

Doktori értekezés tézisei

**Kunos Viola
Gödöllő
2024**



MAGYAR AGRÁR- ÉS ÉLETTUDOMÁNYI EGYETEM

**AZ ÁRPA HÁLÓZATOS LEVÉLFOLTÓSÁGÁT OKOZÓ
PYRENOPHORA TERES F. TERES DRECHS. ELLENI
REZISZTENCIA VIZSGÁLATA**

DOKTORI (PHD) ÉRTEKEZÉS TÉZISEI

KUNOS VIOLA

GÖDÖLLŐ

2024

A doktori iskola

- megnevezése:** Növénytudományi Doktori Iskola
- tudományága:** Növénytermesztési és kertészeti tudományok
vezetője: Prof. Dr. Helyes Lajos
Egyetemi tanár, az MTA doktora
MATE, Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem,
Kertészettudományi Intézet
- témavezető:** Dr. Mészáros Klára
Tudományos főmunkatárs
HUN-REN, Agrártudományi Kutatóközpont,
Mezőgazdasági Intézet

.....
Dr. Helyes Lajos
Az iskolavezető jóváhagyása

.....
Dr. Mészáros Klára
A témavezető jóváhagyása

1. A munka előzményei, célkitűzések

Az árpa (*Hordeum vulgare* L.) termésmennyiségét és vetésterületét tekintve világviszonylatban az egyik legnagyobb jelentőséggel bíró haszonnövény és egyben a legszélesebb felhasználási körrel rendelkező gabonafajta. Világszinten a FAOSTAT adatai alapján 2021-ben mintegy 49 millió hektáron termesztettek összességében 145 millió tonna árpát, amelynek megközelítőleg egyharmada, 52 millió tonna Európában termett. Az európai növénytermesztésben betöltött szerepét tekintve elmondható, hogy bár 2010 és 2021 között az összes betakarított terület nagysága 11,3 millió hektárról 10,2 millió hektárra csökkent, a betakarított hektáronkénti átlagos termésmennyiség 21%-kal növekedett (4,2 tonnáról 5,1 tonnára). Az utóbbi időben az árpatermés körülbelül kétharmadát takarmányozási célra, egyharmadát malátaipari felhasználásra és körülbelül 2%-át közvetlenül emberi ételkészítésre előállításra használták fel.

Magyarországon termőterülete és a betakarított termés mennyisége alapján az egyik legfontosabb szántóföldi kultúrnövényünk, melyet 2021-ben összesen 268 ezer hektár területen 1,7 millió tonna mennyiségben takarítottak be 6,3 t/ha, az európai átlagot is meghaladó termésátlaggal a Központi Statisztikai Hivatal (KSH, 2021) adatai alapján. Termőterülete 2023-ban jelentősen növekedett, közel 400 ezer hektár területről 2,2 millió tonna termést takarítottak be hazánkban (KSH, 2023). Az adatokból is kitűnik, hogy az árpa fontos gabonaféléként jelentős szerepet tölt be mind hazánk, mind a világ ételkészítésében.

A klímaváltozás hatásait, a változó táplálkozási igényeket, a fenntartható termelési módszereket és a tápanyaggazdálkodással kapcsolatos kihívásokat figyelembe véve az árpa gazdaságos és sikeres termesztése egyre nagyobb kihívásokkal néz szembe. A szélsőségesebbé váló környezeti adottságok okán megváltozott a növényeket érő stresszorok minősége és mennyisége. Ezért a növénytermesztési programok egyik elsődleges célja az abiotikus és a biotikus stressztolerancia növelése, amely a sikeres termesztetőség és a fenntartható mezőgazdaság egyik alapvető feltétele. Ennek érdekében különösen fontos a betegségeknek ellenálló, rezisztens vagy toleráns fajták nemesítése és termesztése.

A kalászos gabonák, köztük az árpa kórokozói között is nagy jelentőségűek a különböző gombák, melyek a növények levélfelületét fertőzik meg. A levélbetegségeket okozó kórokozók között is kiemelt fontosságú az árpa hálózatos levélfoltosságát okozó *Pyrenophora teres* f. *teres* (Drechsler) (PTT), amely betegség a minőségi paraméterek romlása mellett akár 30-40%-os termésvesztéshez is vezethet.

A növénypatogének fertőzése esetén oxidatív stressz indukálódik a növényben, amely a normál sejtműködést megzavarva akár a sejthalált is okozhat. Az oxidatív stressz elleni védelem érdekében a sejtek számos

antioxidáns védelmi mechanizmust fejlesztettek ki, amelyek között vannak enzimatis és nem enzimatis antioxidánsok. A növények védekezőrendszerében fontos szerep jut számos antioxidáns enzimnek, mint a szuperoxid-dizmutáznak (SOD), guaiacol-peroxidáznak (GPX) és aszkorbát-peroxidáznak (APX), valamint nem enzimatis antioxidánsoknak, pl. a C- és E-vitaminnak (Ivanov & Khorobrykh, 2003).

A kórokozó elleni rezisztencia háttérével napjainkban egyre több kutatás foglalkozik, azonban a szakirodalomban főként tavaszi árpaiban végzett kutatások eredményeit közlik. Egyelőre nem tisztázott, hogy a *Pyrenophora teres* f. *teres* fertőzés milyen módon befolyásolja a különböző antioxidáns enzimek (SOD: szuperoxid-dizmutáz, APX: aszkorbát-peroxidáz, GPX: guaiacol-peroxidáz) aktivitását az őszi árpa különböző genotípusaiban, és ezek a különbségek összefüggésben állnak-e az árpafajták kórokozóval szembeni érzékenységének változásaival. Az ismeretek bővítése a különböző rezisztencia mechanizmusok tanulmányozásával hozzájárulhat az őszi és tavaszi árpa ellenállóságának növeléséhez, amely lehetővé teszi a környezetkímélő termesztést, csökkentheti a termelési költségeket és nagyobb termésbiztonsághoz vezet. Ezek alapján az árpa *Pyrenophora teres* f. *teres*-el szembeni ellenállóságának vizsgálata nem csak tudományos, hanem gazdasági szempontból is fontos.

A dolgozat célkitűzései a kutatások során az alábbiak voltak:

- Árpa genotípusok *Pyrenophora teres* f. *teres* Drechs. elleni rezisztenciájának vizsgálata fiatal korban üvegházi körülmények között.
- Árpa genotípusok *Pyrenophora teres* f. *teres* Drechs. elleni rezisztenciájának vizsgálata felnőtt korban üvegházi körülmények között.
- Árpa genotípusok *Pyrenophora teres* f. *teres* Drechs. elleni rezisztenciájának vizsgálata szabadföldön.
- Az antioxidáns rendszer szerepének vizsgálata *Pyrenophora teres* f. *teres* Drechs. fertőzés hatására bekövetkező védekezési reakciókban, különös tekintettel a SOD, az APX és a GPX aktivitás változására.

2. Anyag és módszer

Kísérletünkben a martonvásári árpa fajtagyűjtemény 206 különböző árpafajtáját vizsgáltuk, így átfogó képet kaphatunk a világ különböző árpatermesztő régióiból származó genotípusok rezisztenciájáról. A kísérletben vizsgált fajták között megtalálhatóak voltak a két- és hatsoros kalásztípusú, őszi és tavaszi életformájú genotípusok, továbbá előzetes kutatások eredményei alapján a hálózatos levélfoltossággal szembeni rezisztenciájukban is eltértek egymástól.

2.1. Árpa genotípusok hálózatos levélfoltossággal szembeni ellenállóságának meghatározása

A szabadföldi kísérleteket Martonvásáron, a Magyar Kutatási Hálózat Agrártudományi Kutatóközpont, Mezőgazdasági Intézetének (HUN-REN ATK MGI) szántóföldi területén végeztük el 2017 és 2021 között, öt szántóföldi idényben. A 206 árpa genotípus mindegyikéből 10-10 csávázatlan szemet vetettük el három ismétlésben minden vizsgált idényben, azonos kísérleti elrendezéssel. A bokrosodás állapotában lévő növényekre árpaszalmát szórtunk takarásként, amelyen a hálózatos levélfoltosság kórokozója áttelelve biztosítja a következő évi fertőzőforrást. A vizsgált genotípusokat minden tenyészidőszakban négy alkalommal bonitáltuk kéthetes időintervallumokban, amely során értékeltük a növények fertőzöttségének mértékét és a kialakult léziók típusát.

Az üvegházi ellenállóság vizsgálatok során 206 árpa genotípus ellenállóképességét vizsgáltuk négy különböző monospóras *Pyrenophora* sp. izolátummal szemben a növények két fejlettségi állapotában, fiatal (Z12 kétleveles állapotban) és felnőttkorban (Z39-41 zászlóslevél kifejlődése után), annak érdekében, hogy jobban megismerhessük a vizsgált árpafajták fogékonyságát.

Az árpafajták fiatalkori ellenállóságának vizsgálatához a 206 genotípusból 5-5 csávázatlan szemet vetettünk el 3 ismétlésben, a szabadföldi vetéssel megegyező kísérleti elrendezésben.

A 206 árpafajta ellenállóképességét felnőttkorban is vizsgáltuk üvegházi körülmények között, melynek érdekében minden genotípusból 10-10 árpaszemet csíráztattunk, amit 50 nap jarovizációs időszak követett. A növényeket műanyag tenyészedényekbe ültettük ki 3 ismétlésben (2 db növény/genotípus/tenyészedény). A növényeket a felnőttkori fertőzést a zászlóslevél megjelenése után végeztük el.

Az üvegházi kísérletekben különböző, hazai termőhelyekről gyűjtött árpalevelekről származó monospóras PTT izolátumot (H-618, H-774, H-949) és PTM izolátumot (H-502) használtunk. Az izolátumok előállítására Kunos et al. (2022) leírása alapján történt. A megfelelő fejlettség elérésekor a

növényeket a kiválasztott izolátum spóraszuszpenziójával (10.000 konídium/ml) fertőztük meg.

Szabadföldön a léziótípusok felvételezéséhez a Tekauz-skálát (1-10) alkalmaztuk (Tekauz, 1985), ami alapján értékeltük a kialakult tüneteket. A fertőzött levélfelületek nagyságát Saari-Prescott skálán (0-9) értékeltük (Saari & Prescott, 1975). Üvegházban a léziótípusok meghatározására szintén a Tekauz-skálát használtuk. A bonitálási adatokon exponenciális transzformációt végeztünk el (Hinfner & Békési, 1973).

$$y = A + (B - A) \left(\frac{(x - C)}{(D - C)} \right)^k$$

Annak érdekében, hogy következtetni tudjunk az okozott tünetek súlyosságára és a betegség előrehaladottságára, az értékek alapján meghatároztuk a betegség előrehaladási görbe alatti területet/lépcsőket, Area Under Disease Progress Stairs (AUDPS) módszer alkalmazásával: számítható (1):

$$AUDPS = \left[\sum_{i=1}^{n-1} \frac{y_i + y_{i+1}}{2} \times (t_{i+1} - t_i) \right] + \left[\frac{y_1 + y_n}{2} \times \frac{D}{n-1} \right] \quad (1)$$

ahol, y_i a betegség bonitálási százalékos vagy arányszámon alapuló értékelése az i -edik számú megfigyelésnél; t_i a fertőzéstől eltelt idő (napokban vagy órákban) az i számú megfigyelésnél, D az első és az utolsó megfigyelés közötti időtartam ($D = t_n - t_1$), n pedig a megfigyelések száma.

A betegség előrehaladásának kapcsolt kísérletekből származó, több megfigyelésen alapuló értékelések összehasonlíthatóságának érdekében az AUDPS értékek relatív formáját használtuk (R-AUDPS) (Simko & Piepho, 2012):

$$rAUDPS = \frac{AUDPS \times (n-1)}{D \times n \times y_{max}} \quad (2)$$

ahol, y_{max} a maximális potenciális AUDPS érték; D az első és az utolsó megfigyelés közötti időtartam, n pedig a megfigyelések száma.

2.2. Az antioxidáns enzimek aktivitásának vizsgálata

Az előzetes üvegházi és szabadföldi kísérletekből származó rezisztencia adatok alapján öt árpa genotípust esetében vizsgáltuk az antioxidáns enzimek (SOD, APX, GPX) aktivitását, melyek a Canela, Harrington, Manas, Mv Initium és az Antonella genotípusok voltak. A fajtákat a PTT-vel szembeni eltérő érzékenységük alapján választottuk ki és a fiatalkori rezisztenciavizsgálatoknál leírtakkal azonos módon neveltünk üvegházban, kétleveles korig (Z12 fejlettségi állapot). A növényeket monospóras *Pyrenophora* izolátumokkal (PTM: H-502, PTT: H-612, H-774, H-949) fertőztük meg az üvegházi vizsgálatoknál leírt módszerrel. A levélmintákat a fertőzés előtt a 0. órában (kontroll), fertőzést követően 24. (1. nap), 48. (2. nap) és 72. óra (3. nap) elteltével gyűjtöttük. A H-949 izolátummal történt kezelés esetén a fertőzött növényekből mintát vettünk az inokulációt követő

7. és 15. napon. A hosszabb inkubációs időben történő mintavétel Pál et al. (2011, 2013) korábbi munkái alapján történt, hogy megvizsgálhassuk az enzimaktivitás változásait a fertőzés későbbi szakaszában is.

A SOD enzimaktivitásának mérése 550 nm-en történt Bergmeyer et al. (1974)munkája alapján, majd a mért abszorbancia értékek változásait enzimaktivitássá konvertáltuk (Zhang et al., 2016). Az APX aktivitásának abszorbancia-változásait 290 nm-en követtük. A GPX aktivitásának méréseit 470 nm-en végeztük a guaiacol oxidációjának követeésével.

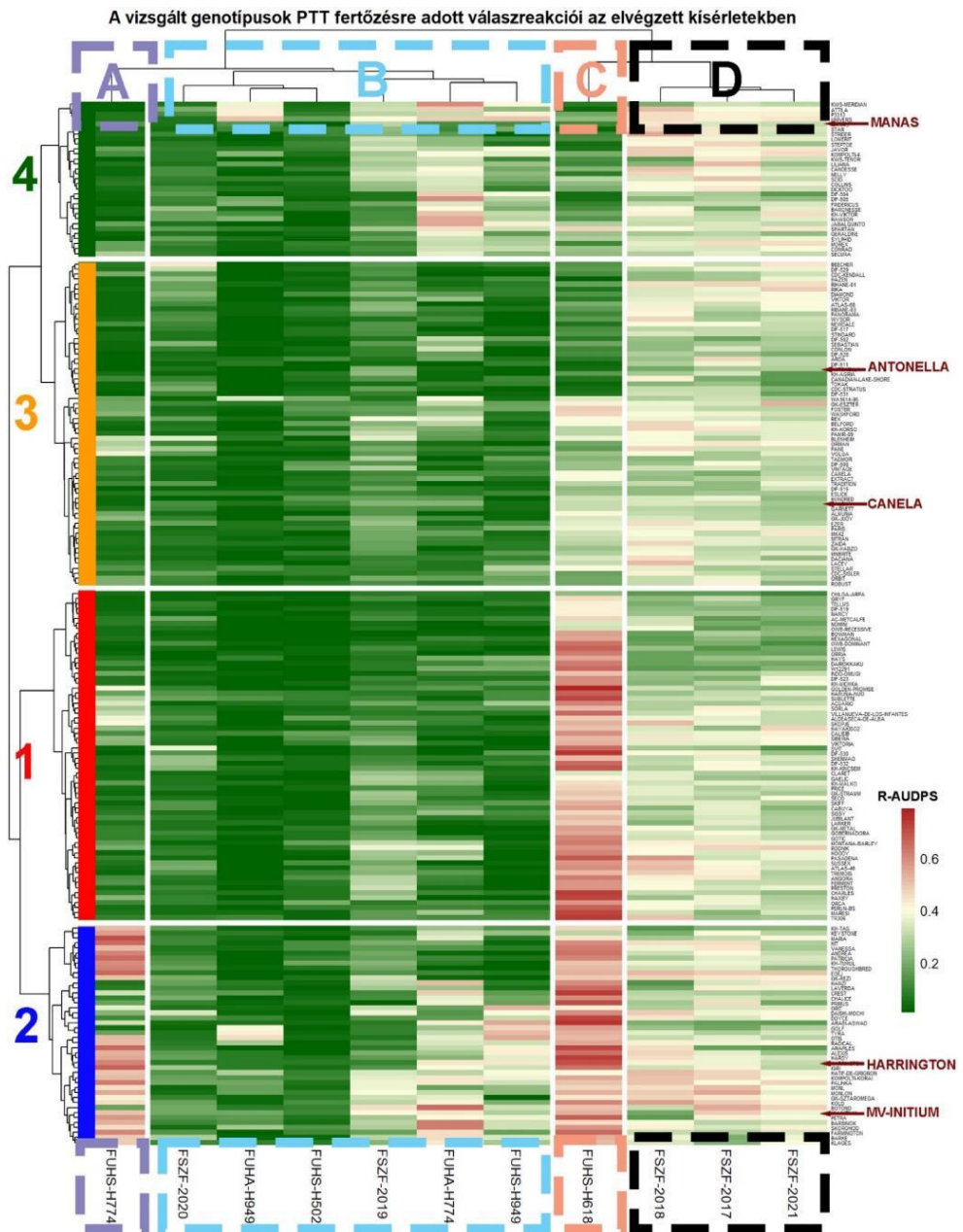
A kísérletek statisztikai elemzése során hierarchikus klaszterelemzést végeztünk a genotípusok fertőzöttség alapján történő osztályozására. A klaszterek optimális számának meghatározásához a WSS (Within-Cluster Sum of Squares) módszert használtuk. Kruskal-Wallis ANOVA (nem-paraméteres) tesztet alkalmaztunk a klaszterek összehasonlítására, ezt követően a Dunn-féle post-hoc tesztet végeztünk az egyes klaszterek közötti szignifikáns különbségek megállapításának érdekében. Az öt kiválasztot genotípus fertőzöttsége közötti eltérést egytényezős varianciaanalízissel (ANOVA) elemeztük, majd a fajtákat Tukey HSD post-hoc teszt alkalmazásával hasonlítottuk össze. Hőterkép (heatmap) készítettünk annak érdekében, hogy megkönnyítsük az összes kísérlet közös elemzését és az eredmények értékelését. A genotípusok és környezetük kölcsönhatását a kísérletek során gyűjtött adatok alapján AMMI model (Additive Main-effects and Multiplicative Interaction) segítségével elemeztük. Pearson-féle korrelációs mátrix segítségével is elemeztük az összes változó közötti kapcsolatot, ezenkívül megvizsgáltuk az AUDPS értékek és a bonitálási eredmények közötti regressziót, hogy megértsük a két változó összefüggéseit.

Az adatok rendezésére a Microsoft O365® szoftvercsomagot, míg a statisztikai elemzésekhez IBM® SPSS® V27 (IBM Corp, 2020) és RStudio szoftvereket alkalmaztuk (R Core Team, 2021). Az RStudio szoftverben az elemzéshez használt elsődleges csomagok a következők voltak: agricolae, emmeans, dplyr, multcomp, ggstatplot, pheatmap, ggcorrplot és ggplot2.

3. Eredmények és megvitatás

Annak érdekében, hogy képet kaphassunk a 206 genotípus hálózatos levélfoltossággal szembeni ellenállóképességéről, összegeztük az 5 vizsgált évből (2017, 2018, 2019, 2020, 2021) származó szabadföldi fertőzöttségi adatokat, valamint a két PTT izolátummal szembeni felnőttkori (H-774, H-949) és 4 izolátummal szembeni fiatalkori (PTM: H-502, PTT: H-618, H-774, H-949) ellenállóságról kapott adatokat. A különböző kísérletekben kapott átlagos relatív R-AUDPS értékeket hő térkép (heatmap) segítségével elemeztük (1. ábra) amely megmutatja a hierarchikus klaszteranalízis összesített eredményeit nem csak genotípusonként, hanem kísérletenként csoportosítva egyaránt.

A heatmap diagramm alapján megállapítottuk, hogy a kísérletek összesített átlageredményei alapján a vizsgált árpafajták 32%-a tartozik az 1. klaszterbe, amelynek medián R-AUDPS értéke 0,23 volt és az ide sorolható fajták a fertőzéssel szemben mérsékelten ellenállóak voltak. A 2. klaszterbe kerültek a fertőzéssel szemben fogékony genotípusok, amelynek medián R-AUDPS értéke 0,33 volt, összesen 44 genotípus tartozott, amely a teljes vizsgált fajtasor 21,3%-a volt, továbbá ebben a klaszterben rögzítettük a legnagyobb átlagos fertőzöttségi értéket (R-AUDPS=0,424). A vizsgált genotípusok közül 65 db, összességében a fajtagyűjtemény 31,5%-a került a 3. klaszterbe, amelynek mediánja a legkisebb (0,19) volt, ebbe a klaszterbe kerültek a betegéggel szemben ellenálló genotípusok. Az utolsó, 4. klaszter medián R-AUDPS értéke 0,25 volt és ebbe a csoportba a genotípusok 15%-a, összesen 31 db mérsékelten fogékony fajta került. A második klaszterbe került a Harrington ($0,21 \pm 0,13$) és az Mv Initium ($0,21 \pm 0,08$) fajta is. Mindkét fajta átlagos relatív R-AUDPS értékének nagyobb varianciáját nagyban befolyásolták a szabadföldi kísérletek (FSZF-2017, FSZF-2018, FSZF-2019), valamint két üvegházi fiatalkori fertőzés kísérletének eredményei (FUHS-H618 és H-774). A harmadik klaszterbe került az Antonella ($0,07 \pm 0,06$) és a Canela ($0,1 \pm 0,07$) árpafajta, amely két genotípus összesített eredményeinek kisebb mértékű varianciája az üvegházi kísérletek során mutatott nagyobb ellenállóképességből, a hálózatos levélfoltossággal szembeni nagyobb rezisztenciájukból következik. A negyedik klaszterben található a Manas ($0,11 \pm 0,07$) genotípus, amely a kiválasztott fajták közül a harmadik legkisebb átlagos R-AUDPS értéket kapta, azonban a szabadföldi kísérletekben kisebb ellenállóságot mutatott az üvegházi kísérletekhez viszonyítva.



1. ábra: A 206 db árpa genotípus *Pyrenophora sp.* fertőzésre adott válaszkérei (R-AUDPS) alapján készített elemzés az összes kísérletben. Az 5 vizsgált szabadföldi kísérleti év (2017, 2018, 2019, 2020, 2021), üvegházban felnőttkorban (H-774, H-949) és a fiatal korban (H-502, H-618, H-774, H-949) beállított kísérletek értékelése. Az A, B, C és D betűk a kísérletek klaszterekbe rendezését jelölik.

Az összesen 11 db különböző kísérletben megvizsgált 206 genotípus összesített eredményeinek klaszteranalízise alapján megállapítható, hogy a klaszterek esetében összességében is szignifikáns különbség volt [H(3) =

115,343; $p = 0,00$]. Az összkísérleti átlagos R-AUDPS érték $0,239 \pm 0,69$, valamint a minimum érték 0,104, a maximum érték pedig 0,424 volt. A klaszterek értékelésekor megállapítható, hogy 1. klaszter ($0,218 \pm 0,043$) szignifikánsan különbözött az összes többi klasztertől, a 2. klaszter ($0,333 \pm 0,049$) különbözött a 3. ($0,189 \pm 0,040$) és 4. klasztertől ($0,256 \pm 0,046$).

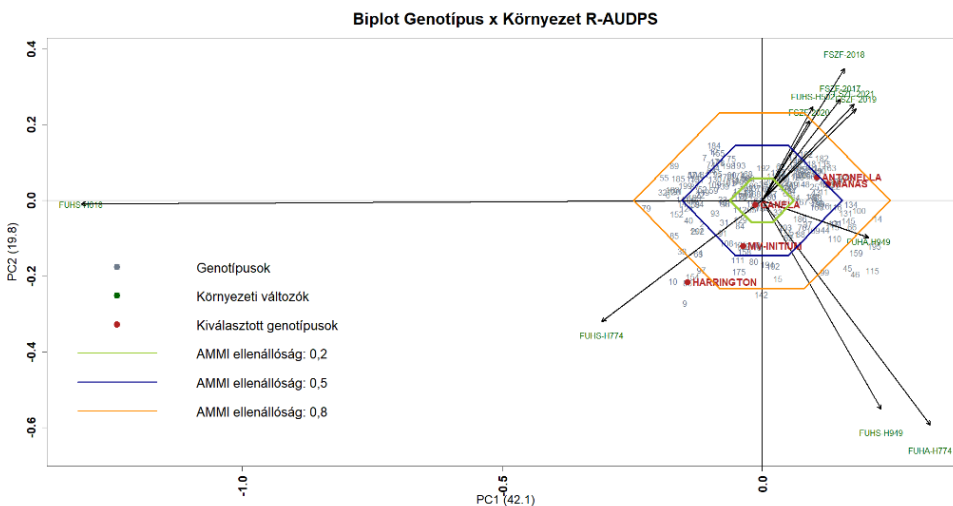
A heatmap elkészítésekor a különböző kísérletek is négy különböző klaszterbe (A, B, C, D) kerültek. Két üvegházi fiatalkori fertőzés (FUHS-H774 és FUHS-H618) teljesen elkülönül, önmagukban alkotják az „A”, illetve a „C” klasztert. Továbbá az is megállapítható, hogy az összes általunk vizsgált izolátum és kísérleti idény közül a FUHS-H618 kísérletben használt PTT izolátum fertőzőképessége volt a legnagyobb. A „D” klaszterbe kerültek három év szabadföldi kísérletei (FSZF-2017, FSZF-2018, FSZF-2019). A vizsgált 206 árpafajta a szabadföldi kísérletek során vegyes eredményt mutatott a hálózatos levélfoltossággal szembeni ellenállóságot tekintve, amelynek lehetséges oka a természetben előforduló egyéb tényezők negatív vagy pozitív kölcsönhatásai. A „B” klaszterbe vegyesen kerültek szántóföldi (FSZF-2020, FSZF-2021), fiatalkori üvegházi (FUHS-H502, FUHS-H949) és felnőttkori (FUHA-H774, FUHA-H949) kísérletek. Az ide sorolt szabadföldi kísérletek azért különülnek el valószínűsíthetőleg a „D” klaszterbe sorolt többi szántóföldi kísérlettől, mert az évjáráthatás érvényesült, ugyanis 2019 tavasza csapadékosabb volt a sokévi átlagnál, míg 2020-ban egész évben kevés csapadék hullott, amely kihatott a 2021-es tenyészidőszakra is. Mindkét évben a sokévi átlagnál hűvösebb volt a tavasz, megközelítőleg $0,5-1$ °C-al, így a tavaszi hőmérséklet és az extrém alacsony vagy nagy mennyiségű csapadék befolyásolhatta a kísérletek eredményeit. A vizsgált genotípusok nagyobb ellenállóságot mutattak a felnőttkorban a H949 izolátummal szemben, aminek oka lehetett a felnőttkori (zászlóslevél megjelenését követő) fertőzés ténye, illetve az izolátum fertőzőképesség egyaránt. A „B” klaszterben leginkább varianciát okozó kísérletek a FUHA-H774 és az FSZF-2019 kísérletek voltak.

Az adatok további elemzését AMMI (Additive Main Effects and Multiplicative Interaction) modell segítségével végeztük. Megállapítottuk, hogy a környezeti tényezők varianciája (ENV) járult hozzá a legnagyobb mértékben az adatok eltéréséhez, amely a teljes eltérés 62,7%-át magyarázza és ebben az esetben a különböző izolátumok és a szántóföldi kísérlet esetén az évjárat volt. A környezeti ismétlések (REP(ENV)) faktor a teljes adatvariabilitásnak mindössze 0,8%-át tette ki, ami azt jelzi, hogy a kísérleti kezelések ismétlései nem okoztak jelentős szórást az adatokban. A genetikai faktor (GEN) a teljes variancia 23,1%-át magyarázza, míg a környezeti és genetikai tényezők közötti kölcsönhatás (ENV \times GEN) a teljes variancia 13,4%-át tette ki.

Az AMMI modell részeként főkomponens analízist (PCA) is végeztünk. Az első főkomponens (PC1) a teljes variancia 42,1%-át, míg a második (PC2) és harmadik főkomponens (PC3) 19,8%-át, illetve 14,3%-át magyarázza. A

fennmaradó főkomponensek (PC4 – PC10) összesítve a teljes adatvariabilitás kevesebb, mint 7%-át magyarázza.

Az AMMI modellen (2. ábra) a PC1 és PC2 tengelyek a genotípusokat és a környezeti változókat tartalmazó főkomponensek egymáshoz viszonyított elhelyezkedését mutatják.



2. ábra: AMMI (Additive Main effects and Multiplicative Interaction) modell. A PC1 és PC2 tengelyek a genotípus \times környezeti viszonyok összefüggését mutatják, zöld színnel a kísérletek, szürke színnel a 206 db vizsgált árpa genotípus és piros színnel az antioxidáns vizsgálatokra kiválasztott öt genotípus elhelyezkedése látható az origótól az R-AUDPS értékeik alapján.

Azok a genotípusok, amelyek közelebb helyezkednek el a biplot origójához, a PTT fertőzéssel szemben ellenállóbbnak mutatkoznak a különböző kísérletekben, míg azok a fajták, amelyek távolabb vannak az eredettől, fogékonyabbak a *Pyrenophora* sp. fertőzése. Továbbá azok a genotípusok ellenállóbbnak tekinthetők, amelyek a vízszintes tengelyen (abszcissza) helyezkednek el és nem térnek ki a függőleges tengelyen (ordináta). Az abszcisszától negatív vagy pozitív irányba jelentősen eltérő genotípusok ezzel szemben pedig a kórokozóval szemben fogékonynak tekinthetők.

Ezek alapján elmondható, hogy a kontúrvonalak által létrehozott négy zóna csoportosítja a PTT fertőzésre fogékony, illetve annak ellenálló fajtákat. A legkevésbé fogékony genotípusok a 0,2-es AMMI ellenállósági csoportba sorolhatók, ahol a modell alapján a genotípusok maximális távolsága az origótól 0,068 volt, valamint ebbe a csoportba 30 genotípus tartozott. A második 0,5-ös ellenállósági csoportba a modell szerint az origótól 0,15 maximális távolságra lévő genotípusok tartoztak, összesen 159 árpafajta. A harmadik csoportot az origótól maximum 0,24 távolságra elhelyezkedő genotípusok alkotják, 199 db volt. A negyedik a 0,8 távolságnál az origótól távolabb elhelyezkedő genotípusból összesen hét darabot tudtunk azonosítani

a modell segítségével. Fontos megemlíteni, hogy a 4., PTT fertőzésre legérzékenyebbként azonosított csoportba került a korábban antioxidáns vizsgálatkora is kiválasztott Harrington fajta is, amit a Harrington átlagos R-AUDPS értéke ($0,22\pm 0,14$) is igazol a kísérletek során. A további négy kiválasztott genotípus közül a harmadik $0,5-0,8$ közötti csoportba került átlagosan $0,11\pm 0,09$ R-AUDPS értékkel a Manas fajta, a $0,5-0,2$ közötti csoportba pedig az Antonella (R-AUDPS: $0,072\pm 0,071$) és az Mv Initium (R-AUDPS: $0,21\pm 0,09$). Az origóhoz $0,2$ távolságnál közelebbi a legkevésbé fogékonyak tekinthető csoportba a Canela genotípus került az átlagosan $0,1\pm 0,076$ relatív R-AUDPS eredményével.

Eredményeink összefüggést mutatnak Murphy és munkatársai kutatásaival (2009), amik azt mutatták, hogy a rövidebb vektorral rendelkező, azaz a biplot eredetéhez közelebbi környezeti indikátorok nem tekinthetők jelentős hatással rendelkező tényezőnek. Ezzel szemben a vizsgálataink során a legnagyobb varianciát az üvegházi, fiatalkori ellenállósági vizsgálatok esetében a H-618 izolátummal fertőzött (FUHSH-618) kísérlet okozta, melynek oka a vizsgált izolátum viulenciája, amit igazol, hogy ez a kísérleti környezet került a legtávolabb az origótól.

A kiválasztott genotípusok PTT-vel szembeni ellenállóképessége és az antioxidáns enzimek aktivitásváltozása közötti kapcsolat vizsgálatához Pearson-féle korrelációs együttható mátrixot készítettünk annak érdekében, hogy megfigyelhessük a vizsgált paraméterek összefüggéseit. A 35. ábrán a teljes korrelációs mátrix látható. Megállapítottuk, hogy a különböző időpontokban felvételezett bonitálási értékek (BON1-4) erősen pozitív, szignifikáns korrelációt mutatnak az R-AUDPS értékekkel ($R=0,78-0,97$). Ez az összefüggés az R-AUDPS számításának módszeréből következtethető, vagyis minél nagyobb egy bonitálási érték, annál nagyobb lesz az R-AUDPS érték (az adott genotípus érzékenyebb a kórokozóval szemben). A bonitálási értékekkel szintén pozitívan szignifikáns, de közepes, illetve gyenge mértékű korrelációt mutat az átlagos SOD enzimaktivitás a H-618-as izolátummal történt fertőzéskor ($R=0,38-0,53$), valamint az átlagos GPX aktivitás a H-949-es izolátum esetében ($R=0,33-0,46$). Továbbá megállapítottuk, hogy gyenge, de szignifikáns és pozitív összefüggést mutat az APX értékek összesített változása (DC) a felvételezett bonitálási értékekkel a H-618 ($R=0,11-0,41$), a H-774 ($R=0,24-0,42$) és a H-949 ($R=0,16-0,51$) izolátumok esetében.

Az antioxidáns vizsgálatok eredményeit izolátumonként összevetve megállapítottuk, hogy a H-618 izolátum esetében az átlagos SOD érték a H-949-es izolátummal fertőzött növények GPX értékeivel ($R=0,62$) pozitív, közepesen erős korrelációt mutat, azonban negatív, közepes korreláció volt a GPX aktivitás esetében, a H-774 izolátummal történő kezelés eredményeinek elemzésekor ($R=-0,73$). Az átlagos APX és GPX értékek között közepes, szignifikáns és pozitív összefüggést találtunk a H-774 izolátummal történő fertőzést követően ($R=0,42$).

Megfigyelhető, hogy a klaszteranalízis eredményét nagymértékben befolyásolták a bonitálási eredmények ($R=(-0,31)$ – $(-0,59)$) és az R-AUDPS értékek ($R=-0,55$), mivel negatív és szignifikáns korreláció látható közöttük. Ez a bonitálás, az R-AUDPS számítás és klaszteranalízis módszertanainak egymásra épülésének tudható be. Ezen felül a klaszteranalízis eredményei szignifikáns és pozitív összefüggést mutatnak az átlagos APX értékekkel a H-502 izolátummal ($R=0,9$), a H-774 izolátummal ($R=0,74$), a H-618 izolátummal ($R=0,54$) és a H-949 izolátummal ($R=0,78$) történő fertőzés eredményeként, illetve az átlagos GPX aktivitás értékével is pozitívan korrelált a klaszteranalízis eredménye a H-774 izolátum esetében ($R=0,48$). Továbbá megállapítottuk, hogy az APX értékek általánosságban csökkenő tendenciát mutatnak a fertőzés előrehaladtával, ellentétben a SOD enzimaktivitásának változásaival, amely növekvő trendet mutat.

Vizsgálataink során a SOD aktivitás szignifikáns növekedését figyeltük meg PTT fertőzés esetében, de ennek mértéke genotípus- és izolátumfüggő volt. A megfigyelést a korábbi szakirodalmi adatok is megerősítik (Able, 2003; Shetty et al., 2007; Urbanek et al., 1996; Vanacker et al., 1998). Megjegyzendő, hogy az eddigi kutatásokban antioxidáns enzimek aktivitásának mérése általában csak egy-egy ellenálló és érzékeny genotípusra korlátozódott. Továbbá az abiotikus stressz hatására bekövetkező aktivitásváltozások vizsgálata egy gyakrabban kutatott terület, pl. sóstressz hatása a SOD aktivitás növekedését figyelték meg (De Azevedo Neto et al., 2006; Meloni et al., 2003). Az antioxidáns vizsgálatokra előzetes adatok alapján kiválasztott öt árpa genotípus esetében megállapítottuk, hogy az Antonella fajta két PTT izolátummal (H-618, H-774) történt fertőzéskor nagyobb mértékű ellenállóképességet mutatott, amely részben magyarázható a genotípus fertőzés során mutatott növekvő tendenciájú SOD enzimaktivitásával. Az eredmény alátámasztja Able (2003) korábbi kutatásának megállapítását, hogy az árpa hálózatos levélfoltossággal szembeni rezisztenciája korrelált az antioxidáns enzimaktivitások növekedésével. A vizsgálatok arra is rávilágítanak, hogy a PTT fertőzés követően megemelkedett SOD enzimaktivitás később tovább növekszik, különösen a fertőzést követő 48. óra elteltével (Urbanek et al., 1996). A kórokozókra adott válaszreakció során a ROS gyors termelése segíti a kórokozókkal szembeni különböző védekező gátak aktiválását (Torres et al., 2006). Azonban nem találtunk egyértelmű összefüggést a genotípusok fiatalkori rezisztenciája és a SOD enzimaktivitás között, ezért a rezisztencia nem becsülhető meg pusztán a fertőzés után a SOD enzimaktivitásának változásai alapján. További kutatások szükségesek az antioxidáns enzimek szerepének tisztázásához a különböző biotikus stressztípusok esetén, mint például kórokozó fertőzések során. Ezek a vizsgálatok lehetővé teszik a ROS-ok felhalmozódása és a korai patogén fertőzés közötti kapcsolat jobb megértését (Jasso-Robles et al., 2020; Pandey et al., 2021).

Korábban több tanulmány is foglalkozott az APX enzim aktivitásának változásának stressz hatására bekövetkező változásával, azonban nagyon kevés kutatás vizsgálta az APX és a hálózatos levélfoltosság összefüggéseit. Sang et al. (2005) azt figyelték meg, hogy sóstressz hatására az APX aktivitás csak az árpa gyökérrendszerében nőtt, de a hajtásokban csökkenő a változások tendenciája. Abiotikus stresszvizsgálatok során Chen és munkatársai (2014) megállapították, hogy az *Arabidopsis thaliana*-ban az APX aktivitása nőtt olyan stresszes körülmények között, mint az ozmotikus, só- vagy hőstressz. Zhang et al. (2013) is megállapították, hogy a rizsben az APX nagy szerepet játszik fiatal korban a növények védekezésben abiotikus stressz esetén, mivel megköti a ROS-okat, amely az APX aktivitás növekedését vonzza maga után. Továbbá Moloi (2016) megjegyzi azt is, hogy az APX aktivitás megfigyelése fontos biokémiai marker lehet a szója szárazságtűrésének vizsgálta esetében. Az eredmények is bizonyítják, hogy az APX fontos szerepet játszik a komplex stresszreakciómechanizmusokban. Biotikus stresszorként a korábbi tanulmányok elsősorban a lisztharmatot (*Blumeria graminis* Bgh.) vizsgálták, amely biotróf kórokozó, de a PTT fertőzés következményeit nem tanulmányozták (Harb et al., 2015; Vanacker et al., 1998; Zlatev et al., 2006). Ezekben a kísérletekben megállapították, hogy a *Blumeria graminis* Bgh. fertőzés több, mint 60%-kal csökkentette az APX aktivitást árpában. Pál et al. (2011) ellentétes tendenciát írtak le a búzában, ahol az APX aktivitás jelentősen nőtt a lisztharmat fertőzést követően. Ezzel szemben jelen eredményeink alapján nem tudjuk egyértelműen megállapítani az APX aktivitás növekedését PTT fertőzés hatására. Bár az APX aktivitás mértéke nagyban függ a genotípustól és a környezeti változóktól, de elsősorban a kórokozó izolátum fertőzőképességének jelentős a hatása. Jelen eredményeink alapján nem tudjuk egyértelműen megállapítani az APX aktivitás növekedését PTT fertőzés, mint biotikus stresszor hatására. Bár az APX aktivitás mértéke nagyban függött az adott genotípustól és a környezeti változóktól, de elsősorban a kórokozó izolátum fertőzőképességének volt jelentős hatása.

A GPX aktivitását tekintve mi is hasonló eredményeket kaptunk, mint Milone et al. (2003), akik szerint abiotikus stressz hatására a GPX aktivitás szignifikánsan növekvő tendenciát mutat. A kalászosok, köztük az árpa fagyatásának és az antioxidáns kapacitásának kapcsolatát vizsgálva megállapították, hogy a legnagyobb korrelációt az enzimaktivitás és a fagyatás között a GPX és az APX esetében találták (Janda et al., 2003). Abiotikus stressz esetében megállapították, hogy kadmium és higany szennyezés esetén a stressz hatására növekedett a GPX az árpa gyökérhegyeiben, ami a gyökérnövekedés gátlásával korrelált (Halušková et al., 2009). Ezzel szemben Radotić et al. (2000) a GPX csökkenését regisztrálta a kadmium szennyezés későbbi szakaszában, amit fenyők tűleveléből mutatott ki. Kukorica genotípusokban vizsgálták a sóstressz, mint abiotikus stresszor hatását és a sóérzékeny genotípus esetében megnövekedett GPX, SOD és

APX aktivitást figyeltek meg, miközben a sőtűró fajta esetében a SOD aktivitása csökkent, a GPX és az APX aktivitása közel azonos maradt a kontrollhoz képest (De Azevedo Neto et al., 2006). A kukorica stresszválaszainak vizsgálatokor a GPX és a plazmamembránhoz kötött peroxidáz enzimek aktivitása jelentősen változott a stresszhatásokra, különösen a különböző patogének hatására (*Fusarium graminearum*, *F. culmorum*), ami a peroxidázok fontosságát jelzi a kórokozókkal szembeni védekezésben (Mika et al., 2010). A kiválasztott genotípusok közül az Antonella fajtának volt a legnagyobb GPX aktivitás változása a PTT fertőzés hatására a H-774 izolátummal fertőzött fiatalokor kísérletekben esetében, ami alátámasztja Tayefi-Nasrabadi et al., (2011) megállapítását, hogy a stressz által kiváltott oxidatív károsodással szemben legalább részben védelmet nyújthat az emelkedett GPX aktivitás, Ezt a tényt nem tudtuk igazolni a H-949 izolátum esetében az izolátum valószínűsíthetően alacsonyabb patogenitása okán. A különböző peroxidázok biotikus stressz hatására bekövetkező változásairól kevés publikáció áll rendelkezésre, az APX és a GPX szerepét főleg abiotikus stresszkutatások során vizsgálták. Eredményeink hozzájárulnak a patogénnel szemben bekövetkező stresszválaszok mélyebb megértéséhez. Jelen kutatásunk eredményei alapján azonban nem minden esetben mutattunk egyértelmű kapcsolatot a genotípusok fiatalokor rezisztenciája és a GPX aktivitása közt. Ezt támasztja alá Moloj (2016) eredménye is, amely szerint a GPX szelektíven vesz részt a szárazsággellenállásban szójában. Ezen felül megállapította, hogy a biotikus stressz hatása a GPX aktivitása összetett és függ az egyéb környezeti stressz tényezőktől, valamint a stresszelt növényi szövet típusától is. A metil-jazmonát és a réz kezelés hatékonyan csökkentette a SOD, az APX és a GPX aktivitását a kukorica leveleiben rovarjámadás, mint biotikus stresszor hatására, valamint fokozta az enzimaktivitást a gyökerekben (Hanaka et al., 2018).

Az általunk vizsgált genotípusok közül az Antonella a legkisebb SOD aktivitást mutatta a kiválasztott genotípusok közül (Kunos et al., 2022). Az APX enzimaktivitása nem változott jelentősen a PTT fertőzés hatására, azonban a GPX aktivitásában 50% növekedés következett be a kezdeti (0. óra) időpontban mért értékhez képest. Így elmondható, hogy az Antonella nagyobb mértékű ellenállóképességet mutatott a PTT fertőzéssel szemben, amely részben köszönhető volt a kisebb mértékű SOD és GPX enzimaktivitással párosult. Ez az eredményünk ellentmondásban van Able (2003) korábbi kutatásával, amelyben megállapították, hogy az árpa hálózatos levélfoltossággal szembeni rezisztenciája korrelált a SOD aktivitásának növekedésével. Az Antonella megnövekedő GPX aktivitása igazolja részben azt a megállapítást is (Tayefi-Nasrabadi et al., 2011), hogy a stressz által kiváltott oxidatív károsodással szemben legalább részben védelmet nyújthat az emelkedett GPX aktivitás.

Az eredmények alapján megállapítható, hogy a felvételezések adataiból kalkulált R-AUDPS értékek is segíthetnek a betegségnek ellenálló fajták kiválasztásában.

Az elvégzett kísérletek alapján elkészítettük a 206 árpa genotípus rangsorolását és a kórokozóval szemben tapasztalt fogékonyságuk alapján a különböző rezisztencia csoportokba sorolását. A rangsorolását a relatív R-AUDPS értékek alapján végeztük, mivel ez a módszertan volt a legmegfelelőbb a különböző kísérletek közötti eredmények összehasonlítására. A rezisztencia csoportok kialakítását a klaszterelemzés eredményeinek felhasználásával végeztük el.

Az összesített eredményeket tekintve az ellenállónak (R - resistant) bizonyult genotípusok a 3. klaszterbe kerültek (65 db), ami a fajtasor 31%-a. Az ellenállónak nevezhető árpafajták nagy valószínűséggel hordoznak olyan rezisztenciagént, amelyek mérséklék a PTT fertőzés és kialakult betegség tüneteinek megjelenésének mértékét. Így az ellenálló genotípusok köztermesztésben, illetve nemesítési programokban történő felhasználása ajánlott.

A mérsékelt ellenálló fajták (MR – moderately resistant) az 1. klaszterben elhelyezkedő genotípusok, amelyek az általunk elemzett fajtagyűjtemény 32%-át adják. A mérsékelt ellenálló fajták az ellenálló fajtákhoz hasonlóan értékes nemesítési alapanyagoknak tekinthetők, azonban nem egyértelmű, hogy milyen egyéb faktorok (pl. szárazságstressz, csapadékstressz, kombinált stressz) játszanak szerepet a PTT fertőzéssel szembeni ellenállóságukban. Ez a tendencia bebizonyosodott jelen kutatásaink szabadföldi kísérleteiben is, ahol az évjáráthatás nagyban befolyásolta a genotípusok fertőzöttségének mértékét. A mérsékelt fogékony (MS – moderately susceptible) fajták a 4. klaszterbe sorolhatóak, összességében 31 db genotípus. A mérsékelt fogékony fajták esetében elmondható, hogy a PTT fertőzéssel szembeni ellenállóságuk nem minden esetben és kísérletben érte el a kívánt mértéket. Így köztermesztésben nagyobb hangsúly jut a gombaölőszeres állománykezelésnek, továbbá nem feltétlen javasolhatók kombinációs partnerként a rezisztencianemesítési programok ellenállóságot növelő céljaira. Végül a PTT fertőzésre érzékeny vagy fogékony fajták (S – susceptible) a 2. klaszterbe tartoztak, összesen 21%-át teszik ki az általunk vizsgált 206 db árpafajtának. A fogékony genotípusok ellenállósága nem kielégítő, termesztésük során egy esetleges járványos évjáratban a stabil terméshozam és a megfelelő minőség nem biztosítható.

A 25 db, hazai körülmények között legellenállóbb genotípus pedig leginkább az R és az MR rezisztencia csoportokba tartozik. Az első helyre a Kínából származó Chilga-Arpa került, amely bár egyes kísérletekben a mérsékelt rezisztens csoportba lett sorolva, az R-AUDPS értéke alapján átlagosan a legkisebb fertőzöttségi értéket mutatta a kísérleteink folyamán.

Fontos megemlíteni, hogy a korábban enzimaktivitás vizsgálatokra kiválasztott öt genotípus közül az Antonella a 3. helyen szerepel az összesített rangsorban, továbbá a 3. klaszterbe és az ellenálló (R) rezisztencia csoportba sorolható. Az átlagos R-AUDPS értéke 0,069 volt.

Az első 25 helyre sorolt genotípusok közül megemlítendő a Canadian-Lake-Shore árpafajta, amely genotípust több kutatás is ellenálló fajtának találta a PTT fertőzéssel szemben (Afanasenko et al., 2009; Dinglasan et al., 2019). A korábbi tanulmányok eredményei és az általunk végzett kísérletek eredményei alapján is az ellenálló (R) csoportba sorolható. A Canela a 39. helyre került a rangsorban és az ellenálló (R) csoportba tartozott, míg a Manas a 76. helyen állt és a mérsékelt rezisztens (MR) csoport tagja lett.

A 206 db genotípus rangsorolásának utolsó 25 elemét vizsgálva megállapítható, hogy a leginkább fogékony fajták átlagos R-AUDPS értékei 0,204 és 0,251 között alakultak, valamint a 2. és a 4. klaszterbe kerültek. Ezek a genotípusok a fogékony (S) csoportba kerültek, kivéve két genotípust (UNIVERS és P3313), amelyek a mérsékelt fogékony (MS) csoportban kaptak helyet. A legutolsó helyre a rangsorban a PALINKA genotípus került.

Fontos megjegyezni, hogy az általunk kiválasztott 5 genotípus közül kettő, az Mv Initium és a Harrington is a fogékony csoportba, valamint a legutolsó 25 fajta közé került. Az Mv Initium SOD enzimaktivitása a PTT fertőzést követően a többi fajtához képest csökkenő tendenciát mutatott, majd nagyobb ütemben növekedett (Kunos et al., 2022). Ezzel szemben a fertőzés nem volt jelentős hatással az APX enzimaktivására, de a GPX aktivitása megközelítőleg 40%-kal növekedett a fertőzést követően.

A Harrington genotípus közvetlenül az Mv Initium után következik a rangsorban átlagosan 0,216 AUDPS értékkel. A SOD enzimaktivitása jelentősen nőtt a PTT fertőzést követően, azonban APX és GPX aktivitása nagymértékben csökkent a fertőzés előrehaladtával 8% és 20%-kal. Eredményeink összefüggést mutatnak többek között korábbi kutatások eredményeivel is (Afanasenko et al., 2009; Dinglasan et al., 2019), ugyanis a tanulmányokban a Harrington fogékony fajtaként jellemezték a *Pyrenophora teres* fertőzéssel szemben. Az általunk tapasztalt tendenciák azonban ellentétesek Jalli (2011) eredményeivel, aki tanulmányában a Harrington genotípust feltételezhetően rezisztens fajtának nevezte és Finnországban javasolta az árpanemesítésben történő alkalmazását.

Eredményeinket összegezve elmondható, hogy az általunk vizsgált martonvásári árpa fajtagyűjtemény 206 genotípusának PTT-vel szembeni rezisztencia szerinti besorolása elősegítheti a jövőbeni nemesítési programok munkáját. Az ilyen jellegű kutatások fontosságára több tanulmány is felhívja a figyelmet, például Lammari és munkatársai (2020) árpában végzett kísérletének eredményei alapján a gombabetegségekkel leginkább fertőzött területeken az integrált növényvédelem alkalmazása elengedhetetlen. Továbbá javasolja, hogy az árpanemesítési programok minden esetben

értékeljék a betegségekkel szembeni rezisztenciát az ellenálló (R) és a mérsékelten ellenálló (MR) típusok szelekciója érdekében. A hálózatos levélfoltosság jelentős termésnövekedést okozott az árpatermesztő területeken, ahol a fertőzések akár 60%-os terméskiesést is eredményeztek, különösen a magas fertőzőképességű patotípusok esetében (Aliyi Mohammed et al., 2021). Ez rávilágít arra, hogy az ellenállóképesség növelése kulcsfontosságú az árpa fenntartható termesztésének megvalósításához. Volkova & Yakhnik (2022) felhívja a figyelmet, hogy a PTT-vel szemben rezisztens (R) és mérsékelten rezisztens (MR) árpafajták termesztése az erőteljesebb fertőzőképességű és változatosabb kórokozó-populációk kialakulását segítheti elő. Ez arra utal, hogy a betegségekkel szemben rezisztens árpafajták termesztése virulensebb és változatosabb kórokozó-populációhoz vezet, ami megnehezíti a növényvédelmi és nemesítési erőfeszítéseket a mezőgazdaságban és folyamatos kihívást jelent a növénynemesítők számára.

4. Következtetések és a javaslatok

Kísérleti munkánk során 206 árpafajtát vizsgáltunk összesen 11 különböző kísérletben, melyekben célunk a *Pyrenophora teres* f. *teres* Drechs. fertőzőképességének vizsgálata volt szabadföldi és üvegházi körülmények között. Annak érdekében, hogy átfogóbb képet kaphassunk az árpafajták rezisztenciájáról, illetve a PTT izolátumok virulenciájáról, a fajtasorból kiválasztott öt genotípusban megvizsgáltuk a növény antioxidáns rendszere három fontos enzimjének aktivitását (SOD, APX, GPX). A különböző szabadföldi és üvegházi kísérletekben a PTT fertőzést Saari-Prescott és Tekauz-skálákon értékeltük, amely bonitálási eredményekből R-AUDPS értékeket kalkuláltunk. A módszer alkalmazása optimálisabb olyan esetekben, ahol a betegség értékelése külön időpontokban történik, továbbá hangsúlyosabban veszi figyelembe az első és az utolsó értékelést, ezáltal javítja a betegség előrehaladásának becslését. Annak érdekében, hogy a genotípusokat csoportosítani tudjuk, az R-AUDPS értékek alapján hierarchikus klaszterelemzést végeztünk, amely eredményeképp kísérletenként 4-4 klaszterbe soroltuk az árpafajtákat.

A klaszteranalízis eredményeképp megállapítható, hogy a klaszterek között is szignifikáns különbséget tapasztaltunk, továbbá az összesített, átlagos R-AUDPS érték $0,239 \pm 0,69$, a minimum érték 0,104 és a maximum érték pedig 0,424 között alakult. A 11 különböző kísérletet szintén négy különböző klaszterbe (A, B, C, D) soroltuk, amelyből a két üvegházi fiatalkori fertőzés (FUHS-H774 és FUHS-H618) teljesen elkülönül, önmagukban alkotják az „A”, illetve a „C” klasztert. Ennek valószínűsíthető oka az, hogy szabályozott körülmények között tudtuk a kísérletet beállítani, így a zavaró tényezők kizárásával a kiválasztott izolátumok erősebb reakciót tudtak kiváltani. Az is megállapítható volt, hogy a FUHS-H618 kísérletben használt PTT izolátum fertőzőképessége volt a legnagyobb. A „D” klaszterbe kerültek javarészt a szabadföldi kísérletek (FSZF-2017, FSZF-2018, FSZF-2019). Az árpafajták rezisztenciája a szabadföldi kísérletek során a természetben előforduló egyéb tényezők negatív vagy pozitív kölcsönhatásai ellenére nem függött az évjáratától. Ez azt jelenti, hogy a genotípusok PTT-vel szembeni ellenállósága biztosan becsülhető szántóföldi körülmények között. A „B” klaszterbe vegyesen kerültek szántóföldi (FSZF-2020, FSZF-2021), fiatalkori üvegházi (FUHS-H502, FUHS-H949) és felnőttkori üvegházi (FUHA-H774, FUHA-H949) kísérletek. Az ide sorolt szabadföldi kísérletek azért különülnek el valószínűsíthetőleg a „D” klaszterbe sorolt többi szántóföldi kísérlettől, mert az évjáratás ezekben az években jobban érvényesült. Megemlítendő, hogy 2019 tavasza csapadékosabb volt a sokévi átlagnál, 2020 tavaszán pedig szárazabb időjárás volt megfigyelhető. Mindkét évben a sokévi átlagnál hűvösebb volt a tavasz, megközelítőleg $-0,5-1$ °C-al, így a tavaszi hőmérséklet és az extrém alacsony vagy nagy mennyiségű csapadék befolyásolhatta a

kísérletek eredményeit. Az eltérő időjárási viszonyok ellenére az AMMI modell vizsgálata szoros korrelációt mutatott ki valamennyi évjáratban a fajták fertőzöttsége között. A vizsgált genotípusok nagyobb ellenállóságot mutattak a FUHA-H949 kísérletben, aminek oka lehetett a felnőttkori (Z41 fejlettségi stádium) fertőzés ténye, illetve az izolátum kisebb mértékű fertőzőképessége egyaránt. A „B” klaszterbe a leginkább varianciát okozó FUHA-H774 és az FSZF-2019 kísérletek kerültek.

Az AMMI modell eredményei alapján megállapítottuk, hogy a környezeti tényezők varianciája (ENV) járult hozzá a legnagyobb mértékben az adatok eltéréséhez, amely a teljes variabilitás 62,7%-át magyarázza. Ez elsősorban az üvegházi monospóras izolátumokkal fertőzött kísérletek varianciájából ered. A környezeti ismétlések (REP(ENV)) faktor a teljes adatvariabilitásnak mindössze 0,8%-át tette ki. A genetikai faktor (GEN) a teljes variancia 23,1%-át, míg a környezeti és genetikai tényezők közötti kölcsönhatás (ENV \times GEN) a teljes variancia 13,4%-át tette ki. Ezek alapján elmondható, hogy a kontúrvonalak által létrehozott négy zóna a biploton csoportosítja a PTT fertőzésre fogékony, illetve annak ellenálló fajtákat. A negyedik, PTT fertőzésre legérzékenyebbként azonosított csoportba került a korábban antioxidáns vizsgálatkora is kiválasztott Harrington fajta is, amit a genotípus átlagos AUDPS értéke (0,22 \pm 0,14) is igazolt a kísérletek során. Eredményeink alapján az AMMI modell alkalmazható a különböző genotípusok ellenállóképességének meghatározására.

Vizsgálataink során kiválasztottunk öt genotípust (Manas, Harrington, Canela, Mv Initium, Antonella), hogy megvizsgálhassuk a PTT-fertőzések hatását az árpa SOD, APX és GPX aktivitására. Megállapítottuk, hogy a fertőzés jelentős változásokhoz vezet a SOD aktivitásában az árpa genotípusok esetében, bár ezek mértéke az adott genotípustól és izolátumtól függött. A PTT fertőzést követően megfigyelt SOD aktivitás növekedés alátámasztja a szakirodalmi adatokat is, miszerint a reaktív oxigénfajták jelenléte a növény védekező mechanizmusára utal. Azonban, annak ellenére, hogy korábbi kutatások szerint a nagyobb SOD aktivitás korrelál a PTT-fertőzéssel szembeni rezisztenciával, eredményeink nem minden kiválasztott genotípus esetében tudták ezt igazolni. Az általunk végzett kísérletekben ugyanis azt találtuk, hogy az alapvetően fogékony fajták nagyobb mértékben mutatnak megnövekedett SOD aktivitást. Eredményeink rávilágítanak annak fontosságára, hogy több tényezőt is figyelembe kell venni a SOD aktivitás és a növényi védekezőmechanizmusok közötti kapcsolat elemzése során. Az árpafajták rezisztenciája nem becsülhető meg mindössze a SOD aktivitásuk alapján, mivel más antioxidáns enzimek is hozzájárulnak a növények védekező válaszához a finomhangolásához.

Az APX aktivitásának vizsgálata nem tudott egyértelmű összefüggéssel szolgálni a PTT fertőzés és az enzimaktivitás változása között, mivel nagy varianciát mutattak az adatok a vizsgált genotípusok között. Ebből arra

következtethetünk, hogy az APX aktivitást jelentősen befolyásolják a környezeti hatótényezők és az árpafajták természetes PTT ellenállósága.

A GPX aktivitás tekintetében azonban már egyértelműbb eredményeink születtek. Ezek alapján látható volt, hogy a GPX aktivitás jelentős növekedést mutat a PTT fertőzés esetén. Ezen felül a SOD és a GPX eredmények pozitív, habár csak közepes mértékű korrelációt mutattak egymással. Ezzel szemben az APX esetében egy negatív korrelációs trend volt megfigyelhető, habár az eredmény nem volt szignifikáns.

Az árpa genotípusok rangsorolását és rezisztencia csoportokba sorolását is elvégeztük mind a 206 árpa genotípus esetében, amely rangsorolás a relatív AUDPS értékek alapján történt. Az ellenálló (R) genotípusok 31%-a 3. klaszterben található, a mérsékelt ellenálló (MR) fajták pedig az 1. klaszterben képviselik a vizsgált állomány 32%-át. A mérsékelt fogékony fajták a 4. klaszterben vannak, a PTT fertőzésre leginkább fogékony fajták pedig a 2. klaszterben kaptak helyet. A genotípusok rangsorolása alapján az első 25 legellenállóbb árpafajta között található a Chilga-Arpa, amely a legkisebb fertőzöttségi értéket mutatta, és az antioxidáns vizsgálatokra is kiválasztott Antonella, amely a 3. helyet foglalta el a rangsorban. Az Antonella nagy SOD és GPX enzimaktivitásának köszönhetően nagymértékű ellenállóságot mutatott a PTT fertőzéssel szemben. A kiválasztott árpafajták közül a Canela a 39. helyre került a rangsorban és az ellenálló (R) csoportba lett besorolva, míg a Manas a 76. helyen szerepelt és a mérsékelt rezisztens (MR) csoport tagja lett. Az utolsó 25 genotípus között átlagos relatív AUDPS értékek 0,204 és 0,251 között alakultak, és többségük a fogékony (S) csoportba tartozik. A legutolsó helyen a Palinka genotípus áll. Az Mv Initium és Harrington genotípusok a fogékony (S) csoportba kerültek, és a Harrington genotípust korábbi kutatások is érzékeny fajtaként jellemezték a PTT fertőzéssel szemben. Ide sorolódott a Harrington fajta szülővonalai közé tartozó Klages fajta is, így a hálózatos levélfoltosság elleni fogékonyságát vélhetőleg e genotípustól is örökölhette.

Az eredményeink és a szakirodalmi adatok alapján elmondható, hogy az ellenálló és mérsékelt ellenálló árpafajták ajánlottak nemesítési programokhoz és gazdaságos termesztőségük (kevesebb gombaölőszer alkalmazása) okán köztermesztésre egyaránt, míg a mérsékelt fogékony és fogékony fajták esetében nagyobb figyelmet kell fordítani a növényvédelemre. Az érzékenyként azonosított genotípusok nem javasolhatóak a PTT elleni rezisztenciát célzó nemesítési programokban történő alkalmazásra.

A jövőbeli kutatómunkák célkitűzésében más antioxidáns enzimek vizsgálatának is nagyobb szerep juthat, hogy jobban megérthessük szerepüket a biotikus stressz, például a kórokozók fertőzése során. A fertőzést követő SOD enzimaktivitás növekedése a növényi védekezés fontos aspektusának tűnik, de kapcsolata a rezisztenciával egyelőre még nem egyértelmű. Az

antioxidáns enzimek és a védekezési mechanizmusok közötti kölcsönhatás megértése kulcsfontosságú folyamat az árpafajták és más haszonnövények különböző kórokozókkal szembeni rezisztenciáját javító stratégiák kidolgozásában. Ezenkívül az antioxidáns enzimekkel kapcsolatos vizsgálatok további genotípusokra és izolátumokra való kiterjesztése mélyebb betekintést nyújthat a reaktív oxigénformák felhalmozódása és a korai patogénfertőzés közötti összefüggésekbe.

4.1. Szakirodalmi források

- Able, A. J. (2003). Role of reactive oxygen species in the response of barley to necrotrophic pathogens. *Protoplasma*, 221(1–2), 137–143.
- Afanasenko, O. S., Jalli, M., Pinnschmidt, H. O., Filatova, O., & Platz, G. J. (2009). Development of an international standard set of barley differential genotypes for *Pyrenophora teres* f. *teres*. *Plant Pathology*, 58(4), 665–676.
- Aliyi Mohammed, T., Birke Yeshnigus, B., & Hailu Welderufael, A. (2021). Distribution and Importance of Barley (*Hordeum vulgare*) Fungal Diseases in Ethiopia. *American Journal of BioScience*, 9(4), 128.
- Bergmeyer, H. U., Gawehn, K., & Grassl, M. (1974). Methods of Enzymatic Analysis. In *Verlag Chemie* (Vol. 2).
- Chen, C., Letnik, I., Hacham, Y., Dobrev, P., Ben-Daniel, B. H., Vanková, R., Amir, R., & Miller, G. (2014). Ascorbate peroxidase protects *Arabidopsis* desiccating and germinating seeds from stress and mediates cross talk between reactive oxygen species, Abscisic acid, And auxin. *Plant Physiology*, 166(1), 370–383.
- De Azevedo Neto, A. D., Prisco, J. T., Enéas-Filho, J., Abreu, C. E. B. De, & Gomes-Filho, E. (2006). Effect of salt stress on antioxidative enzymes and lipid peroxidation in leaves and roots of salt-tolerant and salt-sensitive maize genotypes. *Environmental and Experimental Botany*, 56(1), 87–94.
- Dinglasan, E., Hickey, L., Ziemis, L., Fowler, R., Anisimova, A., Baranova, O., Lashina, N., & Afanasenko, O. (2019). Genetic characterization of resistance to *Pyrenophora teres* f. *teres* in the international barley differential canadian lake shore. *Frontiers in Plant Science*, 10.
- Halušková, L., Valentovičová, K., Huttová, J., Mistrík, I., & Tamás, L. (2009). Effect of abiotic stresses on glutathione peroxidase and glutathione S-transferase activity in barley root tips. *Plant Physiology and Biochemistry*, 47(11–12), 1069–1074.
- Hanaka, A., Lechowski, L., Mroczek-Zdyrska, M., & Strubińska, J. (2018). Oxidative enzymes activity during abiotic and biotic stresses in *Zea mays* leaves and roots exposed to Cu, methyl jasmonate and *Trigonotylus caelestialium*. *Physiology and Molecular Biology of Plants*, 24(1), 1–5.

- Harb, A., Awad, D., & Samarah, N. (2015). Gene expression and activity of antioxidant enzymes in barley (*Hordeum vulgare* L.) under controlled severe drought. *Journal of Plant Interactions*, *10*(1), 109–116.
- Hinfner, K., & Békési, P. (1973). *Rezisztenciavizsgálatok elvi alapjai és a fertőzöttség mérésének módszerei*. In: 1971 évi Országos Fajtakísérletek, Az Országos Mezőgazdasági Fajtakísérleti Intézet Kiadványa, Alföldi Nyomda 113-126.p.
- Ivanov, B., & Khorobrykh, S. (2003). Participation of photosynthetic electron transport in production and scavenging of reactive oxygen species. *Antioxidants and Redox Signaling*, *5*(1), 43–53.
- Jalli, M. (2011). Sexual reproduction and soil tillage effects on virulence of *Pyrenophora teres* in Finland. *Annals of Applied Biology*, *158*(1), 95–105.
- Janda, T., Szalai, G., Rios-Gonzalez, K., Veisz, O., & Páldi, E. (2003). Comparative study of frost tolerance and antioxidant activity in cereals. *Plant Science*, *164*(2), 301–306.
- Jasso-Robles, F. I., Gonzalez, M. E., Pieckenstain, F. L., Ramírez-García, J. M., Guerrero-González, M. de la L., Jiménez-Bremont, J. F., & Rodríguez-Kessler, M. (2020). Decrease of Arabidopsis PAO activity entails increased RBOH activity, ROS content and altered responses to *Pseudomonas*. *Plant Science*, *292*, 110–372.
- Kunos, V., Cséplő, M., Seress, D., Eser, A., Kende, Z., Andrea, U., Judit, B., József, B., Pál, M., & Klára, M. (2022). The Stimulation of Superoxide Dismutase Enzyme Activity and Its Relation with the *Pyrenophora teres* f. *teres* Infection in Different Barley Genotypes. *Sustainability*, *14*(5), 2597.
- Lammari, H. I., Rehfus, A., Stammler, G., & Benslimane, H. (2020). Sensitivity of the *Pyrenophora teres* population in Algeria to quinone outside inhibitors, succinate dehydrogenase inhibitors and demethylation inhibitors. *Plant Pathology Journal*, *36*(3), 218–230.
- Lightfoot, D. J., Mcgrann, G. R. D., & Able, A. J. (2017). The role of a cytosolic superoxide dismutase in barley–pathogen interactions. *Molecular Plant Pathology*, *18*(3), 323–335.
- Meloni, D. A., Oliva, M. A., Martinez, C. A., & Cambraia, J. (2003). Photosynthesis and activity of superoxide dismutase, peroxidase and glutathione reductase in cotton under salt stress. *Environmental and Experimental Botany*, *49*(1), 69–76.
- Mika, A., Boenisch, M. J., Hopff, D., & Lühje, S. (2010). Membrane-bound guaiacol peroxidases from maize (*Zea mays* L.) roots are regulated by methyl jasmonate, salicylic acid, and pathogen elicitors. *Journal of Experimental Botany*, *61*(3), 831–841.
- Milone, M. T., Sgherri, C., Clijsters, H., & Navari-Izzo, F. (2003). Antioxidative responses of wheat treated with realistic concentration of cadmium. *Environmental and Experimental Botany*, *50*(3), 265–276.

- Moloi, M. J., Mwenye, O. J., & Van Der Merwe, R. (2016). Differential involvement of ascorbate and guaiacol peroxidases in soybean drought resistance. *South African Journal of Science*,
- Murphy, S. E., Lee, E. A., Woodrow, L., Seguin, P., Kumar, J., Rajcan, I., & Ablett, G. R. (2009). Genotype \times Environment interaction and stability for isoflavone content in soybean. *Crop Sci.*, 49(4), 1313–1321.
- Pál, M., Kovács, V., Vida, G., Szalai, G., & Janda, T. (2011). Changes in salicylic acid and polyamine contents following powdery mildew infection of near-isogenic thatcher-based wheat lines carrying different Lr genes. *Acta Biologica Szegediensis*, 55(1), 139–141.
- Pál, M., Kovács, V., Vida, G., Szalai, G., & Janda, T. (2013). Changes induced by powdery mildew in the salicylic acid and polyamine contents and the antioxidant enzyme activities of wheat lines. *European Journal of Plant Pathology*, 135(1), 35–47.
- Pandey, C., Großkinsky, D. K., Westergaard, J. C., Jørgensen, H. J. L., Svendsgaard, J., Christensen, S., Schulz, A., & Roitsch, T. (2021). Identification of a bio-signature for barley resistance against *Pyrenophora teres* infection based on physiological, molecular and sensor-based phenotyping. *Plant Science*, 313(09), 111072.
- Radotić, K. R., Dučić, T. D., Mutavdžić, D., & Mutavdžić, M. (2000). Changes in peroxidase activity and isoenzymes in spruce needles after exposure to different concentrations of cadmium. In *Environmental and Experimental Botany* (Vol. 44).
- Saari, E. E., & Prescott, J. M. (1975). A scale for appraising the foliar intensity of wheat diseases. *Plant Disease Reporter*, 59(5), 377–380.
- Sang, Y. K., Lim, J. H., Myoung, R. P., Young, J. K., Tae, I. P., Yong, W. S., Kyeong, G. C., & Song, J. Y. (2005). Enhanced antioxidant enzymes are associated with reduced hydrogen peroxide in barley roots under saline stress. *Journal of Biochemistry and Molecular Biology*,
- Shetty, N. P., Mehrabi, R., Lütken, H., Haldrup, A., Kema, G. H. J., Collinge, D. B., & Jørgensen, H. J. L. (2007). Role of hydrogen peroxide during the interaction between the hemibiotrophic fungal pathogen *Septoria tritici* and wheat. *New Phytologist*, 174(3), 637–647.
- Simko, I., & Piepho, H. P. (2012). The area under the disease progress stairs: Calculation, advantage, and application. *Phytopathology*, 102(4), 381–389.
- Tayefi-Nasrabadi, H., Dehghan, G., Daeihassani, B., Movafegi, A., & Samadi, A. (2011). Some biochemical properties of guaiacol peroxidases as modified by salt stress in leaves of salt-tolerant and salt-sensitive safflower (*Carthamus tinctorius* L.cv.) cultivars. *African Journal of Biotechnology*, 10(5), 751–763.
- Tekauz, A. (1985). A numerical scale to classify reactions of barley to *pyrenophora teres*. *Canadian Journal of Plant Pathology*, 7(2), 181–183.

- Torres, M. A., Jones, J. D. G., & Dangl, J. L. (2006). Reactive oxygen species signaling in response to pathogens. *Plant Physiology*, *141*(2), 373–378.
- Urbanek, H., Gajewska, E., Karwowska, R., & Wielanek, M. (1996). Generation of superoxide anion and induction of superoxide dismutase and peroxidase in bean leaves infected with pathogenic fungi. *Acta Biochimica Polonica*, *43*(4), 679–686.
- Vanacker, H., Harbinson, J., Ruisch, J., Carver, T. L. W., & Foyer, C. H. (1998). Antioxidant defences of the apoplast. *Protoplasma*, *205*(1–4), 129–140.
- Volkova, G., & Yakhnik, Y. (2022). *Pyrenophora teres*: Population structure, virulence and aggressiveness in Southern Russia. *Saudi Journal of Biological Sciences*, *29*(10), 103401. <https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2022.103401>
- Zhang, C., Bruins, M. E., Yang, Z. Q., Liu, S. T., & Rao, P. F. (2016). A new formula to calculate activity of superoxide dismutase in indirect assays. *Analytical Biochemistry*, *503*, 65–67. <https://doi.org/10.1016/j.ab.2016.03.014>
- Zhang, Z., Zhang, Q., Wu, J., Zheng, X., Zheng, S., Sun, X., Qiu, Q., & Lu, T. (2013). Gene Knockout Study Reveals That Cytosolic Ascorbate Peroxidase 2(OsAPX2) Plays a Critical Role in Growth and Reproduction in Rice under Drought, Salt and Cold Stresses. *PLoS ONE*, *8*(2).
- Zlatev, Z. S., Lidon, F. C., Ramalho, J. C., & Yordanov, I. T. (2006). Comparison of resistance to drought of three bean cultivars. *Biologia Plantarum*, *50*(3), 389–394.

5. Új tudományos eredmények

1. Árpa genotípusok hálózatos levélfoltossággal (*Pyrenophora teres* f. *teres* Drechs., PTT) szembeni ellenállóképességének megállapítására először alkalmaztuk a korábban használt AUDPC (Area Under the Disease Curve) helyett a 2012-ben publikált AUDPS (Area Under Disease Stairs) módszert. Az AUDPS a kapott eredményeink alapján is bizonyíthatóan alkalmas a fertőzöttség mértékének értékelésére, különösen abban az esetben, amikor fontos figyelembe venni a kezdeti és az utolsó felvételezési időpontok közötti különbséget, mivel a betegség által okozott tünetek értékelésére alkalmazott Tekauz-skála és Saari-PreScott-skála értékei erős, pozitív korrelációt mutattak az AUDPS-értékekkel.
2. Öt egymást követő szabadföld idény vizsgálatai alapján, 206 genotípust felhasználva megállapítottuk, hogy az árpa a *P. teres*-szel szembeni ellenállósága az általunk alkalmazott bonitálási módszereken alapuló R-AUDPS érték alapján egyértelműen meghatározható.
3. Négy monospóras PTT izolátum fertőzőképességét vizsgáltuk üvegházi körülmények között 206 árpafajtán, két fejlettségi stádiumban (Z12, Z41), amelyek között szignifikáns, közepes erősségi korrelációt mutattunk ki ($R^2=0,349$ $p<0,001$), valamint megállapítottuk, hogy a különböző izolátumok nem azonos mértékben voltak fertőzőképesek a vizsgált fajtákra. A betegség kialakulásának súlyossága nagyban függött a kórokozó izolátumától.
4. Az árpa genotípusokat különböző kísérletben vizsgált átlagos fertőzöttségi értékeik alapján négy ellenállósági kategóriába soroltuk be. Elvégeztük az általunk hazai körülmények között tanulmányozott fajták rangsorolását a hálózatos levélfoltossággal szemben mutatott fogékonyságuk alapján, amely eredmények hozzájárulhatnak kórokozóval szembeni rezisztenciaforrások azonosításához is.
5. Igazoltuk öt árpafajta enzimaktivitás-változását vizsgálva, hogy *P. teres* fertőzés hatására a szuperoxid-dizmutáz (SOD) enzimaktivitása növekvő tendenciát mutat a fogékony fajtáknál.
6. Az aszkorbát-peroxidáz (APX) enzimaktivitásának vizsgálata során megállapítottuk, hogy a *P. teres* által indukált enzimaktivitás-változás jelentős mértékben függött a genotípusok fertőzéssel szemben mutatott fogékonyságától és az izolátum fertőzőképességétől.
7. Igazoltuk a guaiakol-peroxidáz (GPX) enzimaktivitásának növekedését a PTT fertőzés során, azonban az APX és a GPX aktivitásának változása a fertőzést követően csökkenő trendet mutattak, amit befolyásolt a fertőzésre használt izolátum patogenitása egyaránt.

6. Az értekezés témaköréhez kapcsolódó tudományos publikációk

6.1. Tudományos folyóiratcikk, IF, angol:

Kunos, V., Cséplő, M., Seress, D., Eser, A., Kende, Z., Uhrin, A., Bányai, J., Bakonyi, J., Pál, M., Mészáros, K. (2022): The Stimulation of Superoxide Dismutase Enzyme Activity and It's Relation with the *Pyrenophora teres* f. *teres* Infection in Different Barley Genotypes. Sustainability, 14(5), 2597. **IF: 3,9**

Éva, C., Moncsek, B., Szőke-Pázsik, K., **Kunos, V.**, Mészáros, K., Makai, S., Sági, L. & Juhász, A. (2023): bZIP transcription factors repress the expression of wheat (*Triticum aestivum* L.) high molecular weight glutenin subunit genes in vegetative tissues. Acta Physiologiae Plantarum, 45(2). **IF: 2,6**

Schwarczinger, I., Kolozsváriné Nagy, J., Király, L., Mészáros, K., Bányai, J., **Kunos, V.**, Fodor, J., Künstler, A. (2021): Heat Stress Pre-Exposure May Differentially Modulate Plant Defense to Powdery Mildew in a Resistant and Susceptible Barley Genotype. GENES, 12(5) 776. **IF: 4,1**

Eser, A., Kassai, K. M., Kató, H., **Kunos, V.**, Tarnawa, Á., Jolánkai, M. (2020): Impact of Nitrogen Topdressing on the Quality Parameters of Winter Wheat (*Triticum aestivum* L.) Yield. Acta Alimentaria: An International Journal of Food Science 49(3), 244–253. **IF: 0,57**

6.2. Tudományos folyóiratcikk, Konferenciakiadvány, proceeding:

Kunos, V., Cséplő, M., Buza, Z., Bányai, J., Seress, D., Csorba, I., Pál, M., Bakonyi, J., Mészáros, K. (2019): *Pyrenophora teres* f. *teres* fertőzés hatása az árpa szalicilsav/jázmonsav és antioxidáns enzimrendszerére. In Karsai, I. (szerk.): Növénynevelés a 21. század elején: kihívások és válaszok: XXV. Növénynevelési Tudományos Nap, Budapest, Magyarország, MTA Agrártudományok Osztálya, Növénynevelési Tudományos Bizottság (2009), 502 p., pp. 139–143, 5p.

Cséplő, M., Bakonyi, J., **Kunos, V.**, Seress, D., Csorba, I., Vida, G., Mészáros, K. (2019): Leválasztott levéltechnika alkalmazása árpa genotípusok *Pyrenophora teres* f. *teres*-szel szembeni fiatalkori ellenállóságának vizsgálatában. In Karsai, I. (szerk.): Növénynevelés a 21. század elején: kihívások és válaszok: XXV. Növénynevelési Tudományos Nap, Budapest, Magyarország, MTA Agrártudományok Osztálya, Növénynevelési Tudományos Bizottság (2009), 502 p., pp. 252–256, 5p.

Kunos, V., Cséplő, M., Pál, M., Bakonyi, J., Mészáros, K. (2019): Investigation of the phytohormonal and antioxidant enzymatic changes caused by *Pyrenophora teres* f. *teres* infection in barley. In: Kende, Z., Bálint, Cs., Kunos, V. (szerk.) 18th Alps-Adria Scientific Workshop: Alimentation and Agri-environment: Abstract book. Gödöllő, Magyarország: Szent István Egyetemi Kiadó (2019) 186 p. pp. 100–101, 2p.

6.3. Tudományos folyóiratcikk, előadás összefoglaló, poszter:

Cséplő, M., Bakonyi, J., **Kunos, V.,** Bányai, J., Puskás, K., Seress, D., Csorba, I., Vida, Gy. & Mészáros, K. (2023): Comparison of various inoculation methods to study seedling resistance of barley varieties to *Pyrenophora teres*. In: Börner, A. (Szerk.) 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, CBB7 2023 - 18th EWAC – The European Cereals Genetics Co-operative Conference, EWAC18 (2023): Book of abstracts, Budapest, Magyarország, Akadémiai Kiadó (2023), 130 p., pp. 98–99, 2p.

Mészáros, K., Cséplő, M., Horváth, Á., Jose, J., Kopcsik, N., **Kunos, V.,** Bányai, J., Uhrin, A., Bakonyi, J., Sági, L., Cseh, A., Éva, C. (2023): Role of WAK1, wall-associated kinase in barley biotic stress tolerance against *Pyrenophora teres* f. *teres*. In: Börner, A. (Szerk.) 7th Conference on Cereal Biotechnology and Breeding, CBB7 2023 - 18th EWAC – The European Cereals Genetics Co-operative Conference, EWAC18 (2023): Book of abstracts, Budapest, Magyarország, Akadémiai Kiadó (2023), 130 p., pp. 96–97, 2p.

Mészáros, K., Jose, J., Szakács, A., **Kunos, V.,** Cséplő, M., Bányai, J., Pál, M., Bakonyi, J., Éva, C. (2023): The role of ORA59 transcription factor in the hormonemediated defence mechanism during *Pyrenophora teres* f. *teres* infection in barley. In: Mihány-Langó, B., Bóna, L., Tóth, B., Börner, A. (Szerk.) Cereal Breeding - Challenges and Opportunities for Global Improvement Book of Abstracts of the Eucarpia Cereals Section Conference, Szeged, Magyarország (2023), 134 p., pp. 69–69, 1p.

Mészáros, K., Károlyiné, C. M., **Kunos, V.,** Tóth, V., Bányai, J., Rakszegi, M., Vida, Gy. (2023): Martonvásári kalászos gabona kínálat új színfoltja az őszi árpa. In: Karsai, I., Pauk, J., Veisz, O., Polgár, Zs., Bóna, L. (Szerk.) XXIX. Növénynevelési Tudományos Napok: Összefoglaló kötet (2023), Martonvásár, Magyarország, Agrártudományi Kutatóközpont (2023), 158 p., pp. 143–143.

Cséplő, M., Bakonyi, J., **Kunos, V.,** Bányai, J., Puskás, K., Seress, D., Csorba, I., Vida, Gy., Mészáros, K. (2022): Árpa pirenofórás levélfoltossággal szembeni fiatalkori ellenállóságának vizsgálati módszerei. In: Polgár, Zs., Karsai, I., Bóna, L., Taller, J. (Szerk.) XXVIII. Növénynevelési

- Tudományos Napok: Összefoglaló kötet, Keszthely, Magyarország, Magyar Növénynevelők Egyesülete (2022), 122 p., pp. 79–79, 1p.
- Künstler, A., Kolozsváriné, N. J., Schwarzinger, I., Bányai, J., **Kunos, V.**, Fodor, J., Mészáros, K., Király, L. (2022): A hőstressz hatása árpalisztharmat fertőzésre különböző árpafajtákban és nemesítési vonalakban. *Növényvédelem*, 58(6), 237–246.
- Mészáros, K., **Kunos, V.**, Horváth, Á., Cséplő, M., Bányai, J., Uhrin, A., Vida, Gy., Cseh, A., Bakonyi, J. (2022): Az árpa hálózatos levélfoltosságát okozó *Pyrenophora teres* f. *teres* elleni rezisztencia vizsgálata. In: Polgár, Zs., Karsai, I., Bóna, L., Taller, J. (Szerk.) XXVIII. Növénynevelési Tudományos Napok: Összefoglaló kötet, Keszthely, Magyarország, Magyar Növénynevelők Egyesülete (2022), 122 p., pp. 78–78, 1p.
- Puskás, K., Španić, V., Cséplő, M., Tóth, V., **Kunos, V.**, Vida, G. (2022): Kalászfuzárium-ellenállóság az eszéki és martonvásári búzafajták körében. In: Polgár, Zs., Karsai, I., Bóna, L., Taller, J. (Szerk.) XXVIII. Növénynevelési Tudományos Napok: Összefoglaló kötet, Keszthely, Magyarország, Magyar Növénynevelők Egyesülete (2022), 122 p., pp. 83–83, 1p.
- Mészáros, K., Szakács, A., Cséplő, M., **Kunos, V.**, Bányai, J., Bakonyi, J., Éva, C. (2021): Investigation of role of ORA59 transcription factor during *Pyrenophora teres* f. *teres* infection in barley. In: Santino, A. (Szerk.) 2nd PlantED Conference Plant genome editing: the wide range of application, Bari, Olaszország, Institute of Sciences of Food Production (ISPA-CNR) (2021), pp. 78–79, 1p.
- Seress, D., Marton, T. A., Csorba, I., **Kunos, V.**, Cséplő, M., Mészáros, K., Bakonyi, J. (2021): A *Pyrenophora teres* f. *teres* patotípusai három hazai kutatóintézet tenyészterjeiben. In: Haltrich, A., Varga, Ák. (Szerk.) 67. Növényvédelmi Tudományos Napok konferenciakiadványa: Növényvédelmi Tudományos Napok, Budapest, Magyarország, 76 p., pp. 36–36, 1p.
- Kunos, V.**, Cséplő, M., Bányai, J., Seress, D., Bakonyi, J., Pál, M., Mészáros, K. (2020): A szuperoxid-dizmutáz enzimaktivitás indukálódásának és a *Pyrenophora teres* f. *teres* fertőzés kapcsolatának vizsgálata eltérő fogékonyságú árpafajtákon. In: Bóna, L., Karsai, I.; Matuz, J., Pauk, J., Polgár, Zs., Veisz, O. (Szerk.) XXVI. Növénynevelési Tudományos Napok: Összefoglaló kötet, Szeged, Magyarország: MTA Agrártudományok Osztálya Növénynevelési Tudományos Bizottság, Magyar Növénynevelők Egyesülete (2020) 113 p., pp. 25–25, 1p.
- Mészáros, K., Nagy, E., Bányai, J., **Kunos, V.**, Cséplő, M., Decsi, É. K., Hoffmann, S., Hoffmann, B., Hoffmann, B. (2020): Árpa (*Hordeum*

- vulgare* L.) szárazságtűrésének vizsgálata homokcsöves rendszerben és szántóföldön. In: Bóna, L., Karsai, I.; Matuz, J., Pauk, J., Polgár, Zs., Veisz, O. (Szerk.) XXVI. Növénynevelési Tudományos Napok: Összefoglaló kötet, Szeged, Magyarország: MTA Agrártudományok Osztálya Növénynevelési Tudományos Bizottság, Magyar Növénynevelítők Egyesülete (2020) 113 p., pp. 95–95, 1p.
- Bakonyi, J., Seress, D., Csorba, I., Károlyiné, Cs. M., **Kunos, V.**, Poós, B., Mészáros, K. (2019): Előzetes adatok a *Pyrenophora teres* f. *teres* hazai patotípusairól. In Haltrich, A., Varga, Á. (szerk.): 65. Növényvédelmi Tudományos Napok, Budapest, Magyarország, 108p., pp. 96–96, 1p.
- Eser, A., Kató, H., Czeródi Kempf, L., Nyárai H., F., **Kunos, V.**, Szentpétery, Zs. (2019): A world alimentionation chance estimate based on protein production of crop species. *Columella: Journal od Agricultural and Environmental Sciences*, 6(1), 35–39.
- Mészáros, K., Cséplő, M., **Kunos, V.**, Búza, Z., Bányai, J., Seress, D., Csorba, I., Pál, M., Vida, Gy., Bakonyi, J. (2019): Investigation of net blotch resistance of barley and preliminary data on Hungarian pathotypes of *Pyrenophora teres* f. *teres*. In: Brandstetten, A., Geppner, M. (Szerk.) Resistance breeding: From pathogen epidemiology to molecular breeding, Tulln, Ausztria, 78 p., pp. 27–29, 3p.
- Mészáros, K., Cséplő, M., **Kunos, V.**, Bányai, J., Vida, G., & Bakonyi, J. (2018): Árpafajták hálózatos levélfoltossággal szembeni fiatal és felnőttkori ellenállóságának vizsgálata. In Karsai, I., Polgár, Zs. (szerk.): XXIV. Növénynevelési Tudományos Nap: Összefoglalók, Budapest, Magyarország: Magyar Tudományos Akadémia (MTA), 139 p., pp. 105–105, 1p.
- Mészáros, K., Cséplő, M., **Kunos, V.**, Bányai, J., Vida, G., Bakonyi, J. (2018): Examination of the resistance of barley genotypes to *Pyrenophora teres* f. *teres* in the seedling and adult stage. In Langin, T., Charmet, G., Le Gougis, J., Leroy, P. (szerk.): Book of Abstract. Eucarpia Cereal section meeting and 2nd International Wheat Innovation Workshop, Clermont-Ferrand, Franciaország: Institut national de la recherche agronomique (INRA), pp. 102–102, 1p.

6.4. Ismeretterjesztő folyóiratcikk, szakkönyv:

- Radics, L., Árendás, T., Bányai, J., Bónis, P., Fodor, N., **Kunos, V.**, Mészáros, K., Murányi, I. A. (2023): *Az őszi árpa termesztése*. (Szerk: L. Radics). Budapest: Szaktudás Kiadó Ház, 46 p. ISBN/ISSN: 978-963-575-058-0

- Kunos, V.**, Cséplő, M., Bányai, J., Bakonyi, J., Pál, M., Mészáros, K. (2022): Hogyan védekeznek a növények, avagy mi történik az árpasejtekben gombafertőzés hatására. *Agrofórum - A Növénytermesztők és Növényvédők Havilapja*, 33(9), 42–44.
- Mészáros, K., **Kunos, V.**, Bányai, J. (2021): Az ezerarcú árpa. *Agrofórum - A Növénytermesztők és Növényvédők Havilapja*, 32(9), 22–25.
- Cséplő, M., **Kunos, V.**, Czakó, Z. (2020): Visszatekintés a kalászosok májusi, júniusi kórtani állapotára. *Agrofórum - A Növénytermesztők és Növényvédők Havilapja*, 31(8), 60–64.