

Válasz Dr. Palkovics László opponensi véleményére

Köszönöm Dr. Palkovics László professzor úrnak, az MTA doktorának értekezésem részletes és alapos bírálatát, munkám eredményeinek elismerő értékelését, valamint kritikai észrevételeit és kérdéseit.

Külön köszönöm az eredményekből levonható következtetések határaitra vonatkozó észrevételeit, amelyek arra is ráirányították a figyelmemet, hogy egy összetett vizsgálatssorozat eredményeinek értékelésekor különösen fontos az egyes megállapítások érvényességi körének pontos meghatározása.

Az értekezés tematikai szélességére vonatkozó észrevétel kapcsán fontosnak tartom megemlíteni, hogy a botritiszes fertőzések és a szőlő tőkebetegségei ugyan eltérő növénykórtani problémakört képviselnek, kutatásaimban azonban mindkét területen kiemelt szerepet kapott a kórokozók, a gazdanövény és a társuló mikroorganizmusok közötti molekuláris és mikrobiális kölcsönhatások vizsgálata. Ennek megfelelően az értekezés bevezetésében a munka alapvető célkitűzéseként „a szőlő botritiszes fertőzései és tőkebetegségei során érvényesülő molekuláris és mikrobiális kölcsönhatások feltárását” határoztam meg.

Elfogadom a célkitűzések nagy számára és részbeni átfedésére vonatkozó észrevételt. Utólag magam is úgy látom, hogy egyes célkitűzések összevonásával a dolgozat szerkezete tömörebb és áttekinthetőbb lehetett volna. A célkitűzések részletes megfogalmazásával az egymáshoz kapcsolódó, de eltérő kísérleti megközelítések kérdéseit kívántam elkülöníteni, ez azonban helyenként valóban átfedésekhez vezetett.

A módszertani értékelésben megfogalmazott észrevételek közül külön szeretnék kitérni a differenciális expressziós elemzés során alkalmazott statisztikai korrekcióval kapcsolatos megjegyzésre. A DESeq2 elemzés során a többszörös tesztelés korrekciója megtörtént, és a differenciálisan expresszált gének meghatározása a korrigált p-érték (padj) alapján történt. Az értekezés módszertani részében ezért pontatlanul szerepel a $p < 0,05$ megjelölés, helyesen $\text{padj} < 0,05$ értendő. Köszönöm, hogy a bírálat erre a pontatlanságra felhívta a figyelmemet.

A továbbiakban az új tudományos eredményeimhez kapcsolódó észrevételekre az egyes tézispontok sorrendjében válaszolok. A bírálat több esetben arra hívta fel a figyelmemet, hogy a tézispontok tömör megfogalmazása az alapjukat képező eredményekből levonható következtetéseknél erősebb vagy általánosabb értelmezésre is lehetőséget ad. Ezekben az esetekben válaszomban pontosítom az eredeti megfogalmazást és az adott következtetés érvényességi körét.

Az **1. tézisponttal** kapcsolatban elfogadom a „metabolikusan aktívabb” megfogalmazás pontosításának szükségességét. A kifejezést a génexpressziós vizsgálatok eredményei alapján, transzkriptomikai értelemben használtam. Eredményeink azt mutatták, hogy a

nemesrothadás során a *Botrytis cinerea* anyagcseréhez, kolonizációhoz és másodlagos metabolizmushoz kapcsolódó génjeinek expressziója fokozott, illetve eltérő mintázatot mutat a szürkerothadáshoz képest. A „metabolikusan aktívabb” megfogalmazás tehát ezeknek az anyagcsere-folyamatokhoz kapcsolódó géneknek a fokozott, illetve eltérő expressziójára vonatkozott.

A **2. tézispontban** a bogyók fizikai-kémiai átalakulásaihoz való hozzájárulásra vonatkozó megállapítást a metatranszkriptomikai adatok alapján kimutatott génexpressziós aktivitásra alapoztam. Vizsgálataink során a *B. cinerea* mellett az *Alternaria alternata*, az *Epicoccum nigrum*, az *Aureobasidium pullulans* és a *Rhodotorula graminis* esetében is a nemesrothadáshoz köthető, konzisztensen fokozott expressziót mutató génkészleteket azonosítottunk. Ezek funkcionális elemzése többek között proliferációhoz, transzportoz, valamint nitrogén- és zsírsav-anyagcseréhez kapcsolódó folyamatok dúsulását mutatta. Elfogadom ugyanakkor, hogy a „hozzájárulva” megfogalmazás közvetlen oksági kapcsolatként is értelmezhető, amelynek igazolására a metatranszkriptomikai vizsgálatok önmagukban nem alkalmasak.

A **3. tézisponttal** kapcsolatban elfogadom a „nekrotróf életmódváltás” kifejezésre vonatkozó észrevételt. A megfogalmazás valóban pontatlan, mivel a *B. cinerea* alapvetően nekrotróf kórokozó. A tézispontban ezzel a szürkerothadás során fokozottan érvényesülő, a gomba nekrotróf életmódjához kapcsolódó virulenciafaktorokra kívántam utalni. Eredményeink azt mutatták, hogy a gazdanövény transzkriptomikai válasza lényegesen eltér a két rothadási formában: nemesrothadás során a növényi védekezéshez kapcsolódó gének expressziója visszaszorul, míg szürkerothadásban erőteljes, de a fertőzés előrehaladását megakadályozni nem képes védekezési válasz figyelhető meg.

Köszönöm a **4. tézispont**hoz kapcsolódó kedvező opponensi értékelést.

Az **5. tézisponttal** kapcsolatban elfogadom, hogy az „aszúszem tudományos definíciója” megfogalmazás önmagában általánosabb érvényű állításként is értelmezhető. A tézispontban a tokaji aszúkészítés alapját képező aszúszem tudományos igényű, objektív jellemzésére szerettem volna utalni. Ennek szükségességét az értekezésben is részletesen indokoltam: az aszúszem korábbi meghatározása alapvetően az 1867-ben megjelent Tokaj-Hegyaljai Album leírására épült, és nem rendelkezett objektíven mérhető fizikai, kémiai és mikrobiológiai paramétereken alapuló meghatározással. Vizsgálataink célja ennek a hagyományos, morfológiai és borászati tapasztalatokon alapuló szempontrendszernek a tudományos igényű, mérhető jellemzőkkel történő kiegészítése volt.

Vizsgálatainkban a Tokaji borvidék két meghatározó szőlőfajtáját, a Furmintot és a Hárslevelűt hasonlítottuk össze. A nemesrothadás fázisai a vizsgált fizikai, kémiai és mikrobiológiai paraméterek alapján jól elkülönültek, miközben a bogyóikban végbemenő

fizikai változások lefutása nagyrészt hasonló volt. Az aszúsodás kezdetén azonosított E-drop jelenség objektíven mérhető korai texturális változást jelent, ugyanakkor egyetértek azzal, hogy döntéstámogató küszöbként történő gyakorlati alkalmazása további validációt igényel.

A fajta és a szüreti időpont megválasztására vonatkozó következtetéseinket ugyanakkor fenntartom a vizsgált rendszerre vonatkozóan. Eredményeink szerint a Furmint kedvezőbb kémiai profilja, különösen a cukor-sav egyensúly alakulása alapján az aszúbor-készítésre alkalmasabbnak bizonyult, míg az optimális szüreti stratégia az októberben meginduló nemesrothadáshoz és a novemberre kialakuló, magas cukortartalmú, kiegyensúlyozott savszerkezetű IV. fázisú aszúszemekhez kapcsolódott.

A 6. tézisponttal kapcsolatban elfogadom a „közvetlenül hozzájárulnak” megfogalmazás pontosításának szükségességét. A kifejezéssel a *B. cinerea*-nak a nemesrothadás korai szakaszában kimutatott fokozott génexpressziós aktivitására és a bogyók ezzel párhuzamosan bekövetkező texturális és biokémiai változásai közötti összefüggésre kívántam utalni. Eredményeink alapján a sejtfalbontáshoz, fehérje- és szénhidrát-anyagcseréhez, valamint kén- és másodlagos metabolit útvonalakhoz kapcsolódó gének aktiválódása már a nemesrothadás korai szakaszában megfigyelhető, és a koexpressziós hálózatelemzés is alátámasztja ezeknek a folyamatoknak a kapcsolatát a nemesrothadás egyes fázisaival.

A 7. tézisponttal kapcsolatban elfogadom pontosításának szükségességét. A tézispont megfogalmazásakor a metatranszkriptomikai eredményekből a tényleges metabolittermelésre és annak érzékszervi következményeire vonatkozóan a vizsgálataink által közvetlenül igazolhatónál erősebb következtetést vontam le. Vizsgálataink azt igazolták, hogy a *B. cinerea* mellett a nemesrothadáshoz társuló további fonalas gombák és élesztők is transzkriptomikailag aktív résztvevői a folyamatnak, és olyan géneket, illetve metabolikus útvonalakat expresszálnak, amelyek aromaanyagok és aromaelővegyületek metabolizmusához kapcsolódnak. Eredményeink ezért ezeknek a mikroorganizmusoknak az aromaképzéshez kapcsolódó metabolikus potenciálját támasztják alá.

A 8. tézisponttal kapcsolatban fontosnak tartom pontosítani a „magmikrobiom” fogalmának alkalmazását. A magmikrobiom fogalma nem kizárólag egy gazdanövényfaj egészére jellemző mikrobiális közösségként értelmezhető, hanem meghatározott növénypopulációkhoz, mikroélőhelyekhez vagy környezeti feltételekhez kötődően is. Meghatározására nincs egységesen alkalmazott módszertan, és értelmezését az alkalmazott kritériumok mellett a vizsgálat térbeli, időbeli és biológiai léptéke is befolyásolja (Neu et al., 2021).

A fogalom ilyen, a vizsgált rendszer léptékéhez kötődő értelmezésére saját korábbi kutatásainkban is található példa. Knapp és munkatársai (2021) vizsgálatában a Furmint

szőlő föld feletti szerveinek gombaközösségeit elemezve azonosítottuk a különböző növényi részekben, termőhelyeken és mintavételi időpontokban közösen előforduló gombataxonokat, amelyeket a gombamikrobiom közös összetevőiként (core members) értelmeztünk. A magmikrobiom fogalmát tehát ebben a vizsgálatban is meghatározott szőlőfajtához, növényi részekhez és vizsgálati rendszerhez kapcsolódóan alkalmaztuk.

A 8. tézispont alapjául szolgáló Geiger és munkatársai (2022) közleményben ugyancsak a vizsgált rendszerhez kötődően alkalmaztuk a magmikrobiom fogalmát. Eredményeink azt mutatták, hogy a tőkebetegségekhez társuló gombaközösségek összetételét a mikroélőhely lényegesen erősebben befolyásolta, mint a szőlőtőkék tünetes vagy tünetmentes állapota, valamint, hogy a tőkebetegségekhez társuló gombák tünetmentes tőkékben is széles körben előfordultak. Ezekből az eredményekből a közleményben az egyes növényi részekhez kapcsolódó magmikrobiom létezésére következtettünk, amelynek a tőkebetegségekhez társuló gombák is részét képezhetik.

Elfogadom, hogy a tézispont eredeti megfogalmazása nem határozta le kellő pontossággal a magmikrobiomra vonatkozó következtetés érvényességi körét. Eredményeink és a magmikrobiom fogalmának szakirodalomban alkalmazott, vizsgálati léptékekhez kötődő értelmezése alapján ugyanakkor fenntartom, hogy a vizsgált Furmint szőlőtőkék egyes mikroélőhelyeiben széles körben előforduló, tőkebetegségekhez társuló gombák a mikroélőhelyekhez kapcsolódó magmikrobiom részeként értelmezhetők.

Köszönöm a **9. tézisponthoz** kapcsolódó kedvező opponensi értékelést.

Köszönöm a **10. tézisponthoz** kapcsolódó kedvező opponensi értékelést.

A **11. tézisponttal** kapcsolatban elfogadom a megfogalmazás pontosításának szükségességét. A *Clonostachys rosea* és a *Bacillus velezensis* biokontroll-hatásának egy mondatban történő összefoglalása során a megfogalmazás a *B. velezensis*-re is pontatlanul kiterjedt a *C. rosea* esetében igazolt *in planta* tünetcsökkentéssel kapcsolatban. A *B. velezensis* esetében vizsgálataink *in vitro* antagonista és fungicid aktivitást igazoltak, *in planta* tünetcsökkentést azonban nem vizsgáltunk. A tenyészetfiltrátum frakcionálásának eredményei és a szakirodalmi adatok alapján a gombaellenes aktivitást lipopeptid jellegű komponensekhez kapcsoltuk, amelyeknek szerkezeti azonosítása azonban nem történt meg.

Köszönöm a **12. tézispont** kedvező opponensi értékelést.

Köszönöm a **13. tézispont** *Dothiorella omnivora*-ra vonatkozó részének új tudományos eredményként történő elfogadását.

A *Seimatosporium vitis* fajszerű azonosításának bizonytalanságára vonatkozó észrevétellel egyetértünk. Az általunk vizsgált izolátumok ITS-szekvenciái teljes egyezést mutattak a szőlőről leírt *S. vitis* referenciaszekvenciájával, amely alapján az izolátumokat

az eredeti vizsgálatban előzetesen ehhez a fajhoz soroltuk. Ettől függetlenül patogén képességüket a szőlőn végzett fertőzési kísérletek és a sikeres visszaizolálás igazolta. A taxonómiai azonosítás bizonytalanságának kérdésére és további megerősítésének lehetőségeire a 3. kérdésre adott válaszütemben részletesen kitérek.

Köszönöm a **14. tézispont** kedvező opponensi értékelést.

Az új tudományos eredményekhez kapcsolódó észrevételek után a bírálóban megfogalmazott kérdésekre válaszolok.

1. kérdés: „A metatranszkriptomikai vizsgálatokban a leolvasásokat öt kiválasztott gombafaj referencia-genomjához illesztették. Milyen szempontok alapján választották ki ezt az öt fajt, és mennyiben tekinthetők az ezekre épülő eredmények a teljes nemesrothadási mikrobiom funkcionális reprezentációjának? Elképzelhető-e, hogy más, referencia-genommal nem reprezentált mikroorganizmusok funkcionális szerepe így rejtve maradt?”

A referencia-genomok kiválasztását korábbi, egymást kiegészítő mikrobiológiai és molekuláris vizsgálataink eredményeire alapoztuk. A nemesrothadás különböző fázisait vizsgáló korábbi munkáinkban tenyésztési módszerekkel, majd az izolátumok ITS-szekvencia-alapú azonosításával jellemeztük a szőlőbogyók tenyészthető gombaközösségét. Ezt ugyanazon ültetvényből származó minták DNS-metabarkód-vizsgálata egészítette ki. Ezek alapján a metatranszkriptomikai elemzéshez a korábbi felmérésekben leggyakoribbnak talált gombák közül választottuk ki a *B. cinerea* mellett az *A. alternata*, *E. nigrum*, *A. pullulans* és *R. graminis* referencia-genomját. A kiválasztással arra törekedtünk, hogy a nemesrothadás meghatározó kórokozója, a *B. cinerea* mellett a hozzá társuló gombaközösség meghatározó tagjainak génexpressziós aktivitását is vizsgálni tudjuk.

Az öt fajra épülő eredmények részletes képet adnak a kiválasztott gombák génexpressziós aktivitásáról és annak az aszúsodás során bekövetkező változásairól, ugyanakkor nem tekinthetők a teljes nemesrothadási mikrobiom funkcionális reprezentációjának. Eredményeink alapján azt állapítottuk meg, hogy a *B. cinerea* mellett más fonalas gombák és élesztők is aktív génexpressziós szereplői a nemesrothadásnak, és olyan génexpressziós változásokat mutatnak, amelyek a bogyók fizikai-kémiai átalakulásaihoz kapcsolódó folyamatokkal hozhatók összefüggésbe. Ez egyben árnyalja azt a hagyományos szemléletet, amely a nemesrothadás kialakulását és lefolyását alapvetően a *B. cinerea* tevékenységéhez köti. Eredményeink alapján a nemesrothadás olyan összetett mikrobiális folyamatként értelmezhető, amelyben a *B. cinerea* meghatározó szerepe mellett a hozzá társuló gombaközösség aktivitása és a mikroorganizmusok közötti kölcsönhatások is szerepet játszhatnak.

Más, a kiválasztott referencia-genomokkal nem reprezentált mikroorganizmusok funkcionális szerepe valóban rejtve maradhatott. Ezek szerepének feltárására

referenciafüggetlen, *de novo* transzkriptom-összeállításon alapuló metatranszkriptomikai megközelítés adhatna lehetőséget, amely a közösség szélesebb körének funkcionális vizsgálatát is lehetővé tenné.

- 2. kérdés:** „A dolgozat szerint több társuló gomba és élesztő olyan génexpressziós útvonalakat mutat, amelyek aroma- és aromaelővegyületek képződéséhez kapcsolhatók, és ezek alapján a szerző az érzékszervi profil kialakulásában betöltött szerepükre következtet. Hol húzná meg a jelölt a határt a metabolikus potenciál, a tényleges metabolittermelés és a kész bor érzékszervi tulajdonságainak bizonyított alakítása között? Milyen további kísérlettel bizonyítaná közvetlenül ezt az oksági láncot?”

Metatranszkriptomikai vizsgálatainkban a természetes nemesrothadás során a társuló fonalas gombák és élesztők génexpressziós aktivitását vizsgáltuk. Több olyan anyagcsere-folyamathoz kapcsolódó gén fokozott expresszióját mutattuk ki, amelyek szerepet játszhatnak aromaanyagok és aromaelővegyületek képződésében. Eredményeink tehát nem pusztán a mikroorganizmusok metabolikus lehetőségeit mutatják, hanem azt is, hogy a hozzájuk kapcsolható gének a nemesrothadás során ténylegesen expresszálódnak. Mindezek alapján megalapozottnak tartom azt a következtetést, hogy a *B. cinerea* mellett a társuló gombák és élesztők is aktív résztvevői a nemesrothadás biokémiai folyamatainak, és génexpressziós aktivitásuk alapján potenciálisan szerepet játszhatnak az aromaprofil kialakulásához vezető folyamatokban.

A génexpressziós adatok ugyanakkor önmagukban nem bizonyítják egy adott metabolit tényleges képződését vagy felhalmozódását. A génexpresszió változásából következtethetünk egy anyagcsere-folyamat fokozott aktivitására, de a transzkriptumszint nem ad közvetlen információt az adott folyamatban részt vevő fehérjék mennyiségéről, az enzimek aktivitásáról vagy a keletkező metabolitok koncentrációjáról. Itt húznám meg a metatranszkriptomikai eredményekből levonható következtetések határát.

A metabolittermelés igazolásához analitikai-kémiai vagy metabolomikai vizsgálatok szükségesek. A kész bor érzékszervi tulajdonságainak kialakulása ennél összetettebb kérdés. A nemesrothadás során kialakuló metabolit-összetételt az erjedés és a borkészítés mikrobiológiai és kémiai folyamatai tovább módosíthatják. Egy adott vegyület érzékszervi jelentőségét pedig a koncentrációja, érzékelési küszöbe és más komponensekkel való kölcsönhatása együttesen határozza meg.

A természetes nemesrothadás során végzett, több molekuláris szintet összekapcsoló vizsgálatokkal a feltárt összefüggések tovább erősíthetők. A transzkriptomikai eredmények proteomikai és metabolomikai adatokkal történő együttes értékelésével vizsgálható lehet, hogy a génexpressziós változások együtt járnak-e az adott folyamatokhoz kapcsolódó fehérjék és metabolitok mennyiségi változásaival. A metabolomikai és analitikai eredmények érzékszervi vizsgálatokkal történő összekapcsolása pedig lehetőséget adhat annak vizsgálatára, hogy a kimutatott biokémiai változások miként jelennek meg a bor érzékszervi tulajdonságaiban.

Az egyes mikroorganizmusok és a képződő metabolitok közötti oksági kapcsolatot szigorúbb bizonyításához ugyanakkor kontrollált inokulációs kísérletekre lenne szükség. Egy ilyen redukált kísérleti rendszer azonban csak korlátozottan reprezentálná a természetes nemesrothadást, amelynek lefolyását a gazdanövény, a *B. cinerea*, a társuló mikrobiom és a környezeti feltételek együttesen alakítják.

- 3. kérdés:** „A *Seimatosporium vitis* izolátumok fajszerű azonosítását a dolgozat maga is előzetesnek nevezi; a törzsek nem sporuláltak, és az ITS-szekvenciák több közeli taxonnal is nagy hasonlóságot mutattak. Mennyire tartja biztosnak a fajszerű azonosítást, és milyen további multilókuszos vagy morfológiai vizsgálatot tartana szükségesnek a taxonómiai státusz véglegesítéséhez?”

A *Seimatosporium vitis* fajszerű azonosítását már az eredetileg 2016-ban online megjelent közleményemben (Váczy, 2017) is előzetesnek tekintettem, és ezt az értekezésben is így fogalmaztam meg. Ennek oka az volt, hogy az izolátumok a sporuláció kiváltására tett erőfeszítéseink ellenére sem sporuláltak, ezért morfológiai bélyegek alapján nem tudtuk megerősíteni az azonosítást. Ugyanakkor az ITS-szekvenciáik 100%-os egyezést mutattak a *S. vitis* 2015-ös eredeti fajleírásában közölt olaszországi referenciaszekvenciával. A faj eredeti leírása ITS- és LSU-szekvenciákra, valamint morfológiai jellemzőkre épült (Senanayake és mtsai, 2015). Az akkori taxonómiai ismeretek alapján ezért a *S. vitis* azonosítást jól megalapozottnak, de nem véglegesnek tartottam.

A későbbi taxonómiai vizsgálatok azt is megmutatták, hogy a közeli *Seimatosporium* fajok molekuláris alapú elkülönítése jelentős taxonómiai nehézséget jelent. Liu és munkatársai (2019) a *Seimatosporium vitis-viniferae* leírásakor kimutatták, hogy ennek a fajnak és a *S. vitis*-nek a rendelkezésre álló ITS- és LSU-szekvenciái azonosak voltak, és elkülönítésüket elsősorban a konídiumok morfológiai különbségeire alapozták.

Kanetis és munkatársai (2022) már multilókuszos megközelítést alkalmaztak, az ITS és LSU mellett *tub2* és *tef1-α* régiókat is vizsgáltak. Eredményeik szerint a *S. vitis* és a *S. vitis-viniferae* egyértelmű elkülönítését még a kombinált multilókuszos filogenetikai elemzés sem oldotta meg. A szerzők ezért ugyancsak hangsúlyozták a morfológiai bélyegek jelentőségét. Kanetis és munkatársai (2022) az eredeti közleményemre is hivatkoznak, és az abban foglaltaknak megfelelően az ITS-szekvenciák alapján történt, előzetes *S. vitis* azonosításként ismertetik eredményemet.

A későbbi taxonómiai eredmények tehát alátámasztják, hogy az általam már az eredeti közlésben jelzett bizonytalanság valós fajelhatárolási problémát tükrözött.

Az általunk vizsgált *Seimatosporium* izolátumok taxonómiai státuszának mai ismereteink szerinti pontosításához ezért multilókuszos filogenetikai vizsgálatot tartanék szükségesnek, az ITS és LSU mellett *tub2* és *tef1-α* szekvenciák bevonásával. Ezzel párhuzamosan ismét megkísérelném a sporuláció kiváltását és a konídiumok morfológiai vizsgálatát. A jelenlegi szakirodalom alapján a molekuláris és morfológiai adatok együttes értékelése adhatna megfelelő alapot a fajszerű taxonómiai státusz véglegesítéséhez. A

S. vitis fajszintű azonosítást továbbra is jól megalapozott, de előzetes azonosításnak tekintem. Fontosnak tartom ugyanakkor ettől különválasztani a vizsgált *Seimatosporium* izolátumok patogén képességének kérdését. Ezt a fertőzési kísérletek, a kialakult nekrózis és a tünetes növényi szövetből történt sikeres visszaizolálás alátámasztotta.

Az alábbiakban a válaszban hivatkozott további szakirodalmi és saját forrásokat tüntetem fel.

- Kanetis, L. I., Taliadoros, D., Makris, G., Christoforou, M. (2022). A Novel *Seimatosporium* and Other Sporocadaceae Species Associated with Grapevine Trunk Diseases in Cyprus. *Plants*, 11, 2733. DOI: 10.3390/plants11202733.
- Knapp, D. G., Lázár, A., Molnár, A., Vajna, B., Karácsony, Z., Váczy, K. Z., Kovács, G. M. (2021). Above-ground parts of white grapevine *Vitis vinifera* cv. Furmint share core members of the fungal microbiome. *Environmental Microbiology Reports*, 13, 509–520. DOI: 10.1111/1758-2229.12950.
- Liu, F., Bonthond, G., Groenewald, J. Z., Cai, L., Crous, P. W. (2019). *Sporocadaceae*, a family of coelomycetous fungi with appendage-bearing conidia. *Studies in Mycology*, 92, 287–415. DOI: 10.1016/j.simyco.2018.11.001.
- Neu, A. T., Allen, E. E., Roy, K. (2021). Defining and quantifying the core microbiome: Challenges and prospects. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 118, e2104429118. DOI: 10.1073/pnas.2104429118.
- Senanayake, I. C., Maharachchikumbura, S. S. N., Hyde, K. D., Bhat, J. D., Jones, E. B. G., McKenzie, E. H. C., Dai, D. Q., Daranagama, D. A., Dayarathne, M. C., Goonasekara, I. D., Konta, S., Li, W. J., Shang, Q. J., Stadler, M., Wijayawardene, N. N., Xiao, Y. P., Norphanphoun, C., Li, Q. R., Liu, X. Z., Bahkali, A. H., Kang, J. C., Wang, Y., Wen, T. C., Wendt, L., Xu, J. C., Camporesi, E. (2015). Towards unraveling relationships in *Xylariomycetidae* (Sordariomycetes). *Fungal Diversity*, 73, 73–144. DOI: 10.1007/s13225-015-0340-y.

Eger, 2026. október 16.



Váczy Kálmán Zoltán