

Válasz Dr. Halász Júlia opponensi véleményére

Köszönöm Dr. Halász Júlia, egyetemi tanár, az MTA doktora értekezésemről készített bírálatát, a munkámra vonatkozó elismerő értékelését, kritikai észrevételeit és kérdéseit.

Ezúton is köszönöm a dolgozat szerkezetére vonatkozó észrevételt. Utólag magam is úgy ítélem meg, hogy egy ilyen terjedelmű és összetett értekezés esetében az eredmények és a részletes diszkusszió világosabb elkülönítése, valamint egyes eredmények szélesebb szakirodalmi kontextusba helyezése javíthatta volna a dolgozat áttekinthetőségét. Az eredmények és értékelésük együttes tárgyalását eredetileg az indokolta, hogy az értekezés több, egymáshoz kapcsolódó vizsgálat eredményeit foglalja össze, és az egyes eredményeket közvetlenül az adott vizsgálat összefüggésében kívántam értelmezni.

Hasonló megfontolásból az egyes vizsgálatok eredményeit külön következtetésekben összegeztem. Egyetértek azzal az észrevétellel, hogy ez helyenként ismétlésekhez vezethetett.

Elfogadom az ábrák méretére és forrásuk jelölésére vonatkozó észrevételeket is, ezek következetesebb szerkesztése valóban javította volna a dolgozat áttekinthetőségét és az ábrák olvashatóságát.

A magyar szaknyelv használatára vonatkozó észrevételekkel ugyancsak egyetértek. Magam is törekszem a megfelelő magyar szakkifejezések következetes használatára, a bírálatban jelzett angol terminológiát követő megfogalmazások, valamint a jelzett hibás alfejezetcím a dolgozat összeállítása, majd véglegesítése során sajnálatos módon elkerülték a figyelmemet.

Az általános észrevételekre adott válaszaimat követően az opponensi véleményben megfogalmazott kérdésekre az alábbiakban válaszolok.

- 1. kérdés:** „Eredményei alapján a nemesrothadás kialakulásában a mikrobiom más tagjai is aktív szerepet játszanak. Mennyiben változtatja meg ez a felismerés a klasszikus »egy kórokozó–egy betegség« szemléletet, és várható-e, hogy a jövő növényvédelmi stratégiái mikrobiom-szintű beavatkozásokra épülnek?”

Eredményeink alapján a nemesrothadás folyamata valóban nem értelmezhető kizárólag a klasszikus „egy kórokozó–egy betegség” szemlélet keretei között, ez azonban nem kérdőjelezi meg a *Botrytis cinerea* meghatározó szerepét a folyamatban. Vizsgálataink azt mutatták, hogy a *B. cinerea* a nemesrothadás során meghatározó szerepet tölt be, különösen a folyamat korai szakaszában, ahol fokozott metabolikus aktivitásra utaló génexpressziós mintázatot, valamint a bogyó sejtfalának lebontásában szerepet játszó enzimeket kódoló gének fokozott expresszióját figyeltük meg.

Metatranszkriptomikai vizsgálataink ugyanakkor azt is igazolták, hogy a *B. cinerea* mellett jelen lévő további fonalas gombák és élesztők – így az *Alternaria alternata*, az *Epicoccum nigrum*, az *Aureobasidium pullulans* és a *Rhodotorula graminis* – sem tekinthetők a

nemesrothadás pusztán passzív kísérőinek. Aktív génexpressziójuk és a hozzájuk kapcsolódó azonosított metabolikus útvonalak alapján hozzájárulhatnak a bogyó biokémiai átalakulásához, különösen a nemesrothadás későbbi szakaszaiban. Ezzel szemben a szürkerothadás során elsősorban a *B. cinerea* gazda-kórokozó kölcsönhatáshoz kapcsolódó génjeinek dominanciáját figyeltük meg. A két rothadási forma közötti különbségeket az értekezés lezárását követően végzett, még nem publikált ITS2-alapú metabarkód-vizsgálataink eredményei is alátámasztják.

A DNS-alapú közösségi elemzés szignifikáns különbségeket tárt fel a nemes- és a szürkerothadáshoz társuló gombaközösségek diverzitásában és összetételében. A potenciális antagonista gombák abundanciája nem különbözött szignifikánsan a két rothadási forma között, nemzetséggazdagságuk azonban nagyobb volt a nemesrothadásos bogyókban. A borászati szempontból jelentős gombák esetében mind az abundancia, mind a nemzetséggazdagság magasabb volt a nemesrothadás során. A DNS-alapú vizsgálatok eredményei így a metatranszkriptomikai adatoktól függetlenül is alátámasztják, hogy a két rothadási formához eltérő gombaközösségek társulnak.

Mindezek alapján a nemesrothadás kialakulásában a *B. cinerea* szerepét meghatározónak tartom, ugyanakkor a folyamatban egy összetett mikrobiális közösség is részt vesz. Eredményeink tehát nem kérdőjelezik meg a klasszikus kórokozó–betegség kapcsolat jelentőségét, hanem annak értelmezését mikrobiom-szintű megközelítéssel egészítik ki.

A kérdés második, növényvédelmi vonatkozását tágabban értelmezve úgy gondolom, hogy a mikrobiom-szintű megközelítés a jövőben fontos kiegészítője lehet a klasszikus növényvédelmi stratégiáknak. Eredményeink alapján ugyanakkor még korai lenne a mikrobiom célzott befolyásolását a növényvédelem általánosan alkalmazható stratégiájának tekinteni. Vizsgálataink elsősorban arra hívják fel a figyelmet, hogy a kórokozó és a gazdanövény kapcsolatának értelmezése mellett a hozzájuk társuló mikrobiális közösség és az azon belüli kölcsönhatások vizsgálata is fontos lehet a kórfolyamatok jobb megértésében.

Ezt az értekezés tőkebetegségekkel kapcsolatos eredményei is alátámasztják. Az Esca-komplex vizsgálata során kimutattuk, hogy a kórokozó gombák a szőlő magmikrobiomjának részét képezhetik. Eredményeink arra is rámutattak, hogy a mikrobiom egyes, alapvetően nem patogén tagjai is befolyásolhatják a betegség kialakulását. Az *Aureobasidium pullulans* bizonyos törzsei a *Phaeomoniella chlamydospora*-val kölcsönhatásban fokozhatják a tünetek kialakulását.

Mindezek alapján a mikrobiom-szintű szemlélet növényvédelmi jelentőségét abban látom, hogy a kórokozó közvetlen visszaszorításán túl a betegségek kialakulását befolyásoló mikrobiális kölcsönhatások szerepét is figyelembe veszi, és ezzel potenciálisan új lehetőségeket nyithat a növényvédelmi stratégiák fejlesztésében.

- 2. kérdés:** „Eredményei szerint a nemesrothadás és a szürkerothadás két alapvetően különálló kórfolyamatnak tekintendő, vagy inkább ugyanazon kórfolyamat két,

környezeti és gazdanövényi tényezők által meghatározott állapotának? Melyik tényezőt tekinti az átmenet legfontosabb kapcsolójának, és milyen kísérlettel lehetne ezt egyértelműen bizonyítani?”

Eredményeink alapján a nemesrothadást és a szürkerothadást nem tekintem két, egymástól független kórfolyamatnak. Mindkét folyamat kialakulásában ugyanaz a kórokozó, a *B. cinerea* játszik meghatározó szerepet, ugyanakkor a gomba és a gazdanövény molekuláris válaszai, valamint a hozzájuk társuló mikrobiális folyamatok jelentősen eltérnek. Génexpressziós vizsgálataink alapján nemesrothadás során a *B. cinerea* fokozott metabolikus aktivitásra utaló génexpressziós mintázata, valamint a bogyóhéj kolonizációjához és az aromaképző folyamatokhoz kapcsolódó gének expressziója jellemző, míg szürkerothadás esetében elsősorban a növényi védekezés kijátszásához és a fitotoxin-termeléshez kapcsolódó gének dominálnak. A gazdanövény válasza ugyancsak eltér: nemesrothadás esetén a védekezési gének expressziója visszaszorul, míg szürkerothadás során erőteljes védekezési válasz figyelhető meg, amely azonban nem feltétlenül képes megakadályozni a fertőzés előrehaladását. A két rothadási formát ezért ugyanazon gazda-kórokozó kapcsolat két, eltérő környezeti és gazdanövényi feltételek között kialakuló funkcionális állapotának tekintem.

Az átmenet legfontosabb külső meghatározójának a mikroklimatikus feltételeket tartom, ezen belül elsősorban a nedvességi viszonyokat és azok időbeli alakulását. Ezek a bogyó fiziológiai állapotára és közvetlenül a *B. cinerea* működésére is hatnak, és jelentősen befolyásolják, hogy a gazda-kórokozó kölcsönhatás milyen irányban alakul tovább. Egyetlen, önmagában meghatározó környezeti „kapcsoló” ugyanakkor jelenlegi ismereteink alapján nem jelölhető ki. A környezeti feltételek jelentőségét saját eredményeink is alátámasztják: hároméves vizsgálatunkban a szüreti időpont és az évjárat szignifikáns hatását mutattuk ki a *B. cinerea* micéliumnövekedésére és morfológiai típusainak eloszlására, amelyek szoros összefüggést mutattak a nemesrothadás előfordulásával.

A környezeti feltételek oksági szerepének vizsgálatához olyan kontrollált kísérleti rendszer lehet szükséges, amelyben azonos fajtájú, érettségi és fiziológiai állapotú szőlőfürtöket azonos *B. cinerea* genotípussal fertőzünk. A potenciálisan meghatározó környezeti tényezők kontrollált változtatása tenné lehetővé a két rothadási forma kialakulására gyakorolt egyedi és kölcsönhatási hatásaik vizsgálatát. Meggyőző bizonyítékot az adna, ha ugyanazon gazda-kórokozó rendszerben a környezeti feltételek változtatásával reprodukálható módon szürke-, illetve nemesrothadás alakulna ki, és a két kimenetel a fenotípus mellett a bogyók fizikai-kémiai jellemzőiben, valamint a gazda és a kórokozó válaszreakcióiban is elkülönülne.

Egy ilyen kísérleti megközelítés részleges megvalósíthatóságát Dankó és mtsai (2021) eredményei is alátámasztják. Egészséges Furmint fürtöket azonos *B. cinerea* törzsszel inokuláltak, majd kontrollált klímakamrában eltérő hőmérsékleti és páratartalmi viszonyok között a szürke-, illetve a nemesrothadásra jellemző fenotípusokat idéztek elő. A kísérlet ugyanakkor a megközelítés korlátaira is rámutat, mivel a természetes

nemesrothadás kialakulását nem kizárólag a *B. cinerea* és a környezeti feltételek kölcsönhatása határozza meg.

Saját további vizsgálataink a természetes nemesrothadás során a gazdanövény fiziológiai és molekuláris válaszainak markáns átrendeződését mutatták ki (Pogány és mtsai, 2022). Az értekezés lezárását követően végzett ITS2-alapú metabarkód-vizsgálataink emellett a nemes- és a szürkerothadáshoz társuló gombaközösségek közötti különbségeket is feltárták.

Egy megfelelően kontrollált kísérleti rendszerhez ezért nemcsak a szőlőfajta és a *B. cinerea* genotípusának, hanem a növényi anyag érettségi és fiziológiai állapotának standardizálása, valamint a kiindulási mikrobiális közösség összetételének kontrollja és jellemzése is szükséges lenne. Többéves szőlőtőkék, természetesén fejlődő fürtök és a hozzájuk társuló mikrobiom esetében azonban valamennyi releváns biológiai változó egyidejű standardizálása gyakorlatilag nem valósítható meg.

A környezeti tényezők szerepének oksági vizsgálata ezért kontrollált modellkísérletekkel közelíthető meg, amelyek eredményei a természetes körülmények között, több évjáratban végzett vizsgálatokkal együtt értelmezhetők a legmegalapozottabban.

Az alábbiakban a válaszban hivatkozott további saját közleményeket tüntetem fel.

- Dankó, T., Szelényi, M., Janda, T., Molnár, B. P., Pogány, M. (2021). Distinct volatile signatures of bunch rot and noble rot. *Physiological and Molecular Plant Pathology*, 114, 101626. DOI: 10.1016/j.pmpp.2021.101626.
- Pogány, M., Dankó, T., Hegyi-Kaló, J., Kámán-Tóth, E., Szám, D. R., Hamow, K. Á., Kalapos, B., Kiss, L., Fodor, J., Gullner, G., Váczy, K. Z., Barna, B. (2022). Redox and Hormonal Changes in the Transcriptome of Grape (*Vitis vinifera*) Berries during Natural Noble Rot Development. *Plants*, 11(7), 864. DOI: 10.3390/plants11070864.

Eger, 2026. október 16.



Váczy Kálmán Zoltán