

AKADÉMIAI DOKTORI ÉRTEKEZÉS

TÉZISEK

**A szőlő botritiszes fertőzései és tőkebetegségei
a molekuláris és mikrobiális kölcsönhatások tükrében**

Váczy Kálmán Zoltán

Eger, 2025

1. BEVEZETÉS

A borszőlő (*Vitis vinifera*) és az emberiség kapcsolata több ezer évre nyúlik vissza, meghatározó szerepet betöltve gazdasági, kulturális, vallási és társadalmi szempontból. A szőlő betegségei évszázadok óta meghatározzák a termesztés sikerét, mivel közvetlenül befolyásolják a termés mennyiségét és minőségét, ezáltal a borászat gazdasági stabilitását is.

A jelen dolgozat témájául szolgáló szőlőbetegségek kutatási háttere, megítélése és a felénk irányuló érdeklődés változó dinamikát mutatott az elmúlt évtizedekben. A disszertációban ismertetett kutatási eredmények illeszkednek a nemzetközi tudományos irányvonalakhoz, miközben arra törekednek, hogy feltárják az eddig még nem ismert folyamatokat, ugyanakkor kiemelt figyelmet fordítanak a hazai ágazati igényekre, elméleti, és gyakorlati vonatkozásban egyaránt.

A szőlő szürke- és nemesrothadásában meghatározó *Botrytis cinerea* az egyik legismertebb növénykórokozó, kártétele szinte minden gazdaságilag kiemelt jelentőségű növénykultúrákban jelentős, amelyet globálisan évi mintegy 100 milliárd amerikai dollárra becsülnék (Canessa és Ferrari, 2025). A *B. cinerea* mint tipikus nekrotróf növénypatogén kiterjedt gazdasejt-elhalást idéz elő, hogy elősegítse a szövetek kolonizációját (Bi és mtsai, 2023), ezért a nekrotróf gombák kutatásának egyik kiemelt modellorganizmusává vált. Az -omikai módszerek rohamos fejlődésének eredményeként ma már több teljes genom-szekvencia, egy rendkívüli részletességgel feltárt referencia-genom (van Kan és mtsai, 2017) áll rendelkezésre, átfogó és részletekbe menő betekintést biztosítva a kórokozó és gazdanövényei molekuláris szintű kölcsönhatásaiba. Paradox módon ugyanakkor sajátos környezeti feltételek között ez a kórokozó képes arra is, hogy növelje a termés értékét, egyetlen növényfaj esetében: a szőlőbogyókban kialakuló nemesrothadás révén lehetővé válik a kivételes minőségű tokaji és sauternes-i borok előállítására.

A szőlőtőkék vaszkuláris gombás fertőzései – a szőlő tőkebetegségei (grapevine trunk diseases, GTDs) – világszerte súlyos és mindmáig megoldatlan problémát jelentenek. A védekezést a kórokozók látens életmódja, sokfélesége és a hatékony fungicidek hiánya is nehezíti, ami a kutatásokat a biológiai védekezés és a biokontroll-ágensek alkalmazása felé tereli (Mondello és mtsai, 2018). A jelentősen fertőzött vagy már elhalt szőlőtőkék eltávolítása és pótlása világszinten évente mintegy 1,5 milliárd dollár veszteséget jelent (Fischer és Peighami-Ashnaei, 2019), míg az alacsony termőképességű vagy kieső ültetvények újra telepítésének globális éves költsége elérheti az 1,132 milliárd eurót (Hofstetter és mtsai, 2012). A korábbi vizsgálatok alapján eddig 34 gombanemzetség 133 faja hozható összefüggésbe a tőkebetegségek kialakulásával, amely révén ezek a kórokozók jelentik a növényeket fertőző gombák legnagyobb ismert csoportját (Gramaje és mtsai, 2018). A legújabb, metagenomikai megközelítésű vizsgálatok 174 faj és 32 nemzetséget mutattak ki a szőlőtörzs-betegségekkel összefüggésben (Li és mtsai, 2023). A korábban eredményesen alkalmazott nátrium-arsenit használatát toxikológiai okokból betiltották (Songy és mtsai, 2019), így a védekezés elsősorban a megelőzésre és a tünetek enyhítésére épül.

A molekuláris és mikrobiális kölcsönhatások megismerése a nemesrothadás folyamatában nemcsak elméleti szempontból lehet érdekes, hanem gyakorlati oldalról is segítheti a szakembereket a folyamat jobb megismerésén túl, az eredményesebb termés és termelés biztonság elérésében, a szüreti időpontok és megfelelő termesztéstechnológiai elemek kiválasztásában. Ugyanez a kölcsönhatásvizsgálat a szőlő tőkebetegségei esetében a kórokozóközösségek elemeinek és ökológiájának megismerését és a biokontroll-alkalmazásokra épülő, integrált megelőzési protokollok megalapozását szolgálják, amelyek a kuratív kémiai eszköztár hiánya mellett is növelhetik a tőkék élettartamát, csökkenthetik az ültetvény szintű gazdasági kockázatot és elősegítik a fenntartható szőlőtermelést.

2. CÉLKITŰZÉSEK

A szőlőt megtámadó kórokozó gombák biológiájának és ökológiájának mélyreható ismerete alapvető a gyakorlati növényvédelem szempontjából – akár a vegetációs periódushoz kötődő fertőzésekről, akár a fás részekben perzisztensen fennmaradó tüneteket kiváltó kórokozókról van szó. Optimális esetben bőséges információ áll rendelkezésre azokról a kórokozó fajokról, amelyek modellorganizmusokként szolgálnak; más esetekben azonban – különösen, ha a tünetképződés mikrobiális interakciókhoz kapcsolódik – jóval korlátozottabbak az ismereteink.

Bár a *B. cinerea* a növénykórtani kutatás elismert modellmikroorganizmusának számít, és a szőlőtermesztésben értéknövelő szerepet is betölthet, a nemesrothadással összefüggő biológiai és ökológiai ismeretek sokáig hiányosak voltak. Az utóbbi években azonban lehetőség nyílt arra, hogy a nemes- és a szürkerothadás közötti különbségek biológiai, élettani és környezeti alapjai feltárássra kerüljenek.

A szőlő tőkebetegségei esetében a kórfolyamatok összetett, több mikroorganizmusra épülő etiológiája, a mikrobaközösségek kölcsönhatásai és a gazdanövény elhúzódó reakciói miatt a betegségek sokáig „black box”-ként (nehezen feltárható rendszerként) jelentek meg: a tünetek és a kórokozók pontos összekapcsolása, valamint a betegség dinamikájának leírása mindmáig csak részlegesen ismert, ami komoly kihívást jelent a gyakorlati növényvédelem számára.

E szempontok alapján munkánk alapvető célkitűzéseként a szőlő botrítisztes fertőzései és tőkebetegségei során érvényesülő molekuláris és mikrobiális kölcsönhatások feltárását határoztuk meg:

1. A *B. cinerea* okozta szürke és nemesrothadásos folyamatok biológiai hátterének és a folyamatok különbségeinek kimutatása a funkcionális gének expressziós profiljának elemzésére alapozva egészséges, szürkerothadásos és nemesrothadásos minták transzkriptomjának vizsgálatával, valamint a szüreti

időpontoknak a biokémiai folyamatokra és azok borászati következményeire gyakorolt hatásával összefüggésben.

2. A nemesrothadás és szürkerothadás mikrobiális hátterének feltárása, különös tekintettel a *B. cinerea* mellett jelen lévő és a folyamatokban meghatározó fonalas gombák és élesztők génexpressziós és metabolikus aktivitásának összehasonlító elemzésére, valamint a gazda–kórokozó és mikroba–mikroba kölcsönhatásokra.
3. A nemesrothadás és a szürkerothadás fejlődési fázisainak és a szőlő–kórokozó kölcsönhatások összehasonlító vizsgálata, a környezeti feltételek, a génexpressziós mintázatok és a *B. cinerea* életmódváltásának szerepe a két rothadástípus elkülönülésében és egymásba alakulásában.
4. A nemesrothadásban részt vevő fonalas gombák milyen funkcionális génexpressziós és metabolikus folyamatokon keresztül járulnak hozzá az aszúsodó szőlőbogyók biokémiai átalakulásaihoz és a botritiszes borok egyedi aroma- és érzékszervi profiljának kialakulásához.
5. A nemesrothadás dinamikájának és környezeti feltételeinek meghatározása; a szüreti hónapok és az évjáratok sajátosságok milyen mértékben befolyásolják a *B. cinerea* micéliumnövekedését és morfortípusait, valamint ezek hogyan kapcsolódnak a nemesrothadás előfordulásához és lefolyásához.
6. A nemesrothadás különböző fázisainak, a szüreti időpontnak és a szőlőfajtának a szőlőbogyók fizikai, kémiai és mikrobiológiai tulajdonságaira gyakorolt hatásának vizsgálata, különös tekintettel a texturális jellemzők, a kémiai összetétel és a gombaközösségek dinamikájának feltárására.
7. A nemesrothadás fázisainak transzkriptomikai jellemzése, a *B. cinerea* génexpressziós mintázatainak és anyagcsere-folyamatainak feltárása annak megértésére, miként járul hozzá a szőlőbogyó szerkezeti változásaihoz, és mely génfunkciók segítik kompetitív előnyét és ökológiai dominanciáját.
8. Az aszúsodó szőlőbogyó mikrobiomjában jelen lévő, további fonalas gombák és élesztők funkcionális génexpressziójuk és metabolikus aktivitásuk révén

miként járulnak hozzá a szőlőbogyók szerkezeti átalakulásaihoz és a botritiszes borok egyedi aroma- és érzékszervi profiljának kialakításához.

9. Az Esca-betegséggel összefüggésbe hozott gombák jellemzése, amelyek a szőlő „magmikrobiomjának” részeként, jellemzően kommenszális endofitonok és/vagy látens szaprotrófok formájában vannak jelen és opportunistakórokozóként léphetnek fel stresszhatásoknak kitett növényekben; valamint, hogy az abiotikus környezeti tényezők milyen szerepet játszanak a gombaközösségek dinamikájában és a betegség kialakulásában.
10. A növényi mikrobiom jellemzően hasznosnak tekintett tagjai, különösen az *A. pullulans* bizonyos törzsei, milyen mechanizmusokon – például poliszacharid- és fehérjetermelésükön, valamint szinergikus kölcsönhatásaikon – keresztül járulhatnak hozzá az Esca-betegség patogeneziséhez és a levéltünetek intenzitásának alakulásához.
11. Lehetséges tőkebetegség-antagonisták milyen mechanizmusokon – különösen antibiotikus metabolit termelésen vagy mikoparazita képességen – keresztül képesek gátolni a szőlő tőkeelhalással összefüggő patogén gombafajok fejlődését, és *in vitro* és *in planta* kísérletekben igazolt hatékonyságuk megalapozhatja-e a tőkebetegségek elleni biológiai védekezés gyakorlati alkalmazását.
12. A szőlő tőkebetegségeink kialakulásában részt vevő, de eddig a betegség komplexhez nem társított vagy azonosított új mikroorganizmusok meghatározása, patogén tulajdonságuk vizsgálata.

3. ANYAG ÉS MÓDSZER

3.1. *A. B. cinerea* minták gyűjtése, feldolgozása és értékelése

Mintagyűjtés az Egri és a Tokaji borvidéken: 2013–2015 között az Egri borvidék természetesen aszúsodott fürtjeiből, 2016–2017-ben a Tokaji borvidék Furmint és Hárslevelű ültetvényeiből gyűjtöttünk bogyókat. A mintavétel három időpontban (szeptember, október, november) és négy fejlődési stádiumban történt: (1) ép, teljesen érett szem; (2) barnás-lilás, még nem töppedt; (3) töppedésnek induló,

botritiszes; (4) lilás aszúszem látens vagy sporuláló micéliummal. Véletlenszerű mintavétellel biztosítottuk a morfológiai variabilitás reprezentációját; sérülésmentes szemeket azonnal feldolgoztunk, a DNS/RNS célú mintákat folyékony nitrogénben fagyasztva $-80\text{ }^{\circ}\text{C}$ -on tároltuk.

A *B. cinerea* tenyésztése és a kapcsolódó vizsgálatok paraméterei:

Természetes aszús bogyókból egyspórás izolátumokat állítottunk elő, növekedésvizsgálatokhoz 5 mm-es inokulumkorongokat sötétben tartva inkubáltunk 15/20/25 $^{\circ}\text{C}$ -on. A 21 napos tenyészeteket makroszkópos bélyegek (sporuláció, micélium- és szklerócium-képzés) alapján Martinez és mtsai (2003) sémája szerint nyolc morfortípusba soroltuk (M I-IV; S I-IV), több technikai és biológiai ismétléssel. A tényezők (évjárat, szüretidő, fajta; hőmérséklet mint kontroll) hatását többtényezős ANOVA-val értékeltük. Az átlagok összevetése LSD-próbával ($\alpha = 0,05$). A morfortípus-gyakoriságokat számítottuk és összehasonlítottuk; csoportok elkülönülését NMDS-sel vizualizáltuk és PERMANOVA-val teszteltük.

Szőlőbogyók fizikai, kémiai és mikrobiológiai jellegzetességei: A textúraparaméterek (Fsk, Esk, Wsk, bogyókeménység), valamint a must jellemzői ($^{\circ}\text{Brix}$, pH, TA) minden fajta \times hónap \times év kombinációban mérésre kerültek. A mikrobiológiai vizsgálatokhoz szelektív tenyésztést és monospórás fenntartást alkalmaztunk; a gombák azonosítása ITS (ITS1-F/ITS4) és LSU (NL1/NL4) markereken alapult.

A szőlőbogyók teljes DNS és RNS kivonása: A bogyókat LN_2 -ben őröltük, a teljes DNS-t standard növényi eljárással izoláltuk és elvégeztük a minőségellenőrzést. Az aszús bogyók nagy cukor- és polifenol-tartalma miatt az RNS-kivonáshoz saját, optimalizált módszert dolgoztunk ki és publikáltunk (Kiss és mtsai, 2024); a megfelelő minőségű mintákat további elemzéseknek vetettük alá.

Szekvenálás és szekvencia-adatok feldolgozása: A DNS amplikon szekvenáláshoz és feldolgozáshoz a nyers olvasatokat DADA2-vel (Callahan és

mtsai, 2016) dolgoztuk fel, kiméraszűrés és páros olvasat-illesztés után ASV-alapú kimenetet használtunk. További elemzéseket a UNITE „dynamic species hypothesis” keretében végeztünk páronkénti hasonlóságkereséssel (Köljalg és mtsai, 2013). A MetaRNS szekvencia adatok feldolgozásához a minőségellenőrzést és trimmelést követően a leolvasásokat releváns referenciagenomokra igazítottuk (van Kan és mtsai, 2017), kvantifikálásra a Salmon szolgált (Patro és mtsai, 2017), majd a transzkripteket génszintre rendeztük. Az adatokat nyilvánosan hozzáférhetővé tettük (BioProject PRJNA736205; BioSample SAMN19612984).

Szekvencia-adatok elemzése: Az adatokat kiugró-szűrés után skáláztuk/standardizáltuk; csoportstruktúrákat Bray–Curtis távolságon alapuló ordinációval (PCA/NMDS) tártunk fel, a különbségeket PERMANOVA igazolta ($\alpha = 0,05$). A DNS adatok elemzéséhez a közösségi mátrixot könyvtárméretre kiegyenlítettük (ritkítés), a singleton ASV-eket kizártuk. A fajgazdagságot és abundanciát egy- és kétutas ANOVA-val, páronként Tukey HSD-vel hasonlítottuk; az összetételi eltéréseket NMDS+PERMANOVA értékelte. A leggyakoribb nemzetségek a metatranszkriptomikus referenciagenomválasztást támogatták. Az RNS-adatok elemzése során a *B. cinerea* funkcionális gének abundanciáját és előfordulását fázisonként, időpontonként és rothadástípusonként ANOVA+Tukey tesztekkel vizsgáltuk; a teljes génkészletre NMDS-t készítettünk. A szomszédos fázisok között differenciális expressziót a DESeq2-vel határoztunk meg (Love és mtsai, 2014), küszöb: $p < 0,05$ és $|\log_2FC| \geq 1$. A dúsuló GO-fogalmakat és útvonalakat a topGO (Ashburner és mtsai, 2000) és KOBAS (Xie és mtsai, 2011) alapján azonosítottuk; a gének funkcióit az UniProt adatbázis szerint írtuk le (The UniProt Consortium, 2015).

Hálózatelemzés a metatranszkriptomikai adatok elemzéséhez: A *B. cinerea* és kiválasztott társfajok génjeire súlyozott koexpressziós hálózatot építettünk (WGCNA; Langfelder és Horvath, 2008). A modulokat sajátgénjeikkel jellemeztük, és a textúraparaméterekkel vett korrelációjukat becsültük. Az aszúsodással

összefüggő modulokat NRCM-ként definiáltuk, sajátgénjeik fázis- és időpontfüggő különbségeit ANOVA igazolta. A modulokon belüli rangsorolást kME alapján végeztük, a hub-gének funkcionális értelmezését az UniProt információira alapoztuk.

3.2. Szőlő tőkeelhalás minták gyűjtése, feldolgozása és értékelése

A szőlő fás részeinek és környezetének mikrobiom-analízise: A Tokaji borvidéken (Szent Tamás; Nagy-Kopasz déli/északi lejtő) Furmint-tőkéről mintáztunk. Három mikroélőhelyről vettünk mintát (kéreg, élő évelő farész, környező talaj), a tőkét körülvevő talajból több pont kombinálásával. A részmintákat növényenként és élőhelyenként összevontuk, azonnal laborba vittük, liofileztük és homogenizáltuk.

Faszöveti- és talajminták DNS-izolálása és szekvenálása: A genomi DNS-t standard talaj- és növényi protokollokkal nyertük, az ITS2 régiót fITS7/ITS4 primerpárral amplifikáltuk, majd Illumina párosvégű amplicon szekvenálást végeztünk indexeléssel.

Szekvencia-adatok feldolgozása és elemzése: A nyers DNS-szekvenciák feldolgozása a dada2 csomaggal (Callahan és mtsai, 2016); a hozzárendelés az UNITE adatbázis alapján történt (Köljalg és mtsai, 2013), a besorolást USEARCH v11 programmal végeztük (Edgar, 2013). A mintákat <1000 olvasat esetén kizártuk, a közösségi mátrixot a legkisebb könyvtárméretre ritkítottuk, a singleton ASV-ket eltávolítottunk. Az ASV-gazdagságot és a patogén nemzetségek abundanciáját egy- és kétutas ANOVA-val, Tukey HSD-vel hasonlítottuk (szignifikáns faktorokat vontunk be a kétutas modellekbe). A közösségi különbségeket Bray–Curtis-alapú NMDS-sel vizualizáltuk, a csoportkülönbséget PERMANOVA igazolta (vegan; Oksanen és mtsai, 2001). A tünetes vs. tünetmentes állapot indikátor taxonjait indicspecies-alapú indikátorfaj-elemzéssel azonosítottuk (Dufrêne és Legendre, 1997; De Cáceres és mtsai, 2010). A növénypatogén ASV-k körét Tedersoo és mtsai (2014) listája és célzott irodalomkiegészítés alapján határoztuk meg.

Mikrobiális kölcsönhatás-vizsgálatok (*in vitro* és *in planta*): Esca-tünetes Cabernet Sauvignon tőkékéből endofiton fonalas gombákat izoláltunk; az ITS (szükség szerint LSU/TEF1/ACT) alapján azonosítottuk. Az *Aureobasidium pullulans* mennyiségi jelenlétét tünetes és tünetmentes tőkék farészében fajspecifikus markerekkel mértük. Konfrontációs tenyészetekben vizsgáltuk az *A. pullulans*, a *Phaeomoniella chlamydospora* és a *Phaeoacremonium minimum* kölcsönhatását, a növekedésgátlást radiális gátlási indexszel (RGI%) számszerűsítettük (Rodríguez és mtsai, 2011). Levágott, sterilizált zöld hajtásokon *in planta* kettős fertőzéseket állítottunk be (egyedi és kombinált inokulum), a tüneteket képelemzéssel értékeltük. A kölcsönhatásokhoz kapcsolódó extracelluláris tényezők közül az exopoliszacharidok hatását levélkorong-teszttel mértük, a tömeg- és szénhidrát-meghatározást standard kolorimetriás eljárásokkal végeztük. Mikroszkóposan DIC/PC és fluoreszcens festésekkel (akridin-narancs, kongóvörös) írtuk le a kontaktzónákat. A gomba-metabolitok kivonását és GC-MS mérését egységesített protokoll szerint végeztük, a csoporthatásokat egyutas ANOVA + Tukey teszttel értékeltük.

Potenciális biokontroll-ágensek vizsgálata: Tünetmentes, vírusmentes Cabernet Sauvignon oltványokból endofiton gombákat izoláltunk (elsődlegesen *Clonostachys rosea*), ITS-szekvenciával azonosítottuk; szükség esetén TEF1/ACT markerekkel pontosítottunk. A *C. rosea* antagonista hatását tőkebetegség-kórokozókkal szemben (pl. *Eutypa lata*, *Botryosphaeria dothidea*, *P. chlamydospora*) *in vitro* konfrontációban, mikoparazita viselkedés esetén kettős tenyészetben, valamint üvegházi dugványkísérletben értékeltük; a fertőzési nekrózis hossza és a *C. rosea* újraizolálása szolgált végpontként. Emellett xilém mintákból izolált endofiton baktériumok (pl. *Bacillus velezensis*) gombaellenes aktivitását élesztő „killer”-teszthez adaptált módszerrel szűrtük, a kettős tenyészetekben és tenyészetszűrletekben mért növekedésgátlást RGI% alapján számoltuk, a sejtkárosodást fluoreszcein-diacetát teszttel kvantifikáltuk. A hatófrakciók

jellemzésére fehérje-kicsapás és szervesextrakció történt, majd fungicid hatás tesztelés standardizált körülmények között.

A tőkebetegségek kórokozóinak fajgazdagság-vizsgálata: 2013–2015 között öt borvidékről gyűjtött, tünetes tőkék faanyaga alapján izoláltunk kórokozó jelölteket. Az ITS-alapú azonosítást több lókuszú (LSU, TUB, EF1- α , RPB2) megközelítéssel pontosítottuk a problémás csoportoknál (pl. *Kalmusia longispora*, *Neofabraea* spp., *Dothiorella. omnivora*), majd a leszármazási viszonyokat MAFFT-igazítás és ML/Bayes filogenetika alapján értékeltük. Morfológiai és sporulációs bélyegeket több táptalajon, standard hőmérsékleten rögzítettünk; patogenitást fiatal hajtásokon és cserepes tőkékben, több fajtán, kontrollok mellett határoztuk meg, a kórokozókat visszaizolálással igazoltuk.

4. ÖSZEFoglalás

A *B. cinerea* a szürkerothadás kórokozójaként világszerte jelentős gazdasági veszteségeket okoz számos kultúrnövényben, köztük a szőlőben is, amelyet csekély mértékben, a nemesrothadás eredményezte aszúborok borászati jelentősége ellensúlyoz. A két rothadási forma mögött meghúzódó molekuláris és biokémiai mechanizmusok, valamint a folyamatokban részt vevő gének szerepe azonban mindeddig csak részben feltárt, a nemesrothadás biológiai háttere pedig szinte ismeretlen volt.

Eredményeink alapján a *B. cinerea* nemesrothadás során olyan génkészletet aktivál, amely egyaránt támogatja a bogyóhéj kolonizációjában és a gombával szembeni dominanciájában. A nemesrothadás specifikus génexpressziója magyarázza a cukor- és fehérjetartalom emelkedését, valamint az olyan aromatis metabolitok megjelenését, amelyek meghatározzák a botritiszes borok érzékszervi tulajdonságait. Ezzel szemben a szürkerothadás során alacsonyabb metabolikus aktivitás figyelhető meg, a génexpresszió pedig elsősorban a növényi védekezési válaszok kijátszását és a fitotoxin-termelést szolgálja. Kimutattuk, hogy a szüreti időpont befolyásolja a génexpressziós

mintázatokat, ami gyakorlati szempontból a nemesrothadás optimális szüreti időpont választását segíti.

Elemzéseink megerősítették, hogy nem csupán a *B. cinerea*, hanem más fonalas gombák és élesztők is aktív részesei a nemesrothadás kialakulásának. Az *Alternaria alternata*, *Epicoccum nigrum*, *A. pullulans* és *Rhodotorula graminis* fajok génexpressziós profiljai arra utalnak, hogy ezek a mikroorganizmusok a nemesrothadás során jóval aktívabb metabolikus működést mutatnak, hozzájárulva a szőlőbogyók szerkezeti és biokémiai átalakulásaihoz, valamint az aroma- és savprofil kialakításához. Ez rámutat a mikrobaközösségek szerepére és a mikroba–mikroba interakcióknak a fontosságára, amelyek közvetett módon jelentős hatással vannak a borászatok számára oly értékes nemesrothadás folyamatára.

A funkcionális génkifejeződési mintázatok vizsgálata során feltártuk a mikrobák közötti kölcsönhatásokat is, amelyek a szőlőbogyó felszínén formálódó komplex közösségek dinamikáját alakítják. A *B. cinerea* szürkerothadásra jellemző gazdaspecifikus génjei egyértelműen alátámasztják, hogy a kórokozó a rothadási folyamat elsődleges kiváltó ágensének tekinthető. A nemesrothadás kezdeti fázisai bár nagymértékű hasonlóságot mutatnak a szürkerothadással, de a teljesen kifejlődött állapotában már egyértelműen elkülöníthetővé válik, amit a gyengébb védekezési válaszok és a szekunder metabolizmus intenzív működése jellemez. Ezzel cáfoltuk azt a korábbi elképzelést, miszerint a nemesrothadás biológiailag inaktív nekrotikus állapotot jelentene, hiszen számos aktív élettani folyamat kimutatható, amelyek azonban a bogyókéréséhez és nem a szőlővédekezéséhez kapcsolódnak.

A szőlővédekezési mechanizmusainak feltérképezése azt mutatta, hogy a legerőteljesebb válaszreakciók a szürkerothadás során lépnek fel, ugyanakkor ezek kis hatékonyságúak, mivel a gomba nekrotróf életmódjából fakadó virulenciafaktorok segítik a gomba térnyerését. Ez alátámasztja a *B. cinerea* kettős, biotróf és nekrotróf életmód közötti váltakozását, amely új megközelítési

lehetőségeket kínálva a gyakorlati növényvédelmi és a szőlészeti technológiák fejlesztése számára.

Kísérleteinkben először igazoltuk a szüreti hónapok hatását a *B. cinerea* micéliumnövekedésére és morfológiai változatosságára, amely szoros összefüggést mutatott a botritiszes fertőzés ütemével. Az évjárat hatások és a szüreti hónapok tehát közvetlenül befolyásolják a nemesrothadás előfordulását és minőségét. A botritizáció kezdetét szemmel látható textúraváltozások, későbbi fázisait pedig a borminőség szempontjából meghatározó kémiai átalakulások jellemzik. A transzkriptomikai elemzések szerint a *B. cinerea* génexpressziós mintázatai négy egymást követő nemesrothadásos fázisban jól nyomon követhetők, és főként a korai szakaszokban játszanak szerepet a szőlőbogyók texturális változásaiban.

A nemesrothadásos folyamatban a bogyóhéj lebomlása és a bogyókeménység csökkenése fontos minőségi indikátor. A gomba sikeressége részben annak köszönhető, hogy olyan géneket fejez ki, amelyek a környezeti dominanciát szolgálják, például a szulfát-hasznosítás képességét vagy antimikrobiális anyagok termelését. A metatranszkriptomikai vizsgálatok emellett rávilágítottak, hogy a *B. cinerea* mellett más fonalas gombák és élesztők is meghatározóak az aromaanyagok, prekursorok, antioxidánsok és detoxifikációs vegyületek szintézisében. Az aromás aminosavak és származékaik, a glutation-eredetű vegyületek, a lipidszármazékok, valamint a terpének mind központi szerepet játszanak a bor illat- és ízprofiljának kialakításában, míg a szénhidrát- és citrátciklushoz köthető enzimek a vajasságért, a sav-bázis egyensúlyért és a színstabilitásért felelnek. Eredményeink alapján az aszú és egyéb botritiszes borok jellegzetes érzékszervi tulajdonságai nem kizárólag a *B. cinerea* tevékenységéből, hanem a bogyón kialakuló mikrobiális közösség egészének funkcionális aktivitásából fakadnak.

Kutatásaink másik nagyobb területét a szőlő tőkebetegségeivel összefüggésbe hozható kórokozók elemzése, közösségi összetételének és szerepének felderítése

jelentette. Kimutattuk, hogy a tőke egyes részei között a mikrobiális különbségek nagyobbak, mint az egyedek között vagy egészségi állapotok alapján, valamint azt is, hogy a tünetmentes, és az Esca-tünetes szőlőtőkék gombaközösségei között nincs szignifikáns eltérés. Ez arra utal, hogy az Esca-kórokozók a „magmikrobiom” részét képezik, alapvetően látens endofitonok vagy szaprotrófok, amelyek opportunistá patogénként jelennek meg stresszhatás esetén. Az abiotikus tényezők, különösen a környezet hatásai döntő jelentőségűek a betegség kialakulásában.

Megállapítottuk továbbá, hogy olyan fajok, amelyeket korábban a mikrobiom hasznos tagjainak tartottak, elősegíthetik a betegség kialakulását. Az *A. pullulans* egyes törzsei poliszacharid-termelésük révén, míg a *P. chlamydospora* kórokozó volta mellett specifikus fehérjeexpressziója által járul hozzá az Esca tüneteinek kialakulásához. A két faj közötti szinergikus hatás és közvetlen kölcsönhatás tovább fokozhatja a betegség súlyosságát.

Biológiai védekezési lehetőségeink vizsgálata során a *C. rosea* hatékonyságát igazoltuk számos tőkebetegség kórokozójával szemben, amely antagonista tulajdonságait antibiotikus metabolitok és mikoparazita képességek egyaránt biztosítják. Kísérleteink szerint talajba juttatása gátolhatja a tünetek kialakulását, így ígéretes biológiai védekezési ágens lehet. Hasonlóképpen a *B. velezensis* egyes törzsei is jelentős potenciállal bírnak, antagonisztikus aktivitásuk kis molekulatömegű lipoproteideken alapul, amelyek fitotoxikus hatást nem mutattak, és közvetlen érintkezés nélkül is képesek gátolni a kórokozók szaporodását.

Eredményeink között új kórokozó fajok azonosítása, kórokozó tulajdonságuk feltárása és új faj leírása is szerepel. Elsőként igazoltuk, hogy a *K. longispora* képes vaszkuláris nekrozist előidézni szőlőben, és rámutattunk a lakkáz enzimek tünetképződésben betöltött szerepére. Megállapítottuk, hogy a *N. kienholzii* képes fertőzni a szőlőt, szállítószövet elhalást okozva. Első alkalommal számoltunk be Európában a *D. omnivora* és a *Seimatosporium vitis* jelenlétéről szőlőből, amelyek

ugyanakkor jelenlegi ismereteink szerint nem domináns kórokozói a tőkebetegségeknek. Új fajoként írtuk le a *Diaporthe hungariae*-t, amelyet a szőlő botrioszfériás betegségeihez kapcsolódó kórokozóként azonosítottunk.

Kutatásaink új megvilágításba helyezték elsősorban a nemesrothadás, de a szürkerothadás molekuláris és ökológiai hátterét és feltárták a mikrobaközösségek szerepét a borok egyedi érzékszervi profiljának kialakításában. A tőkebetegségek területén elért eredmények hozzájárulnak a betegségek etiológiájának jobb megértéséhez, az újonnan azonosított fajok és biológiai védekezési lehetőségek pedig alapot teremtenek a fenntarthatóbb szőlőtermesztési és növényvédelmi stratégiák kidolgozásához.

5. ÚJ EREDMÉNYEK

1. A *B. cinerea* génexpressziós és metabolikus profiljának elemzésével elsőként mutattuk ki, hogy a szürke- és nemesrothadás folyamatai eltérőek. A nemesrothadás során a gomba metabolikusan aktívabb, a bogyóhéj kolonizációját és aromaképző folyamatokat támogató géneket fejez ki, míg szürkerothadásban főként a növényi védekezés kijátszását és fitotoxin-termelést szolgáló gének dominálnak.
2. Metatranszkriptomikai adatok alapján feltártuk, hogy a *B. cinerea* mellett más fonalas gombák (*A. alternata*, *E. nigrum*) és élesztők (*A. pullulans*, *R. graminis*) is aktív génexpressziós szereplői a nemesrothadásnak, hozzájárulva a bogyók fizikai-kémiai átalakulásaihoz, míg a szürkerothadásban főként a *B. cinerea* gazda-kórokozó kölcsönhatási génjei dominálnak.
3. Elsőként mutattuk ki, hogy a szőlő génexpressziós profilja eltér a nemesrothadás és a szürkerothadás során, mivel a nemesrothadás során a növényi védekezés génjei visszaszorulnak, és sokrétű anyagcsere-folyamatok dominálnak, míg a szürkerothadásban erőteljes, de hatástalan védekezési válaszok aktiválódnak a *B. cinerea* nekrotróf életmódváltása következtében.
4. Hároméves adatsorunk igazolta, hogy a szüreti hónapok és az évjáráthatás jelentősen befolyásolják a *B. cinerea* micéliumnövekedését és morfológiai

típusainak eloszlását, amelyek szoros összefüggést mutatnak a nemesrothadás előfordulásával.

5. A nemesrothadás során a szőlőbogyók fizikai, kémiai és mikrobiális tulajdonságai jól meghatározható, fázisonként eltérő változásokon mennek keresztül. Meghatároztuk az aszúszem tudományos definícióját és javaslatot fogalmaztunk meg a szőlőfajta és a megfelelő szüreti időpont kiválasztására.
6. A *B. cinerea* funkcionális génexpressziója a nemesrothadás korai szakaszában ugrásszerűen fokozódik, elsősorban a sejtfal-bontó enzimek, fehérje- és szénhidrát-anyagcsere, valamint kén- és másodlagos metabolit útvonalak aktiválása révén, amelyek közvetlenül hozzájárulnak a bogyók texturális és biokémiai átalakulásaihoz és a gomba dominanciájához.
7. Bizonyítottuk, hogy a *B. cinerea* mellett a nemesrothadáshoz társuló további fonalas gombák és élesztők is aktívan hozzájárulnak az aroma- és aromaelővegyületek képződéséhez, különösen a nemesrothadás késői fázisaiban, és meghatározóak a botritiszes borok egyedi érzékszervi profiljának kialakulásában.
8. Igazoltuk, hogy a kórokozó gombák a szőlő „magmikrobiomjának” részét képezik, mivel a szőlőhöz társuló kórokozó gombaközösségek összetételbeli különbségei jóval nagyobbak a tőkén belüli különböző mikroélelőhelyek (talaj, kéreg, évelő faanyag) között, mint az egészséges és Esca-tünetes növények között.
9. Az *A. pullulans* jelenléte az Esca-tünetes növényekben pozitívan korrelál a tünetek súlyosságával, és bár önmagában nem okoz jelentős károsodást, a *P. chlamydospora*-val való, törzsfüggő kölcsönhatása szinergikus vagy kumulatív módon fokozza a levéltünetek kialakulását, ami rávilágít arra, hogy egy alapvetően nem patogén mikroorganizmus is fokozhatja a kórfolyamat intenzitását.
10. A *C. rosea* hatékony antagonista a szőlő tőkebetegségeinek kórokozóival szemben, különösen az *E. lata* és a *P. chlamydospora* ellen, miközben *in planta*

kísérletekben is szignifikánsan mérsékelte a nekrotikus tünetek kialakulását, ezzel ígéretes biológiai védekezési lehetőséget kínálva.

11. Igazoltuk, hogy mind a *C. rosea*, mind pedig a szőlőtőkékéből izolált *Bacillus velezensis* hatékony antagonista a szőlő tőkebetegségeinek több jelentős kórokozójával szemben, mivel előbbi antibiózis és mikoparazitizmus, utóbbi pedig lipopeptidekhez köthető gombaellenes aktivitás révén szignifikánsan mérsékelte a tünetek kialakulását fitotoxikus hatás nélkül, ígéretes biokontroll lehetőséget kínálva a tőkebetegségekkel szemben.
12. Eredményeink elsőként igazolták, hogy a *K. longispora* a szőlő tőkebetegségeinek újonnan azonosított kórokozója, amelynek virulenciája a lakkáztermeléssel áll összefüggésben, míg a *N. kienholzii* szőlőhöz kötődő kórokozó szerepét patogenitási tesztekkel erősítettük meg, ezzel mindkét fajt újonnan a szőlő tőkebetegség-komplexhez társítva.
13. Elsőként mutattuk ki Európában a *D. omnivora*-t szőlőtőkékéből és igazoltuk kórokozó szerepét, valamint világszinten elsőként bizonyítottuk a *S. vitis* szőlőpatogén tulajdonságait és Európában való előfordulását. Ezáltal új, tőkebetegségeket okozó gombafajokat azonosítottunk.
14. A tudomány számára új fajként írtuk le a *D. hungariae* taxont, amelyet szőlőről származó, hazai izolátumok alapján azonosítottunk és patogenitási vizsgálatokkal bizonyítottuk, hogy a szőlő tőkebetegségeinek egyik újonnan felismert kórokozója.

6. IRODALOM

1. Ashburner, M., C. A. Ball, J. A. Blake, és mtsai. 2000. „Gene ontology: tool for the unification of biology”. *Nature Genetics* 25 (1): 25–29.
2. Bi, K., Y. Liang, T. Mengiste, és A. Sharon. 2023. „Killing softly: a roadmap of *Botrytis cinerea* pathogenicity”. *Trends in Plant Science* 28 (2): 211–22.
3. Callahan, B. J., P. J. McMurdie, M. J. Rosen, A. W. Han, A. J. A. Johnson, és Susan P Holmes. 2016. „DADA2: High-resolution sample inference from illumina amplicon data”. *Nature Methods* 13 (7): 581–83.

4. Canessa, P., és S. Ferrari. 2025. „Editorial: Molecular interactions and control strategies for *Botrytis cinerea* in crop production”. *Frontiers in Plant Science* 16 (5): 1624296.
5. De Cáceres, M., P. Legendre, és M. Moretti. 2010. „Improving indicator species analysis by combining groups of sites”. *Oikos* 119 (10): 1674–84.
6. Dufrêne, M., és P. Legendre. 1997. „Species assemblages and indicator species: the need for a flexible asymmetrical approach”. *Ecological Monographs* 67 (3): 345–66.
7. Edgar, R. C. 2013. „UPARSE: Highly Accurate OTU sequences from microbial amplicon reads”. *Nature Methods* 10 (10): 996–98.
8. Fischer, M., és S. Peighami-Ashnaei. 2019. „Grapevine, Esca complex, and environment: the disease triangle”. *Phytopathologia Mediterranea* 58 (1): 17–37.
9. Gramaje, D., J. R. Úrbez-Torres, és M. R. Sosnowski. 2018. „Managing grapevine trunk diseases with respect to etiology and epidemiology: current strategies and future prospects”. *Plant Disease* 102 (1): 12–39.
10. Hofstetter, V., B. Buyck, D. Croll, O. Viret, A. Couloux, és K. Gindro. 2012. „What if Esca disease of grapevine were not a fungal disease?” *Fungal Diversity* 54 (1): 51–67.
11. Kiss, T., Z. Karácsony, A. Gomba-Tóth, és mtsai. 2024. „A modified CTAB method for the extraction of high-quality RNA from mono- and dicotyledonous plants rich in secondary metabolites”. *Plant Methods* 20 (1): 62.
12. Kõljalg, U., R. H. Nilsson, K. Abarenkov, és mtsai. 2013. „Towards a unified paradigm for sequence-based identification of fungi”. *Molecular Ecology* 22 (21): 5271–77.
13. Langfelder, P., és S. Horvath. 2008. „WGCNA: An R package for weighted correlation network analysis”. *BMC Bioinformatics* 9 (1): 559.
14. Li, Y., X. Li, W. Zhang, és mtsai. 2023. „Belowground microbiota analysis indicates that *Fusarium spp.* exacerbate grapevine trunk disease”. *Environ. Microbiome* 18 (1): 29
15. Love, M. I., W. Huber, és S. Anders. 2014. „Moderated estimation of fold change and dispersion for RNA-Seq data with DESeq2”. *Genome Biology* 15 (12): 550.
16. Martinez, F., D. Blancard, P. Lecomte, C. Levis, B. Dubos, és M. Fermaud. 2003. „Phenotypic differences between Vacuma and Transposa subpopulations of *Botrytis cinerea*”. *European Journal of Plant Pathology* 109 (5): 479–88.

17. Mondello, V., A. Songy, E. Battiston, és mtsai. 2018. „Grapevine trunk diseases: a review of fifteen years of trials for their control with chemicals and biocontrol agents”. *Plant Disease* 102 (7): 1189–217.
18. Oksanen, J., G. L. Simpson, F. G. Blanchet, és mtsai. 2001. „Vegan: community ecology package”. 09. 6.
19. Panahi, B., és M. Amin Hejazi. 2021. „Weighted gene co-expression network analysis of the salt-responsive transcriptomes reveals novel hub genes in green halophytic microalgae *Dunaliella salina*”. *Scientific Reports* 11 (1): 1607.
20. Patro, R., G. Duggal, M. I. Love, R. A. Irizarry, és C. Kingsford. 2017. „Salmon provides fast and bias-aware quantification of transcript expression”. *Nature Methods* 14 (4): 417–19.
21. Rodríguez, M.A., G. Cabrera, F.C. Gozzo, M.N. Eberlin, és A. Godeas. 2011. „*Clonostachys rosea* BAFC3874 as a *Sclerotinia sclerotiorum* antagonist: mechanisms involved and potential as a biocontrol agent”. *Journal of Applied Microbiology* 110 (5): 1177–86.
22. Songy, A., J. Vallet, M. Gantet, és mtsai. 2019. „Sodium arsenite effect on *Vitis vinifera* L. physiology”. *Journal of Plant Physiology* 238 (7): 72–79.
23. Tedersoo, L., M. Bahram, S. Põlme, és mtsai. 2014. „Global diversity and geography of soil fungi”. *Science* 346 (6213): 1256688.
24. The UniProt Consortium. 2015. „UniProt: a hub for protein information”. *Nucleic Acids Research* 43 (D1): D204–12.
25. van Kan, J. A. L., J. H. M. Stassen, A. Mosbach, és mtsai. 2017. „A gapless genome sequence of the fungus *Botrytis cinerea*”. *Molecular Plant Pathology* 18 (1): 75–89.
26. Xie, C., X. Mao, J. Huang, és mtsai. 2011. „KOBAS 2.0: A web server for annotation and identification of enriched pathways and diseases”. *Nucleic Acids Research* 39 (suppl_2): W316–22.

7. PUBLIKÁCIÓK

Az értekezés alapjául szolgáló közlemények

1. Otto, Margot; Geml, József; Hegyi, Ádám István; Hegyi-Kaló, Júlia; Pierneef, Rian; Pogány, Miklós; Kun, József; Gyenesei, Attila; **Váczy, Kálmán Zoltán**✉ (2022) *Botrytis cinerea* expression profile and metabolism differs between noble and grey rot of grapes. **FOOD MICROBIOLOGY** 106: 104037, 9 p.
2. Otto, Margot; Geml József; Hegyi, Ádám István; Hegyi-Kaló, Júlia; Kun, József; Gyenesei, Attila; **Váczy, Kálmán Zoltán**✉ (2023) Metatranscriptomic analyses of grapes reveal differences in expressed functional genes of filamentous and yeast fungi during noble rot and grey rot. **FUNGAL ECOLOGY** 65: 101277, 14 p.
3. **Váczy, Kálmán Zoltán**✉, Otto, Margot, Gomba-Tóth, Adrienn, Geiger, Adrienn, Golen, Richárd, Hegyi-Kaló, Júlia, Cels, Thomas, Geml, József, Zsófi, Zsolt, Hegyi, Ádám István (2024) *Botrytis cinerea* causes different plant responses in grape (*Vitis vinifera*) berries during noble and grey rot: diverse metabolism versus simple defence. **FRONTIERS IN PLANT SCIENCE** 15 p. 1433161, 15 p.
4. Hegyi-Kaló, Júlia; Holb, Imre; Lengyel, Szabina; Juhász, Ákos; **Váczy, Kálmán Zoltán** (2019) Effect of year, sampling month and grape cultivar on noble rot incidence, mycelial growth rate and morphological type of *Botrytis cinerea* during noble rot development. **EUROPEAN JOURNAL OF PLANT PATHOLOGY** 155: 339-348.
5. Hegyi-Kaló, Júlia; Hegyi, Ádám István; Geml, József; Zsófi, Zsolt; Pálfi, Xénia; **Váczy, Kálmán Zoltán**✉ (2020) Physico-chemical characteristics and culturable microbial communities of grape berries change strongly during noble rot development. **PLANTS-BASEL** 9: 1809, 12 p.
6. Hegyi, Ádám István; Otto, Margot; Geml, József; Hegyi-Kaló, Júlia; Kun, József; Gyenesei, Attila; Pierneef, Rian; **Váczy, Kálmán Zoltán**✉ (2022) Metatranscriptomic analyses reveal the functional role of *Botrytis cinerea* in

- biochemical and textural changes during noble rot of grapevines. **JOURNAL OF FUNGI** 8: 4 Paper: 378, 17 p.
7. Hegyi, Ádám István; Otto, Margot; Geml, József; Hegyi-Kaló, Júlia; Geiger, Adrienn; Golen, Richárd; Gomba-Tóth, Adrienn; **Váczy, Kálmán Zoltán**✉ (2023) The origin of the particular aroma of noble rot wines: various fungi contribute to the development of the aroma profile of botrytised grape berries. **OENO ONE** 57: 165-176.
 8. Geiger, Adrienn; Karácsony, Zoltán; Golen, Richárd; **Váczy, Kálmán Zoltán**✉; Geml, József (2022) The compositional turnover of grapevine-associated plant pathogenic fungal communities are greater among intraindividual microhabitats and terroirs than among healthy and Esca-diseased plants. **PHYTOPATHOLOGY** 112: 1029-1035.
 9. Karácsony, Zoltán; Mondello, Vincenzo; Fontaine, Florence; **Váczy, Kálmán Zoltán** (2023) The potential role of *Aureobasidium pullulans* in the development of foliar symptoms of Esca disease in grapevine. **OENO ONE** 57:189-203.
 10. Geiger, Adrienn; Karácsony, Zoltán; Geml, József; **Váczy, Kálmán Zoltán**✉ (2022) Mycoparasitism capability and growth inhibition activity of *Clonostachys rosea* isolates against fungal pathogens of grapevine trunk diseases suggest potential for biocontrol. **PLOS ONE** 17: 9 p. e0273985
 11. Szabó, Dóra; Molnár, Nikolett; Geiger, Adrienn; Karácsony, Zoltán; **Váczy, Kálmán Zoltán** (2023) In vitro characterization of a *Bacillus velezensis* isolate as an antagonist of grapevine trunk disease pathogens. **ACTA PHYTOPATHOLOGICA ET ENTOMOLOGICA HUNGARICA** 58: 156-167.
 12. Karácsony, Zoltán; Knapp, Dániel G.; Lengyel, Szabina; Kovács, Gábor M.; **Váczy, Kálmán Zoltán**✉ (2021) The fungus *Kalmusia longispora* is able to cause vascular necrosis on *Vitis vinifera*. **PLOS ONE** 16: 10 Paper: e0258043,
 13. Lengyel, Szabina; Knapp, Dániel G; Karácsony, Zoltán; Geml, József; Tempfli, Balázs; Kovács, Gábor M.; **Váczy, Kálmán Zoltán**✉ (2020) *Neofabraea*

kienholzii, a novel causal agent of grapevine trunk diseases in Hungary.

EUROPEAN JOURNAL OF PLANT PATHOLOGY 158: 975-984.

14. **Váczy, Kálmán Zoltán**; Németh, Z. Márk; Csikós, Anett; Kovács, M. Gábor; Kiss, Levente (2018) *Dothiorella omnivora* isolated from grapevine with trunk disease symptoms in Hungary. **EUROPEAN JOURNAL OF PLANT PATHOLOGY** 150: 817-824.

Az értekezés témájához kapcsolódó további közlemények

1. **Váczy, Kálmán Zoltán**, Szabó Dóra, Molnár Nikolett, Kiss Tibor, Kiss Levente, Tan Yu Pei, Novák Ádám, Pálfi Xénia, Gomba-Tóth Adrienn, Karácsony Zoltán. (2025) *Microdochium majus* isolated from grapevine is a mycoparasite of *Botrytis cinerea*. **JOURNAL OF FUNGI** 11(1): 31. 13 pp.
2. Bene, Zsuzsanna; Hegyi, Ádám István; Weninger, Hannes; **Váczy, Kálmán Zoltán** (2025) *Metschnikowia pulcherrima* as a tool for sulphite reduction and enhanced volatile retention in noble rot wine fermentation **FERMENTATION** 11: 9 Paper: 491.
3. Kiss, Tibor; Karácsony, Zoltán; Gomba-Tóth, Adrienn; Szabadi, Krisztina Lilla; Spitzmüller, Zsolt; Hegyi-Kaló, Júlia; Cels, Thomas; Otto, Margot; Golen, Richárd; Hegyi, Ádám István; Geml, József; **Váczy, Kálmán Zoltán** (2024) A modified CTAB method for the extraction of high-quality RNA from mono and dicotyledonous plants rich in secondary metabolites. **PLANT METHODS** 20, 62. 7pp.
4. Hegyi-Kaló, Júlia; Golen, Richárd; Karácsony, Zoltán; Gomba-Tóth, Adrienn; Cels, Thomas; Hegyi, Ádám István; **Váczy, Kálmán Zoltán** ✉ (2024) Geospatial share of fungicide resistant *Botrytis cinerea* mutations in the Tokaj and Eger wine regions according to local pest management strategies **ACTA PHYTOPATHOLOGICA ET ENTOMOLOGICA HUNGARICA** 59: 4-16.
5. Karácsony, Zoltán; Molnár, Nikolett; Szabó, Dóra; Bakos-Barczi, Nóra; Lovas, Miklós; Pálfi, Xénia; **Váczy, Kálmán Zoltán** (2024) Biofilm formation by the

- fungus *Phaeomoniella chlamydospora*: a causal agent of esca disease of grapevine **MYCOLOGICAL PROGRESS** 23: 36.
6. Leal, Carla Mota; Geiger, Adrienn; Molnár, Anna; **Váczy, Kálmán Zoltán**; Kgobe, Glodia; Zsófi, Zsolt; Geml, József (2024) Disentangling the effects of terroir, season, and vintage on the grapevine fungal pathobiome **FRONTIERS IN MICROBIOLOGY** 14 Paper: 1322559
 7. Pogány, Miklós; Dankó, Tamás; Hegyi-Kaló, Júlia; Kámán-Tóth, Evelin; Szám, Dorottya Réka; Hamow, Kamirán Áron; Kalapos, Balázs; Kiss, Levente; Fodor, József; Gullner, Gábor; **Váczy, Kálmán Zoltán**; Barba, Balázs (2022) Redox and hormonal changes in the transcriptome of grape (*Vitis vinifera*) berries during natural noble rot development **PLANTS-BASEL** 11: 7 Paper: 864.
 8. Pálfi, Xénia; Lovas, Miklós; Zsófi, Zsolt; Kátai, János; Karácsony, Zoltán; **Váczy, Kálmán Zoltán** (2021) Paraffin oil induces resistance against powdery mildew in grapevine through salicylic acid signaling **PEST MANAGEMENT SCIENCE** 77: 10 pp. 4539-4544.
 9. Knapp, Dánile; Lázár, Anna; Molnár, Anna; Vajna, Balázs; Karácsony, Zoltán; **Váczy, Kálmán Zoltán**; Kovács, M. Gábor. (2021) Above-ground parts of white grapevine *Vitis vinifera* cv. Furmint share core members of the fungal microbiome **ENVIRONMENTAL MICROBIOLOGY REPORTS** 13: 4 pp. 509-520.
 10. Pálfi, Xénia; Karácsony, Zoltán; Csikós, Anett; Bencsik, Ottó; Szekeres, András; Zsófi, Zsolt; **Váczy, Kálmán Zoltán** (2020) The potential use of the culture filtrate of an *Aspergillus niger* strain in the management of fungal diseases of grapevine **JOURNAL OF CENTRAL EUROPEAN AGRICULTURE** 21: 4 pp. 839-850.
 11. Mondello, Vincenzo; Larignon, Philippe; Armengol, Josep; Kortekamp, Andreas; **Váczy, Kálmán Zoltán**; Prezman, Fanny; Serrano, Eric; Rego, Cecilia; Mugnai, Laura; Fontaine, Florence (2018) Management of grapevine trunk diseases: knowledge transfer, current strategies and innovative strategies adopted in Europe **PHYTOPATHOLOGIA MEDITERRANEA** 57: 3 pp. 369-383.

12. Guarnaccia, Vladimiro; Groenewald, Johannes, Zacharias; Woodhall, James; Armengol, Joseph; Cinelli, Tamara; Eichmeier, Ales; Ezra, David; Fontaine, Florence; Gramaje, David; Gutierrez-Aguirregabiria, Ane; Kaliterna, Joško; Kiss, Levente; Larignon, Philippe; Luque, Jordi; Mugnai, Laura; Naor, Vered; Raposo, Rosa; Sandor, Erzsebet; **Váczy, Kálmán Zoltán**; Crous, Pedro Willem (2018) *Diaporthe* diversity and pathogenicity revealed from a broad survey of grapevine diseases in Europe **PERSOONIA** 40: 135-153.