialakuló ökotonokban, ahol gyakran másodlagos szukcessziós fajként jelenik meg elhagyott réteken vagy legelők szélén. Társulásai gyakran más cserjefajokkal, például a *Rosa*, *Rubus*, *Prunus* és *Cornus* nemzetségek tagjaival, valamint a madárbirs (*Euonymus europaeus*), a galagonya (*Crataegus monogyna*) és a közönséges fagyal (*Ligustrum vulgare*) fajokkal együtt alakulnak ki (KELCEY és MÜLLER 2011).

A teljesen érett gyümölcsök bár fanyar ízűek, fogyaszthatók, és széles körben hasznosítják feldolgozott formában (VAN WYK 2005). A kökényt gyakran díszcserjeként is ültetik, különösen sövényként. Ugyanakkor a faj agronómiai szempontból kockázatot is hordoz, mivel természetes gazdanövénye és potenciális rezervoárja lehet több, gazdaságilag jelentős kórokozónak (İLBAĞI et al. 2008, RODRIGUES és FONSECA 2003). Vad állományai elősegíthetik különféle gyümölcsvírusok (például a Sharka, a *dwarf virus*, a *necrotic ring spot virus*, valamint a *chlorotic leaf spot virus*) és gombás betegségek (pl. *Taphrina pruni*) fennmaradását és terjedését, amelyek a termesztett gyümölcsfajokat – például az őszibarackot, a szilvát és az almát – is veszélyeztethetik (SALAMON és PALKOVICS 2002, RODRIGUES és FONSECA 2003, İLBAĞI et al. 2008).

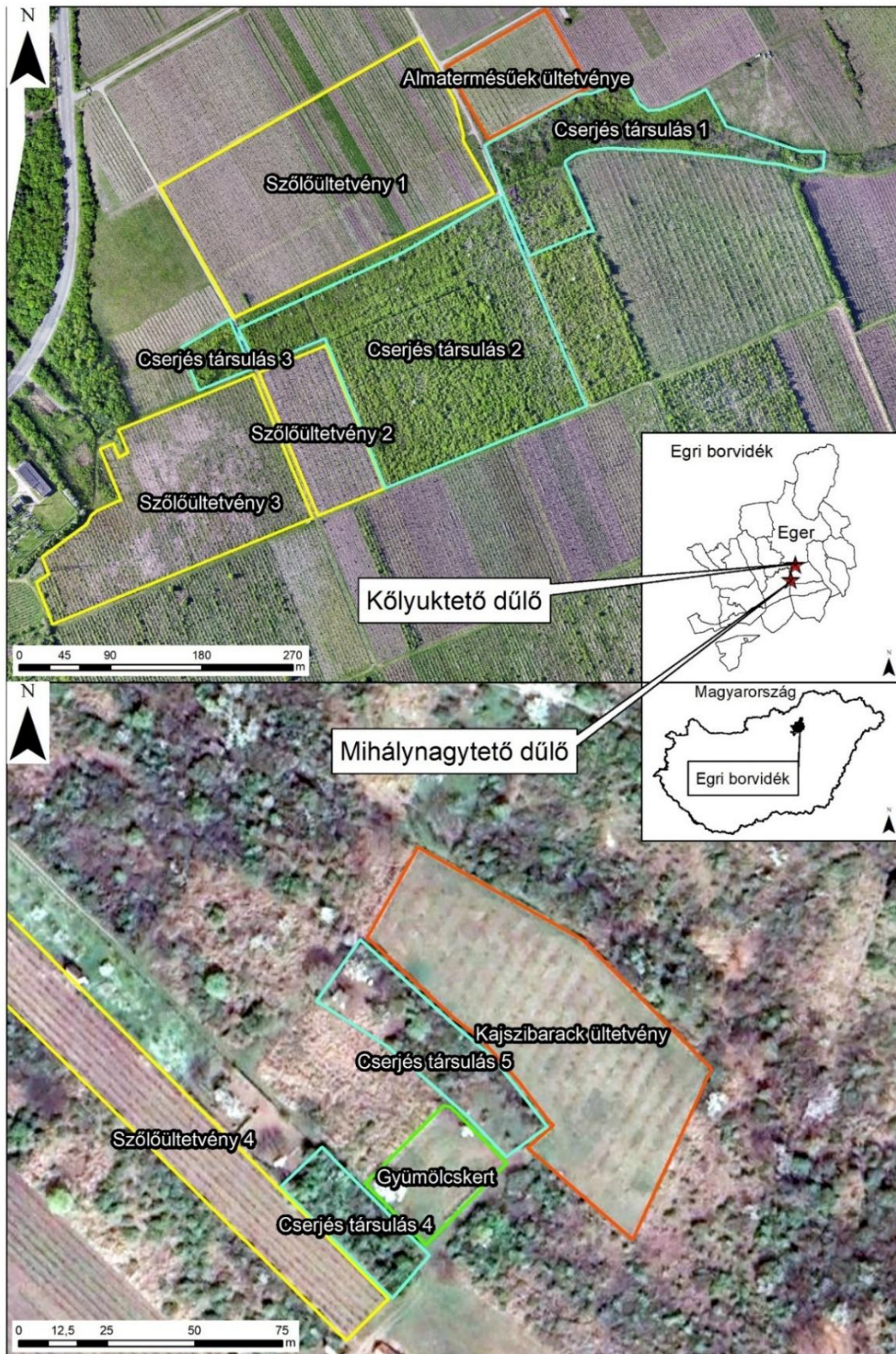
#### 4.2 Mintavételi területek

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) (7.ábra).

A borvidék a Bükk-hegység déli lábánál terül el, körülbelül 5600 hektárnyi termőterülettel, így Magyarország harmadik legnagyobb borvidéke a Kunsági és a Mátrai borvidék után (KSH 2023). A hűvös klímájú területen jellegzetes alapkőzetként a riolittufa, talaj tekintetében pedig az agyagos barna erdőtalaj változatai dominálnak (BÁLÓ et al. 2014).

A kutatási területek Eger város peremén helyezkednek el, elsősorban 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 találhatóak, amelyek különböző ökológiai feltételeket teremtenek, és ezek befolyásolhatják a mikrobiális közösségek szerkezetét. Vannak nagyobb, kizárólag szőlőtermesztésre használt területek, de számos kisebb kertek 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 gypűrózsa és kökény uralnak.



7. ábra: Mintavételi területek: Kőlyuktető dűlő és Mihálynagytető dűlő. LEPRES et al. (2025b) alapján fordítva.

Fontos megjegyezni, hogy Kőlyuktető dűlő barna erdőtalajon helyezkedik el agyagbemosódással, amelyet a talajszelvényben kialakuló, agyagfelhalmozódással jellemezhető, jól elkülönülő szintek határoznak meg. Míg a Mihálynagytető dűlő kilúgozott barna erdőtalajon található, amelyre erőteljesebb tápanyag-kilúgzás és általában savasabb kémhatás jellemző. Továbbá a vizsgált ültetvények mindegyikében sorköz-füvesítést alkalmaztak, azonban annak mértéke kultúránként eltért. A szőlőültetvényben váltott sorközű füvesítés történt (minden második sorköz volt füvesített), míg a körte- és kajszibarack-ültetvényekben teljes sorköz-füvesítés volt jellemző (minden sorköz füvesített). A növényvédelem minden vizsgált kultúrában konvencionális módon történt, kultúránként eltérő, kontakt és felszívódó hatásmechanizmusú növényvédő szerek alkalmazásával; egyik ültetvény sem állt ökológiai művelés alatt. A vizsgált területek közeli elhelyezkedése miatt jelentős különbségek a meteorológiai viszonyokban nem voltak várhatók. A 2021-es és 2022-es évekre vonatkozó meteorológiai adatokat – az átlaghőmérsékletet és a csapadékmennyiséget – a Kőlyuktető szőlőültetvény területén működő Boreas Növényvédelmi Állomás mérési adatai alapján gyűjtöttük össze (M2. 1-2. ábra).

### **4.3 Mintavétel és mintavételi stratégia**

Öt növényfajból mintavételeztünk. Ezek a szőlő, a kajszibarack, 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, kajszibarack) 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 kajszibarack kiválasztását az indokolta, hogy Mihálynagytetőn kajsziiültetvény található, továbbá a kajszii – a szőlőhöz hasonlóan – erősen érintett a fás betegségek okozta pusztulásban, és több tanulmány a csonthéjasok és kifejezetten a kajszii esetében is igazolta a két kultúra közös gomba patogénjeit (DAMM et al. 2008). Míg a vadon élő gyümölcstermő 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 gyepűrózsa, 42 körte és 36 kajsziabarack fás minta gyűlt össze, míg 60 szőlő, 44 kökény, 40 gyepűrózsa, 28 körte és 24 kajsziabarack levélminta került begyűjtésre a júniusi és szeptemberi mintavételi időpontokban az említett mintavételi években. A mintagyűjtési stratégiát a 8. ábra foglalja össze.

Mintavételi terület	Élőhelytípus	Mintavételezett növények	A mintavételre kiválasztott növények száma	Mintavételi idő és mintavételi forrás					
				Március		Június		Szeptember	
				Levél (Minta száma (db))	Fás részek (Minta száma (db))	Levél (Minta száma (db))	Fás részek (Minta száma (db))	Levél (Minta száma (db))	Fás részek (Minta száma (db))
Kölyuktető dűlő	Almatermésűek ültetvénye	körte	4	0	4	4	4	4	4
Kölyuktető dűlő	cserjés társulás 1	kökény	2	0	2	2	2	2	2
Kölyuktető dűlő		gyepűrózsa	2	0	2	2	2	2	2
Kölyuktető dűlő	szőlőültetvény 1	szőlő	4	0	4	4	4	4	4
Kölyuktető dűlő	cserjés társulás 2	gyepűrózsa	2	0	2	2	2	2	2
Kölyuktető dűlő		kökény	2	0	2	2	2	2	2
Kölyuktető dűlő	szőlőültetvény 2	szőlő	4	0	4	4	4	4	4
Kölyuktető dűlő	szőlőültetvény 3	szőlő	4	0	4	4	4	4	4
Kölyuktető dűlő	cserjés társulás 3	kökény	2	0	2	2	2	2	2
Kölyuktető dűlő		gyepűrózsa	2	0	2	2	2	2	2
Mihálynagytestő dűlő	szőlőültetvény 4	szőlő	3	0	3	3	3	3	3
Mihálynagytestő dűlő	cserjés társulás 4	kökény	3	0	3	3	3	3	3
Mihálynagytestő dűlő		gyepűrózsa	3	0	3	3	3	3	3
Mihálynagytestő dűlő	Gyümölcskert	körte	3	0	3	3	3	3	3
Mihálynagytestő dűlő	cserjés társulás 5	gyepűrózsa	1	0	1	1	1	1	1
Mihálynagytestő dűlő		kökény	2	0	2	2	2	2	2
Mihálynagytestő dűlő	Kajsziabarack ültetvény	Kajsziabarack	6	0	6	6	6	6	6

8. ábra: Mintavételi stratégia. LEPRES et al. (2025b) alapján fordítva és módosítva

A cserjés területtől való távolság hatását a szőlőültetvények gombaközösségére két szőlősorból származó minták alapján értékeltük. Mintákat vettünk a cserjés társuláshoz (Cserjés társulás 2) közel elhelyezkedő szőlőtőkékéből és az attól távolabb elhelyezkedő, két szőlőtökéből. A minták a 7. ábrán látható „Szőlőültetvény 1” területről származnak, amelynek egyik oldala cserjés társulással határos, a többi oldala viszont művelt területekkel szőlőültetvénnyel és almatermésűekből álló gyümölcsösrel 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.

#### 4.4 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 mintaként 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 °C-on 3 percig, 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.

#### 4.5 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 „szaprotrófként” kezeltük, valamint a nem patogén, levélhez kötődő epifita és endofita gombákat pedig egységesen a „levél gombák” kategóriába soroltuk az 2021-es adatok feldolgozása során.

#### 4.6 Statisztikai elemzések

Amennyiben másként nem jelzem, az összes statisztikai elemzést az R szoftverkörnyezetben végeztem (R CORE TEAM, 2020). 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 szöveteit 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 nemzetségeként 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 CACERES 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.

## 5. EREDMÉNYEK ÉS AZOK MEGBESZÉLÉSE

Az eredmények bemutatását két szakaszban végeztem: az első rész kizárólag a 2021-es mintavételi adatokra épül (5.1-es bekezdéstől az 5.4-es bekezdésig), míg a második részben a 2021-es és 2022-es adatok együttes feldolgozása alapján készült elemzést ismertetem (5.5-ös bekezdéstől az 5.9-es bekezdésig).

Az alábbiakban bemutatott eredmények jobb értelmezhetőségéhez a dolgozat ezen részében alkalmazott gomba funkcionális csoportok rövid fogalommagyarázatát az 1. táblázat tartalmazza.

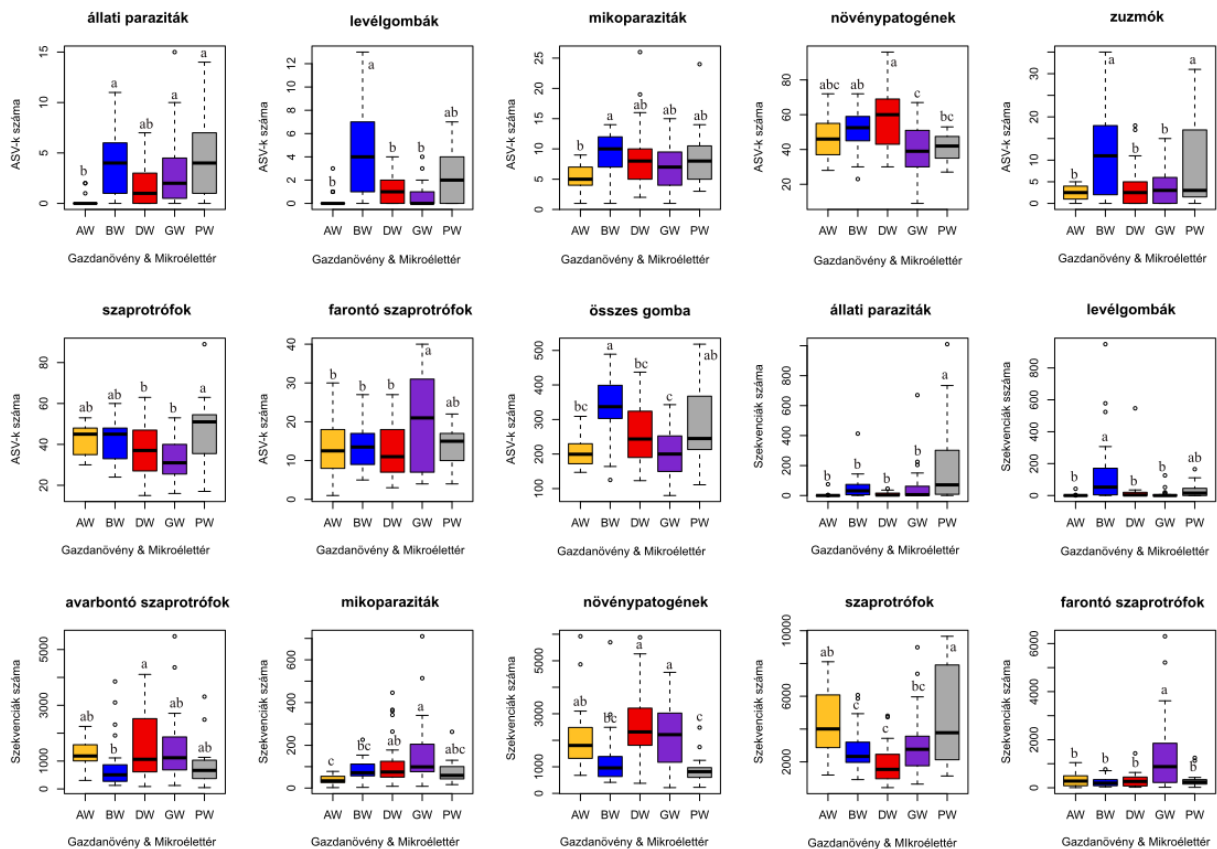
<b>Funkciós csoport</b>	<b>Gazdaszervezet / szubsztrát</b>	<b>Rövid értelmezés</b>	<b>Ökológiai szerep / megjegyzés</b>
<b>Állati paraziták</b>	Állati szervezetek	Olyan gombák, amelyek életciklusuk egy részében vagy egészében állati gazdaszervezethez kötődnek, és abból nyerik tápanyagukat.	Gyakran patogén hatásúak; szerepük van az állati populációk szabályozásában (pl. entomopatogén gombák).
<b>Levélgombák (epifiták és endofiták)</b>	Élő levelek felszíne és belső szövetei	A levelekhez kötődő gombák gyűjtőcsoportja, beleértve a levélfelszínen élő epifita és a levélszövetekben élő endofita fajokat.	Többségük nem okoz betegséget; szerepük lehet a mikrobiális közösségek szabályozásában és a gazdanövény stressztűrésében.
<b>Mikoparaziták</b>	Más gombák hifái, spórái vagy termőtestei	Más gombákon élősködő gombák, amelyek közvetlenül támadják gazdagombájukat.	Fontos antagonisták szerepe a gombaközösségek szerkezetének alakításában.
<b>Növénypatogének</b>	Élő növényi szövetek	Növényekben betegségeket okozó gombák, amelyek a gazdanövény szöveteinek károsításával jutnak tápanyaghoz.	Magában foglalja a biotróf, nekrotrof és hemibiotrof életmódú fajokat.
<b>Zuzmók</b>	Szilárd felszínek (kőzet, kéreg, talaj)	Gombák és fotoszintetizáló partnerek (algák vagy cianobaktériumok) szoros szimbiózisából álló szervezetek.	Önálló funkciós csoportként kezelve sajátos életmódjuk és ökológiai szerepük miatt.
<b>Szaprotrofok</b>	Elhalt szerves anyag	Elhalt növényi vagy állati eredetű szerves anyagokat lebontó gombák.	Alapvető szerep az anyagkörforgásban és a tápanyag-visszapótlásban.
<b>Farontó szaprotrófok</b>	Elhalt faanyag	Elsősorban faanyag lebontására specializálódott szaprotróf gombák.	Jelentős szerep a lignin és cellulóz lebontásában, az erdei szénforgalomban.

Funkciós csoport	Gazdaszervezet / szubsztrát	Rövid értelmezés	Ökológiai szerep / megjegyzés
<b>Avarbontó szaprotrófok</b>	Lehullott lomb, növényi maradványok	Főként avar és kisebb növényi maradványok lebontásában részt vevő gombák.	Gyors lebontási folyamatok, talaj tápanyagellátásának fenntartása.

1. táblázat: Alkalmazott gomba funkcionális csoportok rövid fogalommagyarázata. A kategóriák megfelelnek a FungalTraits adatbázis kategóriának (PÖLME et al. 2020).

### 5.1 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 ( $p = 0,0541$ ). Ezzel szemben a levélmintákban szignifikáns különbség csak egy funkcionális csoportban, a levélgombák esetében volt megfigyelhető ( $p = 0,0029$ ). 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 ( $p = 0,0659$ ). Ezért a következőkben fás részek eredményeit mutatom be részletesen, melyeket az 9. ábra szemléltet.



9. ábra: A boxplotok a gombák funkcionális csoportjainak ASV-gazdagságát és abundanciáját mutatják a vizsgált növények fás részeiben, a ritkított adathalmaz alapján. A betűk a *one-way* ANOVA Tukey HSD post hoc tesztje alapján kimutatható szignifikáns különbségeket jelzik ( $p < 0,05$ ). LEPRES et al. (2025b) alapján fordítva és módosítva.

Rövidítések: **W** – wood sample (fás rész), **A** – apricot (kajsziarack), **B** – blackthorn (kökény), **D** – dogrose (gyepűrózsa), **G** – grapevine (szőlő), **P** – pear (körte).

Az állati paraziták fajgazdagsága a kajsziarackban volt a legalacsonyabb, míg a többi gazdanövényben hasonló számú szekvencia fordult elő. Az abundancia értéke a körte esetében volt a legmagasabb, míg a többi növényben egyenletesen alacsony maradt. A levélgombák fajgazdagsága a kökényben és a körtében volt a legnagyobb és ez összhangban állt az abundancia értékekkel, mivel e két faj mintái bizonyultak a legbőségebbnek. A mikoparaziták esetében a minták hasonló mennyiségű szekvenciát tartalmaztak, azonban a kajsziarack és a kökény között szignifikáns különbség volt kimutatható (BW–AW:  $p = 0,0082$ ). Ezzel szemben az abundancia a szőlőben volt a legmagasabb, míg a kajsziarackban a legalacsonyabb (GW–AW:  $p = 0,0009$ ). Szignifikáns különbség volt továbbá a kajsziarack és a gyepűrózsa (AW–DW:  $p = 0,0279$ ), valamint a szőlő és a kökény között is (GW–BW:  $p = 0,0307$ ). A növénypatogén gombák fajgazdagsága a gyepűrózsában volt a legnagyobb, míg a körte és a szőlő esetében a legalacsonyabb (DW–GW:  $p = 0,0001$ ; DW–PW:  $p = 0,0024$ ; BW–GW:  $p = 0,0074$ ). Az abundancia ugyanakkor mind a szőlőben, mind a gyepűrózsában magas volt, míg a körte esetében a legalacsonyabb (DW–PW:  $p = 0,0001$ ; GW–PW:  $p = 0,0118$ ). A zuzmók fajgazdagsága a kökényben és a körtében volt a legnagyobb, szignifikánsan kevesebb szekvencia fordult elő a

kajsziarackban, a gyepűrózsában és a szőlőben. Ugyanakkor az abundancia esetében nem volt kimutatható szignifikáns különbség a növények között. A szaprotrófok fajgazdagsága szignifikáns különbséget mutatott a körte és a szőlő (PW–GW:  $p = 0,0036$ ), valamint a körte és a gyepűrózsa között (PW–DW:  $p = 0,0485$ ). A legnagyobb fajgazdagság és abundancia a körte mintáiban volt megfigyelhető. A farontó szaprotrófok esetében a szőlő mutatta a legmagasabb értékeket mind fajgazdagság, mind abundancia tekintetében. Az avarbontó szaprotrófok esetében csak az abundancia mutatott szignifikáns különbségeket, itt a gyepűrózsa és a kökény között (DW–BW:  $p = 0,0333$ ).

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).

Ahogy azt az előzőekben már leírtam, 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 mikroélőhelyet 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 (ABDELFATTAH 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.

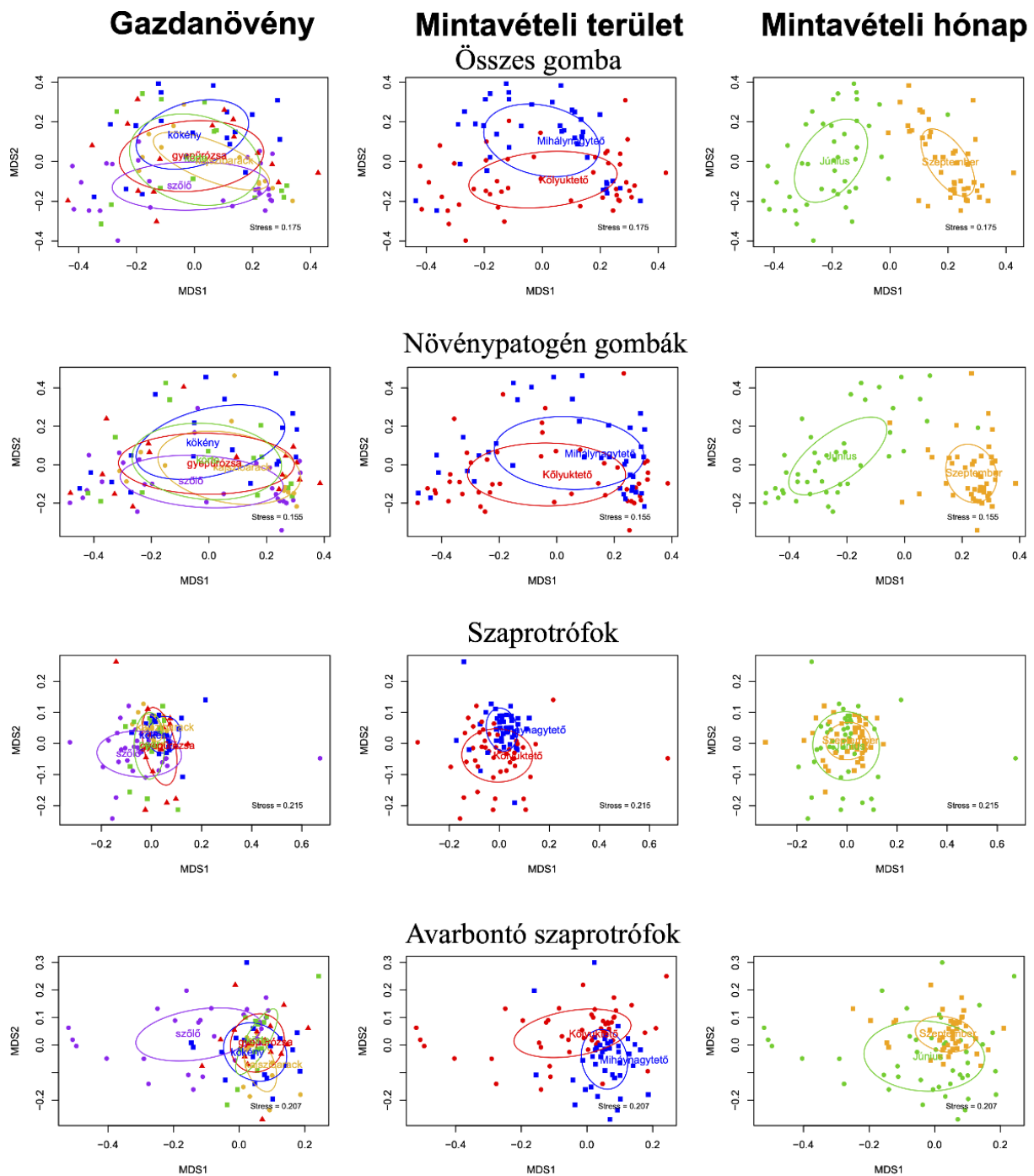
## 5.2 A gombaközösségek összetételét meghatározó tényezők a levelekben és a fás szövetekben: gazdanövény kontra környezeti tényezők

A domináns funkcionális csoportok – mint a növénypatogének, a generalista szaprotrófok, az avarbontó szaprotrófok és a farontó szaprotrófok – gombaközösségeinek összetételét a levelekben és a fás részekben kétdimenziós NMDS ordinációval ábrázoltuk (10. és 11. ábra). 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. Az összes vizsgált funkcionális csoportra vonatkozóan mindhárom független változó szignifikáns hatást mutatott, így az összetételi varianciák és  $p$ -értékek eredményeit összefoglalva a 2. táblázat tartalmazza.

	Növénypatogének				Összes gomba			
	a levelekben		a fás részekben		a levelekben		a fás részekben	
	%	$p$ érték	%	$p$ érték	%	$p$ érték	%	$p$ érték
Gazdanövény	7,6	0,0174	13,6	0,0001	10,3	0,0001	15,7	0,0001
Mintavételi terület	4,5	0,0017	5,4	0,0001	7	0,0001	5,1	0,0001
Mintavétel ideje	26	0,0001	5,5	0,0001	16,3	0,0001	4,8	0,0001
	Szaprotrófok				Avarbontó szaprotrófok a levelekben		Farontó szaprotrófok a fás részekben	
	a levelekben		a fás részekben					
	%	$p$ érték	%	$p$ érték	%	$p$ érték	%	$p$ érték
Gazdanövény	9,8	0,0001	12,4	0,0001	12,4	0,0001	11,8	0,0001
Mintavételi terület	6,3	0,0001	2,8	0,0023	6,5	0,0001	2,7	0,0003
Mintavétel ideje	4,7	0,0001	7,7	0,0001	8,4	0,0001	5,6	0,0001

2. táblázat: A különböző funkcionális csoportok (növénypatogének, szaprotrófok, avarbontó és farontó szaprotrófok) összetételében megfigyelt variancia aránya (%) és a magyarázó tényezők — gazdanövény, mintavételi terület és mintavétel ideje — hatásának szignifikanciája ( $p$ -értékek), a levelekből és fás részekből származó minták PERMANOVA-elemzése alapján.

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 (10. ábra).

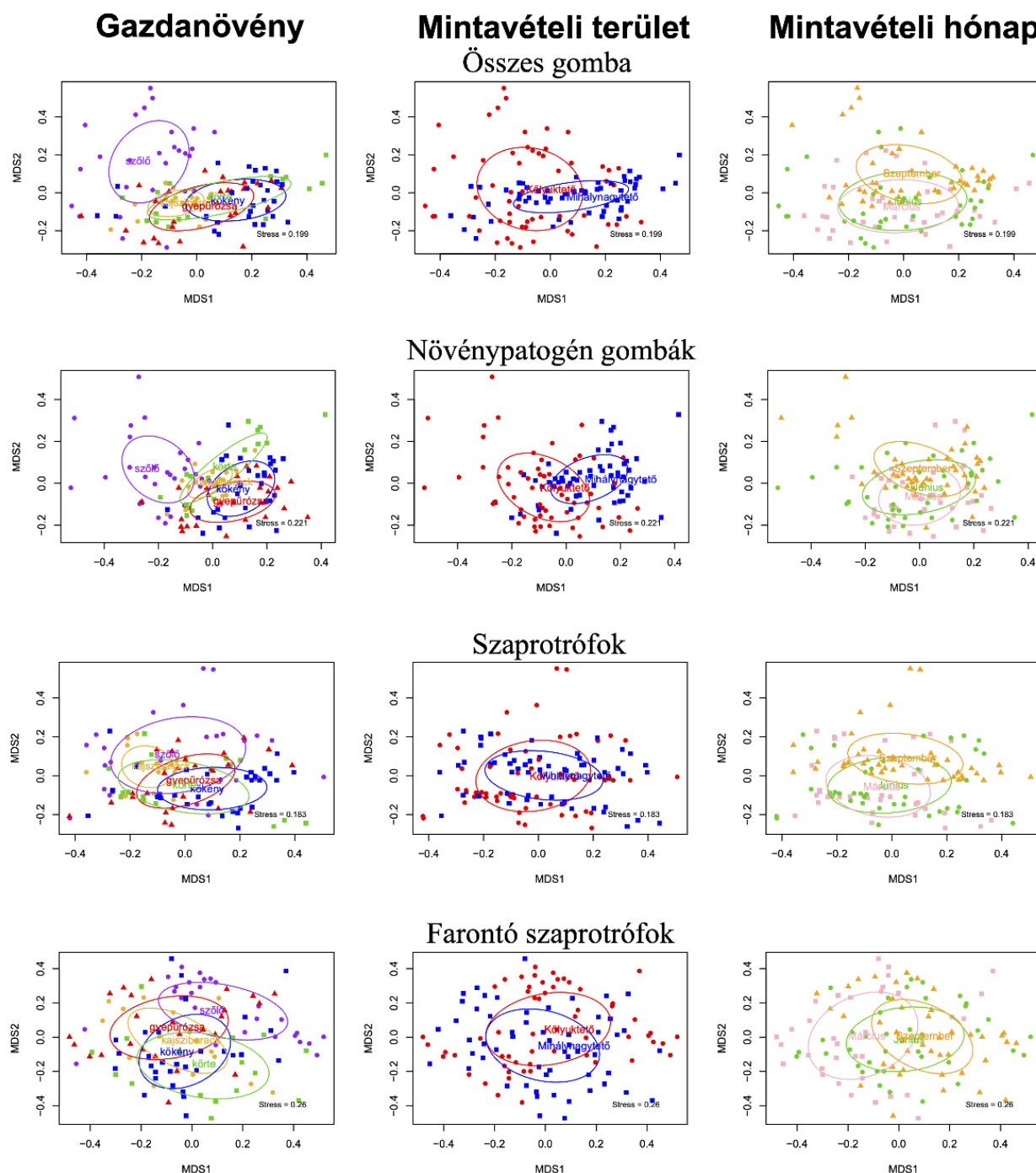


10. ábra: Nem-metrikus többdimenziós skálázás (NMDS) ordinációs ábrák mutatják a domináns gombaközösségek összetételében megfigyelt különbségeket a levelekben, a különböző befolyásoló tényezők — gazdanövény, mintavételi hely és mintavétel ideje — hatására. Az ordináció a Bray–Curtis távolságmátrix alapján készült, amelyet az abundanciaadatokból generáltunk. Az egyes tényezők hatását a gombaközösség összetételére az 2. táblázat foglalja össze. LEPRES et al. (2025b) alapján fordítva és módosítva.

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 ( $R^2 = 4,8\%$ ,  $p = 0,0001$ ) (11. ábra).



11. ábra: Nem-metrikus többdimenziós skálázás (NMDS) ordinációs ábrák mutatják a domináns gombaközösségek összetételében megfigyelt különbségeket a fás részekben, a különböző befolyásoló tényezők — gazdanövény, mintavételi hely és mintavétel ideje — hatására. Az ordináció a Bray–Curtis távolságmátrix alapján készült, amelyet az abundanciaadatokból generáltunk. Az egyes tényezők hatását a gombaközösség összetételére az 2. táblázat foglalja össze. LEPRES et al. (2025b) alapján fordítva és módosítva.

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 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 varianciájához, azonban hatása kevésbé bizonyult meghatározónak a másik két változóhoz képest.

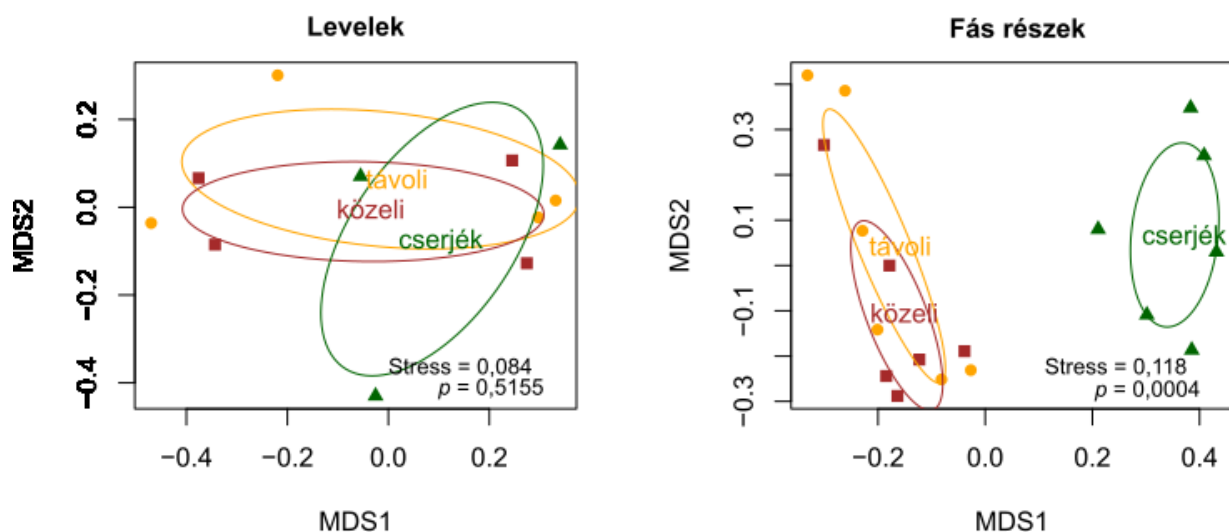
A levelek esetében eredményeink nem teljesen egyeznek más vizsgálatokkal, amelyek több élőhelyen és különböző időpontokban vizsgálták a levélgombaközösségek összetételét és dinamikáját. Ezek szerint a gazdanövény és a szöveti niche fontosabb tényező a közösségszerkezet alakításában, mint az évszak. Bár 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 varianciát 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, VANWALLENDIAEL 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 találhatóak. 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 (Kőlyuktető 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).

### 5.3 A cserjések közelségének hatása a szőlő gombaközösségeire

A cserjés társulások közelségének hatását a szőlő leveleiben és fás szöveteiben élő gombaközösségekre nem-metrikus többdimenziós skálázással (NMDS) vizualizáltuk (12. ábra).



12. ábra: Nem-metrikus többdimenziós skálázás (NMDS) eredményeit bemutató ordinációs ábrák mutatják a gombaközösségek összetételében megfigyelhető különbségeket a szőlő leveleiben és fás szöveteiben (közeleli és távoli minták), valamint a cserjék — kőlyuktető és gyepűrózsa — mintáiban. Az ordináció a Bray–Curtis távolságmátrix alapján készült, amelyet az abundanciaadatokból generáltunk. LEPRES et al. (2025b) alapján fordítva és módosítva.

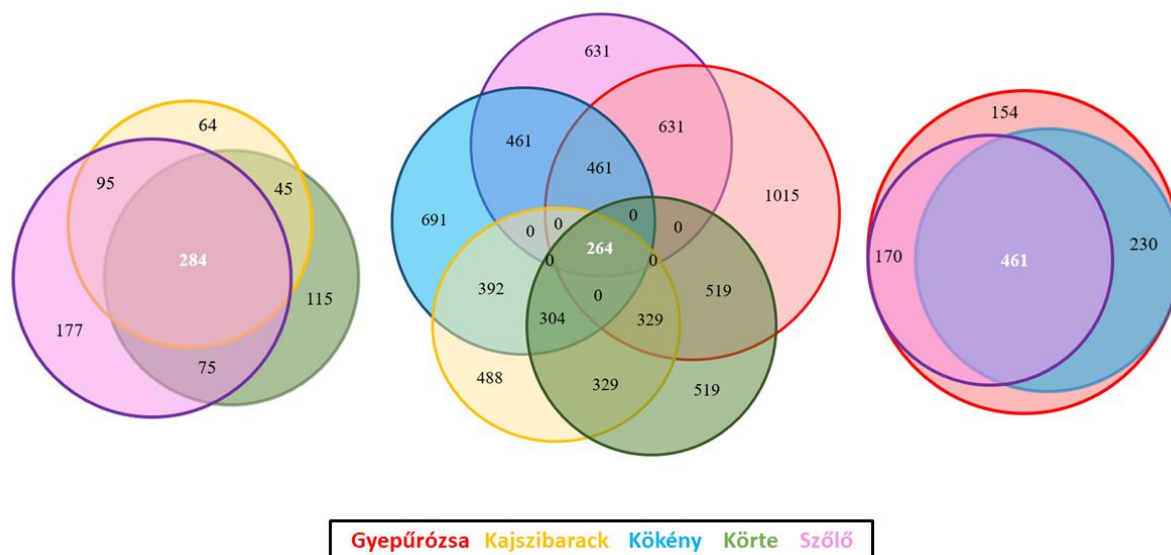
A távolság hatását (cserjéshez közelebbi tőkék: 5 m, cserjéstől távolabbi tőkék: 80 m) úgy teszteltük, hogy összehasonlítottuk a cserjésekhez közelebb és távolabb elhelyezkedő szőlőtőkék gombaközösségeit. A közel és távol lévő szőlőtőkék gombaközösségeinek összevetése során sem a levelekben, sem a fás 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 gypűrózsa) 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 féltérmetes 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 szőlőtöke 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 cserjéhez 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.

## 5.4 Rosaceae fajok, mint potenciális inokulumforrások a szőlőtermesztésben

### 5.4.1 Közös növénypatogén gombák a vizsgált növényekben

Az 5 halmazos Euler-diagram a fás részekben és levelekben lévő összes fitopatogén gomba ASV átfedését mutatja a vizsgált növények között (13. ábra).



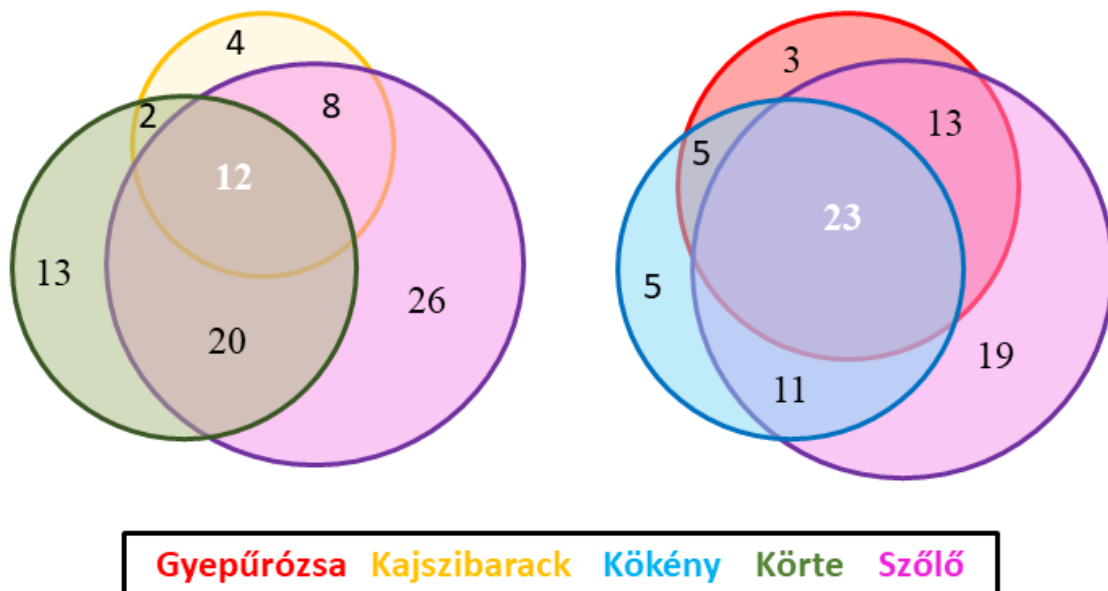
13. ábra: Euler (középen) és Venn-diagrammok (bal és jobb oldalon), melyek a vizsgált növények között megosztott növénypatogén gomba ASV-k számát mutatják LEPRES et al. (2025a) alapján módosítva.

A legtöbb ASV-t a gyepűrózsa minták (fa és levél egyaránt) tartalmazták (1015 ASV), ezt követte a kőkény 691 ASV-fel, majd a szőlő (631 ASV) és a körte (519 ASV). A legkevesebb növénypatogén gomba ASV-t (488 ASV) kajsziparack 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*, *Phaeoconiella*. Ezek után a termesztett gyümölcsök és a szőlő, illetve az őshonos gyümölcstermő növények és a szőlő fitopatogén gomba ASV-ainak átfedését is megvizsgáltuk Venn-diagram segítségével (13. ábra). A szőlő, a körte és a kajsziparack közötti teljes átfedésben 284 növénypatogén gomba ASV volt. Ezek nemzetség szintű 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*, *Phaeoconiella* és a *Pseudopezicula*. A szőlő, a kőkény 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 opportunista 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).

#### 5.4.2 GTD-t okozó kórokozók jelenléte a vizsgált növényekben

A Venn-diagram a szőlőtőke-elhalásos betegségek kórokozóinak átfedését mutatja a szőlő és a termesztett növények (kajsziabarack, körte), valamint a szőlő és az őshonos cserjék (gyepűrózsa, kökény) fás mintáiban (14. ábra).



14. ábra: Venn-diagrammok, melyek a termesztett növények - szőlő, kajsziabarack és a körte -, valamint a szőlő és az őshonos cserjék között megosztott GTD patogén gomba ASV-k számát mutatják. LEPRES et al. (2025) alapján fordítva és módosítva.

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 kajsziabarackban: *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). Páronkénti 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 szöveteiben talált szőlőtőke 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.

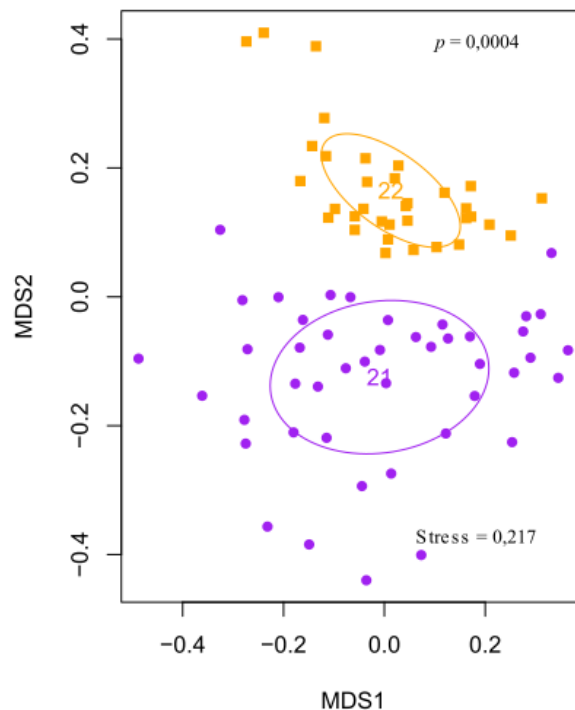
Vizsgálatunk egyik korlátja, hogy az alkalmazott DNS-alapú kimutatási módszerek nem teszik lehetővé a különbségtételt élő, aktív gombák, illetve nyugvó vagy elhalt sejtek között. Ezért egy gombafaj szövetben való jelenléte nem feltétlenül bizonyítja annak aktuális aktivitását vagy patogenitását. Ezt figyelembe kell venni az eredmények értelmezésekor. Ugyanakkor több korábbi vizsgálat is megerősítette, hogy a kutatásunkban azonosított nemzetségekbe tartozó számos faj valóban képes megfertőzni a vizsgált növényeket. Például több ismert és potenciálisan új GTD-kórokozót – köztük *Phaeoacremonium*, *Neofusicoccum* és *Eutypa* fajokat – izoláltak almából, körtéből és különböző *Prunus* fajokból, és patogenitásukat inokulációs kísérletekkel is igazolták (MUNKVOLD et al. 2001, DAMM et al. 2008, SHEN et al. 2010, CLOETE et al. 2011, ZHANG et al. 2019). Emellett a *Truncatella angustata*-t a gyepűrózsán előforduló levélfoltosság kórokozójaként írták le, ami arra utal, hogy ez a faj nem csak fás szövetekben maradhat fenn, és a GTD patogén gombák rezervoárjaként szolgálhat (EKEN et al. 2009). Bár a kökényre vonatkozóan eddig nem állnak rendelkezésre specifikus vizsgálatok, a GTD-hez köthető gombák gyakori előfordulása más *Prunus* fajokon arra utal, hogy a kökény – ezekhez hasonlóan – szintén rezervoárként funkcionálhat.

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 opportunistá patogének, 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.

## 5.5 Évjárat hatás a levél- és fás minták mikrobiális közösségeiben

A továbbiakban a 2021-es és 2022-es adatokat együtt elemzem. Megjegyzendő, hogy a 2022 szeptemberében gyűjtött levélminták szekvenálása technikai okok miatt sikertelen volt, ezért az összehasonlítás kizárólag a júniusi mintákra korlátozódik.

Az évjárat hatásának vizsgálata során eredményeink azt mutatták, hogy a levélminták gombaközösségeiben az évhatás szignifikánsan kimutatható volt, és a teljes variancia mintegy 8,2%-át magyarázta ( $p < 0,001$ ) (15. ábra).



15. ábra: Nem-metrikus többdimenziós skálázás (NMDS) eredményeit bemutató ordinációs ábra mutatja a gombaközösségek összetételében megfigyelhető különbségeket a vizsgált növények 2021-es és 2022-es levélmintái között. Az ordináció a Bray–Curtis távolságmátrix alapján készült, amelyet az abundanciaadatokból generáltunk.

Ezzel szemben a fás szövetek esetében ugyan szintén szignifikáns eltérés mutatkozott ( $p < 0,001$ ), azonban a magyarázott variancia aránya mindössze 1,5% volt. Az NMDS-analízis a fás szövetek esetében nem mutatott egyértelmű elkülönülést az évek szerint, a minták az ordinációs térben gyakorlatilag egy síkba rendeződtek, ami összhangban áll a PERMANOVA alacsony  $R^2$ -értékével. Mindez arra utal, hogy bár a két év között statisztikailag kimutatható különbség van, annak mértéke ökológiailag csekély, és a fás élőhelyek gombaközösségei lényegében stabilak maradtak. Mindez arra utal, hogy a két év közötti különbségek sokkal markánsabban jelentkeztek a levelekben, míg a fás részek közösségei lényegében stabilabbnak bizonyultak. A különbség részben azzal magyarázható, hogy a levelek közvetlenül ki vannak téve a környezeti hatásoknak (hőmérséklet, csapadék, páratartalom, UV sugárzás), ezért mikrobiális közösségeik gyorsabban reagálnak az évről évre változó klimatikus tényezőkre. Ezzel szemben a fás szövetek belső, védett

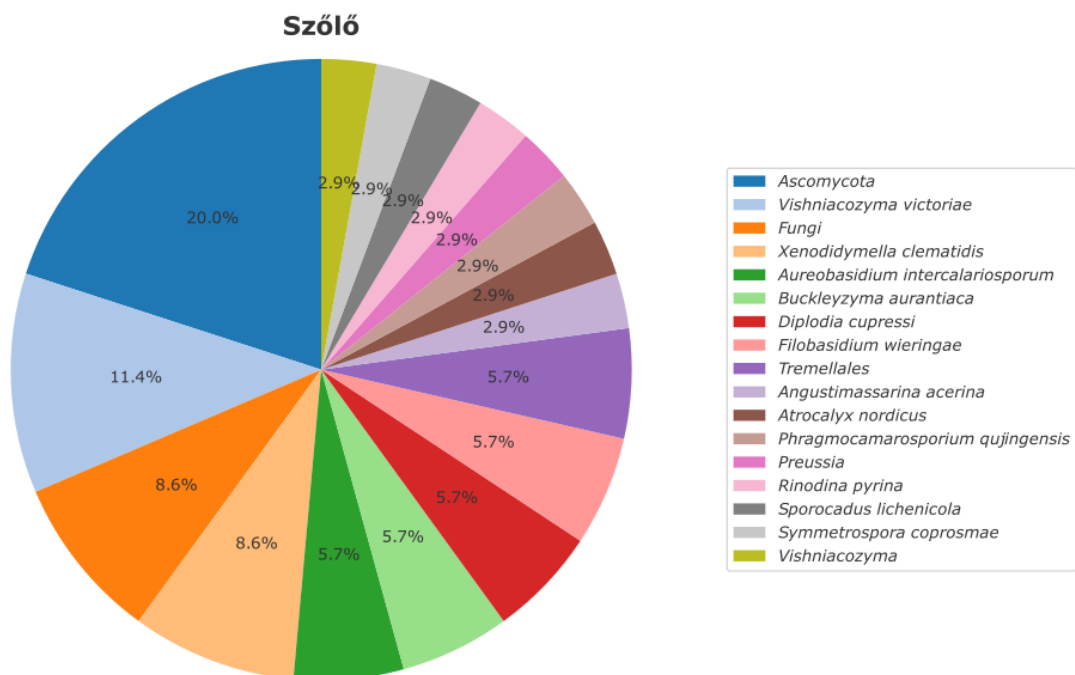
mikroéletteret nyújtanak, ahol a közösségdinamika lassabb, a változások kevésbé kifejezettek (AL ASHHAB et al. 2021, ARGIROFF et al. 2024). Továbbá a fás szövetek kémiai és fizikai tulajdonságai (pl. lignin, cellulóz, alacsony tápanyag- és víztartalom) erős „ökológiai szűrőként” működhetnek, amelyek stabilizálják a közösséget, és megakadályozzák a rövid távú ingadozások gyors lecsapódását (LEE et al. 2022). Ezzel szemben a levelek metabolikus aktivitása és funkcionális jellemzői (pl. fotoszintézis, tápanyagtartalom, levélfelület mikroklímája) közvetlenül alakíthatják az endofita és epifita közösségeket (MÜLLER et al. 2016, AL ASHHAB et al. 2021). Összességében eredményeink összhangban állnak azokkal a kutatásokkal, amelyek szerint a levélmikrobiom nagyobb mértékben reagál a környezeti változásokra, míg a fás szövetek közösségei inkább a gazda szöveleinek belső tulajdonságaitól és hosszú távú stabil tényezőktől függenek (MÜLLER et al. 2016, LEE et al. 2022, YANG et al. 2025).

## **5.6 A vizsgált növények *core* mikrobiom meghatározása és összehasonlítása**

A további eredmények a 2021-es és 2022-es mintavételi adatok felhasználásával készültek. Azonban a *core* mikrobiom elemzését kizárólag a fás részek mintáira alapoztam, mivel korábbi eredményeim szerint ezek a növényi szervek időben és térben stabilabb mikrobiális közösségeket képviselnek, mint a levelek. Ezért a fás szövetek jobban alkalmasak a növényre jellemző, állandó mikrobiális komponensek, vagyis a *core* mikrobiom azonosítására.

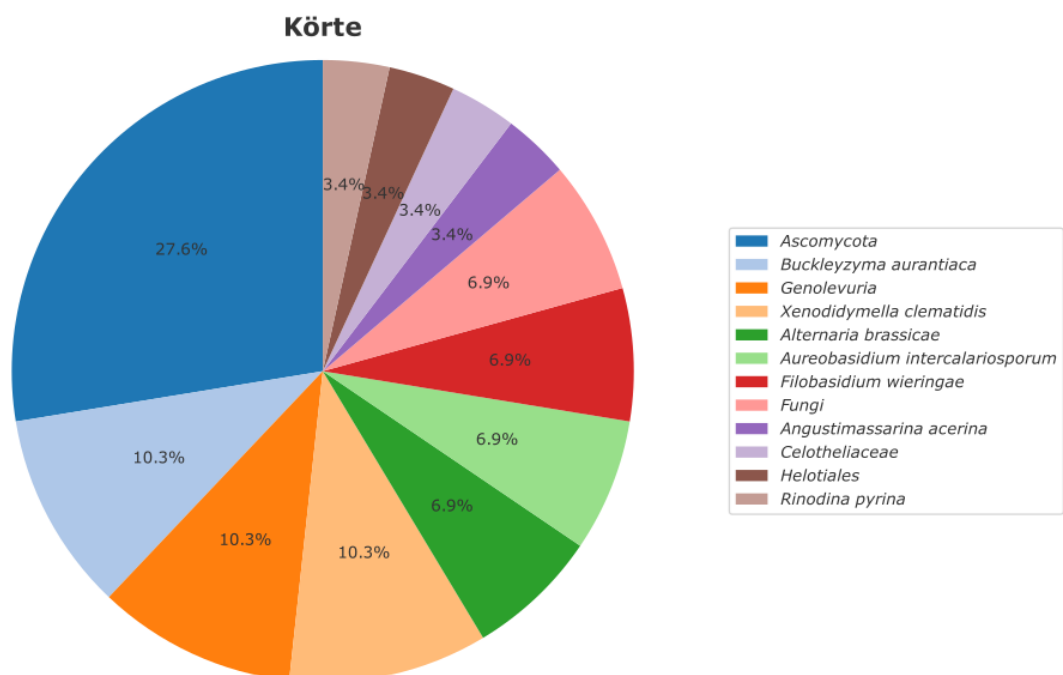
A kördiagramok a vizsgált gazdanövények *core* mikrobiomjának összetételét szemléltetik. Az eloszlásokból kiderül, hogy minden gazdanövényben más taxonok dominálnak, ugyanakkor legtöbb esetben az *Ascomycota* kategória a legnagyobb arányú. Fontos azonban megjegyezni, hogy az *Ascomycota* megjelölés nem konkrét fajcsoportot, hanem azokat az ASV-eket jelenti, amelyeket csak törzsszinten sikerült azonosítani, így nagy aránya inkább a taxonómiai felbontás hiányát tükrözi.

A fajszipon azonosítható domináns taxonok közül a szőlő esetében a legnagyobb arányban a *Vishniacozyma victoriae* (11,4%) és a *Xenodidymella clematidis* (8,6%) voltak jelen, de az *Aureobasidium intercalariosporum* (5,7%) a *Buckleyzyma aurantiaca* (5,7%), a *Diplodia cupressi* (5,7%) és a *Filobasidium wieringae* (5,7%) is egyformán magas arányban képviselték magukat (16. ábra).



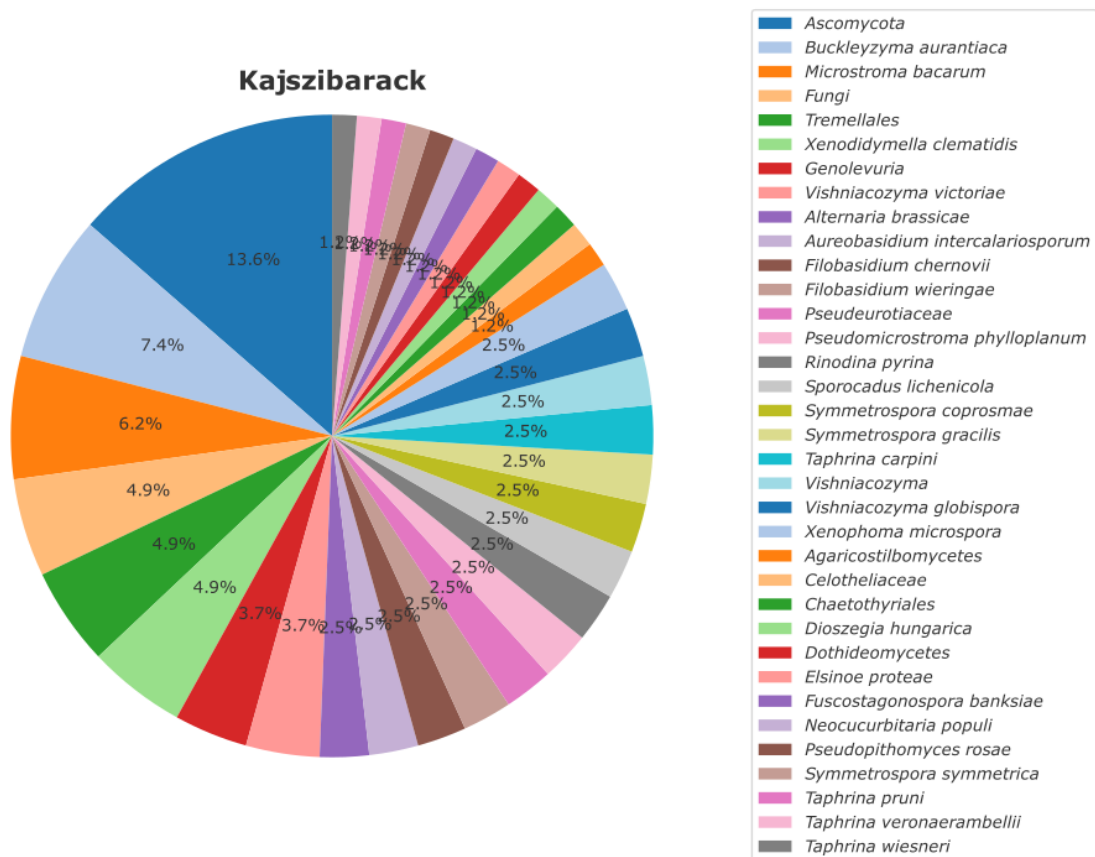
16. ábra: A szőlő core mikrobiomjaként azonosított gombataxonok százalékos megoszlása

A körtében a *Buckleyzyma aurantiaca* (10,3%), a *Genolevuria* (10,3%), a *Xenodidymella clematidis* (10,3%) és az *Alternaria brassicae* (6,9%) taxonok bizonyultak dominánsnak (17. ábra).



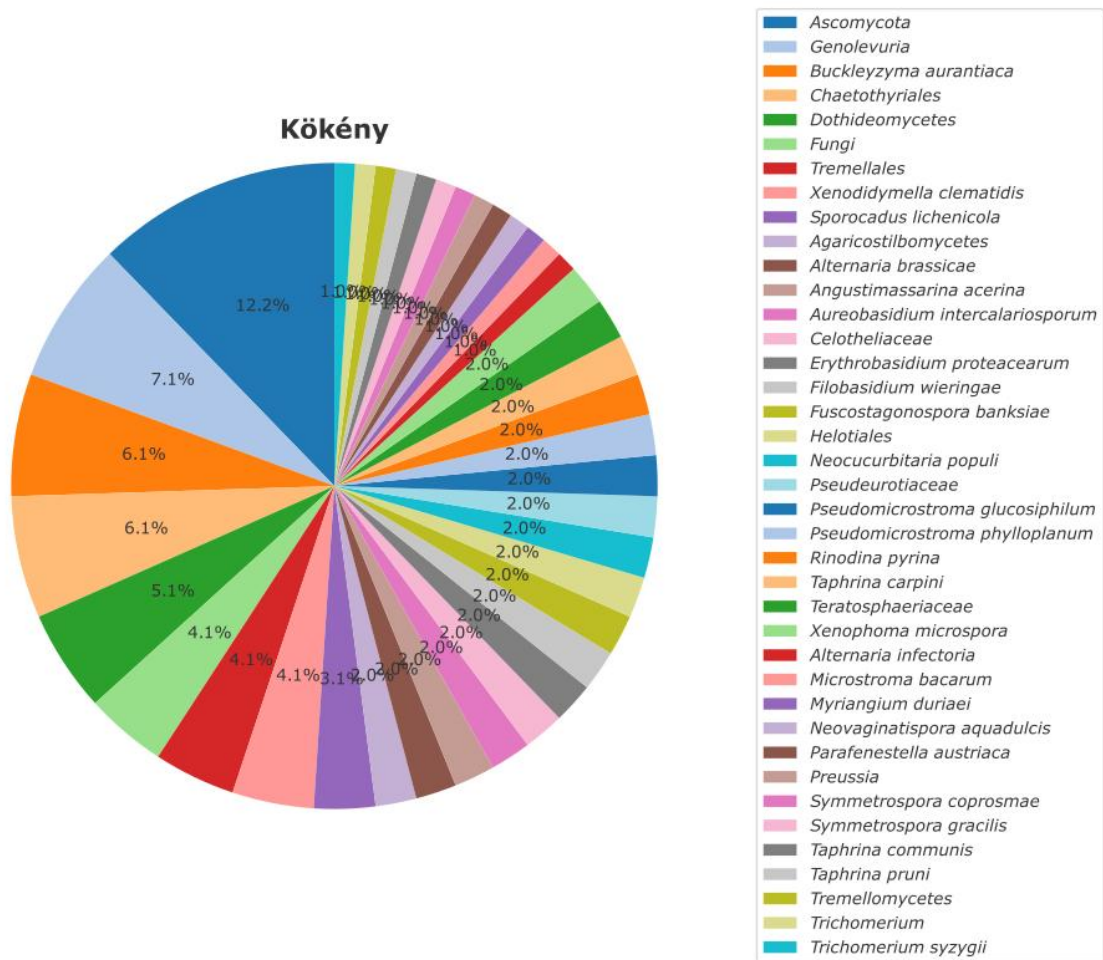
17. ábra: A körte core mikrobiomjaként azonosított gombataxonok százalékos megoszlása

A kajszibarackban a *Buckleyzyma aurantiaca* (7,4%), a *Microstroma bacarum* (6,2%), a *Tremellales* (4,9%) és a *Xenodidymella clematidis* (4,9%) voltak jelen nagyobb arányban (18. ábra).



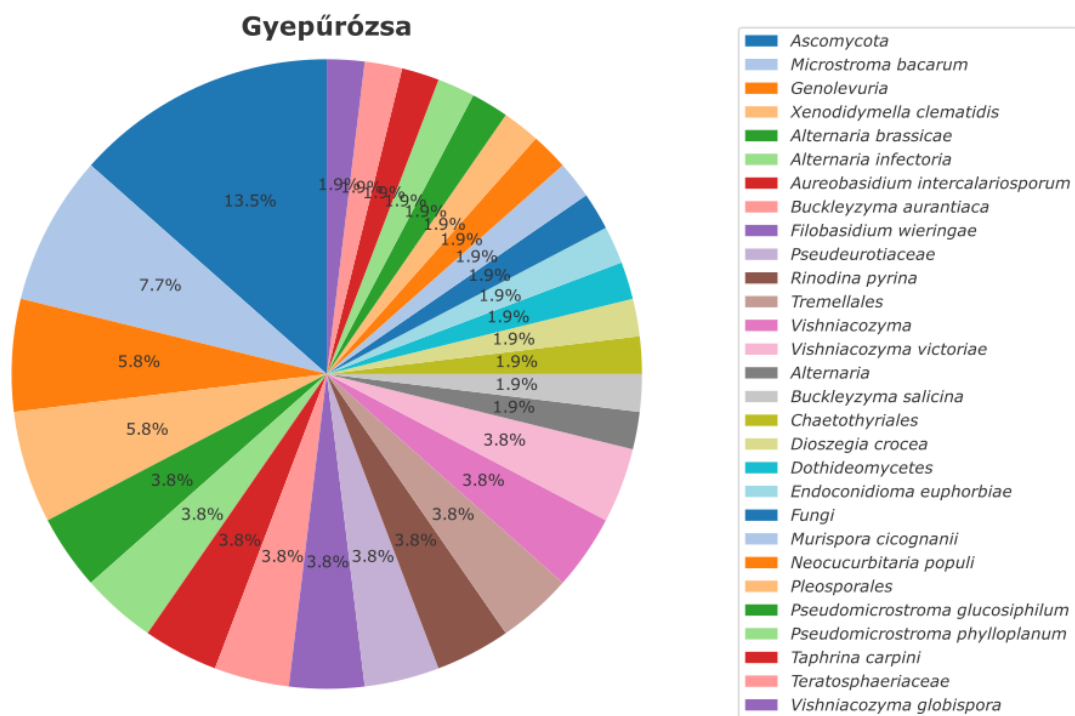
18. ábra: A kajszibarack *core* mikrobiomjaként azonosított gombataxonok százalékos megoszlása

A kökényben a *Genolevuria* (7,1%), a *Buckleyzyna aurantiaca* (6,1%), a *Chaetothyriales* (6,1%) és a *Dothideomycetes* (5,1%) domináltak (19. ábra).



19. ábra: A kökény core mikrobiomjaként azonosított gombataxonok százalékos megoszlása

A gyepűrózsában a *Microstroma bacarum* (7,7%), a *Genolevuria* (5,8%), a *Xenodidymella clematidis* (5,8%) és az *Aureobasidium intercalariosporum* (3,8%) mutattak nagyobb ökológiai jelentőséget (20. ábra).



20. ábra: A kökény *core* mikrobiomjaként azonosított gombataxonok százalékos megoszlása

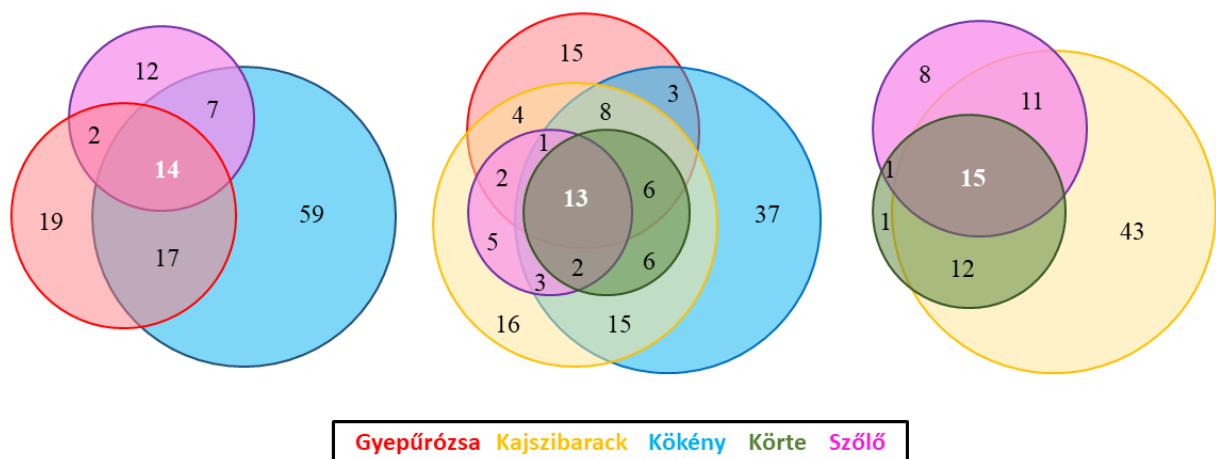
Az eredmények azt mutatták, hogy a vizsgált növényfajok *core* mikrobiomjának gazdagsága és összetétele jelentős eltéréseket mutatott (16-20. ábra és M2 – 1. táblázat). A gyepűrózsa (52 ASV) és a kökény (98 ASV) viszonylag gazdag *core* közösséggel rendelkeztek, míg a kultúrfajok közül a szőlő (35 ASV) 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 kajszibarack esetében a termesztett növényekhez képest sokkal több *core* gombataxont azonosítottunk (81 ASV), így ez kivételnek bizonyult. Feltételezhető, hogy a kajszibarack és a kökény közös rendszertani hovatartozása – mindkét faj a *Prunus* nemzetség tagja – hozzájárulhat a kajszibarack 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 gyepűrózsa 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 fitneszhez. Feltételezhető továbbá, hogy a 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 betegsége (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 kórokozókval 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 lett telepítve) és a körte ültetvényel (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 szelektív 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 (21. ábra).



21. ábra: Euler (középen) és Venn-diagrammok (bal és jobb oldalon), melyek a vizsgált növények *core* mikrobiomja között megosztott gomba ASV-k számát mutatják

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 háttérelemként van jelen (VARGAS et al. 2013). A *Xenodidymella clematidis* főként endofitaként fordul elő, de opportunista patogénként is ismert, így a tünetmentes jelenlét mellett kórokozói 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. A közös *core* taxonok között több, fajszerint nem azonosított, de az *Ascomycota* törzsbe tartozó taxont is azonosítottunk, amelyek különböző SH-számokkal képviseltették magukat.

A kultúrnövények összehasonlítása során 15 közös ASV-t találtunk (21. ábra). Az azonosítás után kiderült, hogy ezek megegyeznek az összes vizsgált növény közös fajkészletével, vagyis ugyanaz az öt fent említett taxon alkotja a közös *core* közösséget. A szőlő és az őshonos cserjék *core* mikrobiomjának vizsgálata során 14 közös ASV került elő (21. ábra), amelyek közül egy – a *Tremellales* nemzetség – eltért a már említett közös taxonoktól.

Érdekes módon a szőlő és a körte nem rendelkezett olyan egyedi ASV-vel, amely más növényekben ne fordult volna elő. Ezzel szemben a gyepűrózsa (15 ASV), a kökény (37 ASV) és a kajszibarack (16 ASV) több egyedi taxonnal is rendelkezett, ami a mikrobiális közösségek gazdanövény-specifikus komponenseire utal. A kajszibarack és a kökény közösségei különösen nagy átfedést mutattak, ami szoros szerkezeti hasonlóságra enged következtetni. Ez a párhuzam valószínűleg abból fakad, hogy mindkét faj a *Prunus* nemzetségbe tartozik.

Összességében a vizsgálat eredményei más tanulmányok által megerősítve, azt mutatják, hogy a gazdanövények *core* mikrobiomjának összetételét egyaránt formálja a domesztikáció, a termesztési környezet, valamint a gazdanövények sajátos ökológiai és immunológiai jellemzői (SOLDAN et al. 2021, AQUEEL et al. 2024). Mindez arra utal, hogy bár létezik egy közös *core* közösség, a mikrobiom szerkezetét erőteljesen befolyásolják a gazdanövények fiziológiai és ökológiai sajátosságai, amelyek egyedi, fajspecifikus elemek megjelenéséhez is vezetnek.

## 5.7 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. Az elemzés részletes eredményét az M2 – 2. táblázata foglalja össze.

A vizsgált öt gazdanövény között jelentős eltérések mutatkoztak az indikátor faj ASV-k számában: a kökény mintákból összesen 305 ASV-t, a gyepűrózsából 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 gyepűrózsán. 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 kapcsolatokat specializációját jelzi. Ez különösen a patogén fajok esetében bír jelentőséggel, mivel ezek gazdaspecifikus kórokozói lehetnek a vizsgált növényeknek. A kajszibarack esetében például a *Cytospora euonymina* és a *Herpotrichia* nemzetség kizárólag ehhez a gazdához kötődtek, mindkettő ismert növényi patogénként (KOWALSKI és ANDRUCH 2012, LAWRENCE et al. 2018, ILYUKHIN és MARKOVSKAJA 2025). A kökényhez szorosan kapcsolódott a *Sphaerulina pelargonii*, amely levélpatógén fajként ismert (VERKLEY et al. 2013). A gyepűrózsán kizárólagos indikátor volt a *Leptosphaeria* nemzetség, amely több gazdasági jelentőségű kórokozót foglal magába (FITT et al. 2006, PADMATHILAKE és FERNANDO 2022). A szőlő esetében az *Angustimassarina acerina* mutatott gazdanövényhez kötött előfordulást, mely mikoparazitaként ismert (HYDE et al. 2020). A körténél emelhető ki az *Eutypella prunastri*, amely kifejezetten fás részeket támadó kórokozóként írtak le (BRITON-JONES 1925, SOHRABI et al. 2020). Érdekességként említendő, hogy az indikátorfaj-elemzés során megfigyeltük, hogy ugyanazon gombafaj különböző genotípusai eltérő gazdanövényekhez kapcsolódtak indikátorként. Ez arra utalhat, hogy az adott fajon belül ökotípus-szintű specializáció figyelhető meg, vagyis a populáció egyes genetikai variánsai jobban alkalmazkodtak egy adott gazdanövényhez vagy annak környezeti feltételeihez.

Az indikátor fajok funkcionális kategóriáinak százalékos megoszlása jelentős eltéréseket mutatott az öt vizsgált gazdanövény között (22. ábra).



22. ábra: A vizsgált növények fás részeiből kimutatott indikátor fajok funkcionális csoport szerinti százalékos megoszlása

A gyepűrózsa 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 kőrté mikrobiális közösségei kiegyensúlyozottabb képet mutattak, ahol a kórokozók mellett a farontó szaprotrófok és a generalista szaprotrófok is jelentős arányt képviseltek. A kőkény esetében a mikoparaziták (14,7%) és a levekben élő endofiták (8,1%) kategóriája kiemelkedő arányban fordultak elő, míg a kajsziбарacknál 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).

## 5.8 A fás szövetek gombaközösségeinek szezonális dinamikája

Az indikátor faj elemzés alapján mind az öt vizsgált gazdanövény fás szöveteiben egyértelműen kimutatható volt a gombaközösségek szezonális változása (M2. – 3-7. táblázat). Bár a mintázat általánosságban hasonló volt – tavasszal alacsonyabb diverzitás, nyáron a kórokozók erősödő jelenléte, ősszel pedig komplex közösség kialakulása – az egyes gazdanövényekhez kötődő fajok összetétele különbségeket mutatott.

### 5.8.1 Kora tavasz (március)

A márciusi mintavétel során az azonosított gombaközösségek a vegetációs időszak korai szakaszának jellemzőit tükrözik, amikor a hőmérséklet- és nedvességviszonyok a mikrobiális kolonizáció kezdeti szakaszát támogatják. Hasonló szezonális mintázatokat írt le Kemler és munkatársai (2017) a mérsékelt övi növények felszínén élő élesztőgombák közösségeiben is. A mintákban túlnyomórészt szaprotróf fajok fordultak elő, amelyek a téli időszak után visszamaradt növényi maradványok lebontásában játszanak szerepet, így kulcsszereplői a kora tavaszi dekompozíciós folyamatoknak (TRESEDER és LENNON 2015). Emellett jelen voltak endofita és epifita élesztőgombák is, amelyek a növényi szövetek későbbi kolonizációját készítik elő, így fontos szereplői a tavaszi mikrobiális szukcesszió kezdeti fázisának (KEMLER et al. 2017). Az adatok alapján nem volt olyan gombafaj, amely mind az öt vizsgált növényenél előfordult volna, ugyanakkor több, legalább két gazdanövényben is megtalálható taxon azonosítható volt. A vizsgált mintákban több olyan gombafaj is előfordult, amelyek nem mutattak egyértelmű gazdaspecifitást, hanem több növényfaj fás szöveteiben is jelen voltak. Ezek a *Sporobolomyces salmonicolor*, *Microstroma bacarum*, *Sphaerulina pelargonii* és a *Helotiales* rendbe tartozó fajok generalista életmódú, epifita vagy endofita szervezetek, amelyek feltehetően széles környezeti toleranciával bírnak (ADDY et al. 2005, INÁCIO et al. 2006).

### 5.8.2 Nyár eleje (június)

A vegetációs időszak közepére mind az öt vizsgált gazdanövényben jelentősen megnövekedett a kórokozó gombák aránya. A kajszi barackon, kökényen és szőlőn megjelent a *Sclerotinia tetraspora*, a kökényen ezen felül kimutatható volt a *Botrytis caroliniana* és a *Taphrina carpini*, míg a gyepürózsán és a körtén a *Fusarium tricinctum* és a *Sporocadus lichenicola* jelenlétét azonosítottuk. A szőlőmintákban megjelent az *Eutypa lata* és a *Cytospora predappioensis*, amelyek a tőkék fás részeinek nektrózisát és elhalását okozó, jól ismert patogének (LAWRENCE

et al. 2018, MOISY et al. 2017, DEKREY et al. 2022). Az ebben az időszakban tapasztalt fajösszetétel a patogén nyomás fokozódását jelzi, amely a hajtások és levelek aktív növekedésének időszakában jellemző, amikor a fiatal növényi szövetek fokozottan érzékenyek a fertőzésekre (MUTZ et al. 2021). A korábban domináns szaprotróf és endofita fajok arányának csökkenése, valamint a patogén taxonok megjelenése a gombaközösségek szezonális szukcessziójának tipikus mintázatát tükrözik (TRESSEDER és LENNON 2015). Ez az átmenet nemcsak az ökológiai szerepek változását jelzi, hanem a növény–mikroorganizmus kölcsönhatások dinamikus egyensúlyát is, ahol a szukcesszió előrehaladtával a növények és a gombák közötti kapcsolatok egyre inkább a kompetitív és parazita irányba tolódnak.

### 5.8.3 Ősz (szeptember)

Az őszi mintákban minden gazdanövénynél a legnagyobb diverzitás volt tapasztalható. Közös jellemző, hogy a közösségek egyszerre tartalmaztak jelentős számban kórokozókat, szaprotrófokat és élesztőszerű gombákat. A növénypatogének közül gyakoriak voltak az *Elsinoë* fajok (gyepűrózsa, körte, szőlő), a *Taphrina* fajok (kókény, kajsziabarack) és a *Pyrenophora tritici-repentis* (gyepűrózsa, körte, szőlő). A farontó szaprotróf fajok (pl. *Peniophora lycii*, *P. cinerea*) ugyancsak minden gazdanövénynél megjelentek. Ezzel párhuzamosan az élesztőszerű és opportunista életmódot folytató gombák (*Vishniacozyma*, *Filobasidium*, *Buckleyzma*, *Constantinomyces*) is nagy számban fordultak elő. Ez a sokrétű közösség a tenyészidőszak végére kialakuló komplex szukcessziós állapotot tükrözi, amelyben a különböző ökológiai funkciójú fajok együtt vannak jelen.

Az eredmények világosan mutatják, hogy a gazdanövényekhez kötődő gombaközösségek szezonális szukcesszión mennek keresztül. Tavasszal alacsony diverzitású, elsősorban generalista fajokból álló közösségek jellemzők, nyáron a patogén gombák jelenléte fokozódik, míg ősszel komplex, több funkcionális csoportot magában foglaló közösségek alakulnak ki a fás szövetekben. Bár a szezonális mintázat alapvetően hasonló a különböző gazdanövények esetében, a domináns fajok és a patogének összetétele gazdanövény-specifikus különbségeket mutat. Ez arra utal, hogy a növények filogenetikai rokonsága és élettani sajátosságai meghatározó szerepet játszanak a hozzájuk kötődő gombaközösségek szerveződésében, melyet más tanulmányok is megerősítenek (LI et al. 2022, YANG et al. 2023).

## 6. 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, dinamikusán 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 mikroklimatikus 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 gombaközösségben 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*, *Phaeomoniella* 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 *Phaeomoniella*, *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 gyümölcsstermő 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 ültetvényszinten 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*, *Bucklezyma 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 gyepűrózsa 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 dinamikusán 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.

## 7. ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK

1. A kutatás elsőként alkalmazott tájléptékű, 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 gyepűrőzsát és a kökényt, mint potenciális természetes gazdanövényeket több GTD-hez kapcsolódó gombanemzetség számára.
5. Elsőként azonosítottuk a kajsziбарack, a körte, a kökény és a gyepűrőzsa *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.

## 8. ÖSSZEFOGLALÁS

A korábbi kutatások egyértelműen igazolták, hogy a szőlőültetvények mikrobiális közösségeinek szerveződését számos abiotikus (pl. talajviszonyok, mikroklima), biotikus (pl. gazdanövény) és antropogén (pl. növényvédelmi gyakorlat) tényező befolyásolja. Ugyanakkor a szőlőültetvényt körülvevő vegetáció – különösen a féltermészetes és kultúrelőhelyek – mikrobiális közösségeinek szerepe mindaddig kevésbé volt feltárt. A rendelkezésre álló vizsgálatok döntően egy-egy gazdanövényre, elsősorban a szőlőre koncentráltak, és többnyire növényvédelmi megközelítésben, konkrét kórokozók vagy betegségek előfordulását elemezték. Ezáltal a tájleptékű ökológiai összefüggések, valamint a szőlő és a környező gyümölcstermő növények gombaközösségei közötti kapcsolatok eddig háttérbe szorultak, jóllehet ezen közösségek – a fitopatogének, endofiták és szaprofiták együttese – alapvető szerepet töltenek be a növények egészségi állapotának, ellenálló képességének és környezeti stressztűrésének fenntartásában.

Az új generációs szekvenálási módszerek, különösen a *DNS-metabarcoding* technika, lehetővé tették a gombaközösségek összetételének nagy felbontású feltárását, beleértve azokat a fajokat is, amelyek hagyományos tenyésztési módszerekkel nem mutathatók ki. Ezzel párhuzamosan a mikrobiális ökológia fogalmi keretei – mint a *core* mikrobiom, az indikátor fajok, a niche-szelekció és a diszperziós korlátok – új szempontokat nyújtanak a mezőgazdasági élőhelyek vizsgálatához is. E kutatási irányok közös törekvése, hogy feltárják a mikrobiális közösségek szerveződését szabályozó tényezőket, valamint megértsék azokat az ökológiai folyamatokat, amelyek a növények és kórokozók közötti egyensúlyt fenntartják vagy felborítják.

Ebben a tudományos kontextusban a jelen értekezés célja az volt, hogy feltárja a szőlőültetvény és annak környezetében élő, őshonos és termesztett gyümölcstermő növények – a kajsziarack, a körte, a gypúrózsa és a kökény – gombaközösségeinek kapcsolatrendszerét, különös tekintettel a fás és a levélszövetekben kialakuló közösségek szerkezetére, dinamikájára és funkcionális mintázataira. A vizsgálat az Egri borvidék két, részben eltérő termőhelyi adottságú dűlőjében (Kőlyuktető dűlő és Mihálynagytető dűlő) valósult meg, amelyek mozaikos tájszerkezete – szőlőültetvények, gyümölcsösök és féltermészetes cserjés foltok váltakozása – ideális környezetet biztosított a mikrobiális hálózatok térbeli és időbeli összefüggéseinek elemzéséhez. A mintavételezés két év során (2021-ben és 2022-ben) három időpontban (március, június, szeptember) zajlott. A közösségek molekuláris azonosítása *DNS-metabarcoding* segítségével történt, amelyet statisztikai és ökológiai elemzések – többek között PERMANOVA, indikátor faj-analízis és *core* mikrobiom meghatározás – egészítettek ki.

A vizsgálatok eredményei rámutattak, hogy a gombaközösségek szerveződését egyaránt befolyásolják a biotikus és abiotikus tényezők, azonban ezek hatása növényrészenként eltérő

erősségű. A fás szövetekben a gazdanövény faja bizonyult a legfontosabb szervező tényezőnek, míg a levelek esetében a szezonális hatása dominált. Ez a különbség a szöveti niche-ek eltérő ökológiai funkcióiból fakad: a fás részek hosszú távon stabil mikroélőhelyet biztosítanak, ahol a gombaközösségek tartósan fennmaradhatnak, míg a levelek gyorsabban változó, dinamikus közegként viselkednek, amelyben a mikrobiális összetétel rövid idő alatt átrendeződhet. A fás szövetekben a gazdanövény-függő fajösszetétel különösen erőteljes volt a növénypatogének és szaprotrófok csoportjaiban, míg a levelekben az évszakos mintázatok meghatározóbbak voltak.

A két mintavételi helyszín (Kőlyuktető dűlő és Mihálynagytető dűlő) közösségei szignifikánsan különböztek egymástól, ami a termőhelyi adottságok és a mikroklíma eltéréseire utal, ugyanakkor a cserjék közelsége nem mutatott kimutatható hatást a szőlő gombaközösségére a vizsgált térbeli léptékben. Ez azt jelenti, hogy a gombaközösségek hasonlóságát elsősorban a gazdanövény-faj, és nem a térbeli közelség határozza meg, ami alátámasztja a gazdaspecifikus szelekció elsődlegességét a diszperziós folyamatokkal szemben.

A kutatás egyik legfontosabb eredménye, hogy a vizsgált gazdanövények között jelentős volt a fitopatogén gomba ASV-k átfedése. Azon belül a tőkeelhalásos betegségekhez kapcsolódó kórokozók, nemcsak a szőlőben, hanem a környező gyümölcsfajokban és cserjékben is jelen voltak. Ez a felismerés új megvilágításba helyezi a kórokozók terjedését és fennmaradását, hiszen azt jelzi, hogy a vadon élő növények a szőlő számára potenciális inokulumforrásként működhetnek, és a tőkeelhalásos betegségek tájleptékű epidemiológiai hálózatban hosszú távon fennmaradhatnak. A vadon élő cserjék – különösen a gyepűrózsa és a kökény – így nemcsak ökológiai, hanem növényegészségügyi szempontból is meghatározó elemei a borvidék tájszerkezetének.

A *core* mikrobiom meghatározása során kiderült, hogy a vizsgált növényfajok részben közös, részben fajspecifikus alapközösséggel rendelkeznek. A vadon élő növények *core* mikrobiomja fajgazdagabbnak bizonyult, mint a termesztett fajoké, ami a domesztikáció és az intenzív művelés diverzitáscsökkentő hatására utal. Az indikátor faj elemzés pedig igazolta, hogy az azonos környezeti feltételek mellett élő gazdanövényekhez funkcionálisan eltérő, fajspecifikus gombaközösségek kapcsolódnak, melyek szerkezete időben is dinamikusan változik. Az eredmények rávilágítanak a növény–mikroba kapcsolatok specializálódására és arra, hogy a közösségek szezonális átrendeződése befolyásolja a növények egészségi állapotát és a fertőzési kockázatot.

A kutatás tehát egyértelműen igazolta, hogy a szőlő és a környező növényfajok gombaközösségei szoros, funkcionális kapcsolatban állnak egymással, és hogy a növényegészség tájleptékű ökológiai folyamatok eredőjeként értelmezhető. Eredményeim új szempontokat kínálnak a szőlő tőkeelhalásos betegségeinek megelőzéséhez és kezeléséhez, mivel rávilágítanak arra, hogy a

védekezési stratégiákban a környező vegetáció és a mikrobiális hálózatok figyelembevétele elengedhetetlen. A mikrobiális diverzitás fenntartása, a biokontroll-potenciállal rendelkező endofita fajok azonosítása, valamint a természetes rezervoárok ökológiai szerepének tudatos kezelése hozzájárulhat a fenntartható, ökológiailag integrált szőlőtermesztés kialakításához.

## 9. SUMMARY

Previous studies have clearly demonstrated that the organization of microbial communities in vineyards is influenced by a wide range of abiotic (e.g., soil properties, microclimate), biotic (e.g., host plant species), and anthropogenic (e.g., plant protection practices) factors. However, the role of the surrounding vegetation – particularly semi-natural and cultivated areas – in shaping microbial communities in vineyards has received little attention. The available studies have mostly focused on a single host species, primarily grapevine, and have typically adopted a plant-protection perspective by examining the occurrence of specific pathogens or diseases. Consequently, landscape-scale ecological relationships and the connections between fungal communities of grapevine and neighboring fruit-bearing plants have remained unknown, even though these communities – including phytopathogens, endophytes and saprotrophs – play a fundamental role in maintaining plant health, resilience, and environmental stress tolerance.

The advent of next-generation sequencing techniques, especially DNA metabarcoding, has made it possible to characterize fungal communities at high resolution, including taxa that cannot be detected by traditional culture-based methods. At the same time, conceptual frameworks in microbial ecology – such as the core microbiome, indicator species, niche processes, and dispersal limitation – provide new perspectives for studying agricultural habitats. The common goal of these research directions is to reveal the factors that regulate the organization of microbial communities and to understand the ecological processes that maintain or disrupt the balance between plants and pathogens.

In this scientific context, the aim of the present dissertation was to explore the relationships among the fungal communities of vineyards and their surrounding native and cultivated fruit-bearing plants – namely apricot, pear, dogrose, and blackthorn – with special emphasis on the structure, dynamics, and functional patterns of communities inhabiting woody and leaf tissues. The study was carried out in two vineyard sites of the Eger wine region (Kőlyuktető and Mihálynagytető), whose mosaic landscape structure – consisting of vineyards, orchards, and semi-natural shrub patches – provided an ideal setting for analyzing the spatial and temporal relationships of microbial networks. Sampling was conducted over two years (2021 and 2022) in three seasonal periods (March, June, September). Community identification was performed using DNA metabarcoding, complemented by statistical and ecological analyses, including PERMANOVA, indicator species analysis, and core microbiome determination.

The results revealed that both biotic and abiotic factors influence the organization of fungal communities, but their relative importance differs by plant tissue. In woody tissues, the host plant species proved to be the most important structuring factor, while in leaves, seasonality had the dominant effect. This difference arises from the distinct ecological roles of the tissue-specific

niches: woody tissues provide long-term, stable microhabitats where fungal communities persist over time, whereas leaves represent short-lived, dynamic environments in which community composition can rapidly change. In woody tissues, host-dependent community composition was particularly pronounced among phytopathogenic and saprotrophic fungi, while in leaves, seasonal patterns were more influential.

The two sampling sites (Kőlyuktető and Mihálynagytető) showed significant differences in community composition, reflecting variations in site conditions and microclimate. However, the proximity of shrubs did not show detectable effects on the grapevine fungal communities at the spatial scale examined. This indicates that community similarity is primarily determined by host plant species rather than spatial proximity, supporting the predominance of host-specific selection over dispersal processes.

One of the most important findings of the study is the substantial overlap of phytopathogenic fungal ASVs among the examined host plants. Notably, fungi associated with grapevine trunk diseases were detected not only in grapevine but also in neighboring fruit trees and shrubs. This observation offers a new perspective on the persistence and distribution of pathogens, suggesting that wild plants can act as potential inoculum sources for grapevine and that trunk disease pathogens may persist within a landscape-scale epidemiological network. Wild shrubs – particularly dogrose and blackthorn – thus represent key components of the vineyard landscape not only from an ecological but also from a phytosanitary perspective.

The determination of the core mycobiome revealed that the studied plant species share partially overlapping but also species-specific core communities. Wild plants harbored richer core mycobiomes than cultivated species, indicating that domestication and intensive management practices reduce microbial diversity. The indicator species analysis confirmed that under identical environmental conditions, distinct, host-specific fungal communities are associated with each plant species, and that these communities show temporal dynamism. The results highlight the specialization of plant–microbe relationships and demonstrate that seasonal rearrangements of microbial assemblages affect plant health and infection risk.

In summary, this research clearly demonstrated that the fungal communities of grapevine and surrounding plants are functionally interconnected, and that plant health must be interpreted as the outcome of landscape-scale ecological processes. The findings offer new insights for the prevention and management of grapevine trunk diseases by emphasizing the importance of considering surrounding vegetation and microbial networks in disease control strategies. Maintaining microbial diversity, identifying endophytic species with biocontrol potential, and consciously managing natural reservoirs can all contribute to the development of sustainable and ecologically integrated viticulture.

## 10. MELLÉKLETEK

### M1. 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. ADAMS, G. C., WINGFIELD, M. J., COMMON, R., ROUX, J. (2005) Phylogenetic relationships and morphology of *Cytospora* species and related teleomorphs (*Ascomycota*, *Diaporthales*, *Valsaceae*) from *Eucalyptus*. *Studies in Mycology*, 52: 1–146.
4. ADAMS, G. C., ROUX, J., WINGFIELD, M. J. (2006) *Cytospora* species (*Ascomycota*, *Diaporthales*, *Valsaceae*): introduced and native pathogens of trees in South Africa. *Australasian Plant Pathology*, 35(5): 521. DOI: 10.1071/AP06058.
5. ADDY, H. D., PIERCEY, M. M., CURRAH, R. S. (2005) Microfungal endophytes in roots. *Canadian Journal of Botany*, 83(1): 1–13. DOI: 10.1139/b04-171.
6. AGARBATI, A., CANONICO, L., MANCABELLI, L., MILANI, C., VENTURA, M., CIANI, M., COMITINI, F. (2019) The influence of fungicide treatments on mycobiota of grapes and its evolution during fermentation evaluated by metagenomic and culture-dependent methods. *Microorganisms*, 7(5): 114. DOI: 10.3390/microorganisms7050114.
7. AGLER, M. T., RUHE, J., KROLL, S., MORHENN, C., KIM, S.-T., WEIGEL, D., KEMEN, E. M. (2016) Microbial hub taxa link host and abiotic factors to plant microbiome variation. *PLOS Biology*, 14(1): e1002352. DOI: 10.1371/journal.pbio.1002352.
8. AGUSTÍ-BRISACH, C., MOSTERT, L., ARMENGOL, J. (2014) Detection and quantification of *Ilyonectria* spp. associated with black-foot disease of grapevine in nursery soils using multiplex nested PCR and quantitative PCR. *Plant Pathology*, 63(2): 316–322. DOI: 10.1111/ppa.12093.
9. AINSWORTH, T. D., KRAUSE, L., BRIDGE, T., TORDA, G., RAINA, J.-B., ZAKRZEWSKI, M., GATES, R. D., et al. (2015) The coral core microbiome identifies rare bacterial taxa as ubiquitous endosymbionts. *The ISME Journal*, 9(10): 2261–2274. DOI: 10.1038/ismej.2015.39.

10. AL ASHHAB, A., MESHNER, S., ALEXANDER-SHANI, R., DIMERETS, H., BRANDWEIN, M., BAR-LAVAN, Y., WINTERS, G. (2021) Temporal and spatial changes in phyllosphere microbiome of *Acacia* trees growing in arid environments. *Frontiers in Microbiology*, 12. DOI: 10.3389/fmicb.2021.656269.
11. ALBRIGHT, M. B. N., MARTINY, J. B. H. (2018) Dispersal alters bacterial diversity and composition in a natural community. *The ISME Journal*, 12(1): 296–299. DOI: 10.1038/ismej.2017.161.
12. ALMÁSI, A., HAZENAUER, Z., ILLÉS, B., VERMEULEN, N. (2005) *Gyógynövények enciklopédiája: több száz különböző faj pompás fotói és részletes leírása*. Budapest: Ventus Libro.
13. AMPONSAH, N. T. (2009) Rainwater dispersal of *Botryosphaeria* conidia from infected grapevines. *New Zealand Plant Protection*. 62, 228-233
14. AOUEY, B., MAHJOUBI SAMET, A., FETOUI, H., SIMMONDS, M. S. J., BOUAZIZ, M. (2016) Anti-oxidant, anti-inflammatory, analgesic and antipyretic activities of grapevine leaf extract (*Vitis vinifera*) in mice and identification of its active constituents by LC-MS/MS analyses. *Biomedicine & Pharmacotherapy*, 84: 1088–1098. DOI: 10.1016/j.biopha.2016.10.033.
15. 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.
16. ARGIROFF, W. A., CARRELL, A. A., KLINGEMAN, D. M., DOVE, N. C., MUCHERO, W., VEACH, A. M., WAHL, T. et al. (2024) Seasonality and longer-term development generate temporal dynamics in the *Populus* microbiome. *mSystems*, 9(3): e00886-23. DOI: 10.1128/msystems.00886-23.
17. AROCA, A., RAPOSO, R. (2009) Pathogenicity of *Phaeoacremonium* species on grapevines. *Journal of Phytopathology*, 157(7–8): 413–419. DOI: 10.1111/j.1439-0434.2008.01513.x.
18. BAHMANI, Z., ABDOLLAHZADHEH, J., AMINI, J., EVIDENTE, A. (2021) *Biscogniauxia rosacearum*, the charcoal canker agent as a pathogen associated with grapevine trunk diseases in Zagros region of Iran. *Scientific Reports*, 11(1): 14098. DOI: 10.1038/s41598-021-93630-w.
19. BAJAJ, Y. P. S. (2012) *Trees I*. Springer Science & Business Media.
20. BAKKER, J. D. (2008) Increasing the utility of indicator species analysis. *Journal of Applied Ecology*, 45(6): 1829–1835. DOI: 10.1111/j.1365-2664.2008.01571.x.

21. BÁLO, B., KATONA, Z., OLASZ, A., TÓTH, E., DEÁK, T., BODOR, P., BURAI, P., MAJER, P., VÁRADI G., NAGY, R., BISZTRAY, G. (2014) Focus on terroir studies in the Eger wine region of Hungary. In: *IVES Conference Series, Terroir*.
22. BARANYAI, G., BALOGH, A., NÉMETH, S., POZSGAI, A. (2017) Vas megye elfeledett „hegyei”. *Történeti Földrajzi Közlemények*, 5(3–4): 205–216.
23. BARATA, A., SANTOS, S. C., MALFEITO-FERREIRA, M., LOUREIRO, V. (2012) New insights into the ecological interaction between grape berry microorganisms and *Drosophila* flies during the development of sour rot. *Microbial Ecology*, 64(2): 416–430. DOI: 10.1007/s00248-012-0041-y.
24. 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.
25. BATISTA, E., LOPES, A., ALVES, A. (2021) What do we know about *Botryosphaeriaceae*? An overview of a worldwide curated dataset. *Forests*, 12(3): 313. DOI: 10.3390/f12030313.
26. BAUMGARTNER, K., WARREN, J. G. (2005) Persistence of *Xylella fastidiosa* in riparian hosts near Northern California vineyards. *Plant Disease*, 89(10): 1097–1102. DOI: 10.1094/PD-89-1097.
27. BELLI, G., BIANCO, P. A., CONTI, M. (2010) Grapevine yellows in Italy: past, present and future. *Journal of Plant Pathology*, 92(2): 303–326.
28. BERG, G., GRUBE, M., SCHLOTTER, M., SMALLA, K. (2014) Unraveling the plant microbiome: looking back and future perspectives. *Frontiers in Microbiology*, 5: 148. DOI: 10.3389/fmicb.2014.00148.
29. BERNÁTH, J. (szerk.) (2000) *Gyógy- és aromanövények*. 668 p. Budapest: Mezőgazda Kiadó. ISBN: 963-286-528-9.
30. BERTSCH, C., RAMÍREZ-SUERO, M., MAGNIN-ROBERT, M., LARIGNON, P., CHONG, J., ABOU-MANSOUR, E., SPAGNOLO, A., CLÉMENT, C., FONTAINE, F. (2013) Grapevine trunk diseases: complex and still poorly understood. *Plant Pathology*, 62(2): 243–265. DOI: 10.1111/j.1365-3059.2012.02674.x.
31. BEVIVINO, A., PAGANIN, P., BACCI, G., FLORIO, A., SAMPEDRO PELLICER, M., PAPALEO, M. C., MENGONI, A., et al. (2014) Soil bacterial community response to differences in agricultural management along with seasonal changes in a Mediterranean region. *PLoS ONE*, 9(8): e105515. DOI: 10.1371/journal.pone.0105515.

32. BHOWMICK, T. S., DAS, M., HEINZ, K. M., KRAUTER, P. C., GONZALEZ, C. F. (2016) Transmission of phage by glassy-winged sharpshooters, a vector of *Xylella fastidiosa*. *Bacteriophage*, 6(3): e1218411. DOI: 10.1080/21597081.2016.1218411.
33. BILIR, N. (2011) Fertility variation and its consequences on gene diversity in the conservation of Turkish dog rose (*Rosa canina* L.). *Fresenius Environmental Bulletin*, 20(2): 340–345.
34. BILLONES-BAAIJENS, R., SAVOCCHIA, S. (2019) A review of *Botryosphaeriaceae* species associated with grapevine trunk diseases in Australia and New Zealand. *Australasian Plant Pathology*, 48(1): 3–18. DOI: 10.1007/s13313-018-0585-5.
35. BLAALID, R., KUMAR, S., NILSSON, R. H., ABARENKOV, K., KIRK, P. M., KAUSERUD, H. (2013) ITS1 versus ITS2 as DNA metabarcodes for fungi. *Molecular Ecology Resources*, 13(2): 218–224. DOI: 10.1111/1755-0998.12065.
36. BLAXTER, M., MANN, J., CHAPMAN, T., THOMAS, F., WHITTON, C., FLOYD, R., ABEBE, E. (2005) Defining operational taxonomic units using DNA barcode data. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 360(1462): 1935–1943. DOI: 10.1098/rstb.2005.1725.
37. BOCK, C. H., COOK, A. Z., PARKER, P. E., GOTTWALD, T. R., GRAHAM, J. H. (2012) Short-distance dispersal of splashed bacteria of *Xanthomonas citri* subsp. *citri* from canker-infected grapefruit tree canopies in turbulent wind. *Plant Pathology*, 61(5): 829–836. DOI: 10.1111/j.1365-3059.2011.02588.x.
38. BODENHAUSEN, N., BORTFELD-MILLER, M., ACKERMANN, M., VORHOLT, J. A. (2014) A synthetic community approach reveals plant genotypes affecting the phyllosphere microbiota. *PLoS Genetics*, 10(4): e1004283. DOI: 10.1371/journal.pgen.1004283.
39. BOKULICH, N. A., THORNGATE, J. H., RICHARDSON, P. M., MILLS, D. A. (2014) Microbial biogeography of wine grapes is conditioned by cultivar, vintage, and climate. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 111(1): e1317377110. DOI: 10.1073/pnas.1317377110.
40. BOWERS, R. M., CLEMENTS, N., EMERSON, J. B., WIEDINMYER, C., HANNIGAN, M. P., FIERER, N. (2013) Seasonal variability in bacterial and fungal diversity of the near-surface atmosphere. *Environmental Science & Technology*, 47(21): 12097–12106. DOI: 10.1021/es402970s.
41. BRANDENBURG, E. M., VOEGELE, R. T., FISCHER, M., BEHRENS, F. H. (2024) Arthropods as vectors of grapevine trunk disease pathogens: quantification of

- Phaeomoniella chlamydospora* on arthropods and mycobiome analysis of earwig exoskeletons. *Journal of Fungi*, 10(4): 237. DOI: 10.3390/jof10040237.
42. BRITON-JONES, H. R. (1925) On the diseases known as “bark canker” and “die back” in fruit trees. *Journal of Pomology and Horticultural Science*. 4(3), 162–183. <https://doi.org/10.1080/03683621.1925.11513279>
  43. BRITTON, N. L., BROWN, A. (1913) *An illustrated flora of the northern United States, Canada and the British possessions*. 2nd ed. New York: C. Scribner’s Sons. DOI: 10.5962/bhl.title.940.
  44. BROWN-RYTLEWSKI, D. E., MCMANUS, P. S. (2000) Virulence of *Botryosphaeria dothidea* and *Botryosphaeria obtusa* on apple and management of stem cankers with fungicides. *Plant Disease*, 84(9): 1031–1037. DOI: 10.1094/PDIS.2000.84.9.1031.
  45. 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.
  46. 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.
  47. CALZARANO, F., CESARI, A., DI MARCO, S. (2004) Benefit of fungicide treatment after trunk renewal of vines with different types of esca necrosis. *Phytopathologia Mediterranea*, 43(1): 1000–1009. DOI: 10.1400/14581.
  48. CARIGNAN, V., VILLARD, M.-A. (2002) Selecting indicator species to monitor ecological integrity: a review. *Environmental Monitoring and Assessment*, 78(1): 45–61. DOI: 10.1023/A:1016136723584.
  49. CARLUCCI, A., LOPS, F., MOSTERT, L., HALLEEN, F., RAIMONDO, M. (2017) Occurrence of fungi causing black foot on young grapevines and nursery rootstock plants in Italy. *Phytopathologia Mediterranea*, 56(1): 10–39. DOI: 10.14601/Phytopathol\_Mediterr-18769.
  50. CARTER, M. V. (1978) *Eutypa dieback (“Dying Arm”) disease of vines – progress towards control*. *Australian Grapegrower and Winemaker*.
  51. CARTER, M. V. (1991) *The status of Eutypa lata as a pathogen*. Wallingford, Oxon: C.A.B. International Mycological Institute.
  52. CARTER, M., BOLAY, A., RAPPAZ, F. (1983) An annotated host list and bibliography of *Eutypa armeniacae*. *Review of Plant Pathology*, 62: 251–258.

53. 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.
54. CASTILLO-PANDO, M., SOMERS, A., GREEN, C. D., PRIEST, M., SRISKANTHADES, M. (2001) Fungi associated with dieback of *Semillon* grapevines in the Hunter Valley of New South Wales. *Australasian Plant Pathology*, 30(1): 59–63. DOI: 10.1071/AP00068.
55. CHAPPELL, C. R., FUKAMI, T. (2018) Nectar yeasts: a natural microcosm for ecology. *Yeast*, 35(6): 417–423. DOI: 10.1002/yea.3311.
56. 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.
57. COISSAC, E., RIAZ, T., PULLANDRE, N. (2012) Bioinformatic challenges for DNA metabarcoding of plants and animals. *Molecular Ecology*, 21(8): 1834–1847. DOI: 10.1111/j.1365-294X.2012.05550.x.
58. COLEMAN-DERR, D., DESGARENNES, D., FONSECA-GARCIA, C., GROSS, S., CLINGENPEEL, S., WOYKE, T., NORTH, G., et al. (2016) Plant compartment and biogeography affect microbiome composition in cultivated and native *Agave* species. *New Phytologist*, 209(2): 798–811. DOI: 10.1111/nph.13697.
59. COMPANT, S., MITTER, B., COLLI-MULL, J. G., GANGL, H., SESSITSCH, A. (2011) Endophytes of grapevine flowers, berries, and seeds: identification of cultivable bacteria, comparison with other plant parts, and visualization of niches of colonization. *Microbial Ecology*, 62(1): 188–197. DOI: 10.1007/s00248-011-9883-y.
60. 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.
61. CRESPIAN, M. (2004) Evidence on the evolution of polymorphism of microsatellite markers in varieties of *Vitis vinifera* L. *Theoretical and Applied Genetics*, 108(2): 231–237. DOI: 10.1007/s00122-003-1419-5.
62. CROUS, P. W., SLIPPERS, B., WINGFIELD, M. J., RHEEDER, J., MARASAS, W. F. O., PHILIPS, A. J. L., ALVES, A., et al. (2006) Phylogenetic lineages in the *Botryosphaeriaceae*. *Studies in Mycology*, 55: 235–253. DOI: 10.3114/sim.55.1.235.
63. DAMM, U., CROUS, P. W., FOURIE, P. H. (2007) *Botryosphaeriaceae* as potential pathogens of *Prunus* species in South Africa, with descriptions of *Diplodia africana* and

- Lasiodiplodia plurivora* sp. nov. *Mycologia*, 99(5): 664–680. DOI: 10.1080/15572536.2007.11832531.
64. 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.
65. DAMM, U., FOURIE, P. H., CROUS, P. W. (2010) *Coniochaeta* (*Lecythophora*), *Collophora* gen. nov. and *Phaeomoniella* species associated with wood necroses of *Prunus* trees. *Persoonia – Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi*, 24(1): 60–80. DOI: 10.3767/003158510X500705.
66. DASHKO, S., LIU, P., VOLK, H., BUTINAR, L., PIŠKUR, J., FAY, J. C. (2016) Changes in the relative abundance of two *Saccharomyces* species from oak forests to wine fermentations. *Frontiers in Microbiology*, 7. DOI: 10.3389/fmicb.2016.00215.
67. DE CÁCERES, M., LEGENDRE, P., MORETTI, M. (2010) Improving indicator species analysis by combining groups of sites. *Oikos*, 119(10): 1674–1684. DOI: 10.1111/j.1600-0706.2010.18334.x.
68. 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.
69. DEKREY, D. H., KLODD, A. E., CLARK, M. D., BLANCHETTE, R. A. (2022) Grapevine trunk diseases of cold-hardy varieties grown in northern Midwest vineyards coincide with canker fungi and winter injury. *PLOS ONE*, 17(6): e0269555. DOI: 10.1371/journal.pone.0269555.
70. DI MARCO, S., OSTI, F. I. B., CESARI, A. I. B. (2004) Experiments on the control of esca by *Trichoderma* (*Vitis vinifera* L.; Emilia-Romagna). *Phytopathologia Mediterranea*, 43(1). DOI: 10.1016/j.tim.2024.11.011.
71. 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.
72. EDGAR, R. C. (2010) Search and clustering orders of magnitude faster than BLAST. *Bioinformatics*, 26(19): 2460–2461. DOI: 10.1093/bioinformatics/btq461.
73. EDWARDS, J., JOHNSON, C., SANTOS-MEDELLÍN, C., LURIE, E., PODISHETTY, N. K., BHATNAGAR, S., EISEN, J. A., SUNDARESAN, V. (2015) Structure, variation,

- and assembly of the root-associated microbiomes of rice. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 112(8): E911–E920. DOI: 10.1073/pnas.1414592112.
74. EKEN, C., SPANBAYEV, A., TULEGENOVA, Z., ABIEV, S. (2009) First report of *Truncatella angustata* causing leaf spot on *Rosa canina* in Kazakhstan. *Australasian Plant Disease Notes*, 4: 44–45. DOI: 10.1071/DN09018.
75. ELBRECHT, V., VAMOS, E. E., STEINKE, D., LEESE, F. (2018) Estimating intraspecific genetic diversity from community DNA metabarcoding data. *PeerJ*, 6: e4644. DOI: 10.7717/peerj.4644.
76. ERNST, W. R. (1969) *Flora Europaea. Vol. 2* by T. G. Tutin, V. H. Heywood, N. A. Burges, D. M. Moore, D. H. Valentine, S. M. Walters, D. A. Webb. *Madroño: A West American Journal of Botany*, 20: 237.
77. FISCHER, M. (2002) A new wood-decaying basidiomycete species associated with esca of grapevine: *Fomitiporia mediterranea* (Hymenochaetales). *Mycological Progress*, 1(3): 315–324. DOI: 10.1007/s11557-006-0029-4.
78. FISHER, P., PETRINI, O., SUTTON, B. C. (1993) A comparative study of fungal endophytes in leaves, xylem and bark of *Eucalyptus* in Australia and England. *Sydowia*, 45(2), 338-345.
79. FITT, B. D. L., BRUN, H., BARBETTI, M. J., RIMMER, S. R. (2006) World-wide importance of *Phoma stem canker* (*Leptosphaeria maculans* and *L. biglobosa*) on oilseed rape (*Brassica napus*). *European Journal of Plant Pathology*, 114(1): 3–15. DOI: 10.1007/s10658-005-2233-5.
80. FITZPATRICK, C. R., SALAS-GONZÁLEZ, I., CONWAY, J. M., FINKEL, O. M., GILBERT, S., RUSS, D., TEIXEIRA, P. J. P. L., DANGL, J. L. (2020) The plant microbiome: from ecology to reductionism and beyond. *Annual Review of Microbiology*, 74: 81–100. DOI: 10.1146/annurev-micro-022620-014327.
81. 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.
82. FOSTER, Z. S. L., ALBORNOZ, F. E., FIELAND, V. J., LARSEN, M. M., JONES, F. A., TYLER, B. M., NGUYEN, H. D. T., et al. (2022) A new *Oomycete* metabarcoding method using the *rps10* gene. *Phytobiomes Journal*, 6(3): 214–226. DOI: 10.1101/2021.09.22.460084.
83. GARBELLOTO, M. (2024) Drought heightens severity of diseases caused by *Botryosphaeria dothidea* and *Cryptostroma corticale* and needs to be factored in to

- properly assess pathogenicity or fulfill Koch's postulates. *Journal of Plant Pathology*, 106(4): 1823–1829. DOI: 10.1007/s42161-024-01702-3.
84. 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.
  85. GIRALDO-PEREZ, P., RAW, V., GREVEN, M., GODDARD, M. R. (2021) A small effect of conservation agriculture on soil biodiversity that differs between biological kingdoms and geographic locations. *iScience*, 24(4): 102280. DOI: 10.1016/j.isci.2021.102280.
  86. GLAWE, D. A., DILLEY, M. A., MOLLER, W. J. (1983) Isolation and identification of *Eutypa armeniaca* from *Malus domestica* in Washington State. *Mycotaxon*, 18: 315–318.
  87. 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.
  88. GRAMAJE, D., BAUMGARTNER, K., HALLEEN, F., MOSTERT, L., SOSNOWSKI, M. R., ÚRBEZ-TORRES, J. R., ARMENGOL, J. (2016) Fungal trunk diseases: a problem beyond grapevines? *Plant Pathology*, 65(3): 355–356. DOI: 10.1111/ppa.12486.
  89. GRAMAJE, D., ÚRBEZ-TORRES, J. R., SOSNOWSKI, M. R. (2018) Managing grapevine trunk diseases with respect to etiology and epidemiology: current strategies and future prospects. *Plant Disease*, 102(1): 12–39. DOI: 10.1094/PDIS-04-17-0512-FE.
  90. GRASSI, F., LABRA, M., IMAZIO, S., SPADA, A., SGORBATI, S., SCIENZA, A., SALA, F. (2003) Evidence of a secondary grapevine domestication centre detected by SSR analysis. *Theoretical and Applied Genetics*, 107(7): 1315–1320. DOI: 10.1007/s00122-003-1321-1.
  91. 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.
  92. GROENEWALD, M., KANG, J.-C., CROUS, P. W., GAMS, W. (2001) ITS and  $\beta$ -tubulin phylogeny of *Phaeoacremonium* and *Phaeomoniella* species. *Mycological Research*, 105(6): 651–657. DOI: 10.1017/S0953756201004282.
  93. 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.

94. GRYZENHOUT, M., MYBURG, H., HODGES, C. S., WINGFIELD, B. D., WINGFIELD, M. J. (2006) *Microthia*, *Holocryphia* and *Ursicollum*, three new genera on *Eucalyptus* and *Coccoloba* for fungi previously known as *Cryphonectria*. *Studies in Mycology*, 55(1): 35–52. DOI: 10.3114/sim.55.1.35.
95. GOODWIN, S., MCPHERSON, J. D., MCCOMBIE, W. R. (2016) Coming of age: ten years of next-generation sequencing technologies. *Nature Reviews Genetics*, 17: 333–351. DOI: 10.1038/nrg.2016.49.
96. 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.
97. HAILE, Z. M., PILATI, S., SONEGO, P., MALACARNE, G., VRHOVSEK, U., ENGELEN, K., TUDZYNSKI, P., et al. (2017) Molecular analysis of the early interaction between the grapevine flower and *Botrytis cinerea* reveals that prompt activation of specific host pathways leads to fungus quiescence. *Plant, Cell & Environment*, 40(8): 1409–1428. DOI: 10.1111/pce.12937.
98. HALLEEN, F., SCHROERS, H. J., GROENEWALD, J. Z., REGO, C., OLIVEIRA, H., CROUS, P. W. (2006) *Neonectria liriodendri* sp. nov., the main causal agent of black foot disease of grapevine. *Studies in Mycology*, 55: 227–234. DOI: 10.3114/sim.55.1.227.
99. HALLEEN, F., FOURIE, P. H., CROUS, P. W. (2007) Control of black foot disease in grapevine nurseries. *Plant Pathology*, 56(4): 637–645. DOI: 10.1111/j.1365-3059.2007.01613.x.
100. HAMADY, M., LOZUPONE, C., KNIGHT, R. (2010) Fast UniFrac: facilitating high-throughput phylogenetic analyses of microbial communities including analysis of pyrosequencing and PhyloChip data. *The ISME Journal*, 4(1): 17–27. DOI: 10.1038/ismej.2009.97.
101. HARRIS, D. R. (2024) *The origins and spread of agriculture and pastoralism in Eurasia: crops, fields, flocks and herds*. Taylor & Francis.
102. HARTMAN, K., VAN DER HEIJDEN, M. G. A., WITTEW, R. A., BANERJEE, S., WALSER, J.-C., SCHLAEPPI, K. (2018) Cropping practices manipulate abundance patterns of root and soil microbiome members paving the way to smart farming. *Microbiome*, 6(1): 14. DOI: 10.1186/s40168-017-0389-9.
103. HAUSNER, G., EYJÓLFSDÓTTIR, G. G., REID, J., KLASSEN, G. R. (1992) Two additional species of the genus *Togninia*. *Canadian Journal of Botany*, 70: 724–732.

104. HAWKSWORTH, D. L., GIBSON, I. A. S., GAMS, W. (1976) *Phialophora parasitica* associated with disease conditions in various trees. *Transactions of the British Mycological Society*, 66: 427–431.
105. 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.
106. HESS, G. R., BARTEL, R. A., LEIDNER, A. K., ROSENFELD, K. M., RUBINO, M. J., SNIDER, S. B., RICKETTS, T. H. (2006) Effectiveness of biodiversity indicators varies with extent, grain, and region. *Biological Conservation*, 132(4): 448–457. DOI: 10.1016/j.biocon.2006.04.037.
107. HRYCAN, J., HART, M., BOWEN, P., FORGE, T., ÚRBEZ-TORRES, J. R. (2020) Grapevine trunk disease fungi: their roles as latent pathogens and stress factors that favour disease development and symptom expression. *Phytopathologia Mediterranea*, 59(3): 395–424. DOI: 10.14601/Phyto-11275.
108. 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.
109. HUSE, S. M., YE, Y., ZHOU, Y., FODOR, A. A. (2012) A core human microbiome as viewed through 16S rRNA sequence clusters. *PLoS ONE*, 7(6): e34242. DOI: 10.1371/journal.pone.0034242.
110. HYDE, K. D., DONG, Y., PHOOKAMSAK, R., JEEWON, R., BHAT, D. J., JONES, E. B. G., LIU, N.-G., et al. (2020) Fungal diversity notes 1151–1276: taxonomic and phylogenetic contributions on genera and species of fungal taxa. *Fungal Diversity*, 100(1): 5–277. DOI: 10.1007/s13225-020-00439-5.
111. HYMA, K. E., FAY, J. C. (2013) Mixing of vineyard and oak-tree ecotypes of *Saccharomyces cerevisiae* in North American vineyards. *Molecular Ecology*, 22(11): 2917–2930. DOI: 10.1111/mec.12155.
112. 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.
113. İLBAĞI, H., ÇİTİR, A., BOSTAN, H. (2008) *Acta Horticulturae*, 781: 33.
114. ILYUKHIN, E., MARKOVSKAJA, S. (2025) DNA barcoding as a tool for surveying *Cytospora* species associated with branch dieback and canker diseases of woody plants in Canada. *DNA*, 5(2): 20. DOI: 10.3390/dna5020020.

115. INÁCIO, J., PORTUGAL, L., SPENCER-MARTINS, I., FONSECA, Á. (2005) Phylloplane yeasts from Portugal: seven novel anamorphic species in the Tremellales lineage of the Hymenomycetes (Basidiomycota) producing orange-coloured colonies. *FEMS Yeast Research*, 5(12): 1167–1183. DOI: 10.1016/j.femsyr.2005.04.009.
116. JANDA, J. M., ABBOTT, S. L. (2007) 16S rRNA gene sequencing for bacterial identification in the diagnostic laboratory: pluses, perils, and pitfalls. *Journal of Clinical Microbiology*, 45(9): 2761–2764. DOI: 10.1128/jcm.01228-07.
117. JAT, S. L., SUBY, S. B., PARIHAR, C. M., GAMBHIR, G., KUMAR, N., RAKSHIT, S. (2021) Microbiome for sustainable agriculture: a review with special reference to the corn production system. *Archives of Microbiology*, 203(6): 2771–2793. DOI: 10.1007/s00203-021-02320-8.
118. JONES, A., ALDWINKLE, H. (eds.) (1991) *Compendium of apple and pear diseases*. St. Paul, MN: American Phytopathological Society Press.
119. KANEMATSU, S. (2002) Variation in Japanese isolates of *Phomopsis* from fruit trees and their phylogenetic and taxonomic studies. *Journal of General Plant Pathology*, 68: 263.
120. KARÁCSONY, Z., KNAPP, D. G., LENGYEL, S., KOVÁCS, G. M., VÁCZY, K. Z. (2021) The fungus *Kalmusia longispora* is able to cause vascular necrosis on *Vitis vinifera*. *PLOS ONE*, 16(10): e0258043. DOI: 10.1371/journal.pone.0258043.
121. 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.
122. KELCEY, J. G., MÜLLER, N. (eds.) (2011) *Plants and habitats of European cities*. New York: Springer-Verlag.
123. KELLOGG, C. A., GRIFFIN, D. W. (2006) Aerobiology and the global transport of desert dust. *Trends in Ecology & Evolution*, 21(11): 638–644. DOI: 10.1016/j.tree.2006.07.004.
124. KENFAOUI, J., RADOUANE, N., MENNANI, M., TAHIRI, A., EL GHADRAOUI, L., BELABESS, Z., FONTAINE, F., et al. (2022) A panoramic view on grapevine trunk diseases threats: case of *Eutypa dieback*, *Botryosphaeria dieback*, and *esca* disease. *Journal of Fungi*, 8(6): 595. DOI: 10.3390/jof8060595.
125. KEMLER, M., WITFELD, F., BEGEROW, D., YURKOV, A. (2017) Phylloplane yeasts in temperate climates. In: *Yeasts in Natural Ecosystems: Diversity*, 171–197. Cham: Springer International Publishing. DOI: 10.1007/978-3-319-61575-2\_7.

126. KERNAGHAN, G., MAYERHOFER, M., GRIFFIN, A. (2017) Fungal endophytes of wild and hybrid *Vitis* leaves and their potential for vineyard biocontrol. *Canadian Journal of Microbiology*, 63(7): 583–595. DOI: 10.1139/cjm-2016-0740.
127. KNIEF, C., RAMETTE, A., FRANCES, L., ALONSO-BLANCO, C., VORHOLT, J. A. (2010) Site and plant species are important determinants of the *Methylobacterium* community composition in the plant phyllosphere. *The ISME Journal*, 4(6): 719–728. DOI: 10.1038/ismej.2010.9.
128. 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.
129. KOVÁCS, G., LENNER, T., CSAPÓ, T. (2019) Eger történeti földrajza és településmorfológiája. *Településföldrajzi Tanulmányok*, 8(2).
130. KOWALSKI, T., ANDRUCH, K. (2012) Mycobiota in needles of *Abies alba* with and without symptoms of *Herpotrichia* needle browning. *Forest Pathology*, 42(3): 183–190. DOI: 10.1111/j.1439-0329.2011.00738.x.
131. 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.
132. KRUSSMAN, G. (1981) *The complete book of roses*. Portland, OR: Timber Press.
133. KÖZPONTI STATISZTIKAI HIVATAL (2023) Magyar statisztikai évkönyv 2023. Budapest: KSH.
134. KUTBAY, H., KILINÇ, M. (1996) Ecological studies on *Ferula communis* L. subsp. *communis* (Umbelliferae). *Turkish Journal of Botany*, 20(3): 299–304.
135. LALANCETTE, N., ROBISON, D. M. (2001) Seasonal availability of inoculum for constriction canker of peach in New Jersey. *Phytopathology*, 91(11): 1109–1115. DOI: 10.1094/PHYTO.2001.91.11.1109.
136. LARIGNON, P., DUBOS, B. (1997) Fungi associated with esca disease in grapevine. *European Journal of Plant Pathology*, 103(2): 147–157. DOI: 10.1023/A:1008638409410.
137. LATZ, M. A., GRUJCIC, V., BRUGEL, S., LYCKEN, J., JOHN, U., KARLSON, B., ANDERSSON, A., ANDERSSON, A. F. (2022) Short- and long-read metabarcoding of the eukaryotic rRNA operon: evaluation of primers and comparison to shotgun metagenomics sequencing. *Molecular Ecology Resources*, 22(6): 2304–2318. DOI: 10.1111/1755-0998.13623.
138. LAWRENCE, D. P., HOLLAND, L. A., NOURI, M. T., TRAVADON, R., ABRAMIANS, A., MICHAILEDIS, T. J., TROUILLAS, F. P. (2018) Molecular

- phylogeny of *Cytospora* species associated with canker diseases of fruit and nut crops in California, with the descriptions of ten new species and one new combination. *IMA Fungus*, 9(2): 333–369. DOI: 10.5598/imafungus.2018.09.02.07.
- 139.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.
- 140.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.
- 141.LECOMTE, P., DARRIEUTORT, G., LIMINANA, J.-M., COMONT, G., MURUAMENDIARAZ, A., LEGORBURU, F.-J., CHOUEIRI, E., et al. (2012) New insights into esca of grapevine: the development of foliar symptoms and their association with xylem discoloration. *Plant Disease*, 96(7): 924–934. DOI: 10.1094/PDIS-09-11-0776-RE.
- 142.LEE, M., POWELL, J. R., OBERLE, B., UNDA, F., MANSFIELD, S. D., DALRYMPLE, R., RIGG, J., CORNWELL, W. K., ZANNE, A. E. (2022) Initial wood trait variation overwhelms endophyte community effects for explaining decay trajectories. *Functional Ecology*, 36(5): 1243–1257. DOI: 10.1111/1365-2435.14025.
- 143.LENGYEL, S., KNAPP, D. G., KARÁCSONY, Z., GEML, J., TEMPFLI, B., KOVÁCS, G. M., VÁCZY, K. Z. (2020) *Neofabraea kienholzii*, a novel causal agent of grapevine trunk diseases in Hungary. *European Journal of Plant Pathology*, 157(4): 975–984. DOI: 10.1007/s10658-020-02043-4.
- 144.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.
- 145.LEPRES, L. A., MOLNÁR, A., GEIGER, A., VÁCZY, K. Z., GEML, J. (2025a) A szőlő és környezete közötti fitopatogén kapcsolatok. *Növényvédelem*, 86(7): 294–303.
- 146.LEPRES, L. A., MOLNÁR, A., GEIGER, A., VÁCZY, K. Z., GEML, J. (2025b) Landscape-level drivers of fungal communities in grapevine, fruit trees, and semi-natural shrublands in a habitat matrix. *Plants*, 14(20): 3178. DOI: 10.3390/plants14203178.
- 147.LEVEAU, J. H. J., TECH, J. J. (2011) Grapevine microbiomics: bacterial diversity on grape leaves and berries revealed by high-throughput sequence analysis of 16S rRNA amplicons. *Acta Horticulturae*, 905: 31–42. DOI: 10.17660/ActaHortic.2011.905.2.
- 148.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.
149. 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.
150. LIM, T. K. (2012) *Prunus armeniaca*. In: *Edible Medicinal and Non-Medicinal Plants: Volume 4, Fruits* (szerk. T. K. Lim), 442–450. Dordrecht: Springer Netherlands. DOI: 10.1007/978-94-007-4053-2\_51.
151. 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.
152. LOMBARD, L., VAN DER MERWE, A., GROENEWALD, J. Z., CROUS, P. W. (2014) Lineages in *Nectriaceae*: re-evaluating the generic status of *Ilyonectria* and allied genera. *Phytopathologia Mediterranea*, 53(3): 515–532.
153. LÒPEZ-FERNÁNDEZ, S., MAZZONI, V., PEDRAZZOLI, F., PERTOT, I., CAMPISANO, A. (2017) A phloem-feeding insect transfers bacterial endophytic communities between grapevine plants. *Frontiers in Microbiology*, 8: 834. DOI: 10.3389/fmicb.2017.00834.
154. LUQUE, J., GARCIA-FIGUERES, F., LEGORBURU, F. J., MURUAMENDIARAZ, A., ARMENGOL, J., TROUILLAS, F. P. (2012) Species of *Diatrypaceae* associated with grapevine trunk diseases in Eastern Spain. *Phytopathologia Mediterranea*, 51(3): 528–540.
155. MADDEN, L. V. (1997) Effects of rain on splash dispersal of fungal pathogens. *Canadian Journal of Plant Pathology*, 19(2): 225–230. DOI: 10.1080/07060669709500557.
156. MAHAFFEE, W. F., STOLL, R. (2016) The ebb and flow of airborne pathogens: monitoring and use in disease management decisions. *Phytopathology*, 106(5): 420–431. DOI: 10.1094/PHYTO-02-16-0060-RVW.
157. MAHONEY, N., MOLYNEUX, R. J., SMITH, L. R., SCHOCH, T. K., ROLSHAUSEN, P. E., GUBLER, W. D. (2005) Dying-arm disease in grapevines: diagnosis of infection with *Eutypa lata* by metabolite analysis. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 53(21): 8148–8155. DOI: 10.1021/jf0510236.
158. MAIGNIEN, L., DEFORCE, E. A., CHAFEE, M. E., EREN, A. M., SIMMONS, S. L. (2014) Ecological succession and stochastic variation in the assembly of *Arabidopsis*

- thaliana* phyllosphere communities. *mBio*, 5(1): e00682-13. DOI: 10.1128/mBio.00682-13.
159. MARASCO, R., ROLLI, E., FUSI, M., MICHOU, G., DAFFONCHIO, D. (2018) Grapevine rootstocks shape underground bacterial microbiome and networking but not potential functionality. *Microbiome*, 6(1): 3. DOI: 10.1186/s40168-017-0391-2.
160. MARCHI, G., PEDUTO, F., SURICO, G., DI MARCO, S., CALZARANO, F., MUGNAI, L. (2006) Some observations on the relationship of manifest and hidden esca to rainfall. *Phytopathologia Mediterranea*, 45(Suppl.): 1000–1010. DOI: 10.1400/52267.
161. 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.
162. MARTINS, G., MIOT-SERTIER, C., LAUGA, B., CLAISSE, O., LONVAUD-FUNEL, A., SOULAS, G., MASNEUF-POMARÈDE, I. (2012) Grape berry bacterial microbiota: impact of the ripening process and the farming system. *International Journal of Food Microbiology*, 158(2): 93–100. DOI: 10.1016/j.ijfoodmicro.2012.06.013.
163. MCGOVERN, P. E., FLEMING, S. J., KATZ, S. H. (2003) *The origins and ancient history of wine: Food and Nutrition in History and Anthropology*. Routledge.
164. MEENTEMEYER, R. K., HAAS, S. E., VÁCLAVÍK, T. (2012) Landscape epidemiology of emerging infectious diseases in natural and human-altered ecosystems. *Annual Review of Phytopathology*, 50: 379–402. DOI: 10.1146/annurev-phyto-081211-172938.
165. MOELLER, A. H., LI, Y., MPOUDI NGOLE, E., AHUKA-MUNDEKE, S., LONSDORF, E. V., PUSEY, A. E., PEETERS, M., HAHN, B. H., OCHMAN, H. (2014) Rapid changes in the gut microbiome during human evolution. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 111(46): 16431–16435. DOI: 10.1073/pnas.1419136111.
166. MOISY, C., BERGER, G., FLUTRE, T., LE CUNFF, L., PÉROS, J.-P. (2017) Quantitative assessment of grapevine wood colonization by the dieback fungus *Eutypa lata*. *Journal of Fungi*, 3(2): 21. DOI: 10.3390/jof3020021.
167. MOLLER, W. J., KASIMATIS, A. (1978) Die-back of grapevines caused by *Eutypa armeniaca*. *Plant Disease Reporter*, 62: 254–258.
168. 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.

169. MOLYNEUX, R. J., MAHONEY, N., BAYMAN, P., WONG, R. Y., MEYER, K., IRELAN, N. (2002) *Eutypa* dieback in grapevines: differential production of acetylenic phenol metabolites by strains of *Eutypa lata*. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 50(6): 1393–1399. DOI: 10.1021/jf011215a.
170. MONDELLO, V., SONGY, A., BATTISTON, E., PINTO, C., COPPIN, C., TROTELAZIZ, P., CLÉMENT, C., MUGNAI, L., FONTAINE, F. (2018) Grapevine trunk diseases: a review of fifteen years of trials for their control with chemicals and biocontrol agents. *Plant Disease*, 102(7): 1189–1217. DOI: 10.1094/PDIS-08-17-1181-FE.
171. MORALES-CRUZ, A., FIGUEROA-BALDERAS, R., GARCÍA, J. F., TRAN, E., ROLSHAUSEN, P. E., BAUMGARTNER, K., CANTU, D. (2018) Profiling grapevine trunk pathogens *in planta*: a case for community-targeted DNA metabarcoding. *BMC Microbiology*, 18(1): 214. DOI: 10.1186/s12866-018-1343-0.
172. MORET, F., JACQUENS, L., LARIGNON, P., CLÉMENT, G., COPPIN, C., NOIROT, E., COURTY, P.-E., et al. (2024) Physiological and developmental disturbances caused by *Botryosphaeria* dieback in the annual stems of grapevine. *Frontiers in Plant Science*, 15. DOI: 10.3389/fpls.2024.1394821.
173. MORRISON-WHITTLE, P., GODDARD, M. R. (2015) Quantifying the relative roles of selective and neutral processes in defining eukaryotic microbial communities. *The ISME Journal*, 9(9): 2003–2011. DOI: 10.1038/ismej.2015.18.
174. MORRISON-WHITTLE, P., GODDARD, M. R. (2017) Fungal communities are differentially affected by conventional and biodynamic management in vineyard ecosystems. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 246: 306–313.
175. MORTIMER, S. R., TURNER, A. J., BROWN, V. K., FULLER, R. J., GOOD, J. E. G., BELL, S. A., STEVENS, P. A., et al. (2000) The nature conservation value of scrub in Britain.
176. MOSTERT, L., HALLEEN, F., FOURIE, P., CROUS, P. W. (2006a) A review of *Phaeoacremonium* species involved in Petri disease and esca of grapevines. *Phytopathologia Mediterranea*, 45(Suppl.): S12–S29.
177. MOSTERT, L., GROENEWALD, J. Z., SUMMERBELL, R. C., GAMS, W., CROUS, P. W. (2006b) Taxonomy and pathology of *Togninia* (Diaporthales) and its *Phaeoacremonium* anamorphs. *Studies in Mycology*, 54: 1–113. DOI: 10.3114/sim.54.1.1.
178. MOYO, P., DAMM, U., MOSTERT, L., HALLEEN, F. (2018) *Eutypa*, *Eutypella*, and *Cryptovalsa* species (Diatrypaceae) associated with *Prunus* species in South Africa. *Plant Disease*, 102(7): 1402–1409. DOI: 10.1094/PDIS-11-17-1696-RE.

179. MUGNAI, L., GRANITI, A., SURICO, G. (1999) Esca (black measles) and brown wood-streaking: two old and elusive diseases of grapevines. *Plant Disease*, 83(5): 404–418. DOI: 10.1094/PDIS.1999.83.5.404.
180. MUNKVOLD, G. P. (2001) Eutypa dieback of grapevine and apricot. *Plant Health Progress*, 2(1): 9. DOI: 10.1094/PHP-2001-0621-01-RV.
181. MURALI, T. S., SURYANARAYANAN, T. S., GEETA, R. (2006) Endophytic *Phomopsis* species: host range and implications for diversity estimates. *Canadian Journal of Microbiology*, 52(7): 673–680. DOI: 10.1139/w06-020.
182. MUTZ, J., MCCLORY, R., VAN DIJK, L. J., EHRLÉN, J., TACK, A. J. (2021) Pathogen infection influences the relationship between spring and autumn phenology at the seedling and leaf level. *Oecologia*, 197(2): 447–457. DOI: 10.1007/s00442-021-04889-y.
183. MÜLLER, D. B., VOGEL, C., BAI, Y., VORHOLT, J. A. (2016) The plant microbiota: systems-level insights and perspectives. *Annual Review of Genetics*, 50: 211–234. DOI: 10.1146/annurev-genet-120215-034952.
184. NISHIDA, A. H., OCHMAN, H. (2018) Rates of gut microbiome divergence in mammals. *Molecular Ecology*, 27(8): 1884–1897. DOI: 10.1111/mec.14473.
185. 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.
186. OLMO, H. P. (1996) The origin and domestication of the *Vinifera* grape. In: *The origins and ancient history of wine*. Routledge.
187. OZKAN, K., BILIR, N. (2008) Influence of soil and topographical characteristics on spatial distribution of *wildrosa* (*Rosa canina* L.) and its indicator species in Beysehir watershed, Mediterranean region, Turkey. *The Malaysian Forester*, 70: 87–96.
188. PADMATHILAKE, K. R. E., FERNANDO, W. G. D. (2022) *Leptosphaeria maculans*–*Brassica napus* battle: a comparison of incompatible vs. compatible interactions using dual RNA-Seq. *International Journal of Molecular Sciences*, 23(7): 3964. DOI: 10.3390/ijms23073964.
189. PANCHER, M., CEOL, M., CORNEO, P. E., LONGA, C. M. O., YOUSAF, S., PERTOT, I., CAMPISANO, A. (2012) Fungal endophytic communities in grapevines (*Vitis vinifera* L.) respond to crop management. *Applied and Environmental Microbiology*, 78(12): 4308–4317. DOI: 10.1128/AEM.07655-11.
190. PARIHAR, S., SHARMA, D. (2021) A brief overview on *Vitis vinifera*. *Scholars Academic Journal of Pharmacy*, 10(12): 231–239. DOI: 10.36347/sajp.2021.v10i12.005.

191. 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. DOI: 10.3389/fpls.2022.1069886.
192. PÉROS, J.-P., LAUNAY, A., PEYRIÈRE, A., BERGER, G., ROUX, C., LACOMBE, T., BOURSIQUOT, J.-M. (2023) Species relationships within the genus *Vitis* based on molecular and morphological data. *PLOS ONE*, 18(7): e0283324. DOI: 10.1371/journal.pone.0283324.
193. PETZOLDT, C. H., SALL, M. A., MOLLER, W. J. (1983) *Eutypa* dieback of grapevines: ascospore dispersal in California. *American Journal of Enology and Viticulture*, 34(4): 265–270. DOI: 10.5344/ajev.1983.34.4.265.
194. PHILLIPS, A. J. L. (1998) *Botryosphaeria dothidea* and other fungi associated with excoriose and dieback of grapevines in Portugal. *Journal of Phytopathology*, 146(7): 327–332. DOI: 10.1111/j.1439-0434.1998.tb04700.x.
195. PHILLIPS, A. J. L. (2000) Excoriose, cane blight and related diseases of grapevines: a taxonomic review of the pathogens. *Phytopathologia Mediterranea*, December 2000: 1000–1016. DOI: 10.1400/57866.
196. PINTO, C., PINHO, D., SOUSA, S., PINHEIRO, M., EGAS, C., GOMES, A. C. (2014) Unravelling the diversity of grapevine microbiome. *PLOS ONE*, 9(1): e85622. DOI: 10.1371/journal.pone.0085622.
197. PITT, W. M., TROUILLAS, F. P., GUBLER, W. D., SAVOCCHIA, S., SOSNOWSKI, M. R. (2013) Pathogenicity of diatrypaceous fungi on grapevines in Australia. *Plant Disease*, 97(6): 749–756. DOI: 10.1094/PDIS-10-12-0954-RE.
198. 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.
199. 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.
200. PORTER, T. M., HAJIBABAEI, M. (2018) Scaling up: a guide to high-throughput genomic approaches for biodiversity analysis. *Molecular Ecology*, 27(2): 313–338. DOI: 10.1111/mec.14478.
201. QUINET, M., WESEL, J.-P. (2019) Botany and taxonomy of pear. In: KORBAN, S. S. (ed.) *The Pear Genome*. Cham: Springer International Publishing, 1–33. DOI: 10.1007/978-3-030-11048-2\_1.

202. R CORE TEAM (2020) *R: A language and environment for statistical computing*. Vienna: R Foundation for Statistical Computing. URL: <http://www.R-project.org/>.
203. RAMOS, D. E. (1975) Production and dispersal of ascospores of *Eutypa armeniacae* in California. *Phytopathology*, 65(12): 1364. DOI: 10.1094/Phyto-65-1364.
204. 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.
205. RIIT, T., TEDERSOO, L., DRENKHAN, R., RUNNO-PAURSON, E., KOKKO, H., ANSLAN, S. (2016) Oomycete-specific ITS primers for identification and metabarcoding. *MycKeys*, 14: 17–30. DOI: 10.3897/mycokeys.14.9244.
206. RISELY, A. (2020) Applying the core microbiome to understand host–microbe systems. *Journal of Animal Ecology*, 89(7): 1549–1558. DOI: 10.1111/1365-2656.13229.
207. RODRIGUES, M. G., FONSECA, Á. (2003) Molecular systematics of the dimorphic ascomycete genus *Taphrina*. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 53(2): 607–616. DOI: 10.1099/ijs.0.02437-0.
208. ROLSHAUSEN, P. E., BAUMGARTNER, K., TRAVADON, R., FUJIYOSHI, P., POUZOULET, J., WILCOX, W. F. (2014) Identification of *Eutypa* spp. causing Eutypa dieback of grapevine in Eastern North America. *Plant Disease*, 98(4): 483–491. DOI: 10.1094/PDIS-08-13-0883-RE.
209. 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*.
210. RUMBOS, I. C. (1986) *Phialophora parasitica*, causal agent of cherry dieback. *Journal of Phytopathology*, 117: 283–287.
211. SALAMON, P., PALKOVICS, L. (2002) Characterization of plum pox virus PPV-BT-H isolated from naturally infected blackthorn (*Prunus spinosa* L.) in Hungary. *European Journal of Plant Pathology*, 108(9): 903–907. DOI: 10.1023/A:1021265023657.
212. 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.
213. SAPKOTA, R., NICOLAISEN, M. (2015) An improved high-throughput sequencing method for studying oomycete communities. *Journal of Microbiological Methods*, 110: 33–39. DOI: 10.1016/j.mimet.2015.01.013.

- 214.SCHMALE, D. G., ROSS, S. D. (2015) Highways in the sky: scales of atmospheric transport of plant pathogens. *Annual Review of Phytopathology*, 53: 591–611. DOI: 10.1146/annurev-phyto-080614-115942.
- 215.SEFC, K. M., STEINKELLNER, H., LEFORT, F., BOTTA, R., DA CÂMARA MACHADO, A., BORREGO, J., MALETIĆ, E., GLÖSSL, J. (2003) Evaluation of the genetic contribution of local wild vines to European grapevine cultivars. *American Journal of Enology and Viticulture*, 54(1): 15–21. DOI: 10.5344/ajev.2003.54.1.15.
- 216.SEVERNS, P. M., SYKES, E. M. (2020) Indicator species analysis: a useful tool for plant disease studies. *Phytopathology*, 110(12): 1860–1862. DOI: 10.1094/PHYTO-12-19-0462-LE.
- 217.SHADE, A., DUNN, R. R., BLOWES, S. A., KEIL, P., BOHANNAN, B. J. M., HERRMANN, M., KÜSEL, K., et al. (2018) Macroecology to unite all life, large and small. *Trends in Ecology & Evolution*, 33(10): 731–744. DOI: 10.1016/j.tree.2018.08.005.
- 218.SHADE, A., STOPNISEK, N. (2019) Abundance–occupancy distributions to prioritize plant core microbiome membership. *Current Opinion in Microbiology*, 49: 50–58. DOI: 10.1016/j.mib.2019.09.008.
- 219.SHAFI, A., JASPERS, M. V., RIDGWAY, H. J., JONES, E. E. (2015) Splash dispersal of *Botryosphaeriaceae* species in Marlborough vineyards. *New Zealand Plant Protection*, 68: 448–448. DOI: 10.30843/nzpp.2015.68.5859.
- 220.SHEN, Y. M., CHAO, C. H., LIU, H. L. (2010) First report of *Neofusicoccum parvum* associated with stem canker and dieback of Asian pear trees in Taiwan. *Plant Disease*, 94(8): 1062. DOI: 10.1094/PDIS-94-8-1062C.
- 221.SILVA, G. J., SOUZA, T. M., BARBIERI, R. L., COSTA DE OLIVEIRA, A. (2014) Origin, domestication, and dispersing of pear (*Pyrus* spp.). *Advances in Agriculture*, 2014(1): 541097. DOI: 10.1155/2014/541097.
- 222.SIMMONS, E. G. (2007) *Alternaria: An identification manual*. Utrecht: CBS Fungal Biodiversity Centre.
- 223.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.
- 224.SLIPPERS, B., CROUS, P. W., DENMAN, S., COUTINHO, T. A., WINGFIELD, B. D., WINGFIELD, M. J. (2004) Combined multiple gene genealogies and phenotypic characters differentiate several species previously identified as *Botryosphaeria dothidea*. *Mycologia*, 96: 83–101.

225. SLIPPERS, B., WINGFIELD, M. J. (2007) Botryosphaeriaceae as endophytes and latent pathogens of woody plants: diversity, ecology and impact. *Fungal Biology Reviews*, 21(2): 90–106. DOI: 10.1016/j.fbr.2007.06.002.
226. SMART, R. (2015) Trunk diseases: timely trunk renewal to overcome trunk disease. *Wine & Viticulture Journal*, 30(5). DOI: 10.3316/informit.530354391337878.
227. SMITH, H., WINGFIELD, M. J., COUTINHO, T. A., CROUS, P. W. (1996) *Sphaeropsis sapinea* and *Botryosphaeria dothidea* endophytic in *Pinus* spp. and *Eucalyptus* spp. in South Africa. *South African Journal of Botany*, 62(2): 86–88. DOI: 10.1016/S0254-6299(15)30596-2.
228. SOHRABI, M., MOHAMMADI, H., LEÓN, M., ARMENGOL, J., BANIHASHEMI, Z. (2020) Fungal pathogens associated with branch and trunk cankers of nut crops in Iran. *European Journal of Plant Pathology*, 157(2): 327–351. DOI: 10.1007/s10658-020-01996-w.
229. 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.
230. SOSNOWSKI, M. R., LUQUE, J., LOSCHIAVO, A. P., MARTOS, S., GARCIA-FIGUERES, F., WICKS, T. J., SCOTT, E. S. (2011) Studies on the effect of water and temperature stress on grapevines inoculated with *Eutypa lata*. *Phytopathologia Mediterranea*, 50: S127–S138.
231. SOSNOWSKI, M. R., SHTIENBERG, D., CREASER, M. L., WICKS, T. J., LARDNER, R., SCOTT, E. S. (2007) The influence of climate on foliar symptoms of *Eutypa dieback* in grapevines. *Phytopathology*, 97(10): 1284–1289. DOI: 10.1094/PHYTO-97-10-1284.
232. SPARAPANO, L., GRANITI, A., CICCARONE, C., GIOVANNI, B. (2000) Infection of grapevines by some fungi associated with esca. II. Interaction among *Phaeoacremonium chlamydosporum*, *P. aleophilum* and *Fomitiporia punctata*. *Phytopathologia Mediterranea*, 39: 1000–1006. DOI: 10.1400/57811.
233. 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*: 103109. DOI: 10.1016/j.pmpp.2025.103109
234. STAATS, M., ARULANDHU, A. J., GRAVENDEEL, B., HOLST-JENSEN, A., SCHOLTENS, I., PEELEN, T., PRINS, T. W., KOK, E. (2016) Advances in DNA

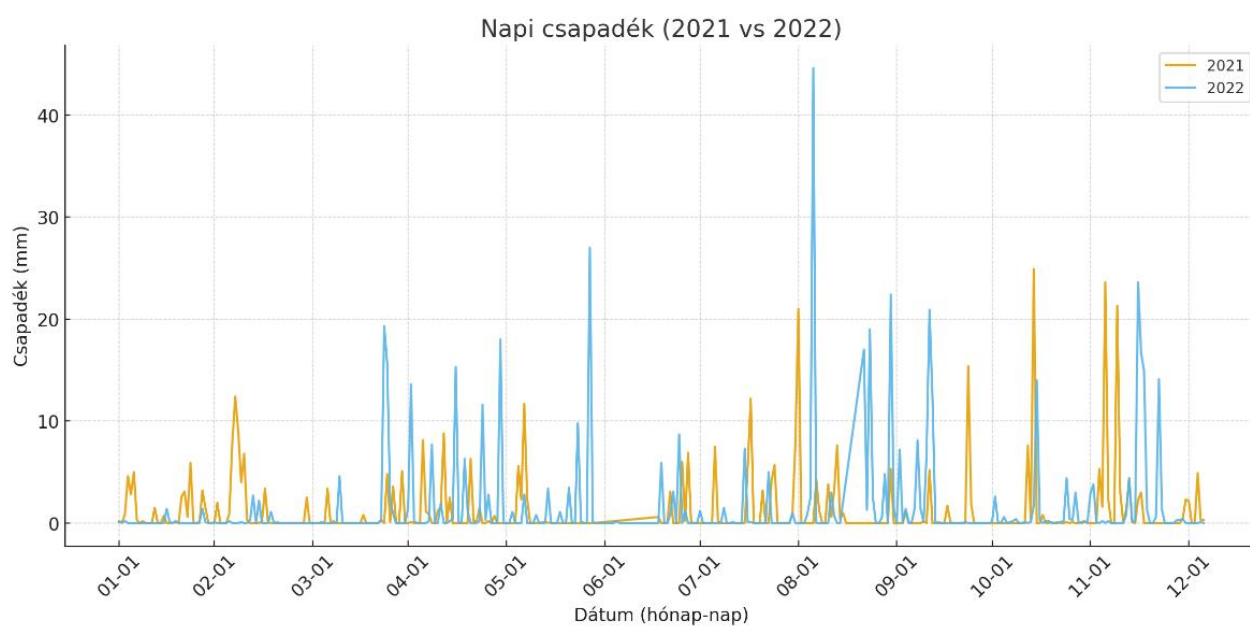
- metabarcoding for food and wildlife forensic species identification. *Analytical and Bioanalytical Chemistry*, 408(17): 4615–4630. DOI: 10.1007/s00216-016-9595-8.
235. SUDERMANN, M. A., FOSTER, Z. S. L., CHANG, J. H., GRÜNWARD, N. J. (2024) Metabarcoding for plant pathologists. *Canadian Journal of Plant Pathology*, 46(2): 142–160. DOI: 10.1080/07060661.2023.2290041.
236. SURÁNYI, D. (2003) A kajszi jelentősége, termesztésének története és helyzete. In: PÉNZES, B., SZALAY, L. (szerk.) *Kajszi*. Budapest: Mezőgazda Kiadó, 11–29.
237. SURÁNYI, D., MOLNÁR, L. (1981) A kajsziarackfa élettana. In: NYUJTÓ, F., SURÁNYI, D. (szerk.) *Kajsziarackfa*, 203.
238. SURICO, G. (2009) Towards a redefinition of the diseases within the esca complex of grapevine. *Phytopathologia Mediterranea*, 48(1): 5–10.
239. TABERLET, P., COISSAC, E., POMPANON, F., BROCHMANN, C., WILLERSLEV, E. (2012) Towards next-generation biodiversity assessment using DNA metabarcoding. *Molecular Ecology*, 21(8): 2045–2050. DOI: 10.1111/j.1365-294X.2012.05470.x.
240. 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.
241. TAYLOR, A., HARDY, G. E. ST J., WOOD, P., BURGESS, T. (2005) Identification and pathogenicity of *Botryosphaeria* species associated with grapevine decline in Western Australia. *Australasian Plant Pathology*, 34(2): 187–195. DOI: 10.1071/AP05018.
242. TRESEDER, K. K., LENNON, J. T. (2015) Fungal traits that drive ecosystem dynamics on land. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 79(2): 243–262. DOI: 10.1128/MMBR.00001-15
243. TERRAL, J.-F., TABARD, E., BOUBY, L., IVORRA, S., PASTOR, T., FIGUEIRAL, I., PICQ, S., et al. (2010) Evolution and history of grapevine (*Vitis vinifera*) under domestication: new morphometric perspectives to understand seed domestication syndrome and reveal origins of ancient European cultivars. *Annals of Botany*, 105(3): 443–455. DOI: 10.1093/aob/mcp298.
244. TEY-RULH, P., PHILIPPE, I., RENAUD, J.-M., TSOUPRAS, G., DE ANGELIS, P., FALLOT, J., TABACCHI, R. (1991) Eutypine, a phytotoxin produced by *Eutypa lata*, the causal agent of dying-arm disease of grapevine. *Phytochemistry*, 30(2): 471–473. DOI: 10.1016/0031-9422(91)83707-R.

245. THEOFEL, C. G., WILLIAMS, T. R., GUTIERREZ, E., DAVIDSON, G. R., JAY-RUSSELL, M., HARRIS, L. J. (2020) Microorganisms move a short distance into an almond orchard from an adjacent upwind poultry operation. *Applied and Environmental Microbiology*, 86(15): e00573-20. DOI: 10.1128/AEM.00573-20.
246. THIS, P., ROUX, C., PARRA, P., SIRET, R., BOURSE, T., ADAM, A.-F., YVON, M., et al. (2001) Caractérisation de la diversité d'une population de vignes sauvages du Pic Saint-Loup (Hérault) et relations avec le compartiment cultivé. *Genetics Selection Evolution*, 33(1): S289. DOI: 10.1186/BF03500885.
247. THOMAS, D., VANDEGRIFT, R., ROY, B. A., HSIEH, H.-M., JU, Y.-M. (2019) Spatial patterns of fungal endophytes in a subtropical montane rainforest of northern Taiwan. *Fungal Ecology*, 39: 316–327. DOI: 10.1016/j.funeco.2018.12.012.
248. TOJU, H., PEAY, K. G., YAMAMICHI, M., NARISAWA, K., HIRUMA, K., NAITO, K., FUKUDA, S., et al. (2018) Core microbiomes for sustainable agroecosystems. *Nature Plants*, 4(5): 247–257. DOI: 10.1038/s41477-018-0139-4.
249. TÓTH, M. G. (1997) *Gyümölcsészet*. Nyíregyháza: PRINOM Vállalkozásélénkítő Alapítvány. ISBN: 963-04-9111-.
250. TROUILLAS, F. P., GUBLER, W. D. (2010) Pathogenicity of Diatrypaceae species in grapevines in California. *Plant Disease*, 94(7): 867–872. DOI: 10.1094/PDIS-94-7-0867.
251. TROUILLAS, F. P., ÚRBEZ-TORRES, J. R., GUBLER, W. D. (2010) Diversity of diatrypaceous fungi associated with grapevine canker diseases in California. *Mycologia*, 102(2): 319–336. DOI: 10.3852/08-185.
252. UGGLA, M. (2004) *Domestication of wild roses for fruit production*. PhD-értekezés. Swedish University of Agricultural Sciences.
253. ÚRBEZ-TORRES, J. R., BATTANY, M., BETTIGA, L. J., GISPERT, C., MCGOURTY, G., RONCORONI, J., SMITH, R. J., VERDEGAAL, P., GUBLER, W. D. (2010) *Botryosphaeriaceae* species spore-trapping studies in California vineyards. *Plant Disease*, 94(6): 717–724. DOI: 10.1094/PDIS-94-6-0717.
254. ÚRBEZ-TORRES, J. R., LEAVITT, G. M., VOEGEL, T. M., GUBLER, W. D. (2006) Identification and distribution of *Botryosphaeria* spp. associated with grapevine cankers in California. *Plant Disease*, 90(12): 1490–1503. DOI: 10.1094/PD-90-1490.
255. ÚRBEZ-TORRES, J. R., PEDUTO, F., SMITH, R. J., GUBLER, W. D. (2013) Phomopsis dieback: a grapevine trunk disease caused by *Phomopsis viticola* in California. *Plant Disease*, 97(12): 1571–1579. DOI: 10.1094/PDIS-11-12-1072-RE.
256. USER, E. T. (1967) An investigation for C vitamin and traditional uses on wild rose occupy in Turkey. *Turkish Journal of Hygiene*, 27: 39–60.

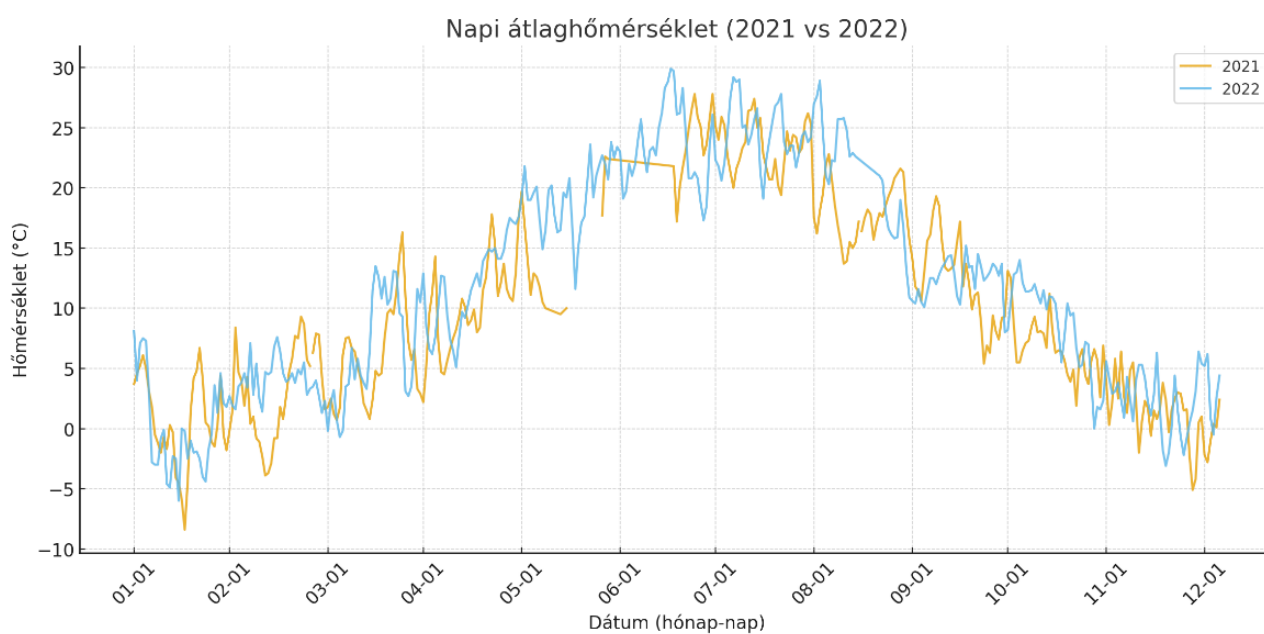
257. VAN NIEKERK, J. M., BESTER, W., HALLEEN, F., CROUS, P. W., FOURIE, P. H. (2011) The distribution and symptomatology of grapevine trunk disease pathogens are influenced by climate. *Phytopathologia Mediterranea*, 50: S98–S111.
258. VAN NIEKERK, J. M., CROUS, P. W., GROENEWALD, J. Z., FOURIE, P. H., HALLEEN, F. (2004) DNA phylogeny, morphology and pathogenicity of *Botryosphaeria* species on grapevines. *Mycologia*, 96(4): 781–798. DOI: 10.1080/15572536.2005.11832926.
259. VAN WYK, B.-E. (2005) *Food plants of the world: an illustrated guide*. Portland, OR: Timber Press. URL: <http://archive.org/details/foodplantsofworl0000vanw> (Lekérdezés: 2025. október 14.).
260. VANWALLEENDAEL, 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.
261. 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.
262. VERKLEY, G. J. M., QUAEDVLIEG, W., SHIN, H.-D., CROUS, P. W. (2013) A new approach to species delimitation in *Septoria*. *Studies in Mycology*, 75: 213–305. DOI: 10.3114/sim0018.
263. WAGNER, M. R., LUNDBERG, D. S., COLEMAN-DERR, D., TRINGE, S. G., DANGL, J. L., MITCHELL-OLDS, T. (2014) Natural soil microbes alter flowering phenology and the intensity of selection on flowering time in a wild *Arabidopsis* relative. *Ecology Letters*, 17(6): 717–726. DOI: 10.1111/ele.12276.
264. WANG, Z., HU, X., SOLANKI, M. K., PANG, F. (2023) A synthetic microbial community of plant core microbiome can be a potential biocontrol tool. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 71(13): 5030–5041. DOI: 10.1021/acs.jafc.2c08017.
265. 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.
266. WOMACK, A. M., BOHANNAN, B. J., GREEN, J. L. (2010) Biodiversity and biogeography of the atmosphere. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 365: 3645–3653. DOI: 10.1098/rstb.2010.0283.

267. 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.
268. 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.
269. YANG, H., LIU, J., MA, M., TAN, Z., ZHANG, K., SUN, R., ZHAN, X., CUI, D. (2025) Leaf development and its interaction with phyllospheric microorganisms: impacts on plant stress responses. *Plant Stress*, 16: 100843. DOI: 10.1016/j.stress.2025.100843.
270. YANG, T., SONG, L., LIN, H.-Y., DONG, K., FU, X., GAO, G.-F., ADAMS, J. M., CHU, H. (2023) Within-species plant phylogeny drives ectomycorrhizal fungal community composition in tree roots along a timberline. *Soil Biology and Biochemistry*, 176: 108880. DOI: 10.1016/j.soilbio.2022.108880.
271. YAZICI, N. (2024) Impact of climatic characteristics on variation of fruit production in wild rose (*Rosa canina* L.). *Applied Ecology & Environmental Research*, 22(2).
272. ZACHARIAS, M. A., ROFF, J. C. (2001) Use of focal species in marine conservation and management: a review and critique. *Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems*, 11(1): 59–76. DOI: 10.1002/aqc.429.
273. ZARRAONAINDIA, I., OWENS, S. M., WEISENHORN, P., WEST, K., HAMPTON-MARCELL, J., LAX, S., BOKULICH, N. A., et al. (2015) The soil microbiome influences grapevine-associated microbiota. *mBio*, 6(2): e02527–14. DOI: 10.1128/mbio.02527-14.
274. ZHANG, L., LI, X., SU, M., et al. (2019) First report of *Neofusicoccum parvum* associated with shoot cankers of peach (*Prunus persica*) in Shanghai, China. *Journal of Plant Pathology*, 101: 1257.

## M2. Ábrák és táblázatok



1. ábra: A napi csapadékmennyiségek a 2021-es és 2022-es évben a Kőlyuktető szőlőültetvény területén működő Boreas Növényvédelmi Állomás mérési adatai alapján



2. ábra: A napi átlaghőmérsékletek a 2021-es és 2022-es évben a Kőlyuktető szőlőültetvény területén működő Boreas Növényvédelmi Állomás mérési adatai alapján

M2- 1. táblázat: A vizsgált növényfajok *core* mikrobiom tagjaiként azonosított ASV-inek összefoglaló táblázata. A *heatmap* a jelenlét–hiány adatokra épül, és az azonosított taxonok előfordulási mintázatát szemlélteti a különböző gazdanövényekben.

ASV	SH	Taxon	%	Kajszibarack	Kökény	Gyepűrőzsa	Szőlő	Körte
ASV0001	SH1778454	<i>Aureobasidium intercalariosporum</i>	98,6	1	1	1	1	1
ASV0002	SH1396252	<i>Ascomycota</i>	98,9	1	1	1	1	1
ASV0003	SH1778454	<i>Aureobasidium intercalariosporum</i>	99	1	1	1	1	1
ASV0004	SH1396252	<i>Ascomycota</i>	98,6	1	1	1	1	1
ASV0006	SH1205974	<i>Alternaria brassicae</i>	98	1	1	1	0	1
ASV0007	SH1207622	<i>Filobasidium wieringae</i>	99,7	1	1	1	1	1
ASV0008	SH1396252	<i>Ascomycota</i>	99,3	1	1	1	1	1
ASV0009	SH1265178	<i>Ascomycota</i>	100	1	1	0	1	1
ASV0010	SH1396252	<i>Ascomycota</i>	99,6	1	1	1	1	1
ASV0012	SH1205974	<i>Alternaria brassicae</i>	98,3	1	1	1	0	1
ASV0013	SH1220286	<i>Fungi</i>	98,7	1	1	0	0	1
ASV0014	SH1207622	<i>Filobasidium wieringae</i>	100	1	1	1	1	1
ASV0016	SH1051416	<i>Rinodina pyrina</i>	99,6	1	1	1	1	1
ASV0017	SH1296273	<i>Pseudeurotiaceae</i>	99,6	1	1	1	0	0
ASV0019	SH1265178	<i>Ascomycota</i>	99,6	1	1	1	0	1
ASV0020	SH1337929	<i>Buckleyzyma aurantiaca</i>	98,5	1	1	1	1	1
ASV0021	SH1124916	<i>Atrocalyx nordicus</i>	99	0	0	0	1	0
ASV0022	SH1220286	<i>Fungi</i>	99,2	1	1	0	0	1
ASV0023	SH1232911	<i>Ascomycota</i>	99,6	1	1	0	1	0
ASV0024	SH1707361	<i>Diplodia cupressi</i>	98,6	0	0	0	1	0
ASV0026	SH1213405	<i>Ascomycota</i>	97,9	1	1	0	0	1
ASV0027	SH1051416	<i>Rinodina pyrina</i>	100	1	1	1	0	0
ASV0031	SH1673088	<i>Xenodidymella clematidis</i>	99	1	1	1	1	1
ASV0032	SH1337929	<i>Buckleyzyma aurantiaca</i>	98,8	1	1	0	1	1
ASV0033	SH1296273	<i>Pseudeurotiaceae</i>	100	1	1	1	0	0
ASV0036	SH1408837	<i>Xenophoma microspora</i>	93,1	1	1	0	0	0
ASV0039	SH1707361	<i>Diplodia cupressi</i>	99	0	0	0	1	0
ASV0040	SH1392748	<i>Dothideomycetes</i>	91,3	1	1	0	0	0
ASV0041	SH1232911	<i>Ascomycota</i>	100	1	0	0	1	0
ASV0042	SH1265402	<i>Chaetothyriales</i>	92,4	0	1	1	0	0
ASV0046	SH1213405	<i>Ascomycota</i>	98,3	1	1	1	0	1
ASV0047	SH1407406	<i>Helotiales</i>	99,6	0	1	0	0	1
ASV0049	SH1232923	<i>Preussia</i>	99,1	0	1	0	1	0
ASV0052	SH1754195	<i>Sporocadus lichenicola</i>	99,3	1	1	0	0	0
ASV0054	SH1673088	<i>Xenodidymella clematidis</i>	98,6	1	1	1	1	1
ASV0055	SH1164865	<i>Taphrina carpini</i>	99,4	1	1	1	0	0
ASV0056	SH1754195	<i>Sporocadus lichenicola</i>	99,6	1	0	0	0	0
ASV0058	SH1406918	<i>Tremellales</i>	99,6	1	1	1	0	0
ASV0061	SH1083086	<i>Genolevuria</i>	99,4	1	1	0	0	1

ASV	SH	Taxon	%	Kajszibarack	Kökény	Gyepűrózsa	Szőlő	Körte
ASV0062	SH1673088	<i>Xenodidymella clematidis</i>	99,3	1	1	1	1	1
ASV0063	SH1254134	<i>Angustimassarina acerina</i>	98,3	0	1	0	1	1
ASV0065	SH1337929	<i>Buckleyzyma aurantiaca</i>	98,2	1	1	0	0	1
ASV0066	SH1409078	Fungi	95,8	0	0	0	1	0
ASV0069	SH1392748	<i>Dothideomycetes</i>	91,7	0	1	0	0	0
ASV0070	SH1408837	<i>Xenophoma microspora</i>	93,5	1	1	0	0	0
ASV0073	SH1338942	Fungi	99,7	1	0	0	1	0
ASV0075	SH1853143	<i>Trichomerium syzygii</i>	98,6	0	1	0	0	0
ASV0084	SH1297265	<i>Phragmocamarosporium qujingensis</i>	99,6	0	0	0	1	0
ASV0087	SH1388139	<i>Dothideomycetes</i>	91,8	0	1	0	0	0
ASV0092	SH1371248	<i>Pseudopithomyces rosae</i>	99,6	1	0	0	0	0
ASV0094	SH1265402	Chaetothyriales	92,1	0	1	0	0	0
ASV0095	SH1754195	<i>Sporocadus lichenicola</i>	98,2	0	1	0	1	0
ASV0097	SH1344378	<i>Pseudomicrostroma glucosiphilum</i>	97,5	0	1	0	0	0
ASV0101	SH1407406	Helotiales	100	0	1	0	0	0
ASV0102	SH1303811	Tremellales	99,6	1	1	1	1	0
ASV0103	SH1392748	<i>Dothideomycetes</i>	94,6	0	1	0	0	0
ASV0106	SH1083086	<i>Genolevuria</i>	94,9	1	1	1	0	1
ASV0107	SH1344378	<i>Pseudomicrostroma glucosiphilum</i>	97,5	0	0	1	0	0
ASV0108	SH1330610	Ascomycota	87,1	0	1	0	0	0
ASV0109	SH1341807	<i>Trichomerium</i>	100	0	1	0	0	0
ASV0111	SH1152455	<i>Neocucurbitaria populi</i>	99,7	1	1	1	0	0
ASV0113	SH1390770	<i>Fuscostagonospora banksiae</i>	97,7	1	1	0	0	0
ASV0116	SH1139539	Celotheliaceae	99	1	1	0	0	1
ASV0119	SH1673088	<i>Xenodidymella clematidis</i>	99	1	1	0	0	0
ASV0120	SH1265201	Chaetothyriales	97,6	0	1	0	0	0
ASV0122	SH1392748	<i>Dothideomycetes</i>	98,2	0	1	0	0	0
ASV0123	SH1164865	<i>Taphrina carpini</i>	99,7	1	1	0	0	0
ASV0125	SH1160514	<i>Microstroma bacarum</i>	98	1	1	1	0	0
ASV0127	SH1489082	<i>Elsinoe proteae</i>	89,4	1	0	0	0	0
ASV0132	SH1406918	Tremellales	100	1	1	0	0	0
ASV0133	SH1254134	<i>Angustimassarina acerina</i>	98,7	0	1	0	0	0
ASV0137	SH1083086	<i>Genolevuria</i>	99,7	1	1	1	0	1
ASV0138	SH1358724	<i>Alternaria infectoria</i>	99	0	1	0	0	0
ASV0141	SH1303769	<i>Vishniacozyma</i>	99,6	1	0	1	1	0
ASV0146	SH1754195	<i>Sporocadus lichenicola</i>	99,6	0	1	0	0	0
ASV0150	SH1374195	<i>Agaricostilbomycetes</i>	99,7	1	1	0	0	0
ASV0157	SH1337929	<i>Buckleyzyma aurantiaca</i>	98,5	1	1	1	0	0
ASV0170	SH1319727	Teratosphaeriaceae	98,6	0	1	1	0	0
ASV0178	SH1337852	<i>Buckleyzyma aurantiaca</i>	99,7	1	1	0	0	0

ASV	SH	Taxon	%	Kajszibarack	Kökény	Gyepűrózsa	Szőlő	Körte
ASV0186	SH1388139	<i>Dothideomycetes</i>	92,2	0	0	1	0	0
ASV0187	SH1338942	<i>Fungi</i>	100	1	0	0	1	0
ASV0188	SH1778671	<i>Endoconidioma euphorbiae</i>	97,9	0	0	1	0	0
ASV0195	SH1303804	<i>Vishniacozyma victoriae</i>	99,6	1	0	0	1	0
ASV0203	SH1344384	<i>Pseudomicrostroma phylloplanum</i>	99,1	1	1	0	0	0
ASV0204	SH1847644	<i>Symmetrospora coprosmae</i>	99,7	1	1	0	1	0
ASV0205	SH1344378	<i>Pseudomicrostroma glucosiphilum</i>	97,8	0	1	0	0	0
ASV0208	SH1330610	<i>Ascomycota</i>	87,5	0	1	1	0	0
ASV0209	SH1083086	<i>Genolevuria</i>	95,2	0	1	0	0	0
ASV0211	SH1303804	<i>Vishniacozyma victoriae</i>	98,9	1	0	1	1	0
ASV0213	SH1207620	<i>Filobasidium chernovii</i>	99,2	1	0	0	0	0
ASV0216	SH1152479	<i>Parafenestella austriaca</i>	99,7	0	1	0	0	0
ASV0219	SH1303811	<i>Tremellales</i>	100	1	1	0	1	0
ASV0222	SH1330610	<i>Ascomycota</i>	99,3	0	1	0	0	0
ASV0230	SH1152455	<i>Neocucurbitaria populi</i>	100	0	1	0	0	0
ASV0238	SH1083086	<i>Genolevuria</i>	99	0	1	0	0	0
ASV0250	SH1164841	<i>Taphrina pruni</i>	94,2	1	1	0	0	0
ASV0252	SH1139539	<i>Celotheliaceae</i>	99,3	0	1	0	0	0
ASV0254	SH1390770	<i>Fuscostagonospora banksiae</i>	98,1	0	1	0	0	0
ASV0262	SH1344384	<i>Pseudomicrostroma phylloplanum</i>	99,4	0	1	0	0	0
ASV0271	SH1374195	<i>Agaricostilbomyces</i>	100	0	1	0	0	0
ASV0273	SH1337857	<i>Symmetrospora gracilis</i>	99,7	1	1	0	0	0
ASV0283	SH1160514	<i>Microstroma bacarum</i>	98,3	1	0	0	0	0
ASV0284	SH1358724	<i>Alternaria infectoria</i>	99,3	0	0	1	0	0
ASV0286	SH1265201	<i>Chaetothyriales</i>	97,3	0	1	0	0	0
ASV0293	SH1220286	<i>Fungi</i>	98,7	0	0	1	0	0
ASV0312	SH1358724	<i>Alternaria infectoria</i>	99,3	0	0	1	0	0
ASV0314	SH1164900	<i>Taphrina communis</i>	99,7	0	1	0	0	0
ASV0315	SH1319727	<i>Teratosphaeriaceae</i>	99,1	0	1	0	0	0
ASV0322	SH1083086	<i>Genolevuria</i>	95,2	0	1	0	0	0
ASV0348	SH1303769	<i>Vishniacozyma</i>	100	1	0	1	0	0
ASV0350	SH1337852	<i>Buckleyzyma aurantiaca</i>	100	1	1	0	0	0
ASV0357	SH1774533	<i>Neovaginatishpora aquadulcis</i>	99,3	0	1	0	0	0
ASV0359	SH1265178	<i>Ascomycota</i>	99,6	0	0	0	0	0
ASV0381	SH1303804	<i>Vishniacozyma victoriae</i>	100	0	0	1	1	0
ASV0384	SH1344384	<i>Pseudomicrostroma phylloplanum</i>	99,4	1	0	1	0	0
ASV0386	SH1213968	<i>Chaetothyriales</i>	97,3	1	1	0	0	0
ASV0388	SH1300669	<i>Fungi</i>	98,6	0	1	0	0	0
ASV0390	SH1220280	<i>Ascomycota</i>	93,7	1	0	0	0	0

ASV	SH	Taxon	%	Kajszibarack	Kökény	Gyepűrózsa	Szőlő	Körte
ASV0395	SH1303804	<i>Vishniacozyma victoriae</i>	99,3	1	0	0	1	0
ASV0402	SH1330762	<i>Myriangium duriaei</i>	96,2	0	1	0	0	0
ASV0420	SH1164894	<i>Taphrina veronaerambellii</i>	97,5	1	0	0	0	0
ASV0446	SH1082562	<i>Pleosporales</i>	87,2	0	0	1	0	0
ASV0448	SH1847644	<i>Symmetrospora coprosmae</i>	100	1	0	0	0	0
ASV0457	SH1083086	<i>Genolevuria</i>	99,4	0	1	0	0	0
ASV0464	SH1207620	<i>Filobasidium chernovii</i>	99,5	1	0	0	0	0
ASV0474	SH1300669	<i>Fungi</i>	98,9	0	1	0	0	0
ASV0484	SH1655339	<i>Erythrobasidium proteacearum</i>	98,9	0	1	0	0	0
ASV0492	SH1051489	<i>Dioszegia hungarica</i>	99,2	1	0	0	0	0
ASV0518	SH1051496	<i>Dioszegia crocea</i>	99,6	0	0	1	0	0
ASV0541	SH1160514	<i>Microstroma bacarum</i>	97,2	1	0	0	0	0
ASV0569	SH1160514	<i>Microstroma bacarum</i>	97,4	0	0	1	0	0
ASV0570	SH1337857	<i>Symmetrospora gracilis</i>	100	1	0	0	0	0
ASV0607	SH1160514	<i>Microstroma bacarum</i>	96	1	0	1	0	0
ASV0624	SH1337841	<i>Symmetrospora symmetrica</i>	98,8	1	0	0	0	0
ASV0650	SH1214879	<i>Tremellomycetes</i>	82,9	0	1	0	0	0
ASV0655	SH1655339	<i>Erythrobasidium proteacearum</i>	97,5	0	1	0	0	0
ASV0665	SH1164858	<i>Taphrina wiesneri</i>	99,7	1	0	0	0	0
ASV0671	SH1213968	<i>Chaetothyriales</i>	97,3	0	1	0	0	0
ASV0685	SH1303121	<i>Murispora cicognanii</i>	97,2	0	0	1	0	0
ASV0755	SH1191868	<i>Alternaria</i>	98,6	0	0	1	0	0
ASV0800	SH1202277	<i>Vishniacozyma globispora</i>	99,6	1	0	1	0	0
ASV0907	SH1160514	<i>Microstroma bacarum</i>	96,3	1	0	0	0	0
ASV1052	SH1160514	<i>Microstroma bacarum</i>	96,3	0	0	1	0	0
ASV1412	SH1337937	<i>Bucklezyma salicina</i>	99,7	0	0	1	0	0
ASV1433	SH1202277	<i>Vishniacozyma globispora</i>	100	1	0	0	0	0
ASV1931	SH1083086	<i>Genolevuria</i>	97,4	0	0	1	0	0

M2 – 2. táblázat: Az indikátorfaj analízis eredménye, mely során az öt vizsgált növényt hasonlítottuk össze. A gazdanövények az angol nevük kezdőbetűjével lettek rövidítve: A (apricot) – kajszibarack, B (blackthorn) – kökény, D (dogrose) – gyepűrózsa, G (grapevine) = szőlő, P (pear) = körte. A táblázatban szereplő további rövidítések a gombák elsődleges életmódját jelölik a *FungalTraits* adatbázis angol megnevezései alapján:

- **PP (plant pathogen)** – növény patogén
- **US (unspecified saprotroph)** – generalista szaprotróf
- **SS (soil saprotroph)** – talajszaprotróf
- **WS (wood saprotroph)** – farontó szaprotróf
- **LS (litter saprotroph)** – avarbontó szaprotróf
- **FE (foliar endophyte)** – levél-endofita

- **RE (root endophyte)** – gyökér-endofita
- **EP (epiphyte)** – epifita
- **SM (sooty mold)** – korompenész
- **MP (mycoparasite)** – mikoparazita
- **AP (animal parasite)** – állati parazita
- **LP (lichen parasite)** – zuzmóparazita
- **LZ (lichenized)** – zuzmók
- **PS (pollen saprotroph)** – pollen szaprotróf

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Gazda-növény	Elsődleges életmód	%	<i>p</i>
ASV0665	<i>Taphrina wiesneri</i>	SH1164858	A	PP	99,7	0.001
ASV1086	<i>Filobasidium oeirense</i>	SH1665267	A	US	100	0.001
ASV0466	<i>Filobasidium oeirense</i>	SH1665267	A	US	98,7	0.001
ASV0843	<i>Vishniacozyma globispora</i>	SH1202277	A	SS	98,9	0.001
ASV1433	<i>Endoconidioma euphorbiae</i>	SH1778671	A	WS	100	0.001
ASV0806	<i>Endoconidioma euphorbiae</i>	SH1778671	A	WS	99,3	0.001
ASV0443	<i>Camarosporium sophorae</i>	SH1331897	A	FE	99	0,001
ASV1725	<i>Buckleyzyma sp.</i>	SH1337821	A	EP	99,3	0.001
ASV1494	<i>Sclerotinia tetraspora</i>	SH1336697	A	PP	98,5	0,001
ASV0043	<i>Dioszegia patagonica</i>	SH1051547	A	LS	98,9	0.002
ASV1438	<i>Perusta sp.</i>	SH1290060	A	US	100	0.001
ASV1309	<i>Buckleyzyma salicina</i>	SH1337937	A	EP	94,9	0.001
ASV1623	<i>Perusta sp.</i>	SH1290060	A	US	98,4	0.001
ASV2225	<i>Strickeria kochii</i>	SH1272524	A	WS	95,3	0.001
ASV4300	<i>Taphrina deformans</i>	SH1164842	A	PP	98,3	0.001
ASV2746	<i>Buckleyzyma salicina</i>	SH1337937	A	EP	99,7	0.001
ASV2321	<i>Buckleyzyma sp.</i>	SH1337821	A	EP	98,7	0.002
ASV2150	<i>Pseudomicrostroma phylloplanum</i>	SH1344384	A	PP	98,8	0.001
ASV0508	<i>Pseudomicrostroma glucosiphilum</i>	SH1344378	A	PP	99,7	0.001
ASV1055	<i>Vishniacozyma dimennae</i>	SH1202280	A	SS	97,2	0.001
ASV2799	<i>Jeremyomyces labinae</i>	SH1950359	A	WS	99,7	0.001
ASV5088	<i>Pseudomicrostroma phylloplanum</i>	SH1344384	A	PP	98,9	0.001

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Gazdanövény	Elsődleges életmód	%	p
ASV0990	<i>Buckleyzyma aurantiaca</i>	SH1337929	A	EP	100	0.001
ASV1243	<i>Herpotrichia sp.</i>	SH1233147	A	PP	98,2	0,001
ASV1969	<i>Strickeria kochii</i>	SH1272524	A	WS	97,2	0,001
ASV5544	<i>Pseudomicrostroma glucosiphilum</i>	SH1344378	A	PP	97,6	0,001
ASV3471	<i>Camarosporium sophorae</i>	SH1331897	A	FE	97,2	0,001
ASV2777	<i>Vishniacozyma dimenae</i>	SH1202280	A	SS	99,6	0,001
ASV4069	<i>Xenodidymella clematidis</i>	SH1673088	A	LS	100	0,002
ASV1908	<i>Pseudomicrostroma glucosiphilum</i>	SH1344378	A	PP	99	0,015
ASV2524	<i>Filobasidium wieringae</i>	SH1207622	A	US	97,5	0,004
ASV1665	<i>Dioszegia athyri</i>	SH1444242	A	LS	99,5	0,001
ASV2623	<i>Phoma herbarum</i>	SH1213422	A	PP	99,6	0,005
ASV3842	<i>Aureobasidium intercalariosporum</i>	SH1778454	A	SM	98,6	0,001
ASV5319	<i>Filobasidium wieringae</i>	SH1207622	A	US	96,9	0,004
ASV2244	<i>Filobasidium wieringae</i>	SH1207622	A	US	96,2	0,001
ASV3148	<i>Filobasidium wieringae</i>	SH1207622	A	US	95,7	0,001
ASV2772	<i>Buckleyzyma aurantiaca</i>	SH1337929	A	EP	99,7	0,001
ASV2422	<i>Coprinopsis villosa</i>	SH1301740	A	SS	97,9	0,003
ASV2385	<i>Filobasidium wieringae</i>	SH1207622	A	US	94,9	0,002
ASV3426	<i>Typhula sp.</i>	SH1200049	A	PP	97,3	0,002
ASV5828	<i>Herpotrichia sp.</i>	SH1233147	A	PP	99,3	0,004
ASV3276	<i>Aureobasidium intercalariosporum</i>	SH1778454	A	SM	97,5	0,005
ASV8477	<i>Filobasidium wieringae</i>	SH1207622	A	US	92,1	0,002
ASV3335	<i>Pseudomicrostroma glucosiphilum</i>	SH1344378	A	PP	97,8	0,002
ASV6449	<i>Xylodon flaviporus</i>	SH1386275	A	WS	97,5	0,002
ASV1847	<i>Typhula sp.</i>	SH1200049	A	PP	99	0,002
ASV1914	<i>Filobasidium wieringae</i>	SH1207622	A	US	98,7	0,009
ASV3108	<i>Hazslinszkyomyces lycii</i>	SH1331922	A	LS	99,2	0,005
ASV4602	<i>Filobasidium wieringae</i>	SH1207622	A	US	99,6	0,002

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Gazda-növény	Elsődleges életmód	%	p
ASV1825	<i>Cystobasidium terricola</i>	SH1337835	A	MP	99,2	0.010
ASV4752	<i>Aureobasidium intercalariosporum</i>	SH1778454	A	SM	87,6	0,007
ASV7458	<i>Periconia chimonanthi</i>	SH1310041	A	PP	97,2	0.006
ASV0818	<i>Plenodomus sp.</i>	SH1389874	A	PP	98,2	0,029
ASV3105	<i>Symmetrospora foliicola</i>	SH1319658	A	EP	99,3	0,005
ASV8191	<i>Cytospora euonymina</i>	SH1221338	A	PP	90,5	0,004
ASV1826	<i>Erythrobasidium proteacearum</i>	SH1655339	A	MP	96,6	0.014
ASV5648	<i>Cytospora euonymina</i>	SH1221338	A	PP	99,4	0,004
ASV3396	<i>Taphrina pruni-subcordatae</i>	SH1164901	A	PP	97	0.009
ASV5885	<i>Plenodomus sp.</i>	SH1389874	A	PP	99,1	0,006
ASV1676	<i>Microstroma bacarum</i>	SH1160514	A	PP	99	0.010
ASV3673	<i>Perusta sp.</i>	SH1290060	A	US	97,7	0.013
ASV5330	<i>Phoma herbarum</i>	SH1213422	A	PP	99,7	0.022
ASV5708	<i>Typhula sp.</i>	SH1200049	A	PP	99	0,007
ASV1649	<i>Kurtzmanomyces nectairei</i>	SH1187898	A	US	98,4	0.006
ASV9297	<i>Buckleyzyma salicina</i>	SH1337937	A	EP	82,3	0.007
ASV4048	<i>Myriangium duriaei</i>	SH1330762	A	AP	99	0.026
ASV3322	<i>Kondoa chamaenerii</i>	SH1220238	A	US	85,9	0.016
ASV10928	<i>Tumularia tuberculata</i>	SH1233071	A	LS	98,8	0.004
ASV5079	<i>Ascomycota sp.</i>	SH1220280	A		95,8	0,015
ASV4741	<i>Erythrobasidium hasegawae</i>	SH1200286	A	MP	95	0.016
ASV5992	<i>Exophiala ellipsoidea</i>	SH1071524	A	AP	98,8	0.023
ASV10233	<i>Cyathicula coronata</i>	SH1377524	A	LS	99,6	0.010
ASV5291	<i>Pseudomicrostroma glucosiphilum</i>	SH1344378	A	PP	96,7	0.016
ASV8190	<i>Taphrina sp.</i>	SH1164844	A	PP	97,8	0,016
ASV9679	<i>Leucosporidium golubevii</i>	SH1410025	A	SS	99,3	0,018
ASV10605	<i>Aureobasidium intercalariosporum</i>	SH1778454	A	SM	100	0,015
ASV4059	<i>Naganishia albida</i>	SH1338889	A	US	98,3	0.011

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Gazda-növény	Elsődleges életmód	%	p
ASV11252	<i>Kondoa chamaenerii</i>	SH1220238	A	US	99,2	0.013
ASV12032	<i>Irpex latemarginatus</i>	SH1080318	A	WS	98,8	0.017
ASV9401	<i>Didymellaceae sp.</i>	SH1213361	A		99,7	0,011
ASV6966	<i>Tremellomyces sp.</i>	SH1052423	A		96,2	0,019
ASV8334	<i>Tremellomyces sp.</i>	SH1202264	A		99,7	0,01
ASV9429	<i>Pleosporales sp.</i>	SH1331906	A		97,2	0,015
ASV12389	<i>Bannoa sp.</i>	SH1200304	A	LS	96,2	0,005
ASV6725	<i>Typhula spathulata</i>	SH1331108	A	PP	98	0,011
ASV6915	<i>Heterophaeomoniella pinifoliorum</i>	SH1139494	A		99,7	0.012
ASV2029	<i>Jeremyomyces labinae</i>	SH1950359	A	WS	90	0.019
ASV4339	<i>Xylodon subtropicus</i>	SH1386343	A	WS	98,5	0.007
ASV4129	<i>Ascomycota sp.</i>	SH1213405	A		99	0,014
ASV6435	<i>Jeremyomyces labinae</i>	SH1950359	A	WS	97,6	0.033
ASV5064	<i>Parafenestella austriaca</i>	SH1152479	A	US	98,9	0.028
ASV7807	<i>Pleosporales sp.</i>	SH1331906	A		99	0,026
ASV9400	<i>Typhula sp.</i>	SH1200049	A	PP	95,9	0,012
ASV6425	<i>Erythrobasidium proteacearum</i>	SH1655339	A	MP	98,4	0.014
ASV8018	<i>Typhula sp.</i>	SH1200049	A	PP	99,7	0,021
ASV4582	<i>Agaricomycetes sp.</i>	SH1205338	A		98	0,029
ASV7976	<i>Dothideomycetes sp.</i>	SH1297309	A		86,1	0,028
ASV9890	<i>Fungi sp.</i>	SH1337805	A		85,8	0,024
ASV4906	<i>Fungi sp.</i>	SH1337805	A		96	0,031
ASV6692	<i>Fungi sp.</i>	SH1337805	A		97,8	0,037
ASV9199	<i>Populocrescentia forlicesenensis</i>	SH1683362	A	LS	98,2	0.027
ASV4917	<i>Microcyclospora malicola</i>	SH1305963	A	PP	99,2	0,05
ASV0151	<i>Exobasidium maculosum</i>	SH1300712	B	PP	100	0.001
ASV0813	<i>Exobasidium maculosum</i>	SH1300712	B	PP	96,5	0.001
ASV1736	<i>Dothideomycetes sp.</i>	SH1392748	B		99,3	0,001
ASV1392	<i>Exobasidium maculosum</i>	SH1300712	B	PP	94,9	0.001
ASV1257	<i>Fungi sp.</i>	SH1300669	B		98,7	0,001

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Gazda-növény	Elsődleges életmód	%	p
ASV0767	<i>Exobasidium maculosum</i>	SH1300712	B	PP	99,3	0.001
ASV1409	<i>Exobasidium maculosum</i>	SH1300712	B	PP	96,8	0.001
ASV0505	<i>Exobasidium maculosum</i>	SH1300712	B	PP	89,3	0.001
ASV1841	<i>Erythrobasidium sp.</i>	SH1393746	B	MP	99	0.001
ASV1615	<i>Exobasidium maculosum</i>	SH1300712	B	PP	83,4	0.001
ASV0847	<i>Genolevuria sp.</i>	SH1083086	B	US	89,6	0.001
ASV0873	<i>Exobasidium maculosum</i>	SH1300712	B	PP	95,5	0.001
ASV1165	<i>Tremellales sp.</i>	SH1083089	B		96,1	0.001
ASV1643	<i>Exobasidium maculosum</i>	SH1300712	B	PP	99,2	0.001
ASV2496	<i>Microcyclospora malicola</i>	SH1305963	B	PP	99,7	0.001
ASV0697	<i>Fungi sp.</i>	SH1407404	B		98,9	0.001
ASV1316	<i>Microcyclospora malicola</i>	SH1305963	B	PP	99,6	0.001
ASV1072	<i>Fungi sp.</i>	SH1220286	B		98,9	0.001
ASV1507	<i>Fungi sp.</i>	SH1389310	B		98,3	0.001
ASV1707	<i>Trichomerium syzygii</i>	SH1853143	B	FE	94,6	0.001
ASV1031	<i>Fungi sp.</i>	SH1220286	B		98,6	0.001
ASV2210	<i>Microbotryomycetes sp.</i>	SH1410017	B		98,7	0.001
ASV1926	<i>Trichomerium camporesii</i>	SH1853182	B	FE	91,5	0.001
ASV1398	<i>Microsporomyces ellipsoideus</i>	SH1645271	B	EP	94,4	0.001
ASV1751	<i>Filobasidium globosum</i>	SH1344199	B	US	80,9	0.001
ASV1135	<i>Tremellales sp.</i>	SH1083089	B		99,7	0.001
ASV1058	<i>Filobasidium globosum</i>	SH1344199	B	US	98,8	0.001
ASV0939	<i>Robertozyma ningxiaensis</i>	SH1337769	B	SS	99,2	0.001
ASV2453	<i>Fungi sp.</i>	SH1300667	B		83,2	0.001
ASV1074	<i>Microcyclospora malicola</i>	SH1305963	B	PP	98,9	0.001
ASV1810	<i>Tremellales sp.</i>	SH1172703	B		99,3	0.001
ASV2626	<i>Trichomerium camporesii</i>	SH1853182	B	FE	96,2	0.001
ASV0878	<i>Genolevuria sp.</i>	SH1083086	B	US	94,8	0.001
ASV1381	<i>Erythrobasidium sp.</i>	SH1393746	B	MP	95,9	0.001

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Gazda-növény	Elsődleges életmód	%	p
ASV2665	<i>Exobasidium maculosum</i>	SH1300712	B	PP	83,7	0.001
ASV1678	<i>Erythrobasidium sp.</i>	SH1393746	B	MP	96,5	0,001
ASV2134	<i>Trichomerium syzygii</i>	SH1853143	B	FE	90,7	0.001
ASV1853	<i>Septobasidium pallidum</i>	SH1331050	B	AP	98,3	0.001
ASV2337	<i>Fungi sp.</i>	SH1220286	B		94,5	0,001
ASV2142	<i>Trichomerium syzygii</i>	SH1853143	B	FE	98,3	0.001
ASV1752	<i>Fungi sp.</i>	SH1220286	B		98	0,001
ASV2058	<i>Filobasidium globosum</i>	SH1344199	B	US	97,9	0.001
ASV1432	<i>Fungi sp.</i>	SH1407404	B		99,4	0,001
ASV2099	<i>Exobasidium maculosum</i>	SH1300712	B	PP	100	0.001
ASV2771	<i>Fungi sp.</i>	SH1407415	B		91,5	0,001
ASV1302	<i>Cystobasidium sp.</i>	SH1193046	B	MP	98,7	0,003
ASV1647	<i>Cystobasidiomycetes sp.</i>	SH1193101	B		81,1	0,001
ASV4280	<i>Erythrobasidium sp.</i>	SH1393746	B	MP	83,6	0,001
ASV3369	<i>Fungi sp.</i>	SH1300667	B		91	0,001
ASV1650	<i>Trichomerium camporesii</i>	SH1853182	B	FE	99,3	0.001
ASV1568	<i>Bannoa ogasawarensis</i>	SH1200308	B	LS	94,4	0.001
ASV2394	<i>Cyphellophora sessilis</i>	SH1323480	B	LS	80,1	0.001
ASV2439	<i>Trichomerium syzygii</i>	SH1853143	B	FE	99,4	0.001
ASV2483	<i>Tremellales sp.</i>	SH1172703	B		98,3	0,001
ASV4092	<i>Capnodiales sp.</i>	SH1053933	B		96,6	0,001
ASV1310	<i>Erythrobasidium elongatum</i>	SH1200283	B	MP	87,1	0.010
ASV1830	<i>Fungi sp.</i>	SH1389310	B		99,7	0,001
ASV2384	<i>Exobasidium maculosum</i>	SH1300712	B	PP	96,2	0.001
ASV4142	<i>Fungi sp.</i>	SH1407415	B		98	0,002
ASV2233	<i>Exobasidium maculosum</i>	SH1300712	B	PP	99,1	0.001
ASV2462	<i>Neocoleroa metrosideri</i>	SH1964163	B	PP	89,6	0.001
ASV4465	<i>Fungi sp.</i>	SH1220167	B		98,2	0,001
ASV0949	<i>Exobasidium maculosum</i>	SH1300712	B	PP	99,6	0.001

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Gazda-növény	Elsődleges életmód	%	p
ASV1801	<i>Fungi sp.</i>	SH1389310	B		99	0,001
ASV2683	<i>Trichomerium syzygii</i>	SH1853143	B	FE	95	0.001
ASV3102	<i>Cystobasidiomycetes sp.</i>	SH1193101	B		97,6	0,001
ASV3509	<i>Chaetothyriales sp.</i>	SH1341844	B		82,8	0,001
ASV2418	<i>Exophiala sp.</i>	SH1378372	B	AP	94,4	0,001
ASV3027	<i>Exobasidium maculosum</i>	SH1300712	B	PP	99,2	0.001
ASV3446	<i>Erythrobasidium proteacearum</i>	SH1655339	B	MP	97,7	0.001
ASV3143	<i>Xenophoma microspora</i>	SH1408837	B	LP	98,9	0,001
ASV5094	<i>Exobasidium maculosum</i>	SH1300712	B	PP	92,8	0.001
ASV4186	<i>Fungi sp.</i>	SH1300669	B		91,9	0,001
ASV1885	<i>Ascomycota sp.</i>	SH1407409	B		97,8	0,001
ASV1666	<i>Peltaster fructicola</i>	SH1072896	B	PP	99	0.001
ASV2008	<i>Dothideomycetes sp.</i>	SH1392748	B		99,7	0,001
ASV1260	<i>Dioszegia xingshanensis</i>	SH1051490	B	LS	88,8	0.001
ASV3458	<i>Cyphellophora livistonae</i>	SH1300744	B	LS	97,7	0.001
ASV2909	<i>Peltaster fructicola</i>	SH1072896	B	PP	99,7	0.001
ASV1550	<i>Elsinoe sp.</i>	SH1081869	B	PP	99,3	0,001
ASV1095	<i>Septobasidium carestianum</i>	SH1331081	B	AP	85,6	0.001
ASV5704	<i>Lecania naegelii</i>	SH1253273	B	LZ	100	0.001
ASV4355	<i>Fungi sp.</i>	SH1389310	B		98,5	0,001
ASV2063	<i>Erythrobasidium sp.</i>	SH1393746	B	MP	94,3	0,001
ASV2414	<i>Cystobasidium sp.</i>	SH1193046	B	MP	91,3	0,002
ASV5588	<i>Eurotiomycetes sp.</i>	SH1382179	B		80,8	0,001
ASV1305	<i>Sakaguchia sp.</i>	SH1192993	B	US	90,2	0,001
ASV4784	<i>Fungi sp.</i>	SH1389310	B		80,5	0,001
ASV3085	<i>Myriangium duriaei</i>	SH1330762	B	AP	96,6	0.001
ASV4312	<i>Lecanora sublivescens</i>	SH1385862	B	LZ	94,8	0.001
ASV2844	<i>Myriangium duriaei</i>	SH1330762	B	AP	98,2	0.001
ASV2996	<i>Trichomerium syzygii</i>	SH1853143	B	FE	94,5	0.001
ASV3548	<i>Ascomycota sp.</i>	SH1407409	B		98	0,001
ASV2622	<i>Exobasidium maculosum</i>	SH1300712	B	PP	99,3	0.002

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Gazda-növény	Elsődleges életmód	%	p
ASV4989	<i>Homophron spadiceum</i>	SH1202698	B	WS	88,6	0,001
ASV5964	<i>Exobasidium maculosum</i>	SH1300712	B	PP	83,3	0,001
ASV2510	<i>Septobasidium pallidum</i>	SH1331050	B	AP	99,3	0,001
ASV3383	<i>Dothideomycetes sp.</i>	SH1251152	B		94,2	0,002
ASV3523	<i>Septobasidium carestianum</i>	SH1331081	B	AP	92,8	0,002
ASV4057	<i>Mycosphaerellales sp.</i>	SH1361653	B		99,7	0,001
ASV1816	<i>Eurotiomycetes sp.</i>	SH1382179	B		97,5	0,002
ASV1394	<i>Exobasidium maculosum</i>	SH1300712	B	PP	90,5	0,001
ASV2775	<i>Aureobasidium intercalariosporum</i>	SH1778454	B	SM	95,5	0,002
ASV5826	<i>Ascomycota sp.</i>	SH1407409	B		92,1	0,001
ASV2664	<i>Elsinoe proteae</i>	SH1489082	B	PP	99,3	0,003
ASV3759	<i>Genolevuria pseudoamylytica</i>	SH1490814	B	US	89,1	0,001
ASV2497	<i>Elsinoe sp.</i>	SH1081869	B	PP	81,4	0,003
ASV1778	<i>Cyphellophora sessilis</i>	SH1323480	B	LS	85,9	0,002
ASV4621	<i>Exobasidium maculosum</i>	SH1300712	B	PP	99,4	0,002
ASV6102	<i>Niesslia fuegiana</i>	SH1265960	B	LS	89	0,002
ASV4003	<i>Fungi sp.</i>	SH1300669	B		82,4	0,001
ASV2661	<i>Cystobasidiomycetes sp.</i>	SH1200276	B		98,2	0,002
ASV2899	<i>Cystobasidiomycetes sp.</i>	SH1193101	B		81,1	0,002
ASV6381	<i>Fungi sp.</i>	SH1389310	B		83,9	0,002
ASV2966	<i>Erythrobasidium sp.</i>	SH1393746	B	MP	94,6	0,004
ASV2791	<i>Elsinoe sp.</i>	SH1081869	B	PP	91,5	0,001
ASV4560	<i>Aureobasidium intercalariosporum</i>	SH1778454	B	SM	85,9	0,002
ASV5843	<i>Exobasidium maculosum</i>	SH1300712	B	PP	97,6	0,001
ASV3809	<i>Chaetothyriales sp.</i>	SH1341844	B		89,6	0,001
ASV4188	<i>Ramularia unterseheri</i>	SH1346889	B	PP	94,1	0,002
ASV1675	<i>Microcyclospora malicola</i>	SH1305963	B	PP	99,3	0,002
ASV0929	<i>Erythrobasidium proteacearum</i>	SH1655339	B	MP	99,3	0,003
ASV4631	<i>Robertozyma ningxiaensis</i>	SH1337769	B	SS	98	0,002

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Gazda-növény	Elsődleges életmód	%	p
ASV4051	<i>Microcyclospora malicola</i>	SH1305963	B	PP	82,9	0,001
ASV3190	<i>Peltaster fruticola</i>	SH1072896	B	PP	99,3	0,003
ASV2448	<i>Xenosonderhenia syzygii</i>	SH1347207	B	LS	99,7	0,003
ASV1768	<i>Fungi sp</i>	SH1300669	B		94,5	0,003
ASV4061	<i>Basidiomycota sp</i>	SH1337797	B		97,8	0,002
ASV3585	<i>Exobasidium maculosum</i>	SH1300712	B	PP	98,4	0,011
ASV7238	<i>Erythrobasidiales sp</i>	SH1200295	B		98,4	0,002
ASV4254	<i>Niesslia fuegiana</i>	SH1265960	B	LS	97,9	0,003
ASV3358	<i>Xenosonderhenia syzygii</i>	SH1347207	B	LS	82,1	0,001
ASV2409	<i>Erythrobasidium sp</i>	SH1393746	B	MP	94,9	0,002
ASV4623	<i>Dothideomycetes sp</i>	SH1392748	B		90,7	0,003
ASV1894	<i>Genolevuria sp</i>	SH1083112	B	US	89,2	0,003
ASV3452	<i>Erythrobasidium sp</i>	SH1393746	B	MP	83	0,001
ASV3602	<i>Elsinoe tectificae</i>	SH1081840	B	PP	91,6	0,003
ASV3745	<i>Ascomycota sp</i>	SH1265178	B		80,5	0,003
ASV2250	<i>Fungi sp</i>	SH1300667	B		99,6	0,002
ASV4046	<i>Erythrobasidium proteacearum</i>	SH1655339	B	MP	99,6	0,003
ASV4707	<i>Exobasidium maculosum</i>	SH1300712	B	PP	99,2	0,002
ASV2450	<i>Teratosphaeriaceae sp</i>	SH1305962	B		89,3	0,004
ASV2039	<i>Cyphellophora sessilis</i>	SH1323480	B	LS	99,1	0,004
ASV6121	<i>Elsinoe tectificae</i>	SH1081840	B	PP	99,1	0,003
ASV5566	<i>Fungi sp</i>	SH1389310	B		80,9	0,001
ASV5509	<i>Endosporium aviarium</i>	SH1277615	B	LS	96,2	0,002
ASV1708	<i>Septobasidium pallidum</i>	SH1331050	B	AP	94,9	0,002
ASV4899	<i>Trichomerium syzygii</i>	SH1853143	B	FE	94,5	0,005
ASV2919	<i>Rhizoplaca novomexicana</i>	SH1199517	B	LZ	98,3	0,004
ASV1903	<i>Agaricostilbomycetes sp</i>	SH1374195	B		90,5	0,01
ASV3664	<i>Exobasidium sp</i>	SH1300720	B	PP	97,7	0,001
ASV4218	<i>Dothideomycetes sp</i>	SH1197357	B		99,3	0,001
ASV4141	<i>Fungi sp</i>	SH1407416	B		89,3	0,001
ASV2850	<i>Genolevuria armeniaca</i>	SH1083105	B	US	99,6	0,006

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Gazda-növény	Elsődleges életmód	%	p
ASV3025	<i>Basidiomycota sp</i>	SH1337797	B		99,7	0,031
ASV3425	<i>Fungi sp</i>	SH1407416	B		99	0,046
ASV4037	<i>Ascomycota sp</i>	SH1330610	B		100	0,005
ASV2220	<i>Ionomidotis sp</i>	SH1190599	B	WS	98,9	0,012
ASV1150	<i>Capnobotryella renispora</i>	SH1389062	B	LS	82,4	0,005
ASV5392	<i>Fungi sp</i>	SH1300669	B		96,2	0,002
ASV4050	<i>Basidiomycota sp</i>	SH1337800	B		98,5	0,003
ASV7120	<i>Ascomycota sp</i>	SH1330610	B		80,2	0,002
ASV5587	<i>Xenophoma microspora</i>	SH1408837	B	LP	98,6	0,003
ASV8726	<i>Rachicladosporium pini</i>	SH1334900	B	LS	92,8	0,003
ASV3267	<i>Cyphellophora sessilis</i>	SH1323480	B	LS	99,6	0,048
ASV4694	<i>Filobasidiales sp</i>	SH1360043	B		99,1	0,005
ASV5670	<i>Cystobasidiomycetes sp</i>	SH1193101	B		99,7	0,003
ASV6172	<i>Elsinoe sp</i>	SH1081869	B	PP	82,5	0,003
ASV2982	<i>Rinodina pyrina</i>	SH1051416	B	LZ	85,6	0,005
ASV2585	<i>Ramularia hydrangeae-macrophyllae</i>	SH1860568	B	PP	99,3	0,020
ASV3708	<i>Trichomerium syzygii</i>	SH1853143	B	FE	99,2	0,007
ASV2822	<i>Trichomerium syzygii</i>	SH1853143	B	FE	98	0,012
ASV2161	<i>Erythrobasidium sp</i>	SH1393746	B	MP	98,3	0,013
ASV7377	<i>Genolevuria sp</i>	SH1083086	B	US	84	0,002
ASV5873	<i>Genolevuria sp</i>	SH1083112	B	US	95,2	0,005
ASV9212	<i>Lecania naegeli</i>	SH1253273	B	LZ	82,9	0,002
ASV4409	<i>Xenosonderhenia syzygii</i>	SH1347207	B	LS	99,2	0,016
ASV0688	<i>Endosporium aviarium</i>	SH1277615	B	LS	94,5	0,009
ASV4693	<i>Dothideomycetes sp</i>	SH1197357	B		97,3	0,008
ASV5110	<i>Ionomidotis sp</i>	SH1190599	B	WS	89,7	0,001
ASV1687	<i>Naohidea sebacea</i>	SH1643609	B	MP	82,7	0,005
ASV3804	<i>Endoconidioma euphorbiae</i>	SH1778671	B	WS	82,9	0,004
ASV5844	<i>Cyphellophora livistonae</i>	SH1300744	B	LS	97,6	0,010
ASV5218	<i>Rinodina freyi</i>	SH1207454	B	LZ	99,3	0,009
ASV5187	<i>Fungi sp</i>	SH1389310	B		99,2	0,005
ASV7020	<i>Erythrobasidium proteacearum</i>	SH1655339	B	MP	96,6	0,010

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Gazda-növény	Elsődleges életmód	%	p
ASV3730	<i>Fuscostagonospora banksiae</i>	SH1390770	B	WS	99,2	0,016
ASV2603	<i>Chaetothyriales sp</i>	SH1265201	B		96,9	0,003
ASV4303	<i>Fungi sp</i>	SH1300667	B		97,9	0,008
ASV5106	<i>Genolevuria sp</i>	SH1083086	B	US	100	0,009
ASV3304	<i>Microcyclospora tardicrescens</i>	SH1305959	B	PP	94,6	0,006
ASV0588	<i>Teratosphaeriaceae sp</i>	SH1305962	B		95,2	0,035
ASV3715	<i>Fungi sp</i>	SH1326885	B		99,5	0,007
ASV4888	<i>Chaetothyriales sp</i>	SH1154492	B		84,4	0,012
ASV5365	<i>Bacillicladium clematidis</i>	SH1279363	B	US	97,5	0,022
ASV9415	<i>Fungi sp</i>	SH1407404	B		99,7	0,008
ASV6145	<i>Myriangiales sp</i>	SH1401202	B		99,1	0,002
ASV8858	<i>Erythrobasidium elongatum</i>	SH1200283	B	MP	93,4	0,009
ASV2671	<i>Fungi sp</i>	SH1407404	B		100	0,042
ASV3890	<i>Cystobasidium sp</i>	SH1193046	B	MP	99,1	0,016
ASV6667	<i>Endoconidioma euphorbiae</i>	SH1778671	B	WS	80,2	0,006
ASV2606	<i>Endoconidioma euphorbiae</i>	SH1778671	B	WS	97,6	0,021
ASV8129	<i>Homophron spadiceum</i>	SH1202698	B	WS	97,9	0,009
ASV6324	<i>Fungi sp</i>	SH1326885	B		83,3	0,004
ASV4936	<i>Chaetothyriales sp</i>	SH1341834	B		90,3	0,008
ASV6940	<i>Erythrobasidium sp</i>	SH1393746	B	MP	88,9	0,004
ASV3551	<i>Rhizoplaca novomexicana</i>	SH1199517	B	LZ	91,8	0,010
ASV3838	<i>Rinodina freyi</i>	SH1207454	B	LZ	89,5	0,014
ASV7241	<i>Sphaerulina pelargonii</i>	SH1346827	B	LS	99,6	0,006
ASV5109	<i>Cyphellophora sp</i>	SH1222618	B	LS	98,6	0,004
ASV6150	<i>Cyphellophora sp</i>	SH1222685	B	LS	98,8	0,003
ASV8197	<i>Exobasidium sp</i>	SH1300720	B	PP	86,3	0,004
ASV5174	<i>Elsinoe proteae</i>	SH1489082	B	PP	98,7	0,005
ASV5432	<i>Exobasidium maculosum</i>	SH1300712	B	PP	89,4	0,006
ASV7494	<i>Kondoa gutianensis</i>	SH1349675	B	US	97,1	0,009
ASV4009	<i>Agaricostilbomyces sp</i>	SH1374195	B		98,5	0,003
ASV5033	<i>Tremellales sp</i>	SH1172703	B		80,1	0,005
ASV3451	<i>Peltaster fructicola</i>	SH1072896	B	PP	99,3	0,021
ASV3355	<i>Neocoleroa metrosideri</i>	SH1964163	B	PP	100	0,026
ASV6560	<i>Endoconidioma euphorbiae</i>	SH1778671	B	WS	98,6	0,006

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Gazda-növény	Elsődleges életmód	%	p
ASV8194	<i>Microbotryomycetes sp</i>	SH1410017	B		97,6	0,019
ASV3837	<i>Exobasidium maculosum</i>	SH1300712	B	PP	89,7	0.015
ASV5943	<i>Basidiomycota sp</i>	SH1337800	B		89	0,008
ASV5147	<i>Microcyclospora tardicrescens</i>	SH1305959	B	PP	80,5	0,01
ASV1019	<i>Symmetrospora symmetrica</i>	SH1337841	B	EP	95,6	0,047
ASV4338	<i>Dothideomycetes sp</i>	SH1251152	B		82,4	0,036
ASV5307	<i>Basidiomycota sp</i>	SH1337800	B		93,1	0,029
ASV5683	<i>Exobasidium maculosum</i>	SH1300712	B	PP	80,5	0.012
ASV5730	<i>Taphrina pruni-subcordatae</i>	SH1164901	B	PP	98	0.004
ASV4834	<i>Genolevuria elizabethalexandrae</i>	SH1490751	B	US	98,2	0.019
ASV6503	<i>Exobasidium maculosum</i>	SH1300712	B	PP	99,7	0.010
ASV4921	<i>Trichomerium camporesii</i>	SH1853182	B	FE	95,2	0.017
ASV4564	<i>Tremella sp</i>	SH1189765	B	MP	96,7	0,012
ASV7155	<i>Chaetothyriales sp</i>	SH1050834	B		97,2	0,011
ASV6529	<i>Tremellales sp</i>	SH1172703	B		91,2	0,02
ASV4608	<i>Tremella sp</i>	SH1189765	B	MP	99,7	0,043
ASV7376	<i>Ascomycota sp</i>	SH1265178	B		97,9	0,014
ASV4863	<i>Chaetothyriales sp</i>	SH1341834	B		94,2	0,012
ASV4740	<i>Mycosphaerellales sp</i>	SH1361653	B		89,2	0,024
ASV2440	<i>Myriangiales sp</i>	SH1348574	B		97,1	0,046
ASV5637	<i>Dothideomycetes sp</i>	SH1392748	B		93,4	0,017
ASV6106	<i>Xenosonderhenia syzygii</i>	SH1347207	B	LS	89,4	0.013
ASV1280	<i>Erythrobasidiales sp</i>	SH1200295	B		94,9	0,024
ASV6472	<i>Chaetothyriales sp</i>	SH1265201	B		96,8	0,009
ASV5945	<i>Cystobasidium terricola</i>	SH1337835	B	MP	97,6	0.022
ASV4393	<i>Genolevuria sp</i>	SH1083086	B	US	80,6	0,033
ASV5089	<i>Microcyclospora tardicrescens</i>	SH1305959	B	PP	96,5	0,025
ASV3542	<i>Genolevuria sp</i>	SH1083086	B	US	99,3	0,044
ASV4716	<i>Ascomycota sp</i>	SH1238927	B		96,5	0,024
ASV7546	<i>Dothideomycetes sp</i>	SH1392748	B		99,3	0,022

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Gazda-növény	Elsődleges életmód	%	p
ASV5289	<i>Trichomerium camporesii</i>	SH1853182	B	FE	93,9	0.029
ASV9042	<i>Erythrobasidium hasegawae</i>	SH1200286	B	MP	97	0.008
ASV8797	<i>Naohidea sebacea</i>	SH1643609	B	MP	99,1	0.014
ASV10789	<i>Exobasidium maculosum</i>	SH1300683	B	PP	83,1	0.014
ASV9304	<i>Taphrina pruni-subcordatae</i>	SH1164901	B	PP	88,6	0.007
ASV9682	<i>Rhinocladiella sp</i>	SH1213942	B	SS	98,2	0,014
ASV8939	<i>Saitozyma podzolica</i>	SH1406867	B	SS	93,8	0.011
ASV10787	<i>Genolevuria sp</i>	SH1083086	B	US	82,1	0,008
ASV5391	<i>Genolevuria sp</i>	SH1083112	B	US	94,9	0,01
ASV7278	<i>Dothideomycetes sp</i>	SH1392748	B		99,7	0,012
ASV1242	<i>Basidiomycota sp</i>	SH1337800	B		95,7	0,021
ASV5789	<i>Agaricostilbomycetes sp</i>	SH1374195	B		81,6	0,011
ASV5950	<i>Myriangiales sp</i>	SH1401202	B		81,8	0,015
ASV6590	<i>Fungi sp</i>	SH1300669	B		88,7	0,008
ASV7909	<i>Chaetothyriales sp</i>	SH1341811	B		98,2	0,01
ASV10005	<i>Trichomerium syzygii</i>	SH1853143	B	FE	99,4	0.015
ASV7751	<i>Fenestella crataegi</i>	SH1152496	B	WS	97,6	0.027
ASV4876	<i>Coleophoma parafusiformis</i>	SH1225641	B	PP	99	0.030
ASV8318	<i>Ramularia unterseheri</i>	SH1346889	B	PP	80,2	0.030
ASV2867	<i>Endosporium aviarium</i>	SH1277615	B	LS	96	0,02
ASV6555	<i>Fungi sp</i>	SH1407404	B		97,7	0,033
ASV5605	<i>Endoconidioma euphorbiae</i>	SH1778671	B	WS	99,6	0.036
ASV1612	<i>Dothideomycetes sp</i>	SH1392748	B		97,6	0,026
ASV3950	<i>Erythrobasidium proteacearum</i>	SH1655339	B	MP	91,3	0.044
ASV7070	<i>Cyphellophora livistonae</i>	SH1300744	B	LS	96,6	0.045
ASV5734	<i>Basidiomycota sp</i>	SH1337797	B		99,3	0,047
ASV5466	<i>Phaeotremella skimmeri</i>	SH1172661	B	MP	99,4	0.038
ASV7426	<i>Myriangiales sp</i>	SH1401202	B		93,2	0,04
ASV8008	<i>Genolevuria sp</i>	SH1083112	B	US	93	0.048
ASV6851	<i>Zymoseptoria crescenta</i>	SH1861159	B	PP	82,6	0.031
ASV6124	<i>Elsinoe proteae</i>	SH1489082	B	PP	96,9	0.023

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Gazda-növény	Elsődleges életmód	%	p
ASV3868	<i>Dothideomycetes sp</i>	SH1392748	B		89,1	0,025
ASV3387	<i>Lecania naegelii</i>	SH1253273	B	LZ	89	0,025
ASV8079	<i>Exobasidium maculosum</i>	SH1300712	B	PP	98,5	0,025
ASV12994	<i>Pyriculariaceae sp</i>	SH1364365	B		96,1	0,028
ASV3329	<i>Erythrobasidiales sp</i>	SH1200295	B		99,2	0,049
ASV9580	<i>Lembosiniella eucalyptorum</i>	SH1682560	B		96,5	0,036
ASV7023	<i>Sirobasidiaceae sp</i>	SH1330167	B		80,4	0,035
ASV6824	<i>Dothideomycetes sp</i>	SH1197357	B		92	0,041
ASV7274	<i>Cylindrium desperesense</i>	SH1161297	B	PP	89,7	0,04
ASV1596	<i>Phyllozoma linderiae</i>	SH1253941	B	EP	99,6	0,045
ASV6175	<i>Trichomerium dioscoreae</i>	SH1341804	B	FE	98	0,037
ASV4604	<i>Cyphellophora sp</i>	SH1222618	B	LS	96,9	0,05
ASV3747	<i>Rachicladosporium sp</i>	SH1334707	B	LS	99,2	0,043
ASV7313	<i>Tremella macrobasidiata</i>	SH1236070	B	MP	96,5	0,041
ASV7982	<i>Erythrobasidium proteacearum</i>	SH1655339	B	MP	88,6	0,046
ASV12395	<i>Zeloasperisporium eucalyptorum</i>	SH1065695	B	PP	98	0,049
ASV5352	<i>Elsinoe tectiferae</i>	SH1081840	B	PP	80,1	0,049
ASV5775	<i>Exobasidium maculosum</i>	SH1300683	B	PP	81,2	0,046
ASV12233	<i>Genolevuria sp</i>	SH1083086	B	US	93,2	0,043
ASV9306	<i>Ascomycota sp</i>	SH1407409	B		96,8	0,04
ASV4107	<i>Ascomycota sp</i>	SH1330610	B		82,6	0,041
ASV7202	<i>Taphrinaceae sp</i>	SH1193148	B		86,5	0,036
ASV10235	<i>Pleosporales sp</i>	SH1409050	B		99	0,048
ASV13156	<i>Elsinoe sp</i>	SH1081869	B	PP	99,6	0,049
ASV0296	<i>Elsinoe sp</i>	SH1081869	D	PP	92,3	0,001
ASV0729	<i>Sordariomycetes sp</i>	SH1224641	D		83,6	0,001
ASV0098	<i>Elsinoe sp</i>	SH1081869	D	PP	94,7	0,001
ASV0623	<i>Elsinoe sp</i>	SH1081869	D	PP	92,7	0,001
ASV1247	<i>Elsinoe sp</i>	SH1081869	D	PP	83,9	0,001
ASV0859	<i>Elsinoe sp</i>	SH1081869	D	PP	83,9	0,001
ASV1419	<i>Pseudobensingtonia fusiformis</i>	SH1234846	D	US	84,2	0,001
ASV2329	<i>Zeloasperisporium eucalyptorum</i>	SH1065695	D	PP	86,1	0,001
ASV0543	<i>Elsinoe sp</i>	SH1081869	D	PP	80,1	0,001

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Gazda-növény	Elsődleges életmód	%	p
ASV1267	<i>Symmetrospora sp</i>	SH1192987	D	EP	84,4	0,001
ASV1571	<i>Bucklezyma salicina</i>	SH1337937	D	EP	99,7	0,001
ASV2401	<i>Elsinoe sp</i>	SH1081869	D	PP	99,3	0,001
ASV1957	<i>Elsinoe sp</i>	SH1081869	D	PP	83,9	0,001
ASV1146	<i>Elsinoe sp</i>	SH1081869	D	PP	83,6	0,001
ASV1940	<i>Zeloasperisporium eucalyptorum</i>	SH1065695	D	PP	84,8	0,001
ASV0901	<i>Sordariomycetes sp</i>	SH1224641	D		80,4	0,001
ASV0189	<i>Pseudobensingtonia fusiformis</i>	SH1234846	D	US	95,1	0,002
ASV3364	<i>Elsinoe sp</i>	SH1081869	D	PP	86,3	0,001
ASV1776	<i>Laetisaria buckii</i>	SH1888950	D	PP	83,3	0,001
ASV0622	<i>Bucklezyma salicina</i>	SH1337937	D	EP	93,7	0,002
ASV2517	<i>Laetisaria buckii</i>	SH1888950	D	PP	100	0,001
ASV0373	<i>Ascomycota sp</i>	SH1396252	D		93,4	0,001
ASV4139	<i>Elsinoe sp</i>	SH1081869	D	PP	97,2	0,003
ASV3620	<i>Taphrina pruni-subcordatae</i>	SH1164901	D	PP	83,3	0,004
ASV3784	<i>Zeloasperisporium searsiae</i>	SH1464480	D	PP	98,5	0,004
ASV2759	<i>Discosia sp</i>	SH1273217	D	PP	93,2	0,001
ASV2690	<i>Ascomycota sp</i>	SH1396252	D		96,1	0,001
ASV6752	<i>Sordariomycetes sp</i>	SH1224641	D		97,5	0,001
ASV1113	<i>Zeloasperisporium searsiae</i>	SH1464480	D	PP	94,7	0,002
ASV1715	<i>Filobasidiales sp</i>	SH1360043	D		92,9	0,004
ASV5390	<i>Pseudeurotiaceae sp</i>	SH1296273	D		92,8	0,004
ASV1947	<i>Heterophaeomoniella pinifoliorum</i>	SH1139494	D		99,3	0,009
ASV3990	<i>Heterophaeomoniella pinifoliorum</i>	SH1139494	D		90,3	0,002
ASV3430	<i>Peltaster fruticola</i>	SH1072896	D	PP	90	0,003
ASV2017	<i>Phaeomoniellales sp</i>	SH1139493	D		86,6	0,007
ASV2730	<i>Piskurozymaceae sp</i>	SH1235243	D		84,9	0,004
ASV6047	<i>Elsinoe sp</i>	SH1081869	D	PP	99,5	0,003
ASV1056	<i>Naohidea sebacea</i>	SH1643609	D	MP	92	0,004
ASV4440	<i>Erythrobasidium proteacearum</i>	SH1655339	D	MP	84,4	0,025
ASV7064	<i>Elsinoe sp</i>	SH1081869	D	PP	98,9	0,003
ASV3937	<i>Sordariomycetes sp</i>	SH1224641	D		92	0,002
ASV1579	<i>Pseudeurotiaceae sp</i>	SH1296273	D		95,1	0,004
ASV3477	<i>Vishniacozyma sp</i>	SH1267436	D	SS	99,6	0,008

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Gazda-növény	Elsődleges életmód	%	p
ASV3488	<i>Neocatenulostroma microsporum</i>	SH1189882	D	PP	81,4	0,007
ASV3236	<i>Elsinoe sp</i>	SH1081869	D	PP	99,2	0,046
ASV5781	<i>Elsinoe sp</i>	SH1081869	D	PP	83,9	0,005
ASV4891	<i>Filobasidiales sp</i>	SH1360043	D		83,6	0,002
ASV3764	<i>Elsinoe sp</i>	SH1081869	D	PP	93,6	0,012
ASV3169	<i>Vishniacozyma dimennae</i>	SH1202280	D	SS	83,6	0,024
ASV4871	<i>Elsinoe sp</i>	SH1081869	D	PP	97,6	0,018
ASV3517	<i>Elsinoe sp</i>	SH1081869	D	PP	83,3	0,021
ASV3843	<i>Pseudobensingtonia ingoldii</i>	SH1235626	D	US	83,6	0,014
ASV7310	<i>Colletotrichum acutatum</i>	SH1344186	D	PP	82,9	0,014
ASV3167	<i>Phaeococcomyces sp</i>	SH1190996	D	US	99	0,005
ASV8808	<i>Filobasidiales sp</i>	SH1360043	D		99,3	0,009
ASV4151	<i>Kurtzmanomyces sp</i>	SH1330184	D	US	92,5	0,009
ASV7373	<i>Elsinoe sp</i>	SH1081869	D	PP	88,5	0,01
ASV2689	<i>Filobasidium mucilaginum</i>	SH1856610	D	US	92	0,012
ASV6481	<i>Malassezia restricta</i>	SH1382014	D	SS	98,6	0,021
ASV1101	<i>Ascomycota sp</i>	SH1396252	D		98,5	0,019
ASV2668	<i>Pseudeurotiaceae sp</i>	SH1296273	D		98,9	0,029
ASV2196	<i>Elsinoe sp</i>	SH1081869	D	PP	98,9	0,041
ASV5274	<i>Discinellaceae sp</i>	SH1268491	D		83,6	0,041
ASV0978	<i>Pseudeurotiaceae sp</i>	SH1296273	D		98,6	0,023
ASV9011	<i>Leptosphaeria sp</i>	SH1346604	D	PP	97,5	0,024
ASV6776	<i>Pseudeurotiaceae sp</i>	SH1296273	D		99,7	0,015
ASV3449	<i>Endosporium aviarium</i>	SH1277615	D	LS	99,3	0,037
ASV4406	<i>Buckleyzyma aurantiaca</i>	SH1337929	D	EP	96,5	0,043
ASV5208	<i>Papiliotrema pseudoalba</i>	SH1402484	D	MP	98,2	0,036
ASV12052	<i>Elsinoe sp</i>	SH1081869	D	PP	97,2	0,022
ASV2693	<i>Naevata sp</i>	SH1748975	D	PP	92	0,028
ASV3326	<i>Microcyclospora malicola</i>	SH1305963	D	PP	96,8	0,032
ASV6179	<i>Taphrina wiesneri</i>	SH1164858	D	PP	99,3	0,047
ASV8255	<i>Microstroma bacarum</i>	SH1160514	D	PP	99,4	0,037
ASV11242	<i>Peltaster fructicola</i>	SH1072896	D	PP	96,9	0,028
ASV12413	<i>Pezicula corylina</i>	SH1225663	D	RE	86,6	0,033

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Gazda-növény	Elsődleges életmód	%	p
ASV1403	<i>Vishniacozyma sp</i>	SH1267436	D	SS	98,1	0,048
ASV4715	<i>Teunia sp</i>	SH1234101	D	SS	81,7	0,039
ASV10478	<i>Kurtzmanomyces nectairei</i>	SH1187898	D	US	96,5	0,037
ASV10118	<i>Orbilina foliicola</i>	SH1697038	D	WS	82,9	0,041
ASV9022	<i>Filobasidiales sp</i>	SH1360043	D		98,4	0,025
ASV5510	<i>Agaricostilbomyces sp</i>	SH1374195	D		93	0,037
ASV5695	<i>Zyzygomyces bachmannii</i>	SH1235160	D		99,4	0,026
ASV6305	<i>Sporocadus lichenicola</i>	SH1754195	D	PP	96,8	0,03
ASV0095	<i>Tremellales sp</i>	SH1236098	G		98,2	0,001
ASV0332	<i>Sporocadus lichenicola</i>	SH1754195	G	PP	98,9	0,001
ASV0048	<i>Tremellales sp</i>	SH1236098	G		97,8	0,001
ASV0521	<i>Hoehnelomycetaceae sp</i>	SH1412310	G		99,3	0,001
ASV0217	<i>Phragmocamarosporium qujingensis</i>	SH1297265	G	WS	96,6	0,001
ASV0152	<i>Alpinaria rhododendri</i>	SH1699711	G	PP	100	0,001
ASV0088	<i>Hoehnelomycetaceae sp</i>	SH1412310	G		97,5	0,001
ASV0139	<i>Alpinaria rhododendri</i>	SH1699711	G	PP	96,2	0,001
ASV0185	<i>Dactylospora sp</i>	SH1332283	G	LP	97,9	0,001
ASV2302	<i>Paradevriesia pseudoamericana</i>	SH1401038	G		94,9	0,001
ASV1159	<i>Exophiala sideris</i>	SH1353527	G	AP	98,8	0,001
ASV0473	<i>Paradevriesia pseudoamericana</i>	SH1401038	G		95,3	0,001
ASV1586	<i>Neosetophoma sp</i>	SH1408842	G	LS	98,8	0,001
ASV0307	<i>Paradevriesia pseudoamericana</i>	SH1401038	G		96,6	0,010
ASV1147	<i>Dactylospora sp</i>	SH1332283	G	LP	98,4	0,001
ASV1683	<i>Paradevriesia pseudoamericana</i>	SH1401038	G		94,9	0,001
ASV0784	<i>Curvibasidium cygneicollum</i>	SH1189363	G	WS	98,4	0,001
ASV0571	<i>Saitozyma sp</i>	SH1236046	G	SS	98,9	0,001
ASV1748	<i>Tremella sp</i>	SH1204221	G	MP	99,6	0,001
ASV1373	<i>Bryochiton sp</i>	SH1304657	G	PP	97,1	0,001
ASV1372	<i>Mrakia hoshinonis</i>	SH1835948	G	US	94,7	0,001
ASV0192	<i>Botryosphaeria corticis</i>	SH1238394	G	PP	99,5	0,001
ASV0405	<i>Extremopsis radiculicola</i>	SH1361639	G		99	0,001

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Gazda-növény	Elsődleges életmód	%	p
ASV2043	<i>Bryochiton sp</i>	SH1304657	G	PP	91,1	0,001
ASV0765	<i>Botryosphaeria corticis</i>	SH1238394	G	PP	94,7	0,001
ASV0232	<i>Herpotrichiellaceae sp</i>	SH1352534	G		98,6	0,002
ASV3249	<i>Curvibasidium cygneicollum</i>	SH1189363	G	WS	97,4	0,001
ASV0952	<i>Bryochiton sp</i>	SH1304657	G	PP	99,1	0,001
ASV1764	<i>Herpotrichiellaceae sp</i>	SH1352534	G		95	0,001
ASV2027	<i>Dothideomycetes sp</i>	SH1389521	G		98,1	0,001
ASV1109	<i>Dactylospora sp</i>	SH1332283	G	LP	91,5	0,001
ASV2592	<i>Dactylospora sp</i>	SH1332283	G	LP	94,9	0,001
ASV2889	<i>Paradevriesia pseudoamericana</i>	SH1401038	G		95,3	0,001
ASV1819	<i>Cyphellophora clematidis</i>	SH1849402	G	LS	97,9	0,001
ASV3037	<i>Neosetophoma sp</i>	SH1408842	G	LS	92,8	0,001
ASV0694	<i>Dactylospora sp</i>	SH1332283	G	LP	96,2	0,001
ASV2187	<i>Herpotrichiellaceae sp</i>	SH1352534	G		95,3	0,001
ASV1994	<i>Naganishia albida</i>	SH1338889	G	US	98,1	0,001
ASV0646	<i>Saitozyma sp</i>	SH1236046	G	SS	98,6	0,001
ASV1327	<i>Dothideomycetes sp</i>	SH1389521	G		99,2	0,001
ASV1523	<i>Herpotrichiellaceae sp</i>	SH1352643	G		91,9	0,001
ASV0752	<i>Alpinaria rhododendri</i>	SH1699711	G	PP	96	0,001
ASV0652	<i>Exophiala sp</i>	SH1264169	G	AP	98,2	0,001
ASV1130	<i>Cyphellophora clematidis</i>	SH1849402	G	LS	87	0,001
ASV1694	<i>Extremopsis radiculicola</i>	SH1361639	G		93,2	0,001
ASV0908	<i>Herpotrichiellaceae sp</i>	SH1352534	G		91,1	0,001
ASV2526	<i>Alpinaria rhododendri</i>	SH1699711	G	PP	97,8	0,001
ASV0333	<i>Tremella sp</i>	SH1204221	G	MP	97,9	0,002
ASV2421	<i>Nigrograna obliqua</i>	SH1938096	G	AP	97,5	0,001
ASV0366	<i>Nothophaeomoniella ekebergiae</i>	SH1139497	G		99,6	0,001
ASV0438	<i>Occultifur externus</i>	SH1337881	G	MP	96,7	0,001
ASV1738	<i>Devriesia sp</i>	SH1401086	G	PP	92,4	0,001
ASV2674	<i>Exophiala saxicola</i>	SH1365926	G	AP	93,1	0,001
ASV1351	<i>Paramacroventuria ribis</i>	SH1672590	G		99	0,001

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Gazda-növény	Elsődleges életmód	%	p
ASV0082	<i>Paramacroventuria ribis</i>	SH1672590	G		98,9	0.002
ASV0212	<i>Lachnella alboviolascens</i>	SH1052398	G	WS	99,3	0.001
ASV0198	<i>Herpotrichiellaceae sp</i>	SH1352534	G		98,6	0,001
ASV1598	<i>Bryochiton sp</i>	SH1304657	G	PP	98,4	0,001
ASV1057	<i>Extremopsis radiculicola</i>	SH1361639	G		95	0.002
ASV1592	<i>Naganishia albida</i>	SH1338889	G	US	90,7	0.001
ASV0871	<i>Lecanora saligna</i>	SH1385949	G	LZ	98,9	0.001
ASV1088	<i>Nothophaeomoniella ekebergiae</i>	SH1139497	G		100	0.001
ASV1293	<i>Lecanora saligna</i>	SH1385949	G	LZ	98,5	0.001
ASV0791	<i>Neomyrmecridium sorbicola</i>	SH1187837	G	LS	99,6	0.001
ASV0930	<i>Neomyrmecridium sorbicola</i>	SH1187837	G	LS	99,3	0.001
ASV1160	<i>Ascomycota sp</i>	SH1337045	G		99,6	0.001
ASV1800	<i>Nigrograna obliqua</i>	SH1938096	G	AP	87,5	0.001
ASV0244	<i>Extremopsis radiculicola</i>	SH1361639	G		99,3	0.007
ASV1179	<i>Exophiala sp</i>	SH1264169	G	AP	91,4	0,003
ASV0820	<i>Ascomycota sp</i>	SH1297370	G		87,3	0,001
ASV3021	<i>Fibulobasidium sp</i>	SH1073752	G	WS	100	0.001
ASV0841	<i>Paradevriesia pseudoamericana</i>	SH1401038	G		96,9	0.001
ASV2560	<i>Maireina filipendula</i>	SH1253551	G	WS	98,4	0.001
ASV1698	<i>Fibulobasidium sp</i>	SH1073752	G	WS	84,6	0,001
ASV0510	<i>Fibulobasidium sp</i>	SH1073752	G	WS	96,9	0,002
ASV0600	<i>Arcticomyces warmingii</i>	SH1300718	G	PP	96,5	0.003
ASV3200	<i>Nothophaeomoniella ekebergiae</i>	SH1139497	G		89,2	0.001
ASV1110	<i>Herpotrichiellaceae sp.</i>	SH1352534	G		98,2	0,001
ASV2519	<i>Vishniacozyma heimaeyensis</i>	SH1303814	G	SS	97,8	0.001
ASV4242	<i>Tremella sp.</i>	SH1204221	G	MP	99,6	0,001
ASV0705	<i>Fibulobasidium sp.</i>	SH1073752	G	WS	97,1	0,001
ASV0594	<i>Maireina filipendula</i>	SH1253551	G	WS	97,2	0.001
ASV1207	<i>Ascomycota sp.</i>	SH1337045	G		84,8	0.001
ASV2353	<i>Herpotrichiellaceae sp.</i>	SH1352643	G		87,8	0,001
ASV0925	<i>Tremella sp.</i>	SH1204221	G	MP	95,6	0,003

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Gazda-növény	Elsődleges életmód	%	p
ASV2009	<i>Vishniacozyma heimaeyensis</i>	SH1303814	G	SS	97,5	0.001
ASV2752	<i>Paradevriesia pseudoamericana</i>	SH1401038	G		99,3	0.002
ASV2486	<i>Capnobotryella sp.</i>	SH1319737	G	LS	97,1	0,001
ASV2676	<i>Alternaria brassicae</i>	SH1205974	G	PP	84,5	0.001
ASV0090	<i>Alternaria brassicae</i>	SH1205974	G	PP	97,6	0.001
ASV0167	<i>Microsporomyces pini</i>	SH1198631	G	EP	98	0,001
ASV1637	<i>Leptosphaeriaceae sp.</i>	SH1320452	G		97,5	0,002
ASV2410	<i>Paradevriesia pseudoamericana</i>	SH1401038	G		96,9	0.001
ASV2864	<i>Rhodosporidiobolus colostri</i>	SH1231673	G	US	98,4	0,002
ASV0427	<i>Rhodosporidiobolus colostri</i>	SH1231673	G	US	99,7	0,01
ASV0537	<i>Occultifur externus</i>	SH1337881	G	MP	100	0.003
ASV2186	<i>Dactylospora sp.</i>	SH1332283	G	LP	92,7	0.001
ASV3120	<i>Exophiala saxicola</i>	SH1365926	G	AP	95,3	0.001
ASV1515	<i>Capnobotryella sp.</i>	SH1319737	G	LS	98,6	0,002
ASV1686	<i>Dothideomycetes sp.</i>	SH1389521	G		84,2	0,001
ASV3277	<i>Ascomycota sp.</i>	SH1297370	G		91,2	0,001
ASV2350	<i>Dothideomycetes sp.</i>	SH1328606	G		99,6	0,002
ASV1212	<i>Cystobasidium pinicola</i>	SH1337943	G	MP	98,9	0.002
ASV3257	<i>Paradevriesia pseudoamericana</i>	SH1401038	G		98,3	0.001
ASV3506	<i>Catenulostroma protearum</i>	SH1189951	G	PP	98,4	0.001
ASV3339	<i>Fibulobasidium sp.</i>	SH1073752	G	WS	95,3	0,001
ASV1353	<i>Cyathicula coronata</i>	SH1377524	G	LS	98,3	0.002
ASV1767	<i>Bryochiton sp.</i>	SH1304657	G	PP	97,4	0,001
ASV1646	<i>Orbilia quaestiformis</i>	SH1398750	G	WS	95	0.002
ASV2815	<i>Paradevriesia pseudoamericana</i>	SH1401038	G		98,8	0.002
ASV4253	<i>Paraloratospora schoenoplecti</i>	SH1458927	G	WS	97,5	0,001
ASV1224	<i>Paradevriesia pseudoamericana</i>	SH1401038	G		97,7	0.002
ASV3361	<i>Tremellales sp.</i>	SH1172711	G		97,1	0,003

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Gazda-növény	Elsődleges életmód	%	p
ASV2239	<i>Nothophaeomoniella ekebergiae</i>	SH1139497	G		100	0.004
ASV0783	<i>Exobasidium hypogenum</i>	SH1300674	G	PP	96	0.005
ASV1491	<i>Paradevriesia pseudoamericana</i>	SH1401038	G		93,7	0.005
ASV3785	<i>Vishniacozyma victoriae</i>	SH1303804	G	SS	98,8	0.002
ASV2259	<i>Nothophaeomoniella ekebergiae</i>	SH1139497	G		99,3	0.003
ASV1091	<i>Cystofilobasidium macerans</i>	SH1083429	G	LS	96,3	0.004
ASV0803	<i>Neomyrmecridium sorbicola</i>	SH1187837	G	LS	99,5	0.002
ASV2529	<i>Dothideomycetes sp.</i>	SH1328606	G		100	0,001
ASV0751	<i>Bryochiton sp.</i>	SH1304657	G	PP	98,6	0,001
ASV2001	<i>Neomyrmecridium sorbicola</i>	SH1187837	G	LS	95,4	0.002
ASV2177	<i>Fibulobasidium inconspicuum</i>	SH1330158	G	WS	99,6	0,001
ASV1263	<i>Dactylospora sp.</i>	SH1332283	G	LP	92,8	0,002
ASV4380	<i>Tremella sp.</i>	SH1204221	G	MP	94,9	0,001
ASV3174	<i>Capnobotryella sp.</i>	SH1319737	G	LS	97,9	0,001
ASV1051	<i>Extremopsis radicicola</i>	SH1361639	G		84,9	0.001
ASV1720	<i>Fungi sp.</i>	SH1407405	G		92,9	0,002
ASV2116	<i>Fibulobasidium inconspicuum</i>	SH1330158	G	WS	88,6	0,003
ASV3171	<i>Cyphellophora clematidis</i>	SH1849402	G	LS	93,8	0.002
ASV3248	<i>Extremopsis radicicola</i>	SH1361639	G		93,5	0.002
ASV1638	<i>Orbilina quaestiformis</i>	SH1398750	G	WS	91,4	0.007
ASV3983	<i>Paradevriesia pseudoamericana</i>	SH1401038	G		99,1	0.001
ASV3232	<i>Paraloratospora schoenoplecti</i>	SH1458927	G	WS	97,5	0,001
ASV1851	<i>Dactylospora sp.</i>	SH1332283	G	LP	98,1	0,003
ASV5825	<i>Nigrograna antibiotica</i>	SH1211579	G	AP	94,6	0.001
ASV2538	<i>Helotiales sp.</i>	SH1371093	G		99,6	0,005
ASV1569	<i>Mrakia montana</i>	SH1329976	G	US	99,1	0.002
ASV0612	<i>Typhula micans</i>	SH1179165	G	PP	97,8	0.012
ASV3580	<i>Phaeococcomyces sp.</i>	SH1058114	G	US	90	0,001
ASV2182	<i>Helotiales sp.</i>	SH1371093	G		95,6	0,001

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Gazda-növény	Elsődleges életmód	%	p
ASV2479	<i>Basidiomycota sp.</i>	SH1193047	G		99,6	0,002
ASV4363	<i>Microsporomyces pini</i>	SH1198631	G	EP	80,3	0,001
ASV1843	<i>Dothideomycetes sp.</i>	SH1319725	G		97,7	0,003
ASV4594	<i>Rinodina gennarii</i>	SH1051437	G	LZ	100	0,001
ASV0835	<i>Genolevuria pseudoamylytica</i>	SH1490814	G	US	80,4	0,002
ASV1018	<i>Cystobasidium terricola</i>	SH1337835	G	MP	86,1	0,008
ASV1325	<i>Fibulobasidium inconspicuum</i>	SH1330158	G	WS	86	0,005
ASV1503	<i>Vishniacozyma victoriae</i>	SH1303804	G	SS	93,1	0,002
ASV3321	<i>Herpotrichiellaceae sp.</i>	SH1352534	G		99,6	0,003
ASV3786	<i>Orbilina flavida</i>	SH1230974	G	WS	97,4	0,010
ASV5923	<i>Rhizoplaca novomexicana</i>	SH1199517	G	LZ	97,7	0,002
ASV1298	<i>Ascomycota sp.</i>	SH1190287	G		90,2	0,005
ASV0277	<i>Meniscomyces layueensis</i>	SH1295304	G	EP	98,3	0,035
ASV5995	<i>Mrakia soli</i>	SH1329985	G	US	83,9	0,003
ASV1440	<i>Typhula sp.</i>	SH1200050	G	PP	98,9	0,003
ASV1370	<i>Dothideomycetes sp.</i>	SH1382865	G		92,9	0,004
ASV3576	<i>Dactylospora sp.</i>	SH1332283	G	LP	97,7	0,002
ASV6991	<i>Filobasidium sp.</i>	SH1209714	G	US	94,9	0,002
ASV3119	<i>Fibulobasidium inconspicuum</i>	SH1330158	G	WS	84,2	0,001
ASV3351	<i>Hoehnelomycetaceae sp.</i>	SH1412310	G		94,2	0,002
ASV3391	<i>Basidiomycota sp.</i>	SH1193047	G		96,2	0,001
ASV3695	<i>Phaeosphaeriaceae sp.</i>	SH1061694	G		80,1	0,001
ASV1973	<i>Sirobasidiaceae sp.</i>	SH1330167	G		100	0,006
ASV1288	<i>Cyphellophoraceae sp.</i>	SH1339113	G		93,8	0,008
ASV2303	<i>Vishniacozyma victoriae</i>	SH1303804	G	SS	100	0,009
ASV3036	<i>Fibulobasidium inconspicuum</i>	SH1330158	G	WS	99,3	0,003
ASV2558	<i>Meniscomyces layueensis</i>	SH1295304	G	EP	93,5	0,001
ASV4599	<i>Helotiales sp.</i>	SH1371093	G		83	0,005
ASV1876	<i>Parathyridaria clematidis</i>	SH1781453	G	LS	100	0,003

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Gazda-növény	Elsődleges életmód	%	p
ASV2296	<i>Septobasidium carestianum</i>	SH1331081	G	AP	98,7	0.003
ASV4079	<i>Cyphellophoraceae sp.</i>	SH1339113	G		93,3	0,009
ASV3124	<i>Chionosphaeraceae sp.</i>	SH1301376	G		99,6	0,006
ASV4829	<i>Sirobasidiaceae sp.</i>	SH1330167	G		82,2	0,004
ASV1138	<i>Fibulobasidium murrhardtense</i>	SH1836214	G	WS	93,4	0.014
ASV3632	<i>Ascomycota sp.</i>	SH1190287	G		93,4	0,003
ASV0512	<i>Dothideomycetes sp.</i>	SH1382865	G		98,6	0,016
ASV4414	<i>Helotiales sp.</i>	SH1371093	G		98,2	0,005
ASV1173	<i>Typhula sp.</i>	SH1200050	G	PP	99,6	0,015
ASV1814	<i>Maireina filipendula</i>	SH1253551	G	WS	93,2	0.005
ASV4821	<i>Nigrograna antibiotica</i>	SH1211579	G	AP	84,3	0.002
ASV3742	<i>Maireina filipendula</i>	SH1253551	G	WS	100	0.007
ASV2204	<i>Lophiostoma carpini</i>	SH1774593	G	WS	84,8	0.004
ASV0836	<i>Meniscomyces layueensis</i>	SH1295304	G	EP	99,7	0.013
ASV5824	<i>Dactylospora sp.</i>	SH1332283	G	LP	83,3	0,001
ASV5383	<i>Rinodina pyrina</i>	SH1051416	G	LZ	94,9	0.002
ASV2893	<i>Typhula micans</i>	SH1179165	G	PP	99,6	0.001
ASV3315	<i>Teratosphaeria dimorpha</i>	SH1346872	G	PP	88,7	0,003
ASV5686	<i>Fibulobasidium inconspicuum</i>	SH1330158	G	WS	85,9	0,001
ASV2207	<i>Agaricales sp.</i>	SH1395248	G		93,8	0,005
ASV6120	<i>Lophiostoma carpini</i>	SH1774593	G	WS	81,8	0.001
ASV1170	<i>Hyalorbilia rotifera</i>	SH1155808	G	WS	100	0.008
ASV2050	<i>Extremopsis radiculicola</i>	SH1361639	G		97,3	0.005
ASV2160	<i>Meniscomyces layueensis</i>	SH1295304	G	EP	91,8	0.025
ASV5119	<i>Filobasidium sp.</i>	SH1209714	G	US	83,6	0,008
ASV2165	<i>Phaeococcomyces sp.</i>	SH1058114	G	US	83,9	0,011
ASV1692	<i>Cystobasidium terricola</i>	SH1337835	G	MP	95,2	0.004
ASV1425	<i>Mrakia montana</i>	SH1329976	G	US	86,3	0.009
ASV1340	<i>Cercospora sp.</i>	SH1347206	G	PP	98,4	0,025
ASV0997	<i>Dactylospora sp.</i>	SH1332283	G	LP	80	0,012
ASV3627	<i>Rinodina pyrina</i>	SH1051416	G	LZ	94,6	0.006

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Gazda-növény	Elsődleges életmód	%	p
ASV2756	<i>Maireina filipendula</i>	SH1253551	G	WS	99,3	0.004
ASV1465	<i>Hysterobrevium constrictum</i>	SH1711294	G	WS	84,6	0.015
ASV3669	<i>Colacogloea philyla</i>	SH1053353	G	MP	97,7	0.007
ASV5618	<i>Kockovaella schimae</i>	SH1169312	G	EP	84,8	0.008
ASV2433	<i>Phragmocephala garethjonesii</i>	SH1699945	G	WS	93,8	0.013
ASV4137	<i>Mrakia soli</i>	SH1329985	G	US	89,4	0.008
ASV2327	<i>Spizellomycetales sp.</i>	SH1291494	G		99,1	0.002
ASV4017	<i>Parathyridaria clematidis</i>	SH1781453	G	LS	98,4	0.004
ASV3411	<i>Meniscomyces layueensis</i>	SH1295304	G	EP	99,2	0.011
ASV5918	<i>Mrakia montana</i>	SH1329976	G	US	83,4	0.005
ASV1117	<i>Exophiala sp.</i>	SH1264282	G	AP	98,1	0,025
ASV7409	<i>Dioszegia dumuzii</i>	SH1051495	G	LS	98,2	0.007
ASV3886	<i>Typhula micans</i>	SH1179165	G	PP	98,1	0.004
ASV2093	<i>Arcticomyces warmingii</i>	SH1300718	G	PP	89,7	0.007
ASV4591	<i>Vishniacozyma victoriae</i>	SH1303804	G	SS	89,5	0.001
ASV5213	<i>Knufia sp.</i>	SH1264986	G	SS	99,3	0.002
ASV6644	<i>Extremus adstrictus</i>	SH1361473	G	US	94,4	0.004
ASV5754	<i>Phragmocephala garethjonesii</i>	SH1699945	G	WS	99,6	0.008
ASV4619	<i>Orbilbia flavida</i>	SH1230974	G	WS	89,7	0.005
ASV6167	<i>Hoehnelomycetaceae sp.</i>	SH1412310	G		99	0,007
ASV4227	<i>Angustimassarina acerina</i>	SH1254134	G	MP	96,6	0.008
ASV5044	<i>Cystofilobasidium macerans</i>	SH1083429	G	LS	97,9	0.004
ASV1380	<i>Chaetosphaeronema achilleae</i>	SH1061649	G	PP	99,7	0.021
ASV1948	<i>Exophiala sp.</i>	SH1264282	G	AP	89	0,014
ASV5809	<i>Mrakia aquatica</i>	SH1329988	G	US	98,6	0.010
ASV4109	<i>Vishniacozyma victoriae</i>	SH1303804	G	SS	98,6	0.019
ASV3682	<i>Rachicladosporium eucalypti</i>	SH1388243	G	LS	98,9	0,021
ASV2055	<i>Hyalorbilia rotifera</i>	SH1155808	G	WS	98,3	0.033
ASV3007	<i>Kockovaella schimae</i>	SH1169312	G	EP	97,6	0.014

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Gazda-növény	Elsődleges életmód	%	p
ASV1792	<i>Flagelloscypha mairei</i>	SH1328954	G	LS	93,4	0.016
ASV2358	<i>Vishniacozyma victoriae</i>	SH1303804	G	SS	88,5	0.011
ASV2635	<i>Mrakia soli</i>	SH1329985	G	US	99,3	0.014
ASV4115	<i>Phoma herbarum</i>	SH1213422	G	PP	99,1	0.016
ASV3227	<i>Mycosphaerellales sp.</i>	SH1361653	G		97,9	0,009
ASV4084	<i>Helotiales sp.</i>	SH1383867	G		90,2	0,007
ASV0877	<i>Genolevuria pseudoamylytica</i>	SH1490814	G	US	97,2	0.004
ASV1467	<i>Dioszegia dumuzii</i>	SH1051495	G	LS	86,4	0.024
ASV2428	<i>Fungi sp.</i>	SH1407405	G		97,7	0,047
ASV3469	<i>Chaetosphaeronema achilleae</i>	SH1061649	G	PP	89	0,009
ASV1227	<i>Lophiotrema nucula</i>	SH1294382	G	WS	88,7	0.017
ASV3924	<i>Meniscomyces layueensis</i>	SH1295304	G	EP	99,3	0.016
ASV6450	<i>Parathyridaria clematidis</i>	SH1781453	G	LS	82,7	0.009
ASV2389	<i>Chionosphaeraceae sp.</i>	SH1301376	G		99,2	0,023
ASV6775	<i>Herpotrichiellaceae sp.</i>	SH1352643	G		82,5	0,009
ASV6398	<i>Fibulobasidium murrhardtense</i>	SH1836214	G	WS	97	0.013
ASV2747	<i>Parathyridaria clematidis</i>	SH1781453	G	LS	93,1	0.015
ASV3721	<i>Capnobotryella sp.</i>	SH1319737	G	LS	99,6	0.012
ASV3099	<i>Acrodontium crateriforme</i>	SH1189839	G	PP	85,3	0.013
ASV2274	<i>Mycosphaerellales sp.</i>	SH1361653	G		99,6	0,011
ASV5580	<i>Brunneofusispora hyalina</i>	SH1670500	G	WS	90,6	0.013
ASV4755	<i>Vexillomyces sp.</i>	SH1236595	G		92,6	0,027
ASV6118	<i>Vexillomyces sp.</i>	SH1236595	G		96,4	0.008
ASV7146	<i>Kockovaella schimae</i>	SH1169312	G	EP	96,8	0.005
ASV6808	<i>Rhizoplaca novomexicana</i>	SH1199517	G	LZ	93,8	0.009
ASV5242	<i>Rhizoplaca novomexicana</i>	SH1199517	G	LZ	90,1	0.010
ASV6218	<i>Angustimassarina acerina</i>	SH1254134	G	MP	90,5	0.015
ASV5123	<i>Bryochiton sp.</i>	SH1304657	G	PP	98,3	0.007

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Gazda-növény	Elsődleges életmód	%	p
ASV3846	<i>Catenulostroma protearum</i>	SH1189951	G	PP	94,3	0.007
ASV4614	<i>Teratosphaeria dimorpha</i>	SH1346872	G	PP	95,6	0,008
ASV10772	<i>Vishniacozyma melezitolytica</i>	SH1202273	G	SS	85,9	0.005
ASV5004	<i>Mrakia hoshinonis</i>	SH1835948	G	US	100	0.005
ASV5180	<i>Kurtzmanomyces sp.</i>	SH1187897	G	US	96,7	0,009
ASV9312	<i>Atrocalyx nordicus</i>	SH1124916	G	WS	99	0.005
ASV5129	<i>Helicoma isiola</i>	SH1347678	G	WS	97,2	0.006
ASV5508	<i>Nagrajchalara sp.</i>	SH1317609	G		94,9	0,01
ASV1691	<i>Chaetothyriales sp.</i>	SH1154492	G		94,3	0,013
ASV3516	<i>Microbotryomycetes sp.</i>	SH1053399	G		99,6	0,014
ASV3824	<i>Sirobasidiaceae sp.</i>	SH1330167	G		99,7	0,009
ASV4087	<i>Extremopsis radiculicola</i>	SH1361639	G		93,4	0.015
ASV2435	<i>Paradevriesia pseudoamericana</i>	SH1401038	G		93,3	0.026
ASV4958	<i>Veronaea sp.</i>	SH1264290	G	PP	97,5	0,021
ASV4747	<i>Cystofilobasidium infirmominiatum</i>	SH1083413	G	LS	100	0.018
ASV1284	<i>Spizellomycetales sp.</i>	SH1238928	G		100	0,015
ASV5055	<i>Typhulaceae sp.</i>	SH1331109	G		100	0,016
ASV1143	<i>Nothoacremonium vesiculophorum</i>	SH1061990	G		91,6	0.049
ASV1157	<i>Nigrograna antibiotica</i>	SH1211579	G	AP	98,7	0.022
ASV2669	<i>Herpotrichiellaceae sp.</i>	SH1352643	G		99,6	0,029
ASV4972	<i>Rachicladosporium eucalypti</i>	SH1388243	G	LS	97,3	0,018
ASV5371	<i>Dothideomycetes sp.</i>	SH1328606	G		97,6	0,018
ASV4748	<i>Mrakia aquatica</i>	SH1329988	G	US	98,9	0.027
ASV4898	<i>Veronaea sp.</i>	SH1264290	G	PP	98,9	0,027
ASV5687	<i>Herpotrichiellaceae sp.</i>	SH1352534	G		99,6	0,015
ASV6454	<i>Retiarius revayae</i>	SH1740948	G	PS	97,1	0.025
ASV4699	<i>Niesslia ilicifolia</i>	SH1240184	G	LS	90,8	0.029
ASV5194	<i>Diatrypella iranensis</i>	SH1611730	G	PP	100	0.025
ASV2170	<i>Spizellomycetales sp.</i>	SH1291494	G		95,5	0,042
ASV5841	<i>Colacogloea sp.</i>	SH1053400	G	MP	98,7	0,019

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Gazda-növény	Elsődleges életmód	%	p
ASV3006	<i>Kockovaella haikouensis</i>	SH1169294	G	EP	93,5	0.037
ASV4566	<i>Kockovaella schimae</i>	SH1169312	G	EP	88,6	0.020
ASV5559	<i>Kockovaella haikouensis</i>	SH1169294	G	EP	93,8	0.015
ASV6336	<i>Typhula micans</i>	SH1179165	G	PP	88,6	0.027
ASV3607	<i>Mrakia hoshinonis</i>	SH1835948	G	US	89,3	0.012
ASV4178	<i>Phaeococcomyces sp.</i>	SH1058114	G	US	98,4	0.015
ASV5070	<i>Extremus adstrictus</i>	SH1361473	G	US	96,2	0.022
ASV5384	<i>Mrakia montana</i>	SH1329976	G	US	99,2	0.024
ASV7265	<i>Sugitazyma miyagiana</i>	SH1374185	G	US	98,1	0.019
ASV7591	<i>Hyalorbilia erythrostroma</i>	SH1350422	G	WS	88,4	0.012
ASV3593	<i>Ceratobasidiaceae sp.</i>	SH1366813	G		99,6	0,023
ASV1301	<i>Typhulaceae sp.</i>	SH1331109	G		99,3	0,023
ASV1478	<i>Ascomycota sp.</i>	SH1302028	G		92	0,02
ASV1714	<i>Chytridiomycota sp.</i>	SH1309435	G		84,7	0,018
ASV2870	<i>Eurotiomycetes sp.</i>	SH1382179	G		99,5	0,015
ASV3110	<i>Sirobasidiaceae sp.</i>	SH1330167	G		81,5	0,021
ASV3483	<i>Helotiales sp.</i>	SH1195374	G		93,1	0,021
ASV3971	<i>Sirobasidiaceae sp.</i>	SH1330167	G		99,5	0,016
ASV4072	<i>Tremellales sp.</i>	SH1392545	G		91,3	0,013
ASV4760	<i>Chaetothyriales sp.</i>	SH1154492	G		98,4	0,013
ASV4873	<i>Ascomycota sp.</i>	SH1396252	G		99,3	0,02
ASV6999	<i>Eurotiomycetes sp.</i>	SH1352524	G		96,5	0,022
ASV7145	<i>Herpotrichiellaceae sp.</i>	SH1352534	G		96,5	0,012
ASV8209	<i>Herpotrichiellaceae sp.</i>	SH1154478	G		96,8	0,015
ASV8727	<i>Herpotrichiellaceae sp.</i>	SH1154478	G		93,2	0,023
ASV10256	<i>Tremellales sp.</i>	SH1392545	G		92,9	0,02
ASV4259	<i>Teratosphaeria dimorpha</i>	SH1346872	G	PP	98,1	0,037
ASV7416	<i>Colacogloea philyla</i>	SH1053353	G	MP	86,2	0,031
ASV6751	<i>Dothideomycetes sp.</i>	SH1371397	G		85,1	0,042
ASV0795	<i>Coniothyriaceae sp.</i>	SH1371344	G		98,3	0,035
ASV3555	<i>Septobasidium carestianum</i>	SH1331081	G	AP	87,5	0,048
ASV5118	<i>Helotiales sp.</i>	SH1371093	G		93,3	0,05

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Gazda-növény	Elsődleges életmód	%	p
ASV3002	<i>Genolevuria elizabethalexandrae</i>	SH1490751	G	US	98,7	0.046
ASV4219	<i>Genolevuria elizabethalexandrae</i>	SH1490751	G	US	95,8	0.045
ASV4893	<i>Cystobasidium pinicola</i>	SH1337943	G	MP	96,1	0.045
ASV6579	<i>Sirobasidiaceae sp.</i>	SH1330167	G		99,3	0,038
ASV3642	<i>Septobasidium carestianum</i>	SH1331081	G	AP	90,9	0.044
ASV9407	<i>Meniscomyces layueensis</i>	SH1295304	G	EP	93,3	0.048
ASV5373	<i>Paraophiobolus arundinis</i>	SH1409170	G	LS	82,8	0.044
ASV4395	<i>Colacogloea philyla</i>	SH1053353	G	MP	98,7	0.041
ASV9673	<i>Teratosphaeria dimorpha</i>	SH1346872	G	PP	81,1	0,025
ASV7912	<i>Phaeococcomyces sp.</i>	SH1058114	G	US	85,5	0,035
ASV3243	<i>Mrakia montana</i>	SH1329976	G	US	95,9	0.045
ASV3698	<i>Endoconidioma euphorbiae</i>	SH1778671	G	WS	97,5	0.047
ASV0704	<i>Lembosiniella eucalyptorum</i>	SH1682560	P		98,6	0.001
ASV1046	<i>Lembosiniella eucalyptorum</i>	SH1682560	P		80,8	0.001
ASV0790	<i>Endoconidioma euphorbiae</i>	SH1778671	P	WS	80,7	0.001
ASV0376	<i>Lembosiniella eucalyptorum</i>	SH1682560	P		98,3	0.001
ASV0513	<i>Phaeomoniellales sp.</i>	SH1139493	P		80,4	0,001
ASV1519	<i>Capnodiales sp.</i>	SH1189890	P		85,3	0,001
ASV1560	<i>Bacillicladium lobatum</i>	SH1391739	P	US	84,2	0.001
ASV0516	<i>Lembosiniella eucalyptorum</i>	SH1682560	P		83,7	0.001
ASV1606	<i>Sporocadus lichenicola</i>	SH1754195	P	PP	81,1	0,001
ASV0184	<i>Bacillicladium lobatum</i>	SH1391739	P	US	99,3	0.001
ASV0917	<i>Phaeomoniellales sp.</i>	SH1139493	P		83,4	0,001
ASV0943	<i>Sporocadus lichenicola</i>	SH1754195	P	PP	85	0,001
ASV0085	<i>Dothideomycetes sp.</i>	SH1392748	P		98,9	0,001

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Gazda-növény	Elsődleges életmód	%	p
ASV0628	<i>Heterophaeomoniella sp.</i>	SH1139506	P		87,7	0,001
ASV2492	<i>Pezicula pseudocinnamomea</i>	SH1317956	P	RE	89,7	0,001
ASV1827	<i>Minutiella tardicola</i>	SH1139484	P	PP	96,3	0,001
ASV1408	<i>Lembosiniella eucalyptorum</i>	SH1682560	P		89,8	0,001
ASV0970	<i>Minutiella tardicola</i>	SH1139484	P	PP	80,4	0,001
ASV1094	<i>Capnodiales sp.</i>	SH1189890	P		89,5	0,001
ASV2444	<i>Kwoniella dendrophila</i>	SH1298093	P	US	84,5	0,001
ASV4301	<i>Dothideomycetes sp.</i>	SH1392748	P		97,2	0,001
ASV0988	<i>Heterophaeomoniella sp.</i>	SH1139506	P		88,1	0,001
ASV3619	<i>Phaeococcomyces sp.</i>	SH1190996	P	US	90	0,001
ASV3972	<i>Myriangiales sp.</i>	SH1401202	P		81,8	0,001
ASV2895	<i>Fungi sp.</i>	SH1288026	P		84,3	0,001
ASV2045	<i>Endoconidioma euphorbiae</i>	SH1778671	P	WS	90,3	0,001
ASV1323	<i>Capnodiales sp.</i>	SH1189890	P		97,9	0,001
ASV1809	<i>Lembosiniella eucalyptorum</i>	SH1682560	P		84,2	0,001
ASV1587	<i>Pezicula pseudocinnamomea</i>	SH1317956	P	RE	80,7	0,001
ASV2831	<i>Capronia sp.</i>	SH1352718	P	SS	96,7	0,001
ASV0708	<i>Dothideomycetes sp.</i>	SH1392748	P		100	0,001
ASV0799	<i>Bannozya yamatoana</i>	SH1407357	P	SS	87,7	0,001
ASV2010	<i>Fungi sp.</i>	SH1288026	P		98,7	0,001
ASV1274	<i>Bannozya yamatoana</i>	SH1407357	P	SS	90,7	0,001
ASV1368	<i>Deltopyxis triangulispora</i>	SH1190332	P	WS	98,4	0,001
ASV2945	<i>Fungi sp.</i>	SH1288026	P		83,4	0,001
ASV2936	<i>Cryptococcaceae sp.</i>	SH1234052	P		90,7	0,001
ASV3587	<i>Sporocadus lichenicola</i>	SH1272691	P	PP	92,5	0,001
ASV1342	<i>Dothideomycetes sp.</i>	SH1392748	P		98,9	0,001
ASV0500	<i>Sporocadus lichenicola</i>	SH1272691	P	PP	87,4	0,001
ASV0810	<i>Niesslia fuegiana</i>	SH1265960	P	LS	98,5	0,001

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Gazda-növény	Elsődleges életmód	%	p
ASV1622	<i>Muriphaeosphaeria viburni</i>	SH1061754	P	PP	82,3	0,001
ASV1448	<i>Capronia sp.</i>	SH1352718	P	SS	98,6	0,001
ASV2286	<i>Aureobasidium thailandense</i>	SH1290085	P	SM	99,7	0,001
ASV3636	<i>Fungi sp.</i>	SH1220286	P		80	0,001
ASV1904	<i>Capnodiales sp.</i>	SH1189890	P		98,3	0,001
ASV4523	<i>Physcia stellaris</i>	SH1218696	P	LZ	83,8	0,001
ASV1065	<i>Lembosiniella eucalyptorum</i>	SH1682560	P		96,6	0,001
ASV4199	<i>Capronia sp.</i>	SH1352718	P	SS	80,7	0,001
ASV1152	<i>Myriangiales sp.</i>	SH1401202	P		99,7	0,001
ASV2117	<i>Physcia sp.</i>	SH1218712	P	LZ	83,9	0,001
ASV1952	<i>Endoconidioma euphorbiae</i>	SH1778671	P	WS	97,2	0,001
ASV2103	<i>Myriangiales sp.</i>	SH1401202	P		98,3	0,001
ASV3532	<i>Ceratobasidium sp.</i>	SH1050699	P	PP	84,2	0,001
ASV1200	<i>Dothideomycetes sp.</i>	SH1388139	P		81,3	0,001
ASV0982	<i>Tremellales sp.</i>	SH1236079	P		91,4	0,002
ASV2891	<i>Bannozya yamatoana</i>	SH1407357	P	SS	99	0,001
ASV2947	<i>Ascomycota sp.</i>	SH1254131	P		98,4	0,001
ASV1693	<i>Ascomycota sp.</i>	SH1407409	P		88,1	0,001
ASV2687	<i>Fungi sp.</i>	SH1288026	P		97,9	0,001
ASV1937	<i>Tremellales sp.</i>	SH1236079	P		91	0,001
ASV1303	<i>Jattaea sp.</i>	SH1376738	P	US	99,7	0,003
ASV3117	<i>Deltopyxis triangulispota</i>	SH1190332	P	WS	100	0,001
ASV4190	<i>Jattaea sp.</i>	SH1376738	P	US	83,8	0,001
ASV2190	<i>Muriphaeosphaeria viburni</i>	SH1061754	P	PP	99,6	0,001
ASV2153	<i>Physcia sp.</i>	SH1218712	P	LZ	98,9	0,001
ASV2712	<i>Exophiala sp.</i>	SH1352430	P	AP	98,3	0,003
ASV2005	<i>Ceratobasidium sp.</i>	SH1050699	P	PP	81,1	0,001
ASV1677	<i>Capnodiales sp.</i>	SH1189890	P		81,6	0,001
ASV2882	<i>Rhizoplaca novomexicana</i>	SH1199517	P	LZ	84,5	0,001
ASV3284	<i>Capronia sp.</i>	SH1352718	P	SS	86,7	0,001
ASV3353	<i>Physcia sp.</i>	SH1218712	P	LZ	99,3	0,001
ASV3019	<i>Microcera rubra</i>	SH1056313	P	AP	97,6	0,001
ASV1382	<i>Capronia sp.</i>	SH1352718	P	SS	99,7	0,001
ASV3208	<i>Muriphaeosphaeria viburni</i>	SH1061754	P	PP	99,3	0,001
ASV4480	<i>Jattaea sp.</i>	SH1376738	P	US	98,6	0,001
ASV3106	<i>Phaeococcomyces sp.</i>	SH1190996	P	US	98,2	0,002
ASV5846	<i>Ascomycota sp.</i>	SH1396252	P		82,2	0,002

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Gazda-növény	Elsődleges életmód	%	p
ASV1941	<i>Tremellales sp.</i>	SH1236079	P		98,9	0,001
ASV3703	<i>Lembosiniella eucalyptorum</i>	SH1682560	P		99	0.001
ASV5689	<i>Lembosiniella eucalyptorum</i>	SH1682560	P		80,7	0.001
ASV8200	<i>Physcia sp.</i>	SH1218712	P	LZ	81,1	0,001
ASV2805	<i>Chaetothyriales sp.</i>	SH1213968	P		98,6	0,001
ASV2906	<i>Strangospora moriformis</i>	SH1220791	P	LZ	100	0,002
ASV2653	<i>Capronia pulcherrima</i>	SH1353377	P	SS	94,3	0.001
ASV1902	<i>Rhizoplaca novomexicana</i>	SH1199517	P	LZ	93,3	0.001
ASV4505	<i>Arthrocatena sp.</i>	SH1189919	P	SS	87,1	0,001
ASV3947	<i>Pleosporales sp.</i>	SH1349883	P		98,6	0,003
ASV4468	<i>Rhizoplaca novomexicana</i>	SH1199517	P	LZ	99,1	0.001
ASV4950	<i>Niesslia fuegiana</i>	SH1265960	P	LS	87,5	0.001
ASV1838	<i>Microcera rubra</i>	SH1056313	P	AP	82	0.001
ASV0872	<i>Physcia sp.</i>	SH1218712	P	LZ	99,3	0,002
ASV5430	<i>Bacillicladium lobatum</i>	SH1391739	P	US	86,4	0.001
ASV5085	<i>Bannozya yamatoana</i>	SH1407357	P	SS	83,1	0.003
ASV5286	<i>Tremella sp.</i>	SH1393993	P	MP	98,7	0,001
ASV5336	<i>Aureobasidium intercalariosporum</i>	SH1778454	P	SM	82,7	0,005
ASV0076	<i>Ascomycota sp.</i>	SH1396252	P		98,6	0,002
ASV2852	<i>Basidiomycota sp.</i>	SH1337901	P		99,3	0,001
ASV6505	<i>Fungi sp.</i>	SH1220286	P		80,8	0,003
ASV1277	<i>Strangospora moriformis</i>	SH1220791	P	LZ	99,2	0,001
ASV3298	<i>Aureobasidium thailandense</i>	SH1290085	P	SM	94,7	0.001
ASV3967	<i>Physcia sp.</i>	SH1218712	P	LZ	80,4	0,001
ASV1582	<i>Bacillicladium lobatum</i>	SH1391739	P	US	97,9	0.008
ASV4458	<i>Catenulostroma sp.</i>	SH1304580	P	PP	83,7	0,001
ASV4839	<i>Vuilleminia pseudocystidiata</i>	SH1308916	P	WS	95,7	0.002
ASV0367	<i>Capronia sp.</i>	SH1352718	P	SS	100	0,004
ASV2234	<i>Pleosporales sp.</i>	SH1349883	P		99,7	0,001
ASV5902	<i>Lembosiniella eucalyptorum</i>	SH1682560	P		99,6	0.002
ASV4993	<i>Tremellales sp.</i>	SH1236079	P		81,1	0,001
ASV4596	<i>Capnodiales sp.</i>	SH1189890	P		99,3	0,001
ASV6122	<i>Arthonia dispersa</i>	SH1262584	P	LZ	84,2	0,001

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Gazda-növény	Elsődleges életmód	%	p
ASV7066	<i>Chaetothyriales sp.</i>	SH1265201	P		89,7	0,003
ASV3630	<i>Parafenestella austriaca</i>	SH1152479	P	US	97,6	0.001
ASV3970	<i>Lecanora albellula</i>	SH1385772	P	LZ	99	0.003
ASV3251	<i>Ascomycota sp.</i>	SH1265178	P		99,6	0,001
ASV0550	<i>Bacillicladium lobatum</i>	SH1391739	P	US	100	0.004
ASV3616	<i>Tremellales sp.</i>	SH1236079	P		83,4	0,004
ASV4011	<i>Lembosiniella eucalyptorum</i>	SH1682560	P		99,3	0.003
ASV3547	<i>Dothideomycetes sp.</i>	SH1392748	P		80,7	0,002
ASV6844	<i>Ascomycota sp.</i>	SH1407409	P		93,8	0,002
ASV4164	<i>Exophiala sp.</i>	SH1352430	P	AP	98,3	0,009
ASV3111	<i>Symmetrospora gracilis</i>	SH1337857	P	EP	80,8	0,002
ASV6089	<i>Symmetrospora gracilis</i>	SH1337857	P	EP	96,8	0,002
ASV8802	<i>Teichospora kingiae</i>	SH1891544	P	LS	97,1	0,001
ASV8474	<i>Pseudomicrostroma glucosiphilum</i>	SH1344378	P	PP	98,3	0.001
ASV2425	<i>Muriphaeosphaeria viburni</i>	SH1061754	P	PP	97,5	0.001
ASV5349	<i>Stemphylium vesicarium</i>	SH1205924	P	PP	98,9	0.001
ASV7491	<i>Capronia pulcherrima</i>	SH1353377	P	SS	98,5	0.001
ASV3189	<i>Genolevuria sp.</i>	SH1083086	P	US	92,9	0,001
ASV2685	<i>Phaeococcomyces kinklidomatophilus</i>	SH1642285	P	US	94,9	0.001
ASV3872	<i>Bacillicladium lobatum</i>	SH1391739	P	US	96,8	0.001
ASV6845	<i>Helotiales sp.</i>	SH1345167	P		83,4	0,003
ASV1522	<i>Ascomycota sp.</i>	SH1213405	P		90,8	0,001
ASV1793	<i>Dothideomycetes sp.</i>	SH1388139	P		98,3	0,001
ASV2246	<i>Capnodiales sp.</i>	SH1189890	P		91,8	0,001
ASV4749	<i>Capnodiales sp.</i>	SH1189809	P		83,8	0,002
ASV5065	<i>Fungi sp.</i>	SH1288026	P		98,2	0,001
ASV5296	<i>Helotiales sp.</i>	SH1407406	P		90,3	0,002
ASV7700	<i>Tremella macrobasidiata</i>	SH1236070	P	MP	97,8	0.001
ASV5282	<i>Dothideomycetes sp.</i>	SH1392748	P		90,8	0,005
ASV5941	<i>Cystobasidium ritchiei</i>	SH1337783	P	MP	95	0.004
ASV4150	<i>Capronia sp.</i>	SH1352718	P	SS	81,5	0,01

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Gazda-növény	Elsődleges életmód	%	p
ASV7496	<i>Ascomycota sp.</i>	SH1213405	P		97,7	0,003
ASV1131	<i>Celotheliaceae sp.</i>	SH1139539	P		97,9	0,004
ASV3367	<i>Microcera rubra</i>	SH1056313	P	AP	99	0,002
ASV1527	<i>Buckleyzyma aurantiaca</i>	SH1337929	P	EP	99,7	0,003
ASV1151	<i>Vuilleminia pseudocystidiata</i>	SH1308916	P	WS	98,2	0,003
ASV0199	<i>Fungi sp.</i>	SH1220286	P		99,7	0,025
ASV0831	<i>Dothideomycetes sp.</i>	SH1392748	P		98,7	0,008
ASV2915	<i>Agaricomycetes sp.</i>	SH1081139	P		92,8	0,015
ASV2084	<i>Meira nashicola</i>	SH1196009	P	PP	80,1	0,008
ASV2981	<i>Genolevuria sp.</i>	SH1083086	P	US	99,7	0,012
ASV2260	<i>Tremella sp.</i>	SH1393993	P	MP	99,7	0,002
ASV6668	<i>Genolevuria sp.</i>	SH1083086	P	US	83	0,009
ASV1564	<i>Neocucurbitaria populi</i>	SH1152455	P	US	99,4	0,002
ASV4085	<i>Uzbekistanica vitis-viniferae</i>	SH1233110	P	WS	99,7	0,001
ASV1758	<i>Oliveonia sp.</i>	SH1345908	P	WS	99,3	0,014
ASV1228	<i>Fungi sp.</i>	SH1083083	P		80,4	0,009
ASV6475	<i>Microstroma bacarum</i>	SH1160514	P	PP	99,2	0,003
ASV7542	<i>Chaetothyriales sp.</i>	SH1213968	P		96,3	0,003
ASV4365	<i>Lembosiniella eucalyptorum</i>	SH1682560	P		99,7	0,016
ASV4796	<i>Buckleyzyma aurantiaca</i>	SH1337929	P	EP	80,4	0,013
ASV0579	<i>Genolevuria sp.</i>	SH1083086	P	US	98,5	0,004
ASV1933	<i>Lecanora albellula</i>	SH1385772	P	LZ	99	0,009
ASV8487	<i>Dothideomycetes sp.</i>	SH1392748	P		98,9	0,003
ASV1996	<i>Rinodina pyrina</i>	SH1051416	P	LZ	91,3	0,006
ASV1129	<i>Microstroma bacarum</i>	SH1160514	P	PP	99,6	0,010
ASV2477	<i>Exophiala ellipsoidea</i>	SH1071524	P	AP	98	0,004
ASV3754	<i>Rhizoplaca novomexicana</i>	SH1199517	P	LZ	99,6	0,004
ASV4347	<i>Filobasidium wieringae</i>	SH1207622	P	US	91,2	0,018
ASV0768	<i>Lembosiniella eucalyptorum</i>	SH1682560	P		100	0,003
ASV3205	<i>Filobasidium wieringae</i>	SH1207622	P	US	84,5	0,003
ASV0453	<i>Filobasidium chernovii</i>	SH1207620	P	US	99,7	0,004

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Gazda-növény	Elsődleges életmód	%	p
ASV1882	<i>Cytospora juncicola</i>	SH1899243	P	WS	99,2	0,006
ASV4247	<i>Buckleyzyma aurantiaca</i>	SH1337852	P	EP	85,4	0,009
ASV1495	<i>Bacillicladium lobatum</i>	SH1391739	P	US	99,7	0,018
ASV3403	<i>Ascomycota sp.</i>	SH1265178	P		84,1	0,009
ASV0863	<i>Xenophoma microspora</i>	SH1408837	P	LP	99,6	0,014
ASV4214	<i>Physcia sp.</i>	SH1218712	P	LZ	93,1	0,007
ASV2086	<i>Lembosiniella eucalyptorum</i>	SH1682560	P		98,6	0,021
ASV4437	<i>Mycosphaerellales sp.</i>	SH1361653	P		84,8	0,004
ASV8421	<i>Xenodidymella clematidis</i>	SH1673088	P	LS	97,8	0,004
ASV6261	<i>Eutypella prunastri</i>	SH1168625	P	PP	99	0,002
ASV3101	<i>Aureobasidium intercalariosporum</i>	SH1778454	P	SM	99,7	0,007
ASV0162	<i>Fibulobasidium sp.</i>	SH1073752	P	WS	99	0,024
ASV3081	<i>Physcia sp.</i>	SH1218712	P	LZ	95,5	0,01
ASV2359	<i>Chaetothyriales sp.</i>	SH1265201	P		97,9	0,011
ASV5124	<i>Phaeosphaeriaceae sp.</i>	SH1372649	P		97,3	0,005
ASV4392	<i>Massaria anomia</i>	SH1296515	P	WS	99,6	0,003
ASV8541	<i>Agaricostilbomyces sp.</i>	SH1374195	P		99,7	0,004
ASV3897	<i>Spizellomyces sp.</i>	SH1331974	P		99,7	0,006
ASV4684	<i>Xenodidymella clematidis</i>	SH1673088	P	LS	99,4	0,014
ASV4681	<i>Constantinomyces sp.</i>	SH1304568	P	US	98,6	0,006
ASV4562	<i>Ascomycota sp.</i>	SH1396252	P		98,6	0,035
ASV0867	<i>Ascomycota sp.</i>	SH1396252	P		99,3	0,009
ASV0540	<i>Tremellales sp.</i>	SH1303811	P		98,9	0,015
ASV3896	<i>Exophiala sp.</i>	SH1352430	P	AP	99,6	0,007
ASV5035	<i>Buckleyzyma kluveri-nielii</i>	SH1337793	P	EP	80,1	0,009
ASV9195	<i>Kockovaella machilophila</i>	SH1169353	P	EP	88,4	0,004
ASV9205	<i>Trichomerium sp.</i>	SH1341807	P	FE	91,9	0,003
ASV5217	<i>Trichomerium dioscoreae</i>	SH1341804	P	FE	99,6	0,004
ASV7645	<i>Dactylospora sp.</i>	SH1332309	P	LP	96,9	0,004
ASV2345	<i>Physcia sp.</i>	SH1218712	P	LZ	84,9	0,007
ASV2272	<i>Physcia sp.</i>	SH1218712	P	LZ	98,3	0,004

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Gazda-növény	Elsődleges életmód	%	p
ASV4442	<i>Papillotrema terrestris</i>	SH1402489	P	MP	98,3	0.003
ASV5940	<i>Papillotrema terrestris</i>	SH1402489	P	MP	97	0.006
ASV7412	<i>Cystobasidium pinicola</i>	SH1337943	P	MP	97,3	0.008
ASV8369	<i>Sporocadus lichenicola</i>	SH1754195	P	PP	99,7	0,004
ASV2002	<i>Muriphaeosphaeria viburni</i>	SH1061754	P	PP	99,3	0,004
ASV2688	<i>Sporocadus lichenicola</i>	SH1754195	P	PP	99,3	0,004
ASV3775	<i>Catenulostroma sp.</i>	SH1304580	P	PP	99,3	0,004
ASV4021	<i>Muriphaeosphaeria viburni</i>	SH1061754	P	PP	96	0,002
ASV4886	<i>Microstroma bacarum</i>	SH1160514	P	PP	98,9	0.004
ASV5599	<i>Microstroma bacarum</i>	SH1160514	P	PP	97,2	0.008
ASV6866	<i>Botrytis caroliniana</i>	SH1336761	P	PP	97,5	0.008
ASV7848	<i>Vishniacozyma sp.</i>	SH1067457	P	SS	99,6	0.008
ASV6148	<i>Arthrocatena tenebrosa</i>	SH1190041	P	SS	83,5	0.002
ASV6379	<i>Phaeococcomyces kinklidomatophilus</i>	SH1642285	P	US	98,2	0.002
ASV5306	<i>Neovaginatispora aquadulcis</i>	SH1774533	P	WS	97,2	0,004
ASV10231	<i>Fibulobasidium inconspicuum</i>	SH1330158	P	WS	99,3	0,006
ASV11862	<i>Helotiales sp.</i>	SH1407406	P		85,1	0,001
ASV1040	<i>Fungi sp.</i>	SH1220191	P		99,6	0,004
ASV1746	<i>Helotiales sp.</i>	SH1345167	P		99,6	0,004
ASV2264	<i>Chaetothyriales sp.</i>	SH1265201	P		91,2	0,006
ASV4208	<i>Phaeosphaeriaceae sp.</i>	SH1409014	P		98	0,002
ASV4255	<i>Myriangiales sp.</i>	SH1401202	P		96,8	0,01
ASV4809	<i>Dothideomycetes sp.</i>	SH1392748	P		83,9	0,005
ASV4817	<i>Chaetothyriales sp.</i>	SH1213968	P		87,7	0,004
ASV4977	<i>Dothideomycetes sp.</i>	SH1407399	P		97,3	0,004
ASV5450	<i>Lembosiniella eucalyptorum</i>	SH1682560	P		99,6	0.002
ASV5764	<i>Fungi sp.</i>	SH1409078	P		80,4	0,002
ASV6785	<i>Ascomycota sp.</i>	SH1330610	P		95,8	0,002
ASV7267	<i>Dothideomycetes sp.</i>	SH1348572	P		99,3	0,004
ASV7594	<i>Ascomycota sp.</i>	SH1220280	P		98,9	0,004

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Gazda-növény	Elsődleges életmód	%	p
ASV8268	<i>Helotiales sp.</i>	SH1389305	P		96,3	0,006
ASV8324	<i>Capnodiales sp.</i>	SH1189998	P		90,4	0,003
ASV14011	<i>Herpotrichiellaceae sp.</i>	SH1172252	P		99,6	0,004
ASV2489	<i>Chaetothyriales sp.</i>	SH1265402	P		100	0,018
ASV1016	<i>Fungi sp.</i>	SH1220286	P		92,4	0,006
ASV1836	<i>Parafenestella austriaca</i>	SH1152479	P	US	98,3	0,010
ASV1418	<i>Phaeococcomyces sp.</i>	SH1190996	P	US	99,7	0,007
ASV4997	<i>Ascomycota sp.</i>	SH1330610	P		82,9	0,02
ASV2740	<i>Ascomycota sp.</i>	SH1232911	P		87,1	0,008
ASV3357	<i>Fungi sp.</i>	SH1264253	P		100	0,007
ASV2139	<i>Vishniacozyma dimennae</i>	SH1202280	P	SS	91,2	0,009
ASV4759	<i>Chaetothyriales sp.</i>	SH1186330	P		96,2	0,048
ASV7595	<i>Sporocadus lichenicola</i>	SH1754195	P	PP	87,6	0,03
ASV2874	<i>Tremellales sp.</i>	SH1406918	P		99,6	0,016
ASV5621	<i>Fungi sp.</i>	SH1220286	P		100	0,01
ASV6559	<i>Catenulostroma sp.</i>	SH1304580	P	PP	98,3	0,008
ASV4998	<i>Arthrocatena sp.</i>	SH1189919	P	SS	96,4	0,007
ASV4983	<i>Alternaria infectoria</i>	SH1358724	P	PP	99,5	0,006
ASV3665	<i>Microstroma bacarum</i>	SH1160514	P	PP	99	0,010
ASV5505	<i>Ascomycota sp.</i>	SH1254131	P		96,3	0,013
ASV2403	<i>Dothideomycetes sp.</i>	SH1392748	P		88,5	0,011
ASV1955	<i>Jattaea sp.</i>	SH1376738	P	US	94,6	0,017
ASV3778	<i>Ascomycota sp.</i>	SH1232911	P		98,2	0,016
ASV2335	<i>Herpotrichiellaceae sp.</i>	SH1264172	P		99,6	0,022
ASV2591	<i>Pseudomicrostroma phylloplanum</i>	SH1344384	P	PP	99,6	0,022
ASV3104	<i>Trichomerium sp.</i>	SH1341807	P	FE	99,1	0,012
ASV4113	<i>Dactylospora sp.</i>	SH1332283	P	LP	100	0,008
ASV1134	<i>Chaetothyriales sp.</i>	SH1213948	P		95,3	0,019
ASV4506	<i>Fungi sp.</i>	SH1300669	P		100	0,034
ASV8475	<i>Exophiala sp.</i>	SH1352430	P	AP	98,6	0,015
ASV3265	<i>Alternaria infectoria</i>	SH1358724	P	PP	80,3	0,018
ASV3944	<i>Microstroma bacarum</i>	SH1160514	P	PP	99	0,015
ASV5403	<i>Aureobasidium intercalariosporum</i>	SH1778454	P	SM	96	0,019
ASV5461	<i>Scoliciosporum sarothamni</i>	SH1288972	P	LZ	98,3	0,016

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Gazda-növény	Elsődleges életmód	%	p
ASV4481	<i>Physcia sp.</i>	SH1218712	P	LZ	99,6	0,014
ASV10769	<i>Phaeococcomyces sp.</i>	SH1058114	P	US	97,6	0,015
ASV7543	<i>Physcia sp.</i>	SH1218712	P	LZ	94,9	0,019
ASV13168	<i>Jattaea sp.</i>	SH1376738	P	US	97,9	0,017
ASV5257	<i>Cryptococcus sp.</i>	SH1360372	P	US	98,6	0,018
ASV5407	<i>Pseudopithomyces rosae</i>	SH1371248	P	PP	93,3	0,016
ASV4711	<i>Pleosporales sp.</i>	SH1346454	P		99,6	0,019
ASV5952	<i>Parafenestella austriaca</i>	SH1152479	P	US	97,9	0,015
ASV4918	<i>Tremellales sp.</i>	SH1406918	P		99,3	0,018
ASV4063	<i>Xenophoma microspora</i>	SH1408837	P	LP	99,6	0,028
ASV5898	<i>Symmetrospora gracilis</i>	SH1337857	P	EP	93,5	0,018
ASV4042	<i>Dothideomycetes sp.</i>	SH1197357	P		97,6	0,049
ASV8260	<i>Pleosporales sp.</i>	SH1409007	P		99,6	0,019
ASV6356	<i>Fungi sp.</i>	SH1055172	P		99	0,015
ASV4295	<i>Capronia pulcherrima</i>	SH1353377	P	SS	98,7	0,043
ASV4424	<i>Symmetrospora gracilis</i>	SH1337857	P	EP	95,3	0,041
ASV1573	<i>Microstromatales sp.</i>	SH1160515	P		99,7	0,032
ASV5305	<i>Antarctolichenia onofrii</i>	SH1330609	P		98,5	0,022
ASV9896	<i>Vishniacozyma victoriae</i>	SH1303804	P	SS	99,2	0,028
ASV6721	<i>Parafenestella austriaca</i>	SH1152479	P	US	98,9	0,021
ASV4320	<i>Fungi sp.</i>	SH1338942	P		99	0,049
ASV1500	<i>Sporocadus lichenicola</i>	SH1754195	P	PP	99,7	0,038
ASV3575	<i>Cystobasidium terricola</i>	SH1337835	P	MP	99,6	0,031
ASV6724	<i>Genolevuria sp.</i>	SH1083112	P	US	81,1	0,036
ASV9294	<i>Mrakia soli</i>	SH1329985	P	US	82,9	0,029
ASV8368	<i>Catenulostroma sp.</i>	SH1304580	P	PP	99,4	0,046
ASV6049	<i>Phaeosphaeriaceae sp.</i>	SH1408947	P		96,4	0,048
ASV10232	<i>Neocelosporium eucalypti</i>	SH1778557	P		99	0,034
ASV4549	<i>Exophiala sp.</i>	SH1244969	P	AP	95,3	0,034
ASV6330	<i>Exophiala sp.</i>	SH1352417	P	AP	99,7	0,03
ASV7116	<i>Septobasidium sp.</i>	SH1331047	P	AP	99,6	0,03

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Gazda-növény	Elsődleges életmód	%	p
ASV12212	<i>Nigrograna mycophila</i>	SH1400409	P	AP	89,9	0.027
ASV13173	<i>Exophiala sp.</i>	SH1352430	P	AP	99,6	0,03
ASV14034	<i>Symmetrospora gracilis</i>	SH1337857	P	EP	81,1	0,03
ASV2776	<i>Symmetrospora gracilis</i>	SH1337857	P	EP	97,9	0,03
ASV4427	<i>Buckleyzyma salicina</i>	SH1337937	P	EP	97,1	0.030
ASV13552	<i>Rhizoplaca novomexicana</i>	SH1199517	P	LZ	97,7	0.040
ASV4875	<i>Megacollybia platyphylla</i>	SH1221616	P	LS	90,9	0.030
ASV5275	<i>Dioszegia athyri</i>	SH1444242	P	LS	99,7	0.050
ASV6276	<i>Endosporium aviarium</i>	SH1277615	P	LS	97,1	0,029
ASV11842	<i>Cystobasidium terricola</i>	SH1337835	P	MP	98,4	0.035
ASV12610	<i>Eutypella prunastri</i>	SH1168625	P	PP	81,1	0.030
ASV0798	<i>Sporocadus lichenicola</i>	SH1754195	P	PP	98,6	0,034
ASV0951	<i>Sporocadus lichenicola</i>	SH1754195	P	PP	98,9	0,03
ASV1481	<i>Pseudomicrostroma glucosiphilum</i>	SH1344378	P	PP	99,3	0.030
ASV1486	<i>Exobasidium sp.</i>	SH1300729	P	PP	97,5	0,03
ASV2263	<i>Pseudomicrostroma glucosiphilum</i>	SH1344378	P	PP	99,7	0.035
ASV2988	<i>Catenulostroma sp.</i>	SH1304580	P	PP	97,8	0,03
ASV5848	<i>Catenulostroma sp.</i>	SH1304580	P	PP	95,7	0,03
ASV7424	<i>Devriesia sp.</i>	SH1401100	P	PP	96,4	0,03
ASV7806	<i>Muriphaeosphaeria viburni</i>	SH1061754	P	PP	97,7	0,03
ASV8025	<i>Thyrostroma sp.</i>	SH1213605	P	PP	98,6	0,03
ASV10802	<i>Phaeomoniella chlamydospora</i>	SH1382169	P	PP	95,2	0,029
ASV14057	<i>Pezizella sp.</i>	SH1296147	P	RE	99,6	0,029
ASV5408	<i>Bannozya yamatoana</i>	SH1407357	P	SS	80,4	0.030
ASV4270	<i>Bannozya yamatoana</i>	SH1407357	P	SS	98,4	0.030
ASV5389	<i>Vishniacozyma dimennae</i>	SH1202280	P	SS	98,4	0.030
ASV8202	<i>Cladophialophora sp.</i>	SH1330799	P	SS	96,5	0,03
ASV8269	<i>Knufia sp.</i>	SH1265120	P	SS	98,9	0,03
ASV9585	<i>Rhinochrysiella sp.</i>	SH1213942	P	SS	94,3	0,035

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Gazdanövény	Elsődleges életmód	%	p
ASV13175	<i>Bacillicladium lobatum</i>	SH1391739	P	US	94,4	0.045
ASV1270	<i>Jattaea sp.</i>	SH1376738	P	US	83,7	0,03
ASV3213	<i>Filobasidium wieringae</i>	SH1207622	P	US	98,9	0.032
ASV4094	<i>Jattaea sp.</i>	SH1376738	P	US	99,5	0,043

M2 – 3. táblázat: Az indikátorfaj analízis eredménye a szőlőtőkékéből vett fás minták eltérő mintavételi időpontjai között. A rövidítések megegyeznek a második táblázatnál leírtakkal.

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Hónap	Elsődleges életmód	%	p
ASV0275	<i>Aureobasidium intercalariosporum</i>	SH1778454	Március	SM	98,3	0,002
ASV0620	<i>Sporobolomyces salmonicolor</i>	SH1273297	Március	MP	98,2	0,025
ASV0803	<i>Cystofilobasidium macerans</i>	SH1083429	Március	LS	99,5	0,001
ASV1717	<i>Filobasidium chernovii</i>	SH1207620	Március	US	99,5	0,001
ASV2523	<i>Vishniacozyma sp.</i>	SH1303769	Március	SS	99,3	0,006
ASV2556	<i>Filobasidium chernovii</i>	SH1207620	Március	US	99,7	0,004
ASV1380	<i>Cystofilobasidium macerans</i>	SH1083429	Március	LS	99,7	0,008
ASV1140	<i>Kondoa gutianensis</i>	SH1349675	Március	US	98,8	0,02
ASV0596	<i>Itersonilia pannonica</i>	SH1087625	Március	PP	99,7	0,009
ASV1388	<i>Cryptococcus nyarrowii</i>	SH1878037	Március	US	99,4	0,008
ASV1222	<i>Filobasidium wieringae</i>	SH1207622	Március	US	98,1	0,004
ASV1789	<i>Filobasidium wieringae</i>	SH1207622	Március	US	97,8	0,004
ASV2597	<i>Fungi sp.</i>	SH1338942	Március		99,5	0,009
ASV0979	<i>Alternaria sp.</i>	SH1191868	Március	PP	98,3	0,007
ASV0038	<i>Aureobasidium intercalariosporum</i>	SH1778454	Március	SM	98,3	0,025
ASV0253	<i>Aureobasidium intercalariosporum</i>	SH1778454	Március	SM	98,3	0,025
ASV1405	<i>Filobasidium wieringae</i>	SH1207622	Március	US	98,9	0,025
ASV1512	<i>Fungi sp.</i>	SH1338942	Március		97,9	0,008
ASV2513	<i>Fungi sp.</i>	SH1338942	Március		98,1	0,011
ASV1452	<i>Symmetrospora coprosmae</i>	SH1847644	Március	EP	99,4	0,01
ASV0958	<i>Symmetrospora coprosmae</i>	SH1847644	Március	EP	98,8	0,01
ASV1750	<i>Filobasidium wieringae</i>	SH1207622	Március	US	97,6	0,011
ASV2651	<i>Filobasidium chernovii</i>	SH1207620	Március	US	98,4	0,008
ASV1834	<i>Mrakia hoshinonis</i>	SH1835948	Március	US	98,6	0,024
ASV2429	<i>Filobasidium wieringae</i>	SH1207622	Március	US	97,6	0,017
ASV1757	<i>Fungi sp.</i>	SH1338942	Március		98,9	0,022
ASV3855	<i>Buckleyzyma aurantiaca</i>	SH1337929	Március	EP	97,3	0,035
ASV0815	<i>Itersonilia pannonica</i>	SH1087625	Március	PP	99,4	0,034
ASV2431	<i>Filobasidium chernovii</i>	SH1207620	Március	US	98,1	0,024

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Hónap	Elsődleges életmód	%	p
ASV1202	<i>Fungi sp.</i>	SH1338942	Március		98,4	0,036
ASV0877	<i>Helotiales sp.</i>	SH1383867	Március		97,2	0,05
ASV7407	<i>Curvibasidium cygneicollum</i>	SH1189363	Március	WS	98,3	0,029
ASV1337	<i>Filobasidium wieringae</i>	SH1207622	Március	US	99,2	0,032
ASV1239	<i>Filobasidium wieringae</i>	SH1207622	Március	US	98,4	0,034
ASV4102	<i>Yunzhangia auriculariae</i>	SH1407356	Március	US	81,8	0,031
ASV4757	<i>Buckleyzyma aurantiaca</i>	SH1337852	Március	EP	99	0,035
ASV5538	<i>Sporobolomyces roseus</i>	SH1273273	Március	MP	98,8	0,031
ASV1713	<i>Alternaria sp.</i>	SH1191868	Március	PP	98,6	0,041
ASV4567	<i>Itersonilia pannonica</i>	SH1087625	Március	PP	99,4	0,031
ASV5381	<i>Taphrina sp.</i>	SH1164874	Március	PP	99,6	0,027
ASV9012	<i>Itersonilia pannonica</i>	SH1087625	Március	PP	99,4	0,036
ASV2065	<i>Filobasidium wieringae</i>	SH1207622	Március	US	97,8	0,037
ASV4370	<i>Mrakia niccombsii</i>	SH1329986	Március	US	96,2	0,036
ASV6663	<i>Udeniomyces megalosporus</i>	SH1052934	Március	US	99,7	0,038
ASV6806	<i>Curvibasidium cygneicollum</i>	SH1189363	Március	WS	97,4	0,031
ASV8857	<i>Curvibasidium cygneicollum</i>	SH1189363	Március	WS	98,6	0,036
ASV8063	<i>Basidiomycota sp.</i>	SH1337901	Március		99,4	0,024
ASV1869	<i>Filobasidium wieringae</i>	SH1207622	Március	US	97,8	0,039
ASV2546	<i>Botrytis caroliniana</i>	SH1336761	Március	PP	99,2	0,044
ASV0018	<i>Sclerotinia tetraspora</i>	SH1336697	Június	PP	98,5	0,001
ASV0043	<i>Sclerotinia tetraspora</i>	SH1336697	Június	PP	98,9	0,001
ASV0278	<i>Nigrograna mycophila</i>	SH1400409	Június	AP	99,6	0,002
ASV1079	<i>Cytospora predappioensis</i>	SH1078561	Június	PP	99,6	0,008
ASV0118	<i>Discinellaceae sp.</i>	SH1268491	Június		99,3	0,009
ASV0602	<i>Eutypa lata</i>	SH1611693	Június	PP	99,6	0,008
ASV3511	<i>Xylariales sp.</i>	SH1168664	Június		99,6	0,008
ASV5055	<i>Spizellomycetales sp.</i>	SH1238928	Június		100	0,008
ASV2316	<i>Amphisphaeriaceae sp.</i>	SH1054520	Június		100	0,005
ASV1427	<i>Cytospora predappioensis</i>	SH1078561	Június	PP	100	0,011
ASV3946	<i>Thoreauomyces sp.</i>	SH1393182	Június	PS	99,3	0,018
ASV4179	<i>Naohidea sebacea</i>	SH1643609	Június	MP	86,6	0,02
ASV1180	<i>Corticaceae sp.</i>	SH1366069	Június		99,7	0,023
ASV5338	<i>Ascomycota sp.</i>	SH1232911	Június		99,6	0,01
ASV2747	<i>Fibulobasidium murrhardtense</i>	SH1836214	Június	WS	93,1	0,028
ASV1295	<i>Eutypa lata</i>	SH1611693	Június	PP	100	0,041
ASV4607	<i>Tremellales sp.</i>	SH1204227	Június		90,4	0,035
ASV5081	<i>Ascomycota sp.</i>	SH1232911	Június		99,3	0,025
ASV4362	<i>Naganishia sp.</i>	SH1849178	Június	US	99,7	0,023
ASV2171	<i>Corticaceae sp.</i>	SH1366069	Június		100	0,049

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Hónap	Elsődleges életmód	%	p
ASV4086	<i>Alpinaria rhododendri</i>	SH1699711	Június	PP	97,5	0,048
ASV0560	<i>Constantinomyces sp.</i>	SH1304568	Szeptember	US	98,6	0,001
ASV0752	<i>Herpotrichiaceae sp.</i>	SH1352643	Szeptember		96	0,001
ASV0316	<i>Nothophaeoniella ekebergiae</i>	SH1139497	Szeptember		96,3	0,001
ASV1324	<i>Tremellales sp.</i>	SH1236098	Szeptember		98,9	0,001
ASV0661	<i>Chaetothyriales sp.</i>	SH1154492	Szeptember		97,8	0,002
ASV0438	<i>Nothophaeoniella ekebergiae</i>	SH1139497	Szeptember		96,7	0,003
ASV1197	<i>Peniophora lycii</i>	SH1054310	Szeptember	WS	99,7	0,001
ASV0866	<i>Fibulobasidium sp.</i>	SH1073752	Szeptember	WS	97,9	0,001
ASV0870	<i>Constantinomyces sp.</i>	SH1304568	Szeptember	US	99	0,001
ASV0925	<i>Herpotrichiaceae sp.</i>	SH1352643	Szeptember		95,6	0,003
ASV1288	<i>Sirobasidiaceae sp.</i>	SH1330167	Szeptember		93,8	0,001
ASV1325	<i>Cystobasidium terricola</i>	SH1337835	Szeptember	MP	86	0,001
ASV1353	<i>Fibulobasidium sp.</i>	SH1073752	Szeptember	WS	98,3	0,001
ASV1091	<i>Nothophaeoniella ekebergiae</i>	SH1139497	Szeptember		96,3	0,001
ASV1156	<i>Chaetothyriales sp.</i>	SH1154492	Szeptember		100	0,009
ASV2412	<i>Catenulostroma sp.</i>	SH1304580	Szeptember	PP	95,7	0,001
ASV1110	<i>Nothophaeoniella ekebergiae</i>	SH1139497	Szeptember		98,2	0,001
ASV1293	<i>Nothophaeoniella ekebergiae</i>	SH1139497	Szeptember		98,5	0,002
ASV1425	<i>Cystobasidium terricola</i>	SH1337835	Szeptember	MP	86,3	0,001
ASV1686	<i>Capnobotryella sp.</i>	SH1319737	Szeptember	LS	84,2	0,003
ASV2165	<i>Filobasidium sp.</i>	SH1209714	Szeptember	US	83,9	0,001
ASV0783	<i>Nothophaeoniella ekebergiae</i>	SH1139497	Szeptember		96	0,002
ASV1138	<i>Sirobasidiaceae sp.</i>	SH1330167	Szeptember		93,4	0,001
ASV2415	<i>Chaetothyriales sp.</i>	SH1154492	Szeptember		97,8	0,001
ASV3242	<i>Constantinomyces sp.</i>	SH1304568	Szeptember	US	98,6	0,001
ASV2676	<i>Capnobotryella sp.</i>	SH1319737	Szeptember	LS	84,5	0,003
ASV1611	<i>Chaetothyriales sp.</i>	SH1154492	Szeptember		98,2	0,01
ASV3001	<i>Septobasidium carestianum</i>	SH1331081	Szeptember	AP	93	0,006
ASV3695	<i>Basidiomycota sp.</i>	SH1193047	Szeptember		80,1	0,002
ASV1261	<i>Fungi sp.</i>	SH1264253	Szeptember		91,5	0,035
ASV4079	<i>Septobasidium carestianum</i>	SH1331081	Szeptember	AP	93,3	0,006
ASV4323	<i>Chionosphaeraceae sp.</i>	SH1187896	Szeptember		96,8	0,004
ASV4363	<i>Basidiomycota sp.</i>	SH1193047	Szeptember		80,3	0,002
ASV1843	<i>Microsporomyces pini</i>	SH1198631	Szeptember	EP	97,7	0,005
ASV0047	<i>Helotiales sp.</i>	SH1407406	Szeptember		99,6	0,047
ASV0327	<i>Anteaglonium sp.</i>	SH1247870	Szeptember	WS	96,8	0,002
ASV2186	<i>Occultifur externus</i>	SH1337881	Szeptember	MP	92,7	0,028
ASV3119	<i>Filobasidium sp.</i>	SH1209714	Szeptember	US	84,2	0,002
ASV1720	<i>Extremopsis radicolata</i>	SH1361639	Szeptember		92,9	0,007

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Hónap	Elsődleges életmód	%	p
ASV0494	<i>Arthrocatena sp.</i>	SH1189919	Szeptember	SS	99,5	0,014
ASV3461	<i>Catenulostroma sp.</i>	SH1304580	Szeptember	PP	96	0,004
ASV2584	<i>Kochiomyces dichotomus</i>	SH1315245	Szeptember	PS	86,4	0,005
ASV1711	<i>Cladophialophora sp.</i>	SH1050782	Szeptember	SS	99,6	0,004
ASV4087	<i>Sirobasidiaceae sp.</i>	SH1330167	Szeptember		93,4	0,001
ASV0836	<i>Lophiostoma carpini</i>	SH1774593	Szeptember	WS	99,7	0,004
ASV0761	<i>Fungi sp.</i>	SH1338547	Szeptember		93,8	0,023
ASV2116	<i>Fungi sp.</i>	SH1407405	Szeptember		88,6	0,011
ASV3277	<i>Dothideomycetes sp.</i>	SH1389521	Szeptember		91,2	0,034
ASV0087	<i>Dothideomycetes sp.</i>	SH1388139	Szeptember		91,8	0,015
ASV2516	<i>Catenulostroma sp.</i>	SH1304580	Szeptember	PP	95,7	0,015
ASV1936	<i>Neovaginatispora aquadulcis</i>	SH1774533	Szeptember	WS	99,7	0,014
ASV1149	<i>Dioszegia athyri</i>	SH1444242	Szeptember	LS	96,7	0,015
ASV0272	<i>Phaeococcomyces kinklidomatophilus</i>	SH1642285	Szeptember	US	96,8	0,016
ASV0352	<i>Myriangiiales sp.</i>	SH1348574	Szeptember		99,7	0,018
ASV2297	<i>Constantinomyces sp.</i>	SH1304568	Szeptember	US	98,3	0,009
ASV0214	<i>Pyrenophora tritici-repentis</i>	SH1088015	Szeptember	PP	99,6	0,011
ASV4219	<i>Genoleuria elizabethalexandrae</i>	SH1490751	Szeptember	US	95,8	0,003
ASV4893	<i>Genoleuria elizabethalexandrae</i>	SH1490751	Szeptember	US	96,1	0,003
ASV5150	<i>Fellomyces horovitzae</i>	SH1392542	Szeptember	US	99	0,006
ASV1840	<i>Peniophora cinerea</i>	SH1054266	Szeptember	WS	99,4	0,005
ASV2278	<i>Stereum hirsutum</i>	SH1136759	Szeptember	WS	100	0,007
ASV2571	<i>Fibulobasidium sp.</i>	SH1073752	Szeptember	WS	96,2	0,005
ASV3080	<i>Lophiostoma sp.</i>	SH1286985	Szeptember	WS	99,3	0,007
ASV1714	<i>Ascomycota sp.</i>	SH1302028	Szeptember		84,7	0,007
ASV1829	<i>Didymellaceae sp.</i>	SH1213228	Szeptember		98,6	0,004
ASV2695	<i>Didymellaceae sp.</i>	SH1213228	Szeptember		99	0,006
ASV3483	<i>Sirobasidiaceae sp.</i>	SH1330167	Szeptember		93,1	0,004
ASV3129	<i>Neovaginatispora aquadulcis</i>	SH1774533	Szeptember	WS	100	0,013
ASV1139	<i>Arthrocatena tenebrosa</i>	SH1190041	Szeptember	SS	98,7	0,006
ASV1487	<i>Montagnula chiangraiensis</i>	SH1328517	Szeptember	WS	98,2	0,019
ASV0909	<i>Capnodiales sp.</i>	SH1189809	Szeptember		98,6	0,009
ASV0128	<i>Lembosiniella eucalyptorum</i>	SH1682560	Szeptember		84,5	0,027
ASV0787	<i>Peniophora lycii</i>	SH1054310	Szeptember	WS	99,4	0,015
ASV0397	<i>Phomopsis sp.</i>	SH1079269	Szeptember	PP	97,2	0,024
ASV1170	<i>Lophiostoma carpini</i>	SH1774593	Szeptember	WS	100	0,028
ASV2733	<i>Teichospora kingiae</i>	SH1891544	Szeptember	LS	97,6	0,018
ASV4259	<i>Tremellales sp.</i>	SH1392545	Szeptember		98,1	0,011

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Hónap	Elsődleges életmód	%	p
ASV4448	<i>Dematiopleospora fusiformis</i>	SH1354365	Szeptember	LS	99,3	0,01
ASV4020	<i>Genolevuria elizabethalexandrae</i>	SH1490751	Szeptember	US	99,3	0,01
ASV2233	<i>Fungi sp.</i>	SH1407415	Szeptember		99,1	0,03
ASV0650	<i>Tremellomyces sp.</i>	SH1214879	Szeptember		82,9	0,007
ASV2816	<i>Rhinocladiella sp.</i>	SH1213942	Szeptember	SS	93,8	0,033
ASV5025	<i>Genolevuria elizabethalexandrae</i>	SH1490751	Szeptember	US	99,7	0,016
ASV1907	<i>Eurotiomyces sp.</i>	SH1382179	Szeptember		81,1	0,034
ASV2375	<i>Capnobotryella sp.</i>	SH1319737	Szeptember	LS	97,5	0,024
ASV7416	<i>Teratosphaeria dimorpha</i>	SH1346872	Szeptember	PP	86,2	0,012
ASV1435	<i>Fungi sp.</i>	SH1338547	Szeptember		94,1	0,039
ASV3516	<i>Chaetothyriales sp.</i>	SH1154492	Szeptember		99,6	0,02
ASV4519	<i>Teichospora kingiae</i>	SH1891544	Szeptember	LS	97,9	0,013
ASV5812	<i>Dioszegia sp.</i>	SH1051463	Szeptember	LS	98,6	0,025
ASV1719	<i>Papiliotrema pseudoalba</i>	SH1402484	Szeptember	MP	80,1	0,019
ASV4429	<i>Bryochiton sp.</i>	SH1304657	Szeptember	PP	94,7	0,018
ASV5008	<i>Catenulostroma sp.</i>	SH1304580	Szeptember	PP	96	0,017
ASV4562	<i>Constantinomyces sp.</i>	SH1304568	Szeptember	US	98,6	0,01
ASV1163	<i>Peniophora lycii</i>	SH1054310	Szeptember	WS	99,7	0,016
ASV4911	<i>Lophiostoma sp.</i>	SH1286985	Szeptember	WS	99,6	0,018
ASV0679	<i>Microstromatales sp.</i>	SH1344382	Szeptember		99,7	0,015
ASV1821	<i>Tremellales sp.</i>	SH1236098	Szeptember		98,6	0,015
ASV6291	<i>Microsporomycetaceae sp.</i>	SH1208109	Szeptember		92,5	0,02
ASV6504	<i>Spizellomyces sp.</i>	SH1331974	Szeptember		99,7	0,023
ASV7873	<i>Dothideomyces sp.</i>	SH1330606	Szeptember		94,4	0,019
ASV1289	<i>Septoriella hibernica</i>	SH1950035	Szeptember	LS	96,9	0,034
ASV2455	<i>Fibulobasidium sp.</i>	SH1073752	Szeptember	WS	95,8	0,032
ASV2862	<i>Periconia pseudobyssoides</i>	SH1309958	Szeptember	PP	96,5	0,032
ASV4566	<i>Kockovaella haikouensis</i>	SH1169294	Szeptember	EP	88,6	0,023
ASV1716	<i>Pleosporales sp.</i>	SH1389928	Szeptember		96,7	0,043
ASV3628	<i>Catenulostroma sp.</i>	SH1304580	Szeptember	PP	95,7	0,03
ASV4760	<i>Tremellales sp.</i>	SH1392545	Szeptember		98,4	0,023
ASV3593	<i>Hyalorbilia erythrostroma</i>	SH1350422	Szeptember	WS	99,6	0,039
ASV4072	<i>Sirobasidiaceae sp.</i>	SH1330167	Szeptember		91,3	0,029
ASV4466	<i>Fibulobasidium sp.</i>	SH1073752	Szeptember	WS	96,5	0,03
ASV3642	<i>Sirobasidiaceae sp.</i>	SH1330167	Szeptember		90,9	0,018
ASV0251	<i>Elsinoe proteae</i>	SH1489082	Szeptember	PP	89,8	0,04
ASV6774	<i>Cyphelophora reptans</i>	SH1222583	Szeptember	LS	84,8	0,029
ASV8727	<i>Herpotrichiellaceae sp.</i>	SH1154478	Szeptember		93,2	0,012
ASV5626	<i>Constantinomyces sp.</i>	SH1304568	Szeptember	US	98,3	0,029

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Hónap	Elsődleges életmód	%	p
ASV4612	<i>Erythrobasidium proteacearum</i>	SH1655339	Szeptember	MP	98	0,027
ASV7346	<i>Symmetrospora symmetrica</i>	SH1337841	Szeptember	EP	86,7	0,047
ASV6097	<i>Phomopsis sp.</i>	SH1079269	Szeptember	PP	97,5	0,047
ASV9315	<i>Devriesia sp.</i>	SH1383016	Szeptember	PP	93,1	0,049
ASV6509	<i>Sirobasidiaceae sp.</i>	SH1330167	Szeptember		92	0,048

M2 – 4. táblázat: Az indikátorfaj analízis eredménye a kajszibarack fákból vett fás minták eltérő mintavételi időpontjai között. A rövidítések megegyeznek a második táblázatnál leírtakkal.

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Hónap	Elsődleges életmód	%	p
ASV1614	<i>Fungi sp.</i>	SH1296172	Március		92,9	0,037
ASV0842	<i>Fungi sp.</i>	SH1296172	Március		92,5	0,034
ASV1226	<i>Sporobolomyces salmonicolor</i>	SH1273297	Március	MP	98,5	0,044
ASV0048	<i>Sporocadus lichenicola</i>	SH1754195	Június	PP	97,8	0,002
ASV0018	<i>Sclerotinia tetraspora</i>	SH1336697	Június	PP	98,5	0,011
ASV0043	<i>Sclerotinia tetraspora</i>	SH1336697	Június	PP	98,9	0,021
ASV1069	<i>Angustimassarina acerina</i>	SH1254134	Június	MP	98,3	0,026
ASV0066	<i>Fungi sp.</i>	SH1409078	Szeptember		95,8	0,04
ASV2794	<i>Aureobasidium intercalariosporum</i>	SH1778454	Szeptember	SM	97,6	0,003
ASV0330	<i>Septoriella muriformis</i>	SH1409111	Szeptember	LS	99,7	0,003
ASV0491	<i>Paraphaeosphaeria sp.</i>	SH1328539	Szeptember	WS	98,3	0,019
ASV1243	<i>Buckleyzyma aurantiaca</i>	SH1337929	Szeptember	EP	98,2	0,002
ASV0853	<i>Pseudomicrostroma glucosiphilum</i>	SH1344378	Szeptember	PP	97,8	0,003
ASV0142	<i>Fungi sp.</i>	SH1409078	Szeptember		96,2	0,007
ASV1213	<i>Murispora cicognanii</i>	SH1303121	Szeptember	WS	97,6	0,019
ASV0933	<i>Cryptovalsa ampelina</i>	SH1052393	Szeptember	PP	100	0,003
ASV0263	<i>Neoconiothyrium viticola</i>	SH1331908	Szeptember	PP	89,3	0,039
ASV0910	<i>Neodevriesia poagena</i>	SH1090055	Szeptember	PP	99,6	0,025
ASV1576	<i>Lembosiniella eucalyptorum</i>	SH1682560	Szeptember		80,1	0,018

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Hónap	Elsődleges életmód	%	p
ASV1002	<i>Pleospora leptosphaerulinoides</i>	SH1663951	Szeptember	PP	99,3	0,019
ASV1148	<i>Xenodidymella clematidis</i>	SH1673088	Szeptember	LS	98,6	0,011
ASV2269	<i>Lembosiniella eucalyptorum</i>	SH1682560	Szeptember		80,4	0,031
ASV0332	<i>Tremellales sp.</i>	SH1236098	Szeptember		98,9	0,018
ASV0538	<i>Neoconiothyrium viticola</i>	SH1331908	Szeptember	PP	89,7	0,025
ASV4069	<i>Vishniacozyma dimennae</i>	SH1202280	Szeptember	SS	100	0,015
ASV0539	<i>Taphrina communis</i>	SH1164900	Szeptember	PP	100	0,036
ASV1908	<i>Xenodidymella clematidis</i>	SH1673088	Szeptember	LS	99	0,015
ASV0796	<i>Arthrocatena sp.</i>	SH1189919	Szeptember	SS	100	0,025
ASV0818	<i>Periconia chimonanthi</i>	SH1310041	Szeptember	PP	98,2	0,022
ASV5263	<i>Dothideales sp.</i>	SH1289891	Szeptember		90,5	0,032
ASV0473	<i>Exophiala sideris</i>	SH1353527	Szeptember	AP	95,3	0,013
ASV3278	<i>Capnobotryella sp.</i>	SH1319737	Szeptember	LS	97,1	0,015
ASV1422	<i>Periconia chimonanthi</i>	SH1310041	Szeptember	PP	98,6	0,014
ASV2738	<i>Peniophora lycii</i>	SH1054310	Szeptember	WS	99,7	0,012
ASV1033	<i>Lindgomycetaceae sp.</i>	SH1237444	Szeptember		97,4	0,024
ASV3600	<i>Aureobasidium intercalariosporum</i>	SH1778454	Szeptember	SM	97,9	0,021
ASV0222	<i>Ascomycota sp.</i>	SH1330610	Szeptember		99,3	0,037
ASV1872	<i>Neocelosporiaceae sp.</i>	SH1290014	Szeptember		97,5	0,043
ASV1556	<i>Exophiala sp.</i>	SH1352417	Szeptember	AP	99,6	0,04
ASV3276	<i>Herpotrichia sp.</i>	SH1233147	Szeptember	PP	97,5	0,047
ASV1969	<i>Herpotrichia sp.</i>	SH1233147	Szeptember	PP	97,2	0,049
ASV1114	<i>Cryptococcus nyarrowii</i>	SH1878037	Szeptember	US	98	0,036
ASV1302	<i>Fungi sp.</i>	SH1407415	Szeptember		98,7	0,05
ASV0198	<i>Lachnella alboviolascens</i>	SH1052398	Szeptember	WS	98,6	0,047
ASV1347	<i>Pseudomicrostroma glucosiphilum</i>	SH1344378	Szeptember	PP	98,1	0,05
ASV4735	<i>Taphrina pruni-subcordatae</i>	SH1164901	Szeptember	PP	98,8	0,05
ASV1581	<i>Peniophora lycii</i>	SH1054310	Szeptember	WS	99,4	0,048

M2 – 5. táblázat: Az indikátorfaj analízis eredménye a körtefákból vett fás minták eltérő mintavételi időpontjai között. A rövidítések megegyeznek a második táblázatnál leírtakkal.

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Hónap	Elsődleges életmód	%	<i>p</i>
ASV0620	<i>Sporobolomyces salmonicolor</i>	SH1273297	Március	MP	98,2	0,009
ASV0750	<i>Sphaerulina pelargonii</i>	SH1346827	Március	LS	96,8	0,032
ASV1477	<i>Helotiales sp.</i>	SH1407406	Március		99,3	0,012
ASV0959	<i>Helotiales sp.</i>	SH1407406	Március		98,9	0,032
ASV1475	<i>Microstroma bacarum</i>	SH1160514	Március	PP	97,4	0,026
ASV1695	<i>Pleospora leptosphaerulinoidea</i>	SH1663951	Március	PP	98,9	0,015
ASV1226	<i>Sporobolomyces salmonicolor</i>	SH1273297	Március	MP	98,5	0,024
ASV0317	<i>Malassezia restricta</i>	SH1382014	Március	SS	98,3	0,009
ASV0621	<i>Malassezia restricta</i>	SH1382014	Március	SS	98,5	0,021
ASV0389	<i>Udeniomyces pseudopyricola</i>	SH1356855	Március	US	98,1	0,036
ASV2687	<i>Ascomycota sp.</i>	SH1407409	Március		97,9	0,044
ASV0417	<i>Xylodon erastii</i>	SH1338280	Március	WS	100	0,043
ASV3039	<i>Dothideomycetes sp.</i>	SH1392748	Március		95,3	0,039
ASV1648	<i>Pseudomicrostroma glucosiphilum</i>	SH1344378	Március	PP	97,2	0,043
ASV1081	<i>Chaetothyriales sp.</i>	SH1265201	Március		97,9	0,037
ASV1589	<i>Microstroma bacarum</i>	SH1160514	Március	PP	96	0,04
ASV0292	<i>Discinellaceae sp.</i>	SH1268491	Június		99,6	0,004
ASV0095	<i>Sporocadus lichenicola</i>	SH1754195	Június	PP	98,2	0,032
ASV2111	<i>Knufia sp.</i>	SH1265120	Június	SS	99,6	0,007
ASV3887	<i>Buckleyzyma aurantiaca</i>	SH1337929	Június	EP	97,9	0,024
ASV0722	<i>Naevula sp.</i>	SH1748975	Június	PP	97,1	0,006
ASV0820	<i>Exophiala sp.</i>	SH1264169	Június	AP	87,3	0,019
ASV2553	<i>Buckleyzyma salicina</i>	SH1337937	Június	EP	99	0,013
ASV1054	<i>Ophiobolus malleolus</i>	SH1665084	Június	LS	98,9	0,034
ASV3419	<i>Fusarium tricinctum</i>	SH1049685	Június	PP	98,3	0,039
ASV1361	<i>Vustinia terrae</i>	SH1190679	Június	SS	99,7	0,034
ASV4861	<i>Pseudobensingtonia ingoldii</i>	SH1235626	Június	US	83,4	0,042
ASV0476	<i>Lachnella alboviolascens</i>	SH1052398	Június	WS	98,6	0,027
ASV2340	<i>Fusarium tricinctum</i>	SH1049685	Június	PP	98	0,039
ASV2790	<i>Celotheliaceae sp.</i>	SH1139539	Június		99	0,05
ASV1197	<i>Peniophora lycii</i>	SH1054310	Szeptember	WS	99,7	0,001

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Hónap	Elsődleges életmód	%	p
ASV0060	<i>Fusarium langsethiae</i>	SH1049478	Szeptember	PP	97,2	0,001
ASV0072	<i>Lachnella alboviolascens</i>	SH1052398	Szeptember	WS	98,4	0,006
ASV0669	<i>Tremellales sp.</i>	SH1406918	Szeptember		99,2	0,01
ASV4139	<i>Ascomycota sp.</i>	SH1396252	Szeptember		97,2	0,004
ASV0480	<i>Phaeosphaeria sp.</i>	SH1061751	Szeptember	LS	100	0,002
ASV2465	<i>Orbilina clavuliformis</i>	SH1400596	Szeptember	WS	99,4	0,02
ASV0394	<i>Neodevriesiaceae sp.</i>	SH1090086	Szeptember		88,4	0,016
ASV1721	<i>Foliophoma camporesii</i>	SH1061410	Szeptember	PP	90,3	0,01
ASV0661	<i>Chaetothyriales sp.</i>	SH1154492	Szeptember		97,8	0,024
ASV1008	<i>Chaetothyriales sp.</i>	SH1154492	Szeptember		97,5	0,002
ASV1333	<i>Keissleriella cirsii</i>	SH1864034	Szeptember	WS	92,3	0,01
ASV3624	<i>Orbilina clavuliformis</i>	SH1400596	Szeptember	WS	99,7	0,005
ASV1916	<i>Peniophora lycii</i>	SH1054310	Szeptember	WS	100	0,013
ASV2109	<i>Parafenestella austriaca</i>	SH1152479	Szeptember	US	99	0,012
ASV1840	<i>Peniophora cinerea</i>	SH1054266	Szeptember	WS	99,4	0,014
ASV1581	<i>Peniophora lycii</i>	SH1054310	Szeptember	WS	99,4	0,009
ASV0592	<i>Filobasidium wieringae</i>	SH1207622	Szeptember	US	99,7	0,041
ASV2212	<i>Rachicladosporium pini</i>	SH1334900	Szeptember	LS	97,5	0,004
ASV0412	<i>Pyrenophora tritici-repentis</i>	SH1088015	Szeptember	PP	100	0,006
ASV2997	<i>Peniophora cinerea</i>	SH1054266	Szeptember	WS	99	0,004
ASV3699	<i>Jeremyomyces labinae</i>	SH1950359	Szeptember	WS	99,3	0,006
ASV6752	<i>Ascomycota sp.</i>	SH1396252	Szeptember		97,5	0,007
ASV2268	<i>Vishniacozyma melezitolytica</i>	SH1657864	Szeptember	SS	87,7	0,017
ASV0787	<i>Peniophora lycii</i>	SH1054310	Szeptember	WS	99,4	0,009
ASV1068	<i>Microstromatales sp.</i>	SH1344382	Szeptember		100	0,028
ASV2120	<i>Cladophialophora sp.</i>	SH1353232	Szeptember	SS	98,8	0,026
ASV1798	<i>Discosia sp.</i>	SH1273217	Szeptember	PP	95,7	0,014
ASV2275	<i>Vishniacozyma dimenna</i>	SH1202280	Szeptember	SS	97,6	0,026
ASV1359	<i>Mycosphaerellales sp.</i>	SH1361653	Szeptember		97,8	0,012
ASV1048	<i>Peniophora lycii</i>	SH1054310	Szeptember	WS	99	0,027
ASV0879	<i>Neovaginatispora aquadulcis</i>	SH1774533	Szeptember	WS	99,3	0,022
ASV3937	<i>Elsinoe sp.</i>	SH1081869	Szeptember	PP	92	0,023

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Hónap	Elsődleges életmód	%	p
ASV3553	<i>Parafenestella austriaca</i>	SH1152479	Szeptember	US	99,3	0,023
ASV1878	<i>Alternariaster trigonosporus</i>	SH1923200	Szeptember	PP	99,6	0,029
ASV3843	<i>Elsinoe sp.</i>	SH1081869	Szeptember	PP	83,6	0,022
ASV0214	<i>Pyrenophora tritici-repentis</i>	SH1088015	Szeptember	PP	99,6	0,034
ASV5781	<i>Elsinoe sp.</i>	SH1081869	Szeptember	PP	83,9	0,022
ASV2455	<i>Fibulobasidium sp.</i>	SH1073752	Szeptember	WS	95,8	0,03
ASV3990	<i>Heterophaeomoniella pinifoliorum</i>	SH1139494	Szeptember		90,3	0,036
ASV4583	<i>Kurtzmanomyces sp.</i>	SH1330184	Szeptember	US	88,2	0,013
ASV3517	<i>Elsinoe sp.</i>	SH1081869	Szeptember	PP	83,3	0,05
ASV0843	<i>Filobasidium oeirense</i>	SH1665267	Szeptember	US	98,9	0,043
ASV3430	<i>Heterophaeomoniella pinifoliorum</i>	SH1139494	Szeptember		90	0,039
ASV0510	<i>Fibulobasidium sp.</i>	SH1073752	Szeptember	WS	96,9	0,039
ASV2339	<i>Keissleriella cirsii</i>	SH1864034	Szeptember	WS	92,7	0,05
ASV6662	<i>Exophiala sideris</i>	SH1353527	Szeptember	AP	96	0,026
ASV5215	<i>Phyllozoma linderæ</i>	SH1253941	Szeptember	EP	98,7	0,023
ASV1629	<i>Rachicladosporium pini</i>	SH1334900	Szeptember	LS	97,9	0,025
ASV0067	<i>Fusarium langsethiae</i>	SH1049478	Szeptember	PP	97,5	0,016
ASV0818	<i>Periconia chimonanthi</i>	SH1310041	Szeptember	PP	98,2	0,015
ASV1422	<i>Periconia chimonanthi</i>	SH1310041	Szeptember	PP	98,6	0,024
ASV2584	<i>Kochiomyces dichotomus</i>	SH1315245	Szeptember	PS	86,4	0,019
ASV6335	<i>Kochiomyces dichotomus</i>	SH1315245	Szeptember	PS	85,7	0,019
ASV1327	<i>Saitozyma sp.</i>	SH1236046	Szeptember	SS	99,2	0,015
ASV0280	<i>Anteaglonium sp.</i>	SH1247870	Szeptember	WS	97,1	0,015
ASV0327	<i>Anteaglonium sp.</i>	SH1247870	Szeptember	WS	96,8	0,015
ASV3836	<i>Keissleriella cirsii</i>	SH1864034	Szeptember	WS	91,6	0,024
ASV5677	<i>Peniophora cinerea</i>	SH1054266	Szeptember	WS	99	0,02
ASV0752	<i>Herpotrichiellaceae sp.</i>	SH1352643	Szeptember		96	0,014
ASV1816	<i>Mycosphaerellales sp.</i>	SH1361653	Szeptember		97,5	0,025
ASV2380	<i>Cystobasidiomycetes sp.</i>	SH1193101	Szeptember		99,7	0,016
ASV4608	<i>Tremellales sp.</i>	SH1172703	Szeptember		99,7	0,018
ASV6305	<i>Zyzygomyces bachmannii</i>	SH1235160	Szeptember		96,8	0,021
ASV6542	<i>Fungi sp.</i>	SH1061677	Szeptember		97,8	0,011
ASV3484	<i>Elsinoe sp.</i>	SH1081869	Szeptember	PP	83,3	0,044

M2 – 6. táblázat: Az indikátorfaj analízis eredménye a gyepürózsából vett fás minták eltérő mintavételi időpontjai között. A rövidítések megegyeznek a második táblázatnál leírtakkal.

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Hónap	Elsődleges életmód	%	p
ASV0620	<i>Sporobolomyces salmonicolor</i>	SH1273297	Március	MP	98,2	0,009
ASV0750	<i>Sphaerulina pelargonii</i>	SH1346827	Március	LS	96,8	0,032
ASV1477	<i>Helotiales sp.</i>	SH1407406	Március		99,3	0,012
ASV0959	<i>Helotiales sp.</i>	SH1407406	Március		98,9	0,032
ASV1475	<i>Microstroma bacarum</i>	SH1160514	Március	PP	97,4	0,026
ASV1695	<i>Pleospora leptosphaerulinoidea</i>	SH1663951	Március	PP	98,9	0,015
ASV1226	<i>Sporobolomyces salmonicolor</i>	SH1273297	Március	MP	98,5	0,024
ASV0317	<i>Malassezia restricta</i>	SH1382014	Március	SS	98,3	0,009
ASV0621	<i>Malassezia restricta</i>	SH1382014	Március	SS	98,5	0,021
ASV0389	<i>Udeniomyces pseudopyricola</i>	SH1356855	Március	US	98,1	0,036
ASV2687	<i>Ascomycota sp.</i>	SH1407409	Március		97,9	0,044
ASV0417	<i>Xylodon erastii</i>	SH1338280	Március	WS	100	0,043
ASV3039	<i>Dothideomycetes sp.</i>	SH1392748	Március		95,3	0,039
ASV1648	<i>Pseudomicrostroma glucosiphilum</i>	SH1344378	Március	PP	97,2	0,043
ASV1081	<i>Chaetothyriales sp.</i>	SH1265201	Március		97,9	0,037
ASV1589	<i>Microstroma bacarum</i>	SH1160514	Március	PP	96	0,04
ASV0292	<i>Discinellaceae sp.</i>	SH1268491	Június		99,6	0,004
ASV0095	<i>Sporocadus lichenicola</i>	SH1754195	Június	PP	98,2	0,032
ASV2111	<i>Knuffia sp.</i>	SH1265120	Június	SS	99,6	0,007
ASV3887	<i>Bucklezyma aurantiaca</i>	SH1337929	Június	EP	97,9	0,024
ASV0722	<i>Naevata sp.</i>	SH1748975	Június	PP	97,1	0,006
ASV0820	<i>Exophiala sp.</i>	SH1264169	Június	AP	87,3	0,019
ASV2553	<i>Bucklezyma salicina</i>	SH1337937	Június	EP	99	0,013
ASV1054	<i>Ophiobolus malleolus</i>	SH1665084	Június	LS	98,9	0,034
ASV3419	<i>Fusarium tricinctum</i>	SH1049685	Június	PP	98,3	0,039
ASV1361	<i>Vustinia terrae</i>	SH1190679	Június	SS	99,7	0,034
ASV4861	<i>Pseudobensingtonia ingoldii</i>	SH1235626	Június	US	83,4	0,042
ASV0476	<i>Lachnella alboviolascens</i>	SH1052398	Június	WS	98,6	0,027
ASV2340	<i>Fusarium tricinctum</i>	SH1049685	Június	PP	98	0,039
ASV2790	<i>Celotheliaceae sp.</i>	SH1139539	Június		99	0,05

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Hónap	Elsődleges életmód	%	p
ASV1197	<i>Peniophora lycii</i>	SH1054310	Szeptember	WS	99,7	0,001
ASV0060	<i>Fusarium langsethiae</i>	SH1049478	Szeptember	PP	97,2	0,001
ASV0072	<i>Lachnella alboviolascens</i>	SH1052398	Szeptember	WS	98,4	0,006
ASV0669	<i>Tremellales sp.</i>	SH1406918	Szeptember		99,2	0,01
ASV4139	<i>Ascomycota sp.</i>	SH1396252	Szeptember		97,2	0,004
ASV0480	<i>Phaeosphaeria sp.</i>	SH1061751	Szeptember	LS	100	0,002
ASV2465	<i>Orbilina clavuliformis</i>	SH1400596	Szeptember	WS	99,4	0,02
ASV0394	<i>Neodevriesiaceae sp.</i>	SH1090086	Szeptember		88,4	0,016
ASV1721	<i>Foliophoma camporesii</i>	SH1061410	Szeptember	PP	90,3	0,01
ASV0661	<i>Chaetothyriales sp.</i>	SH1154492	Szeptember		97,8	0,024
ASV1008	<i>Chaetothyriales sp.</i>	SH1154492	Szeptember		97,5	0,002
ASV1333	<i>Keissleriella cirsi</i>	SH1864034	Szeptember	WS	92,3	0,01
ASV3624	<i>Orbilina clavuliformis</i>	SH1400596	Szeptember	WS	99,7	0,005
ASV1916	<i>Peniophora lycii</i>	SH1054310	Szeptember	WS	100	0,013
ASV2109	<i>Parafenestella austriaca</i>	SH1152479	Szeptember	US	99	0,012
ASV1840	<i>Peniophora cinerea</i>	SH1054266	Szeptember	WS	99,4	0,014
ASV1581	<i>Peniophora lycii</i>	SH1054310	Szeptember	WS	99,4	0,009
ASV0592	<i>Filobasidium wieringae</i>	SH1207622	Szeptember	US	99,7	0,041
ASV2212	<i>Rachicladosporium pini</i>	SH1334900	Szeptember	LS	97,5	0,004
ASV0412	<i>Pyrenophora tritici-repentis</i>	SH1088015	Szeptember	PP	100	0,006
ASV2997	<i>Peniophora cinerea</i>	SH1054266	Szeptember	WS	99	0,004
ASV3699	<i>Jeremyomyces labinae</i>	SH1950359	Szeptember	WS	99,3	0,006
ASV6752	<i>Ascomycota sp.</i>	SH1396252	Szeptember		97,5	0,007
ASV2268	<i>Vishniacozyma melezitolytica</i>	SH1657864	Szeptember	SS	87,7	0,017
ASV0787	<i>Peniophora lycii</i>	SH1054310	Szeptember	WS	99,4	0,009
ASV1068	<i>Microstromatales sp.</i>	SH1344382	Szeptember		100	0,028
ASV2120	<i>Cladophialophora sp.</i>	SH1353232	Szeptember	SS	98,8	0,026
ASV1798	<i>Discosia sp.</i>	SH1273217	Szeptember	PP	95,7	0,014
ASV2275	<i>Vishniacozyma dimennae</i>	SH1202280	Szeptember	SS	97,6	0,026
ASV1359	<i>Mycosphaerellales sp.</i>	SH1361653	Szeptember		97,8	0,012
ASV1048	<i>Peniophora lycii</i>	SH1054310	Szeptember	WS	99	0,027
ASV0879	<i>Neovaginatispora aquadulcis</i>	SH1774533	Szeptember	WS	99,3	0,022

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Hónap	Elsődleges életmód	%	p
ASV3937	<i>Elsinoe sp.</i>	SH1081869	Szeptember	PP	92	0,023
ASV3553	<i>Parafenestella austriaca</i>	SH1152479	Szeptember	US	99,3	0,023
ASV1878	<i>Alternariaster trigonosporus</i>	SH1923200	Szeptember	PP	99,6	0,029
ASV3843	<i>Elsinoe sp.</i>	SH1081869	Szeptember	PP	83,6	0,022
ASV0214	<i>Pyrenophora tritici-repentis</i>	SH1088015	Szeptember	PP	99,6	0,034
ASV5781	<i>Elsinoe sp.</i>	SH1081869	Szeptember	PP	83,9	0,022
ASV2455	<i>Fibulobasidium sp.</i>	SH1073752	Szeptember	WS	95,8	0,03
ASV3990	<i>Heterophaeomoniella pinifoliorum</i>	SH1139494	Szeptember		90,3	0,036
ASV4583	<i>Kurtzmanomyces sp.</i>	SH1330184	Szeptember	US	88,2	0,013
ASV3517	<i>Elsinoe sp.</i>	SH1081869	Szeptember	PP	83,3	0,05
ASV0843	<i>Filobasidium oeirense</i>	SH1665267	Szeptember	US	98,9	0,043
ASV3430	<i>Heterophaeomoniella pinifoliorum</i>	SH1139494	Szeptember		90	0,039
ASV0510	<i>Fibulobasidium sp.</i>	SH1073752	Szeptember	WS	96,9	0,039
ASV2339	<i>Keissleriella cirsii</i>	SH1864034	Szeptember	WS	92,7	0,05
ASV6662	<i>Exophiala sideris</i>	SH1353527	Szeptember	AP	96	0,026
ASV5215	<i>Phyllozoma linderiae</i>	SH1253941	Szeptember	EP	98,7	0,023
ASV1629	<i>Rachicladosporium pini</i>	SH1334900	Szeptember	LS	97,9	0,025
ASV0067	<i>Fusarium langsethiae</i>	SH1049478	Szeptember	PP	97,5	0,016
ASV0818	<i>Periconia chimonanthi</i>	SH1310041	Szeptember	PP	98,2	0,015
ASV1422	<i>Periconia chimonanthi</i>	SH1310041	Szeptember	PP	98,6	0,024
ASV2584	<i>Kochiomyces dichotomus</i>	SH1315245	Szeptember	PS	86,4	0,019
ASV6335	<i>Kochiomyces dichotomus</i>	SH1315245	Szeptember	PS	85,7	0,019
ASV1327	<i>Saitozyma sp.</i>	SH1236046	Szeptember	SS	99,2	0,015
ASV0280	<i>Anteaglonium sp.</i>	SH1247870	Szeptember	WS	97,1	0,015
ASV0327	<i>Anteaglonium sp.</i>	SH1247870	Szeptember	WS	96,8	0,015
ASV3836	<i>Keissleriella cirsii</i>	SH1864034	Szeptember	WS	91,6	0,024
ASV5677	<i>Peniophora cinerea</i>	SH1054266	Szeptember	WS	99	0,02
ASV0752	<i>Herpotrichiellaceae sp.</i>	SH1352643	Szeptember		96	0,014
ASV1816	<i>Mycosphaerellales sp.</i>	SH1361653	Szeptember		97,5	0,025
ASV2380	<i>Cystobasidiomycetes sp.</i>	SH1193101	Szeptember		99,7	0,016
ASV4608	<i>Tremellales sp.</i>	SH1172703	Szeptember		99,7	0,018
ASV6305	<i>Zyzygomyces bachmannii</i>	SH1235160	Szeptember		96,8	0,021

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Hónap	Elsődleges életmód	%	p
ASV6542	<i>Fungi sp.</i>	SH1061677	Szeptember		97,8	0,011
ASV3484	<i>Elsinoe sp.</i>	SH1081869	Szeptember	PP	83,3	0,044

M2 -7. táblázat: Az indikátorfaj analízis eredménye a kökényből vett fás minták eltérő mintavételi időpontjai között. A rövidítések megegyeznek a második táblázatnál leírtakkal.

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Hónap	Elsődleges életmód	%	p
ASV1695	<i>Pleospora leptosphaeruloides</i>	SH1663951	Március	PP	98,9	0,046
ASV2378	<i>Ascomycota sp.</i>	SH1396252	Március		99,3	0,041
ASV4049	<i>Neodevriesia strelitzicola</i>	SH1090060	Március	PP	94,4	0,031
ASV4781	<i>Coprinospsis sp.</i>	SH1301792	Március	SS	96,1	0,033
ASV1196	<i>Neodevriesiaceae sp.</i>	SH1090086	Március		96,5	0,042
ASV2160	<i>Extremopsis radicolica</i>	SH1361639	Március		91,8	0,03
ASV2343	<i>Agaricales sp.</i>	SH1317270	Március		97,9	0,035
ASV1318	<i>Neosetophoma sp.</i>	SH1408842	Március	LS	95,5	0,04
ASV2205	<i>Neosetophoma sp.</i>	SH1408842	Március	LS	95,9	0,05
ASV1659	<i>Bullera alba</i>	SH1204217	Március	US	99,7	0,042
ASV0043	<i>Sclerotinia tetraspora</i>	SH1336697	Június	PP	98,9	0,001
ASV0180	<i>Botrytis caroliniana</i>	SH1336761	Június	PP	100	0,006
ASV0018	<i>Sclerotinia tetraspora</i>	SH1336697	Június	PP	98,5	0,03
ASV3736	<i>Dioszegia athyri</i>	SH1444242	Június	LS	99,6	0,033
ASV1606	<i>Lembosiniella eucalyptorum</i>	SH1682560	Június		81,1	0,01
ASV2606	<i>Endoconidioma euphorbiae</i>	SH1778671	Június	WS	97,6	0,015
ASV0913	<i>Chaetothyriales sp.</i>	SH1154492	Június		97,5	0,026
ASV9212	<i>Genolevuria sp.</i>	SH1083112	Június	US	82,9	0,016
ASV4815	<i>Ascomycota sp.</i>	SH1232911	Június		99,6	0,036
ASV1468	<i>Aureobasidium mangrovei</i>	SH1289964	Június	SM	80,1	0,026
ASV1054	<i>Ophiobolus malleolus</i>	SH1665084	Június	LS	98,9	0,027
ASV1747	<i>Pseudoophiobolus rosae</i>	SH1061659	Június	LS	98,5	0,027
ASV1448	<i>Muriphaeosphaeria viburni</i>	SH1061754	Június	PP	98,6	0,03
ASV1596	<i>Cylindrium desperesense</i>	SH1161297	Június	PP	99,6	0,03
ASV5835	<i>Rhinocladiella sp.</i>	SH1213942	Június	SS	93,8	0,029
ASV7190	<i>Fungi sp.</i>	SH1300669	Június		97,1	0,041
ASV4844	<i>Taphrina carpini</i>	SH1164865	Június	PP	99,4	0,046
ASV4149	<i>Fungi sp.</i>	SH1220286	Június		98,3	0,039

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Hónap	Elsődleges életmód	%	p
ASV2731	<i>Heterophaeomoniella pinifoliorum</i>	SH1139494	Június		90	0,045
ASV1181	<i>Agaricostilbomyces sp.</i>	SH1374195	Szeptember		99,4	0,002
ASV4312	<i>Myriangium duriaei</i>	SH1330762	Szeptember	AP	94,8	0,001
ASV2996	<i>Myriangium duriaei</i>	SH1330762	Szeptember	AP	94,5	0,001
ASV0400	<i>Alternaria sp.</i>	SH1206465	Szeptember	PP	98,6	0,006
ASV1878	<i>Alternariaster triconosporus</i>	SH1923200	Szeptember	PP	99,6	0,001
ASV0412	<i>Pyrenophora tritici-repentis</i>	SH1088015	Szeptember	PP	100	0,003
ASV1872	<i>Neocelosporiaceae sp.</i>	SH1290014	Szeptember		97,5	0,004
ASV1849	<i>Agaricostilbomyces sp.</i>	SH1374195	Szeptember		99,7	0,016
ASV0214	<i>Pyrenophora tritici-repentis</i>	SH1088015	Szeptember	PP	99,6	0,01
ASV3001	<i>Septobasidium carestianum</i>	SH1331081	Szeptember	AP	93	0,004
ASV3032	<i>Vishniacozyma dimennae</i>	SH1202280	Szeptember	SS	97,2	0,006
ASV1953	<i>Septobasidium carestianum</i>	SH1331081	Szeptember	AP	93,8	0,036
ASV4933	<i>Ascomycota sp.</i>	SH1407409	Szeptember		97,6	0,008
ASV2726	<i>Neophaeococcomyces placitae</i>	SH1367572	Szeptember	PP	98,2	0,017
ASV0488	<i>Filobasidium oeirense</i>	SH1665267	Szeptember	US	99,7	0,008
ASV4571	<i>Celotheliaceae sp.</i>	SH1139539	Szeptember		99,3	0,007
ASV0765	<i>Bryochiton sp.</i>	SH1304657	Szeptember	PP	94,7	0,007
ASV1581	<i>Peniophora lycii</i>	SH1054310	Szeptember	WS	99,4	0,009
ASV2584	<i>Kochiomyces dichotomus</i>	SH1315245	Szeptember	PS	86,4	0,003
ASV1840	<i>Peniophora cinerea</i>	SH1054266	Szeptember	WS	99,4	0,006
ASV4746	<i>Sirobasidiaceae sp.</i>	SH1330167	Szeptember		90,3	0,004
ASV2557	<i>Bannoa sp.</i>	SH1200304	Szeptember	LS	98,5	0,008
ASV3559	<i>Bannoa sp.</i>	SH1200304	Szeptember	LS	98,8	0,021
ASV3781	<i>Buckleyzyma aurantiaca</i>	SH1337929	Szeptember	EP	99,7	0,024
ASV3048	<i>Tremellales sp.</i>	SH1406918	Szeptember		98,7	0,012
ASV4579	<i>Tremellales sp.</i>	SH1406918	Szeptember		99,2	0,008
ASV0931	<i>Pseudomicrostroma glucosiphilum</i>	SH1344378	Szeptember	PP	98,1	0,026
ASV1197	<i>Peniophora lycii</i>	SH1054310	Szeptember	WS	99,7	0,043
ASV2657	<i>Septobasidium carestianum</i>	SH1331081	Szeptember	AP	94,1	0,017
ASV4564	<i>Trichomerium camporesii</i>	SH1853182	Szeptember	FE	96,7	0,046
ASV5512	<i>Fungi sp.</i>	SH1220167	Szeptember		98,7	0,031

ASV	Taxonómiai besorolás	Species Hypothesis	Hónap	Elsődleges életmód	%	p
ASV1984	<i>Comoclathris sp.artii</i>	SH1664110	Szeptember	WS	99,3	0,03
ASV7120	<i>Basidiomycota sp.</i>	SH1337800	Szeptember		80,2	0,031
ASV1068	<i>Microstromatales sp.</i>	SH1344382	Szeptember		100	0,044
ASV0752	<i>Herpotrichiellaceae sp.</i>	SH1352643	Szeptember		96	0,027
ASV3989	<i>Taphrina deformans</i>	SH1164842	Szeptember	PP	100	0,023
ASV2639	<i>Buckleyzyma aurantiaca</i>	SH1337929	Szeptember	EP	98,2	0,029
ASV8316	<i>Physcia sp.</i>	SH1218712	Szeptember	LZ	86,4	0,021
ASV1838	<i>Niesslia fuegiana</i>	SH1265960	Szeptember	LS	82	0,024
ASV4234	<i>Teichospora kingiae</i>	SH1891544	Szeptember	LS	98,3	0,026
ASV1102	<i>Tilletiopsis washingtonensis</i>	SH1241581	Szeptember	PP	96,8	0,022
ASV3236	<i>Neocatenulostroma microsporum</i>	SH1189882	Szeptember	PP	99,2	0,022
ASV3286	<i>Puccinia coronata</i>	SH1241530	Szeptember	PP	99,7	0,016
ASV1327	<i>Saitozyma sp.</i>	SH1236046	Szeptember	SS	99,2	0,024
ASV3242	<i>Constantinomyces sp.</i>	SH1304568	Szeptember	US	98,6	0,026
ASV1224	<i>Paraloratospora schoenoplecti</i>	SH1458927	Szeptember	WS	97,7	0,022
ASV1658	<i>Filobasidiaceae sp.</i>	SH1213044	Szeptember		100	0,017
ASV3786	<i>Herpotrichiellaceae sp.</i>	SH1352534	Szeptember		97,4	0,02
ASV7195	<i>Ascomycota sp.</i>	SH1407409	Szeptember		97,9	0,015
ASV0516	<i>Bacillicladium lobatum</i>	SH1391739	Szeptember	US	83,7	0,033

## 11. KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

Jelen köszönetnyilvánítás megírásakor még nem tudhattam, hogy a kutatásba fektetett munkám valóban eléri-e végső célját, és doktori fokozattal koronázódik-e meg. Mindazonáltal, függetlenül a végeredménytől, szeretném kifejezni hálámat mindazoknak, akik hozzájárultak ahhoz, hogy szélesebb látókörre tegyek szert, új ismeretekkel gazdagodjak, valamint olyan készségeket sajátítsak el, amelyek szakmai és személyes fejlődésemet egyaránt elősegítették.

Köszönet illeti Dr. Váczy Kálmán Zoltánt és Dr. Hegyi Ádám Istvánt, akik elsőként irányítottak erre a pályára, és elindítottak azon az úton, amelyen végül haladhattam.

Külön hálával tartozom Dr. Geml Józsefnek, aki lehetővé tette a kutatás megvalósítását, mert biztosította a szükséges szakmai háttérrel, stabilitást, valamint tudásával és bölcsességével folyamatosan támogatta munkámat.

Köszönöm Dr. Táncsics Andrásnak, hogy közreműködésével segítette a munka előrehaladását.

Őszinte köszönetemet fejezem ki Dr. Molnár Annának és Dr. Geiger Adriennek, akik a kezdetektől a munka lezárásáig mellettem álltak, szakmai és emberi támogatásukkal egyaránt segítették előrehaladásomat, és sokszor baráti, sőt testvéri gondoskodással kísérték utamat.

Köszönöm Molják Sándornak, hogy közreműködésével segítette a dolgozatomhoz szükséges térkép elkészítését, amely jelentősen hozzájárult a kísérleti területek, és ezáltal a téma szemléletesebb és érthetőbb bemutatásához.

Végül, de nem utolsósorban szeretném megköszönni családomnak és barátaimnak, hogy türelmükkel, szeretetükkel és bátorításukkal erőt adtak, és amiért mindig hittek bennem, és mellettem álltak akkor is, amikor én magam már bizonytalan voltam. Nélkülük ez a munka nem születhetett volna meg.

*„Az elme kutat, de a szív az, ami megtalálja.”*

*George Sand*