

NÖVÉNYVÉDELEM

86 [N.S. 61] 11. szám • Az Agrárminisztérium tudományos lapja • 2025. november

A MEZTELEN CSIGÁKKAL KAPCSOLATOS KUTATÁSOK, KIHÍVÁSOK



**A NOVEMBERI LAP AZ MTA AGRÁRTUDOMÁNYOK OSZTÁLY
HOZZÁJÁRULÁSÁVAL KÉSZÜLT**



A KÖRNYEZETBARÁT NÖVÉNYVÉDELEMÉRT ALAPÍTVÁNY

Megjelenik havonként

Előfizetési díj a 2025. évre: 15 000 Ft

A Növényorvosi Kamara és a Magyar Növényvédelmi

Társaság tagjainak: 13 500 Ft/év

Diákoknak: 10 500 Ft/év

Egyes szám: 1500 Ft

Szerkesztőbizottság:

Elnök: Eke István

(Folyóiratunk múltjából rovatvezetője)

Rovatvezetők:

Almási Asztéria (virológia)

Csóka György (erdővédelem)

Haltrich Attila (rovartan, gerincesek)

Koczor Sándor (rovartan)

Körösi Katalin (növénykórtan)

Novák Róbert (gyomyszabályozási technológia)

Molnár János (jogszabályfigyelő, krónika)

Petróczy Marietta (növénykórtan)

Ripka Géza (rovartan, akarológia)

Solymosi Péter (gyombiológia, botanika)

Szőcs Gábor (rovartan, kémiai ökológia)

A Szerkesztőbizottság munkáját segítik:

Balázs Klára (tanácsadó)

Dancsházy Zsuzsanna (angol nyelv)

Dzsudzsák Szilvia (HOI)

Mihályi Krisztina (Alapítvány)

Szerkeszti: Szerkesztőbizottság

Szerkesztőség:

Levelezési cím: 1116 Budapest, Fehérvári út 132.

Postacím: 1518 Budapest, Pf. 154.

E-mail: balazs.klara@atk.hun-ren.hu

Felelős kiadó: Füredi Kornél

a Herman Ottó Intézet Nonprofit Kft. ügyvezetője

Kiadó:

A Környezetbarát Növényvédelemért Alapítvány

Levelezési cím: 1116 Budapest, Fehérvári út 132.

Postacím: 1518 Budapest, Pf. 154.

Együttműködő partner:

HUN-REN Agrártudományi Kutatóközpont

Növényvédelmi Intézet

Megrendelhető az Alapítvány postacímén, vagy

e-mail címén (balazs.kara@atk.hun-ren.hu),

illetve befizethető az Alapítvány

K&H 10400054-00502306-00000000 számú

számlájára.

ISSN 0133-0829

Készítette az INFORM Kiadó és Nyomda Kft.

Felelős vezető: Bolyki István

2025/32

ÚTMUTATÓ A SZERZŐK SZÁMÁRA

A közlemények terjedelmét a mondanivaló jellege szabja meg, de ne legyen a kettes sortávolságra nyomtatott szöveg a mellékletekkel együtt 15 oldalnál hosszabb. A kéziratot bevezető, anyag és módszer, eredmények (következtetések, köszönetnyilvánítás), irodalom fő fejezetekre kérjük tagolni és a Szerkesztőség címére elektronikus levélben beküldeni. A közlemény címét a Szerző(k) neve, munkahelye és a rövid összefoglaló kövesse, a dolgozat az irodalommal fejeződjön be. A táblázatok és ábrák (angol és magyar címjegyzékkel együtt) a dolgozat végére kerüljenek. Csak jó minőségű, laser-nyomtatóval készült ábrát, illetve fekete-fehér fotót fogadunk el. Színes fotót csak a borítóra kérünk. Belső színes ábrák elhelyezésére közlési díj befizetése vagy szponzor anyagi támogatása esetén van lehetőség.

Az angol nyelvű összefoglaló új oldalon kezdődjön. Magyar és angol nyelven kulcsszavak közlése is szükséges.

A kéziratban csak a latin neveket kérjük kurzívval (egyszeri aláhúzás vagy italic nyomtatás) jelölni, egyéb tipizálás mellőzendő. A technológia részbe szánt kézírathoz összefoglalót nem kérünk. A Szerkesztőség csak az előírásoknak megfelelő eredeti kéziratot fogad el.

A Szerkesztő bizottság az internet honlapokról származó adatokra való hivatkozásokat nem tartja elfogadhatónak, ezért felhívja a Szerzők figyelmét, mellőzzék ezeket. Kivételt képeznek az interneten „on-line” elérhető tudományos folyóiratok, amelyek lektorált, szakmailag ellenőrzött dolgozatokat közölnek. Az ezekre történő hivatkozás esetén a szokásos bibliográfiai adatokat kell megadni.

A kézirat beadásával egyidejűleg kérjük a Szerző(k) személyi adatait (név, lakcím, munkahely, munkahely címe, telefon, fax, e-mail) megadni.

Kéziratot csak Word dokumentumban, ábrákat csak jpg-ben fogadunk el!

Részletes útmutató a 2024. áprilisi számban található.

CÍMKÉP:

A spanyol meztelencsiga (*Arion vulgaris*) az egyik leg súlyosabb kártevő meztelencsigafaj Magyarországon

Fotó: Veres Kinga

Kapcsolódó cikk: 477. oldal

COVER PHOTO:

The Spanish slug (*Arion vulgaris*) is one of the most dangerous pest amongst the slug species in Hungary.

Photo by: Kinga Veres

Related article: p. 477.

HAZAI ÉS NEMZETKÖZI MEZTELENCSIGA-KUTATÁS: KÉRDÉSEK, TRENDEK, KIHÍVÁSOK

Páll-Gergely Barna és Turóci Ágnes

HUN-REN Agrártudományi Kutatóközpont, Növényvédelmi Intézet

2462 Martonvásár, Brunszvik u. 2.

E-mail: pall-gergely.barna@atk.hun-ren.hu



A Magyarországon élő körülbelül 175 szárazföldi puhatestű közül 33 meztelencsigafaj. 2018 óta 9 faunára új fajt jeleztek hazánkból és 2025-ben egy átfogó monografikus kiadvány is született a magyarországi meztelencsigafajokkal kapcsolatos összes tudnivalóról, ami a tudomány jelen állása szerint elérhető. A meztelencsigákat elsősorban a rágáskár miatt ismerjük, azonban vektorai lehetnek különböző parazitáknak, baktériumoknak, gombáknak (Angiostrongylus féregfajok, Clostridium botulinum, Listeria monocytogenes, Phytophthora fajok). Az ellenük való védekezésben a hagyományos módszerek mellett egyre elterjedtebb egy parazita fonálféreg alkalmazása (Phasmarhabditis hermaphrodita). A legújabb kutatási trendek azt mutatják, hogy legveszélyesebb károkozó fajunk, a spanyol meztelencsiga alkalmazkodóképességében és stresszrezisztenciájának megnövekedésében fontos szerepet játszhattak az ugráló géneknek nevezett genetikai elemek.

Kulcsszavak: Gastropoda, faunára új fajok, gazdasági kár, parazita vektorok, védekezési módszerek, ugráló gének

Magyarország szárazföldi puhatestűinek száma 175 körüli (Pintér és Suara 2004 és számos azóta publikált eredmény alapján). Pontos számot nehéz mondani, mert egy-egy fajcsoportban taxonómia bizonytalanság áll fenn, és néhány faj esetében nem biztos, hogy valóban van-e az adott fajnak életképes populációja Magyarországon. A hazai szárazföldi csigák többsége (kb. 140 faj) „házas” csiga, további három úgynevezett „félmeztelen csiga” (*Semilimax semilimax* és két *Daudebardia* faj), amelyeknek egy kis héjuk van, amely annyira kicsi, hogy nem tudnak bele visszahúzódní. A többi pedig meztelencsiga, amelyek hagyományosan alulkutatottak voltak hazánkban. Amikor 2018-ban elkezdtünk meztelencsigákkal foglalkozni a HUN-REN ATK Növényvédelmi Intézetében, 26 hazai meztelencsiga fajról tudtunk, és azóta kilenc újabb fajt tudtunk kimutatni a hazai faunából, kettőről pedig kimutattuk, hogy nem tagjai a hazai faunának. A faunára új fajokat jellemeztük három korábbi cikkünkben (Turóci és mtsai 2020a, Turóci és mtsai 2023, Turóci és mtsai 2025), így részletes bemutatásuktól

most eltekintünk. A hazai meztelencsiga-faunáról rendelkezésre álló információkat egy idén megjelent könyvben foglaltuk össze (Turóci és Páll-Gergely 2025), amely megvásárolható a Herman Ottó Intézetnél (HOI).

Az összesen 33 hazai meztelencsiga faj közül tízre lehet rámondani, hogy okoznak valamilyen konyhakerti kárt. Két faj (*Arion vulgaris* = spanyol meztelencsiga és *Deroceras reticulatum* = hálós meztelencsiga) súlyos károkat okozhatnak, valamint nyolc meztelencsiga faj (*Arion fasciatus* = sárgaszalagos meztelencsiga, *Limacus flavus* = pincelakó meztelencsiga, *Limax maximus* = nagy meztelencsiga, *Deroceras agreste* = mezei meztelencsiga, *Deroceras sturanyi* = pörölyös meztelencsiga, *Krynitzkillus melanocephalus* = feketefejű meztelencsiga, *Tandonia budapestensis* = budapesti meztelencsiga, *Tandonia kusceri* = malaccsiga) esett az „enyhe károkat okozhat” kategóriába (Turóci és Páll-Gergely 2025).

Jelen írásban a meztelencsigák (elsősorban a spanyol meztelencsiga) által okozott károkat említjük meg (a rágáskáron túl is), és bemutatjuk a kutatási trendeket.

Károkozás

Rágaskár

Meztelencsigákkal kapcsolatban mindenkinek elsősorban a rágásukkal okozott kár ugrik be legelőször, aminek természetesen van alapja. A spanyol meztelencsiga által okozott kár Magyarországon milliárdos nagyságrendű (Turóci és mtsai 2020b). 43.5 millió fontos (19 és fél milliárd forint) évenkénti, meztelencsigák által okozott kárt becsülték az Egyesült Királyságban csak a repce és búzavetésekben (Nicholls és mtsai 2014).

Meztelencsigák által hordozott paraziták

Az inváziós meztelencsiga fajoknak a szakirodalom szerint szerepe lehet parazita fonálférgek terjedésében, amelyek az angiostrongyliasis nevű betegséget okozhatják különféle állatfajok és az ember esetében (Penagos-Tabares és mtsai 2020, Morgan és mtsai 2021, Dusch és mtsai, 2025). A leginkább veszélyes faj a délkelet-ázsiai eredetű, de most már a trópusi területeken széles körben elterjedt patkány tüdőféreg (*Angiostrongylus cantonensis*), amely emberekben is idézhet elő agyhártyagyulladás (Cowie 2017), és nemrég kimutatták, hogy a mérsékelt övben is képes átvészelni a telet (Anettová és mtsai 2023).

Az emberre veszélyes *Angiostrongylus* fajokat kizárólag patkányok tartják fenn, de Európában még nem észleltek patkány tüdőférget (természetesen Magyarországon sem: Juhász és mtsai 2024). A patkánynak sok férges csigát kell ennie ahhoz, hogy a tüdőben a szaporodóképes párok kialakulhassanak. Ez azt jelenti, hogy a patkányok és a megfelelő csigák találkozási valószínűségének elég magasnak kell lennie ahhoz, hogy a féregpopulációk fennmaradhassanak. Ez leginkább a vízpartokon élő patkányok és csigák esetében valósul meg, ami a trópusokon mindennapos jelenség, de Európában szerencsére a patkány állományok zöme csatornalakó, és ott nincsenek csigák. Így attól egyelőre nem kell tartani, hogy a mérsékelt övben humán egészségügyi problémát okozhat-

nak meztelencsigák által hordozott tüdőférges (Majoros Gábor, pers. comm.).

A hazai spanyol meztelencsigában kimutathatók olyan tüdőférgesek, amelyek pl. kutyákat betegíthetnek meg. Azonban a kutyák *Angiostrongylus* fertőzöttsége Magyarországon meglehetősen ritka. A vadon élő kutyafélékben gyakoribb, de soha semmilyen tünetet nem okoz. Mivel a manapság használt „féreghajtó” szerek túlnyomó többsége eleve elpusztítja a tüdőférgeseket is, egészen kivételes eset az, ha egy gazdával rendelkező kutya tüdőférges lesz (Majoros Gábor, pers. comm.).

Betegségek terjesztése

A meztelencsigák egyéb fertőző növénybetegségek vektoraiként is felléphetnek. Tudjuk például, hogy a *Phytophthora plurivora* és *P. cambivora* fajok életképes hifái és oospórái spanyol meztelencsiga emésztőrendszeréből izolálhatók (Telfer és mtsai 2015). *Clostridium botulinum* baktériummal etetett spanyol meztelencsigák négy napon keresztül ürítették magukból az életképes baktériumokat (Gismervik és mtsai 2014), valamint a *Listeria monocytogenes* baktériumot is terjeszthetik a spanyol meztelencsigák (Gismervik és mtsai 2015). Hozzáteesszük, hogy a puhatestűek szerepe a növényi betegségek terjesztésében sokkal kevésbé kutatott, mint a jobban ismert vektorok (elsősorban rovarok) esetében (Vašutová és mtsai 2019).

Védekezés

Metaldehyd

Az eddig legszélesebb körben használt csigaölő vegyület a metaldehyd. A metaldahiddal kezelt meztelencsigák (és házas rokonaik is) fokozott nyálkatermeléssel válaszolnak és a vízvesztés miatt néhány napon belül elpusztulnak (Campbell és mtsai 2021). Bár a módszer eléggé hatékony csigák ellen, de sajnos rovarokra (Purvis és Bannon 1992), földigilisztákra (Langan és Shaw 2006) és háziállatokra (Cope és mtsai 2006) is végzetes lehet, ezért a környezettudatos konyhakerti gazdálkodás nehezen

fér össze a metaldehid használatával. Továbbá, az anyag könnyen bemosódik a talajvízbe is. Bár az élettani hatása nagyrészt tisztázatlan, az ivóvíz metaldehid-tartalmát mindenképpen csökkenteni kell (Castle és mtsai 2017). Ennek eredményeképpen erősen korlátozták a használatát Magyarországon (2021 óta csak növényvédelmi szakemberek vásárolhatnak metaldehid tartalmú csigaölő szert) és egyéb országokban is (Rae és mtsai 2023).

Phasmarhabditis hermaphrodita

1994 óta van kereskedelmi forgalomban a *Phasmarhabditis hermaphrodita* nevű fonálféreg. Az Egyesült Államokban nem engedélyezték hivatalosan (Denver és mtsai 2024), bár már sikerült kimutatni a jelenlétét (Mc Donnell és mtsai 2018), amely jelzi, hogy már ott is használják. Mivel nemzetközi online áruházakból is rendelhető (pl. Amazon), és a világ bármely pontjára szállítják, a térhódítása nem meglepő. Számos házas és meztelencsiga fajjal kapcsolatban kimutatták, hogy a *Phasmarhabditis hermaphrodita* képes megnövelni a halálózási rátát (meg őshonos, védendő fajok esetében is: Denver és mtsai 2024), míg más fajok rezisztensnek bizonyultak (Rae és mtsai 2023). A hazai meztelencsiga fajok közül a *Deroceras* fajok ellen hatásos, azonban a spanyol meztelencsigának csak a fiataljait képes elpusztítani (Grimm 2002, Antzée-Hyliseth és mtsai 2020). Bár nincs hazai kutatás a módszerrel kapcsolatban, a nemzetközi szakirodalom arra enged következtetni, hogy a *Phasmarhabditis* fonálféreg nem fognak végső megoldást nyújtani a spanyol meztelencsiga elleni küzdelemben. Mindenesetre, ha jelen cikk olvasóinak bármilyen (akár negatív, akár pozitív) tapasztalata van, kérjük, írjanak nekünk.

Magyarországon bevált módszerek

A kártevő meztelencsigák ellen a legjobb módszer még mindig a csapdázásuk vagy öszszeszedésük és elpusztításuk (Turóci és mtsai 2020b). A csapdázás mindennel működik, amely odavonzza a meztelencsigákat. Ez lehet sörcsapda (akár egy mélyebb tál sörrel), vagy egy kereske-

delemben kapható meztelencsiga-csapda. Ezen túl a tejsavó, vagy akár görögdinnyehéj is beválhat, amire összegyűlnek a meztelencsigák. A csapdázás vagy összegyűjtés után a meztelencsigákat legjobb forrázással megölni, mert az gyors és nem okoz semmilyen környezeti terhelést. Többen említették az indiai futókacsák „használatát”, amely ugyan végső megoldást nyújt a meztelencsigákkal szembeni harcban, azonban odafigyelést, és sok plusz munkát jelent a kerttulajdonosoknak (Turóci és mtsai 2020b).

Kutatási trendek

Az „*Arion vulgaris*” kulcsszót beírva Web of Science adatbázisába (2025 október), 133 publikációt találunk. A legfrissebb kutatások elsősorban molekuláris adatok segítségével igyekeznek feltárni a faj inváziójának eredetét, és az egyéb *Arion* fajokkal való rokonsági viszonyait, illetve a rokon fajokkal való hibridizációját. Az *Arion vulgaris* genomját 2022-ben publikálták (Chen és mtsai 2022). Az eredményeik azt mutatják, hogy kb. 93–109 millió évvel ezelőtt a nyelesszemű tudóscsigák evolúciójának egy viszonylag korai időszakában az egész genom megduplázódhatott, amely adhatott egy nagy lökést a szárazföldi életmódra való alkalmazkodáshoz. Tehát egy mezőgazdasági szempontból releváns fajon elvégzett alapkutatás messzire vezető eredményeket is találhat! Az *Arion vulgaris* genomjában a kutatók nagy arányban találtak ugráló géneket (Long interspersed nuclear elements = LINEs). Az *Arion vulgaris* faj esetében az ugráló gének változatossága alacsony, amely arra enged következtetni, hogy a közelmúltban történhetett az arányuk megnövekedése. Ez talán fontos szerepet játszhatott a faj alkalmazkodóképességének megnövekedésében és a stresszrezisztencia elősegítésében. Vég-eredményben ezek állhatnak összefüggésben a faj nagyfokú invázióra való képességében is.

A molekuláris publikációkon túl számos faunisztikai adatot találunk a fajról Európa-és világszerte. Ha a Google Scholar keresőjébe írjuk be az „*Arion vulgaris*” kulcsszót, jóval több publikációt (1660-at!) találunk, hiszen a Google Scholar megtalál különböző nyelven

írt, leggyakrabban új elterjedési adatokat közlő cikkeket is. Számos kutatócsoport a rágás által okozott károkozást kutatta (pl. Kozłowski és mtsai 2019), valamint azt is tudjuk, hogy a sör pontosan melyik komponense vonzza a spanyol meztelencsigát (Piechowicz és mtsai 2018)!

A fajunk a német-francia határvidékről indulva most már Örményországnál tart (Arzumanyan és mtsai 2024). Az egész Európán átvonuló invázió (Zajac és mtsai 2017) közben Magyarországon is gyorsan megtelepült és elterjedt (Varga 2023), óriásai károkat okozva. A kutatás valószínűleg sokáig a megszokott mederben fog folytatódni (molekuláris filogenetikai elemzések, táplálékpreferencia, elterjedési adatok). Azonban meglepő, hogy a puhatestűek kémiai kommunikációja (feromonok szerepe) mennyire alulkutatott, pedig a spanyol meztelencsiga esetén ennek lehetne jelentősége a gyakorlatban is.

IRODALOM

- Anettová, L., A. Šipková, E. Izquierdo-Rodriguez, V. Velič and D. Modrý (2023): Rat lungworm survives winter: experimental overwintering of *Angiostrongylus cantonensis* larvae in European slugs. *Parasitology*, 150(10): 950–955.
- Antzée-Hyliseth, H., V. Trandem, T. Torp and S. Haukeland (2020): Prevalence and parasite load of nematodes and trematodes in an invasive slug and its susceptibility to a slug parasitic nematode compared to native gastropods. *Journal of Invertebrate Pathology*, 173: 107372.
- Arzumanyan, M., V. Zhamakochyan, H. Torosyan, A. Ghrmajyan, M. Arakelyan, S. Nanagulyan, L. Margaryan, S. Aghayan, R.B. Davis and Turóci, Á. (2024): First record of *Arion vulgaris* Moquin-Tandon, 1855 (Arionidae) from Armenia. *Biodiversity Data Journal*, 12: e121176.
- Campbell, A., N. Audsley and G. Port (2021): The fate of *Deroceras reticulatum* following metaldehyde poisoning. *Insects*, 12: 344.
- Castle, G.D., G.A. Mills, A. Gravell, L. Jones, I. Townsend, D.G. Cameron and G.R. Fones (2017): Review of the molluscicide metaldehyde in the environment. *Environmental Science: Water Research & Technology*, 3: 415–428.
- Chen, Z., Ö. Doğan, N. Guiguelmoni, A. Guichard and M. Schrödl (2022): Pulmonate slug evolution is reflected in the de novo genome of *Arion vulgaris* Moquin-Tandon, 1855. *Scientific Reports*, 12(1): 14226.
- Cope, R.B., K.S. White, E. More, E. Holmes, A. Nair, P. Chauvin and A. Ocken (2006): Exposure to treatment interval and clinical severity in canine poisoning: a retrospective analysis at a Portland veterinary emergency center. *J Vet Pharmacol Ther* 29:233–236.
- Cowie, R.H. (2017): *Angiostrongylus cantonensis*: agent of a sometimes fatal globally emerging infectious disease (rat lungworm disease). *ACS Chemical Neuroscience*, 8: 2102–2104.
- Denver, D., D.K. Howe, A.J. Colton, C.H. Richart and R.J. McDonnell (2024): The biocontrol nematode *Phasmarhabditis hermaphrodita* infects and increases mortality of *Monadenia fidelis*, a non-target terrestrial gastropod species endemic to the Pacific Northwest of North America, in laboratory conditions. *PLoS ONE*, 19(3): e0298165. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0298165>
- Dusch, A., L. Segeritz, J. Schmiedel, A. Taubert and C. Hermosilla (2025): Re-Evaluation of a Hyperendemic Focus of Metastrongyloid Lungworm Infections in Gastropod Intermediate Hosts in Southern Germany. *Pathogens*, 14(8): 800.
- Gismervik, K., T. Bruheim, L.M. Rørvik, S. Haukeland and I. Skaar (2014): Invasive slug populations (*Arion vulgaris*) as potential vectors for *Clostridium botulinum*. *Acta Veterinaria Scandinavica*, 56: 65.
- Gismervik, K., M. Aspholm, L.M. Rørvik, T. Bruheim, A. Andersen and I. Skaar (2015): Invading slugs (*Arion vulgaris*) can be vectors for *Listeria monocytogenes*. *Journal of Applied Microbiology*, 118(4): 809–816.
- Grimm, B. (2002): Effect of the nematode *Phasmarhabditis hermaphrodita* on young stages of the pest slug *Arion lusitanicus*. *Journal of Molluscan Studies*, 68: 25–28.
- Juhász, A., T. Tóth, C.J. Eldridge and G. Majoros (2024): The first survey of endoparasite infection in the brown rat (*Rattus norvegicus*) from a synanthropic environment in Hungary. *Veterinary Parasitology: Regional Studies and Reports*, 56: 101141.
- Kozłowski, J., M. Jaskulska and M. Kozłowska (2019): Grazing behaviour of slugs (Gastropoda: Arionidae, Agriolimacidae) on the aboveground and underground organs of potato plants. *Potato Research*, 62(3): 239–251.
- Langan, A.M. and E.M. Shaw (2006): Responses of earthworm *Lumbricus terrestris* (L.) to iron phosphate and metaldehyde slug pellet formulations. *Applied Soil Ecology*, 34: 184–189.
- McDonnell, R.J., M.S. Lutz, D.K. Howe and D.R. Denver (2018): First report of the gastropod-killing nematode, *Phasmarhabditis hermaphrodita*, in Oregon, USA. *Journal of Nematology*, 50: 77–78.
- Morgan, E.R., D. Modry, C. Paredes-Esquivel, P. Foronda and D. Traversa (2021): *Angiostrongylosis* in Animals and Humans in Europe. *Pathogens*, 10(10): 1236.
- Nicholls, C.J. (2014): Implications of Not Controlling Slugs in Oilseed Rape and Wheat in the UK <https://cereals.ahdb.org.uk/publications/2014/march/10/implications-of-not-controlling-slugs-in-oilseedrape-and-wheat-in-the-uk.aspx>.

- Penagos-Tabares, F., K.M. Groß, J. Hirzmann, C. Hoos, M.K. Lange, A. Taubert and C. Hermosilla (2020): Occurrence of canine and feline lungworms in *Arion vulgaris* in a park of Vienna: First report of autochthonous *Angiostrongylus vasorum*, *Aelurostrongylus abstrusus* and *Troglostrongylus brevior* in Austria. *Parasitology Research*, 119(1): 327–331.
- Piechowicz, B., P. Grodzicki, P. Ząbkiewicz, A. Sobczyk, A. Dąbrowska, I. Piechowicz and L. Zaręba (2018): Components of the smell of beer as enticing factor for invasive slugs *Arion lusitanicus* non-Mabille. *Ecological Chemistry and Engineering*. 25(2): 133–151.
- Pintér L. és Suara R. (2004): Magyarországi puhatestűek katalógusa hazai malakológusok gyűjtései alapján. In: Fehér Z. és Gubányi A. (szerk.): A magyarországi puhatestűek elterjedése II. Magyar Természettudományi Múzeum, Budapest
- Purvis, G. and Bannon, J.W. (1992): Non-target effects of repeated methiocarb slug pellet application on carabid beetle (Coleoptera: Carabidae) activity in winter-sown cereals. *Annals of Applied Biology*, 121: 401–422.
- Rae, R., L. Sheehy and K. McDonald-Howard (2023): Thirty years of slug control using the parasitic nematode *Phasmarhabditis hermaphrodita* and beyond. *Pest Management Science*, 79(10): 3408–3424.
- Telfer, K.H., M.B. Brurberg, S. Haukeland, A. Stensvand and V. Talgø (2015): *Phytophthora* survives the digestive system of the invasive slug *Arion vulgaris*. *European Journal of Plant Pathology*, 142: 125–132.
- Turóci, Á., Z. Fehér, V. Krízis and Páll-Gergely, B. (2020a): Two new alien slugs, *Krynickyllus melanocephalus* Kaleniczenko, 1851 and *Tandonia kusceri* (H. Wagner, 1931), are already widespread in Hungary. *Acta Zoologica Academiae Scientiarum Hungaricae*, 66(3): 265–282.
- Turóci Á., Fehér Z., Varga A., Zsigó Gy. és Páll-Gergely B. (2020b): A spanyol meztelencsiga (*Arion vulgaris* Moquin-Tandon, 1855) gazdasági károkozása és a védekezés lehetőségei. *Növényvédelem*, 81 [N.S. 56] (8): 361–369.
- Turóci, Á., J.M.C. Hutchinson, B. Schlitt, H. Reise, M. Rapala and Páll-Gergely, B. (2023): Five new introduced terrestrial slugs in Hungary. *Bioinvasions Records*, 12(3): 711–729.
- Turóci Á. és Páll-Gergely B. (2025): Magyarország Meztelencsigái. HUN-REN Agrártudományi Kutatóközpont, Martonvásár.
- Turóci, Á., J.M.C. Hutchinson, B. Schlitt, R. Vidéki, R. Farkas, M.Z. Németh, K. Borostyán, and Páll-Gergely, B. (2025): First records of *Arion intermedius* and *Arion transsylvanus* (Stylomatophora: Arionidae) in Hungary. *Ecologica Montenegrina*, 83: 12–28.
- Varga A. (2023): Az *Arion vulgaris* (Moquin-Tandon, 1855) magyarországi terjedésének első évtizedei (1986-2010)–Adatgyűjtés amatőr kutatók bevonásával („citizen science”). *Folia historico-naturalia Musei Matraensis*, 47: 7–28.
- Vašutová, M., P. Mlecško, A. López-García, I. Macek, G. Boros, J. Ševčík, S. Fujii, D. Hackenberg, I.H. Tuf, E. Hornung, B. Páll-Gergely, B. and R. Kjeller (2019): Taxi drivers: the role of animals in transporting mycorrhizal fungi. *Mycorrhiza*, 29(5): 413–434.
- Zajac, K.S., M. Gawel, A. Filipiak and P. Kramarz (2017): *Arion vulgaris* Moquin-Tandon, 1855—the aetiology of an invasive species. *Folia Malacologica*, 25(2): 81–93.

DOMESTIC AND INTERNATIONAL SLUG RESEARCH: QUESTIONS, TRENDS AND CHALLENGES

B. Páll-Gergely and Á. Turóci

HUN-REN Centre for Agricultural Research, Plant Protection Institute, 2462 Martonvásár Brunszvik u. 2, Hungary

175 terrestrial molluscs can be found in Hungary, out of which 33 are slugs. 9 species new to the fauna has been reported since 2018 and a comprehensive monographic guide has also been released, which contains all our current knowledge about every Hungarian slug species. Slugs are primarily known to be as agricultural pests but they can be vectors of serious parasites, bacteria and fungi (*Angiostrongylus* species, *Clostridium botulinum*, *Listeria monocytogenes*, *Phytophthora* species). Nowadays, a parasite nematode (*Phasmarhabditis hermaphrodita*) is more commonly used as a potential control method against slugs. Latest trends in research show that transposable genetic elements might play a great role in the growth of adaptivity and stress resistance of the Spanish slug, the most dangerous slug pest.

Keywords: Gastropoda, new species to the fauna, agricultural damage, vectors of parasites, control methods, transposable genetic elements

Érkezett: 2025. október 29.

ALTERNARIA GOMBANEMZETSÉG A SZŐLŐBEN: AZ ALTERNARIA SECT. ALTERNARIA SOKFÉLESÉGÉNEK ÉS SPECIALIZÁLT ANYAGCSERETERMÉK TERMELÉSÉNEK VIZSGÁLATA

Molnár Anna¹, Knapp G. Dániel^{2,3}, Lovas Miklós¹, Tóth Gergő^{2,4}, Boldizsár Imre^{2,5},
Váczy Kálmán Zoltán¹ és Kovács M. Gábor^{2,6}

¹Eszterházy Károly Katolikus Egyetem, Kutatási és Fejlesztési Központ, Élelmiszertudományi és Borászati Tudásközpont, 3300 Eger Leányka utca 8.

²Eötvös Loránd Tudományegyetem, Biológiai Intézet, Növénysszervezettani Tanszék, 1117 Budapest Pázmány Péter sétány 1/C.

³Department of Forestry and Wood Technology, Linnaeus University, Växjö, Sweden

⁴Semmelweis Egyetem, Gyógyszerészi Kémiai Intézet, 1092 Budapest Hőgyes Endre utca 9.

⁵Semmelweis Egyetem, Farmakognózi Intézet, 1085 Budapest Üllői út 26.

⁶HUNREN Agrártudományi Kutatóközpont, Növényvédelmi Intézet, 1525 Budapest
E-mail: molnar.anna@uni-eszterhazy.hu

Az *Alternaria* nemzetség morfológiailag és ökológiailag változatos gombák csoportja, amelyek között szaprotróf, endofiton és növénypatogén fajok egyaránt megtalálhatók. Számos fajuk képes fertőzni különféle kultúrnövényeket a vegetációs időszak során, valamint a betakarítást követően is, gyakran jelentős mezőgazdasági veszteségeket okozva. Több *Alternaria* faj is ismert olyan specializált anyagcseretermékek szintéziséről, amelyek kulcsfontosságúak mind növényvédelemi, mind élelmiszerbiztonsági szempontból. Az *Alternaria* fajok a szőlő (*Vitis vinifera*) endofiton gombaközösségének meghatározó tagjai. Korábbi kutatások szerint a szőlőben élő *Alternaria* fajok többsége a nemzetség *Alternaria* szekciójába tartozik, azonban a szekció diverzitásával és metabolit termelésével kapcsolatban kevés információ áll rendelkezésünkre. Kutatómunkánk során célunk volt a szőlő egészséges, föld feletti szöveteiben előforduló endofiton *Alternaria* izolátumok filogenetikai kapcsolatainak és specializált anyagcseretermék termelésének vizsgálata.

A szőlő egészséges hajtásaiból származó *Alternaria* izolátumok esetében több lókuszon alapuló (ITS, rpb2, Alt a 1, endoPG, OPA10-2, KOG1058) filogenetikai elemzést végeztünk. Folyadékkromatográfiával kapcsolt tömegspektrometria (LC-MS) segítségével azonosítottuk az izolátumok által termelt specializált anyagcseretermékeket, valamint meghatároztuk az izolátumok metabolit profiljait. A molekuláris filogenetikai elemzés a szőlőben két különálló csoportot tárt fel az *Alternaria* szekción belül, az *A. alternata* fajt és az *A. arborescens* fajkomplexumot, melyeket az előzetes, ITS szekvenciákon alapuló elemzésben egy fajnak tekintettünk (*A. alternata*). A nem célzott metabolomikai adatok a két csoport elkülönülését megerősítették, emellett azonosításra került nyolc *Alternaria*-specifikus anyagcseretermék, melyek közül kettő (*altenuén*, *tenuazonsav*) mennyisége szignifikánsan eltért a két csoport között.

Kulcsszavak: *V. vinifera*, *Alternaria* sect. *Alternaria*, molekuláris filogenetika, nem célzott metabolomika

A szőlőben előforduló gombaközösségeket vizsgáló kutatások többsége elsősorban a növénypatogén fajokra összpontosít. Bár több tanulmány is foglalkozott már az endofiton gombák és növények kapcsolatával, sokfé-

leségükről, ökológiai szerepüktől, valamint bizonyos betegségek kialakulására vagy megelőzésére gyakorolt hatásukról még mindig meglehetősen kevés ismerettel rendelkezünk (González és Tello 2011). Az endofiton gombák

életük legalább egy szakaszában jelen vannak a gazdanövényben anélkül, hogy látható betegségtüneteket okoznának (Petrini 1991). Emellett hatással lehetnek a terméshozamra és a termés kémiai összetételére is (Pacífico és mtsai 2019), ezért különösen fontos, hogy jobban megértsük ezeknek a gombáknak a szerepét a szőlő mikrobiótájában.

A szőlő szöveteiben élő endofiton gombákat vizsgáló tanulmányok többsége alapján úgy tűnik, hogy az *Alternaria* nemzetség (ezen belül is az *Alternaria* szekció) tagjai a leggyakoribb szőlő-endofitonok közé tartoznak (pl. Pancher és mtsai 2012, Pinto és mtsai 2014, Dissanayake és mtsai 2018, Jayawardena és mtsai 2018, Liu és Howell 2021, Knapp és mtsai 2021). A kozmopolita *Alternaria* nemzetséget nem csupán endofiton, de szaprotróf és patogén gombafajok is alkotják (Polizzotto és mtsai 2012). A növényi kórokozó *Alternaria* fajok számos, az élelmiszeripar számára is fontos növényt képesek fertőzni, gyakran valamilyen gazdanövény csoportra vagy gazdanövény fajra specializálódva (Dongó 2005). Az *Alternaria* fajok által okozott betegségek elsősorban a leveleken, a virágokon, terméseken és a száron jelennek meg barna vagy fekete foltosság, vagy nekrózis formájában (MacKinnon és mtsai 1999).

Az *Alternaria* fajok azonosítása hagyományosan a konídiumok morfológiai sajátosságain, a telepmorfológián, valamint a gazdaspecifitáson alapult (Pinto és Patriarca, 2017). Ugyanakkor a morfológiai bélyegek – különösen a kisspórás taxonok esetében – jelentős átfedést mutattak, ami a fajok egyértelmű elkülönítését gyakran megnehezíti (Zhu és Xiao 2015). A probléma feloldásában jelentős előre lépést hozott a több lókuszt filogenetikai elemzésén alapuló megközelítések alkalmazása, amelyek révén számos faj rendszertani státusza pontosításra került, és új fajokat különítettek el (Woudenberg és mtsai 2015). A molekuláris filogenetikai módszerek mellett az *Alternaria* fajok elkülönítésében eredményesen alkalmaztak olyan nagy felbontású kromatográfiás technikákat is, amelyek a specializált anyagcseretermékek kvalitatív és kvantitatív elemzésén alapultak (Andersen és mtsai 2015, Andersen és

Thrane 1996). Ezen vizsgálatok eredményei azt jelzik, hogy a metabolitprofil-analízis hasznos információval szolgálhat az *Alternaria* nemzetség tagjainak rendszerezésében.

Jelen vizsgálatunk célja az *Alternaria* nemzetségbe tartozó endofiton gombák diverzitásának feltárása volt, amelyek különböző szőlőfajták betegség tünetet nem mutató hajtásaiban fordulnak elő az Egri borvidéken. A kutatás során elsősorban *Alternaria* izolátumok begyűjtésére és azok taxonómiai azonosítására törekedtünk több lókuszt tartalmazó molekuláris filogenetikai elemzések alkalmazásával. Emellett arra kerestük a választ, hogy a specializált anyagcseretermékek alapján végzett, nem célzott metabolitprofil-analízis alátámasztja-e a filogenetikai vizsgálatok során kapott eredményeket.

Anyagok és módszerek

Endofiton gombák tenyésztése, az izolátumok azonosítása

Az egészséges szőlő levél- és fürtmintáinak begyűjtése szeptember-november hónapokban történt az Egri borvidék hét különböző dűlőjében 2019-ben, steril eszközök segítségével. A mintákat 0,5–1 cm-es darabokra vágtuk, 1 percig 30%-os H_2O_2 -ban, majd 1 percig 70%-os etanolban mostuk, ezt követően steril csapvízben kétszer 2–3 percig mostuk, majd PDA táptalajra helyeztük és 25 °C-on inkubáltuk. Az 1–7 nap alatt megjelenő micéliumot friss PDA-ra oltottuk át. A tiszta tenyészetekből a genomi DNS-t NucleoSpin Plant II kit (MACHEREY-NAGEL, Németország) segítségével izoláltuk. A gombák azonosítását az nrDNS internal transcribed spacer (ITS) genomi lókuszt amplifikálásával és szekvenálásával végeztük. A polimeráz láncreakció (PCR) profilokat és a reakciók során alkalmazott primereket (lásd: Molnár és mtsai 2023). A PCR-termékek szekvenálását az Eurofins Genomics GmbH (Ebersberg, Németország) végezte. A kapott elektroforegramokat a Staden szoftver PREGAP4 és GAP4 programjaival ellenőriztük és javítottuk (Staden és mtsai 2000) majd a szekvenciákat nyilvános adatbázi-

sokban elérhető szekvenciákkal vetettük össze BLASTn kereső segítségével (2020.11.15.) (Altschul és mtsai 1990).

Több lókuszon alapuló filogenetikai elemzés

Azoknak az izolátumoknak az esetében, amelyeket az ITS szekvencia alapján az *Alternaria* szekció tagjaként azonosítottunk, további öt genomi lókuszt – az RNS-polimeráz II második legnagyobb alegysége (*rpb2*), az *Alternaria* major allergén (az *Alternaria* fajok által termelt fő allergén, *Alt a 1*), az endopoligalakturonáz (*endoPG*), egy 800 bázispárnyi anonim, nem kódoló régió (OPA10-2), valamint a KOG1058 – szekvenciáját is bevontuk a többlókuszos filogenetikai elemzésbe. A PCR profilok, a szekvenciák elemzése és szerkesztése megegyeztek az előző fejezetben leírtakkal. A szekvenciákat a MAFFT 7 program online verziójával (Katoh és Standley 2013) illesztettük. A Bayes elemzést a MRBAYES 3.2.1 (Ronquist és Huelsenbeck 2003) programmal, a maximum likelihood (ML) filogenetikai elemzést a RAXMLGUI 1.3 segítségével végeztük (Silvestro és Michalak 2010, Stamatakis 2014). Az ITS szekvenciák alapján az *Alternaria* szekcióba sorolt izolátumaink és a GenBank adatbázisából származó referencia szekvenciák (Woudenberg és mtsai 2015) molekuláris filogenetikai elemzéséhez három adatsort használtunk: (1) hat lókuszon alapulót (ITS, *rpb2*, *Alt a 1*, *endoPG*, OPA10-2, KOG1058) saját izolátumainkból; (2) öt lókuszon alapulót (ITS, *rpb2*, *Alt a 1*, *endoPG*, OPA10-2) saját és referencia izolátumokból; (3) hét lókuszon alapulót (ITS, *rpb2*, *Alt a 1*, *endoPG*, OPA10-2, *tef1*, *gapdh*), amelyben öt saját, hét pedig referencia izolátumból származott.

Specializált anyagcseretermékek vizsgálata

Az *Alternaria* izolátumok metabolit-profiljának meghatározásához az izolátumokat három ismétlésben tenyésztettük PDA táptalajon, szobahőmérsékleten, sötétben, 21 napig. A tenyészeteket a PDA táptalajjal együtt liofilizáltuk és porítottuk, majd metanolos kivonatokot készítettünk. Az *Alternaria* izolátumok kivonataiban jelenlévő vegyületek azonosítására Dionex Ultimate 3000 UHPLC rendszerhez

elektrospray ionizációs interfésszel (ESI) csatlakoztatott, Orbitrap Q Exactive Focus nagyfelbontású tömegspektrométert (Thermo Fischer Scientific, Waltham, MA, USA) használtunk. A nem célzott tömegspektrometriai elemzés során az MS adatokat az MZmine 3 szoftver (Schmid és mtsai 2023) segítségével dolgoztuk fel. A pozitív és negatív MS adatokból nyert komponenslisták polaritásonként külön kerültek statisztikai elemzésre R programozási környezetben (R Core Team 2020), melynek során parciális legkisebb-négyzetek módszerén alapuló diszkriminancia elemzést (PLS-DA) végeztünk a *mixOmics* csomaggal.

Eredmények

Alternaria törzsgyűjtemény

Az endofiton gombák a szőlő egészséges föld feletti szöveteiből való tenyésztése során 570 izolátumot gyűjtöttünk. Az ITS szekvenciák elemzése alapján az izolátumok közül 270-et *A. alternata* fajként azonosítottuk. Az *rpb2* szekvenciájának filogenetikai elemzését követően 173 reprezentatív izolátumot választottunk ki további, több lókuszon alapuló filogenetikai, valamint nem célzott metabolomikai analízis elvégzéséhez.

Az Alternaria törzsgyűjtemény több lókuszon alapuló filogenetikai vizsgálata

A hat genomi lókuszon alapuló filogenetikai elemzés során a 173 izolátum többsége egy fő csoportot alkotott, szekvenciáik közel azonosak voltak. Egy 26 izolátumot tartalmazó csoport azonban ezektől erős támogatottsággal (Bayes-analízis, Posterior Probability=1, Maximum Likelihood Bootstrap=96%) különvált.

Az öt genomi lókuszt tartalmazó elemzés során az összes izolátum az *A. alternata* és az *A. arborescens* fajkomplexum (AASC) referencia taxonjaival sorolódott egy csoportba, az *Alternaria* sect. *Alternaria* más tagja nem volt jelen a mintáink között. Az izolátumok többsége az *A. alternata* leszármazási vonallal csoportosult, az AASC csoport (B-PP=1, ML-BS=65%) 26 izolátumot foglalt magába,

mely csoport megegyezett a hat lókuszon alapuló elemzésben feltárttal.

Hasonló elrendeződést figyeltünk meg a hét lókuszon alapuló filogenetikai elemzés során is. Mintáink többsége az *A. alternata* referencia szekvenciákkal, 26 izolátumunk az AASC referencia szekvenciákkal csoportosult (B-PP=0.99, ML-BS=99%) (1. ábra).

Specializált anyagcseretermékek

A nem célzott metabolomikai elemzés során kapott metabolikus adatokból kétkomponensű PLS-DA modellt építettünk. Ennek segítségével sikeresen elkülöníthető volt a két mintacsoport, ami arra utal, hogy egyes metabolitok koncentrációjában fajspecifikus jellegzetességek figyelhetők meg (2. ábra).

MS és UV adatok alapján a kivonatokból összesen nyolc *Alternaria*-specifikus metabolitot azonosítottunk: alternarienonsav, alternarian sav, altenuén, tenuazonsav, altenusin, alternariol, 4-hidroxialternariol-metil-éter, és alternariol-monometil-éter. Ugyan eltérő koncentrációban, de az összes kivonat tartalmazta ezeket a vegyületeket, és az egyes fajok/mintacsoportok között nem találtunk jelentős különbséget. Két vegyület (altenuén és tenuazonsav) koncentrációja azonban több klád esetén jelentősen eltért a két csoport között (3. ábra).

Megvitatás

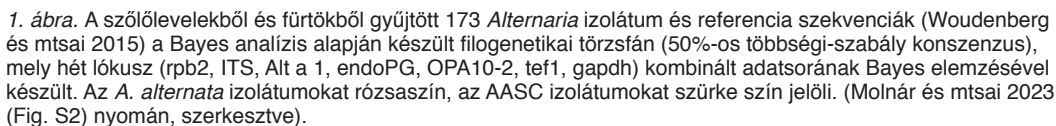
A szőlő változatos endofiton gombaközösségeknek nyújt élőhelyet, amelyek összetételét tenyésztésen alapuló és attól független módszerekkel végzett kutatások is vizsgálták. Ezen vizsgálatok eredményei arra utalnak, hogy az *Alternaria* sect. *Alternaria* képviselői, valamint más rokon *Alternaria* fajok nemcsak gyakori tagjai ennek a közösségnek, hanem egyben a szőlő „core microbiome” meghatározó tagjai Pancher és mtsai 2012, Pinto és mtsai 2014, Dissanayake és mtsai 2018, Jayawardena és mtsai 2018, Liu és Howell 2021, Knapp és mtsai 2021).

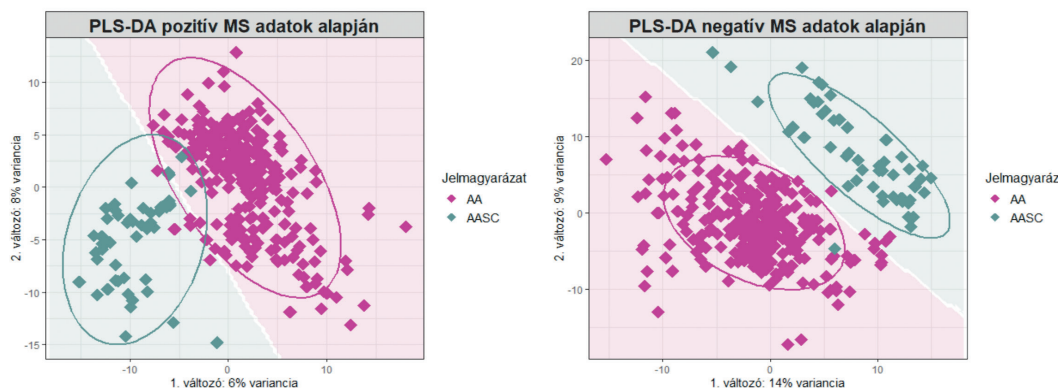
A több lókuszt tartalmazó filogenetikai vizsgálatok két, jól elkülönülő csoportot tártak fel: az *A. alternata* fajt és az *A. arborescens* fajkomplexumot, amelyeket korábban ITS-alapú elemzésünkben még egyetlen fajként azonosítottunk. Bár a

két csoport taxonómiaiilag különbözik, ismert gazdanövényeik, biológiai sajátosságai és morfológiai jellemzőik hasonlóak. Eredményeink összhangban állnak Lorenzini és Zapparoli (2014), valamint Tao és mtsai (2014) megfigyeléseivel, akik a szőlőből származó *Alternaria* izolátumokat szintén ezen két csoport tagjaiként azonosították. Tao és mtsai (Tao és mtsai 2014) emellett egy új fajt is leírtak (*A. viniferae*) fürtkocsányból izolálva, amely közeli filogenetikai rokonságot mutat az *A. longipes*, *A. alternata* fajokkal és *A. arborescens* fajkomplexummal.

Polizzotto és mtsai (2012) tanulmányában a szőlő hajtásaiból izolált *Alternaria* törzsek az *A. arborescens* fajkomplexumhoz, illetve az *A. tenuissima* fajcsoporthoz tartoztak, ami arra utal, hogy az általunk kimutatott két csoporton kívül más kisszpórás *Alternaria* fajok is előfordulhatnak a szőlőben. Dissanayake és mtsai (2018) ezzel szemben a szőlő szárából származó összes *Alternaria* izolátumot *A. alternata*-ként azonosították. Eredményeink megerősítik, hogy nem minden genomi lókuszt – még ha más gombanemzetségek esetében alkalmas is fajszintű elkülönítésre – biztosít megfelelő felbontást az *Alternaria* szekció tagjai között. Ugyanakkor az informatívabb régiók kombinálása több lókuszon alapuló filogenetikai elemzéssel nagyban hozzájárulhat a fajok pontosabb meghatározásához.

A molekuláris filogenetikai elemzéseink által feltárt elkülönülést az *A. alternata* és az *A. arborescens* fajkomplexum között a nem célzott metabolomikai vizsgálatok eredményei alapuló PLS-DA modell is megerősítette (2. ábra). Emellett nyolc ismert specializált anyagcsereterméket azonosítottunk szőlőből származó *Alternaria* izolátumokban: alternarienonsav, alternariansav, altenuén, tenuazonsav, altenusin, alternariol, 4-hidroxialternariol-metil-éter és alternariol-monometil-éter (3. ábra). Ezek közül az altenuént, az tenuazonsavat, az altenusint, az alternariolt és az alternariol-monometil-étért korábbi tanulmányok is kimutatták különböző szőlőszövetekből izolált *Alternaria* fajokban (Tančinová és mtsai 2016, Prendes és mtsai 2017, Stranska és mtsai 2022). Habár ezen metabolitok többsége minden mintában



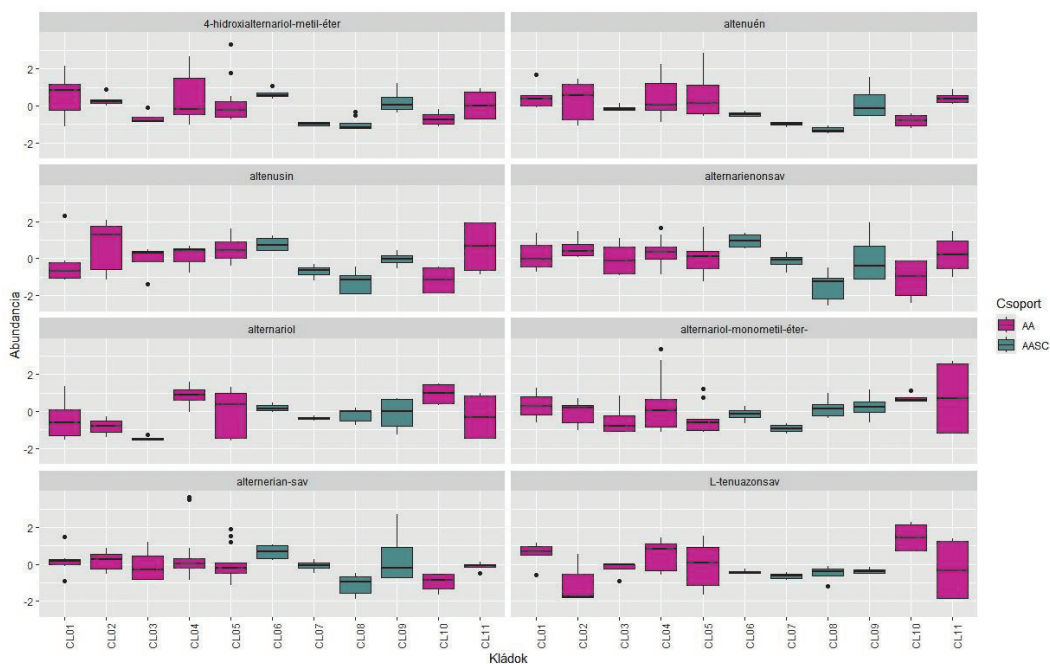


2. ábra. A reprezentatív *Alternaria* izolátumok által termelt specializált metabolitok PLS-DA elemzésének eredményei. Mintacsoportok: *A. alternata* (AA) és *A. arborescens* fajkomplexum (AASC) (Molnár és mtsai 2023 (Fig. 2) nyomán, szerkesztve).

hasonló koncentrációban volt jelen, az altenuén és az tenuazonsav mennyisége szignifikáns különbséget mutatott az *A. alternata* és az *A. arborescens* csoportok között, ezzel megerősítve azon megállapításunkat, mely szerint a két csoport metabolikus jellemzői is elkülönülnek.

Összegzőként elmondható, hogy a több genomi lókuszon alapuló filogenetikai elemzé-

sek és a gombák metabolit termelésének vizsgálatát célzó módszerek együttes alkalmazása hatékony megközelítést nyújt az olyan nehezen elkülöníthető gombacsoportok, mint az *Alternaria* sect. *Alternaria* tagjainak fajsztű azonosításához. A kombinált módszertan elősegítheti a taxonómiai meghatározás pontosságát és a biológiai sajátosságok jobb megértését.



3. ábra. A nyolc azonosított *Alternaria*-specifikus specializált anyagcseretermék mennyiségei az egyes kládokban, dobozdiagrammal ábrázolva. Az abundancia értékeket normalizált csúcs alatti területekként jelentettük meg (Molnár és mtsai 2023 (Fig. S8) nyomán, szerkesztve).

Köszönetnyilvánítás

A projekt a Kulturális és Innovációs Minisztérium EKÖP-24 kódszámú Egyetemi Kutatói Ösztöndíj Programjának a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Alapból finanszírozott szakmai támogatásával készült.

IRODALOM

- Altschul, S. F., Gish, W., Miller, W., Myers, E. W. and Lipman, D. J. (1990): Basic local alignment search tool. *Journal of Molecular Biology*, 215(3): 403–410. [https://doi.org/10.1016/S0022-2836\(05\)80360-2](https://doi.org/10.1016/S0022-2836(05)80360-2)
- Andersen, B., Nielsen, K. F., Fernández Pinto, V. and Patriarca, A. (2015): Characterization of *Alternaria* strains from Argentinean blueberry, tomato, walnut and wheat. *International Journal of Food Microbiology*, 196: 1–10. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2014.11.029>
- Andersen, B. and Thrane, U. (1996): Differentiation of *Alternaria infectoria* and *Alternaria alternata* based on morphology, metabolite profiles, and cultural characteristics. *Canadian Journal of Microbiology*, 42(7): 685–689. <https://doi.org/10.1139/m96-093>
- Dissanayake, A. J., Purahong, W., Wubet, T., Hyde, K. D., Zhang, W., Xu, H., Zhang, G., Fu, C., Liu, M., Xing, Q., Li, X. and Yan, J. (2018): Direct comparison of culture-dependent and culture-independent molecular approaches reveal the diversity of fungal endophytic communities in stems of grapevine (*Vitis vinifera*). *Fungal Diversity*, 90(1): 85–107. <https://doi.org/10.1007/s13225-018-0399-3>
- González, V. and Tello, M. L. (2011): The endophytic mycota associated with *Vitis vinifera* in Central Spain. *Fungal Divers*, 47: 29–42.
- Jayawardena, R. S., Purahong, W., Zhang, W., Wubet, T., Li, X., Liu, M., Zhao, W., Hyde, K. D., Liu, J. and Yan, J. (2018): Biodiversity of fungi on *Vitis vinifera* L. revealed by traditional and high-resolution culture-independent approaches. *Fungal Diversity*, 90(1): 1–84. <https://doi.org/10.1007/s13225-018-0398-4>
- Katoh, K. and Standley, D. M. (2013): MAFFT multiple sequence alignment software version 7: Improvements in performance and usability. *Molecular Biology and Evolution*, 30(4): 772–780. <https://doi.org/10.1093/molbev/mst010>
- Knapp, D. G., Lázár, A., Molnár, A., Vajna, B., Karácsony, Z., Váczy, K. Z. and Kovács, G. M. (2021): Above-ground parts of white grapevine cv. Furmint share core members of the fungal microbiome. *Environmental Microbiology Reports*, 13(4): 509–520. <https://doi.org/10.1111/1758-2229.12950>
- Liu, D. and Howell, K. (2021): Community succession of the grapevine fungal microbiome in the annual growth cycle. *Environmental Microbiology*, 23(4): 1842–1857. <https://doi.org/10.1111/1462-2920.15172>
- Lorenzini, M. and Zapparoli, G. (2014): Characterization and pathogenicity of *Alternaria* spp. Strains associated with grape bunch rot during post-harvest withering. *International Journal of Food Microbiology*, 186, 1–5. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2014.06.008>
- MacKinnon, S. L., Keifer, P. and Ayer, W. A. (1999): Components from the phytotoxic extract of *Alternaria brassicicola*, a black spot pathogen of canola. *Phytochemistry*, 51(2), 215–221. [https://doi.org/10.1016/S0031-9422\(98\)00732-8](https://doi.org/10.1016/S0031-9422(98)00732-8)
- Molnár, A., Knapp, D. G., Lovas, M., Tóth, G., Boldizsár, I., Váczy, K. Z. and Kovács, G. M. (2023): Untargeted metabolomic analyses support the main phylogenetic groups of the common plant-associated *Alternaria* fungi isolated from grapevine (*Vitis vinifera*). *Scientific Reports*, 13(1): 19298.
- Pacifico, D., Squartini, A., Crucitti, D., Barizza, E., Lo Schiavo, F., Muresu, R., Carimi, F. and Zottini, M. (2019): The role of the endophytic microbiome in the grapevine response to environmental triggers. *Front. Plant Sci.*, 10, 1256. <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.01256>
- Pancher, M., Ceol, M., Corneo, P. E., Longa, C. M. O., Yousaf, S., Pertot, I. and Campisano, A. (2012): Fungal Endophytic Communities in Grapevines (*Vitis vinifera* L.) Respond to Crop Management. *Applied and Environmental Microbiology*, 78(12): 4308–4317. <https://doi.org/10.1128/AEM.07655-11>
- Petrini, O. (1991): Fungal endophytes of tree leaves. In: Andrews J. H. and Hirano, S.S. (Eds), *Microbial ecology of leaves*. Springer-Verlag, New York, pp. 179–197. https://doi.org/10.1007/978-1-4612-3168-4_9
- Pinto, C., Pinho, D., Sousa, S., Pinheiro, M., Egas, C. and Gomes, A. C. (2014): Unravelling the Diversity of Grapevine Microbiome. *PLOS ONE*, 9(1): e85622. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0085622>
- Pinto, V. E. F. and Patriarca, A. (2017): *Alternaria* Species and Their Associated Mycotoxins. In: Moretti, A. and Susca, A. (Eds), *Mycotoxigenic Fungi: Methods and Protocols*, pp. 13–32. Springer. https://doi.org/10.1007/978-1-4939-6707-0_2
- Polizzotto, R., Andersen, B., Martini, M., Grisan, S., Assante, G. and Musetti, R. (2012): A polyphasic approach for the characterization of endophytic *Alternaria* strains isolated from grapevines. *Journal of Microbiological Methods*, 88(1): 162–171. <https://doi.org/10.1016/j.mimet.2011.11.009>
- Prendes, L. p., Zachetti, V. G. L., Pereyra, A., Morata de Ambrosini, V. I. and Ramirez, M. L. (2017): Water activity and temperature effects on growth and mycotoxin production by *Alternaria alternata* strains isolated from Malbec wine grapes. *Journal of Applied Microbiology*, 122(2): 481–492. <https://doi.org/10.1111/jam.13351>
- Ronquist, F. and Huelsenbeck, J. P. (2003). MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. *Bioinformatics*, 19(12): 1572–1574. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btg180>

- Schmid, R., Heuckeroth, S., Korf, A., Smirnov, A., Myers, O., Dyrland, T. S., Bushuiev, R., Murray, K. J., Hoffmann, N., Lu, M., Sarvepalli, A., Zhang, Z., Fleischauer, M., Dührkop, K., Wesner, M., Hoogstra, S. J., Rudt, E., Mokshyna, O., Brungs, C., ... and Pluskal, T. (2023): Integrative analysis of multimodal mass spectrometry data in MZmine 3. *Nature Biotechnology*, 41(4): 447–449. <https://doi.org/10.1038/s41587-023-01690-2>
- Silvestro, D. and Michalak, I. (2010): raxmlGUI: A graphical front-end for RaxML. *Organisms Diversity and Evolution*, 12: 1–3. <https://doi.org/10.1007/s13127-011-0056-0>
- Staden, R., Beal, K. F. and Bonfield, J. K. (2000): The Staden package, 1998. *Methods in Molecular Biology* (Clifton, N.J.), 132: 115–130. <https://doi.org/10.1385/1-59259-192-2:115>
- Stamatakis, A. (2014): RAXML version 8: A tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies. *Bioinformatics* (Oxford, England), 30(9): 1312–1313. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu033>
- Stranska, M., Dzuman, Z., Prusova, N., Behner, A., Kolouchova, I., Lovecka, P., Rezanka, T., Kolarik, M. and Hajslova, J. (2022): Fungal endophytes of *Vitis vinifera*—plant growth promoters or potentially toxinogenic agents? *Toxins*, 14(2): Article 2. <https://doi.org/10.3390/toxins14020066>
- Tančinová, D., Mašková, Z., Rybárik, L., Felšöciová, S. and Cisarová, M. (2016): Colonization of grapes berries by *Alternaria* sp. and their ability to produce mycotoxins. *Potravinárstvo Scientific Journal for Food Industry*, 10(1): 7–13. Article 1. <https://doi.org/10.5219/553>
- Tao, W.-C., Zhang, W., Yan, J.-Y., Hyde, K. D., McKenzie, E. H. C., Li, X.-H. and Wang, Y. (2014): A new *Alternaria* species from grapevine in China. *Mycological Progress*, 13(4): 999. <https://doi.org/10.1007/s11557-014-0999-6>
- Woudenberg, J. H. C., Seidl, M. F., Groenewald, J. Z., de Vries, M., Stielow, J. B., Thomma, B. P. H. J. and Crous, P. W. (2015): *Alternaria* section *Alternaria*: Species, formae speciales or pathotypes? *Studies in Mycology*, 82: 1–21. <https://doi.org/10.1016/j.simyco.2015.07.001>
- Zhu, X. Q. and Xiao, C. L. (2015): Phylogenetic, morphological, and pathogenic characterization of *Alternaria* species associated with fruit rot of blueberry in California. *Phytopathology*®, 105(12): 1555–1567. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-05-15-0122-R>

MULTILOCUS PHYLOGENETIC AND UNTARGETED METABOLOMIC ANALYSIS OF *ALTERNARIA* SECT. *ALTERNARIA* IN GRAPEVINE

A. Molnár¹, D. G. Knapp^{2,3}, M. Lovas¹, G. Tóth^{2,4}, I. Boldizsár^{2,5}, K. Z. Váczy¹ and G. M. Kovács^{2,6}

¹Food and Wine Research Institute, Eszterházy Károly Catholic University, Leányka utca 8, Eger, 3300, Hungary

²Department of Plant Anatomy, Institute of Biology, Eötvös Loránd University, Pázmány Péter sétány 1/C, Budapest, 1117, Hungary

³Department of Forestry and Wood Technology, Linnaeus University, Växjö, Sweden

⁴Department of Pharmaceutical Chemistry, Semmelweis University, Högyes Endre u. 9, Budapest, 1092, Hungary

⁵Department of Pharmacognosy, Semmelweis University, Üllői út 26, Budapest, 1085, Hungary

⁶HUNREN Plant Protection Institute, Centre for Agricultural Research, Budapest, 1525, Hungary

Alternaria is a key member of the endophytic fungal community associated with grapevine. Many species within this genus are known to produce specialized metabolites that play crucial roles in plant health and food safety. While previous studies have shown that most *Alternaria* species inhabiting grapevine belong to the *Alternaria* section, our understanding of the diversity within this group and its metabolic capabilities remains limited. The aim of our study was to investigate the phylogenetic relationships and specialized metabolite production of endophytic *Alternaria* isolates obtained from healthy, above-ground grapevine tissues. We performed multilocus phylogenetic analyses based on six genetic markers (ITS, *rpb2*, *Alt a 1*, *endoPG*, *OPA10-2*, and *KOG1058*). To characterize the metabolic profiles of the isolates, we used liquid chromatography–mass spectrometry (LC-MS). The molecular analyses revealed two distinct phylogenetic clusters within the *Alternaria* section, *A. alternata* and the *A. arborescens* species complex, which had previously been grouped as a single species based on ITS sequence data alone. The untargeted mass spectrometry analysis supported this separation and led to the identification of eight *Alternaria*-specific metabolites. Among these, two compounds, altenuene and tenuazonic acid, showed significantly different levels between the two groups.

Keywords: *V. vinifera*, *Alternaria* sect. *Alternaria*, molecular phylogeny, untargeted metabolomics

Érkezett: 2025. július 18.

FUZARIOLÓGIA: A *FUSARIUM* NEMZETSÉG BIOLÓGIÁJA (10.)

Szécsi Árpád¹ és Szőke Csaba²

¹E-postacím: aszecs943@gmail.com

²HUN-REN ATK Mezőgazdasági Intézet, 2462 Martonvásár, Brunszvik u. 2.

XI. Fuzáriumok tömegspektrometriás azonosítása

A mikrobiológiai diagnosztika területén a „mátrix-asszisztált lézeres deszorpció/ionizáció és repülési idő alapú tömegspektrometria” (**MALDI-TOF MS**) az elmúlt évtizedek robbanásszerű fejlődését eredményezte a baktériumok és gombák fajsztintű meghatározásában.

A mikrobiológiai gyakorlatban ennek jelentősége felbecsülhetetlen, hiszen a kórokozó baktériumok, vagy a kórokozó gombák fajsztintű azonosítása jelentősen befolyásolja a klinikai- vagy a növénykórtani védekezési lehetőségek kidolgozását.

A tömegspektrometria (mass spectrometry – MS) egy olyan műszeres analitikai technika, illetve kutatási módszer, amelynek alkalmazása során a vizsgálandó molekulák gázfázisba jutnak és ionizálódnak. Ezt követően ezeket a részecskéket nagyfeszültségű elektromos térben felgyorsítják, majd a felgyorsított ionokat tömegük és töltésük alapján mágneses-, elektrosztatikus-, vagy rádiófrekvenciás terekkel elválasztják egymástól és meghatározzák az ionok tömegét (Lovász 2014).

A vizsgált molekula mérete és annak tömege az egyik legfontosabb szerkezeti információ, amelyet az MS szolgáltat, ezért a makromolekulák (fehérjék) MS vizsgálatában a kulcskérdés az ionizáció. A kérdés az, hogyan lehet gázfázisba juttatni és ionizálni a vizsgálandó biológiailag aktív makromolekulákat? Milyen módon lehet az eltérő molekulatömegű fehérjéket MS-sel vizsgálni? A megoldást a MALDI-TOF MS megalkotása és alkalmazása jelentette (Karas 1988).

A MALDI-TOF betűszó egy speciális tömegspektrométert jelent, amelyben az ionforrás a MALDI (Matrix-Assisted Laser Desorption/Ionization) és a tömegszám analizátor a TOF (Time of Flight), amely az ionizáció során keletkezett ionok tömeg/töltés szerinti szétválasztását teszi lehetővé.

A MALDI-TOF MS a kapcsolódó szoftverek segítségével alkalmas eszköz mikroorganizmusok fajsztintű meghatározására. A mikrobák specifikus, a fajra jellemző fehérjemintázat fajlagos tömegcsúcsai a mikroba riboszóma fehérjéinek tulajdoníthatók és a 2-20 kDa közötti molekulatömegű riboszóma fehérjék biotaxonómiai markerként szerepelnek a fajok azonosítására (De Carolis és mtsai 2012). A vizsgált fehérjemintázat azonosítása egy szoftver-vezérelt spektrum adatbázisban található referencia spektrumok (fehérjemintázatok) összehasonlítása alapján történik. Az azonosítás sikere a referencia adatbázis terjedelmétől függ. Egy adott izolátum (faj) spektruma (fehérje mintázata) – „ujjlenyomata” fajspecifikus.

A MALDI-TOF MS alkalmas módszer az időigényes és költséges, hagyományos diagnosztikai eljárások (morfológia, biokémiai, molekuláris eljárások) kiváltására. Az MS eljárás előnyei: kevés minta, egyszerű minta előkészítés, rövid vizsgálati idő, felhasználóbarát szoftverek, pontos, megbízható eredmény, nagy kapacitás, fejleszthetőség (Nagy és mtsai 2014, Oviano és Rodriquez-Sanchez 2021, Haider és mtsai 2023, Sivanesan és mtsai 2023).

Kulcsszavak: *Fusarium*, MALDI-TOF tömegspektrometria, spektrum analízis, riboszóma fehérje, fehérje mintázat, fajazonosítás, referencia adatbázis, mikrobiális diagnosztika

Fuzáriumok azonosítása MALDI-TOF tömegspektrometriával

Fuzárium izolátumok pontos, fajsztintú meghatározása kulcsfontosságú a humán- és növénybetegségek, mikotoxin-termelő fajok esetében a védekezés kidolgozásához. Napjaink korszerű, megbízható mikroba diagnosztikájára elsősorban a DNS-alapú módszerek alkalmazására épül (Gautam és mtsai 2022), így a különböző PCR-eljárásokra, illetve a többlókuszos szekvencia elemzésre (Szécsi és Szőke 2023).

A DNS-alapú módszerek alkalmazásához jó minőségű, megfelelő tisztaságú minták szükségesek, amelynek előállítása időigényes és költséges tevékenység. A fehérjekódoló, mikotoxin bioszintézisbe résztvevő génekre épülő fajspecifikus PCR-eljárások, csak bizonyos fuzáriumfajok azonosítására alkalmazhatók. Tekintettel az ismert fuzáriumfajok nagy számára (≥ 450) nem célszerű minden fuzáriumfajra PCR-alapú fajspecifikus eljárást kidolgozni (Zitnick-Anderson és mtsai 2018, Sohlberg és mtsai 2022, Wang és mtsai 2023).

A MALDI-TOF MS egyszerű, gyors, megbízható eljárás, amely módszert egyre több orvos klinikai laboratóriumban sikeresen alkalmazzák kórokozó mikrobák azonosítására (Chalupova és mtsai 2014, Singhal és mtsai 2015, Lau 2021, Ashfaq és mtsai 2022, Calderaro és Chezzi 2024, Ransom és mtsai 2025).

Számos tanulmány igazolja, hogy az MS módszer alkalmas különböző gombanemzetségekbe tartozó fajok azonosítására, így például a *Trichoderma* (De Respinis és mtsai 2010), a *Candida* (Brandt és Lockhart 2012), a *Monilinia* (Freimoser és mtsai 2016), az *Aspergillus* (Salah és mtsai 2022), a *Dermatophyton* (Hamal és mtsai 2022), és a *Tilletia* (Forster és mtsai 2022) nemzetségek esetében.

A gombák – elsősorban a fonalgombák – sikeres azonosításának előfeltétele: a gombatelep megfelelő minősége, kora és mennyisége, előkészítésének módja, a fehérjekivonat készítésének azonossága, a referencia adatbázis alkalmassága és megbízhatósága (Luethy és Zelazny 2018, Wilkendorf és mtsai 2020). Az

azonosítandó mikrobafehéreje mintázatát a megfelelő szoftver azonosítani tudja a rendelkezésre álló referenciabázisban meglévő, hozzá legközelebbi ismert faj fehérjemintázatával (Pinto és mtsai 2011, Nomura 2015).

A klinikai gyakorlatban a fuzárium izolátumok azonosítására az MS módszert elsősorban humánpatogén fuzáriumok esetében alkalmazzák (Kemptner és mtsai 2009, Marinach-Patrice és mtsai 2009, Triest és mtsai 2014, Al-Hatmi és mtsai 2015, Song és mtsai 2021, Guo és mtsai 2022, Sarvestani és mtsai 2022).

Al-Hatmi és mtsai (2015) a *Fusarium fujikuroi* fajcsoportba tartozó 13 humánpatogén, morfológiai bélyegek alapján nem azonosítható filogenetikai fajt (*F. acutatum*, *F. ananatum*, *F. andiyazi*, *F. anthophilum*, *F. fujikuroi*, *F. napiforme*, *F. nygamai*, *F. proliferatum*, *F. sacchari*, *F. subglutinans*, *F. temperatum*, *F. verticillioides*) határozott meg sikeresen az MS eljárással.

Kevés közlemény foglalkozik növénypatogén, mikotoxintermelő fuzáriumok azonosításával MS módszerrel (Santos és mtsai 2015, Wigman és mtsai 2019, Kurera és mtsai 2025). Wigman és mtsai (2019) különböző haszonnövényekről (rizs, kukorica, búza, cukornád, spárga, fokhagyma) származó fuzárium izolátumokat (*F. avenaceum*, *F. anthophilum*, *F. circinatum*, *F. guttiforme*, *F. thapsinum*, *F. verticillioides*) azonosított MALDI-TOF MS eljárással. A többlókuszos szekvenciaelemzéssel azonosított fentiekben említett fajok fehérjemintázatai szolgáltak referenciaként a fajok azonosítására. A vizsgált fuzárium izolátumok fehérjemintázatai 94,6%-os azonosságot mutattak az adatbázisban megtalálható aktuális referenciafaj fehérjemintázatával. Kurera és mtsai (2025) Kanadában fuzáriummal fertőzött búzakaralászokról MS eljárással határozták meg a betegséget okozó fajokat (*F. acuminatum*, *F. avenaceum*, *F. cerealis*, *F. culmorum*, *F. graminearum*, *F. oxysporum*, *F. poae*, *F. proliferatum*, *F. sporotrichioides*).

A MALDI-TOF MS szakszerű, ismételhető és megbízható alkalmazásának előfeltétele a vizsgált fuzárium izolátum genetikai tisztasága (egyspórás izolátum), a tenyésztés azonossága, a fehérjekivonat készítése a leírt protokoll szigorú betartása mellett, korszerű alaplmszer

megfelelő szoftver kiegészítéssel, megbízható referenciafehérje-mintázat adatbázis.

Az MS-módszer nagy előnye a DNS-alapú molekuláris módszerekkel szemben az, hogy ez az eljárás egyszerűbb, gyorsabb, pontosabb és olcsóbb. Hátránya a műszer együttes beruházásának aránylag magas bekerülési költsége, valamint az üzemeltetéshez szükséges szakértelem megléte (Akimowitz és Bucka-Kolendo 2020, Ransom és mtsai 2025).

Köszönetnyilvánítás

A TKP2021-NKTA-06 számú projekt az Innovációs és Technológiai Minisztérium Nemzeti Kutatási Fejlesztési és Innovációs Alapból nyújtott támogatásával, a TKP2021-NKTA pályázati program finanszírozásában valósult meg.

IRODALOM

- Akimowitz, M. and Bucka-Kolendo, J. (2020): MALDI-TOF MS-application in food microbiology. *Acta Biochimica Polonica*, 67: 327–332.
- Al-Hatmi, A. M. S., Normand, A.-C., van Diepeningen, A. D., Hendrickx, M., deHoog, G. S. and Piarroux, R. (2015): Rapid identification of clinical members of *Fusarium fujikuroi* complex using MALDI-TOF MS. *Future Microbiology*, 10: 1939–1952.
- Ashfaq, M. Y., Dana, D. A. and Al-Ghouti, M. A. (2022): Application of MALDI-TOF MS for identification of environmental bacteria: a review. *Journal of Environmental Management*, 305: 114359.
- Brandt, M. E. and Lockhart, S. R. (2012): Recent taxonomic developments with *Candida* and other opportunistic yeast. *Current Fungal Infection Reports*, 6: 170–177.
- Calderaro, A. and Chezzi, C. (2024): MALDI-TOF MS: a reliable tool in the real life of the clinical microbiology laboratory. *Microorganisms*, 12: 322.
- Chalupova, J., Raus, M., Sedlářová, M. and Sebel, M. (2014): Identification of fungal microorganisms by MALDI-TOF mass spectrometry. *Biotechnology Advances*, 32: 230–241.
- De Carolis, E., Vella, A., Florio, A. R., Posteraro, P., Perlin, D. S., Sanguinetti, M. and Posteraro, B. (2012): Use of matrix-assisted laser desorption/ionization-time of flight mass spectrometry (MALDI-TOF MS) for caspofungin susceptibility testing of *Candida* and *Aspergillus* species. *Journal of Clinical Microbiology*, 50: 2479–2483.
- De Respinis, S., Vogel, G., Benagli, C., Tonolla, M., Petrini, O. and Samuels, G. J. (2010): MALDI-TOF MS of *Trichoderma*: a model system for the identification of microfungi. *Mycological Progress*, 9: 79–100.
- Forster, M. K., Sedaghatjoo, S., Maier, W., Killerman, B. and Niessen, L. (2022): Discrimination of *Tilletia controversa* from the *T. carries/T. laevis* complex by MALDI-TOF MS analysis of teliospores. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 106: 1257–1278.
- Freimoser, F. M., Hilber-Bodmer, M., Brunisholz, R. and Drissner, D. (2016): Direct identification of *Monilinia* brown rot fungi on infected fruits by matrix-assisted laser desorption/ionization (MALDI) mass spectrometry. *Chemical and Biological Technologies in Agriculture* 3: 7.
- Gautam, A. K., Verma, R. K., Avasthi, S., Sushma, Y. B., Devadatha, B., Niranjana, M. and Suwanaranch, N. (2022): Current insight into traditional and modern methods in fungal diversity estimates. *Journal of Fungi*, 8: 226.
- Guo, P., Chen, J., Tan, Y., Xia, L., Zhang, W., Li, X., Jiang, Y., Li, R., Chen, C., Liao, K. and Peng, Y. (2022): Comparison of molecular and MALDI-TOF MS identification and antifungal susceptibility of clinical *Fusarium* isolates in Southern China. *Frontiers in Microbiology*, 13: 992582.
- Haider, A., Ringer, M., Kotroczo, Zs., Mohácsi-Farkas, Cs. and Kocsis, T. (2023): The current level of MALDI-TOF MS applications in the detection of microorganisms: A short review of benefits and limitations. *Microbiology Research*, 14: 80–90.
- Hamal, P., Vavrova, A., Mrazek, J. and Svobodova, L. (2022): Identification of filamentous fungi including dermatophytes using MALDI-TOF mass spectrometry. *Folia Microbiologica*, 67: 55–61.
- Karas, F. M. (1988): Hillenkamp, Laser Desorption Ionization of Proteins with Molecular Masses Exceeding 10 000 Daltons. *Analytical Chemistry*, 60: 2299.
- Kemptner, J., Marchetti-Deschmann, M., Marach, R., Druzhinina, I. S., Kubicek, C.P. and Allmaier, G. (2009): Evaluation of matrix-assisted laser desorption/ionization (MALDI) preparation techniques for surface characterization of intact *Fusarium* spores by MALDI linear time-off light mass spectrometry. *Rapid Communication of Mass Spectrometry*, 23: 877–884.

- Kurera, S., Patel, B., Ashfaq, T., Eckhardt, M., Bamforth, J., Gamage, N. W., Brar, G. S., Harris, L. J., Henriquez, M. A., Subramaniam R., Wang, X., Punja, Z., Pozniak, C., Bakker, M. G. and Walkowiak, S. (2025): Rapid identification of *Fusarium* species causing head blight in Canada using MALDI-TOF mass spectrometry. *Canadian Journal of Microbiology*, 71: 1–12.
- Lau, A. F. (2021): Matrix-assisted laser desorption ionization time-of-flight for fungal identification. *Clinical Laboratory Medicine*, 41: 267–283.
- Lovász Cs. (2014): A kémiai Nobel-díj és a *Staphylococcus aureus*. A moder spektrometria szerepe a mikroorganizmusok azonosításában. Élelmiszervizsgálati Közlemények, LX: 327–343.
- Luethy, P. M. and Zelazny, A. M. (2018): Rapid one-step extraction method for the identification of molds using MALDI-TOF MS. *Diagnostic Microbiology and Infectious Disease*, 91: 130–135.
- Marianach-Patrice, C., Lethuillier, A., Marly, A., Brasas, J.-Y., Gene, J., Symolns, F., Datry, A., Guarro, J., Mazier, D. and Hennequin, C. (2009): Use of mass spectrometry to identify clinical *Fusarium* isolates. *Clinical Microbiology and Infection*, 15: 634–642.
- Nagy E., Ámbrók M., Bartha N., Bereczki L., Juhász E., Kardos G., Kristóf K., Miszti C. és Urban E. (2014): Mátrix-asszisztált lézer deszorpció, ionizációs, repülési idő mérésén alapuló tömegspektrometria speciális alkalmazása a klinikai mikrobiológiai diagnosztika területén. *Orvosi Hetilap*, 155: 1495–1503.
- Nomura, F. (2015): Proteome-based identification using matrix-assisted laser desorption ionization-time of flight mass spectrometry (MALDI-TOF MS): a revolutionary shift in clinical diagnostic microbiology. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA)- Proteins and Proteomics*, 1854: 528–537.
- Oviano, M. and Rodríguez-Sánchez, B. (2021): MALDI-TOF mass spectrometry in the 21st century clinical microbiology laboratory. *Emfermedades infecciosas y microbiología clinica (English ed.)*, 39: 192–200.
- Pinto, A., Halliday, C., Zahra, M., vanHal, S., Olma, T., Maszewska, K., Iredell, J. R., Meyer, W. and Chen, S. C.-A. (2011): Matrix assisted laser desorption ionization-time of flight mass spectrometry identification yeasts in contingent on robust referencia spectra. *PlosOne*, 6: e 25712.
- Ransom, E. M., Wallace, M. A., Widerhold, N. P., Canete-Gibas, C. and Burnham, C.-A. D. (2025): Evaluation of two MALDI-TOF MS systems and extraction method for identification of filamentous fungi recovered from clinical specimens. *Journal Clinical Microbiology*, 63: 10.1138.
- Salah, H., Kolecka, A., Rozaliyani, A., Wahyuning-Shi, R., Taj-Aldeen, S. J., Boekhout, T. and Houbraken, J. (2022): New filter based cultivation approach for improving *Aspergillus* identification using Matrix-Assisted Laser Desorption/Ionization Time-of-Flight Mass Spectrometry (MALDI-TOF MS). *Mycopathologia*, 187: 39–52.
- Santos, C., Ventura, J. A., Costa, H., Fernandes, P. M. B. and Lima, N. (2015): MALDI-TOF MS to identify the pineapple pathogen *Fusarium guttiforme* and its antagonist *Trichoderma asperellum* on decayed pineapple. *Tropical Plant Pathology*, 40: 227–232.
- Sarvestani, H. K., Ramandi, A., Getso, M. I., Razavyoon, T., Javidnia, J., Golrizi, M. B., Saboor-Yaraghi, A.-A. and Ansari, S. (2022): Mass spectrometry in research laboratories and clinical diagnostic: a new era in medical mycology. *Brazilian Journal of Microbiology*, 53: 689–707.
- Singhal, N., Kumar, M., Kanaujia, P. K. and Viridi, J. S. (2015): MALDI-TOF mass spectrometry: an emerging technology for microbial identification and diagnosis. *Frontiers in Microbiology*, 6: 791.
- Sivanesan, I., Gopal J., Hasan, N. and Muthu, M. (2023): A systematic assessment of matrix-assisted laser desorption/ionization time of flight mass spectrometry (MALDI-TOF MS) application for rapid identification of pathogenic microbes that affect food crops: delivered and future deliverables. *Royal Society of Chemistry*, 13: 17297–17314.
- Sohlberg, E., Virkajarvi, V., Parikka, P., Ramo, S., Laitila, A. and Sarlin, T. (2022): Taqman qPCR quantification and fusarium community analysis to evaluate toxigenic fungi in cereals. *Toxins*, 14: 45.
- Song, Y., Liu, X., Yang, Z., Meng, X., Xue, R., Yu, J., Al-Hatmi, A. M. S., de Hoog, G. S. and Li, R. (2021): Molecular and MALDI-TOF MS differentiation and antifungal susceptibility of prevalent clinical fusarium species in China. *Mycoses*, 64: 1261–1271.
- Szécsi, Á. és Szőke, Cs. (2023): Fuzariológia: A *Fusarium* nemzetség biológiája (1). *Növényvédelem*, 84: 248–256.
- Triest, D., Stubbe, D., De Cremer, K., Piérard, D., Normand, A.-C., Piarroux, R., Detandt, M. and Hendrickx, M. (2014): Use of matrix assisted laser desorption ionization time-of-flight mass spectrometry for identification of molds of the *Fusarium* genus. *Journal of Clinical Microbiology*, 53(2): 465–476.

- Wang, S., Cui, H., Chen, M., Wu, Y. and Wang, S. (2023): Quantitative PCR assays for the species-specific detection of *Fusarium graminearum sensu stricto* and *Fusarium asiaticum* in winter wheat growing regions in China. *International Journal of Food Microbiology*, 387: 110061.
- Wigman, É. F., Behr, J., Vogel, R. F. and Niessen, L. (2019): MALDI-TOF MS fingerprinting for identification and differentiation of species within the *Fusarium fujikuroi* species complex. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 103: 5323–5337.
- Wilkendorf, L. S., Bowles, E., Buil, J. B., van der Lee, H. A. L., Posteraro, B., Sanguinetti, M. and Verweij, P. E. (2020): Update on matrix assisted laser desorption ionization-time-of-flight mass spectrometry identification of filamentous fungi. *Journal of Clinical Microbiology*, 58(12): e01263-20.
- Zitnick-Anderson, K., Simons, K. and Pasche, J. S. (2018): Detection and qPCR quantification of seven *Fusarium* species associated with the root rot complex in field pea. *Canadian Journal of Plant Pathology*, 40: 261–271.

FUSARIOLOGY: BIOLOGY OF THE GENUS *FUSARIUM* (10)

Á. Szécsi¹ and Cs. Szőke²

¹E-mail: aszecsi943@gmail.com

²HUN-REN CAR Agricultural Institute, H-2462 Martonvásár, Brunszvik Street 2., Hungary

Identification of *Fusarium* species using mass spectrometry

Matrix-assisted laser desorption ionization time of flight mass spectrometry (MALDI-TOF MS) analysis of subproteomes has been applied as a promising tool for the discrimination of closely related species of many microorganisms.

Fusarium is one of the most economically important fungal genera, since it includes many pathogenic species which cause a wide range of human and plant disease. Morphological and molecular identification of *Fusarium* species is a limiting step in the fast diagnosis and treatment of human and plant diseases caused by these fungi.

The specific mass peaks observed in the MALDI-TOF MS spectra are mainly attributed to the fungal ribosomal proteins. Ribosomal proteins have been described as excellent candidates for microbial identification, as they are universal within cellular life.

MALDI-TOF MS technique is a suitable and accurate technology for the identification and differentiation of species within the genus *Fusarium* as well as an innovative, time-efficient alternative to multilocus sequencing technology.

Keywords: mass spectrometry, *Fusarium* spp., ribosomal proteins, protein pattern, spectral analysis, reference database

Érkezett: 2025. augusztus 14.

AZ ERDŐSÜLT TÁJAK JELENTŐSÉGE A MADARAK ÉS DENEVÉREK ÁLTAL NYÚJTOTT BIOLÓGIAI VÉDELEMBEN SZŐLŐÜLTETVÉNYEKBE

Korányi Dávid¹, Zsebők Sándor^{2,3}, Báldi András⁴, Brambilla Mattia⁵, Varga Máté⁶ és Batáry Péter¹

¹MTA–HUN-REN Ökológiai Kutatóközpont, Ökológiai és Botanikai Intézet, „Lendület”

Táj- és Természetvédelmi Ökológiai Kutatócsoport, 2163 Vácrátót, Alkotmány út 2–4.

²HUN-REN Ökológiai Kutatóközpont, Ökológiai és Botanikai Intézet, Evolúciós Ökológia Kutatócsoport, 2163 Vácrátót, Alkotmány út 2–4.

³Eötvös Lóránd Tudományegyetem, Állattrendszertani és Ökológiai Tanszék, 1053 Budapest, Egyetem tér 1–3.

⁴HUN-REN Ökológiai Kutatóközpont, Ökológiai és Botanikai Intézet, „Lendület” Ökoszisztéma-szolgáltatás Kutatócsoport, 2163 Vácrátót, Alkotmány út 2–4.

⁵University of Milan, Department of Environmental Science and Policy, Via Celoria 2. 20133 Milano

⁶Varga Pincészet, 8257 Badacsonyörs, Fűredi út 49.

E-mail: koranyi.david@ecolres.hu

Az intenzív mezőgazdaság jelentős mértékben veszélyezteti az agrárélőhelyek élőlényközösségeit és hozzájuk kapcsolódó ökoszisztéma-szolgáltatásokat. Az élőhelyek megszűnése és az agrokemikáliák intenzív használata csökkenti a természetes ellenségek egyedszámát és aktivitását, ami a természetes kártevőszabályozás gyengüléséhez vezethet. Balaton környéki szőlőültetvényekben kizárásos kísérlettel vizsgáltuk a madarak és denevérek izeltlábuakra és a kapcsolódó ökoszisztéma funkciókra gyakorolt hatásait, az ültetvények művelési intenzitását (biogazdálkodás vs. integrált növényvédelem) és táj heterogenitását (erdős vs. nyílt, mezőgazdasági tájak) figyelembe véve. Emellett adatokat gyűjtöttünk a kártevő tarka szőlómoly (Lobesia botrana), valamint a lombzavart okozó fitofág és ragadozó izeltlábuak egyedszámaira vonatkozóan, és számszerűsítettük az e csoportokhoz kapcsolódó termés- és levélkártételt, valamint predációs nyomást. Tavasszal az erdős tájak hozzájárultak a rovarfogyasztó madarak és denevérek nagyobb aktivitásához, ami a termés- és levélkártétel csökkenését eredményezte. Ez elsősorban a fokozott denevéraktivitásnak volt köszönhető, amely negatívan hatott a molyok egyedszámára. A művelési mód nem mutatott kiemelkedő hatást sem a madarakra, sem a denevérekre. Azonban a bio ültetvényekben több lombzavart okozó izeltlábut, fokozott levélkártételt és jelentősebb predációs nyomást tapasztaltunk a kihelyezett műhernyókon. Emellett a madaraktól és denevérektől ketrecekkel elzárt szőlőtőkéken következetesen nagyobb termés- és levélkártételt figyeltünk meg. Eredményeink hangsúlyozzák a denevérek és madarak szerepét a szőlőkár mérséklésében és a termés- és levélkártétel csökkenésében. Jelenlétüket és aktivitásukat segítik a sövények, facsoportok, valamint őshonos, lombhullató erdőfoltokat magukba foglaló tájak, melyek bőséges táplálékforrást, valamint megfelelő költőhelyeket biztosítanak számukra. Az ilyen tájakban található bio művelésű szőlőültetvények pedig a ragadozó izeltlábuak támogatása révén fokozhatják a kártevők elleni védekezés hatékonyságát.

Kulcsszavak: kizárásos vizsgálat, művelés, ökoszisztéma-szolgáltatások, táji környezet, természetes ellenségek

A mezőgazdasági intenzifikáció a fokozott növényvédőszer-használattal és a tájszerkezet leegyszerűsödésén keresztül jelentős hatást gyakorol az agrárélőhelyek biológiai sokfé-

leségére és a kapcsolódó ökoszisztéma funkciókra és szolgáltatásokra (Batáry és mtsai 2020). Ennek ellensúlyozására olyan stratégiák kidolgozására és alkalmazására lenne szük-

ség, amelyek e szolgáltatások megőrzése mellett a fenntartható mezőgazdasági termelést is biztosítják (Miskó és Fogarasi 2019, Rader és mtsai 2024). A szőlőültetvények, mint ökológiai, kulturális és gazdasági szempontból is meghatározó agrár-ökoszisztémák, világszerte több mint hétmillió hektáron helyezkednek el, amely területek közel fele Európában található (OIV 2023; <https://www.oiv.int>). A hazai szőlőültetvények közel 61 ezer hektárnyi területet foglalnak magukba (KSH 2024, <https://www.ksh.hu>). A szőlőtermesztésre számos kártevő és kórokozó gyakorol negatív hatást, melynek ellensúlyozására viszonylag kevés ültetvényben alkalmaznak fenntartható gazdálkodási gyakorlatokat (ECA 2023). A legtöbb ültetvény esetén ugyanis a növényvédő szerek intenzív használatára támaszkodnak, amelyek a hasznos szervezeteket és az általuk biztosított ökoszisztéma-szolgáltatásokat is negatívan befolyásolják (Provost és Pedneault 2016, Thiéry és mtsai 2018). Megfelelő körülmények mellett azonban ezek az ültetvények akár abundáns és fajgazdag, hatékony biológiai szabályozást biztosító élőlény együtteseket támogathatnak (Charbonnier és mtsai 2021, Lourenço és mtsai 2021, Mezőfi és mtsai 2025).

A kártevők biológiai szabályozása az agrárterületek egyik legfontosabb ökoszisztéma-szolgáltatásának tekinthető (Jonsson és mtsai 2014, Begg és mtsai 2017). Ennek biztosításában a madarak és a denevérek kiemelt szerepet játszanak, melyek jelentős mennyiségű ízeltlábú szervezetet, köztük számos kártevő rovarot fogyasztanak el (Maas és mtsai 2016, Nyffeler és mtsai 2018, Tuneu-Corral és mtsai 2023). Az általuk nyújtott biológiai szabályozás hatékonysága azonban nagymértékben függhet a helyi és tájleptékű környezeti tényezőktől. Szemben a konvencionális növényvédelmi gyakorlattal, a biogazdálkodás számos, növényvédelem szempontjából hasznos gerinces faj jelenlétét segíti elő a csökkent növényvédőszer-terhelésnek és nagyobb zsákmány denzitásnak köszönhetően (Wickramasinghe és mtsai 2004, Tóth és Báldi 2006, Barbaro és mtsai 2021). Mindemellett a táj szerkezete akár nagyobb jelentőséggel bírhat, mint önmagukban az agrárterületek helyi

sajátosságai (Tscharntke és mtsai 2021). A környező tájban fellelhető természetes és féltermészetes élőhelyek mennyisége és egybefüggősége például pozitív hatást gyakorolhat a madár- és denevéregyüttesek diverzitására, egyedsűrűségére és aktivitására (Frey-Ehrenbold és mtsai 2013, Lourenço és mtsai 2021).

Tanulmányunkban kizárólag kísérletet végeztünk eltérő művelési intenzitású (bio és integrált) és táji környezetben elhelyezkedő (erdősült és nyílt agrártájak) szőlőültetvényekben. Az alábbi kérdésekre kerestük a választ: (1) Hogyan befolyásolja a szőlőültetvények művelési módja és táji sajátossága a madarak és denevérek aktivitását, a kártevő és ragadozó ízeltlábú szervezetek egyedsűrűségét és a kapcsolódó ökoszisztéma funkciókat (herbivória és predáció)? (2) Hogyan hat a madarak és denevérek jelenléte és aktivitása a vizsgált ízeltlábú szervezetek denzitására és az ökoszisztéma funkciókra?

Anyag és módszer

Vizsgálati helyszínek és mintavételi elrendezés

Vizsgálatunkat tizenkét, a Balaton-felvidéken, valamint a Tapolcai- és Marcali-medencében elhelyezkedő bio és integrált művelésű szőlőültetvényben végeztük. Az ültetvényeket 500 és 1000 méteres sugarú körökön belüli táji tulajdonságaik alapján tovább osztályoztuk a Magyarország Ökoszisztéma-alaptérkép (Tanács és mtsai 2019), a 2018-as CORINE felszínborítás térkép (<https://land.copernicus.eu>), valamint Conefor Sensinode 2.6 (Saura és Torné 2009) és QGIS 3.30 (<https://www.qgis.org>) szoftverek segítségével. Az „erdősült” tájak esetén volt a legnagyobb a lombhullató erdők aránya és a fás elemek (erdőfoltok, sövények, kisebb facsoportok) egybefüggősége, míg az „agrár” tájakon belül volt legnagyobb az agrárterületek aránya és az ültetvények erdőfoltoktól való távolsága. Minden egyes faktorkombináció (bio és erdősült táj, bio és agrártáj, integrált és erdősült táj, integrált és agrártáj) esetén három ismétléssel rendelkezünk.

Az egyes ültetvények közepén (legalább 25 méterre azok szegélyétől) egymástól 100 méter távolságra egy-egy kontroll–kizárás mintaterületpárt alakítottunk ki ($n = 24$, összesen 48 mintaterület). Az egyes párok esetén a kontroll és kizárásos mintaterületek egymástól 25 méter távolságra helyezkedtek el, melyek minden esetben hat-hat szőlőtőkét foglaltak magukba. A kizárásos mintaterületek esetén a madarak és denevérek kizárása céljából bambuszrudakból, kábelekből és madárhálóból készített, nyitható ketreceket építettünk a tökéek köré, amelyek nem akadályozták az ízeltlábúak tökéekhez való hozzáférését és a gépi munkálatokat az ültetvényekben. A ketrecek megépítése 2023 áprilisában, lebontásra pedig augusztusban történt a szüreti időszakot megelőzően. Az egyes ültetvényekben belül a kontroll és kizárásos mintaterületek tökéi azonos kezeléseket részesültek (zöldmunka, kaszálás, permetezés).

Adatgyűjtés és feldolgozás

A madártani megfigyeléseket pontszámlálós módszerrel végeztük. A megfigyelések során május elején és közepén a kontroll–kizárás mintaterületpárok között 6:00 és 10:00 között, napos, szélcsendes időben, öt percen keresztül figyeltük meg 50 méteres sugarú körökön belül hallható és látható egyedeket (24 megfigyelési pont). A megfigyelt madárfajok egy részét Brambilla és Gatti (2022) módszertana alapján rovarfogyasztó kategóriába soroltuk. A denevérek aktivitásának meghatározásához a madártani megfigyelésekhez használt területeken AudioMoth akusztikus rögzítőket telepítettünk ($n = 24$) május és július közepén. Az eszközök alkalmanként három éjszakát, éjszakánként pedig öt órán keresztül rögzítették a hangokat a naplementét megelőző 30. perctől kezdődően. A denevérhangokat a Bat Detective programmal (Mac Aodha és mtsai 2018) azonosítottuk, míg a taxonszintű besorolást a Kaleidoscope Pro szoftverrel (Wildlife Acoustics, Inc.) végeztük. Az aktivitást a denevérhangokat tartalmazó öt másodperces intervallumok számával definiáltuk.

A tarka szőlőmoly (*Lobesia botrana*), mint kulcsfontosságú szőlőkártevő, gyűjtésére fajspecifikus feromoncsapdákat (CSALOMON® RAG, HUN-REN ATK Növényvédelmi Intézet) helyeztünk ki a madarak és denevérek megfigyelésére használt helyeken ($n = 24$), május és július közepén, valamint augusztus második felében. Kihelyezett csapdákat egy hét múlva begyűjtöttük. A csapdák kihelyezésével párhuzamosan a lombozatlakó ízeltlábúakat is gyűjtöttük a parcellákon belüli páratlan számú tökékről (1, 3, 5) kopogtatós módszer és lomb szívó (D-Vac) segítségével. A gyűjtött egyedeket az HUN-REN Ökológiai Kutatóközpont Ökológiai és Botanikai Intézetének laboratóriumában meghatároztuk és leszámoltuk, valamint a lombozatlakó ízeltlábúakat fitofág és predátor csoportokba soroltuk.

A parcellák páros számú tökéin (2, 4, 6) felmértük a termés- és levélkártételt és a predációs nyomást. A terméskártétel felmérése során növényenként öt véletlenszerűen kiválasztott szőlőfürtön ($n = 720$) meghatároztuk a sérült, perforált szemek arányát, augusztusban a ketrecek eltávolítását és a szüreti időszakot megelőzően. Ezzel egy időben vizuálisan megbecsültük a fitofág ízeltlábúak okozta elváltozások (rágás, aknázás és gubacsok) százalékos arányát növényenként tíz véletlenszerűen kiválasztott levélen ($n = 1440$). Az ízeltlábúak általi predációs nyomást 30 milliméter hosszú és öt milliméter átmérőjű, zöld színű gyurmából készített (Smeedi Plus, Viborg, Dánia) műhernyók segítségével vizsgáltuk. A hernyókat növényenként öt véletlenszerűen kiválasztott levélre rögzítettük ($n = 720$), majd egy hét múlva begyűjtöttük azokat és a predációs nyomokat sztereómikroszkóp segítségével kiértékeltek.

Adatelemzés

A különböző időpontokban és mintavételi módszerekkel gyűjtött lombozatlakó ízeltlábúak egyedsűrűségét fitofág és predátor csoportonként összevontuk ($n = 48$). A jobb modell illeszkedések érdekében a terméskártételt és a levélherbivóriát növényenként átlagoltuk, a predációs nyomást pedig a predációs nyomok jelenléte szintjén elemeztük növényenként

(nyomok megléte ötből legalább egy hernyón). A moly egyedsűrűségek terméskártételre gyakorolt hatásának elemzéséhez az utóbbi változót a feromoncsapdák számának megfelelően mintaterületpáronként átlagoltuk. Az adatok elemzését R 4.4.2 statisztikai környezetben végeztük (<https://www.r-project.org>). A statisztikai elemzés során az 'lme4' (Bates és mtsai 2015) és 'glmmTMB' (Brooks és mtsai 2017) programcsomagok használatával általánosított kevert lineáris modelleket futtattunk, melyeket a 'MuMIn' programcsomag (<https://cran.r-project.org/package=MuMIn>) segítségével az Akaike-féle információs kritérium alapján átlagoltunk ($\Delta AICc < 2$). A válaszváltozók függvényében a szőlő fajtáját, az ültetvényt és a kontroll-kizárás mintaterületpárt random faktorként kezeltük a modellekben. A kapott eredményeket Wald khi-négyzet próbával teszteltük. A vizsgálat részletesebb módszertani leírása Korányi és mtsai (2025) munkájában olvasható.

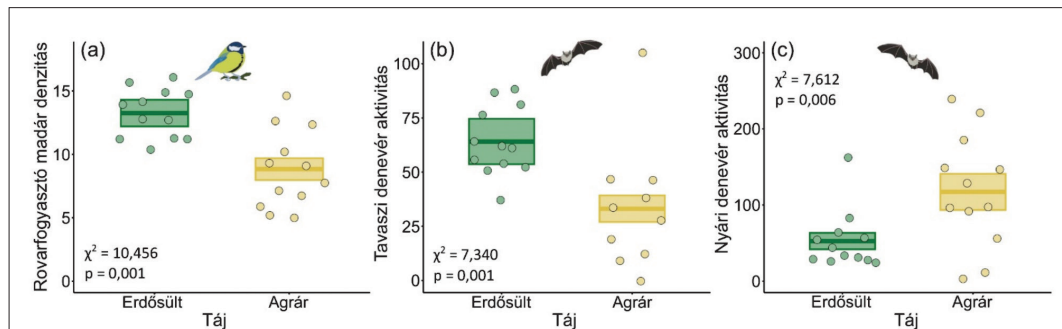
Eredmények

Összesen 50 madárfaj 1068 egyedét figyeltük meg, melyek közül 17 faj 265 egyede bizonyult rovarfogyasztónak, továbbá kilenc denevér taxon 3412 átrepülését észleltünk. A madarak összegyedszámára és a denevérek összesített aktivitására a vizsgált változók nem gyakoroltak szignifikáns hatást. Ugyanakkor mind a rovarfogyasztó madarak egyedsűrűsége, mind pedig a denevérek tavaszi aktivitása

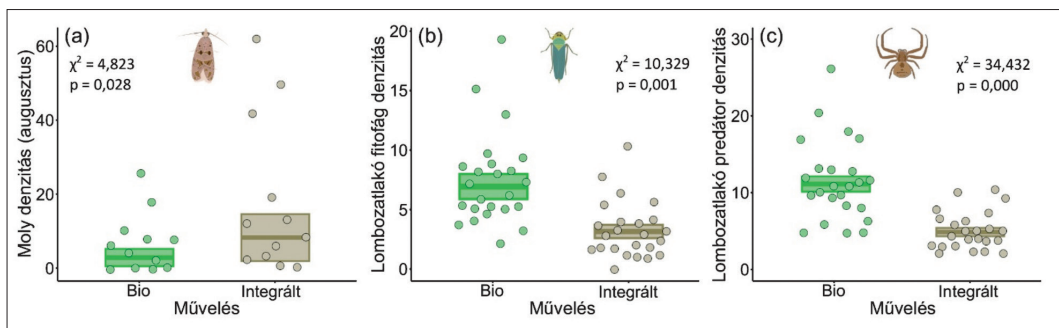
nagyobb volt az erdőszült tájakban elhelyezkedő ültetvényekben (1. a és b ábra). Ezzel szemben a denevérek nyári aktivitása nagyobb volt a nyíltabb agrártájakban elhelyezkedő ültetvényekben, mint az erdőszült tájak ültetvényeiben (1. c ábra).

Összesen 3601 tarka szőlómoly, valamint 256 lombozatlakó fitofág és 396 ragadozó ízeltlábú egyedét gyűjtöttünk. Az ültetvények kezelése és táji tulajdonsága általában nem gyakoroltak szignifikáns hatást a tarka szőlómoly egyedszámára, kivéve augusztusban, amikor az integrált művelésű ültetvényekben nagyobb számban voltak jelen, mint a bio ültetvényekben (2. a ábra). Ezzel szemben a lombozatlakó fitofág és predátor ízeltlábúak egyedsűrűsége nagyobb volt a bio művelésű ültetvényekben (2. b és c ábra).

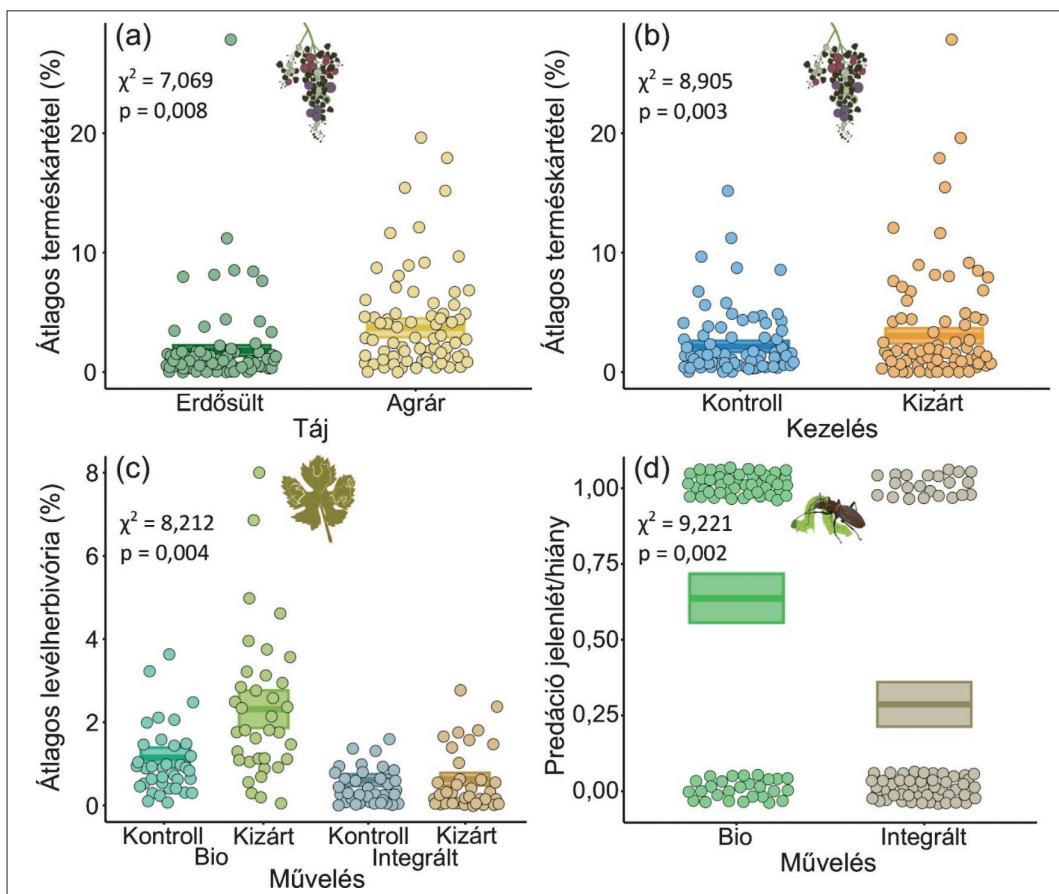
Az átlagos terméskártétel szignifikánsan nagyobb volt az agrártájak, mint az erdőszült tájak szőlőültetvényeiben, valamint a kizárt tőkéken a kontroll mintaterületek tőkéihez viszonyítva (3. a és b ábra). A levélherbivória esetén a művelés és a kizárás interakciós hatása érvényesült: nagyobb kártételt figyeltünk meg a bio ültetvények kizárásos mintaterületein (3. c ábra). A műhernyókat kiértékelve szignifikánsan nagyobb predációs nyomást észleltünk az bio ültetvények tőkén az integrált művelésű ültetvények tőkáihez képest (3. d ábra). Mindemellett a molyok denzitása szignifikánsan csökkent a denevérek fokozódó aktivitásával a tavaszi időszakban (4. a ábra), valamint a



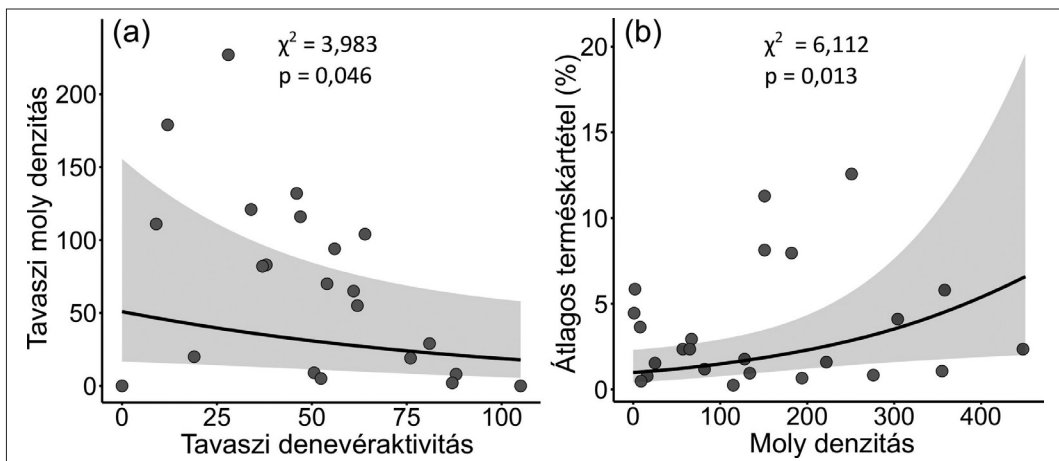
1. ábra. A szőlőültetvények táji heterogenitásának (erdőszült vs. agrár) szignifikáns hatása ($p < 0,05$) a rovarfogyasztó madarak denzitására (a), valamint a denevérek tavaszi (b) és nyári aktivitására (c). A vastag vonalak a modellek becsült értékeit, a vékony vízszintes vonalak a standard hiba értékeket jelölik. (Korányi és mtsai [2025] által közölt ábra módosított változata.)



2. ábra. A szőlőültetvények művelésének (bio vs. integrált) szignifikáns hatása ($p < 0,05$) a tarka szőlőmoly augusztusi (a), valamint a lomozatlakó fitofág (b) és predátor ízeltlábúak denzitására (c). A vastag vonalak a modellek becsült értékeit, a vékony vízszintes vonalak a standard hiba értékeket jelölik. (Korányi és mtsai [2025] által közölt ábra módosított változata.)



3. ábra. A szőlőültetvények táji heterogenitásának (erdősült vs. agrár) és a kezelés (kontroll vs. kizárt) szignifikáns hatásai ($p < 0,05$) az átlagos terméskártételre (a–b), a szőlőültetvények művelésének (bio vs. integrált) és a kezelés szignifikáns interakciós hatása az átlagos levélherbivóriára (c) és a művelés szignifikáns hatása az ízeltlábúak általi predáció jelenlétére a szőlőtőkéken (d). A vastag vonalak a modellek becsült értékeit, a vékony vízszintes vonalak a standard hiba értékeket jelölik. A pontokat a jobb áttekinthetőség érdekében kissé szétterítettük. (Korányi és mtsai [2025] által közölt ábra módosított változata.)



4. ábra. A tavaszi denevéráktívitás szignifikáns ($p < 0,05$) hatása a tarka szőlőmoly tavaszi denzitására (a) és a tarka szőlőmoly egyedsűrűségének szignifikáns hatása az átlagos terméskártételre (b). A szürke sávok a 95 %-os konfidencia-intervallumokat jelzik. (Korányi és mtsai [2025] által közölt ábra módosított változata.)

szőlőmoly egyedsűrűsége és a terméskártétel között szignifikáns pozitív kapcsolatot figyeltünk meg (4. b ábra). A vizsgálattal kapcsolatos további eredmények Korányi és mtsai (2025) munkájában olvashatók.

Következtetések

Az erdőszült tájak pozitív hatást gyakoroltak a madarak egyedsűrűségére, valamint a denevérek aktivitására a tavaszi időszakban. A lombhullató, különösen az őshonos fajok dominálta erdőfoltok és azok szegélyei (kocsánytalan tölgy [*Quercus petraea*] a vizsgált területeinken) megfelelő költőhelyeket és bőséges táplálékforrást biztosíthatnak mind a rovarfogyasztó madarak (Barbaro és mtsai 2021, Lourenço mtsai 2021), mind pedig denevérek számára ebben az időszakban (Charbonnier mtsai 2016, Görföl és Csorba 2018). Nyáron, miután a nőstények elhagyják a szülőkolóniákat és a fiatal denevérek röpképesé válnak, az aktivitás és a repülési távolságok is jelentősen növekedhetnek (Herrera és mtsai 2024). Ez magyarázhatja a denevérek nyíltabb tájakon tapasztalható fokozott aktivitását ebben az időszakban. Az ültetvények művelési módja a madarakra és denevérekre nem gyakorolt kimutatható hatást. Tekintve, hogy a vizsgált csoportok közül a

madarak és a denevérek rendelkeztek a legjobb terjedési képességekkel, az egyedszámbeli és aktivitási mintázataikat a táj heterogenitása jobban meghatározhatta, mint az ültetvények helyi tulajdonságai (Assandri és mtsai 2016, Herrera és mtsai 2021, Tscharntke és mtsai 2021).

Szemben a lombosítatlakó ízeltlábúak számával, a *L. botrana* egyedsűrűsége számottevő csökkenést mutatott a denevérek fokozott tavaszi aktivitásával. A denevérek opportunisták, melyek gyorsan reagálnak a zsákmányállatok, köztük számos lepkefaj növekvő denzitására (Wickramasinghe és mtsai 2004, Ancillotto és mtsai 2022, Blažek és mtsai 2021). Mindemellett a *L. botrana* a denevérek fontos tápláléka lehet és meghatározhatja azok aktivitását az európai bortermő régiókban (Baroja és mtsai 2021, Charbonnier és mtsai 2021). A vizsgált ízeltlábú taxonok közül tavasszal a *L. botrana* fordult elő a legnagyobb egyedszámban (1791 a 3601 egyedből), ezáltal fontos táplálékforrása lehetett a denevéreknek. Ezzel szemben a lombosítatlakó ízeltlábúak viszonylag kis számban voltak jelen az ültetvényekben, így kevésbé jelenthettek potenciális táplálékot számukra. Ez utóbbi csoportra elsősorban a szőlőművelés módja gyakorolt hatást: a bio ültetvényekben viszonylag nagy számban fordultak elő, amit a gyomirtó és szintetikus rovarölő

készítmények csökkent használata, illetve melőzése magyarázhat (Wickramasinghe és mtsai 2004, Markó 2017, Zielonka és mtsai 2024).

A kizárt mintaterületek esetén nagyobb levél- és termésbivórárt tapasztaltunk, ami kiemeli a madarak és denevérek potenciális szerepét a kártétel csökkentésében és a terméshozam növelésében (Monteagudo és mtsai 2023, Tuneu-Corral és mtsai 2023). Ezzel összhangban kisebb mértékű terméskártételt figyeltünk meg az általuk tavasszal preferált erdőszűlő tájakon belül. Bár a madarak fontos szerepet tölthetnek be kártevők biológiai szabályozásában és a kártétel csökkentésében élő kultúrákban is (Monteagudo és mtsai 2023), a madár és moly egyedszámok között statisztikailag nem mutattunk ki negatív összefüggést. Ez alapján feltételezhető, hogy a madarak elsősorban szomszédos erdőfoltokban és azok szegélyében táplálkozhattak, potenciálisan akadályozva ezzel a kártevők szőlőültetvényekbe történő betelepülését (Python és mtsai 2016, Tschardt és mtsai 2016, Boesing és mtsai 2017). A madarak és denevérek jelenléte nem befolyásolta a ragadozó ízeltlábúak általi predációs nyomást az ültetvényekben, amely a kizárás hatásától függetlenül a bio ültetvényekben volt meghatározó. Ez magyarázhatja a csökkent augusztusi moly egyedszámot ezekben az ültetvényekben, tekintve, hogy a pókok, mint legnagyobb számban megfigyelt lombozatlakó ragadozók, fontos szőlőmoly predátoroknak tekinthetők (Thiery és mtsai 2018).

Összességében vizsgálatunk rámutat az erdőszűlő tájak szerepére a madarak és denevérek támogatásában, valamint a kártevők biológiai szabályozásában és terméskártétel csökkentésében. A lombhullató, kevésbé intenzíven kezelt erdőfoltok jelentősége a költési időszakban különösen nagy lehet, főleg, ha ezek nagymértékben tartalmazznak olyan idősebb és őshonos fákat, amelyek támogatják a diverz rovaregyütteseket (Charbonnier mtsai 2016, Boesing és mtsai 2017). Továbbá meghatározó lehet a fás élőhelyhálózatok biztosítása az ültetvények táji környezetében: ezek az egybefüggő, foltos és lineáris elemek (például facsoportok, bokros élőhelyek és sövények) „zöld

folyosók” biztosításával segíthetik a gerinces ragadozók térnyerését az agrártájakon belül (Frey-Ehrenbold és mtsai 2013, Brambilla és Gatti 2022, Krings és mtsai 2022). A madarak és denevérek általi biológiai szabályozás kiegészíthető a hasznos ízeltlábúak betelepülésének elősegítésével, amely hangsúlyozza a kevésbé intenzív szőlőművelés jelentőségét. A gyomirtó és szintetikus rovarölő készítmények mérsékelt használata és nélkülözése, illetve megfelelő minőségű sorköz vegetáció biztosítása segítheti a lombkoronaszinten vadászó ízeltlábúak jelenlétét. Mindemellett az ültetvényekben és azok környezetében lévő kisebb facsoportok és kihelyezett mesterséges madár- és denevérodúk fokozhatják a gerinces ragadozók jelenlétét (Zanathy és mtsai 2014, Tuneu-Corral és mtsai 2023, Herrera és mtsai 2024).

Köszönetnyilvánítás

Köszönjük Szűcs Dorinának, Kabai Melindának, Brigida M. D. Bowen-nek, Lakatos Tamásnak és különösen Koszta Csabának az adatok terepi és laboratóriumi feldolgozásában nyújtott sokrétű segítségüket, valamint Gallé-Szpisjak Nikolettnek az ábrák kidolgozásában nyújtott segítségét. Hálásak vagyunk továbbá a szőlészetek és pincészetek tulajdonosainak és munkatársainak a vizsgálatba bevont ültetvények és azok művelési adatainak rendelkezésünkre bocsátásáért. Ez a tanulmány az Európai Unió Horizont 2020 kutatási és innovációs program 862480 számú pályázatának (SHOWCASE projekt) keretében kapott támogatást. Batáry Pétert az NKFIH KKP 133839 pályázat, Zsebők Sándort NKFIH FK-146466 pályázat támogatta.

IRODALOM

- Ancillotto, L., Rummo, R., Agostinetto, G., Tommasi, N., Garonna, A.P., de Benedetta, F., Bernardo, U., Galimberti, A. and Russo, D. (2022): Bats as suppressors of agroforestry pests in beech forests. *Forest Ecology and Management*, 522: 120467.
- Assandri, G., Bogliani, G., Pedrini, P. and Brambilla, M. (2016): Diversity in the monotony? Habitat traits and management practices shape avian

- communities in intensive vineyards. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, 223: 250–260.
- Barbaro, L., Assandri, G., Brambilla, M., Castagneyrol, B., Froidevaux, J., Giffard, B., Pithon, J., Puig-Montserrat, Torre, I., Calatayud, F., Gaüzère, P., Guenser, J., Macià-Valverde, F.X., Mary, S., Raison, L., Sirami, C. and Rusch, A.** (2021): Organic management and landscape heterogeneity combine to sustain multifunctional bird communities in European vineyards. *Journal of Applied Ecology*, 58: 1261–1271.
- Baroja, U., Garin, I., Vallejo, N., Aihartza, J., Rebelo, H. and Goiti, U.** (2021): Bats actively track and prey on grape pest populations. *Ecological Indicators*, 126: 107718.
- Batáry, P., Báldi, A., Ekroos, J., Gallé, R., Grass, I. and Tscharnkte, T.** (2020): *Biologia Futura*: landscape perspectives on farmland biodiversity conservation. *Biologia Futura*, 71: 9–18.
- Bates, D., Maechler, M., Bolker, B. and Walker, S.** (2015): Fitting linear mixed-effects models using lme4. *Journal of Statistical Software*, 67: 1–48.
- Begg, G. S., Cook, S. M., Dye, R., Ferrante, M., Franck, P., Lavigne, C., Lövei, G.L., Mansion-Vaquie, A., Pell, J.K., Petit, S., Quesada, N., Ricci, B., Wratten, S.D. and Birch, A.N.E.** (2017): A functional overview of conservation biological control. *Crop Protection*, 97: 145–158.
- Blažek, J., Konečný, A. and Bartonička, T.** (2021): Bat aggregational response to pest caterpillar emergence. *Scientific Reports*, 11: 13634.
- Boesing, A.L., Nichols, E. and Metzger, J.P.** (2017): Effects of landscape structure on avian-mediated insect pest control services: a review. *Landscape Ecology*, 32: 931–944.
- Brambilla, M. and Gatti, F.** (2022): No more silent (and uncoloured) springs in vineyards? Experimental evidence for positive impact of alternate inter-row management on birds and butterflies. *Journal of Applied Ecology*, 59: 2166–2178.
- Brooks, M.E., Kristensen, K., Benthem, K.J. van, Magnusson, A., Berg, C.W., Nielsen, A., Skaug, H.J., Mächler, M. and Bolker, B.M.** (2017): glmmTMB balances speed and flexibility among packages for zero-inflated generalized linear mixed modeling. *The R Journal*, 9: 378–400.
- Charbonnier, Y., Gaüzère, P., van Halder, I., Nezan, J., Barnagaud, J. Y., Jactel, H. and Barbaro, L.** (2016): Deciduous trees increase bat diversity at stand and landscape scales in mosaic pine plantations. *Landscape Ecology*, 31: 291–300.
- Charbonnier, Y., Papura, D., Touzot, O., Rhoy, N., Sentenac, G. and Rusch, A.** (2021): Pest control services provided by bats in vineyard landscapes. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, 306: 107207.
- ECA** (2023): Special report: Restructuring and planting vineyards in the EU – Unclear impact on competitiveness and limited environmental ambition. European Court of Auditors, Luxembourg
- Frey-Ehrenbold, A., Bontadina, F., Arlettaz, R. and Obrist, M.K.** (2013): Landscape connectivity, habitat structure and activity of bat guilds in farmland-dominated matrices. *Journal of Applied Ecology*, 50: 252–261.
- Görföl T. és Csorba G.** (2018): *Denevérek. Fővárosi Állat- és Növénykert*, Budapest
- Herrera, J.M., Carvalho, A., Barreiro, S., Jiménez-Navarro, G., Melguizo-Ruiz, N., Beja, P., Moreira, F., Vasconcelos, S., Morgado, R. and Silva, B.** (2024): Temporal mismatches in flight activity patterns between *Pipistrellus kuhlii* and *Prays oleae* in olive farms: Implications for biocontrol services potential. *Journal of Applied Ecology*, 61: 526–537.
- Herrera, J.M., Silva, B., Jiménez-Navarro, G., Barreiro, S., Melguizo-Ruiz, N., Moreira, F., Vasconcelos, S., Morgado, R. and Rodríguez-Pérez, J.** (2021): A food web approach reveals the vulnerability of biocontrol services by birds and bats to landscape modification at regional scale. *Scientific Reports*, 11: 23662.
- Jonsson, M., Bommarco, R., Ekbom, B., Smith, H.G., Bengtsson, J., Caballero-Lopez, B., Winqvist, C. and Olsson, O.** (2014): Ecological production functions for biological control services in agricultural landscapes. *Methods in Ecology and Evolution*, 5: 243–252.
- Korányi, D., Zsebők, S., Báldi, A., Brambilla, M., Varga, M. and Batáry, P.** (2025): Forest cover enhances pest control by birds and bats independently of vineyard management intensity. *Journal of Applied Ecology* (in press)
- Krings, C.H., Darras, K., Hass, A., Batáry, P. and Fabian, Y.** (2022): Not only hedgerows, but also flower fields can enhance bat activity in intensively used agricultural landscapes. *Basic and Applied Ecology*, 63: 23–35.
- Lourenço, R., Pereira, P.F., Oliveira, A., Ribeiro-Silva, J., Figueiredo, D., Rabaça, J.E., Mira, A. and Marques, J.T.** (2021): Effect of vineyard characteristics on the functional diversity of insectivorous birds as indicator of potential biocontrol services. *Ecological Indicators*, 122: 107251.

- Maas, B., Karp, D.S., Bumrungsri, S., Darras, K., Gonthier, D., Huang, J.C.C., Lindell, C.A., Maine, J.J., Mestre, L., Michel, N.L., Morrison, E.B., Perfecto, I., Philpott, S.M., Şekerciöğlu, Ç.H., Silva, R.M., Taylor, P.J., Tscharnkte, T., Van Bael, S.A., Whelan, C.J. and Williams-Guillén, K. (2016): Bird and bat predation services in tropical forests and agroforestry landscapes. *Biological Reviews*, 91: 1081–1101.
- Mac Aodha, O., Gibb, R., Barlow, K.E., Browning, E., Firman, M., Freeman, R., Harder, B., Kinsey, L., Mead, G.R., Newson, S.E., Pandourski, I., Parsons, S., Russ, J., Szodoray-Paradi, A., Szodoray-Paradi, F., Tilova, E., Girolami, M., Brostow, G. and Jones, K.E. (2018): Bat detective—Deep learning tools for bat acoustic signal detection. *PLoS Computational Biology*, 14: e1005995.
- Markó V. (2017): Kártevők integrált és ökológiai szabályozása almaültetvényekben – Történeti áttekintés. *Növényvédelem*, 78: 333–346.
- Mezőfi L., Miglécz T., Józán Z. és Tóth F. (2025): Virágos takarónövények hatása szőlősorközök ízeltlábú-együtteseire, különös tekintettel a méhekre. *Növényvédelem*, 86: 204–216.
- Miskó K. és Fogarasi J. (2019): Az ökoszisztéma-szolgáltatások értékelésének tapasztalatai és agrárgazdasági jelentősége. *Gazdálkodás*, 63: 95–115.
- Monteagudo, N., Benayas, J.M.R., Andivia, E. and Rebollo, S. (2023): Avian regulation of crop and forest pests, a meta-analysis. *Pest Management Science*, 79: 2380–2389.
- Nyffeler, M., Şekerciöğlu, Ç.H. and Whelan, C.J. (2018): Insectivorous birds consume an estimated 400–500 million tons of prey annually. *Science of Nature*, 105: 47.
- Pithon, J.A., Beaujouan, V., Daniel, H., Pain, G. and Vallet, J. (2016): Are vineyards important habitats for birds at local or landscape scales? *Basic and Applied Ecology*, 17: 240–251.
- Provost, C. and Pedneault, K. (2016): The organic vineyard as a balanced ecosystem: Improved organic grape management and impacts on wine quality. *Scientia Horticulturae*, 208: 43–56.
- Rader, R., Nuñez, M.A., Siqueira, T., Zou, Y., Macinnis-Ng, C., Marini, L., Batáry, P., Gordon, R., Groves, L. and Barlow, J. (2024): Beyond yield and toward sustainability: Using applied ecology to support biodiversity conservation and food production. *Journal of Applied Ecology*, 61: 1142–1146.
- Saura, S. and Torné, J. (2009): Conefor Sensinode 2.2: a software package for quantifying the importance of habitat patches for landscape connectivity. *Environmental Modelling & Software*, 24: 135–139.
- Tanács E., Belényesi M., Lehoczki R., Pataki R., Petrik O., Standovár T., Pásztor L., Laborczi A., Szatmári G., Molnár Z., Bede-Fazekas Á., Kisé Fodor L., Varga I., Zsembery Z. és Maucha G. (2019): Országos, nagyfelbontású ökoszisztéma-alaptérkép: módszertan, validáció és felhasználási lehetőségek. *Természetvédelmi Közlemények*, 25: 34–58.
- Thiéry, D., Louâpre, P., Muneret, L., Rusch, A., Sentenac, G., Vogelweith, F., Iltis, C. and Moreau, J. (2018): Biological protection against grape berry moths. A review. *Agronomy for Sustainable Development*, 38: 15.
- Tóth Z. és Báldi A. (2006): Az organikus gazdálkodás hatása a biodiverzitásra. *Természetvédelmi Közlemények*, 12: 17–33.
- Tscharnkte, T., Grass, I., Wanger, T. C., Westphal, C. and Batáry, P. (2021): Beyond organic farming – harnessing biodiversity-friendly landscapes. *Trends in Ecology and Evolution*, 36: 919–930.
- Tscharnkte, T., Karp, D.S., Chaplin-Kramer, R., Batáry, P., DeClerck, F., Gratton, C., Hunt, L., Ives, A., Jonsson, M., Larsen, A., Martin, E.A., Martínez-Salinas, A., Meehan, T.D., O'Rourke, M., Poveda, K., Rosenheim, J.A., Rusch, A., Schellhorn, N., Wanger, T.C., Wratten, S. and Zhang, W. (2016): When natural habitat fails to enhance biological pest control – Five hypotheses. *Biological Conservation*, 204: 449–458.
- Tuneu-Corral, C., Puig-Montserrat, X., Riba-Bertolín, D., Russo, D., Rebelo, H., Cabeza, M. and López-Baucells, A. (2023): Pest suppression by bats and management strategies to favour it: a global review. *Biological Reviews*, 98: 1564–1582.
- Wickramasinghe, L. P., Harris, S., Jones, G. and Jennings, N.V. (2004): Abundance and species richness of nocturnal insects on organic and conventional farms: Effects of agricultural intensification on bat foraging. *Conservation Biology*, 18: 1283–1292.
- Zanathy G., Szuromi P., Koncz G. és Ladányi M. (2014): A mesterséges fészekodók kihelyezésének sikeressége az Egri borvidéken. *Kertgazdaság*, 46: 46–53.
- Zielonka, N.B., Shutt, J.D., Butler, S.J. and Dicks, L.V. (2024): Management practices, and not surrounding habitats, drive bird and arthropod biodiversity within vineyards. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, 367: 108982.

THE ROLE OF FORESTED LANDSCAPES IN PROMOTING BIRD- AND BAT-MEDIATED BIOLOGICAL PEST CONTROL IN VINEYARDS

D. Korányi¹, S. Zsebők^{2,3}, A. Báldi⁴, M. Brambilla⁵, M. Varga⁶ and P. Batáry¹

¹MTA–HUN-REN Centre for Ecological Research, Institute of Ecology and Botany, 'Lendület' Landscape and Conservation Ecology, H-2163 Vácrátót, Alkotmány út 2–4., Hungary

²HUN-REN Centre for Ecological Research, Institute of Ecology and Botany, Evolutionary Ecology Research Group, H-2163 Vácrátót, Alkotmány út 2–4., Hungary

³Eötvös Loránd University, Department of Systematic Zoology and Ecology, H-1053 Budapest, Egyetem tér 1–3., Hungary

⁴HUN-REN Centre for Ecological Research, Institute of Ecology and Botany, 'Lendület' Ecosystem Services Research Group, H-2163 Vácrátót, Alkotmány út 2–4., Hungary

⁵University of Milan, Department of Environmental Science and Policy, Via Celoria 2. 20133 Milano, Italy

⁶Varga Winery, H-8257 Badacsonytörs, Füredi út 49., Hungary

E-mail: koranyi.david@ecolres.hu

Agricultural intensification poses a significant threat to farmland communities and their associated ecosystem services. Landscape simplification and heavy use of agrochemicals reduce the number and activity of natural enemies, weakening natural pest control. We conducted an exclusion experiment in vineyards around Lake Balaton to examine how birds and bats affect arthropods and associated ecosystem functions, considering the management type (organic vs. integrated pest management) and landscape heterogeneity (forested vs. open, agricultural landscapes) of plantations. We also collected abundance data of the main grape pest, the European grapevine moth (*Lobesia botrana*), along with canopy-dwelling phytophagous and predatory arthropods, and measured the fruit and leaf herbivory and predation pressure related to these groups. Forested landscapes increased insectivorous bird and bat activity in spring, leading to lower fruit damage, mainly due to the negative effect of increased bat activity on moth populations. Vineyard management showed no significant impact on birds and bats, but organic vineyards had higher densities of canopy-dwelling arthropods, more leaf damage, and greater predation on sentinel prey. In addition, vines in exclusion plots experienced consistently higher fruit and leaf damage. Our findings emphasise the vital role of bats and birds in reducing herbivory and increasing economic benefits in vineyards. Their presence and activity can be facilitated by connected landscapes incorporating hedgerows and small groups of trees, as well as native, deciduous forest patches that can potentially increase the amount of food sources and suitable nesting and roosting sites. Organic vineyards within these landscapes can further support pest control by fostering predatory arthropods.

Keywords: cage experiment, ecosystem services, landscape, management, natural enemies

Érkezett: 2025. augusztus 4.

ÁZSIAI EREDETŰ *ERYSIPHE*-FAJOK OKOZNAK LISZTHARMATOS MEGBETEGEDÉST KÖRIS- ÉS SZILFÁKON MAGYARORSZÁGON

Molnár Orsolya¹, Németh Z. Márk¹, Soós Anita Z.¹, Seress Diána¹, Ágoston János², Borostyán Katalin¹ és Pintye Alexandra^{1,3}

¹HUN-REN ATK Növényvédelmi Intézet, 1116 Budapest, Fehérvári út 132-144.

²HUN-REN-SZE PhatoPlant-Lab, Széchenyi István Egyetem, 9200 Mosonmagyaróvár, Vár tér 2.

³ELTE Biológiai Intézet, Növényismereti Tanszék, 1117 Budapest, Pázmány Péter sétány 1/C.
E-mail: molnar.orsolya@atk.hun-ren.hu

A körisfák (*Fraxinus* spp.) és a szilfák (*Ulmus* spp.) erdőalkotó és díszfaként egyaránt elterjedtek Magyarországon. Az őshonos szilfajok mellett a kertészetek ázsiai eredetű fajokat is kínálnak, mint például az *U. pumila*, amely különösen népszerűvé vált sövénynövényként.

Az utóbbi években Magyarországon több, Európában eddig nem detektált, az *Erysiphe* nemzetségre tartozó lisztharmatgombafaj bukkant fel; 2018 és 2024 között szil, 2022 és 2023-ban köris gazdanövényekről gyűjtöttünk lisztharmattal fertőzött leveleket. A levelek a színükön mutattak tüneteket. A termőtestek, a konídiumok és az appressóriumok részletes morfológiai vizsgálatát követően molekuláris vizsgálatokat is végeztünk. A riboszómális DNS internal transcribed spacer (ITS) régiójának szekvenciáját összevetettük az NCBI adatbázisból származó referencia szekvenciákkal. A filogenetikai törzsfák megerősítették a következő fajok azonosítását: *Erysiphe salmonii* körisfajokon, *E. ulmi* és *E. kenjiana* szilfajokon. Az *E. kenjiana* és az *E. salmonii* újonnan detektált fajok hazánkban.

A nemzetközi szakirodalomban publikált adatok azt mutatják, hogy ezen ázsiai eredetű fajok rövid idő alatt sikeresen terjedtek nyugat felé.

Kulcsszavak: *Erysiphe*, nem őshonos fajok, köris, szil, molekuláris azonosítás, filogenetika

A körisek Magyarországon erdőalkotó fák, amelyeket széles körben természetnek dísnövényként is. Gyakran fertőzöttek lisztharmattal, mely betegség kórokozójaként egészen a közelmúltig (Heluta és mtsai 2017) csak a *Phyllactinia* nemzetségbe tartozó fajok voltak ismertek (Maeda és mtsai 2021). Azonban 2015 óta több európai országban is azonosítottak egy új kórokozót, az *Erysiphe salmonii*-t (Heluta és mtsai 2017). Ezt a fajt eredetileg Japánban írták le, és Kínából is ismert volt, ahol különböző *Fraxinus*- és *Syringa*-fajokat fertőz (Braun és

Cook 2012). Európában az *E. salmonii* elterjedésének dokumentált változását az 1. táblázatban mutatjuk be.

1. táblázat

Az *Erysiphe salmonii* elterjedési adatai *Fraxinus*-fajokon Európában a nemzetközi szakirodalom szerint

Ország	Megbetegített faj	Gyűjtés éve	Publikáció
Ukrajna	<i>F. excelsior</i> <i>F. pennsylvanica</i> <i>F. rhynchophylla</i>	2015	Heluta és mtsai (2017).
Svájc	<i>F. ornus</i>	2020	Beenken és Brodtbeck (2020)
Románia	<i>F. excelsior</i>	2020	Chinan és Dascălu (2022)
Ausztria	<i>F. excelsior</i> <i>F. ornus</i>	2021	Voglmayr és mtsai (2021)
Olaszország	<i>F. ornus</i>	2021	Hofbauer és Braun (2023)
Szlovénia	<i>F. excelsior</i> <i>F. ornus</i>	2022	Brglez és mtsai (2023)
Magyarország	<i>F. excelsior</i> <i>F. ornus</i>	2022	Pintye és mtsai (2024)

2. táblázat

Ami a szileket illeti, néhány szilfaj (*Ulmus laevis*, *U. minor* és *U. glabra*) őshonos, erdőalkotó fa Magyarországon (Börcsök 2004), míg mások ázsiai eredetű fajok, melyek a kertészetek kínálatát gazdagítják. Ilyen például az *U. pumila*, mely kedvelt sövénynövény hazánkban. A szilek lisztharmatfertőzésének kórokozói Európában korábban a *Phyllactinia nivea* vagy az *E. ulmi* voltak (Braun és Cook 2012). Előbbi a levéllemez fonákán, utóbbi a levéllemez színén okoz tüneteket. Az *E. ulmi* jelenléte Magyarországon ismert (*E. clandestina* néven, Nagy és Kiss 2006). Ázsiában egy másik faj, az *E. kenjiana* fertőzi a szileket, míg egy harmadik faj, az *E. parvifoliae* (Kirschner és mtsai 2020) az *U. parvifolia* kórokozójaként ismert. Az *E. kenjiana*-t Kínában írták le, és elterjedése a Távol-Kelettől Oroszorszáig terjedt (Braun és Cook 2012). A faj jelenlegi ismereteink szerint a szilfákat, pontosabban az *U. davidiana*, *U. glaucescens*, *U. glabra*, *U. laevis*, *U. macrocarpa*, *U. minor*, *U. parvifolia* és *U. pumila* fajokat fertőzi meg (Heluta és mtsai 2009, Bradshaw és mtsai 2023). Európában az *E. kenjiana* elterjedésének dokumentált változását a 2. táblázatban mutatjuk be.

Anyag és módszer

Lisztharmatminták, morfológiai vizsgálatok

Az első lisztharmatos *F. ornus* leveleket 2022 októberében gyűjtöttük Budapesten, a továbbiakat pedig 2023 szeptemberében a Budapest-környéki erdőkben. A fertőzött *F. excelsior* leveleket 2023 szeptemberében Budapesten, városi területen gyűjtöttük. A fertőzött növények egy kivételével fiatal, legfeljebb kétéves magoncok voltak, súlyos lisztharmatfertőzéssel. Az egyik *F. excelsior* minta felnőtt fáról származott, közepes súlyosságú

Az *Erysiphe kenjiana* elterjedési adatai *Ulmus*-fajokon Európában a nemzetközi szakirodalom szerint

Ország	Megbetegített faj	Gyűjtés éve	Publikáció
Ukrajna	<i>U. pumila</i> <i>U. laevis</i> <i>U. minor</i> <i>U. glabra</i>	2007	Heluta és mtsai (2009).
Oroszország európai része	<i>Ulmus</i> sp.	2008	Bulgakov (2008)
Románia	<i>U. pumila</i>	2017	Chinan (2019)
Magyarország	<i>U. pumila</i>	2018	Molnár és mtsai (2025)

fertőzéssel. A színükön lisztharmattal fertőzött *U. pumila* leveleket Budapesten, városi környezetben gyűjtöttük, 2018-ban, 2019-ben, 2023-ban és 2024-ben, ugyanarról a sövényről. A Budapestet körülvevő erdők szilfáit 2023-ban mintáztuk.

A leveleken található lisztharmatgombák morfológiai jellemzőit fénymikroszkóppal (Nikon ECLIPSE Ni-U álló mikroszkóp, Nikon Digital Sight 10 kamerával) és aranyozást követően (SafeMatic CCU-010 HV nagyvákuumú kompakt bevonó egység, Svájc) pásztázó elektronmikroszkóppal (SEM; Hitachi SV1000 FlexSEM, Hitachi High-Tech, Tokió, Japán) vizsgáltuk (Molnár és mtsai 2025). A kórokozókat morfológiájuk (Braun és Cook 2012) és a riboszómális DNS internal transcribed spacer (ITS) régió szekvenciája alapján azonosítottuk (lásd lentebb). A lisztharmatos leveleket elhelyeztük a Magyar Természettudományi Múzeum Növénytárának Gombagyűjteményében.

DNS-kivonás, polimeráz láncreakció (PCR), filogenetikai analízis

A fajok azonosításához DNS-t izoláltunk mintánként egyetlen ivaros termőestéből (kazmotéciumból) Pintye és mtsai (2020) leírása szerint, ill. micéliumból és konídiumokból forralásos módszerrel (Pintye és mtsai 2023). Az ITS régiót PCR-ben szaporítottuk fel (Pintye és mtsai 2024), a szekvenálást egy szolgáltató laboratórium végezte (LGC Genomics GmbH,

Berlin, Németország). A kapott szekvenciákat összehasonlítottuk az NCBI adatbázisának szekvenciáival (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) (Altschul és mtsai 1990) és az NCBI adatbázisával (Pintye és mtsai 2024, Molnár és mtsai 2025).

A filogenetikai elemzés maximum likelihood (ML) módszerrel a raxmlGUI 1.5 programmal történt (Silvestro és Michalak 2012, Stamatakis 2014, Pintye és mtsai 2024, Molnár és mtsai 2025).

Eredmények

Köríslisztharmat

A körisleveleket fertőző lisztharmatgombák morfológiai jellemzői megegyeztek az *E. salmonii* fajával (Braun és Cook 2012). A kazmotéciumok átmérője 83–120 μm volt, 10–30 függelékkel rendelkeztek, melyek egyenesek vagy ívelték voltak, hosszuk 103–147 μm volt. A függelékek csúcsa pásztorbatszerűen visszahajlott (1B. ábra). A kazmotéciumokban nem találtunk aszkuszkokat. A micélium epifitikus volt, mérsékelten lebenyes hifális appresszóriumokkal. A konídiumtartók egyenesek voltak és egyesével képezték a konídiumokat. A konídiumok átlátszóak, ellipszoid-ovális alakúak, 25–33 $\times$ 9–13 μm méretűek voltak, fibrozin testeket nem tartalmaztak. A konídiumok csírázása szubterminális volt, a konídiumok appresszóriuma lebenyes vagy erősen lebenyes volt (1C. ábra).

A körísről származó magyar minták szekvenciái azonosak voltak, és 100%-ban megegyeztek az NCBI adatbázisban szereplő *E. salmonii* szekvenciákkal. A filogenetikai elemzés (Pintye és mtsai 2024) kimutatta, hogy a magyar minták egy csoportba tartoznak az *E. salmonii* epitípusával, valamint a Japánból, Ukrajnából, Romániából, Ausztriából és Svájcban származó mintákkal, melyek *F. mandshurica*, *F. rhynchophylla*, *F. excelsior*, *F. pennsylvanica*, *F. sieboldiana* és *F. ornu*s körísfajokat fertőztek. Fentiek alapján kimondhatjuk, hogy mind a morfológiai vizsgálat, mind a filogenetikai elemzés egyértelműen kimutatta, hogy a köriseket hazánkban fertőző új megjelenésű lisztharmatgombafaj az *E. salmonii* (Pintye és mtsai 2024).

Szillisztharmat

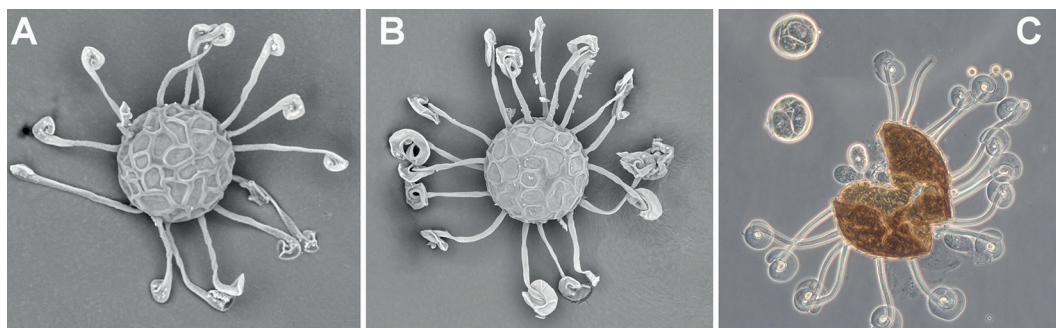
A szilleveleken számos kazmotéciumot találtunk, míg konídiumok csak a 2024 júniusában gyűjtött leveleken voltak megfigyelhetők. A termőtestek morfológiája alapján két különböző típus volt megkülönböztethető. Az ITS-szekvenciák alapján *E. kenjiana*-ként azonosított példányok morfológiai jellemzői nagyrészt megegyeztek az *E. kenjiana* (Braun és Cook 2012) jellemzőivel, de kis eltéréseket mutatnak a konídiumtartók és a konídiumok méretében. A konídiumtartók hossza 80–111 μm volt; a lábsejtek alsó része ívelt volt, utánuk egy vagy két rövidebb sejt következett, és egyetlen, átlátszó, ellipszoid-hengeres konídiumot



1. ábra. Köríslisztharmat (*Erysiphe salmonii*): A: Epifitikus micélium. B: Kazmotécium fénymikroszkópban. A mérce hossza 100 μm . C: Csírázó konídium erősen lebenyes appresszóriummal fénymikroszkópban. A mérce hossza 25 μm . Fotók: Pintye Alexandra

termeltek. A konídiumok mérete körülbelül $27\text{--}39 \times 13\text{--}17\text{ }\mu\text{m}$ volt, fibrozin testek nélkül. A kazmotéciumok átmérője $58\text{--}94\text{ }\mu\text{m}$ volt, $9\text{--}17$ függelékkal rendelkeztek, melyek egyenesek vagy ívelték voltak, hosszuk $62\text{--}103\text{ }\mu\text{m}$ volt. Az *E. kenjiana*-ként azonosított példányok kazmotéciumainak morfológiája – a függelékek csúcsa spirálisan csavart, lapított volta

és mtsai 2023), más németországi példányokkal és iráni *E. ulmi* var. *ulmi* példányokkal (Darsaraei és mtsai 2021). Mind a morfológiai vizsgálat, mind a filogenetikai elemzés igazolta, hogy a szileket hazánkban fertőző új megjelenésű lisztharmatgombafaj az *E. kenjiana* (Molnár és mtsai 2025).



2. ábra. Szilisztharmat, kazmotécium-morfológia: A: *Erysiphe ulmi* (SEM), B: *Erysiphe kenjiana* (SEM). C: *E. kenjiana* kazmotéciuma és aszkusza aszkospórakkal, fénymikroszkópban. Fotók: Pintye Alexandra

miatt – (2B és 2C. ábra) egyértelműen megkülönböztethető volt az *E. ulmi* példányokétól, melyeknél a függelékek csúcsa csigavonalban visszahajlott (2A. ábra) (Braun és Cook 2012). Az aszkuszok széles tojásdadok voltak, többnyire két aszkospórárt tartalmaztak (2C. ábra). Az aszkospórák mérete $24\text{--}29 \times 14\text{--}17,5\text{ }\mu\text{m}$ volt. A micélium epifitikus, lebenyes vagy többszörösen lebenyes hifális appresszoriumokkal, melyek többnyire egymással szemben, párokban helyezkedtek el.

Az *U. pumila*-ról származó lisztharmatminták szekvenciái azonosak voltak, és 100%-os egyezést mutattak az NCBI adatbázisban szereplő *E. kenjiana* szekvenciákkal. A filogenetikai elemzés (Molnár és mtsai 2025) kimutatta, hogy a magyar minták egy csoportot alkotnak az *E. kenjiana* epitípusával, valamint az Ukrajnából (Heluta és mtsai 2009) és Romániából (Chinan és mtsai 2019) származó mintákkal, melyek *U. glabra*, *U. minor* és *U. pumila* szilfafajokat fertőztek. Az erdei környezetből származó *Ulmus* sp. magyarországi példányairól izolált lisztharmat szekvenciái szintén azonosak voltak, és 100%-os azonosságot mutattak az *E. ulmi* izoneotípusával (Németország, Bradshaw

Következtetések

A körisek esetében Európán belül 2015-ig (Heluta és mtsai 2017) csak a *Phyllactinia*-fajokról számoltak be, mint a lisztharmat kórokozójáról. Az *E. salmonii* első észlelése (Heluta és mtsai 2017) után a gyors terjedését írták le Európa keleti és középső régióiban (pl. Beenken és Brodtbeck 2020, Chinan és Dascălu 2022). Magyarországi megjelenését kutatócsoportunk nemrég megjelent publikációjában írtuk le (Pintye és mtsai 2024). Hasonló terjedési mintát figyeltek meg Európában a szintén Ázsiából származó mogyorólisztharmat (*E. corylacearum*) esetében is (Heluta és mtsai 2019, Sezer és mtsai 2017). A levéllemez színén tüneteket okozó *E. corylacearum* a széles körben elterjedt *Phyllactinia guttata* mellett jelent meg, ami ugyanazon a gazdanövényfajon, gyakran adott egyeden, a levelek fonákán található; magyarországi megjelenéséről nemrég adtak hírt Kalmár és mtsai (2023). A szintén ázsiai eredetű *E. kenjiana* terjedési mintázata is hasonló, azzal a különbséggel, hogy fertőzését Romániában és Magyarországon még csak városias környezetben, az Ázsiából származó *U. pumila*

növényeken igazolták (Chinan 2019, Molnár és mtsai 2025). Az *E. kenjiana* által okozott fertőzéseket az Európában őshonos szilfajok esetében eddig csak Ukrajnában (Heluta és mtsai 2009) figyelték meg. Ezek az *Ulmus*-fajokon az *E. kenjiana* kevésbé súlyos tüneteket okozott. Mindezeket figyelembe véve, a jövőben az *E. kenjiana* az *U. pumila*-ról a magyarországi őshonos szilfafajokra is áttekinthető, ahogyan ez Ukrajnában már megtörtént. A későbbiekben pedig nem zárható ki az új lisztharmatgombafaj megjelenése a magyarországi erdőkben.

Összegzőként megállapítható, hogy az *E. salmonii* kőrisfán, valamint az *E. kenjiana* szilven történt első magyarországi dokumentálása újabb bizonyítékkal szolgál az Ázsiából származó lisztharmatgombák Európába való áttekintésére, és felhívja a figyelmet e gombák inváziós potenciáljára.

Köszönetnyilvánítás

A kutatás a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Hivatal (NKFIH OTKA FK142735 és FK142971) támogatásával valósult meg. A HUN-REN-SZE PhatoPlant-Lab kutatását a Magyar Kutatási Hálózat TKI (HUN-REN TKI) támogatta (projektszám: 3200107). Pintye Alexandrát az MTA Bolyai János Kutatási Ösztöndíj támogatta.

IRODALOM

- Börcsök Z.** (2004): Vezérfonal a Magyarországon előforduló szilvek (*Ulmus* spp.) meghatározásához. *Flora Pannonica*, 2: 141–152.
- Bradshaw, M., U. Braun and D.H. Pfister** (2023): Phylogeny and taxonomy of the genera of Erysiphaceae, part 4: *Erysiphe* (the “Uncinula lineage”). *Mycologia*, 115: 871–903.
- Brglez, A., B. Piškur and N. Ogris** (2023): First report of *Erysiphe salmonii* on *Fraxinus ornus* and *F. excelsior* in Slovenia. *New Dis. Rep.*, 47: e12159.
- Beenken, L. and Brodtbeck, T.** (2020): First record of *Erysiphe salmonii* causing powdery mildew on *Fraxinus ornus* in Switzerland. *New Dis. Rep.*, 42: 22–22.
- Braun, U. and Cook, R.T.A.** (2012): Taxonomic manual of the Erysiphales (Powdery Mildews) (Vol. 11, CBS Biodiversity Series). CBSKNAW Fungal Biodiversity Centre Utrecht, The Netherlands
- Bulgakov, T.C.** (2008): Invasions of alien phytopathogenic fungi in the south of the European part of Russia in the 21st century: Powdery mildew fungi on trees and shrubs. In: Musolin AVSDL (ed) The Kataev memorial readings X Dendrobiotic invertebrates and fungi and their role in forest ecosystems Vol 2 Phytopathogenic fungi, problems of forest pathology and forest protection. Saint Petersburg State Forest Technical University Saint Petersburg, Russia
- Chinan, V.C.** (2019): First report of *Erysiphe kenjiana* causing powdery mildew of elm in Romania. *For. Pathol.*, 49: e12548.
- Chinan, V.C. and Dascălu, M-M.** (2022): First report of *Erysiphe salmonii* causing powdery mildew on *Fraxinus excelsior* in Romania. *J. Plant Dis. Prot.*, 129: 193–196
- Darsaraei, H., S.A. Khodaparast, S. Mousanejad, B. Asgari, F. Aliabadi and S. Sajedi** (2021): A taxonomic revision of *Erysiphe* sect. *Uncinula* (Erysiphaceae, Helotiales) in Iran. *Mycol. Iran*, 8: 51–65.
- Heluta, V., S. Takamatsu, S. Voytyuk and Y. Shiroya** (2009): *Erysiphe kenjiana* (Erysiphales), a new invasive fungus in Europe. *Mycol. Progress*, 8: 367–375.
- Heluta, V.P., S. Takamatsu and Sa.S. Siahaan** (2017): *Erysiphe salmonii* (Erysiphales, Ascomycota), another East Asian powdery mildew fungus introduced into Ukraine. *Український ботанічний журнал*, 74: 212–219.
- Heluta, V.P., N. Makarenko and G.A. Al-Maali** (2019): First records of *Erysiphe corylacearum* (Erysiphales, Ascomycota) on *Corylus avellana* in Ukraine. *Український ботанічний журнал*, 76: 252–259.
- Hofbauer, W.K. and Braun, U.** (2023): New discoveries of powdery mildew species from Austria and Italy. *Schlechtendalia*, 40: 272–277.
- Kalmár, K., F. Desiderio and V. Varjas** (2023): First report of *Erysiphe corylacearum* causing powdery mildew on hazelnut in Hungary. *Plant Dis.*, 107: 579.
- Kirschner, R., H. Lotz-Winter and M. Piepenbring** (2020): A new species of the elm powdery mildew species complex (Erysiphaceae) on Chinese elm (*Ulmus parvifolia*) in East Asia segregated from *Erysiphe ulmi*. *Phytotaxa*, 447: 276–282.
- Maeda, M., J. Meeboon, V.P. Heluta, S-Y. Liu, S-R. Tang and S. Takamatsu** (2021): Phylogeny and taxonomy of *Phyllactinia* species (powdery

- mildew: Erysiphaceae) occurring on the ash trees (*Fraxinus* spp.). Mycoscience, 62: 268–280.
- Molnár, O., D. Seress, K. Borostyán, A. Pintye and M.Z. Németh** (2025): *Erysiphe kenjiana*: a newly arrived alien species causing powdery mildew on *Ulmus* trees in Hungary. J. Plant Dis. Prot., 132: 56.
- Nagy, G. S. and Kiss, L.** (2006): A check-list of powdery mildew fungi of Hungary. Acta Phytopathol. Entomol. Hung., 41 (1–2): 79–91.
- Pintye, A., M.Z. Németh, O. Molnár, Á.N. Horváth, F. Matolcsi, V. Bókonyi, Zs. Spitzmüller, X. Pálfi, K.Z. Váczy and M.G. Kovács** (2023): Comprehensive analyses of the occurrence of a fungicide resistance marker and the genetic structure in *Erysiphe necator* populations. Sci. Rep., 13: 15172.
- Pintye, A., O. Molnár, A.Z. Soós, D. Seress, J. Ágoston and M.Z. Németh** (2024): Powdery mildew of ash trees caused by the non-native *Erysiphe salmonii* in Hungary. J. Plant Dis. Prot., 131: 1093–1097.
- Sezer, A., F.S. Dolar, S.J. Lucas, C. Kose and E. Gümüş** (2017): First report of the recently introduced, destructive powdery mildew *Erysiphe corylacearum* on hazelnut in Turkey. Phytoparasitica, 45: 577–581.
- Voglmayr, H., W. Jaklitsch and T. Kirisits** (2021): First report of powdery mildew caused by *Erysiphe salmonii* on *Fraxinus excelsior* and *F. ornus* in Austria. New Dis. Rep., 44: 12049.

ERYSIPHE SPP. OF ASIAN ORIGIN CAUSE POWDERY MILDEW ON ASH AND ELM TREES IN HUNGARY

O. Molnár¹, Z. M. Németh¹, Z. A. Soós¹, D. Seress¹, J. Ágoston², K. Borostyán¹ and A. Pintye^{1,3}

¹Plant Protection Institute, HUN-REN Centre for Agricultural Research, H-1116 Budapest, Fehérvári út 132-144., Hungary

²HUN-REN-SZE PhotoPlant-Lab, Széchenyi István University, H-9200 Mosonmagyaróvár, Vár square 2, Hungary

³Department of Plant Anatomy, Institute of Biology, Eötvös Loránd University, H-1117 Budapest, Pázmány Péter sétány 1/C, Hungary

E-mail: molnar.orsolya@atk.hun-ren.hu

Ash trees (*Fraxinus* spp.) and elm trees (*Ulmus* spp.) are widespread in Hungary as both forest-forming and ornamental trees. In addition to native elm species, nurseries also offer species of Asian origin, such as *Ulmus pumila*, which has become particularly popular as a hedge plant.

In recent years, several non-native powdery mildew species belonging to the genus *Erysiphe*, have appeared in Hungary. Between 2018 and 2024, we collected powdery mildew-infected leaves from elm, and between 2022 and 2023 from ash trees. The leaves showed symptoms on their adaxial side, characteristic of the genus *Erysiphe*. Following a detailed morphological examination of the fruiting bodies, conidia, and appressoria, molecular analyses were also conducted. The sequences of the internal transcribed spacer (ITS) region of the ribosomal DNA were compared to reference sequences downloaded from the NCBI database. Maximum Likelihood phylogenetic trees confirmed the occurrence of the following species: *Erysiphe salmonii* on ash, *Erysiphe ulmi* and *Erysiphe kenjiana* on elm trees. Of these, *E. kenjiana* and *E. salmonii* are newly detected species in Hungary.

Data published in international literature show that these Asian species have successfully spread westward in a short period of time.

Keywords: *Erysiphe*, non-native species, ash, elm, molecular identification, phylogeny

Érkezett: 2025. szeptember 19.

ÚJ SZABÁLYOK A GOMBÁK ELNEVEZÉSÉBEN

3. rész: Taxonómiai adatbázisok az érvényes tudományos név használathoz az „egy gomba = egy név” alapján

Kövics György János és Tarcali Gábor

Debreceni Egyetem MÉK Növényvédelmi Intézet, Debrecen
4032 Debrecen, Böszörményi út 138.
E-mail: kovics@agr.unideb.hu

A cikksorozatunk 3. részében áttekintjük azokat a lehetőségeket, melyek a mikológiában a helyes névhasználat tekintetében használatosak, nélkülözhetetlen **globális adatbázisok**, az érvényes tudományos név forrásai az *Index Fungorum*, a *MycoBank* és a *Fungal Names*. Az *Index Fungorum*-ban bármely ismert fajnév pontos beírása alapján megtalálható a keresett gombafaj, a legitim név és a gombacsaládba tartozás helye, az érvényes, egyetlen legitim fajnévre kattintva pedig felsorolja az összes szinonim nevet, azok szerzőivel, a leírás idejével, a publikálás pontos bibliográfiai adataival. A *MycoBank* a másik globális gombanév adatbázis, ahol különböző keresési feltételek alapján, a legegyszerűbb, az összetettebb fajnévkeresés, a típusfaj, bibliográfiai keresés, továbbá mintegy tíz-tizenöt különböző nukleinsav adatbázissal történő összevetés is lehetséges. A **gomba szekvenciaadatok** leggyakrabban a *GenBank*-tól és az *UNITE*-től származnak. Ugyanakkor mellettük sokféle szekvencia-illeszkedést segítő adatbázis is létezik. A *Faces of Fungi*, a *One Stop Shop Fungi* (OSS Fungi), a *Coelomycetes* adatbankok már kényelmes megoldást jelentenek egy helyen összegyűjtött adatokkal.

Kulcsszavak: *Index Fungorum*, *Species Fungorum*, *MycoBank*, *Fungal Names*, *GenBank* (NCBI *GenBank*), *UNITE*, *Bibliography of Systematic Mycology*, *Outline of Fungi*, *One Stop Shop Fungi*, *OSS Fungi*, egyablakos ügyintézés, *Faces of Fungi*, *Assembling the Fungal Tree of Life* (AFTOL), *Coelomycetes* adatbank, *Species Fungorum Plus*, *Dictionary of the Fungi*, *International Mycological Association* (IMA), *Westerdijk Fungal Biology Institute*, high-throughput sequencing (HTS), rDNA-ITS, BLAST, Digital Objective Identifier (DOI)

A 19. században **Pier Andrea Saccardo** „*Sylloge Fungorum*” (1882–1931) munkájának célja az összes ismert gombanév és leírásuk összeállítása volt. A 20. században **Franz Petrak** 1920–1939 időszak „Listái”-val (Petrak 1956, 1957, 1969) folytatódott ez a hagyomány, átfogó indexet biztosítva az új gombanevekről és irodalmi forrásokról.

A jelenkor legfontosabb adatbázisok-ra vonatkozó ajánlásait Redhead & Norwell

(2013) foglalták össze. A legismertebb gomba taxonómiai adatbázisok (*Index Fungorum* és a *MycoBank*) rendszerint a **legjelentősebb forrást jelentik a gombák taxonómiai részleteinek megtalálásához**, míg a **gombák szekvenciaadatai** a *GenBank*-tól és a *UNITE*-től származnak. Különösen az utóbbi **nukleotid adatbázisok rendelkeznek nagyon hiányos minőségellenőrzéssel**, így a *GenBankban* a találatok keresése gyakran értelmetlen lehet. Bár a

szekvenciaadatok leíró nevekhez köthetők, az adatokat szó szerint bárki benyújthatta, és mivel a nevek általában nem kapcsolódnak képekhez, leírásokhoz vagy gombaanyagokhoz, felmerül a megbízhatóság kérdése. *Általában nincs mód annak megállapítására, hogy a nevek pontos-e vagy esetleg csak találgatások?* (Hyde és mtsai 2023a).

Talán nem véletlen, hogy az új adatbázisok „gazdái” (kurátorai) Európából jórészt áthelyeződnek Ázsiába, különösen a dél-kelet ázsiai Thaiföldre (Bangkok), illetve Kínába, ahol a mikológiai kutatásra a monetáris, technikai, és tudománypolitikai lehetőségek (és stratégiai célok) nyomán egyfajta „erővonal” átrendeződésnek lehetünk tanúi. Például az **Outline of Fungi** (Wijayawardene és mtsai 2020) (<https://www.outlineoffungi.org/outline.php>); a **One Stop Shop (OSS) Fungi** (<https://onestopshopfungi.org/>), melyeket az alábbiakban részletesen is bemutatunk.

A gyakorlatban, illetve speciális területeken újabb és újabb adatbázisok is keletkeznek, rendszerint valamilyen tematikai, illetve területi megközelítésnek is megfelelően. Sokféle szekvencia-illeszkedést segítő adatbázis is létezik, pl. EF1, ITS, Mycokey, Morchella, Pasteuryeasts, PasteurMOLDS, MIRRI, The Yeasts Trust Database, ezek ismertetésére itt nem vállalkozhatunk.

Van jónéhány további, – itt részleteiben nem tárgyalt – **speciális adatbázis** is: **Marine fungi** (Jones és mtsai 2019) (<http://marinefungi.org>) a *Tengerben élő gombákról*; **Freshwaterfungi.org** (Calabon és mtsai 2020) (<https://freshwaterfungi.org/>) az *Édesvízi gombákról*; **Sordariomycetes** (Bundhun és mtsai 2020) (<https://sordariomycetes.org>) *gombaosztályról*, amely több mint 1300 *genus*t és mintegy 26 ezer fajt tartalmaz; a **Fungal Genera** (Monkai és mtsai 2020) (<https://www.fungalgenera.org>); a *Gomba Nemzetiségekről*; a **Microfungi in the Greater Mekong Subregion (GMS)** (Chaiwan és mtsai 2021) (<https://gmsmicrofungi.org>), ami a „Nagyobb Mekong Régió” nemzeteken átívelő terület *mikrogombáinak adatbázisa* a Mekong folyó mentén, amely 300 millió embert és 6 országot kapcsol össze (Kambodzsa, Kína,

Laosz, Myanmar (Burma), Thaiföld és Vietnam), melyet az Ázsiai Fejlesztési Bank finanszíroz, 1992-től (Wikipedia.en 2025a).

A nehezen identifikálható, speciális *Fusarium*-szerű gombák azonosítására alkalmas a **Fusarioid-ID** adatbázis (<https://www.fusarium.org>), melyet a Westerdijk Fungal Biodiversity Institute (WI-KNAW, korábban: CBS, Utrecht, Hollandia) működtet (Crous és mtsai 2021).

(a) Index Fungorum – A gomba nevek globális adatbázisa-I.

(<https://www.indexfungorum.org/>)

Az **Index Fungorum** az egyike annak a három nevezéktani repozitóriumnak, melyet a Gomba Nevezéktani Bizottság (Nomenclature Committee for Fungi) elfogad. A másik kettő a **MycoBank** és a **Fungal Names**.

2015-ben a **Species Fungorum** a Royal Botanic Garden (RBG, Kew, UK) által elindított és **koordinált kezdeményezés** (az Új-Zélandi Landcare Research, NZ és a Kínai Tudományos Akadémia Mikrobiológiai Intézete támogatásával) a **gombák globális fajellenőrző listájának** összeállítására. A *Species Fungorum* hozzájárul a gombák (Fungi) kezelésével a „*Species 2000*” projekthez, valamint az „*Integrated Taxonomic Information System*” (ITIS) fajokról szóló információk biológiai integrált rendszeréhez, amely a világ élőlényének adatbázisa. Az ITIS-ben tárolt anyag felöleli a **teljes Föld növény- és állatvilágát**, legyenek azok szárazföldi vagy vízi élőlények. Az ITIS-szel együttműködésben van a *Global Biodiversity Information Facility* (**GBIF**, <https://www.gbif.org/>) és az *Encyclopedia of Life* (**EoL**), amely utóbbi *Nature*-beli bejelentő cikkén alapul (Odling-Smee 2007). Sajnos ezen utóbbi internetes portál (<http://eol.org> címen) „nem biztonságos” jelzéssel érhető csak el. Újabban került kiegészítésre a **Species Fungorum Plus** adatbázissal (<https://www.gbif.org/dataset/bf3db7c9-5e5d-4fd0-bd5b-94539eaf9598>), mely létrehozását az RGB 2023-ban jelentett be.

Mi a kapcsolat a **Species Fungorum** és az **Index Fungorum** között? Az előbbi az elfo-

gadott *gombafajok hiteles, naprakész listája*. Az utóbbi a *gombanevek teljes nyilvántartása, taxonómiai információval*, de nem feltétlenül aktuális besorolással.

Az **Index Fungorum** projekt vált az egyik **globális gomba nevezéktani adatbázis**sá (<https://www.indexfungorum.org/names/Names.asp>), amely minden szinten tartalmazza a **gombák tudományos nevét** (beleértve az élesztőket, zuzmókat, *Chromista* (kromisztumok, gomba-szerű szervezetek), *Protozoa* (protozoon gomba-analógokat) és a fosszilis formákat. Az International Code of Nomenclature (ICN, korábban International Code of Botanical Nomenclature, ICBN) a **tudományos nevek** bejegyzésével kapcsolatos **változásainak eredményeként** – és a **MycoBank** példáját követve – az **Index Fungorum biztosítja az új taxonok**, új nevek, új kombinációk és új tipizálások nevének **regisztrálását és kereshetőségét**.

Az elmúlt években az *Index Fungorum* áttért a közzététel utáni indexelésről a közzététel előtti regisztrációra. Az *Index Fungorum*-ba három havonta kerülnek kiegészítésre az új nevek. Felelős kurátor: **Paul Kirk**.

A **Dictionary of the Fungi** (a legutolsó – és talán utolsó könyv formátumú, 10. kiadása) (Kirk és mtsai 2008, 2011) – a *gombák taxonómiai hierarchiájával kapcsolatos konszenzuson alapul, egészen a nemzetségek rangjáig*, már ugyancsak ily módon épül fel. Az egyes nemzetségek bejegyzései magukban foglalják a szerző(ke)t, a publikáció helyét, valamint a típusfajt (az **Index Fungorum**hoz hasonlóan), továbbá egyéb bibliográfiai alapl művek forrásait.

(b) MycoBank – A gomba nevek globális adatbázisa II. (<https://www.mycobank.org/>)

A **MycoBank** ugyancsak globális mikotaxonómiai fajnév gyűjtemény, ami szintén gyakran használatos, a **holland** Koninklijke Nederlandse Akademie van Wetenschappen, **KNAW** (a Holland Királyi Művészeti és Tudományos Akadémia, angolul: Royal Netherlands Academy of Arts & Sciences) **Westerdijk Fungal Biology Institute** (Westerdijk Gomba Biológiai Intézet,

WI-KNAW) **kezelésében**, amely Utrecht-ben található. Az intézet **Johanna Westerdijk**-ről (1883-1961), (a nők tudományos karrierjének úttörője), az első holland növénykörtan professzor asszonyról 1972-ben került átnevezésre (Wikipedia.en 2025b), régebbi, de ma is gyakran használt, rövidített nevén: **CBS** (Centraalbureau voor Schimmelcultures), az International Mycological Association (**IMA**); és a Deutsche Gesellschaft für Mykologie (**DGfM**) **online mikológiai adatbázisa**, amelynek **célja** a mikológiai és tudományos közösség számára a mikológiai *nevezéktani újdonságok* (*új nevek és kombinációk*) valamint a kapcsolódó adatok (*leírások és illusztrációk*) *dokumentálása*. A 21. század mikológiai online adatbázisaként Crous (2004) mutatta be először.

A helyes identifikáláshoz javasolják a gombák és élesztőgombák páronkénti szekvenciaigazítását és többfázisú azonosítását a kurátori referencia-adatbázisokkal. A MycoBank (bizonyos esetekben) további linkeket biztosít más adatbázisokhoz, amelyek például élő kultúrákat, DNS-adatokat, referenciapéldányokat és pleomorf neveket tartalmaznak ugyanahhoz a holomorfhoz.

A MycoBank a különböző igényű felhasználóknak is megfelel: az *egyszerű keresés* (Simple search): <https://www.mycobank.org/Simple%20names%20search>), több mezőben *egyidejű kereshetőség* (Basic Search): <https://www.mycobank.org/Basic%20names%20search>) vagy sok területen, kombinációkban történő *speciális keresés* (Advanced Search): <https://www.mycobank.org/Advanced%20names%20search>) is lehetséges.

A MycoBank kurátorai: **Konstanze Bensch** (WI - KNAW, Utrecht), és a Deutsche Gesellschaft für Mykologie (DGfM, Frankfurt).

(c) Fungal Names – A gomba nevek globális adatbázisa-III. (<https://nmdc.cn/fungalnames/currentfungal>)

A gombaneveket, a gombák taxonómiájának harmadik globális adattárát a **Kínai Tudományos Akadémia Mikrobiológiai Intézete** hozta létre. A **Fungal Names** adattár **célja**,

hogy *integrált szolgáltatásokat* nyújtson a gombákról és gombaszerű organizmusokról, beleértve a gombanevek regisztrációját, a fajok azonosítását, a minták megőrzését, a taxonómusok áttekintését és a kapcsolódó információ lekérdezést, statisztikákat vagy adatmegosztást a mikológiában kutató, vagy az iránt érdeklődő emberek számára.

A **Fungal Names** adatbázist 2011 szeptemberében indították el, és a Gombák Nemzetközi Nomenklatúrájának Bizottsága (NCF) 2012 decemberében engedélyezte a három globális gombanév-regisztrációs adattár egyikeként. 2012 augusztusában a **Fungal Names**, az **Index Fungorum** és a **MycoBank** megállapodtak az együttműködésben, hogy egymástól függetlenül, és *valós idejű szinkronizálást hajtanak végre a három regisztrációs adattár között*. 2014. augusztus 8-án a három regisztrációs adattárat a 10. Nemzetközi Mikológiai Kongresszuson Nemzetközi Gombanév-regisztrációs Adattárként jóváhagyták és beírták az algák, gombák és növények nemzetközi nomenklatúrájába (5.1. cikkely, *San Juan F fejezet*) (Wang és mtsai 2022).

(d) GenBank (NCBI GenBank) – DNS szekvenciák gyűjteménye (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>)

A GenBank az amerikai (USA) National Institutes of Health (NIH) genetikai szekvencia-adatbázisa, *az összes nyilvánosan elérhető DNS-szekvenciák jegyzetekkel ellátott gyűjteménye* (Wheeler és mtsai 2013).

A **GenBank** része a Nemzetközi Nukleotidszekvencia-adatbázis Együttműködésnek, amely magában foglalja a Japán DNS-adatbankot (DNA Data Bank of Japan, **DDBJ**, <https://www.ddbj.nig.ac.jp/index-e.html>; Tanizawa és mtsai 2023), az Európai Nukleotid Archívumot (European Nucleotide Archives, **ENA**, <https://www.ebi.ac.uk/ena/browser/home>; Cochrane és mtsai 2007) és a Nemzeti Biotechnológiai Információs Központ (National Center for Biotechnology Information) **NCBI GenBank**-jét, ez utóbbi 1992 óta működik (Mizrachi 2007). Ez a három szervezet **napi rendsze-**

rességgel cserél adatokat, elérhető **frissített kiadásai kéthavonta jelennek meg**.

Több lehetőség van a GenBank adatokhoz történő hozzáférésnek az FTP szerveren keresztül: <ftp://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/ncbi-asn1> és <ftp://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/genbank>.

A *saját kinyerésű DNS adatok* és a **GenBank-szekvenciák a BLAST** (Basic Local Alignment Search Tool) segítségével *egymáshoz illeszthetők*. Minthogy a BLAST nem tud különbséget tenni a GenBank-ben található információk validitására vonatkozóan, így az a kutatóknál *hiba forrása lehet* (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>).

(e) UNITE – Nemzetközi Nukleotid-szekvencia-adatbázis Együttműködés (<https://unite.ut.ee/#main>)

2003-ban jelent meg először a UNITE. Azóta a mikológia messzemenő változásokon ment keresztül a *nagy áteresztőképességű szekvenálási módszerek* (high-throughput sequencing, HTS) fejlődése, és annak felismerése nyomán, hogy a leíratlan, még ismeretlen („sötét”) taxonok áthatják az élet „gombafáját”, és uralhatják a bolygó funkcionális biodiverzitását. A nomenklaturális szabályok és a taxonómiai elvek változásai tovább erősítették a területet (Taylor 2011).

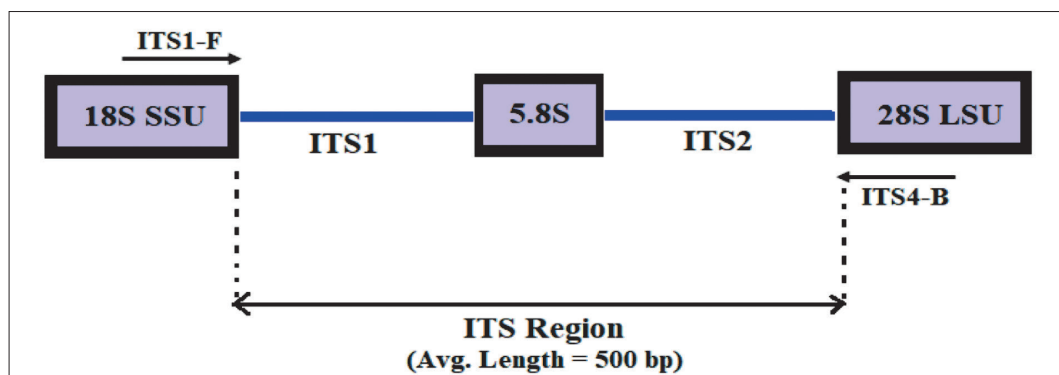
A UNITE (<https://unite.ut.ee/>) egy webalapú **adatbázis és szekvenciakezelő** környezet a gombák molekuláris azonosítására. Ennek **középpontjában az eukarióták sejtmagi riboszómális ITS (rDNS-ITS) régiói állnak** (1. ábra).

A formális gomba vonalkódot – az ITS régióban mind az egy millió nyilvános gomba ITS-szekvenciát – referenciaként kínálja. Ezeket mintegy 459.000 fajhipotézisbe csoportosítják, és digitális objektum-azonosítókat (Digital Objective Identifier, DOI) rendelnek hozzájuk, hogy elősegítsék az egyértelmű hivatkozást a tanulmányok között.

Az eukaryóták rDNS-ITS alapján való identifikálása és azok összekötése a digitális objektum-azonosítók (DOI-kon) keresztül *megközelíti a faji szintet* (a fajok közötti távol-

ság 0,5%-os lépésekben van csoportosítva), és minden ilyen fajhipotézis DOI-t kap az egyértelmű tudományos kommunikáció és adatgyűjtés megkönnyítése érdekében (Köljalg és mtsai 2020). A felhasználó többféleképpen léphet kapcsolatba ezekkel a fajhipotézisekkel és a harmadik féltől származó szekvencia- és metaadat-magyarázatok támogatottak.

tikai vizsgálatok is, amelyek nemzetközi gombatörzseket (pl. CBS) használtak, az izolátum törzsszáma mellett ritkán kapcsolódnak egyéb információhoz. Általában lehetetlen ellenőrizni, hogy milyen karaktereit alkalmazták annak a taxonnak, amelyből a törzset izolálták (Hyde és mtsai 2023b).



1. ábra. A gombák sematikus ITS régiói, amelyen elkülönülten található a 18S SSU (ITS1-F) és a 28S LSU (ITS4-B) génszakaszok között az 5,8S szegmenssel, és amelyeket széleskörűen alkalmaznak az előre (forward) és visszafelé (reverse) beépülő primerekkel (Toju és mtsai 2012) a teljes ITS régió megsokszorozására (amplification). (Das és mtsai 2023 nyomán)

A csatolt *PlutoF workbench*-ben (munkafelületen) regisztráció szükséges a hatékonyabb funkciók eléréséhez. Számos keresési és lekérdezési lehetőség érhető el, és a helyi szekvencia-hasonlósági keresésekhez és a HTS-folyamatokhoz előre lefordított referencia adatkészletek is letölthetők.

A UNITE mikológiai gyökerei miatt (Köljalg és mtsai 2013) a kiadási fájloknak *két változata* áll rendelkezésre: az *összes eukarióta* (beleértve a gombákat is) és *csak a gombák változata*. A UNITE egy olyan közösségi alkotás, amely a felhasználóinak tudományos szakértelmére támaszkodik, és hozzájárul a taxonok szekvenciáinak rögzítéséhez (<https://unite.ut.ee/#main>).

(f) Assembling the Fungal Tree of Life (AFTOL) – A gombák életfájának gyűjteménye (<https://aftol.umn.edu/>)

Az AFTOL egy *Szerkezeti és Biokémiai adatbázis* (kezeli a Minnesota University). Az AFTOL és a közelmúltbeli magasabb filogene-

(g) Faces of Fungi – Az „emberarcú” gombaprofil kialakítása (<https://www.facesoffungi.org>)

Az adatbázis létesítéséről Jayashiri és mtsai (2015) számoltak be. **Célja**, hogy megmutassa, mennyire relevánsak a gombák az ember számára, és így „emberi arcot”, azaz **jellemző profilt adjanak a gombavilág tagjainak**. 2014 áprilisában indította el a Gombakutatói Alapítvány a honlapot a gombák számára. A nevek nemcsak a szekvenciaadatokhoz kapcsolódó jellemzőkkel kell, hogy rendelkezzenek, hanem a **megfelelő jellemzőket egy helyen lehessen megtalálni**: minden nemzetséget külön publikációkban mutatnak be a megfelelő folyóiratokban, ahol a gombákat szemléltetik, az illusztrált gombákból származó izolátumokat részletezik és szekvenálják, és részletes adatokkal látják el a szerepükről, az ipari relevanciáról, a biológiai biztonsági kérdésekről, a fontosságukról, és a kémiajukról (Hyde és mtsai 2023c).

A nyilvános adatbázisokban szereplő gombák többsége, akár taxonómiai, akár génalapú, „arctalan”, azaz tulajdonságaiban alig jellemezhető, és az idő nagy részében így a kutatók „vákuumban” dolgoznak, remélve, hogy a nevek helyesek. A vonatkozó részleteket a „Gombák arcai” weboldalra (**Faces of Fungi**) gyűjtik össze.

A kezelők reményei szerint idővel minden mikológus hozzájárul majd ehhez a weboldalhoz, és ez egy átfogó, „egyablakos ügyintézés” biztosít, ahonnan a gombanemzetségek és fajok részleteit, a molekuláris adatokat, valamint szerepük, biológiai biztonsági kérdéseik és ipari relevancia is beszerezhetők. Ennek az oldalnak a *célja*, hogy a weboldal *mintát adjon* a tudományos közösségnek (Hyde és mtsai 2023c).

(h) One Stop Shop Fungi (OSS Fungi)

– Minden, amit a gombákról tudni kell – egy helyen

Egy könnyen kezelhető, **növénykórokozó gomba-adatbázis** az OSS Fungi (<https://onestopshopfungi.org/>). Ugyanakkor az adatbázis kezelésben fő hangsúlyt azok a csoportok kapnak, amelyek a Délkelet Ázsia flóráját preferáló gombakórokozókat kezelik.

A közkeletű „*One stop shop*” („egyablakos ügyintézés”) – „más élethelyzetből kölcsönvett kifejezés” szellemes sorozatcím mintáját alapul véve – egy adatbázis és egy cikksorozat (a **Fungal Diversity** folyóiratban) kiépítése kezdődött el.

Ezen sorozat előzményének tekinthető Wijawardene és mtsai (2018) közleménye az *Outline of Ascomycota* 2017-es összeállítás is. A „*One stop shop*” sorozat I (Jayawardena és mtsai 2018a) **bemutatja az online adatbázist és kezelhetőségét**; a II. rész (Jayawardena és mtsai 2019a); a III. rész (Jayawardena és mtsai 2019b); a IV. rész (Jayawardena és mtsai 2020), és a sorozat V. cikkei (Jayawardena és mtsai 2025) **fontos növénykórokozó gombákat** tárgyalnak egy helyen.

Az OSS Fungi vezető kurátora: **Ruvishika S. Jayawardena**; az *Ascomycota* osztály vezető szakmai kurátora pedig **Kevin D. Hyde**.

A Fungal Diversity cikkei olyan anyagokkal is foglalkoznak, mint a *speciális növénykultúrák* (szőlő) gombakórokozói (Jayawardena és mtsai 2018b), illetve nagy, *átfogó mikológiai anyagokat is megjelentetnek*, mint *A gombák osztályai és törzsei* (Wijawardena és mtsai 2024); vagy *Trendek, határok és jövőbeni kutatások a mikológiában?* (Hyde és mtsai 2024); A *taxonómiai megújítások, revíziók a fontos fitopatogén nemzetségeknél is molekuláris filogenetikai alapokkal alátámasztottak* (Jayawardena és mtsai 2019a); továbbá fontos *genus*-ok revideálása, pl. a *Diaporthe* (Dissanayake és mtsai 2024) nemzetségé is megtörtént.

(i) **Coelomycetes adatbank – egy kényelmes megoldás a gomba identifikáció segítésére** (<https://www.coelomycetes.org>)

A mikológusok munkájának megkönnyítése és az összes adat összegyűjtése érdekében létrehoztak egy weboldalt, amely <https://www.coelomycetes.org> címen érhető el <http://www.coelomycetes.org/>. A weboldalon található információk összhangban vannak a taxonok jelenlegi besorolásával és osztályozásával, és fényképtáblákat, rajzokat, filogenetikai fákat, megjegyzéseket és leírásokat is tartalmaznak (Huanraulek és mtsai 2021).

A Coelomycetes ugyan egy **mesterséges csoport**, amelyet „tökéletlen fejlődésű”, *termőtestes konídiumos gombáknak* neveznek. Grove (1919) vezette be, hogy befogadjon olyan gombákat, mint például a *Phomopsis*, a *Phloeospora* és a *Phyllosticta* ivartalan alakjait az *Ascomycetes*-be. A **Coelomycetes hivatalos taxonómiai rangként ugyan elutasított**, de gyűjtőfogalomként használták az *Ascomycota* és a *Basidiomycota* ivartalan (anamorf) fajainál (Nag Raj 1993; Li és mtsai 2020). Wijawardena és mtsai (2016), valamint Li és mtsai (2020) egyetértenek Kendrickkel (2000) abban, hogy **a Coelomycetes a kényelem kedvéért használt kifejezés** a nagyszámú anamorf gombára – akkor is, ha az *nem is a legitim taxonómiai besorolást tekintti prioritásnak*.

A filogenetikai elemzések és morfológiai eredmények gyakran nem egyeznek meg, és

ez komoly taxonómiai kihívást jelent. Ezért azt javasolták, hogy **több génrégiót használjanak** az elhatároláshoz mind generikus, mind faji szinten a jobb taxonómiai eredmény elérése érdekében.

Ez azt is mutatja, hogy **mind a morfológiai adatok, mind a filogenetikai elemzések fontosak** a Coelomycetes természetes osztályozásához (Li és mtsai 2020).

Shenoy és mtsai (2006) azt javasolták, hogy olyan gombák esetében, ahol nem figyeltek meg ivaros (teleomorf) alakot, az ivartalan neveket *holomorf*ként kell használni. A közelmúltban Li és mtsai (2020) osztályozták a világos konídiumú (hyalin) Coelomycetes-t, Wijayawardene és mtsai (2016) a sötét konídiumú (dematiaceous) Coelomycetes osztályozásán és taxonómiáján dolgoztak, míg Wijayawardene és mtsai (2020) pedig ellenőrző listát adtak ki a Coelomycetes nemzetségekhöz.

Gyakran hiányoznak a molekuláris adatok, vagy a holotípusok nem állnak rendelkezésre, és ez komolyan akadályozza a megfelelő osztályozási rendszerbe való beilleszkedésüket. Egyelőre nehéz taxonómiai adatokat gyűjteni számos Coelomycetesről, mivel *nincs* (más) *speciális platform* a csak Coelomyceteshez kapcsolódó, anamorf információk megszerzésére. *Ezen elektronikus adatbázis azonban hozzáférhetőbbé, felhasználó- és környezetbaráttá teszi az információkat.*

A Coelomycetes weboldal (<https://coelomycetes.org/>) jóllehet nem a legális taxonómiai megközelítésen (1F=1N) alapul, mivel **csak az ivartalan (anamorf) gombák identifikálásához nyújt segítséget**, de

- (1) naprakész vázlatot biztosít a Coelomycetes-ről;
- (2) feljegyzéseket tartalmaz a Coelomycetes rendjeiről, családjairól, nemzetségeiről és fajairól; és
- (3) frissített taxonómiai beszámolókat ad az egyes nemzetségekről, amelyek összhangban vannak az aktuális kutatásokkal.

A weboldalon megtalálhatók a Coelomyceteshez kapcsolódó hivatkozások listája is.

A Coelomycetes weboldal azonban csak a *közelmúltbeli* osztályozásokból származó

ivartalan gombákat tartalmazza (Pem és mtsai 2019; Hyde és mtsai 2020; Li és mtsai 2020; Bundhun és mtsai 2020).

Az **Index Fungorum** és a **Faces of Fungi** gyűjteményi törzsszámok minden fajra vonatkoznak. A **MycoBank**-ban herbárium azonosító számokat is megadnak (ahol azok rendelkezésre állnak).

Az oldal vezető kurátora: **Nalin Wijayawardene**, The Center for Yunnan Plateau Biological Resources Protection and Utilization, Qujing Normal University, China.

(j) Bibliography of Systematic Mycology – A Gombarendszertan szakirodalmának áttekintésére

(<https://www.cabi.org/publishing-products/bibliography-of-systematic-mycology/>)

Az oldal *áttekintést ad a gombák* biodiverzitását, osztályozását, eloszlását, evolúcióját, azonosítását, nomenklatúráját, törzsfejlődését, szisztematikáját és taxonómiáját felölelő *szakirodalomról*. Az adatbázisban az idézett általános nevek vagy szerzőnevek indexével lehet keresni.

IRODALOM

- Bundhun, D., Maharachchikumbura, S.S.N., Jeewon, R., Senanayake, I.C. et al. (2020): <https://sordariomycetes.org/>, a platform for the identification, ranking and classification of taxa within Sordariomycetes. Asian Journal of Mycology, 3: 13–21. Doi 10.5943/ajom/3/1/2.
- Calabon, M.S., Hyde, K.D., Jones, E.B.G., Chandrasiri, S. et al. (2020): www.freshwaterfungi.org, an online platform for the taxonomic classification of freshwater fungi. Asian Journal of Mycology, 3: 419–445.
- Chaiwan, N., Gomdola, D., Wang, S., Monkai, J. et al. (2021): <https://gsmicrofungi.org>: an online database providing updated information of microfungi in the Greater Mekong Subregion. Mycosphere, 12(1): 1513–1526. Doi 10.5943/mycosphere/12/1/19
- Cochrane, G. Akhtar, R., Aldebert, P., Althorpe, N. et al. (2007): Priorities for nucleotide trace, sequence and annotation data capture at the Ensembl Trace

- Archive and the EMBL Nucleotide Sequence Database. Nucleic Acids Research 36 (Database): D5 – D12. Doi 10.1093/nar/gkm1018
- Crous, P.W.** (2004): MycoBank: an online initiative to launch mycology into the 21st century. *Studies in Mycology* 50, 19–22. <https://edepot.wur.nl/31039>
- Crous, P.W., Lombard, L., Sandoval-Denis, M. Seifert, K.A.** et al. (2021): *Fusarium*: more than a node or a foot-shaped basal cell. *Studies in Mycology*, 98(1): 1–184. Doi 10.1016/j.simyco.2021.100116
- Das, R., Rai, A. and Mishra, D.C.** (2023): CNN_FunBar: Advanced Learning Technique for Fungi ITS Region Classification. *Genes*, 14(3): 634. Doi 10.3390/genes14030634
- Dissanayake, A.J., Zhu, J.T., Chen, Y.Y.** et al. (2024): A re-evaluation of *Diaporthe*: refining the boundaries of species and species complexes. *Fungal Diversity*, 126. 1–125. Doi 10.1007/s13225-024-00538-7
- Grove, W.B.** (1919): Mycological notes IV. The London Journal of Botany, 57: 206–210.
- Huanraluek, N., Padaruth, O.D., Jayawardena, R.S.** et al. (2021): <https://www.coelomycetes.org>: Data-bank that contributes for the classification, identification and nomenclature of Coelomycetes. *Asian Journal of Mycology*, 4(2): 114–122. Doi 10.5943/ajom/4/2/8
- Hyde, K.D., Abdel-Wahab M.A., Abdollahzadeh, J., Abeywickrama, P.D.** et al. (2023a): Global consortium for the classification of fungi and fungus-like taxa. *Mycosphere*, 14(1): 1960–2012. Doi 10.5943/mycosphere/14/1/23
- Hyde, K.D., Amuhenage, T.B., Apurillo, C.C.S., Asghari, R.** et al. (2023c): Fungalpedia, an illustrated compendium for the fungi and fungus-like taxa. *Mycosphere*, 14(1): 1835–1959. Doi 10.5943/mycosphere/14/1/22
- Hyde, K.D., Baldrian, P., Chen, Y.** et al. (2024): Current trends, limitations and future research in the fungi? *Fungal Diversity* 125. 1–71. Doi 10.1007/s13225-023-00532-5
- Hyde, K.D., Norphanphoun, C., Maharachchikumbura, S.S.N., Bhat, D.J.** et al. (2020): Refined families of *Sordariomycetes*. *Mycosphere*, 11: 305–1059.
- Jayasiri S.C., Hyde, K.D., Ariyawansa, H.A., Bhat, J.** et al. (2015): The Faces of Fungi database: fungal names linked with morphology, phylogeny and human impacts. *Fungal Diversity* 74(1): 3–18 Doi 10.1007/s13225-015-0351-8
- Jayawardena, R. S., Hyde, K. D., Aumentado, H. D., Abeywickrama, P.** et al. (2025): One stop shop V: taxonomic update with molecular phylogeny for important phytopathogenic genera: 101–125 (2024). *Fungal Diversity*, 130. Doi 10.1007/s13225-024-00542-x.
- Jayawardena, R. S., Hyde, K. D., Chen, Y. J.** et al. (2020). One stop shop IV: taxonomic update with molecular phylogeny for important phytopathogenic genera: 76–100 (2020). *Fungal Diversity*, 103. 87–218 Doi 10.1007/s13225-020-00460-8
- Jayawardena, R. S., Hyde, K. D., McKenzie, E. H., Jeewon, R.** et al. (2019b): One stop shop III: taxonomic update with molecular phylogeny for important phytopathogenic genera: 51–75. *Fungal Diversity* 98. 1–84. <https://link.springer.com/article/10.1007/s13225-019-00433-6>
- Jayawardena, R. S., Hyde, K.D., Jeewon, R. Ghobad-Nejhad, M.** et al. (2019a): One stop shop II: taxonomic update with molecular phylogeny for important phytopathogenic genera: *Fungal Diversity*, 94: 41–129. Doi 10.1007/s13225-019-00418-5
- Jayawardena, R. S., Purahong, W., Zhang, W.** et al. (2018b): Biodiversity of fungi on *Vitis vinifera* L. revealed by traditional and high-resolution culture-independent approaches. *Fungal Diversity*, 90: 1–84. Doi 10.1007/s13225-018-0398-4
- Jayawardena, R.S., McKenzie, E.H.C., Chen, Y.J., Phillips, A.J.L.** et al. (2018a): <https://onestopshopfungi.org/>, a database to enhance identification of phytopathogenic genera. *Asian Journal of Mycology*, 2(1): 281–286 (2019) Doi 10.5943/ajom/2/1/18
- Jones, E.B.G., Pang, K.L., Abdel-Wahab, M.A., Scholz, B.** et al. (2019): An online resource for marine fungi. *Fungal Diversity*, 96: 347–433. Doi 10.1007/s13225-019-00426-5
- Kendrick, W.B.** (2000): The Fifth Kingdom, 3rd edn. Focus Publishing, Newbury.
- Kirk, P.M., Cannon, P.F., Minter, D.W. and Stalpers, J.A.** (eds., 2008, 2011): Ainsworth & Bisby's Dictionary of the Fungi. (Tenth hardback edition, 2008) CABI Europe. Croydon, CPI Group Ltd., UK. ISBN-13: 978-0-85199-826-8 pp. 784 (Tenth paperback edition, 2011) ISBN-13: 978-1-84593-933-5 (paperback edition, 2011) pp. 771
- Köljal, U., Nilsson, H.R., Schigel, D., Tedersoo, L.** et al. (2020): The Taxon Hypothesis Paradigm – On the Unambiguous Detection and Communication of Taxa. *Microorganisms*, 8(12): 1910. Doi 10.3390/microorganisms8121910
- Köljal, U., Nilsson, R.H., Abarenkov, K., Tedersoo L.** et al. (2013): Towards a unified paradigm for

- sequence-based identification of Fungi. *Molecular Ecology*, Nov; 22(21): 5271–5277. Doi 10.1111/mec.12481
- Li, W.J., McKenzie, E., Liu, J., Bhat, D.** et al. (2020): Taxonomy and phylogeny of hyaline-spored Coelomycetes. *Fungal Diversity*, 100: 279–801. Doi 10.1007/s13225-020-00440-y
- Mizrachi, I.** (2007): GenBank: The Nucleotide Sequence Database. The NCBI Handbook. National Center for Biotechnology Information (US).
- Monkai, J., McKenzie, E.H.C., Phillips, A.J.L., Hongsanan, S.** et al. (2020): <https://fungalgenera.org/>: a comprehensive database providing web-based information for all fungal genera. *Asian Journal of Mycology*, 2(1): 297–304. Doi 10.5943/ajom/2/1/20
- Nag Raj, T.R.** (1993): Coelomycetous anamorphs with appendage-bearing conidia. *Mycologue Publications*, Waterloo. 1–1101.
- Odling-Smee, L.** (2007) Encyclopedia of Life launched. *Nature*. May, 2007. Doi 10.1038/news070508-7
- Pem, D., Hongsanan, S., Doilom, M., Tibpromma, S.** et al. (2019): <https://www.dothideomycetes.org/>: An online taxonomic resource for the classification, identification, and nomenclature of *Dothideomycetes*. *Asian Journal of Mycology*, 2(1): 287–297. Doi 10.5943/ajom/2/1/19.
- Petrak, F.** (1956): Index of fungi. Petrak's lists, 1920–1939. Cumulative index. CMI, Great Britain.
- Petrak, F.** (1957): Index of fungi: list of new species and varieties of fungi, new combinations and new names published 1920–1939. CMI, Great Britain.
- Petrak, F.** (1969): Index of fungi: a supplement to Petrak's lists, 1920–1939. CMI, Great Britain.
- Redhead, S.A. and Norvell, L.L.** (2013): MycoBank, Index Fungorum, and Fungal Names recommended as official nomenclatural repositories for 2013. *IMA Fungus*, 3(2): 44–45. Doi 10.1007/BF03449512
- RGB (=Royal Botanic Gardens)** (2023): Species Fungorum Plus. Checklist dataset. Kew, UK Doi 10.15468/ts7wsb
- Saccardo, P.A.** (1882–1931): *Sylloge fungorum omnium hucusque cognitorum*. 1–25. és 26. (Index of fungi, 1972)
- Shenoy, B.D., Jeewon, R., Wu, W.P., Bhat, D.J. and Hyde, K.D.** (2006): Ribosomal and RPB2 DNA sequence analyses suggest that *Sporidesmium* and morphologically similar genera are polyphyletic. *Mycological Research*, 110(8): 916–928. Doi 10.1016/j.mycres.2006.06.004
- Tanizawa, Y., Fujisawa, T., Kodama, Y., Kosuge, T.** et al. (2023): DNA Data Bank of Japan (DDBJ) update report 2022. *Nucleic Acids Research*, 2023 Jan 6;51(D1):D101–D105. Doi 10.1093/nar/gkac1083
- Taylor, J.W.** (2011): One fungus = one name: DNA and fungal nomenclature twenty years after PCR. *IMA Fungus*, 2(2): 113–120. Doi 10.5598/ima fungus.2011.02.02.01
- Toju, H., Tanabe, A., Yamamoto, S. and Sato, H.** (2012): High-Coverage ITS Primers for the DNA-Based Identification of Ascomycetes and Basidiomycetes in Environmental Samples. *PLoS ONE* 7, e40863.
- Wang, F., Wang, Ke, Cai, L.** et al. (2022): Fungal names: a comprehensive nomenclatural repository and knowledge base for fungal taxonomy. *Nucleic Acids Research*, 51(D1): D708–D716. Doi 10.1093/nar/gkac926
- Wheeler, T.J., Clements, J., Eddy, S.R., Hubley, R.** et al. (2013): Dfam: a database of repetitive DNA based on profile hidden Markov models. *Nucleic Acids Research*, 41 (D1): D70–82. Doi: 10.1093/nar/gks1265
- Wijayawardene, N.N., Dai, D.Q., Tian, Y., Tang, L.Z.** et al. (2020): The genera of Coelomycetes, including genera of lichen forming, sexual morphs and synasexual morphs with coelomycetous morphs (genera A–C). *Mycosia*, 1–92.
- Wijayawardene, N.N., Hyde, K.D., Lumbsch, H.T.** et al. (2018): Outline of Ascomycota: 2017. *Fungal Diversity*, 88: 167–263. Doi 10.1007/s13225-018-0394-8
- Wijayawardene, N.N., Hyde, K.D., Mikhailov, K.V.** et al. (2024): Classes and phyla of the kingdom Fungi. *Fungal Diversity*, 128. 1–165. Doi 10.1007/s13225-024-00540-z
- Wijayawardene, N.N., Hyde, K.D., Wanasinghe, D.N., Papizadeh, M.** et al. (2016): Taxonomy and phylogeny of dematiaceous Coelomycetes. *Fungal Diversity*, 77: 1–316. Doi 10.1007/s13225-016-0360-2
- Wikipedia.en** (2025a): Greater Mekong Subregion. https://en.wikipedia.org/wiki/Greater_Mekong_Subregion
- Wikipedia.en** (2025b): Johanna Westerdijk. https://en.wikipedia.org/wiki/Johanna_Westerdijk (rövidített, magyar szócikk) https://hu.wikipedia.org/wiki/Johanna_Westerdijk

NEW RULES IN THE TAXONOMY OF FUNGI, A REVIEW SERIES IN 4 PARTS PART 3 – DATABASES FOR THE USAGE OF THE VALID NAME IN THE 'ONE FUNGUS = ONE NAME' CONCEPT

G.J. Kővics and G. Tarcali

*University of Debrecen, Faculty of Agricultural and Food Sciences and Environmental Management,
Department of Plant Protection
H-4002 Debrecen, P.O.Box 400, Hungary
E-mail: gkovics@agr.unideb.hu*

In the Part 3 of series we review the possibilities that are used in mycology in terms of the correct source of **global databases** for names, the basis of the valid scientific name are Index Fungorum, MycoBank, and Fungal Names. The Index Fungorum, based on the exact typing of any known species name, you can find the fungal species you are looking for, the legitimate name and the place of belonging to the fungus family, and by clicking on a valid, legitimate species name, it lists all synonymous names, their authors, the time of descriptions, and the exact bibliographic data of publications. MycoBank is the other global fungal database, where the simplest or more complex species name search, type species, bibliographic search, and comparison with about ten to fifteen different nucleic acid databases are possible based on various search criteria. **Fungal sequence data** is most commonly derived from GenBank and UNITE. At the same time, there are also many databases that help with sequence matching. Faces of Fungi, One Stop Shop Fungi (OSS Fungi), Coelomycetes databases are already a convenient solution with data collected in one place.

Keywords: Index Fungorum, Species Fungorum, MycoBank, Fungal Names, GenBank (NCBI GenBank), UNITE, Bibliography of Systematic Mycology, Outline of Fungi (OSS) Fungi, One Stop Shop Fungi, Faces of Fungi, Assembling the Fungal Tree of Life (AFTOL), Coelomycetes databank, Species Fungorum Plus, Dictionary of the Fungi, International Mycological Association (IMA), Westerdijk Fungal Biology Institute, high-throughput sequencing (HTS), rDNS-ITS, BLAST, Digital Objective Identifier (DOI)

Érkezett: 2025. június 16.

JOGSZABÁLYFIGYELŐ MOLNÁR JÁNOSTÓL NÖVÉNYVÉDELEMMEL KAPCSOLATOS – KIHIRDETETT – JOGSZABÁLYOK

- A 15/2024. (VI. 28.) KTM utasítás a fővárosi és vármegyei kormányhivatalok szervezeti és működési szabályzatáról, amely részletesen meghatározza a hivatalok működését, felépítését és feladatait, kitérve az Élelmiszerlánc-biztonság igazgatásra is
<https://njt.hu/jogszabaly/2024-15-B0-9D>
- A Bizottság (EU) 2025/2027 végrehajtási rendelete (2025. október 9.) az 540/2011/EU végrehajtási rendeletnek a pentiopirád hatóanyag jóváhagyási időtartama tekintetében történő módosításáról
https://eur-lex.europa.eu/legal-content/HU/TXT/?uri=OJ:L_202502027
- A Bizottság (EU) 2025/2068 végrehajtási rendelete (2025. október 15.) a milbemektin hatóanyagnak az 1107/2009/EK európai parlamenti és tanácsi rendelet szerinti jóváhagyása meghosszabbításáról, valamint az 540/2011/EU bizottsági végrehajtási rendelet módosításáról
https://eur-lex.europa.eu/legal-content/HU/TXT/?uri=OJ:L_202502068

KITÜNTETÉS

TARCALI GÁBOR A GULYÁS ANTAL-EMLEKÉREM 2025. ÉVI KITÜNTETETTJE

A növényorvosok szakmai közösségének elhivatott vezetője

Miután két négyéves ciklusban már vezette az országos növényorvosi Kamarát (magyar Növényvédő Mérnöki és Növényorvosi Kamara, NMNK), 2025-ben pedig a megújulás feladatával harmadik ciklusban is felkérték a kamarai feladatok irányítására, 2025 májusától ismét magrára vette a kemény munka kihívásait, amely egyben a rögsz út folytatását is jelenti számára. A „**Gulyás Antal-emlékérem a növényvédelemért**” elismerést 2011-ben alapították meg Debrecenben annak elismerésére, hogy a növényvédelem terén kiemelkedő teljesítményt nyújtó, példaértékű személyiségek erkölcsi megbecsülését elismerjék a kitüntetés adományozásával, melyet kiváló oktatók, kutatók, gyakorlati szakemberek nyerhetnek el. 2025-ben a Kitüntetési Bizottság előterjesztés alapján 2025-ben úgy határozott, hogy **dr. Tarcali Gábor PhD növényorvos, Országos és Vármegyei kamarai elnök** részesül az elismerésben. Ehhez társul a főállásában a Debreceni Egyetem Növényvédelmi Intézetében tudományos főmunkatársi beosztásában végzett, a korszerű növénykórtan oktatásában és a kutatásban, valamint a nemzetközi kapcsolatok fejlesztése terén, továbbá a társadalmi közélet számos feladatának irányításában mutatott példamutató helytállásáért.

Családi háttér, tanulmányok

Tarcali Gábor Debrecenben született 1965-ben. Tizennégy éves koráig Nyíradony-Szakolykerten töltötte gyermekéveit három testvérével, szerető családban. Kertész-mérnök nagypapjától, Fröhwrth Ottótól a növények szeretetét meg-



tanulta, amely meghatározó elemévé vált egész életére. Középiskolai tanulmányait az akkoriban először indult *növényvédelmi szakon* Debrecen-Pallagon, a Balásházy János Mezőgazdasági Szakközépiskolában kiváló eredménnyel végezte, majd az 1983. évi érettségi vizsga után, 1984-ben a Debreceni Agrártudományi Egyetemen kezdett el dolgozni, ahol növényvédelmi gyakorlati feladatokat végzett, és kísérleteket szervezett. 1985-ben a Karcagi Növényvédelmi Szakközépiskolában növénytermesztő és növényvédelmi technikus oklevelet is szerzett.

Sorkatonai kötelezettségét 1987–88-ban teljesítette, ahonnan példás szolgálatteljesítésért törzsőrmesteri rendfokozattal szerelt le.

1997–2002 között a Debreceni Agrártudományi Egyetemen *növényvédelmi szakirányú általános agrármérnöki diplomát* szerzett.

Szakmai munkásság

A Debreceni Egyetem Mezőgazdaságtudományi Karának Növényvédelmi Tanszékén 2002-ben növényvédelmet tanított, valamint a Bemutató kertben beállított növényvédelmi kísérletek vezetését irányította.

2006-tól tudományos munkatárs, 2013-tól tudományos főmunkatárs lett az akkor már Növényvédelmi Intézet alakult szervezeti egységénél. 2007-ben megszerezte a *PhD tudomá-*

nyos fokozatot, summa cum laude minősítéssel. A doktori értekezésének témaköre „A szelíd-gesztenye (*Castanea sativa*) kéregrákot okozó *Cryphonectria parasitica* gomba biológiájának és Kárpát-medencei elterjedtségének vizsgálata” volt. Kutatási területe szélesedett a „Gönci kajszitermő tájörzet”-ben fellépett súlyos, a „*Ca. Phytoplasma prunorum*” által okozott, növénypusztulással, valamint egyéb, invazív mezőgazdasági kórokozók vizsgálatával, továbbá a napjainkban is növekvő súlyú talajlakó gomba, a *Macrophomina phaseolina* gazdanövényeinek, terjedésének – és az aszálykárrel összefüggő hasonló tüneti megjelenés – terjedési vizsgálataival. PhD témavezetője volt Csüllög Kittinek, aki ma is folytatja ezirányú védekezési kutatási munkáját, és tagja a növénykórtanos oktatói csoportjának. Ugyancsak fokozatot szerzett hallgatója Bodnár Dominika (2023), és megkezdte nála egyéni felkészülését Rabbi Hoque PhD hallgató is (2025). Tarcali Gábor 2020-tól a Növényvédelmi Intézet *növénykórtan tantárgyi csoport* vezetője, valamint a *növényvédelem, a növényvédelmi jog és szakigazgatás* tantárgyak elméleti és gyakorlati oktatása is feladatköréhez tartozik. Felsőfokú nyelvismerete birtokában az egyetemi képzés keretében 2020-tól részt vesz a külföldi hallgatók Növényorvos MSc angol nyelvű oktatásában is.

Tarcali Gábor számos alkalommal vesz részt nemzetközi konferenciákon aktív szereplőként, felkért előadóként több kontinensen: Európában Szlovákiában, Csehországban, Ausztriában; Ázsiában Kínában, India hét különböző egyetemén, Iránban, Nepálban; Latin-Amerikában Brazíliában; Afrikában a Dél-Afrikai Köztársaságban, nemrégiben pedig ismételtelen Indiában.

Publikációinak száma 230, független idézettsége 142, az összes hivatkozásainak száma 246. A 30 angol nyelvű konferencia közleményére közel 50-en hivatkoztak.

Közeleti tevékenység a Növényorvosi Kamara elnöki tisztségében

A Magyar Növényvédő Mérnöki és Növényorvosi Kamarának 2003-tól tagja, 2005. évtől már a NMNK Hajdú-Bihar Megyei Területi

Szervezetének (HBVmTSZ) titkára volt. 2009–2013 között az országos elnökség tagjának, 2013–2021 között pedig országos elnökének választották. *Nyolc évnyi elnöki tevékenység után* egy újabb ciklus időtartamára, 2025-ig a kamara *alelnöki feladatait* látta el, miközben 2021-ben a Hajdú-Bihar Vármegyei Területi Szervezete elnökévé is megválasztották.

Országos elnökségének időszaka alatt a Növényorvosi Kamara kiváló kapcsolatrendszert alakított ki és működött együtt szakmai társszervezetekkel, egyetemekkel, kutatóintézetekkel és a szakminisztérium vezetőivel. Kamarai elnökként – az Országgyűlés Mezőgazdasági Bizottságával, a szakmai hatóságokkal egyetértésben – erőfeszítéseket tesz a szakma elismerésének legmagasabb fokát jelentő *növényorvos foglalkozás doktori cím létesítésének előkészítéséhez*. A dr. Kajati István által elindított kezdeményezés – a humánorvosi, állatorvosi foglalkozásdoktori címhez hasonlóan, – a növényorvosok számára is kellő alapposszággal előkészített ahhoz, hogy ez a szakmai elismerés mielőbb megvalósulhasson.

Tarcali Gábor hitvallása: „Nincs nemesebb dolog annál, mint eredményesen szolgálni a választott szakmánkat, szakmai és társadalmi közösségeinket, magánéletünkben családjainkat és barátainkat; így szolgálni a magyar hazát ...!” Ezen belső mozgató erőtlől vezérelve tesz eleget szakmai-közeleti pályafutása során mindennek, aminek kiemelkedő időszaka a 2000-ben alakult NMNK nyolc éven át tartó elnöki irányítása. Vezetésével a kamara szakmai elismertsége kiugróan megerősödött.

Elnöki tevékenysége során folyamatosan *biztosítottak voltak a kamara jogszerű és szakszerű működésének feltételei*, elősegítve ezzel a gyakorlatban dolgozó növényorvos kollégák munkavégzését oly módon, hogy a működésben elsőbbséget kapjon a *tervezhetőség, a kiszámíthatóság és a biztonság*. Megerősítésre került a *növényorvosi vény* (az orvosi és állatorvosi gyakorlathoz hasonlóan) a felsőfokú szakképesítéssel rendelkező növényvédő szakemberek számára.

2025 tavaszán az Országos Kamarai Elnökség tisztségviselőinek mandátuma lejárt, ezért

a Martonvásáron tartott küldött-közgyűlésen egy – a 2024 decemberében módosított kamarai törvény kényszerű és kedvezőtlenül negatív szervezeti változásainak elhárítására – ugyanazon névvel, 2025. május 1. dátummal *újja alakult* a magyar Növényvédő Mérnöki és Növényorvosi Kamara. A folyamatos és törés nélküli működésének biztosítására *első elnökének* – újabb 4 évre – dr. Tarcali Gábort (immáron harmadik ciklusban, 2029-ig) választották meg. Ennek részleteiről lapunk 2025. júniusi számában (Növényvédelem 2025. 86 [N.S.] 61: 273-275.) olvashatunk részletes beszámolót az új elnök tollából.

Egyéb társadalmi aktivitása

Dr. Tarcali Gábor 2012-től tagja, 2022-től alelnöke a Magyar Növényvédelmi Társaságnak, 2014-től a szakminisztérium (FM/AM) Növényvédelmi Bizottságának, a 2016-2022 időszakban tagja a Nemzeti Agrárszaktanácsadási Bizottságnak. Szakmai zsűritag az Év Agrárszakembere országos versenyben, és tagja a Magyar Szakmai Kamarák Országos Szövetségének vezető testületének.

2020-tól a Növényvédelem Oktatásának Fejlesztéséért Alapítvány (NOFA) titkára, és 2025-ben a jubileumi, 30. Tiszántúli Növényvédelmi Konferencia (30. TNF), amely egyben a 12. Nemzetközi Növényvédelmi Szimpózium (12th International Plant Protection Symposium, IPPS) vezető szervezője, melyet a Sapiencia Erdélyi Magyar Tudományegyetemmel (EMTE) közösen szervezve, Marosvásárhelyen tartottak meg október 25-26-án – nagy sikerrel. (Az eseményről külön híradásban számolunk be.)

Dr. Tarcali Gábor eddigi életútján, szakmai és közéleti tevékenységében, annak minden mozzanatában a szakmaszeretet, a szakmai és társadalmi közösségek feltétel nélküli szolgálata volt a jellemző, követendő példaképet állítva ezzel a jelen és a jövő nemzedékeinek.

A Debrecen-közi Bocskai kert segítése

Dr. Tarcali Gábor közéleti tevékenységében jelentős figyelmet kap szűkebb pátriája,

Bocskai kert községe, ahol 1994 óta a település önkormányzati képviselője, 2010-től 2024-ig Bocskai kert alpolgármestere volt. Egyházi közéleti tevékenysége is kiemelkedő: alapító elnöke a bocskai kert Egyházainak Vértanúinak Emléktemploma Alapítvány kuratóriumának. Megépült a település első temploma, a Bocskai kert Ökumenikus Templom, mely három keresztény egyház együttműködésének kitűnő példája. Ez egyben a közös történelmi múlt sérelmeit kiengesztelő templom, a Magyar Egyházak Vértanúinak Emléktemploma, a Keresztény Ökumenikus közösségépítés szimbóluma.

Elismerései

2013 – „Kiváló Növényorvos” az NMNK HBM-i Területi Szervezet kitüntetése

2022 – „Magyar Érdemrend lovagkeresztje” – a Magyar Köztársaság kitüntetése

2024 – „Vit Bijnansky-emlékérem” – a Szlovák Növényegészségügyi Társaság kitüntetése

2025 – „Gulyás Antal-emlékérem a növényvédelemért” – a Gulyás Antal-emlékérem Kitüntetési Bizottság elismerése. A legújabb kitüntetés átnyújtásának indoklásában szerepel, hogy dr. Tarcali Gábor PhD a magyar Növényvédő Mérnöki és Növényorvosi Kamara országos elnökeként kiváló munkát végzett, amellyel biztosította a növényorvosok szakmai szervezetének működését; továbbá az egyetemi főállásában a növénykórtani munkacsoport oktatási-kutatási, valamint nemzetközi kapcsolat-építési feladatainak kiemelkedő ellátását, továbbá a közélet számos fórumán bizonyította a polgári értékrend szerinti aktivitását. Ezen kitüntetés átadására a 30. TNF Plenáris Ülésén, Marosvásárhelyen került sor, amely a közelmúltban betöltött 60. születésnapjához is kapcsolódik. Az elismerő kitüntetéshez gratulál a növényorvosok közössége, munkatársai és tanítványai, további aktív és eredményekben gazdag tevékenységéhez jó egészséget kívánnak az Úr áldásával.

Kiss László L., Szarukán István
és Kövics György J.

Az 1956-os Forradalom és Szabadságharc Emléknapja, október 23-a alkalmából Dr. Nagy István miniszter Miniszteri Dicséretben részesítette **Dr. Halász Ágnes**t, az Agrárminisztérium Növény-és Talajvédelmi Főosztály, Fenntartható Gazdálkodási Osztályának osztályvezetőjét a növényegészségügyi szakterület fejlesztéséért és lelkiismeretes, precíz munkavégzéséért.

DR. HALÁSZ ÁGNES MINISZTERI DICSÉRET KITÜNTETETTJE

Dr. Halász Ágnes egyetemi tanulmányait Gödöllőn a Szent István Egyetemen végezte okleveles agrármérnökként. Pályafutását 2007-ben kezdte a NÉBIH jogelődjében a Budaörsi úti laboratóriumban, ahol 16 évig volt mikológus.

Növényegészségügyi témájú doktori disszertációját (*Tilletia*-fajok diagnosztikája és felderítése Magyarországon) a Szent István Egyetem Növénytudományi Doktori Iskola keretein belül 2014-ben sikeresen védte meg. A Magyar Tudományos Akadémia Köztestületének (IV. Agrártudományok Osztálya) tagja.

2024 februárja óta az Agrárminisztérium munkatársa. Kezdetben növényegészségügyi szakreferensként látta el a növényegészségügygel kapcsolatos hazai és nemzetközi feladatokat. Ennek keretében nagymértékben hozzájárult a 2024. II. félévi soros magyar elnökség szakterületi sikerességéhez. 2025 áprilisától osztályvezetőként felel a minisztériumban a



növény- és talajvédelmi feladatok operatív feladatszervezéséért.

Osztályvezető asszony egyben az EPPO (Európai és Földközi-tenger Melléki Növényvédelmi Szervezet) hazai kapcsolattartója is.

Gábrriel Géza

A NÖVÉNYVÉDELMI KLUB

2025. december 1-én, 15.00 órakor a Nemzeti Élelmiszerlánc-biztonsági Hivatal, Növényvédelmi és Borászati Igazgatóság NÉBIH MGEI tárgyalójában tartjuk. (1024 Budapest, Kis Rókus u. 15/A. II. em. 27.)

A klubdélutánon **Dr. Benedek Pál** professzor emeritus Széchenyi István Egyetem Albert Kázmér Mosonmagyaróvári Kar Mosonmagyaróvár

ROVAROKNAK SZENTELT ÉVTIZEDEK

címmel tart előadást.

A klubdélután ingyenes, már 14.30-tól várunk mindenkit baráti beszélgetésre.

VÁRJUK A FIATAL ÉRDEKLŐDŐKET AZ ÖSSZEJÖVETELEINKEN!

Dr. Tarjányi József
a Klub elnöke

és
Zsigó György
a Klub titkára

KRÓNIKA

RÖVID TUDÓSÍTÁS AZ AGRÁRKEMIZÁLÁSI TÁRSASÁG 141. ÜLÉSÉRŐL

Az Agrárkemizálási Társaság immár a 141. ülését tartotta meg 2025. október 14-én a NÉBIH MGEI tárgyalójában, 1024 Budapest, Kis Rókus u. 15/A cím alatt. Dr. Pálmai Ottó, a Társaságunk elnöke távollétében a Társaságunk titkáráként – levezető elnöki minőségemben – üdvözöltem a társasági ülésre érkező tagokat és ismertettem a kimentésüket kérő tagokat. Bevezetőmben szóltam az Agrárminisztérium Szerkezeti és Működési Szabályzatának Növény- és Talajvédelmi Főosztályra vonatkozó részéről (<https://njt.hu/jogszabaly/2023-1-B0-7R>). Említést tettem a NÉBIH SzMSz-ének növényvédelemmel foglalkozó részéről (<https://portal.nebih.gov.hu/hivatalunk/alapdokumentumok/szmsz>). Végezetül beszéltem a vármegyei kormányhivatalok SzMSz-ének élelmiszerlánc-biztonság igazgatásra vonatkozó részéről is (<https://njt.hu/jogszabaly/2024-15-B0-9D>). A rövid bevezetőmet azzal az öröndetes tény konstataálásával zártam, hogy éppen most indul az országos, közös fellépés a szőlő arany színű sárgaság betegség megfékezésére (<https://net.jogtar.hu/jogszabaly?docid=A2500296.KOR>). Ezt követően felkértem Gábrriel Gézát, az Agrárminisztérium főosztályvezetőjét, aki 18 év szünet után újra főosztályt vezet, hogy az „Újjáalakult Növény- és Talajvédelmi Főosztály” címmel tartsa meg a szóbeli előadását.

Az előadó hangsúlyozta, hogy jelenleg az elsődleges feladat az élelmiszerbiztonság, azaz a növénytermesztés ellátásának szavatolása, az integrált növényvédelem minél szélesebb körű gyakorlati megvalósításával. A hazai elvárásokon túlmenően az EU, azon belül is az Európai



Gábrriel Géza

Bizottság az egyszerűsítési csomagot szorgalmazza biztonságos alternatívák támogatásával. Elhangzott, hogy éppen ma van az élelmiszeriparral kapcsolatos jogszabályok áttekintésének határideje. Szóba került, hogy a lakosság arányában Franciaország után Magyarországról érkezett az EU-ba a legtöbb javaslat. Ez például azért is fontos, ugyanis kémiai növényvédőszer-hatóanyag engedélyezése az EU-ban 2019-ben történt utoljára. Sajnos időközben több növényvédőszer-hatóanyag került kivonásra, mint amennyi növényvédelmet segítő hatóanyag került engedélyezésre. Mindenképpen fontos az alternatívák piacra jutásának egyszerűsítése. Hozzászólásokban elhangzott, hogy jó hallani az egyszerűsítésről, de a szakmai szempontok figyelembevételével a szabályozás is fontos. Lényeges a kiszámíthatóság, hogy időközben lehetőleg ne változzanak meg az előírások.

Az előadó elmondta, hogy az Agrárminisztérium Növény- és Talajvédelmi Főosztályán a korábbi, viszonylag alacsony létszámot meghaladva, jelenleg már 10 fős szakember csapat dolgozik, aminek létszáma remélhetőleg a közeljövőben még akár tovább is növekedhet. A Fenntartható Gazdálkodási Osztályt

dr. Halász Ágnes vezeti. A munkatársak több mint fele növényorvos. A Nemzeti Növényvédelmi Cselekvési Terv továbbfejlesztése áll a figyelem középpontjában. Ugyancsak szükséges a növényvédelem fontosabb szereplőit tömörítő Növényvédelmi Bizottság évenkénti kétszeri szakmai ülésének megtartása. A Főosztály szakmai tevékenységéről honlapon történő tájékoztatás javítása ugyancsak célszerű. A rezisztencia kutatás is fontos, ugyanis sajnos nincs mit rotni. A talajvédelemmel kapcsolatos új irányelv megjelent.

Az előadást követő szakmai beszélgetés során több kérdés vetődött fel a hallgatókban az elhangzottakkal kapcsolatban, élénk szakmai beszélgetés alakult ki. A több évtizedes szakmai ismeretekkel és gyakorlattal rendelkező jelen-

lévő kollégák elismerően és támogató javaslatokkal segítették az előadó nem könnyű szakmai vezetői munkáját. A szakmai vita során a jelenlévők egyetértettek abban, hogy a növényvédelmi szakmai kihívások megoldásaira van mozgástér, de mindehhez kellő idő és türelem szükséges.

Az ülés levezető elnökeként a nagyszerű előadást követő megbeszélés bezárásaként elismerésemet fejeztem ki és köszönetet mondtam Gábor Gézának, az Agrárminisztérium főosztályvezetőjének a kiválóan felépített és elmondott előadásért, valamint sok sikert, továbbá erőt, egészséget és további kitartást kívántunk neki a szakmai vezetői munkájához, ami manapság nem kis kihívás.

Molnár János

MÁR MEGRENDELHETI A 2026. ÉVRE A NÖVÉNYVÉDELEM FOLYÓIRATOT

NÖVÉNYVÉDELEM FOLYÓIRAT MEGRENDELÉS

Megrendelés hosszabbítása a 2026. évre. Az előfizetési díj nem változott.

Előfizetési díj a 2026. évre: 15 000 Ft/év. A Növényorvosi Kamara és a Magyar Növényvédelmi Társaság tagjainak: **13 500 Ft/év. Diákoknak kedvezményesen 10 500 Ft/év!**

Mindhárom esetben plusz 4890 Ft postaköltség.

Megrendelem a Növényvédelem folyóiratot példányban.

Kamara tag vagyok ☐, regisztrációs számom: MNT tag vagyok ☐

Diák vagyok ☐, diákigazolvány számom:

Az előfizetési díjat a Környezetbarát Növényvédelemért Alapítvány

K&H 10400054-00502306-00000000 számlájára a megrendelést követő 8. napig **befizetem** ☐

Az előfizetési díjhoz előre kérek számlát, amelyet 8 napon belül kiegyenlítek ☐

Az előfizetési díjhoz csekket kérek ☐

NYOMTATOTT BETŰVEL KÉRJÜK KITÖLTENI!

Megrendelő adószáma:

Kézbesítés helye

Neve:

Név:

Számlázási címe: ☐☐☐☐

Cím: ☐☐☐☐

Ügyműködő neve:

Telefon:

E-mail:

Dátum:

Aláírás:

A Környezetbarát Növényvédelemért Alapítvány

Levelezési cím: 1116 Budapest, Fehérvári út 132. • E-mail: balazs.klara@atk.hun-ren.hu

FOLYÓIRATUNK MÚLTJÁBÓL

„SZÉNSAVTRÁGYÁZÁS”?

Legutóbb növényélettani ismereteket népszerűsítő témákat mutattam be. Folytatom a kört egy nagyon érdekes megközelítéssel, a növények „szénsavtrágyázásával”. (Megjelent 1932 januárjában, a lap Tanácsadó rovatában.) A klímaváltozással összefüggésben napjainkban felvetett problémakör kapcsán, talán érdemes ezen is elgondolkozni.

A levegőszénsav-tartalma igen nagy hatással van a növények fejlődésére, ami érthető is, mert hiszen a növényi test száraz anyagának közel fele szén, melyet a levegőből vesz fel. Ha tehát a levegő szénsavtartalmát fokozzuk, úgy g *növény levélzetén át bővebben tud táplálkozni s fejlődésben erőteljesebb és egészségesebb lesz.* Az őskor ismeretes óriási növényei a levegő akkori gazdag szénsavtartalma segítségével fejlődhettek ki olyan méretűekké, mint amilyenek voltak. Ezért a szénsavas levegőtrágyázás már régóta foglalkoztatja a tudományos köröket. Bizonyos tekintetben ezt a kérdést sikerült is már megoldani. Eltekintve a szabadföldi szénsavtrágyázástól, ahol szintén sikerült már jelentős eredményeket elérni, a növényházak és melegágysok szénsav trágyázásának kérdését már megoldottnak tekinthetjük. Kezdetben a növényházak szénsavtrágyázására kisebb gázfejlesztő készülékeket alkalmaztak, amelyekbe összetört mészkövet vagy márványdarabokat tettek be s ezt azután vízzel felényire hígított nyers sósavval leöntötték s az így nyert szénsavat használták fel. Újabban *szénsavfejlesztő tablettákat* gyártanak már, amelyeket egy *erre a célra szolgáló kályhá-*

ban égetnek el. Ennek előnye az előbbi eljárással szemben az, hogy e tablettákból *tisztán széndioxid fejlődik, szénmonoxid pedig egyáltalában nem.* A szénmonoxid ugyanis nemcsak az emberi, hanem a növényi szervezetekre is veszedelmes. E zárt kályhákból azután csöveken keresztül a fejlődő szénsavat a szomszédos növényházakba is átvezeti úgy, hogy ilyenformán egy helyről központilag lehet a növényházakat szénsavgázzal ellátni. Az eddig végzett kísérleti eredmények közül felemlítjük a következőket: *Klein és Reinau* német fiziológusok egy üvegházat levegőt át nem eresztő válaszfallal kétfelé osztottak. Az egyik levegőjét azonban állandóan körülbelül 10%-ig szénsavval telítették. Egy hónap alatt *a növények fejlődésében 24—150% különbség volt tapasztalható a szénsavval megtrágyázottak javára.* A levélzet és a virágok színe is élénkebbé vált. *Riedel* paradicsom és uborkatermesztésénél 1.7—2.75-ször *nagyobb termést ért el a szénsavas trágyázás folytán.* *Gerlach* megfigyelése szerint különösen a növényházi cserepes virágok fejlődésére volt kedvező hatású a szénsavas levegő. Érdekes az a megállapítás is, hogy a melegágy trágyájából állandóan fejlődik szénsav és ha az ablakok jól zárnak, úgy a melegágy levegőjének szénsavtartalma lényegesen emelkedik. Ez a magyarázata annak, hogy a melegágysban a palánták oly buján fejlődnek. A szabadföldi istállótrágyázaskor is sok szénsav fejlődik. 300 g istállótrágya szétbomlásakor 100 g szénsavas gáz fejlődik, ez oly nagy mennyiség, hogy *ha az a levegőben szét nem oszolna, már a szénsavgáz trágyázás folytán is nagy mennyiségű szén-dioxid állana elő.*

TARTALOM

<i>Páll-Gergely Barna és Turóci Ágnes: Hazai és nemzetközi meztelencsiga-kutatás: kérdések, trendek, kihívások</i>	447
<i>Molnár Anna, Knapp G. Dániel, Lovas Miklós, Tóth Gergő, Boldizsár Imre, Váczy Kálmán Zoltán és Kovács M. Gábor: Alternaria gombanemzetség a szőlőben: az Alternaria sect. Alternaria sokféleségének és specializált anyagcseretermék termelésének vizsgálata</i> 482	
<i>Szécsi Árpád és Szőke Csaba: Fusariológia: a Fusarium nemzetség biológiája (10.)</i>	490
<i>Korányi Dávid, Zsebők Sándor, Báldi András, Brambilla Mattia, Varga Máté és Batáry Péter: Az erdőszült tájak jelentősége a madarak és denevérek által nyújtott biológiai védelemben szőlőültetvényekben.</i>	495
<i>Molnár Orsolya, Németh Z. Márk, Soós Anita Z., Seress Diána, Ágoston János, Borostyán Katalin és Pintye Alexandra: Ázsiai eredetű Erysiphe-fajok okoznak lisztharmatos megbetegedést kőris- és szilfákon Magyarországon</i> 505	

Szemleciikk

<i>Kövics György János és Tarcali Gábor: Új szabályok a gombák elnevezésében. 3. rész: Taxonómiai adatbázisok az érvényes tudományos név használathoz az „egy gomba = egy név” alapján</i>	511
--	-----

Kitüntetés

<i>Kiss László L., Szarukán István és Kövics György J.: Tarcali Gábor a Gulyás Antal-émlékérem 2025. évi kitüntetettje</i>	521
<i>Gabriel Géza: Dr. Halász Ágnes, a miniszteri dicséret kitüntetettje</i>	524

Krónika

<i>Molnár János: Rövid tudósítás az agrárkemizálási társaság 141. üléséről</i>	525
--	-----

Folyóiratunk múltjából

<i>Eke István: „Szénsavtrágyázás”?</i>	527
--	-----

Jogszabályfigyelő Molnár Jánostól	520
--	-----

CONTENT

<i>Páll-Gergely, B. and Turóci, Á.: Domestic and international slug research: questions, trends and challenges</i>	447
<i>Molnár, A., Knapp, D. G., Lovas, M., Tóth, G., Boldizsár, I., Váczy, K. Z. and Kovács, G. M.: Multilocus phylogenetic and untargeted metabolomic analysis of <i>Alternaria</i> sect. <i>Alternaria</i> in grapevine</i>	482
<i>Szécsi, Á. and Szőke, Cs.: Fusariology: biology of the genus <i>Fusarium</i> (10)</i>	490
<i>Korányi, D., Zsebők, S., Báldi, A., Brambilla, M., Varga, M. and Batáry, P.: The role of forested landscapes in promoting bird- and bat-mediated biological pest control in vineyards</i> . . .	495
<i>Molnár, O., Németh, Z. M., Soós, Z. A., Seress, D., Ágoston, J., Borostyán, K. and Pintye, A.: <i>Erysiphe</i> spp. of Asian origin cause powdery mildew on ash and elm trees in Hungary</i> . .	505

Review article

<i>Kövics, Gy., J. and Tarcali, G.: New rules in the taxonomy of fungi. Part 3 – Databases for the usage of the valid name in the ‘one fungus = one name’ concept</i>	511
---	-----

Award

<i>Kiss, L., Szarukán, I. and Kövics, Gy., J.: Gábor Tarcali, awardee of the Foundation in Memory of Gulyás Antal</i>	521
<i>Gabriel, G.: Dr. Ágnes Halász awarded by the ministerial certificate of merit</i>	524

Chronicle

<i>Molnár, J.: Brief report on the 141st meeting of the Agrochemical Society</i>	525
---	-----

From the past of our journal

<i>Eke, I.: “Carbonic acid fertilization”</i>	527
---	-----

Legislation review from János Molnár	520
---	-----

**MTA Agrártudományok Osztály, Növényvédelmi Tudományos Bizottság
HUN-REN ATK Növényvédelmi Intézet, MATE Növényvédelmi Intézet,
Magyar Növényvédelmi Társaság,
AgrárminisztériumÉlelmiszerlánc-Felügyeleti Főosztály**

Kedves Kollégán, Kedves Kolléga!

Az MTA Agrártudományok Osztályának Növényvédelmi Tudományos Bizottsága, a HUN-REN ATK Növényvédelmi Intézete, a MATE Növényvédelmi Intézete, valamint a Magyar Növényvédelmi Társaság – együttműködve az AM Élelmiszerlánc-Felügyeleti Főosztályával - megrendezi a

**„72. NÖVÉNYVÉDELMI TUDOMÁNYOS NAPOK” rendezvényét,
melynek időpontja: 2026. február 17–18. (kedd-szerda)**

A plenáris ülés, valamint az egyes szekciósülések (Növénykórtan, Agrozoológia, Gyomnövények, gyomirtás) ÚJRA A HAGYOMÁNYAINKNAK MEGFELELŐEN, a régi helyszínén, 2026. február 17-én az **MTA Székházában** (1051 Budapest, Széchenyi István tér 9.), kerülnek megtartásra. A szekciósülések február 18-i megtartásáról a **MATE Budai Campus, K épületében** (1118 Budapest, Villányi út 29-43.) az előadások számának függvényében döntünk. Projektor használatára valamennyi teremben lehetőség lesz. A rendezvényre **csak olyan előadással, illetve poszterrel** lehet jelentkezni, amely **más magyar nyelvű szakmai fórumon még nem szerepelt**. A konferenciára a haltrich.attila.krisztian@uni-mate.hu e-mail címre küldött levéllel lehet jelentkezni **2025. december 15-ig**, a munka rövid magyar nyelvű összefoglalóját **csatolva**. A **Word** fájl neve tartalmazza az **első szerző nevét**, a szekció nevének rövidítését, valamint, hogy előadásként, ill. poszterként szeretné bemutatni („**agrozo**”, „**kórtan**”, „**gyom**”, ill. „**előadás**” vagy „**poszter**”). Példa fájlnev: **Kovács János-kórtan_poszter.doc** vagy **docx**). Minden levél érkezése után **rövid visszajelzést küldünk**. Amennyiben nem kapnak visszajelzést, nagy valószínűséggel a küldött anyag sem érkezett meg. Felhívjuk a figyelmet, hogy a beérkezésről való visszajelzés még nem jelenti az anyag szakmai elfogadását!

Amennyiben a járványügyi vagy más ok miatt a konferencia fizikai megtartása lehetetlenné válik, akkor elektronikus formában megjelenik az absztrakt füzet, de **online** rendezvényt nem tartunk. Az elkészült előadások diái és a poszterek - amennyiben a szerzők ezeket elkészítik, és megjelentetésükre igényt tartanak - felkerülnek a Magyar Növényvédelmi Társaság honlapjára.

Az **összefoglaló tömören és tagoltan** tárgyalja magyar nyelven a munka megértéséhez szükséges információkat, így a célkitűzést, a módszert és az eredményeket. **Az összefoglalóban fel kell tüntetni a levelező szerző e-mail címét, az angol és magyar nyelvű kulcsszavakat, valamint az előadás angol nyelvű címét is**. A jelentkezések elfogadásáról a **Szervezőbizottság** dönt. A jelentősebb javítást, átdolgozást igénylő vagy esetlegesen szakmai szempontból nem elfogadható (pl. nem kifejezetten növényvédelmi témájú) összefoglalók rövid határidejű javításáról illetve elutasításáról a Bizottság tájékoztatja a levelező szerzőt. A Bizottság által elfogadott összefoglalókról külön értesítést nem küldünk. Az adott szakmai bizottságnak jogában áll átsorolni az előadásra beküldött anyagot poszterre, ha úgy ítéli meg, hogy a jelentkezők által beküldött előadások száma meghaladja a konferencia rendelkezésére álló időkeretet, vagy fordítva, amennyiben a poszterek száma meghaladja a kiállítható mennyiséget. A Szervezőbizottság ilyenkor felajánlja a jelentkezőnek, hogy posztere anyagát rövid előadás formájában mutassa be. A tudományos napok anyagából kizárólag elektronikus formában megjelentetett kiadványban nemcsak az ott elhangzó, hanem valamennyi, a konferenciára elfogadott összefoglaló szerepel majd. Az elektronikus kiadvány a szokásos módon ISBN számmal jelenik meg a Magyar Növényvédelmi Társaság honlapján.

Kérjük a szerzőket, hogy a konferencia kiadvány egységes megjelenítése érdekében az egyoldalas összefoglalókat, a csatolt mintához hasonlóan, A/4-es méretben, a lapszélektől 2,5 cm-es távolságot tartva, szimpla sorközzel, 12-es betűmérettel, Times New Roman betűtípussal, szerkeszthető **Word** dokumentumként, **csatolt fájlként (!)**, a formai követelményekre ügyelve {**cím nagybetűvel és vastagon, balra zárva, szerző nagybetűvel, balra zártan, tőrszerzők egymástól vesszővel elválasztva, különböző munkahelyek esetén a név mellé számozott indexet írva, majd a munkahelyeket a szerzők sorrendjében feltüntetve, e-mail cím dőlten, balra zártan, szövegtörzs sorkizártan**} készítsék el. A **tartalmi vagy formai követelményeket figyelmen kívül hagyó, valamint a fent megadott határidőn túl beérkező jelentkezéseket sajnos nem áll módunkban elfogadni!**

Szíves együttműködését előre is köszönjük!

Budapest, 2025. október 12.

Dr. Kazinczi Gabriella
az MTA doktora, elnök
Magyar Növényvédelmi
Társaság

Dr. Salánki Katalin
az MTA doktora, elnök
MTA Növényvédelmi
Tudományos Bizottság

Dr. Kontschán Jenő
az MTA doktora, igazgató
HUN-REN ATK
Növényvédelmi Intézet

Dr. Fail József
PhD, igazgató
MATE Növényvédelmi
Intézet



MAGYAR AGRÁR- ÉS
ÉLETTUDOMÁNYI EGYETEM



Keszthelyi Növényvédelmi Fórum 35. alkalommal várja a növényvédelmi szakembereket és a téma iránt érdeklődőket.

Időpont: 2026. január 14-16.

Helyszín: MATE Georgikon Campus – A épület,
8360 Keszthely, Deák Ferenc utca 16.

A rendezvény kiváló lehetőséget kínál arra, hogy a termelés, a szolgáltatás, a kereskedelem, a szakigazgatás, valamint a kutatás és felsőoktatás területén dolgozó szakemberek eszmecserét folytassanak, megosszák tapasztalataikat és megvitasák a legfrissebb szakmai eredményeket.

Szeretne kéziratot beküldeni?

Az angol nyelvű beküldött kézirát a Georgikon for Agriculture folyóirat elektronikus változatában, a magyar nyelvű beküldött kézirát a MezőHír szaklap januári számában jelenik meg.

Kézirat leadásának határideje: 2025. december 5.

Regisztrációs díj: 16 000 Ft

Cégeként poszter- és reklámanyagok bemutatása: 55 000 Ft

XXXV. Keszthelyi Növényvédelmi Fórum hivatalos honlapja:
<https://georgikonalapitvany.hu/xxxv-keszthelyi-novenyvedelmi-forum/>

Szeretettel várunk minden kollégát és szakma iránt érdeklődőt!