



VII. MAGYAR MIKOLÓGIAI KONFERENCIA

BUDAPEST, 2024. JÚNIUS 5–7.

ABSZTRAKTKÖTET

SZERVEZŐK

MATE

MAGYAR AGRÁR- ÉS
ÉLETTUDOMÁNYI EGYETEM
Kertészettudományi Intézet



**MAGYAR
MIKOLÓGIAI
TÁRSASÁG**

SZAKMAI TÁMOGATÓK

MTA Agrártudományok Osztálya,
Kertészet- és Élelmiszertudományi Bizottság

MTA Agrártudományok Osztálya,
Kertészet- és Élelmiszertudományi Bizottság,
Zöldségtermesztési Albizottság

MTA Biológiai Tudományok Osztálya

MTA Mikrobiológiai Osztályközi Tudományos Bizottság

VII. MAGYAR MIKOLÓGIAI KONFERENCIA

2024. JÚNIUS 5-7. | BUDAPEST

Absztraktkötet



**Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem
Kertészettudományi Intézet**

Magyar Mikológiai Társaság

2024

A KÖTETET SZERKESZTETTE

Dr. Dima Bálint és Dr. Papp Viktor

Technikai szerkesztésben közreműködött:

Kisné dr. Fodor Livia

Grafikai tervezés:

Molnár Renátó

© Szerzők, 2024

© Szerkesztők, 2024

CC-BY-NC-ND-4.0

ISBN 978-963-623-098-2 (pdf)

Kiadja

Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem
2100 Gödöllő, Páter Károly u. 1.

Magyar Mikológiai Társaság
1087 Budapest, Könyves Kálmán krt. 40.



MATE
MAGYAR AGRÁR- ES
ÉLETTUDOMÁNYI EGYETEM
Környezettudományi Intézet



Helyszín

Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Budai Campus
1118 Budapest, Villányi út 29–43.

Szervezők

Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem
Magyar Mikológiai Társaság

Szakmai támogatók

MTA Agrártudományok Osztálya, Kertészet- és
Élelmiszertudományi Bizottság

MTA Agrártudományok Osztálya, Kertészet- és
Élelmiszertudományi Bizottság, Zöldségtermesztési Albizottság

MTA Biológiai Tudományok Osztálya

MTA Mikrobiológiai Osztályközi Tudományos Bizottság

Szponzorok

Sylvan Hungária Zrt.

Pilze-Nagy Kft.

Pro Mikológia Alapítvány

Gasztromiko Bt.

Kubigomba Kft.

Zsabi Gomba Kft.

A VII. Magyar Mikológiai Konferencia tudományos szervezőbizottsága

Elnök

Dr. Geösel András – MATE, Zöldség és Gombatermesztési Tanszék, Budapest

Tagok

Albert László – Magyar Mikológiai Társaság, Budapest

Dr. Dima Bálint – ELTE, Növény szervezettani Tanszék, Budapest

Dr. Emri Tamás – DE, Molekuláris Biotechnológiai és Mikrobiológiai Tanszék,
Debrecen

Dr. Gácsér Attila – SZTE, Biológiai Intézet, Szeged

Dr. Geml József – EKKE, Lendület Környezeti Mikrobiom Kutatócsoport, Eger

Hegedűsné dr. Pintye Alexandra – ATK NÖVI, Növénykórtani Osztály, Budapest

Dr. Karaffa Levente – DE, Biomérnöki Tanszék, Debrecen

Dr. Kovács M. Gábor – ELTE, Növény szervezettani Tanszék, Budapest

Dr. Kredics László – SZTE, Mikrobiológiai Tanszék, Szeged

Dr. Majoros László – DE, Orvosi Mikrobiológiai Intézet, Debrecen

Dr. Nagy László – SzBK, Lendület Gomba Genomika és Evolúció Csoport, Szeged

Dr. Papp Viktor – MATE, Növénytani Tanszék, Budapest

Dr. Pál-Fám Ferenc – MATE, Agronómia Tanszék, Kaposvár

Dr. Péter Gábor – MATE, Mezőgazdasági és Ipari Mikroorganizmusok Nemzeti
Gyűjteménye, Budapest

Somosné dr. Nagy Adrienn – Pilze-Nagy Kft., Kecskemét

Dr. Vajna Balázs – ELTE, Mikrobiológia Tanszék, Budapest

Titkár

Kisné dr. Fodor Livia – Magyar Mikológiai Társaság, Budapest

A VII. Magyar Mikológiai Konferencia helyi szervezőbizottsága

Dr. Geösel András – MATE, Zöldség- és Gombatermesztési Tanszék

Dr. Szabó Anna – MATE, Zöldség- és Gombatermesztési Tanszék

Dr. Papp Viktor – MATE, Növénytani Tanszék

Dr. Benedek Lajos – MATE, Növénytani Tanszék

Horváthné Dr. Petróczy Marietta – MATE, Növénykórtani Tanszék

Dr. Tóth Annamária – MATE, Növénykórtani Tanszék

Illés-Hegyesi Gabriella – MATE, Kertészettudományi Intézet

TARTALOM



VII. MAGYAR MIKOLÓGIAI KONFERENCIA
VII. HUNGARIAN MYCOLOGICAL CONFERENCE

PLENÁRIS ELŐADÁSOK
PLENARY LECTURES

Kredics L., Allaga H., Kedves O., Varga A., Brányi Á., Geösel A., Csutorás Cs., Sipos Gy., Vágvölgyi Cs. — Gomba gombának farkasa: a mikoantagonista <i>Trichoderma</i> nemzetség szerepe a mezőgazdaságban	9
Majoros L. — Elsődleges fontosságú patogén gombák az Egészségügyi Világszervezet szerint	12
Nagy G. L. — A soksejtűség megjelenése és elvesztése a gombavilágban	14



VII. MAGYAR MIKOLÓGIAI KONFERENCIA
VII. HUNGARIAN MYCOLOGICAL CONFERENCE

ALKALMAZOTT MIKOLÓGIA
APPLIED MYCOLOGY

Bodnár V., Antal K., De Vries P. R., Pócsi I., Emri T. — Az ozmofília megértése: molekuláris betekintés az <i>Aspergillus wentii</i> és az <i>Aspergillus nidulans</i> ozmotikus stresszválaszaiba	15
Dán K., Kocsubé S., Tóth L., Farkas A., Rákhely G., Galgóczy L. — Gombaellenes fehérjék alkalmazhatóságának vizsgálata kulturális örökség alá tartozó épületek védelmében	17
Gyalai-Korpos M., Somosné Nagy A. — Fenntartható laskagomba-termesztés lehetősége városi környezetben, avagy az innováció sokoldalúsága	19
Hubay Cs., Géczy A., Geösel A. — Termesztett csiperkegomba automatizált szedésének technológiai fejlesztése képfeldolgozással	21
Karaffa L., Bíró V., Márton A., Bakondi-Kovács I., Kubicek C. P., Fekete E. — Fémionok szerepe gomba alapú szerves sav fermentációiban	23
Kocsis B., Boldizsár I., Kovács M. G., Nagy T., Gyémánt Gy., Csillag K., Pócsi I., Leiter É. — Az aszperkriptin génklasztert szabályozó AtnN transzkripció faktor funkcionális analízise <i>Aspergillus nidulans</i> -ban	24
Pákozdi K., Antal K., Miskei M., Szabó Zs., Pócsi I., Emri T. — <i>Aspergillus fumigatus</i> és <i>Aspergillus nidulans</i> <i>sodB</i> géndeléciós mutánsainak oxidatív stresszre adott válaszánaak összehasonlító transzkriptomikai vizsgálata	26
Matolcsi F., Borostyán K., Seress D., Hoffmann P., Molnár O., Pintye A., Stammler G., Zito R., Kovács M. G., Németh Z. M. — Az <i>sdhC</i> gén rezisztenciamarkereinek előfordulása és az SDHI-kezelés kapcsolata	28
Pócsi I., Pusztahelyi T. — Mikotoxinokat termelő penészgombákkal kapcsolatos kutatások a Debreceni Egyetemen	30

Rozsnyói Á., Balázs D., Tyagi C., Terna G., Szekeres A., Vágvölgyi Cs., Marik T., Kredics L. — Univerzális peptabiol könyvtár: a bioinformatika szerepe a laboratóriumi kísérletek támogatásában	32
Tóth L., Papp R., Bende G., Poór P., Czékus Z., Váradi Gy., Kele Z., Tóth K. G., Galgóczy L. — A <i>Solanum lycopersicum</i> eredetű K4CBP6 defenzin antifungális hatásának és növényvédelmi alkalmazhatóságának vizsgálata	34
Vig I., Szarka M., Fenyvesi A., Gila B., Antal K., Szikszai Z., Pócsi I., Emri T. — Az újrutazás potyautasai – protonsgúrázásra adott stresszválaszok az <i>Aspergillus nidulans</i> modellorganizmusban	36



VII. MAGYAR MIKOLÓGIAI KONFERENCIA
VII. HUNGARIAN MYCOLOGICAL CONFERENCE

RENDSZERTAN, FILOGENETIKA, EVOLÚCIÓ
TAXONOMY, PHYLOGENY, EVOLUTION

Dima B., Albert L., Finy P., Kovács M. G., Papp V. — Magyarországi nagygombák molekuláris azonosítása DNS-vonalkód segítségével	38
Finy P., Jeppson M., Ölvedi I., Albert L., Papp V., Knapp G. D., Varga D., Kovács M. G., Dima B. — A <i>Tulostoma</i> nemzetség integratív taxonómiai kutatásának legújabb eredményei	40
Imrefi I., Knapp G. D., Kovács M. G. — Két új, búza (<i>Triticum aestivum</i>) gyökereiből izolált sötét szeptált endofiton gomba egy magyarországi szántóföldről: <i>Agro-rhizomyces patris</i> és <i>Poaceascoma zborayi</i>	42
Radnóti Á., Dima B., Benedek L., Papp V. — Lepiotoid gombák integratív taxonómiai vizsgálata Magyarországon	44
Varga D., Kovács M. G., Dima B. — Selyemgombák (<i>Amanita</i> sect. <i>Vaginatae</i>) taxonómiai vizsgálata Magyarországon, filogenetikai és morfológiai módszerek segítségével	46
Varga T., Woods R., Pitsillides F., Gaya E. — A gombák törzsfájának (FToL) bővített és frissített verziójának elkészítése gombagyűjtemények teljesgenom-szekvenálása alapján	48



VII. MAGYAR MIKOLÓGIAI KONFERENCIA
VII. HUNGARIAN MYCOLOGICAL CONFERENCE

DIVERZITÁS, ÖKOLÓGIA
DIVERSITY, ECOLOGY

Bagi I., Lengyel D., Félegyházi F., Kovács Z. K., Dobos E. — A talajtani változatosság térképezése szarvasgomba-élőhelyeken	50
Fintha G., Ódor P., Mota Leal C., Geiger A., Molnár A., Kgoibe G., Aszalós R., Tinya F., Kovács B., Ododa K., Geml J. — A növénypatogén gombákra gyakorolt erdészeti kezelések hatásának környezeti DNS-alapú feltárása	52
Geiger A., Karácsony Z., Mota Leal C., Golen R., Váczy K. Z., Geml J. — A fajta, a mikroéletter, a szezonális és az évszázad mikrobiomra gyakorolt hatásának vizsgálata egészséges és Esca-tünetes szőlő esetén az Egri borvidéken	54

Geml J., Sulyok J. — A gombák sokfélesége és élőhelypreferenciája pannon erdei közösségekben edafikus és topográfiai gradiensek mentén	56
Gonda S., Szűcs Zs., Cziáky Z., Ács-Szabó L., Plaszkó T. — A glükozinolat eredetű nitrilek, izotiocianátok, valamint flavonoid glikozidok hatása a mikrobiom-összeszerelődésre tormában (<i>Armoracia rusticana</i> , <i>Brassicaceae</i>) a gombataxonok eltérő érzékenységén keresztül valósul meg	58
Kisné Fodor L., Petrik O., Kutszegi G. — Magyarországi élőhelyek relatív gombatermő-képességének becslése és térképezése	60
Kutszegi G., Albert L., Finy P., Köbli Z., Siller I., Zagyva I., Dima B. — Az Őrségi Nemzeti Park védett nagygombafajai: elterjedés, élőhely-preferencia, fajmegőrzés	62
Magyar D., Bognár Cs., Kredics László, Varga A., Pap I. K., Simon Zs. — Kripták mikológiai vizsgálata	65
Pál-Fám F., Szász B., Benedek L. — A Székelyföld fungája és a fajok élőhelyei	67
Péter G., Dlačhy D., Tóbiás A. — Olívaolaj – az élesztőgomba-biodiverzitás kincsesládája	69
Pintye A., Molnár O., Imrefi I., Kámán-Tóth E., Borostyán K., Németh Z. M., Lengyel P., Matolcsi F., Rogers R., Sasvári P., Kovács M. G. — <i>Periconia</i> DSE-gombák diverzitása természetes élőhelyeken és mezőgazdasági területeken	71
Takács T., Pabar S., Kelemen B., Makó A., Füzy A. — A talajhasználat hatása az arbuskuláris mikorrhizagombák glomalinnal termelésére	73



VII. MAGYAR MIKOLÓGIAI KONFERENCIA
VII. HUNGARIAN MYCOLOGICAL CONFERENCE

ÉLETTAN, GENETIKA, BIOKÉMIA
PHYSIOLOGY, GENETICS, BIOCHEMISTRY

Antunovics Zs., Sipiczki M. — Rekombináns mitokondriális genommal bíró interspecifikus <i>Saccharomyces</i> élesztőhibridek vizsgálata	75
Balázs D., Nagy M., Szekeres A., Rozsnyói Á., Terna G., Vágvölgyi Cs., Tyagi C., Marik T., Kredics L. — Harzianum kládba tartozó <i>Trichoderma</i> gombatorzszek által termelt biológiailag aktív peptaibolok vizsgálata	78
Csikos S., Kraszni M., Tóth G., Lakatos L., Bősze Sz., Pályi B., Darázs A., Németh Z. M., Boldizsár I., Kovács M. G. — Egy sötét szeptált endofiton (DSE) gomba klórozott izokumarinjai – bioaktivitás és bromináció	80
Emri T., Antal K., Gila B., Varga K., Pákozdi K., Wunderlich V., Pócsi I. — Az <i>Aspergillus fumigatus</i> vas anyagcseréjében megfigyelhető változások kombinatorikus stresszkísérletekben	82
Földi Cs., Merényi Zs., Hou Z., Bálint B., Hegedüs B., Galgóczy L., Nagy G. L. — Megismerni, elrontani, létrehozni: a spóráképzést meghatározó ismeretlen gének feltérképezése és spóramentes gombatorzszek célzott fejlesztése	84

Krúzselyi D., Ott G. P., Móricz M. Á. — Nagygombák anyagainak bioaktivitás alapú szétválasztása kétrétegű SPE-töltettel	86
Merényi Zs., Bálint B., Virág L., Miklovics N., Földi Cs., Liu X.-B., Wu H., Csernetics Á., Virágh M., Hegedüs B., Hajdú Cs., Geösel A., Nagy G. L. — Allélspecifikus expresszió a <i>Pleurotus ostreatus</i> termőtestképzése során	88
Sipiczki M., Czentye K. — Epigenetika a <i>Metschnikowia pulcherriminsav</i> -termelésének szabályozásában	90
Szathmári B., Csernetics Á., Bálint B., Nagy G. L. — Termőtestképzésben szerepet játszó, RNS-kötő fehérjét kódoló gének funkcionális jellemzése <i>Coprinopsis cinerea</i> -ban	92
Virágh M., Szafián D., Kristóffy Zs., Wu H., Merényi Zs., Nagy G. L. — Egy szeptin-duplikáció hatása az <i>Agaricales</i> termőtestek morfológiájára	94



Balácsi D., Udvarhelyi G., Forgács L., Borman A. M., Kovács R., Tóth Z., Adnan, A., Majoros L. — Echinocandinok <i>in vivo</i> hatékonysága <i>Candida auris</i> ellen	96
Balla N., Kovács F., Harmath A., Kovács R., Jakab Á. — <i>Candida auris</i> isavuconazol kezelésre adott válaszána vizsgálat	98
Dán K., Bende G., Karemera J. K., Mislai L., Borics A., Galgóczy L. — Gyógyszer-újrahasznosítás: gombaellenes hatással rendelkező molekulák azonosítása antifungális proteinek molekuláris célpontjai alapján	100
Harmath A., Pfliegler V. P., Kovács R. — Humán <i>Saccharomyces</i> izolátumok összehasonlító vizsgálata egy magyarországi klinikai központban	102
Kovács F., Bozó A., Balla N., Harmath A., Forgács L., Jakab Á., Kovács R. — A <i>Candida auris</i> és a <i>Candida albicans</i> fiziológiai és transzkriptomikai összehasonlító elemzése az exogén homoszerin-lakton kezelést követően	104
Kovács R. — <i>Candida auris</i> : mit tanultunk az elmúlt 15 évben?	106
Tóth Z., Balázs B., Majoros L., Kovács R. — Vaskelátorok <i>in vitro</i> aktivitásának vizsgálata klinikailag releváns <i>Candida</i> fajok ellen	108



Poszter-összefoglalók.....	110
A konferencia regisztrált résztvevői és e-mail címeik	219



Gomba gombának farkasa: a mikoantagonista *Trichoderma* nemzetség szerepe a mezőgazdaságban

KREDICS László¹, ALLAGA Henrietta¹, KEDVES Orsolya¹, VARGA András¹, BRÁNYI Árpád², GEÖSEL András³, CSUTORÁS Csaba^{4,5}, SIPOS György⁶ & VÁGVÖLGYI Csaba¹

¹Szegedi Tudományegyetem, Természettudományi és Informatikai Kar, Mikrobiológiai Tanszék, Szeged – Department of Microbiology, Faculty of Science and Informatics, University of Szeged, Szeged, Hungary

²Pannon-Trade Kft., Győr – Pannon-Trade Ltd., Győr, Hungary

³Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Kertészettudományi Intézet, Zöldség- és Gombatermesztési Tanszék, Budapest – Department of Vegetable and Mushroom Growing, Institute of Horticultural Science, Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Budapest, Hungary

⁴Kémiai és Fizikai Intézet, Eszterházy Károly Katolikus Egyetem, Eger – Institute of Chemistry and Physics, Eszterházy Károly Catholic University, Eger, Hungary

⁵Új Champignons Kft., Budapest – Új Champignons Ltd., Budapest, Hungary

⁶Soproni Egyetem, Erdészeti Kar, Funkcionális Genomikai és Bioinformatikai Kutatócsoport, Sopron – Functional Genomics and Bioinformatics Group, Institute of Forest and Natural Resource Management, Faculty of Forestry, University of Sopron, Sopron, Hungary

A mikoantagonizmus gombák közötti kölcsönhatás, melynek során egy gomba egy másik gomba kárára jut előnyökhöz. A mikoantagonizmust a *Trichoderma* fonalgomba-nemzetség ősi stratégiájának tekintik. A *Trichoderma* fajok klasszikus antagonista mechanizmusai közé tartozik a tápanyagokért és a térért zajló hatékony kompetíció, az antibiózis és a mikoparazitizmus. A kompetíció során a cellulolitikus és xilanolitikus enzimek előnyt jelentenek a *Trichoderma* fajok számára olyan élőhelyeken, ahol ezek a poliszacharidok elérhetők. A *Trichoderma* fajok gombaellenes aktivitású szekunder metabolitok különböző csoportjait termelik, amelyek gátló vagy mikotoxikus hatást fejtenek ki az érzékeny célgombákra. A mikoparazitizmus során a *Trichoderma* érzékeli a célgomba jelenlétét, annak a hifáihoz tapad, bontja a sejtfalat és behatol a hifa belsejébe, végül toxikus másodlagos metabolitok termelésével elpusztítja a célgombát. Számos gombaellenes szekunder metabolit és sejtfalbontó enzim (glükánázok, kitinázok és proteázok) *Trichoderma* fajok életmódjában betöltött szerepe tükröződik a fajok genomjaiban, amelyek nagyszámú, a mikoantagonizmus-hoz kapcsolódó gént tartalmaznak. A mezőgazdaság szempontjából a *Trichoderma* mikoantagonista jellege – a célgombától függően – járhat előnyökkel, de károkat is okozhat. A *Trichoderma* fajok a legtöbbet tanulmányozott bioeffektorok közé tartoznak, és régóta ismertek, mint hatékony gombaellenes biokontroll ágensek. A klasszikus antagonista mechanizmusok mellett további, közvetett antagonista mechanizmusnak tekinthetők a növekedés elősegítése és a szisztémás rezisztencia indukciója a gazdanövényben, melyek lehetővé teszik a növény hatékonyabb védekezését a kórokozó gombák ellen. Másrészt a *Trichoderma* nemzetség mikoantagonista potenciálja a gombatermesztéssel összefüggésben káros lehet: bizonyos *Trichoderma* fajok különböző termesztett gombák (*Agaricus bisporus*, *Pleurotus ostreatus*, *Lentinula edodes* stb.) zöldpenészes betegségét idézik elő, komoly veszteségeket okozva a gombaiparban.

A zöldpenészesedés jellegzetes tünetei a komposztban, a takaró föld felszínén, a gombatermesztési alapanyagban vagy akár a termőtesteken megjelenő zöld foltok. A

gombatermés drasztikusan csökkenhet, vagy akár teljesen ki is eshet. A félreazonosítások *Trichoderma* nemzetségen belüli gyakori problémája miatt a *Trichoderma*-alapú biokontroll termékekben található aktív törzseket szekvenenciaalapú molekuláris módszerekkel történő fajsztípusú azonosításnak lenne szükséges alávetni, hogy minimalizáljuk a rosszul azonosított, gombatermesztésben esetleg zöldpenészt okozó *Trichoderma* törzsek mezőgazdasági alkalmazásának kockázatait.

A tanulmány a 2020-1.1.2-PIACI-KFI-2020-00111, 2022-1.2.6-TÉT-IPARI-TR-2022-00009 és 2023-1.1.1-PIACI_FÓKUSZ-2024-00044 jelű projektek (NKFIH) támogatásával készült.

Fungus vs. fungus: the role of the mycoantagonistic *Trichoderma* genus in agriculture

Mycoantagonism is an interaction between fungi where a fungus clearly benefits at the expense of another. It is regarded as an ancestral strategy of the ascomycete genus *Trichoderma*. Classical antagonistic mechanisms of *Trichoderma* include the efficient competition for nutrients and space, antibiosis and mycoparasitism. During competition, cellulolytic and xylanolytic enzymes are creating advantage for *Trichoderma* species to colonize different ecological niches where these polysaccharides are available. *Trichoderma* spp. also produce diverse groups of secondary metabolites involved in antifungal activity, exerting inhibitory or mycotoxic effects on susceptible target fungi. During mycoparasitism, *Trichoderma* senses the presence of the target fungus, which is followed by the attachment to its hyphae, degradation and penetration of its cell wall and killing the target fungus by the production of toxic secondary metabolites. The importance of several antifungal secondary metabolites and cell wall-degrading enzymes (glucanases, chitinases, and proteases) on the lifestyle of *Trichoderma* spp. is reflected in their genomes, which contain a large number of genes related to mycoantagonism. From the perspective of agriculture, the mycoantagonistic nature of *Trichoderma* can provide benefits but also cause harms, depending on the target fungus. *Trichoderma* spp. are among the most studied bioeffectors and have long been known as effective antifungal biocontrol agents. Besides the classical antagonistic mechanisms (competition, antibiosis, mycoparasitism), growth promotion and systemic resistance induction on the host plant are considered as further, indirect antagonistic mechanisms enabling a more efficient plant defence against fungal plant pathogens. On the other hand, the mycoantagonistic potential of the genus *Trichoderma* can also be harmful on the context of mushroom production: certain *Trichoderma* spp. cause green mould disease of various cultivated mushrooms (*Agaricus bisporus*, *Pleurotus ostreatus*, *Lentinula edodes*, etc.), resulting in huge losses on the mushroom industry. The characteristic symptoms of green mould are green spots appearing on the compost, casing soil or the growing substrate of the mushrooms or even on the fruiting bodies. Mushroom yield can drop drastically or may be even entirely wiped out. Due to the frequent problem of misidentifications within the genus *Trichoderma*, the active strains included in *Trichoderma*-based commercial biocontrol products should be subjected to species-level identification by sequence-based molecular methods, in order to minimise the risks to mushroom production by the inadvertent

agricultural application of eventually misidentified *Trichoderma* strains that may cause green mould in mushroom production.

This study was supported by projects 2020-1.1.2-PIACI-KFI-2020-00111, 2022-1.2.6-TÉT-IPARI-TR-2022-00009 and 2023-1.1.1-PIACI_FÓKUSZ-2024-00044 (National Research, Development and Innovation Office, Hungary).



Elsődleges fontosságú patogén gombák az Egészségügyi Világszervezet szerint

MAJOROS László

Debreceni Egyetem, Orvosi Mikrobiológiai Intézet, 4032 Debrecen, Nagyerdei körút 98. – Department of Medical Microbiology, University of Debrecen, 4032 Debrecen, Hungary

Az utóbbi években a gombák által okozott fertőzésekre kevesebb figyelmet fordítottak. A COVID-19 pandémia, a klímaváltozás, a fokozódó antifungális rezisztencia és az immunszupprimált betegek számának a növekedése miatt világszerte tapasztalták az invazív gombás fertőzések gyakoribb előfordulását, beleértve az aspergillózist, a kandidiázist és a mukoromikózist. A legújabb adatok alapján évente 6,5 millió ember szenved invazív gombafertőzésben, akik közül 3,8 millió beteg életét nem lehet megmenteni. Évente 3 950 282 embernél diagnosztizálnak invazív aspergillózist vagy krónikus pulmonáris aspergillózist, akik közül 2 141 000 beteg meghal. A *Candida* fajok okozta invazív fertőzések miatt évente 995 000 ember hal meg. A *Pneumocystis jirovecii* által okozott pneumonia 214 ezer, míg a *Cryptococcus neoformans* által okozott meningitis 147 ezer ember halálát okozza évente. Különösen riasztó, hogy 2,5 millió ember haláláért közvetlenül a gombák a felelősek.

Az Egészségügyi Világszervezet (WHO) a közelmúltban adta ki az Elsődleges Fontosságú Patogén Gombák Listáját, amelyben a klinikailag fontos gombák rangsorát közegészségügyi fontosságuk, illetve az antifungális rezisztenciájuk alapján határozták meg. A *kiemelten* fontos csoportba a *Cryptococcus neoformans*, a *Candida auris*, a *C. albicans* és az *Aspergillus fumigatus* kerültek. A *nagyon* fontos csoportba a *Nakaseomyces glabrata* (\equiv *Candida glabrata*), a *Histoplasma* fajok, az eumycetomáért felelős kórokozók, a *Mucor* fajok, a *Fusarium* fajok, a *Candida tropicalis* és a *C. parapsilosis* kerültek. A *közepesen* fontos csoportba a *Scedosporium* fajokat, a *Lomentospora prolificans*-t, a *Coccidioides* fajokat, a *Pichia kudriavzevii*-t (= *Candida krusei*), a *Cryptococcus gattii*-t, a *Talaromyces marneffei*-t, a *Pneumocystis jirovecii*-t és a *Paracoccidioides* fajokat foglalta magába. Érdekesség, hogy ezen gombák közül néhány csak jól meghatározott földrajzi területen fordul elő (pl. *Paracoccidioides* fajok), míg más fajok világszerte nagy veszélyt jelentenek a AIDS-ben szenvedő betegekre, és mégis csak a közepesen fontos csoportba kerültek (pl. *Pneumocystis jirovecii*). Különleges helyet foglal el a *Candida auris*, amelynek a rezervoárja az emberi tevékenységtől mentes környezet, de a globális felmelegedés, illetve a madarak által bekerült az embert megfertőző kórokozók közé. Sajnálatos módon az Elsődleges Fontosságú Patogén Gombák Listáján szereplő kórokozók esetén nincs átfogó információ a betegségek gyakoriságáról, járványügyi jelentőségükről, a klinikai kimenetelről, illetve az antifungális érzékenységükről. A jövő feladatai közé tartoznak: (1) a diagnosztikai laboratóriumok fejlesztése; (2) folyamatos befektetés a kutatásba és a fejlesztésbe; (3) közegészségügyi intézkedések megtétele.

Fungal priority pathogens list according to the World Health Organization

Fungal infections have received little attention in the past few years. However, the COVID-19 pandemic, climate change, increased resistance to antifungal drugs, and an increased number of immunocompromised patients have driven a recent global surge in pathogenic fungal infections, including aspergillosis, candidiasis, and mucormycosis. Annually, 3 950 282 people develop invasive aspergillosis or chronic pulmonary aspergillosis with 2 141 000 deaths. About 1 565 000 people have a *Candida* bloodstream infection or invasive candidiasis each year, with 995 000 deaths. *Pneumocystis pneumonia* affects 505 000 people, with 214 000 deaths. Cryptococcal meningitis affects 194 000 people, with 147 000 deaths. These new data estimate an annual incidence of 6.5 million invasive fungal infections and 3.8 million deaths, of which about 2.5 million were directly attributable. The recently developed WHO Fungal Priority Pathogens List (FPPL) has now identified critical, high, and medium priority fungal pathogens ranked on their public health impact and/or risk of emerging antifungal resistance. The critical priority group includes four pathogens: *Cryptococcus neoformans*, *Candida auris*, *C. albicans* and *Aspergillus fumigatus*. The high priority group includes seven pathogens: *Nakaseomyces glabrata* (\equiv *Candida glabrata*), *Histoplasma* spp., eumycetoma causative agents, *Mucorales*, *Fusarium* spp., *Candida tropicalis* and *C. parapsilosis*. The medium priority group includes eight pathogens: *Scedosporium* spp., *Lomentospora prolificans*, *Coccidioides* spp., *Pichia kudriavzevii* (= *Candida krusei*), *Cryptococcus gattii*, *Talaromyces marneffeii*, *Pneumocystis jirovecii* and *Paracoccidioides* spp. Interestingly, some of these fungal pathogens (e.g., *Paracoccidioides* spp.) are confined to certain geographical areas and therefore are not considered a priority globally. In addition, some pathogens cause infection and represent a health threat in specific populations only, e.g., *Pneumocystis jirovecii* is one of the main pathogens causing opportunistic infections in people living with HIV/AIDS, but it ranked low in the FPPL. Some new fungal species are believed to have emerged due to climate change. For example, *Candida auris* has a possible nonhuman environmental reservoir and dispersal by birds. All the 19 pathogens lack comprehensive information on the burden of disease, in terms of data from formal surveillance and linkage to clinical outcomes, and susceptibility. In the future should be focus on: (1) strengthening laboratory capacity; (2) sustainable investments in research and development; and (3) public health interventions.



A soksejtűség megjelenése és elvesztése a gombavilágban

NAGY G. László

HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Lendület Gomba Genomika és Evolúció Csoport, Szeged – HUN-REN Biological Research Centre Szeged, Fungal Genomics and Evolution Lab, Szeged, Hungary; lnagy@funngenomelab.com

A soksejtűség megjelenése az evolúció egyik nagy átmenete volt, hajtóerejének és mechanizmusainak sok aspektusa azonban máig nem teljesen feltárt. A gombák hosszú időn keresztül a soksejtűségre vonatkozó kutatások perifériáján voltak, köszönhetően sajátos megjelenési formáiknak és a többi soksejtű formától való különbözőségüknek. Pont a gombák sajátos szerveződéséből adódóan, azonban nagyban hozzájárulhatnak a soksejtűség megjelenésével kapcsolatos általános törvényszerűségek felismeréséhez, valamint, akár, az elsősorban a Metazoa-kutatásokból származó általános törvényszerűségeknek hitt folyamatok jobb megértéséhez. Munkánk során a gombákat, mint modellrendszert használjuk a soksejtűség evolúciójának megértésére. A gombák országában, eltérően más élőlénycsoportoktól, számos komplexitásbeli átmenet rekonstruálható. A komplex soksejtűség legalább nyolc alkalommal megjelent, míg az élesztőszerű és dimorf csoportokban a soksejtűség legalább 14 alkalommal részben vagy teljesen elveszett. Jelen munkában a soksejtűség megjelenésének és elvesztésének evolúciós és genetikai aspektusaira fókuszálunk, különös tekintettel olyan mechanizmusokra, amelyek elősegíthetik a konvergens komplexitásbeli változásokat.

The origins and losses of multicellularity in fungi

The origin of multicellularity has been one of the major transitions in the history of life, however, many aspects of its driving forces and mechanisms are incompletely known. Fungi have been at the periphery of research on multicellularity for a long time, due to their unique organization and distinctness from other multicellular lineages. Due to this uniqueness, however, fungi can be a great model system for studying multicellularity and can contribute to testing hypotheses on the general principles of these evolutionary transitions. In our work we use fungi as a model system to understand the evolution of multicellularity. In contrast to other lineages, the fungal kingdom harbours multiple transitions to and from multicellularity in various clades and of diverse evolutionary ages. Complex multicellularity has evolved at least eight times, whereas secondarily and facultatively unicellular lineages, known as yeasts and dimorphic fungi, have evolved at least 14 times. In this talk I will focus on the evolution and loss of multicellularity in fungi, with special emphasis on mechanisms that can facilitate convergent transitions in complexity.



Az ozmofília megértése: molekuláris betekintés az *Aspergillus wentii* és az *Aspergillus nidulans* ozmotikus stresszválaszaiba

BODNÁR Veronika^{1,2}, ANTAL Károly³, DE VRIES P. Ronald⁴, PÓCSI István^{1,5} & EMRI Tamás^{1,5}

¹Debreceni Egyetem, Természettudományi és Technológiai Kar, Biotechnológiai Intézet, Molekuláris Biotechnológiai és Mikrobiológiai Tanszék, Debrecen – Department of Molecular Biotechnology and Microbiology, Institute of Biotechnology, Faculty of Science and Technology, University of Debrecen, Debrecen; bodnar.veronika@unideb.hu

²Debreceni Egyetem, Táplálkozás- és Élelmiszertudományi Doktori Iskola, Debrecen – Doctoral School of Nutrition and Food Sciences, University of Debrecen, Debrecen, Hungary

³Eszterházy Károly Katolikus Egyetem, Természettudományi Kar, Biológiai Intézet, Állattani Tanszék, Eger – Department of Zoology, Eszterházy Károly Catholic University, Eger, Hungary

⁴Fungal Physiology, Westerdijk Fungal Biodiversity Institute & Fungal Molecular Physiology, Utrecht, Netherlands

⁵HUN-REN-DE Gomba Stresszbiológiai Kutatócsoport, Debrecen – HUN-REN-UD Fungal Stress Biology Research Group, Debrecen, Hungary

Az *Aspergillus* nemzetségbe tartozó penészgombák ipari felhasználása folyamatosan növekszik különböző ipari ágazatokban, és az *Aspergillus* genomok széles körét teljesen megszekvenálták az elmúlt években. Ezen gombák közül különösen említésre méltó az ozmofil *A. wentii*, amely nagyon ígéretes a jövőbeni ipari enzim- és biodízeltermelés szempontjából. Feltételezték, hogy az *A. wentii* ozmofilitása összefüggést mutat a *gfdB* gén hiányával, amely egy NAD⁺-függő glicerín-3-foszfát dehidrogenáz enzimet kódol, ami az *Aspergillus* fajok nagy többségében jelen van, beleértve az *A. nidulans* fonalas gomba modellszervezetet is. Az *Aspergillus wentii* ozmofil fenotípusainak, valamint az *A. wentii* 'c An-*gfdB*, továbbá az *A. nidulans* Δ *gfdB* és *A. nidulans* vad típusú törzsek ozmoszenzitív fenotípusainak a háttérben álló molekuláris mechanizmusok megértése érdekében összegyűjtöttük és összehasonlítottuk e törzsek azon süllyesztett, folyékony tenyészetek a transzkriptomikai adatait, melyek különféle stresszhatásoknak voltak kitéve, beleértve az 1 M NaCl-t, 2 M szorbitot és ezek kombinációit. Ezen összehasonlító transzkriptomikai megközelítés a következő következtetésekhez vezetett: (i) Az *A. nidulans* klasszikus hiperozmotikus stresszválaszt mutatott, amelyet a trehalóz- és glicerín-metabolizmusával kapcsolatos (beleértve a *gfdB*-t), továbbá a nagy ozmolaritású glicerín (HOG) MAP-kináz útvonal gének felülszabályozása jellemez. Az *A. nidulans*-ban a *gfdB* deléciója azonban minimális változásokat eredményezett a transzkriptomban, ami azt sugallja, hogy ezen faj glicerín metabolizmusa nagymértékben kompenzálni tudta a *gfdB* delécióját *A. nidulans*-ban. (ii) Ezzel szemben az *A. wentii* eltérő választ mutatott a megnövekedett ozmolaritásra, az *A. nidulans*-hoz képest, és nem volt megfigyelhető szignifikáns felülszabályozás a glicerín- és trehalóz-metabolizmushoz vagy a HOG-útvonalhoz kapcsolódó gének esetében. (iii) Az An-*gfdB* bevitele az *A. wentii*-be nem szüntette meg annak ozmofil jellegét, de csökkent növekedéshez és szignifikánsan nagyobb változásokhoz vezetett a transzkriptomban, összehasonlítva a *gfdB* hiányával az *A. nidulans*-ban. Ezen eredmények azt sugallják, hogy a nagymértékben rugalmas glicerín-anyagcsere két eltérően szabályozott *gfd*

génénel együtt nagyobb előnyökkel járhat az ozmotoleráns *Aspergillus* fajok számára, amelyeknek alkalmazkodniuk kell az állandóan ingadozó ozmotikus viszonyokhoz az általuk elfoglalt ökológiai nichekben, mint a folyamatosan nagy ozmolaritásnak kitett ozmofil fajok esetében.

Ezt a munkát a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Hivatal NN125671 és K131767 számú projektjei támogatták. A TKP2021-EGA-20 sz. projekt a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Alap támogatásával valósult meg a TKP2021-EGA finanszírozási rendszeren keresztül. A projekt a HUN-REN Magyar Kutatási Hálózat anyagi támogatásában részesült.

Unravelling osmophily: molecular insights into the osmotic stress responses of *Aspergillus wentii* and *Aspergillus nidulans*

The utilization of moulds belonging to the fungal genus *Aspergillus* has been steadily increasing in various industrial sectors, and a wide-range of *Aspergillus* genomes were wholly sequenced in the past years. Particularly noteworthy among these fungi is the osmophilic *A. wentii*, which holds great promise for future industrial enzyme and biodiesel productions. Osmophily of *A. wentii* has been suggested to correlate with the absence of the *gfdB* gene, which potentially encodes an NAD⁺-dependent glycerol-3-phosphate dehydrogenase enzyme present in the great majority of other *Aspergillus* species, including the filamentous fungus model organism *A. nidulans*. To shed light on the molecular mechanisms underlying the appearance of osmophilic phenotypes in *A. wentii* and the osmosensitive phenotypes of *A. wentii* 'c *An-gfdB*, as well as the *A. nidulans* Δ *gfdB* and *A. nidulans* wild-type strains, we collected and compared transcriptomic data from submerged liquid cultures of these strains exposed to various stressors, including 1M NaCl, 2M sorbitol, and combinations thereof. This comparative transcriptomics approach led us to the following conclusions: (i) *A. nidulans* displayed a classic hyperosmotic stress response, characterized by the upregulation of genes related to trehalose and glycerol metabolisms (including *gfdB*) and the high-osmolarity glycerol (HOG) MAP kinase pathway. However, the deletion of the *gfdB* in *A. nidulans* resulted minimal changes in the transcriptome, suggesting that the glycerol metabolism of this species was highly capable of compensating for the lack of GfdB activity. (ii) Conversely, *A. wentii* exhibited a different response to increased osmolarity compared to *A. nidulans*, with no significant overall upregulation observed in genes associated with glycerol and trehalose metabolisms or the HOG pathway. (iii) The introduction of *An-gfdB* into *A. wentii* did not eliminate its osmophilic character but led to reduced growth and significantly larger alterations in the transcriptome in comparison to the absence of *gfdB* in *A. nidulans*. These findings suggest that a highly flexible glycerol metabolism together with two differently regulated *gfd* genes may confer greater advantages for osmotolerant *Aspergillus* species, which have to adapt to constantly fluctuating osmotic conditions in the ecological niches they occupy than for osmophilic species thriving in consistently high-osmolarity environments.

This work was supported by the National Research, Development and Innovation Office (Hungary) projects NN125671 and K131767. Project no. TKP2021-EGA-20 has been implemented with the support provided by the National Research, Development and Innovation Fund, financed under the TKP2021-EGA funding scheme. This project has received funding from the HUN-REN Hungarian Research Network.



Gombaellenes fehérjék alkalmazhatóságának vizsgálata kulturális örökség alá tartozó épületek védelmében

DÁN Kinga^{1,2}, KOCSUBÉ Sándor³, TÓTH Liliána¹, FARKAS Attila⁴, RÁKHELY Gábor^{1,5} & GALGÓCZY László^{1,6}

¹Szegedi Tudományegyetem, Természettudományi és Informatikai Kar, Biotechnológiai Tanszék, Szeged – Department of Biotechnology, Faculty of Science and Informatics, University of Szeged, Szeged, Hungary; dankinga97@gmail.com

²Szegedi Tudományegyetem, Biológia Doktori Iskola, Természettudományi és Informatikai Kar, Szeged – Biological Doctoral School, Faculty of Science and Informatics, University of Szeged, Szeged, Hungary

³Szegedi Tudományegyetem, Természettudományi és Informatikai Kar, Mikrobiológiai Tanszék, Szeged – Department of Microbiology, Faculty of Science and Informatics, University of Szeged, Szeged, Hungary

⁴HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Növénybiológiai Intézet, Szeged – Institute of Plant Biology, HUN-REN Biological Research Centre, Szeged, Hungary

⁵HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Biofizikai Intézet, Szeged – Institute of Biophysics, HUN-REN Biological Research Centre, Szeged, Hungary

⁶HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Biokémiai Intézet, Szeged – Institute of Biochemistry, HUN-REN Biological Research Centre, Szeged, Hungary

A gombák tartósan károsíthatják a kulturális örökségünk részét képező épületeket és műemlékeket. Ezekkel a biodeteriogén gombákkal szembeni védekezés gyakran agresszív fizikai technikák és vegyszerek alkalmazását igényli, amelyek tovább károsíthatják az érintett felületeket, különösen a falfestményeket. Ezért szükséges új stratégiák kidolgozása a kulturális örökség épületek védelmére. Számos tanulmány már bizonyította, hogy a természetes eredetű biocidok (pl. illóolajok, növényi alapú vegyületek) biztonságosan alkalmazható penészmentesítési alternatívát kínálnak. Az utóbbi időben számos közlemény arról számolt be, hogy a fonalas tömlősgombák által termelt kis molekulatömegű antifungális fehérjék hatékonyan gátolják az élesztő- és penészgombák növekedését. Ezeknek a gombaellenes fehérjéknek a vizes oldata felületi biofungicidként biztonságosan alkalmazható penészmentesítési eljárást nyújthat a kulturális örökség alá tartozó épületek védelmében, mivel számos előnyös tulajdonsággal rendelkeznek, mint például nagy szerkezeti stabilitás extrém környezeti körülmények között, vízzoldhatóság, proteázokkal szembeni ellenállóképesség és széles antifungális spektrum. Munkánk során a kulturális örökségünk részét képező kézdialbisi református templom (Kézdialbis, Románia) belső falairól izolált penészgombák ellen vizsgáltuk a *Neosartorya fischeri* (\equiv *Aspergillus fischeri*) által termelt két gombaellenes fehérje, az NFAP és az NFAP2 hatékonyságát. *In vitro* gombaellenes mikrodilúciós érzékenységi tesztek során kimutattuk, hogy ezek a fehérjék különböző hatékonysággal gátolják a leggyakrabban előforduló beltéri biodeteriogén penészgombák (*Aspergillus creber*, *Aureobasidium pullulans*, *Cladosporium* sp., *Penicillium chrysogenum* és *Parengyodontium album*), és a kevésbé gyakoriak (*Beauveria pseudobassiana*, *Mucor hiemalis*, *Sarocladium kiliense*) növekedését. Ezt követően falmodellkísérletben teszteltük az NFAP és NFAP2 alkalmazhatóságát *Aspergillus creber* ellen. Mindkét gombaellenes fehérje felületi alkalmazása jelentős mértékben csökkentette a gombával fertőzött felület nagyságát, ahol az *A. creber* kis mértékű növekedést és konídiumképzést mutatott.

Ez a gátló hatás három hónapig is fennmaradt az NFAP és az NFAP2 felületi alkalmazását követően, viszont az ultrabolya-sugárzás csökkentette a fehérjék védőhatását. Figyelembe véve ezeket az eredményeket, az NFAP és NFAP2 alkalmazható lehet műemléképületek festett falainak biodeteriogén gombák elleni védelmében vagy mechanikai, fizikai vagy kémiai dekontaminációt követő utókezelésre, azért, hogy megakadályozzuk a penészgombák rekolonizációját.

Dán Kinga munkáját a Forerunner Federation szervezet Székely Előfutár Ösztöndíja és az ELTE Márton Áron Szakkollégium ösztöndíja támogatta. Galgóczy László munkáját a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Hivatal FK 134343 azonosítószámú pályázat támogatta.

Exploring the application of antifungal proteins in protection of cultural heritage buildings

Fungi have the potential to cause deterioration of cultural heritage buildings and stone monuments. Protection against them often requires the application of aggressive physical techniques and chemicals that can further damage the fungus-affected surface, particularly mural paintings. Therefore, development of new cultural heritage building protection strategies is needed. Several studies already proved that natural biocides (e.g., essential oils and plant-based compounds) represent promising safely applicable mould decontamination alternatives. Recently it was demonstrated that the small molecular weight antifungal proteins secreted by filamentous ascomycetes are able to inhibit the growth of yeasts and moulds. Considering their beneficial features such as high stability within harsh environmental conditions, water solubility, protection against protease degradation and wide antifungal spectrum; they can be applicable as topical biofungicides in aqueous solution to protect buildings of cultural heritage. In the present work the mould mycoflora of interior walls of the cultural heritage Calvinist church of Kézdiabris (Romania) was isolated and the susceptibilities to *Neosartorya fischeri* (\equiv *Aspergillus fischeri*) antifungal proteins, NFAP and NFAP2 were determined. *In vitro* microdilution antifungal susceptibility testing results demonstrated that both proteins effectively inhibited the growth of the most commonly isolated indoor biodeteriogen fungi at the site (*Aspergillus creber*, *Aureobasidium pullulans*, *Cladosporium* sp., *Penicillium chrysogenum*, *Parengyodontium album*) and less common species (*Beauveria pseudobassiana*, *Mucor hiemalis*, *Pseudopithomyces chartarum*, *Sarocladium kiliense*). Subsequently, we tested the applicability of NFAP and NFAP2 in protecting cultural heritage buildings in a wall model experiment against *A. creber*. Topical application of these antifungal proteins significantly reduced fungal infection areas, whereon suppressed growth and conidiation of *Aspergillus creber* was observed. This inhibitory effect maintained in the wall model experiments after three months of topical application of NFAP and NFAP2, however ultra-violet irradiation decreased the protective effect. Based on these findings we suggest the potential applicability of NFAP and NFAP2 in the protection of painted walls of cultural heritage buildings against fungal biodeteriogens or post treatment to inhibit mould recolonization after physical or chemical decontamination.

Kinga Dán holds a Székely Forerunner Fellowship from the Forerunner Federation USA, and fellowship from ELTE Márton Áron Special College. The present work of László Galgóczy was financed by the Hungarian National Research, Development and Innovation Office, FK 134343 project.



Fenntartható laskagomba-termesztés lehetősége városi környezetben, avagy az innováció sokoldalúsága

GYALAI-KORPOS Miklós & SOMOSNÉ NAGY Adrienn

Pilze-Nagy Kft., Kecskemét – Pilze-Nagy Ltd., Kecskemét, Hungary; research@pleurotus.hu

A 30 éves laskagomba-termesztő tudására alapozva a Pilze-Nagy Kft. egy olyan koncepciót dolgozott ki, amely lehetővé teszi városokban a körforgásos laskagomba-termesztést az ott rendelkezésre álló biohulladékok felhasználásával. A szerzők az előadásban a koncepció kidolgozásának lépéseit mutatják be megvilágítva egy innovatív koncepció kidolgozásának sokoldalúságát. A laskagombák (*Pleurotus spp.*) a lignocellulóiban gazdag biomassza elsődleges lebontásában részt vevő élőlények, ami lehetővé teszi, hogy sokféle növényi rostban gazdag táptalajon megéljenek. Ennek ellenére az élelmezési célú laskagomba-termesztéshez főleg a kalászosok szárát használják fel. A laskagomba-termesztés széles körben való elterjesztéséhez elengedhetetlen az alapanyagok körének kiszélesítése, így például a városi biohulladékok alkalmazása.

Először a koncepció biológiai–műszaki alkalmazhatóságát vizsgáltuk meg, különféle biohulladék mintákon. Bizonyos receptúrákon a kontrollként alkalmazott búzaszalma alapú szubsztrátummal összevethető hozamot értünk el. Ugyanakkor egyéb műszaki kihívásokkal is szembesültünk. Egyes biohulladékok ugyanis magas nedvességtartalmuk és könnyen felvehető tápanyagtartalmuk miatt jó táptalajként szolgálnak a mikroorganizmusok számára, így nehezen stabilizálhatóak. Így a begyűjtés és tárolás folyamatára is figyelmet kellett fordítanunk.

A megfelelő termesztési technológiát is létrehoztuk. Az így kifejlesztett gombaszekrényben a laskagomba igényeinek megfelelő légállapotot szenzorok jelei alapján egy algoritmus szabályozza és optimalizálja. Sokszor egy innováció kifejlesztésének folyamatát kizárólag csak a műszaki és technikai feltételek oldaláról vizsgáljuk, azonban – mint jelen eset is mutatja – az egyéb tényezők (például jogi, társadalmi és gazdasági) is legalább ugyanolyan lényegesek. 2024. január 1-től az EU tagállamok számára kötelező a biohulladék szelektív gyűjtése vagy helyben hasznosítása. A jogszabályi támogató keretrendszer ismeretben megvizsgáltuk a technológia társadalmi elfogadottságát is, amihez egy kérdőívet használtuk. A 250 válasz egyértelműen abba az irányba mutat, hogy a koncepció egy elfogadható alternatíva a fogyasztó szempontjából. A koncepció gazdasági feltételrendszerét is elemeztük, ahol a fő kérdés, hogy a potenciális felhasználók, hajlandóak-e a koncepció nem számszerűsíthető előnyeit megfizetni.

A projekt „Az adatközpontú innováció alkalmazása a gomba termelés értékláncában a termelékenység és az adatmegosztás javítása érdekében” címmel, 2019-2.1.7-ERA-NET-2020-00012 azonosító számmal az NKFI alapból, továbbá az ERA-NET COFUND /ICT-AGRI-FOOD program keretében az Európai Unió Horizon 2020 kutatási és innovációs programjából (támogatási szerződés no 862665) részesült támogatásban.

Possibilities of sustainable oyster mushroom production in cities: the versatility of innovation

Based on its 30-years of experiences in oyster mushroom growing, Pilze-Nagy Ltd. has developed a concept that enables circular oyster mushroom cultivation in cities using the organic waste available there. In the presentation, the authors present the steps involved in developing the concept, highlighting the versatility of developing an innovative concept. Oyster mushrooms (*Pleurotus* spp.) are organisms involved in the primary breakdown of lignocellulose-rich biomass, which allows them to live on a variety of plant fibre-rich media. Despite this, the stalks of cereals are mainly used to grow oyster mushrooms for food. Widening the range of raw materials, such as the use of urban bio-waste, is essential for the wide spread of oyster mushroom cultivation.

First, we examined the biological-technical applicability of the concept, on various bio-waste samples. In certain recipes, we achieved a yield comparable to the wheat straw-based substrate used as a control. At the same time, we also faced other technical challenges. Some organic wastes serve as a good breeding ground for microorganisms due to their high moisture, and easily available carbon and nutrient contents, so they are difficult to stabilize. Thus, we also had to pay attention to the collection and storage process. We have also created the appropriate cultivation technology. In the mushroom growing cabinet developed in this way, an algorithm regulates and optimizes the environmental conditions that meet the needs of the mushroom based on sensor signals.

Often, the process of developing an innovation is examined exclusively from the side of technical conditions, however, as the present case shows, other factors (e.g., legal, social and economic) are at least as important. From January 1, 2024, the selective collection or local utilization of organic waste is mandatory for EU member states. Knowing the legal supportive framework, we also examined the social acceptance of the technology, for which we used a questionnaire. The 250 answers clearly point in the direction that the concept is an acceptable alternative from the point of the consumer. We also analysed the concept's economic conditions, where the main question is whether potential users are willing to pay for the concept's unquantifiable benefits.

The project entitled "Unlocking data-driven innovation for improving productivity and data sharing in mushroom value chain" received funding with identification number 2019-2.1.7-ERA-NET-2020-00012 from the NKFI fund, as well as from the European Union's Horizon 2020 research and innovation programme under grand agreement no 862665 ICT-AGRI-FOOD.



Termesztett csiperkegomba automatizált szedésének technológiai fejlesztése képfeldolgozással

HUBAY Csongor¹, GÉCZY Attila¹ & GEÖSEL András²

¹Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi Egyetem, Villamosmérnöki és Informatikai Kar, Elektronikai Technológia Tanszék, Budapest – Budapest University of Technology and Economics, Faculty of Electrical Engineering and Informatics, Department of Electronics Technology, Budapest, Hungary

²Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Kertészettudományi Intézet, Zöldség- és Gombatermesztési Tanszék, Budapest – Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Faculty of Horticultural Sciences, Department of Vegetable and Mushroom Growing, Budapest, Hungary

A világon évről-évre növekszik a termesztett (kétspórás) csiperke (*Agaricus bisporus*) mennyisége, Európában a leggyakrabban fogyasztott változata a fehér csiperkegomba. A gombatermesztő üzemeknek állandó kihívást jelent a szedéshez szükséges munkaerő biztosítása a növekvő bérigények mellett, amely az önköltség jelentős részét, akár a harmadát is kiteszi. A magas piaci minőségi követelmények miatt a kezdetleges technológiák egyelőre nem képesek helyettesíteni a kézi szedést. Kutatásunk ezért a csiperkegomba automatizált szedésének technológiai fejlesztésére irányul. Célunk egy olyan eljárás kidolgozása, amely képes a termőfelületről készített képeken a megfelelő méretű gombákat kiválasztani és azok szedési pozícióját előállítani. Képfeldolgozás megvalósításához a Python programozási nyelvet, és az *OpenCV* és *NumPy* könyvtárakat alkalmaztuk. Az algoritmus működésének ellenőrzését, tesztelését valós, professzionális termesztésből származó képekből összeállított adathalmazon végeztük. A fejlesztés során olyan tényezőket is figyelembe vettünk, mint például az összenőtt, összeérő gombakalapok, kalap alól előbújó primordiumok, eldőlt, oldalról látható tönk, a takaró föld szennyeződés stb. A feladat nehézségét fokozza a fehér micéliumok jelenléte, amelyek jelentős mértékben nehezítik a felismerést. A gombák kalapján lévő elszíneződéseket és talajdarabok eltávolítását saját algoritmussal végeztük, mert az *OpenCV floodFill* függvénye és a *Morphological Closing* nem hoztak kielégítő eredményeket. A szedőfej pozícióját az objektum kontúrvonalának majd a centrális momentumának kiszámításával határoztuk meg. A program működésének kiértékeléséhez az algoritmus színeket rendel az objektumokhoz, amely megkönnyíti a szegmentálás hatékonyságának ellenőrzését. Megoldást dolgoztunk ki a kis látótér miatt a fényképről lelógó termőtestek kezelésére. A kutatás során elemeztük a különböző megvilágítási körülmények képfeldolgozásra gyakorolt hatását. Az eredmények azt mutatták, hogy a program működésénél kulcsfontosságú a fényképek minősége, mivel nagyban megnehezíti a felismerést a helytelen megvilágítás, az árnyékok jelenléte, a mélységélességből adódó élettenség és a nem megfelelő szögből készült felvétel. Az algoritmus hatékonyságát jelentősen befolyásolta az *OpenCV Watershed* szegmentáló algoritmusának pontossága, amely az apró, illetve a kép széléhez érő gombák esetén kevesébe tudta szétválasztani az objektumokat. A megalkotott programmal nem csak a gombák felismerése és a leszedendő gombák koordinátáinak előállítása végezhető el igen jó hatékonysággal, hanem a jövőben támogathatná az AI alapú algoritmus feltanítását.

Technological development of automated harvesting for cultivated button mushroom using image processing

The amount of mushrooms cultivated around the world is constantly increasing, and the most commonly consumed species in Europe is the white button mushroom (*Agaricus bisporus*). Mushroom producers are facing a permanent challenge to provide the labour for harvesting, with increasing wage demands, which account for a significant proportion, up to a third, of the production costs. Due to high market quality requirements, early technologies are currently not able to replace manual picking. Our research therefore aims at facilitating the automated picking of button mushrooms and improving the technology. We aim to develop a method that can select the right size of mushrooms from field images and produce their picking position. We used the Python programming language, along with the OpenCV and NumPy libraries, to implement image processing. The performance of the algorithm was verified and tested on a dataset of images compiled from real professional cultivation. The development also considered factors such as fused, overlapping mushroom heads, mushroom stems emerging from under caps, fallen or laterally visible stumps, cover soil contamination, and white mycelia which make detection significantly more difficult. The removal of discolorations and soil pieces from mushrooms caps was performed with our own algorithm, because OpenCV's floodFill function and Morphological Closing did not give satisfactory results. The picker head position was determined by calculating the object's contours and the central moments. To help evaluate the performance of the program, the algorithm assigns colours to the objects, which makes easier to check the efficiency of the segmentation. We managed a solution for handling fruiting bodies that extend beyond the edge of the image due to the small field of view. We also analysed the impact of various lighting conditions on image processing. The results indicated that the quality of photographs is crucial for the program's performance, as improper lighting, the presence of shadows, blurriness due to depth of field, and images taken from inadequate angles greatly complicate recognition. The efficiency of the algorithm was significantly affected by the accuracy of the OpenCV Watershed segmentation algorithm, which in some cases could not separate objects in the case of small or those mushrooms that were reaching the edge of the image. The developed program not only enables the efficient identification of mushrooms and generation of their harvesting coordinates but, it also has the potential to support the future training of AI-based algorithms.



Fémionok szerepe gomba alapú szerves sav fermentációiban

KARAFFA Levente¹, BÍRÓ Vivien^{1,2}, MÁRTON Alexandra^{1,2}, BAKONDI-KOVÁCS István^{1,2}, KUBICEK Christian P.³ & FEKETE Erzsébet¹

¹Debreceni Egyetem, Biomérnöki Tanszék, Debrecen – Department of Biochemical Engineering, University of Debrecen, Debrecen, Hungary; levente.karaffa@science.unideb.hu

²Debreceni Egyetem, Juhász-Nagy Pál Doktori Iskola, Debrecen – Juhász-Nagy Pál Doctoral School of Biological and Environmental Sciences, University of Debrecen, Debrecen, Hungary

³Institute of Chemical, Environmental & Bioscience Engineering, Vienna, Austria

Egyes fonalgomba-fajokban meghatározott élettani-környezeti (ill. az ezeket reprodukáló technológiai) körülmények között a szénforrás lebontása a szerves savak szintjén megakadhat, amit jelentős mértékű felhalmozódás és kiválasztódás követhet. A „túltermelő anyagcsere” jelenségére egy komplett iparág épült: a fermentációs úton előállított egy-, illetve többértékű szerves savak (karbonsavak) az ipari biotechnológia legrégebb, mennyiségileg és gazdaságilag legjelentősebb tömegtermékei közé tartoznak. Magas termékhozam eléréséhez meghatározott összetételű fermentációs táptalajra van szükség, melyben négy átmenetifém-ion – a mangán (Mn^{2+}), a vas (Fe^{2+}), a réz (Cu^{2+}) és a cink (Zn^{2+}) – koncentrációja és egymáshoz viszonyított aránya kritikusan fontos. E fémionok szervessav-túltermelésben játszott biokémiai és élettani szerepét, a fermentációkhoz kapcsolódó technológiai és analitikai aspektusokat foglaljuk össze, kihangsúlyozva a piaci szempontból messze legjelentősebb szerves sav, a citromsav esetét.

A kutatás a Kulturális és Innovációs Minisztérium ÚNKP-23-3-II-DE-359 és ÚNKP-23-4-I-DE-362 kódszámú Új Nemzeti Kiválóság Programjának a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Alapból finanszírozott szakmai támogatásával ment végbe.

Trace metal ions in fungal organic acid fermentations

Under well-defined physiological and environmental conditions, certain filamentous fungi are capable of converting essentially all available carbon source into organic acids, and subsequently secreting them into the extracellular space. This phenomenon, also referred to as the metabolic overflow of primary metabolism, is exploited for the industrial-scale fermentative production of organic acids, a traditional but economically still thriving segment of fungal industrial biotechnology. For high product yield, chemical composition of the fermentation growth medium is crucial in providing the necessary conditions, of which the concentrations of four of the first-row transition metal elements – manganese (Mn^{2+}), iron (Fe^{2+}), copper (Cu^{2+}) and zinc (Zn^{2+}) – stand out. We discuss the biochemical roles of these ions in fungal overflow mechanisms, the physiological consequences of their influence on product accumulation, as well as the metal ions-related technical aspects of submerged organic acid fermentations – all with an emphasis on citrate, the commercially most important organic acid produced by a fungal platform.

This research was supported by the ÚNKP-23-3-II-DE-359 and the ÚNKP-23-4-I-DE-362 New National Excellence Programs of the Hungarian Ministry for Culture and Innovation from the source of the National Research, Development and Innovation Fund, respectively.



Az aszperkriptin génklasztert szabályozó *AtnN* transzkripció faktor funkcionális analízise *Aspergillus nidulans*-ban

KOCSIS Beatrix^{1,2}, BOLDIZSÁR Imre^{3,6}, KOVÁCS M. Gábor³, NAGY Tibor⁴, GYÉMÁNT Gyöngyi⁵, CSILLAG Kinga¹, PÓCSI István^{1,2} & LEITER Éva^{1,2}

¹Debreceni Egyetem, Természettudományi és Technológiai Kar, Biotechnológiai Intézet, Molekuláris Biotechnológiai és Mikrobiológiai Tanszék, Debrecen, – Department of Molecular Biotechnology and Microbiology, Institute of Biotechnology Faculty of Science and Technology, University of Debrecen, Debrecen, Hungary; kocsis.beatrix@science.unideb.hu

²HUN-REN-DE Gomba Stresszbiológiai Kutatócsoport, Debrecen – HUN-REN-UD Fungal Stress Biology Research Group, Debrecen, Hungary

³Eötvös Loránd Tudományegyetem, Biológiai Intézet, Növény-szervezet-tani Tanszék, Budapest – Department of Plant Anatomy, Institute of Biology, Eötvös Loránd University, Budapest, Hungary

⁴Debreceni Egyetem, Természettudományi és Technológiai Kar, Alkalmazott Kémiai Tanszék, Debrecen – Department of Applied Chemistry, Faculty of Science and Technology, University of Debrecen, Debrecen, Hungary

⁵Debreceni Egyetem, Természettudományi és Technológiai Kar, Szervetlen és Analitikai Kémiai Tanszék, Debrecen – Department of Inorganic and Analytical Chemistry, Faculty of Science and Technology, University of Debrecen, Debrecen, Hungary

⁶Semmelweis Egyetem, Farmakognózi Intézet, Budapest – Department of Pharmacognosy, Semmelweis University, Budapest, Hungary

A fonalas gombáknak óriási jelentősége van a szekunder metabolitok, mint pl. antimikrobiális szerek, immunszuppresszáns hatású anyagok, illetve a mikotoxinok termelésében. A laboratóriumi körülmények között alvó állapotban lévő szekunder metabolit génklaszterek stresszhatásra aktiválódhatnak, és a termelődő vegyületek így a gombát egy hatékony védekezőrendszerrel vértetik fel a környezetben megtalálható más mikroorganizmusokkal szemben. A szintáz (*atnA*) és a transzkripció faktor (*atnN*) tartalmazó aszperkriptin génklasztter egy bizonyítottan stresszérzékeny klasztter, amely *Aspergillus nidulans*-ban oxidatív stressz hatására aktiválódott. Ezen tanulmány során az általunk előállított *atnN* deléció (Δ) és túltermelő (OE) törzsek fenotípusos jellemzése során megvizsgáltuk stresszérzékenységüket (oxidatív, ozmotikus, nehézfém- és sejtfal-integritás stresszt alkalmazva), az ivaros szaporodásukat, illetve a szekunder metabolit termelésüket. Stresszor hiányában az *atnNOE* mutáns esetén lassabb növekedést tapasztaltunk. A Δ *atnN* törzs az oxidatív stresszt kiváltó *tBOOH*-ra érzékenynek, az *atnNOE* viszont MSB-re rezisztensnek bizonyult. A sejtfal-integritás stresszt okozó kongóvörösre és az ozmotikus stresszt előidéző szorbitra szintén a túltermelő mutáns volt rezisztens. A gombáknál ismert, hogy a stresszérzékenység, ivaros szaporodás és a szekunder metabolitok termelése között szoros kapcsolat áll fenn. Az ivaros szaporodást vizsgáló kísérleteink szerint a Δ *atnN* mutáns csökkent kleisztotécium-képzésre volt képes. A transzkripció faktor mutációja néhány szekunder metabolit termelésére is hatással volt: az intracelluláris sziderofór, a ferri-krocin (FC) koncentráció növekedése mellett az extracelluláris triacetil-fuzarinin C (TAFC) termelés csökkenését figyeltük meg az *atnNOE* mutáns 1% mikológiai pepton és 2% maltóz tartalmú folyékony rázatott tenyészetében. Czapek-Dox táptalajon a Δ *atnN* törzs fokozott aszpertercin termelésre volt képes.

A sterigmatocisztin mikotoxin szintje a deletált mutánsban növekedett, amíg a túltermelő törzsben csökkent. Eredményeink bizonyítják az AtnN szabályozása alatt álló folyamatok, mint a stresszválasz, ivaros szaporodás és a szekunder metabolitok termelése közötti kapcsolatot, így az AtnN jelentősebb szerepet tölt be, funkciója nem csak az asperkriptin klaszter szabályozásából áll.

A kutatás a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Hivatal K119494, K127931 és K135712 pályázati források finanszírozásával valósult meg. A TKP2021-EGA-20 (Biotechnológia) számú projekt a Nemzeti Kutatási Fejlesztési és Innovációs Alapból biztosított támogatással, a TKP2021-EGA pályázati program finanszírozásában valósult meg. A projekt a HUN-REN Magyar Kutatói Hálózat támogatásában is részesült.

Functional analysis of the AtnN transcription factor regulating the aspercryptin gene cluster in *Aspergillus nidulans*

Filamentous fungi play an enormous role in the production of secondary metabolites such as antimicrobial agents, immunosuppressive substances and mycotoxins. Secondary metabolite gene clusters, which are dormant under normal laboratory conditions, can be activated by stress, and the compounds produced supply the fungus with an effective defence system against other microorganisms in the environment. Aspercryptin gene cluster containing the synthase (*atnA*) and the transcription factor (*atnN*) is proved to be a stress-sensitive cluster, which is activated in *Aspergillus nidulans* by oxidative stress. In this study we generated and functionally characterised the *atnN* deletion (Δ) and overexpression (OE) strains. We examined their stress sensitivity (applying oxidative, osmotic, heavy metal and cell wall integrity stress), sexual reproduction and secondary metabolite production. In the absence of a stressor, slower growth was observed in the *atnNOE* strain. The Δ *atnN* strain was found to be sensitive to the oxidative stress-inducing *t*BOOH, whereas *atnNOE* was resistant to MSB. The overexpression mutant was also resistant to Congo red, which causes cell wall integrity stress, and sorbitol eliciting osmotic stress. In fungi it is known that there is a close relationship between stress sensitivity, sexual reproduction and the production of secondary metabolites. Our experiments examining the sexual reproduction showed that the Δ *atnN* mutant had reduced cleistothecium formation. The mutation of the transcription factor also affected the production of some secondary metabolites: in addition to an increase in the concentration of the intracellular siderophore ferricrocin (FC), a decrease in the production of extracellular triacetyl-fusarinin C (TAFC) were observed in the liquid shaking culture of the *atnNOE* mutant containing 1% mycological peptone and 2% maltose. The Δ *atnN* strain had increased asperthecin production on Czapek-Dox medium. The level of the mycotoxin sterigmatocystin increased in the deletion mutant while decreased in the overexpression strain. Our results demonstrate the link between stress response, sexual reproduction and secondary metabolite production regulated by AtnN, supporting the extended role of AtnN beside regulating the aspercryptin cluster.

The research was financed by the National Research, Development and Innovation Office K119494, K127931 and K135712 grants. Project no. TKP2021-EGA-20 (Biotechnology) provided support from the National Research, Development and Innovation Fund of Hungary, financed under the TKP2021-EGA funding scheme. This project has also received funding from the HUN-REN Hungarian Research Network.



***Aspergillus fumigatus* és *Aspergillus nidulans* *sodB* géndeléciós mutánsainak oxidatív stresszre adott válaszánaak összehasonlító transzkriptomikai vizsgálata**

PÁKOZDI Klaudia^{1,2}, ANTAL Károly³, MISKEI Márton², SZABÓ Zsuzsa¹, PÓCSI István^{1,2} & EMRI Tamás^{1,2}

¹Debreceni Egyetem, Természettudományi és Technológiai Kar, Biotechnológiai Intézet, Molekuláris Biotechnológiai és Mikrobiológiai Tanszék, Debrecen – Department of Molecular Biotechnology and Microbiology, Institute of Biotechnology, Faculty of Science and Technology, University of Debrecen, Debrecen, Hungary; pakozi.klaudia@science.unideb.hu

²HUN-REN-DE Gomba Stresszbiológiai Kutatócsoport, Debrecen – HUN-REN-UD Fungal Stress Biology Research Group, Debrecen, Hungary

³Eszterházy Károly Egyetem, Természettudományi Kar, Biológia Intézet, Állattani Tanszék, Eger – Department of Zoology, Institute of Biology, Faculty of Natural Sciences, Eszterházy Károly Catholic University, Eger, Hungary

A mangán szuperoxid-dizmutázok (MnSOD) kulcsszerepet játszanak a fonalas gombákban a mitokondriumok működésének megőrzésében oxidatív stresszhatások alatt. Annak érdekében, hogy jobban feltérképezzük az MnSOD enzimeket kódoló gének (*sodB*) szerepét fonalas gombákban, transzkriptomikai vizsgálatokat végeztünk két fajon, az *Aspergillus nidulans*on és az *A. fumigatus*-on és azok *sodB* géndeléciós mutánsain. Az *A. nidulans* és az *A. fumigatus* Δ *sodB* mutánsai már korábban közlésre kerültek. Az *A. nidulans* esetében a *sodB* deléciója növelte az oxidatív stresszérzékenységet, valamint, többek között, befolyásolta az antioxidáns enzimek és a szterigmatocisztin termelését. Az *A. fumigatus*-ban pedig a *sodB* hiányában magas hőmérsékleten a növekedés mértéke csökkent, továbbá oxidatív stresszre túlérzékenység volt megfigyelhető. A transzkriptomikai elemzésekhez stresszmentes és menadion-nátrium-biszulfid (MSB) oxidatív stressznek kitett tenyészetekből vett minták teljes RNS-szekvenálásából származó adatokat használtuk fel. A két faj stresszérzékenysége különbözött, emiatt az alkalmazott MSB-koncentrációk is eltérők voltak, azonban hasonló növekedési gátlás (38% és 39%) volt mérhető a két referenciatörzs tenyészeiben.

Az *A. nidulans* esetében a *sodB* gén deléciója nem okozott jelentős különbséget az MSB-stressztűrésben sülyesztett kultúrában. Az MSB-stresszre reagáló gének száma hasonló volt a két törzsben (4455 gén a referencia törzsben és 5413 gén a Δ *sodB* mutánsban). A vad típusban stresszre reagáló gének csupán 15%-a nem mutatott stresszválaszt a mutánsban, ami arra utal, hogy a globális génexpressziós változások jellege is hasonló volt a két törzsben. Míg az MSB expozíció az *A. fumigatus* növekedését hasonló mértékben gátolta, mint az *A. nidulans* esetében, addig mindösszesen 218 gén reagált az MSB által kiváltott oxidatív stresszre a vad típusú *A. fumigatus* törzsben. A Δ *sodB* deléciós mutáns érzékenyebb volt az MSB jelenlétére és a stresszre reagáló gének számában is nagy volt a különbség (ezek száma 218-ról 1524-re nőtt). A vad típusú törzs oxidatív stresszre reagáló génjeinek több mint 37%-ának az expresszióját nem befolyásolta a stresszkezelés a mutánsban, ami arra utalt, hogy a két stresszválasz nemcsak a gének számában, hanem a típusában is jelentősen különbözött egymástól.

Továbbá kísérleteinkben azt is megfigyeltük, hogy az *A. fumigatus* $\Delta sodB$ deléciós mutáns oxidatív stressz érzékenysége növekedett vasmentes környezetben, azaz a *sodB* génnek fontos szerepe lehet a vas-kén klaszter fehérjéinek védelmében is.

Ezt a munkát a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Hivatal NN125671 és K131767 számú projektjei támogatták. A TKP2021-EGA-20 sz. projekt a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Alap támogatásával valósult meg a TKP2021-EGA finanszírozási rendszeren keresztül. A projekt a HUN-REN Magyar Kutatási Hálózat anyagi támogatásában részesült.

Comparative transcriptomic analysis of the oxidative stress response of *sodB* gene deletion mutants of *Aspergillus fumigatus* and *A. nidulans*

Manganese superoxide dismutases (MnSODs) play a key role in preserving mitochondrial function under oxidative stress in filamentous fungi. In order to further characterise the role of genes encoding MnSOD enzymes (*sodB*) in filamentous fungi, transcriptomic studies were performed on two species, *Aspergillus nidulans* and *A. fumigatus*, and their *sodB* gene-deletion mutants. $\Delta sodB$ mutants of *A. nidulans* and *A. fumigatus* have been previously reported. In *A. nidulans*, the deletion of *sodB* increased oxidative stress susceptibility and affected, among others, the production of antioxidant enzymes and sterigmatocystin. In *A. fumigatus*, due to the deletion of *sodB*, the growth rate was reduced at high temperatures and hypersensitivity to oxidative stress was observed. For transcriptomic analyses, we utilized data from whole RNA sequencing of samples derived from unstressed cultures and those exposed to oxidative stress induced by menadione sodium bisulfite (MSB). The stress sensitivities of the two species were different and, therefore, the employed MSB concentrations differed, however, similar growth inhibitions (38% and 39%) could be recorded in the cultures of the two reference strains. In *A. nidulans*, deletion of the *sodB* gene did not result in significant differences in MSB stress tolerance in submerged cultures. The number of genes responding to MSB stress was similar in both strains (4455 genes in the reference strain and 5413 genes in the $\Delta sodB$ mutant). In the wild type, only 15% of stress-responsive genes did not show a stress response in the mutant, indicating that the nature of global gene expression changes was also similar between in the two strains. While MSB exposure similarly inhibited the growth of *A. fumigatus* as observed in the case of *A. nidulans*, only 218 genes responded to MSB-induced oxidative stress in the wild-type *A. fumigatus* strain. The $\Delta sodB$ deletion mutant exhibited increased sensitivity to the presence of MSB, and there was a significant difference in the number of stress-responsive genes (increasing from 218 to 1524). The expression of more than 37% of stress-responsive genes in the wild-type strain was not influenced by the stress treatment in the mutant, indicating that the two stress responses significantly differed not only in the number but also in the type of genes involved. In our further experiments, we also observed that the oxidative stress sensitivity of the *A. fumigatus* $\Delta sodB$ gene deletion mutant increased in iron-free environments, that is the *sodB* gene may also play an important role in protecting iron-sulfur cluster proteins.

This work was supported by the National Research, Development and Innovation Office (Hungary) projects NN125671 and K131767. Project no. TKP2021-EGA-20 has been implemented with the support provided by the National Research, Development and Innovation Fund, financed under the TKP2021-EGA funding scheme. This project has received funding from the HUN-REN Hungarian Research Network.



Az *sdhC* gén rezisztenciamarkereinek előfordulása és az SDHI-kezelés kapcsolata

MATOLCSI Fruzsina^{1,2}, BOROSTYÁN Katalin¹, SERESS Diána¹, HOFFMANN Péter³, MOLNÁR Orsolya¹, PINTYE Alexandra¹, STAMMLER Gerd⁴, ZITO Raffaello⁴, KOVÁCS M. Gábor^{1,2} & NÉMETH Z. Márk¹

¹HUN-REN Agrártudományi Kutatóközpont, Növényvédelmi Intézet, Budapest – HUN-REN Centre For Agricultural Research, Plant Protection Institute, Budapest, Hungary; nemeth.mark@atk.hun-ren.hu

²Eötvös Loránd Tudományegyetem, Biológiai Intézet, Növény szervezetani Tanszék, Budapest – Department of Plant Anatomy, Institute of Biology, Eötvös Loránd University, Budapest, Hungary

³BASF Hungária Kft., Budapest – BASF Hungária Ltd., Budapest, Hungary

⁴BASF SE, Agricultural Center, Limburgerhof, Németország

A szukcinát-dehidrogenáz inhibitor (SDHI) típusú gombaölőszereket széles körben használják a szőlőlisztharmat kórokozója, az *Erysiphe necator* elleni küzdelemben. A kórokozónál megfigyelték az SDHI-szerekkel szembeni rezisztenciát, melynek hátterében leggyakrabban a szukcinát-dehidrogenáz enzim alegységeit kódoló génszakaszok mutációi állnak. A szőlőlisztharmat elleni hatékony védekezési stratégia kialakításához fontos, hogy ismerjük a fungicidrezisztencia markereinek elterjedését, és megértsük az elterjedés hátterében álló okokat. Célkitűzésünk volt vizsgálni az *sdhC* génben található rezisztenciamarkereket, valamint ezek előfordulásának és az SDHI-kezelések közötti összefüggést.

Ehhez két magyarországi borvidéken 2022-ben és 2023-ban gyűjtöttünk *E. necator* által fertőzött szőlőleveleket permetezetlen (kontroll) parcellákból és olyan területekről, amelyeket vagy csak boszkaliddal vagy csak fluopirammal, vagy csak fluxapiroxaddal kezeltek. Az általunk gyűjtött több mint 250 terepi mintából DNS-t izoláltunk, majd az *sdhC* gén egy szakaszát amplifikáltuk. A markerek kimutatására Sanger-szekvenálást, továbbá egy újonnan kidolgozott költséghatékony, szelektív, restrikciós emésztésen alapuló eljárást (CAPS; Cleaved Amplified Polymorphic Sequences) használtunk.

Az *sdhC* génben a G724A nukleotid szubsztitúcióval járó marker bizonyult a leggyakoribbnak, amely az *sdhC* fehérjében aminosavcserét eredményez (G169D). A marker mindkét vizsgálati területen mindkét évben jelen volt; összesen a minták mintegy 30%-ában mutattuk ki. A G724A előfordulása szignifikánsan összefüggött a fluxapiroxad-kezeléssel, de nem találtunk összefüggést a boszkalid- vagy fluopiram-kezeléssel. Egy másik marker, az A472G szintén aminosavcserével jár (N85S), amelyet a minták mintegy 10%-ában azonosítottunk. Ezt a markert *E. necator*-ban korábban még nem mutatták ki, azonban más növénypatogén gombák esetében összefüggésbe hozható a csökkent fungicidérzékenységgel. Előfordulása nem korrelált az általunk vizsgált kezelésekkel, és a mintázott borvidékek közül csak az egyikben volt kimutatható.

Eredményeink lehetőséget biztosítanak arra, hogy eredményesebb növényvédelmi protokollok kerülhessenek kialakításra.

A C1792177 számú projekt a Kulturális és Innovációs Minisztérium Nemzeti Kutatási Fejlesztési és Innovációs Alapból nyújtott támogatásával, a KDP-2021 pályázati program finanszírozásában valósult meg. A kutatás a Bolyai János Kutatási Ösztöndíj (BO/00221/21/4), a Kulturális és Innovációs Minisztérium ÚNKP-23-5 kódszámú Új Nemzeti Kiválóság Programjának a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Alapból finanszírozott szakmai támogatásával (ÚNKP-23-5-ELTE-497) és a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Hivatal támogatásával (FK-142735) készült.

Prevalence of resistance markers in the *sdhC* gene and their association with SDHI treatment

Succinate dehydrogenase inhibitor fungicides (SDHIs) are commonly used to control grapevine powdery mildew (GPM) caused by *Erysiphe necator*. However, the pathogen developed resistance to these fungicides, mainly due to mutations in the genes encoding the subunits of the succinate dehydrogenase enzyme. To develop an effective control strategy against this pathogen, it is essential to monitor the fungicide resistance markers in local vineyards and to understand their distribution. Our aim was to investigate resistance markers in the *sdhC* gene, and the correlation between their occurrence and SDHI treatments.

We collected infected grapevine leaves from unsprayed plots (control) and plots treated with boscalid, fluopyram or fluxapyroxad alone in two Hungarian wine regions in 2022 and 2023. We isolated DNA from over 250 field samples and amplified a region of the *sdhC* gene. We used Sanger sequencing to detect resistance markers and developed a cost-effective, selective restriction digestion-based method (CAPS; Cleaved Amplified Polymorphic Sequences).

The most common marker in the *sdhC* gene was the nucleotide substitution G724A, causing an amino acid change (G169D) in the *sdhC* protein. This marker was present in about 30% of samples in both study areas in both years. The occurrence of G724A correlated with fluxapyroxad treatments but not with boscalid or fluopyram treatments. Another marker, A472G, also causing an amino acid change (N85S) was found in about 10% of samples. This marker has not yet been identified in *E. necator* and is associated with decreased fungicide sensitivity in other plant pathogens. Its occurrence did not correlate with any of the treatments and was only present in one of the two sampled wine regions. Our findings provide valuable information for developing more effective plant protection protocols.

Project no. C1792177 has been implemented with the support provided by the Ministry of Culture and Innovation of Hungary from the National Research, Development and Innovation Fund, financed under the KDP-2021 funding scheme. This research was supported by the János Bolyai Research Scholarship (BO/00221/21/4), by the ÚNKP-23-5 New National Excellence Program of the Ministry for Culture and Innovation from the source of the National Research, Development and Innovation Fund (ÚNKP-23-5-ELTE-497). Project no. FK142735 has been implemented with support provided by the Ministry of Culture and Innovation of Hungary from the National Research, Development and Innovation Fund, financed under the FK_22 funding scheme.



Mikotoxinokat termelő penészgombákkal kapcsolatos kutatások a Debreceni Egyetemen

PÓCSI István¹ & PUSZTAHELYI Tünde²

¹Debreceni Egyetem, Természettudományi és Technológiai Kar, Biotechnológiai Intézet, Molekuláris Biotechnológiai és Mikrobiológiai Tanszék, Debrecen – Department of Molecular Biotechnology and Microbiology, Institute of Biotechnology, Faculty of Science and Technology, University of Debrecen, Debrecen, Hungary; pocsi.istvan@science.unideb.hu

²Debreceni Egyetem, Mezőgazdaság-, Élelmiszertudományi és Környezetgazdálkodási Kar, Agrárműszerközpont, Debrecen – Agricultural Laboratory Center, Faculty of Agricultural and Food Sciences and Environmental Management, University of Debrecen, Debrecen, Hungary

Az utóbbi években a mikotoxinokat termelő *Aspergillus* és *Fusarium* fajok kutatásában a következő legfontosabb eredményeket értük el: (i) Eredményes részvétel az NKFIH 2018-1.2.1-NKP-2018-00002, „A magyar fogyasztók rövid és hosszú távú aflatoxin-terhelésének meghatározása a tejtermékláncban és a kockázatkezelő intézkedések megalapozása” című Nemzeti Kiválósági program projektkidolgozásában. (ii) Fermentált és nem-fermentált takarmányok mikrobiomjának a felderítése; jövőbeni aflatoxin-mentesítési technológiák fejlesztésére szolgáló mikroorganizmusok kiválasztása. (iii) Az *Aspergillus flavus* aflatoxintermelésének a vizsgálata különféle agrometeorológiai paraméterek függvényében. (iv) Magyarországon gyűjtött *A. flavus* törzsek toxikus szekunder metabolitprofiljának a meghatározása, továbbá a törzsek filogenomikai analízise. (v) *Aspergillus flavus* bZIP-típusú transzkripciós faktorok funkciójának a felderítése. (vi) Eredményes részvétel a 2019-2.1.13-TÉT_IN-2020-00056, „Biotechnológiai kutatások *Fusarium* mikotoxinoktól mentes gabonafélék és élelmiszerek előállítása céljából” című magyar-indiai alkalmazott kutatás-fejlesztési együttműködési pályázat kutatási célkitűzéseinek a megvalósításában. (vii) *Fusarium verticillioides* bZIP-típusú transzkripciós faktorok funkciójának a felderítése.

Kutatómunkánk eredményeképpen képessé váltunk széles spektrumú, többszintű és jó minőségű mikotoxinokutatások elvégzésére, és ezért meg tudunk felelni a klímaváltozás által támasztott jelenlegi kihívásoknak ezen a kritikus fontosságú területen.

A munkát a 2018-1.2.1-NKP-2018-00002 és a 2019-2.1.13-TÉT_IN-2020-00056 számú projektek támogatták, amelyek a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Alap támogatásával valósultak meg a 2018-1.2.1-NKP és 2019-2.1.13-TÉT_IN támogatási konstrukciók finanszírozásában. Ezt a munkát a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Hivatal is támogatta a K119494 és K142801 pályázatok révén.

Research on mycotoxigenic moulds at the University of Debrecen

In recent years, we have managed to achieve the following most important results in the research of mycotoxigenic *Aspergillus* and *Fusarium* species: (i) Successful participation in the elaboration of the NKFIH 2018-1.2.1-NKP-2018-00002 National Excellence Program project titled “Estimation of the long- and short-term exposure of Hungarian consumers to aflatoxins present in dairy products and recommending risk management measures”. (ii) Elucidation of the microbiome of

fermented and non-fermented forages; selection of microorganisms for the development of future aflatoxin removal technologies. (iii) Investigation of aflatoxin production by *Aspergillus flavus* as a function of various agrometeorological parameters. (iv) Toxic secondary metabolite profiling and phylogenomic analysis of *A. flavus* strains collected in Hungary. (v) Elucidation of the functions of *A. flavus* bZIP-type transcription factors. (vi) Successful participation in the implementation of the research objectives of the 2019-2.1.13-TÉT_IN-2020-00056 Hungarian–Indian applied research and development cooperation project, entitled "Biotechnological approaches promising grains and food free of *Fusarium* mycotoxins". (vii) Shedding light on the functions of *Fusarium verticillioides* bZIP-type transcription factors.

As a result of our research work, we have become able to conduct broad-spectrum, multi-level and high-quality mycotoxin research and, therefore, we can meet the current challenges posed by climate change in this critically important area.

This work was supported by Project no. 2018-1.2.1-NKP-2018-00002 and Project no. 2019-2.1.13-TÉT_IN-2020-00056 which were implemented with the support provided from the National Research, Development and Innovation Fund of Hungary, financed under the 2018-1.2.1-NKP and 2019-2.1.13-TÉT_IN funding schemes, respectively. This work was also supported by the National Research, Development and Innovation Office of Hungary with the grants K119494 and K142801.



Univerzális peptabiol könyvtár: a bioinformatika szerepe a laboratóriumi kísérletek támogatásában

ROZSNYÓI Ákos¹, BALÁZS Dóra², TYAGI Chetna², TERNA Gergő¹, SZEKERES András², VÁGVÖLGYI Csaba², MARIK Tamás² & KREDICS László²

¹Szegedi Tudományegyetem, Természettudományi és Informatikai Kar, Biológia Doktori Iskola, Szeged – Biological Doctoral School, Faculty of Science and Informatics, University of Szeged, Szeged, Hungary; akosrozsnyo@gmail.com

²Szegedi Tudományegyetem, Természettudományi és Informatikai Kar, Mikrobiológiai Tanszék, Szeged, Magyarország – Department of Microbiology, Faculty of Science and Informatics, University of Szeged, Szeged, Hungary

A *Trichoderma* nemzetséghez tartozó gombák jelentős szerepet játszanak a talajban és a növények környezetében, közöttük számos faj esetében mutatták ki nem riboszomális peptidek, köztük peptaibolok termelését. Ezek a másodlagos metabolitok rendkívül bioaktívak és sokoldalúan alkalmazhatók, köszönhetően jellegzetes felépítésüknek, és természetes módon képesek ellenállni a környezeti stresszhatásoknak (pl. nyomás, pH, proteáz aktivitás) valamint számos kórokozóval szemben hatékony antimikrobiális hatást mutatnak. A jövőben a peptaibolok ígéretes eszközök lehetnek a mezőgazdasági termények védelmében és a fenntartható növénytermesztésben, tekintettel antimikrobiális és biostimuláns tulajdonságaikra. Az elmúlt évtizedekben a peptaibolok felfedezése óta jelentős előrelépés történt az új peptaibol-szekvenciák azonosításában. Az új szekvenciák folyamatos megjelenése miatt a laboratóriumi kísérletek mellett a bioinformatikai eszközök is nélkülözhetetlenek lettek az adatok hatékony kezelésében és elemzésében. Ennek eredményeként több adatbázis jött létre, először a „Peptaibol Adatbázis” 1997-ben, majd a „Kiterjedt Peptaibiotikum Adatbázis” 2013-ban. Mára azonban ezek az adatbázisok elavulttá váltak és nem alkalmasak arra, hogy bemutassák a folyamatosan bővülő, változatos információkat.

Csapatunk egy weboldalt fejleszt Univerzális Peptaibol Könyvtár néven, mely a peptaibolokkal kapcsolatos korábbi és jövőben megjelenő publikációkhoz egyaránt könnyű hozzáférést nyújthat. A főbb funkciók közé tartozik az ismert peptaibolszekvenciák könnyű kereshetősége is. Emellett integrálunk egy peptaibolszerkezet-vizualizációs funkciót a korábban publikált háromdimenziós szerkezetek alapján, amelyet az NGLview, egy interaktív molekuláris szerkezetvizualizációs szoftver alkalmazásával valósítunk meg. Jövőbeli terveink közé tartozik az ismert biológiai aktivitások tárolása az adatbázisban, valamint mesterséges intelligencia segítségével a peptaibolok tulajdonságainak prediktálása. Az Univerzális Peptaibol Könyvtár célja, hogy kulcsfontosságú eszközként szolgáljon a molekuláris biológiai és mikrobiológiai kutatások előmozdításában, és központi adatbázisként szolgáljon a peptaibolok sokféle mezőgazdasági és környezeti potenciáljának felfedezéséhez.

Ez a tanulmány a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Hivatal (2022-1.2.6-TÉT-IPARI-TR-2022-00009), valamint az Új Nemzeti Kiválóság Program, Felsőoktatási Doktori Hallgatói Kutatói Ösztöndíj ÚNKP-23-3 (Kulturális és Innovációs Minisztérium Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Alap) támogatásával készült.

Universal peptaibol library: the role of bioinformatics in supporting laboratory experiments peptabiol

The genus *Trichoderma* plays a significant role in soil and plant environments, with many species being shown to produce non-ribosomal peptides, including peptaibols. These secondary metabolites are highly bioactive and versatile due to their characteristic structure, and they naturally resist against environmental stressors (e.g., pressure, pH, protease activity), while exhibiting effective antimicrobial activity against numerous pathogens. In the future, peptaibols could be promising tools in protecting agricultural crops and promoting sustainable crop production due to their antimicrobial and bio-stimulant properties.

Since their discovery, significant progress has been made in identifying new peptaibol sequences. Due to the continuous discovery of new sequences, bioinformatics tools have become essential for efficient data management and analysis alongside laboratory experiments. As a result, several databases have been created, starting with the “Peptaibol Database” in 1997, followed by the “Comprehensive Peptaibiotics Database” in 2013. However, these databases have become outdated and are not suitable for presenting the continuously growing and diverse information about peptaibols.

Our team is developing a website called the Universal Peptaibol Library, which aims to provide easy access to both past and future publications related to peptaibols. One of its main functions includes an easy search function of known peptaibol sequences. Additionally, we are integrating a peptaibol structure visualization function based on previously published three-dimensional structures, which will be implemented using NGLview, an interactive molecular structure visualization software. Our future plans include storing known biological activities in the database and predicting the properties of peptaibols using artificial intelligence.

The goal of the Universal Peptaibol Library is to serve as a key tool in advancing molecular biological and microbiological research and to serve as a central database for exploring the diverse agricultural and environmental potential of peptaibols.

This study was supported by the Hungarian National Research, Development and Innovation Office (project number: 2022-1.2.6-TÉT-IPARI-TR-2022-00009), as well as the New National Excellence Program’s National Higher Education Excellence Scholarship – Doctoral Student Research Scholarship ÚNKP-23-3 (National Research, Development and Innovation Fund of the Ministry for Innovation and Technology).



A *Solanum lycopersicum* eredetű K4CBP6 defenzin antifungális hatásának és növényvédelmi alkalmazhatóságának vizsgálata

TÓTH Liliána¹, PAPP Rebeka¹, BENDE Gábor¹, POÓR Péter², CZÉKUS Zalán², VÁRADI Györgyi³, KELE Zoltán³, TÓTH K. Gábor^{3,4} & GALGÓCZY László¹

¹Szegedi Tudományegyetem, Természettudományi és Informatikai Kar, Biotechnológiai Tanszék, Szeged – Department of Biotechnology, Faculty of Science and Informatics, University of Szeged, Szeged, Hungary; toth.liliana88@gmail.com

²Szegedi Tudományegyetem, Természettudományi és Informatikai Kar, Növénybiológiai Tanszék, Szeged – Department of Plant Biology, Faculty of Science and Informatics, University of Szeged, Szeged, Hungary

³Szegedi Tudományegyetem, Szent-Györgyi Albert Orvostudományi Kar, Orvosi Vegytani Intézet, Szeged – Department of Medical Chemistry, Albert Szent-Györgyi Medical School, University of Szeged, Szeged, Hungary

⁴Szegedi Tudományegyetem, MTA-SZTE Biomimetikus Rendszerek Kutatócsoport, Szeged – MTA-SZTE Biomimetic Systems Research Group, University of Szeged, Szeged, Hungary

Napjainkban, a növénypatogén gombák okozta fertőzések kezelése, és az általuk okozott nagy mennyiségű termésvesztés csökkentése hatalmas kihívást jelent a mezőgazdaság számára. Ennek legfőbb okai, hogy a növények védelmére nem áll rendelkezésre megfelelő számú hatékony kémiai alapú fungicid, a jelenleg alkalmazott szintetikus szerekkel szemben nagyfokú rezisztencia alakult ki az utóbbi években, továbbá az Európai Unió szabályozások következtében folyamatosan csökken a forgalomba hozható kémiai-alapú fungicidek száma. A természetes eredetű gombaellenes hatással rendelkező biomolekulákon alapuló antifungális stratégiák megoldást jelenthetnek erre a problémára. Az antifungális hatással rendelkező növényi defenzinek új gombaellenes biofungicidekként jöhetnek szóba. Alkalmazhatóságuk szempontjából előnyös tulajdonságaik, hogy széles antifungális spektrummal rendelkeznek, nem toxikusak az emlős sejteken és mindeztáig nem mutattak ki rezisztenciát velük szemben.

Korábbi munkánk során genomi adatbázisban történő szűrés alapján egy új, defenzin-szerű fehérjét (K4CBP6) azonosítottunk paradicsomban (*Solanum lycopersicum*), amit *Pichia pastoris*-alapú heterológ expressziós rendszerben sikeresen megtermeltünk. Jelen munkánk során a rekombináns K4CBP6 biztonságos növényvédelmi alkalmazhatóságát vizsgáltuk *in vitro* antifungális és toxicitás tesztekkel, továbbá laboratóriumi növény- és termésvédelmi kísérletekkel. A K4CBP6 számos fitopatogén fonalgomba (*Botrytis*, *Cladosporium*, *Fusarium*, *Trichoderma* fajok) növekedését hatékonyan gátolta és nem okozta emlős vörösvértetek hemolízisét, lárvák pusztulását *Galleria mellonella* toxicitási modellben, paradicsomnövény intakt leveleinek és termésének szövethárosodását. A K4CBP6 gombaellenesen hatékony koncentrációjának többszörösével kezelt csírázó *S. lycopersicum* növények nem mutattak morfológiai eltéréseket. A laboratóriumi paradicsomnövény- és termésvédelmi kísérletek során a K4CBP6 képes volt megvédeni a levágott leveleket és a termést *Botrytis cinerea*, ill. *Cladosporium herbarum* fertőzéssel szemben. Eredményeink alapján a K4CBP6 ígéretes biofungicid molekulajelölt új növény és termésvédelmi stratégiák kifejlesztésére.

Tóth Liliána kutatását a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Hivatal (NKFIH) támogatta a PD 134284 azonosítószámú pályázat keretében.

Investigation of the antifungal effect and plant protection applicability of the K4CBP6 defensin from *Solanum lycopersicum*

Nowadays, the treatment of infections and the reduction of the huge amount of crop losses caused by plant pathogenic fungi is a fundamental challenge for agriculture. The main reasons of it are the small amount of available effective chemical fungicides, the recently developed high degree of resistance to them, and the European Union regulations which decrease the number of marketed chemical fungicides. Antifungal strategies using natural biomolecules with antifungal activity can overcome this problem. Plant defensins are considered as new antifungal biofungicides. It is supported by their beneficial features such as they have wide antifungal spectrum, are not toxic to mammalian cells, and resistance have not shown to them so far.

In our previous work, we identified a novel defensin-like protein (K4CBP6) from tomato plants (*Solanum lycopersicum*) from a genomic database, that we produced successfully in a *Pichia pastoris*-based heterologous expression system. In the present work, the safe plant protection applicability of the recombinant K4CBP6 was investigated by *in vitro* antifungal and toxicity tests, furthermore laboratory plant and crop protection experiments.

K4CBP6 effectively inhibited the growth of several phytopathogenic filamentous fungi (*Botrytis*, *Cladosporium*, *Fusarium*, *Trichoderma* species), and did not cause hemolysis of mammalian red blood cells, death of larvae in a *Galleria mellonella* toxicity model, and tissue damage on the fruit and intact leaves of tomato plants. Germinating *S. lycopersicum* plants showed no morphological alterations after treatment with higher concentration of K4CBP6 than that of the antifungal effective one. In laboratory plant and crop protection experiments, K4CBP6 was able to protect the intact tomato plant leaves and fruit against *Botrytis cinerea* and *Cladosporium herbarum* infection, respectively.

Based on our results, K4CBP6 is a promising biofungicide molecule for the development of new plant and crop protection strategies.

Present work of Liliána Tóth was financed by the Hungarian National Research, Development and Innovation Office – NKFIH, PD 134284 project.



Az űrutazás potyautasai – proton sugárzásra adott stresszválaszok az *Aspergillus nidulans* modellorganizmusban

VIG Ildikó¹, SZARKA Máté^{1,2}, FENYVESI András¹, GILA Barnabás³, ANTAL Károly⁴, SZIKSZAI Zita¹, PÓCSI István^{3,5} & EMRI Tamás^{3,5}

¹HUN-REN Atommagkutató Intézet (HUN-REN ATOMKI), Debrecen – HUN-REN Institute for Nuclear Research (HUN-REN ATOMKI), Debrecen, Hungary; vig.ildiko@atomki.hu

²Vitrolink Kft., Debrecen – Vitrolink Ltd., Debrecen, Hungary

³Debreceni Egyetem, Molekuláris Biotechnológiai és Mikrobiológiai Tanszék, Debrecen – Department of Molecular Biotechnology and Microbiology, University of Debrecen, Debrecen, Hungary

⁴Eszterházy Károly Katolikus Egyetem, Állattani Tanszék, Eger – Department of Zoology, Eszterházy Károly Catholic University, Eger, Hungary

⁵HUN-REN-UD Gomba Stresszbiológiai Kutatócsoport, Debrecen – HUN-REN-UD 2HUN-REN-UD Fungal Stress Biology Research Group, Debrecen, Hungary

A mikroorganizmusok, köztük a gombák elkerülhetetlen potyautasai az űrutazásoknak, ami egyszerre jelent kihívást és lehetőséget is. Károsíthatják az űreszközöket, valamint fertőzési kockázatot jelentenek az űrhajósok és a bioregeneratív létfenntartó rendszerek (BLSS) vize és növényei számára. További veszélyt jelenthet a küldetések során a különböző allergének és veszélyes metabolitok termelése, mint például a mikotoxinok a BLSS-ben, vagy egészségkárosító illékony vegyületek a belső terekben. Egyre nagyobb kihívást jelent a földön kívüli környezet földi mikrobiológiai szennyeződésének megelőzése is. Mindemellett a mikroorganizmusok az emberi mikrobiom fontos részét képezik, ezért a sugárzáshoz való alkalmazkodásuk nélkülözhetetlen az asztronauták jóllétéhez, valamint a BLSS hatékony működéséhez is szükségesek.

A kozmikus sugárzás nagyrészt nagyenergiájú protonokból áll, ami komoly kihívást jelent az árnyékolás szempontjából. A rövid ideig tartó naprészeckskeesemények (Solar Particle Events, SPE) viszonylag könnyebben leárnyékolhatóak, mégis a sugárbetegség, a rák és a különböző biológiai rendszerek degeneratív betegségeinek kockázatát hordozzák magukban.

Munkánk során a proton sugárzás hatását vizsgáltuk az *Aspergillus nidulans* modellorganizmus esetében. A tenyészeteket 13 MeV-os H⁺-ionokkal történő protonbesugárzásnak tettük ki, így módon egy SPE szimulációt végeztünk. Ez genom szintű transzkripció változásokhoz vezetett. Az upregulált gének a DNS-javításban, a telomerek fenntartásában és a mitotikus DNS integritás-ellenőrzőpont jelátvitelében vesznek részt. Ez súlyos DNS-integritási problémákra utal. A downregulált gének a vegetatív növekedéssel, az antioxidáns enzimekkel, a glutation szintézissel és az oxidatív pentóz-foszfát shunttel voltak kapcsolatban, ami a proton sugárzás által indukált redukzív változásokra utal.

Vizsgálataink azt is kimutatták, hogy a proton sugárzás növelte a menadion-nátrium-biszulfitra (MSB), mint oxidatív stressz ágensre való érzékenységet. Az MSB-vel való előkezelés fokozta a toleranciát, míg az *atfA* gén deléciója, ami egy oxidatív stresszválasz transzkripció faktor gén, csökkentette azt a proton sugárzással szemben. Ezért

úgy tűnik, hogy az antioxidáns enzimek downregulációja nem adaptív válasz a proton-sugárzásra, és a sugárzással megbirkózó gomba Achilles-sarkát jelentheti.

Adataink segíthetnek a mikrobák sugárzással szembeni alkalmazkodásának megértésében, ami létfontosságú az űrhajósok egészségének biztosítása, a berendezések védelme, és a földönkívüli környezet szennyezésének megelőzése szempontjából.

Támogatás: NKFIH-K131767, TKP2021-NKTA-42.

The stowaways of space travel – stress responses to proton irradiation in the model organism *Aspergillus nidulans*

Microorganisms, including fungi, are inevitable stowaways of space travel, which is both a challenge and an opportunity. They can damage space assets and be an infection risk to astronauts and plants in bioregenerative life support systems (BLSS). Other risks during missions include the production of allergens and dangerous metabolites, such as mycotoxins in BLSS, or health-threatening volatile compounds in interiors. Preventing microbiological contamination of the extraterrestrial environment is also an increasing challenge. However, microorganisms are an important part of the human microbiome and their adaptation to radiation is essential for the well-being of astronauts and the efficient functioning of the BLSS.

Galactic cosmic radiation is largely composed of high-energy protons, which pose a major challenge for shielding. Short-duration Solar Particle Events (SPEs) are relatively easier to shield against, but they still carry the risk of radiation sickness, cancer and degenerative diseases of various biological systems.

We investigated the effect of proton radiation on the model organism *Aspergillus nidulans*. Cultures were exposed to proton radiation with 13 MeV H⁺ ions to simulate SPE. This led to genome-wide transcriptional changes. The upregulated genes are involved in “DNA repair”, “Telomere maintenance” and “Mitotic DNA integrity checkpoint signaling”. These suggest severe DNA integrity problems. The downregulated genes were associated with vegetative growth, antioxidant enzymes, glutathione synthesis and oxidative pentose-phosphate shunt, suggesting proton irradiation-induced reductive changes.

Our studies also showed that proton irradiation increased sensitivity to menadione sodium bisulfite (MSB) as an oxidative stress agent. Pretreatment with MSB increased the tolerance, whereas deletion of the *atfA* gene – an oxidative stress response transcription factor gene – decreased it to proton irradiation. Therefore, it appears that downregulation of antioxidant enzymes is not an adaptive response to proton irradiation and may represent the Achilles’ heel of the fungus coping with radiation.

Our data may help to understand the adaptation of microbes to ionizing radiation, which is crucial for ensuring the health of astronauts, protecting equipment, and preventing contamination of the extraterrestrial environment.

Funding: NKFIH-K131767, TKP2021-NKTA-42.



Magyarországi nagygombák molekuláris azonosítása DNS-vonalkód segítségével

DIMA Bálint¹, ALBERT László², FINY Péter², KOVÁCS M. Gábor¹ & PAPP Viktor³

¹Eötvös Loránd Tudományegyetem, Biológiai Intézet, Növény szerkezet-tani Tanszék, 1117 Budapest – Department of Plant Anatomy, Institute of Biology, Eötvös Loránd University, Budapest, Hungary; balint.dima@ttk.elte.hu

²Magyar Mikológiai Társaság, Budapest – Hungarian Mycological Society, Budapest, Hungary

³Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Növénytermesztési-tudományok Intézet, Növény-tani Tanszék, Budapest – Department of Botany, Institute of Agronomy, Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Budapest, Hungary

A molekuláris taxonómiai módszerek térhódítása óta a gombák rendszertanával és diverzitásával foglalkozó kutatások többnyire DNS-alapú meghatározáson alapulnak. A hagyományos, morfológiai bélyegeken nyugvó taxonómiai ismeretek alapján Magyarország területéről nagyjából 3000 nagygombafaj előfordulását valószínűsítették korábban. A hazai nagygombák valós diverzitásának alaposabb megismerése érdekében, molekuláris genetikai módszerekkel történő szisztematikus vizsgálatok váltak szükségessé. Az immáron egy évtizede elkezdett munka során először csak néhány kiválasztott gombacsoport részletesebb taxonómiai vizsgálata szolgáltatott új adatokat. Annak érdekében, hogy a gyűjtésekkel a lehető leghatékonyabban lefedjük az ország különböző élőhelyeit és területeit, néhány évvel ezelőtt kiterjesztettük a taxonmintavételeket a közösségi tudomány („citizen science”) bevonásával. Munkánk során morfológiai és élőhelyi adatokkal kellően dokumentált példányokat választottunk ki a különböző fajok DNS-vonalkódjának meghatározásához, mely elsősorban a sejtmagi riboszomális DNS ITS-régióján alapszik. Hosszabb távú célunk, hogy a hazai nagygombák lehető legtöbb faja rendelkezzen DNS-vonalkóddal. Jelenleg előtérbe helyezük a ritka, élőhely-specifikus fajok vizsgálatát, valamint külön hangsúlyt fektetünk a nemzetközi tudományos érdeklődés fókuszában is álló, taxonómiai szempontból problémás nemzetségekre, így kutatásaink részei egy-egy nemzetség kontinensléptékű revíziójának is. Az elmúlt tíz évben több mint 3000 fungáriumi példánnyal dokumentált minta esetében sikeresen amplifikáltuk és szekvenáltattuk az ITS-szakaszt; ezek összesen 271 nemzetséghez tartoznak, melyek 80%-a bazídiumos (*Basidiomycota*), míg 20%-a tömlősgomba (*Ascomycota*). Számos Magyarországra új fajt dokumentáltunk és több taxonómiai és nevezéktani publikáció is született ezekből az eredményekből, főleg az *Amanita*, a *Cortinarius*, az *Entoloma*, a *Ganoderma*, a *Geastrum*, a *Parasola*, a *Pluteus* és a *Tulostoma* nemzetségek esetében. Fajszerű azonosítás 280 fungáriumi példány esetében nem volt lehetséges a kapott ITS-vonalkód segítségével, így ezeknél további vizsgálatok szükségesek az esetleges taxonómiai újdonságok tisztázásához.

A kutatást a Magyar Tudományos Akadémia Bolyai János Kutatási Ösztöndíja, valamint a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Hivatal pályázatai (FK-143061, Diagnosztika és terápia 2, ELTE Intézeti Kiválósági Program – TKP2020-IKA-05, ill.) támogatta.

Molecular identification of Hungarian macrofungi using DNA barcodes

Since the introduction of molecular taxonomic methods, research into the systematics and diversity of fungi has largely been based on DNA-based determination. According to the traditional, morphology-based taxonomic knowledge, the occurrence of approximately 3,000 species of macrofungi from Hungary has been estimated. To gain a deeper understanding of the real diversity of macrofungi in Hungary, a systematic study using molecular genetic methods has been initiated. At the beginning of the work, only a few taxonomic studies provided new data. To cover various habitats and areas of the country as effectively as possible, we expanded taxon sampling to include citizen science a few years ago. During our work, we selected properly documented specimens with morphological and habitat data to determine the DNA barcode of different species, based primarily on the ITS region of nuclear ribosomal DNA. Our long-term goal is to have as many species of macrofungi in Hungary as possible with DNA barcodes. Currently, we focus on the study of rare, habitat-specific species, and we place special emphasis on taxonomically problematic genera, which are also a focus of international scientific interest, thus our research is also part of several taxonomic reviews of various genera on a continental scale. Over the past ten years, we have successfully amplified and sequenced the ITS region for more than 3,000 specimens documented with fungarium, all of which belong to a total of 271 genera, of which 80% belong to the *Basidiomycota* and 20% are to the *Ascomycota*. Several new species have been documented for Hungary, and several taxonomic and nomenclature papers have been published from these findings, mainly for the genus *Amanita*, *Cortinarius*, *Entoloma*, *Ganoderma*, *Geastrum*, *Parasola*, *Pluteus*, and *Tulostoma*. Identification at the species level of 280 specimens was impossible using the obtained ITS region, so further studies are necessary to clarify the potentiality of taxonomic novelties.

The study was supported by the János Bolyai Research Scholarship of the Hungarian Academy of Sciences and the National Research, Development and Innovation Office of Hungary (FK-143061, Diagnostics and Therapy 2, ELTE Institutional Excellence Program 2020 – TKP2020-IKA-05).



A *Tulostoma* nemzetség integratív taxonómiai kutatásának legújabb eredményei

FINY Péter¹, JEPPSON Mikael², ÖLVEDI István¹, ALBERT László¹, PAPP Viktor³, KNAPP G. Dániel^{4,5}, VARGA Dóra⁴, KOVÁCS M. Gábor⁴ & DIMA Bálint⁴

¹Magyar Mikológiai Társaság, Budapest – Hungarian Mycological Society, Budapest, Hungary; peter@finy.hu

²University of Gothenburg, Biological and Environmental Sciences, Göteborg, Sweden

³Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Növénytermesztési-tudományok Intézet, Növénytani Tanszék, Budapest – Department of Botany, Institute of Agronomy, Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Budapest, Hungary

⁴Eötvös Loránd Tudományegyetem, Biológiai Intézet, Növény szerkezet-tani Tanszék, 1117 Budapest – Department of Plant Anatomy, Institute of Biology, Eötvös Loránd University, Budapest, Hungary

⁵Department of Forestry and Wood Technology, Linnaeus University, Växjö, Sweden

Európában a zárt termőtestű *Tulostoma* gombanemzetségből eddig kb. 30, morfológiai és genetikai alapon is jól tisztázott fajt ismertünk, de az utóbbi évek nemzetközi együttműködésben végzett kutatásai rávilágítottak arra, hogy a genetikai diverzitás jóval nagyobb, mint azt a kutatók eddig gondolták. Megerősítést nyert, hogy csak a Kárpát-medencében az eddig ismert 15 fajon kívül további 19 taxon jelenléte igazolható. Magyarországról a közelmúltban négy tudományra új fajt publikáltunk, és további 11 nyelespöfeteg leírása folyamatban van. Ezen felül négy, Európában kevés adattal rendelkező faj is előkerült a kutatások során.

Európában a Kárpát-medence és az Ibériai-félsziget a két legdiverzebb régió a *Tulostoma* fajokat tekintve. Az eurázsiai száraz gyepek egyéb területei – jóllehet kiterjedésük óriási – alig kutatottak. Még a molekuláris módszerek megjelenése előtt Kazahsztán területéről 15 nyelespöfetegfajt írtak le, melyek típusanyagait integratív taxonómiai módszerekkel vizsgáljuk, és összehasonlítjuk a kazahsztáni gyűjtőút során talált három genetikailag új mintával és a hazai adatokkal.

A kutatást a Kulturális és Innovációs Minisztérium Nemzeti Kutatási és Fejlesztési Alap ÚNKP-22-5-ös kódszámú Új Nemzeti Kiválóság Programja, Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Hivatal (FK-143061) pályázata, a ELTE Intézeti Kiválósági Programja (TKP2020-IKA-05) támogatta. A Magyar Tudományos Akadémia Bolyai János Kutatási Ösztöndíja Dima Bálint és Papp Viktor részére nyújtott támogatást.

Recent insights from integrative taxonomic studies on the *Tulostoma* genus

In Europe, approximately 30 well-defined species of the gasteroid genus *Tulostoma* have been known based on both morphological and genetic characteristics. However, recent international collaborative research has shed light revealing that the genetic diversity of this genus is much greater than previously thought. It has been confirmed that in addition to the 15 *Tulostoma* species known so far in the Carpathian Basin, the presence of a further 19 taxa can be confirmed. Recently, four new to science *Tulostoma* species have been published from Hungary, and the description of 11 additional new species is in progress. Furthermore, four *Tulostoma* species with limited data in Europe have been discovered during the research.

In Europe, the Carpathian Basin and the Iberian Peninsula are the two most diverse regions of *Tulostoma* species. Other areas of Eurasian dry grasslands, despite their vast expanse, remain poorly explored. Even before the advent of molecular methods, 15 *Tulostoma* species were described from the territory of Kazakhstan, whose type materials are being examined using integrative taxonomic methods, comparing them with three genetically novel samples found during collecting trips in Kazakhstan and with Hungarian data.

The work was supported by the ÚNKP-22-5 New National Excellence Program of the Ministry for Culture and Innovation from the source of the National Research, Development and Innovation Fund, the National Research, Development and Innovation Office of Hungary (FK-143061, the ELTE Institutional Excellence Program 2020 (TKP2020-IKA-05). Bálint Dima and Viktor Papp are grateful to the János Bolyai Research Scholarship of the Hungarian Academy of Sciences.



Két új, búza (*Triticum aestivum*) gyökereiből izolált sötét szeptált endofiton gomba egy magyarországi szántóföldről: *Agrorhizomyces patris* és *Poaceascoma zborayi*

IMREFI Ildikó¹, KNAPP G. Dániel^{1,2} & KOVÁCS M. Gábor^{1,3,4}

¹Eötvös Loránd Tudományegyetem, Biológiai Intézet, Növény szerkezeti Tanszék, Budapest – Department of Plant Anatomy, Institute of Biology, Eötvös Loránd University, Budapest, Hungary

²Department of Forestry and Wood Technology, Linnaeus University, Sweden, Hungary

³HUN-REN Agrártudományi Kutatóközpont, Növényvédelmi Kutatóintézet, Budapest – Plant Protection Institute, HUN-REN Centre for Agricultural Research, Budapest, Hungary

⁴HUN-REN-ELTE-MTM Integratív Ökológiai Kutatócsoport, Budapest – HUN-REN-ELTE-MTM Integrative Ecology Research Group

Munkánk során sötét szeptált endofiton gombák két különböző új leszármazási vonalát vizsgáltuk, melyek búza (*Triticum aestivum*) gyökereit kolonizálják egy magyarországi hosszú távú mezőgazdasági kísérleti területen. Az izolátumok a *Pleosporales* (*Dothideomycetes*) renden belüli *Lentitheciaceae* és *Didymosphaeriaceae* családokba tartoznak. Vizsgáltuk a törzsek morfológiáját és növekedési jellemzőit, majd négy lókuszos (internal transcribed spacer, a nukleáris riboszomális DNS nagy és kis alegységének részleges régiói, valamint a translációs elongációs faktor 1-alfa részleges régiói) filogenetikai elemzéseket alkalmaztunk a gombák hovatartozásának tanulmányozásához. Az eredeti gazdákkal *in vitro* ültetési kísérleteket végeztünk, és nem tapasztaltunk általános negatív hatást az új taxonok különböző izolátumaival történő inokulálás során. Az egyik leszármazási vonal a *Poaceascoma* nemzetséghez (*Lentitheciaceae*) tartozott, és egy új fajt képviselt, amelyet *Poaceascoma zborayi* néven írtunk le. A másik leszármazási vonal izolátumai egy új monotipikus nemzetségként leírt *Agrorhizomyces* taxont képviseltek a *Didymosphaeriaceae* családban és ezeket *Agrorhizomyces patris* fajként vezettük be.

A munkát a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Hivatal támogatta (projektek: K139026; Intézményi Kiválósági Program 2020 (TKP2020-IKA-05), Diagnosztika és terápia 2; GINOP-2.3.2-15-2016-00056.).

Two novel dark septate endophytes colonising wheat (*Triticum aestivum*) roots from a cropland in Hungary: *Agrorhizomyces patris* and *Poaceascoma zborayi*

In this study, we investigated two new phylogenetic lineages of dark septate endophytic (DSE) fungi colonizing wheat (*Triticum aestivum*) roots from a long-term agricultural experimental site in Hungary. The isolates belong to the *Lentitheciaceae* and *Didymosphaeriaceae* of the *Pleosporales* (*Dothideomycetes*). We studied the morphology and culture characteristics of the strains and carried out four-locus (internal transcribed spacer, partial large and small subunit regions of nuclear ribosomal DNA, and partial translation elongation factor 1-alpha) phylogenetic analyses to infer positions of the lineages. We carried out *in vitro* resynthesis pot experiments with their original

hosts and found no overall negative effect of the different isolates of the new taxa. One of the lineages belonged to the genus *Poaceascoma* (*Lentitheciaceae*) and represented a novel species described as *Poaceascoma zborayi*. Isolates of the other lineage represented a monotypic novel genus in the *Didymosphaeriaceae*. Accordingly, the new genus, *Agrorhizomyces*, represented by the species *A. patris*, was introduced.

The work was supported by the National Research, Development and Innovation Office of Hungary (projects: K139026; GINOP-2.3.2-15-2016-00056.)



Lepiotoid gombák integratív taxonómiai vizsgálata Magyarországon

RADNÓTI Ágnes^{1,2}, DIMA Bálint², BENEDEK Lajos¹ & PAPP Viktor¹

¹Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Növénytermesztési-tudományok Intézet, Növénytani Tanszék, Budapest – Department of Botany, Institute of Agronomy, Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Budapest, Hungary; radnoti.agnes@gmail.com

²Eötvös Loránd Tudományegyetem, Biológiai Intézet, Növény szerkezettani Tanszék, 1117 Budapest – Department of Plant Anatomy, Institute of Biology, Eötvös Loránd University, Budapest, Hungary

A lepiotoid gombák több, az *Agaricaceae* családba tartozó nemzetséget ölelnek fel, amelyek közös morfológiai bélyegei a szabadon álló lemezek, a részleges burok jelenléte, a világos spórapor, valamint a szaprotróf életmód. Korábban Babos Margit kiemelt figyelmet fordított a lepiotoid gombák hazai fajainak taxonómiai vizsgálatára, azonban ezt a gombacsoportot átfogóan, integratív módszerek alkalmazásával Magyarországon még nem vizsgálták. Célkitűzésünk, hogy a hazai lepiotoid gombák diverzitását és taxonómiai viszonyait a makro- és mikromorfológiai vizsgálatok mellett molekuláris filogenetikai módszerek segítségével jobban feltárjuk. Munkánkat 2020-ban kezdtük el, létrehoztunk egy folyamatosan gyarapodó gyűjteményt, amit saját gyűjtésünk mellett a közösségi tudományon keresztül adatgyűjtések segítségével is bővítünk. A gyűjteményben közel 50 gyűjtő hozzájárulásának segítségével jelenleg több mint 400 fungáriumi minta található a *Chamaemyces*, *Cystolepiota*, *Chlorophyllum*, *Echinoderma*, *Lepiota*, *Leucoagaricus*, *Leucocoprinus*, *Macrolepiota*, *Melanophyllum*, valamint *Pulverolepiota* nemzetségekből. A minták az ország különböző részeiről származnak, valamint egyaránt tartalmaznak természetközeli élőhelyekről, üvegházakból, botanikus kertekből és virágcserepekből gyűjtött példányokat is. Az összes minta 40%-a (163 példány) saját gyűjtésből származik, melyekből eddig 58 taxont határoztunk meg fajszinten, és számos, nemzetségszintig meghatározott minta vár további vizsgálatokra. A határozásokat makro- és mikromorfológiai bélyegek, valamint molekuláris adatok, többnyire a nrDNA ITS, egyes esetekben pedig a nrDNA LSU és a fehérjekódoló *rpb2* génszakaszok bevonásával végeztük. Eddigi eredményeink azt mutatják, hogy érdemes lenne a korábbi, elsősorban morfológiai alapon meghatározott hazai lepiotoid gyűjteményeket is felülvizsgálni molekuláris biológiai módszerekkel.

Integrative taxonomic revision of lepiotoid fungi in Hungary

Lepiotaceous fungi consist of several genera belonging to the family *Agaricaceae*. They are mostly pallid-spored, saprotrophic, have free lamellae, and the partial veil may remain on them as an annulus. In Hungary, Margit Babos assessed lepiotaceous genera extensively, mainly based on morphological characteristics. However, their molecular phylogenetic revision is incomplete therefore much needed. The aim of our work is to widen our understanding on the Hungarian lepiotoid species based on morphology and molecular phylogenetic methods. We initiated our project in 2020 and established a continuously expanding collection. This collection, supplemented by our own samples, is enriched by contributions from citizen science initiatives.

Thanks to nearly 50 generous collectors we have more than 400 samples from the following genera: *Chamaemyces*, *Cystolepiota*, *Chlorophyllum*, *Echinoderma*, *Lepiota*, *Leucoagaricus*, *Leucocoprinus*, *Macrolepiota*, *Melanophyllum*, *Pulverolepiota*. The samples are originated from different parts of the country, from natural habitats, hot-houses, and under ornamental potted plants. Forty percent of the total samples (163 specimens) are from our own collections. Among these, we have identified 58 taxa at the species level thus far, while several specimens identified only up to genus level await further examinations. The identifications are based on macro- and micromorphological characteristics, supplemented by molecular methods. The molecular data is obtained by using the ITS region of the nuclear ribosomal DNA, and by LSU and *rpb2* regions in some cases. Our present findings suggest a potential need to reassess earlier collections using molecular methods, especially those initially identified solely based on morphology.



Selyemgombák (*Amanita* sect. *Vaginatae*) taxonómiai vizsgálata Magyarországon, filogenetikai és morfológiai módszerek segítségével

VARGA Dóra, KOVÁCS M. Gábor & DIMA Bálint

Eötvös Loránd Tudományegyetem, Biológiai Intézet, Növény-szervezettani Tanszék, Budapest – Department of Plant Anatomy, Institute of Biology, Eötvös Loránd University, Budapest, Hungary; vargadori2011@gmail.com

Világszerte mintegy 700 fajjal a galócák (*Amanita*) nemzetsége az *Agaricales* rend egyik legváltozatosabb és legelterjedtebb csoportja. A *Vaginatae* szekció (selyemgombák) a legfajgazdagabb és taxonómiailag legnagyobb kihívást jelentő csoportnak számít a nemzetségen belül, mivel morfológiai hasonlóságukból adódóan az ide tartozó fajok felismerése és lehatárolása csupán morfológia alapján problémás lehet. Bár számos közelmúltbeli molekuláris filogenetikai vizsgálat irányult a szekción belüli rokonsági viszonyok feltárására, a selyemgombák Magyarországon való előfordulásáról, diverzitásáról és taxonómiájáról azonban korlátozottak voltak az ismereteink. Ezért munkánk célja a Magyarországon található selyemgombák átfogó revíziója volt. Az integratív taxonómiai megközelítésünk – 4-lókuszos (nrDNA ITS, nrDNA LSU, *rpb1* és *tef1- α*) molekuláris filogenetikai elemzés, morfológiai és ökológiai megfigyelésekkel kombinálva – összesen 25 faj igazolását eredményezte Magyarországról, melyek közül 17 az országra új adatnak bizonyult. Vizsgálatunk továbbá arra is rámutatott, hogy az *Amanita vaginata* elnevezés valójában több különálló fajt takar. 32 faj bazídiospóráinak statisztikai elemzése alapján arra a következtetésre jutottunk, hogy a spórahosszúság és -szélesség, valamint a Q-érték nem egyértelemű elkülönítő bélyeg a fajok azonosítása során a szekción belül.

A kutatást a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Hivatal pályázatai (FK-143061, ELTE Intézeti Kiválósági Program – TKP2020-IKA-05, ill. Diagnosztika és terápia 2), illetve a Magyar Tudományos Akadémia Bolyai János Kutatási Ösztöndíja támogatta.

Taxonomic study of *Amanita* sect. *Vaginatae* in Hungary using phylogenetic and morphological methods

With ca. 700 species described globally, *Amanita* is one of the most diverse and widespread genera of the *Agaricales* (*Basidiomycota*). The section *Vaginatae* (ringless amanitas) is considered to be the most species-rich and taxonomically challenging group within the genus, as morphology-based species recognition and delimitation are controversial. Recent molecular phylogenetic studies have suggested a higher species diversity within this section. However, knowledge regarding the local diversity, occurrence, and taxonomy of *Amanita* species within this section in Hungary remains limited. Therefore, the aim of this study was to provide a comprehensive revision of this section in Hungary using 4-locus (nrDNA ITS, nrDNA LSU, *rpb1* and *tef1- α*) molecular phylogenetic analysis, combined with morphological observations. Our integrative

taxonomic approach resulted in the confirmation of 25 species in Hungary, 17 of which turned out to be new occurrence data for the country. Furthermore, our study indicated that the name *Amanita vaginata* in fact covers more distinct, cryptic species. Based on statistical analysis of the basidiospores of 32 species we conclude that length and width data, as well as Q values as diagnostic characters in the identification of the studied species cannot be considered as an unambiguous general taxonomic feature of *Amanita* sect. *Vaginatae*.

The study was supported by the National Research, Development and Innovation Office of Hungary (FK-143061, ELTE Institutional Excellence Program 2020 – TKP2020-IKA-05 and Diagnostics and Therapy 2) and the János Bolyai Research Scholarship of the Hungarian Academy of Sciences.



A gombák törzsfájának (FToL) bővített és frissített verziójának elkészítése gombagyűjtemények teljesgenom-szekvenálása alapján

VARGA Torda, WOODS Rosie, PITSILLIDES Frances & GAYA Ester

Comparative Fungal Biology, Royal Botanic Gardens, Kew, Richmond, United Kingdom, TW9 3DS; t.varga@kew.org

A teljes genomszekvenálási (WGS) projektek hatalmas mennyiségű genetikai információ generálásával forradalmasították a biológia területét és alapvető kérdések megoldását, új gyógyszerek felfedezését, valamint új biotechnológiai alkalmazásokat tettek lehetővé. A WGS-projektek általában friss példányokra korlátozódnak, viszont sok taxont nehéz tenyésztetbe vonni vagy újra begyűjteni a típusanyag leírását követően. Ezért a múzeumi gyűjteményeket célzó szekvenálási projektek elengedhetetlenek a gombák diverzitásának feltárásához, valamint a Fungal Tree of Life (FToL) hiányosságainak orvosolásához és további új metabolikus utak felfedezéséhez. Jelen munkában a Royal Botanic Gardens, Kew fungarium WGS projekt első kísérleti szakaszának eredményeit, beleértve egy robusztusabb, család szintű törzsfát mutatunk be és útmutatót adunk jövőbeli sikeres fungarium alapú WGS projektek számára.

Az FToL kezdeményezés és a kew-i fungarium WGS-projekt részeként több mint 300 példány teljes genomját szekvenáltuk, amelyek több mint 115 családot és 165 nemzetséget fednek le a Dikarya csoporton belül. Ezek közül 49 család és 113 nemzetség elsőként került szekvenálásra, köztük 28 típusanyaggal. A projekt során a generált adatok elemzésével feltártuk egy sikeres WGS fungarium kulcsfontosságú tényezőit. Egy 2130 feldolgozott mintát tartalmazó adatbázist hoztunk létre, ami a DNS-kivonáshoz és genomszekvenáláshoz kapcsolódó minőségi mérőszámokat tartalmazza. Ennek az adatbázisnak a segítségével meghatároztuk a DNS-kivonást és az azt követő genom-összeszerelést befolyásoló tényezőket. Jelen munka bemutatja a fungarium alapú WGS-kezdeményezések előnyeit, és ajánlásokat ad a történelmi gyűjtemények sikeres genomszekvenálásához.

Improving the Fungal Tree of Life (FToL) by whole genome sequencing historical collections

Whole genome sequencing (WGS) projects have revolutionised the field of biology by providing an immense amount of genetic information, aiding in resolving fundamental questions, discovering new drugs, and advancing biotechnological applications. However, WGS projects are usually limited to fresh specimens, yet many taxa are difficult to grow in culture or re-collect after the first acquisition of the type specimen. Therefore, sequencing projects that target fungal historical collections are essential to reveal dark taxa, fill in gaps of the Fungal Tree of Life (FToL), and accelerate the discovery of novel metabolic pathways.

Here, we present results for the first pilot phase of the fungarium WGS project at the Royal Botanic Gardens, Kew, including a more robust family-level fungal tree of life and a roadmap for a successful WGS project.

As part of the FToL initiative and fungarium WGS project at Kew, we sequenced the whole genomes of more than 300 specimens covering more than 115 families and more than 165 genera in the Dikarya. Amongst these, 49 families and 113 genera were sequenced for the first time, including 28 type specimens. The experiments carried out and data generated in this project also help to uncover key factors to secure a successful fungarium WGS. By analysing a dataset of 2,130 processed specimens and the quality metrics associated with our workflow, we delimited the factors affecting the quantity and quality of DNA extractions and subsequent genome assemblies. Our study demonstrates the benefits of fungarium WGS programs and provides recommendations for successful genome sequencing of historical samples.



A talajtani változatosság térképezése szarvasgomba-élőhelyeken

BAGI István¹, LENGYEL Dorottya², FÉLEGYHÁZI Fruzsina^{1,3}, KOVÁCS Zoltán Károly⁴ & DOBOS Endre⁴

¹NEFAG Zrt. Szolnok – NEFAG Ltd., 5000 Szolnok, Hungary; hypogea@gmail.com

²Talajtérkép Kft. Budapest – Talajtérkép Ltd. Budapest, Hungary

³Eötvös Loránd Tudományegyetem, Biológiai Intézet, Növényélettan és Molekuláris Növénybiológia Tanszék, Budapest – Department of Plant Physiology and Molecular Plant Biology, Institute of Biology, Eötvös Loránd University, Budapest, Hungary

⁴Miskolci Egyetem Földrajz-Geoinformatika Intézet, Miskolc-Egyetemváros – Institute of Geography and Geoinformatics, University of Miskolc, Miskolc, Hungary

A szarvasgombák (*Tuber* spp.) a gasztronómiában magasra értékelt fás szárú növényekkel mikorrhiza-kapcsolatban élő tömlősgombák. Gazdasági jelentőségüket jelzi, hogy egyre többen próbálkoznak erdészeti, illetve ültetvényes termesztésükkel Magyarországon is. Életciklusuk – konzumációjuk kivételével – a talajban folyik, a micélium, mikorrhiza sőt a termőtest is a föld alatt fejlődik, ezért érthető, hogy a szarvasgombák nagyon érzékenyek a talaj számos tulajdonságára. A precíziós talajtérképezés terepi szelvényleírások alapján meghatározott talajtani egységek (pedonok) térinformatikai módszerekkel való kiterjesztését és ennek ábrázolását jelenti. Közismert, hogy a gombák egy-egy élőhelyen gyakran egyenetlenül, sokszor foltokban teremnek. Az általunk eddig vizsgált alföldi nyári- (*Tuber aestivum*), illetve isztriai szarvasgomba (*T. magnatum*) élőhelyeken a termőfoltok nagysága, produktivitása és elhelyezkedése egyes (leginkább a mikrodomborzat meghatározta) talajtani jellemzők változatosságát követi. A szarvasgomba élőhelyek talajtani változatosságának ismerete segíthet az egyes szarvasgomba fajok talajigényeinek még pontosabb ismeretéhez. Termésadatokkal együtt a precíziós talajtérkép segíthet megérteni a különbséget a jobb és a gyengébb termőképességű területek között. A szarvasgomba termőhelyek korábbi talajtani kutatásai jellemzően nem terjedtek ki a produktivitásra, az eredményes szarvasgomba termesztéshez azonban a termőtalajok minősítése is szükségesnek tűnik.

Mapping soil diversity in truffle habitats

The truffles (*Tuber* spp.) are ascomycetes living in mycorrhizal association with woody stem plants, highly valued in gastronomy. Their economic importance indicates that more and more people are trying to cultivate them in forests and plantations in Hungary. Their entire life cycle occurs in the soil, truffle mycelium, mycorrhizae and even fruiting bodies develop underground, therefore they are very sensitive to soil characteristics. It is well known that fungi in a habitat grow unevenly with patchy pattern. In Hungary on lowland study sites Summer truffle (*Tuber aestivum*) and Istrian truffle (*Tuber magnatum*) habitats we have studied, patch size, productivity and distribution follow the variation of soil characteristics (mostly determined by micro-topography, parent material and water balance of the soil). Knowing the soil variability of truffle habitats can help to better understand the soil

requirements of individual truffle species. In combination with productivity data, precision soil mapping can help to understand the difference between areas with better and less productive soil. Previous soil research on truffle growing areas has typically not covered productivity, but for successful truffle cultivation, the development of soil evaluation system for truffle habitats is necessary.



A növénypatogén gombákra gyakorolt erdészeti kezelések hatásának környezeti DNS-alapú feltárása

FINTHA Gabriella^{1,3}, ÓDOR Péter², MOTA LEAL Carla^{1,3}, GEIGER Adrienn^{1,4}, MOLNÁR Anna^{1,3}, KGOBE Gglodia⁵, ASZALÓS Réka², TINYA Flóra², KOVÁCS Bence², ODODA Kennedy¹ & GEML József^{3,4}

¹Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Környezettudományi Doktori Iskola, Gödöllő – Environmental Sciences Doctoral School, Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Gödöllő, Hungary

²HUN-REN Ökológiai Kutatóközpont, Ökológiai és Botanikai Intézet, Vácrátót – Institute of Ecology and Botany, HUN-REN Centre for Ecological Research, Vácrátót, Hungary

³Eszterházy Károly Katolikus Egyetem, HUN-REN-EKKE Lendület Környezeti Mikrobiom Kutatócsoport, Eger – HUN-REN-EKKE Lendület Environmental Microbiome Research Group, Eszterházy Károly Catholic University, Eger, Hungary; geml.jozsef@uni-eszterhazy.hu

⁴Kutatási és Fejlesztési Központ, Eszterházy Károly Katolikus Egyetem, Eger – Centre for Research and Development, Eszterházy Károly Catholic University, Eger, Hungary

Az Ökológiai Kutató Központ és a Pilisi Parkerdő Zrt. együttműködésében végzett Pilisi Üzem mód Kísérlet széleskörű vizsgálattal tárja fel, hogy egy észak-magyarországi gyertyános-tölgyesben az erdészeti kezelések (lékvágás, bontás, véghasználat, hagyasfa csoport és kontroll) milyen hatással vannak az erdei ökológiai rendszerekre. Jelen vizsgálatunkat ennek a kísérletnek a keretein belül végezzük, azzal a céllal, hogy megismerjük a különböző erdészeti kezelések hatását a növénypatogén gombák diverzitására és közösségének összetételére. A kísérleti területen kialakított 30 parcellán, 2020 és 2021 között vett növényi mintákból elvégeztük a gombaközösségek ITS2 rDNA szekvenálását és bioinformatikai elemzését, majd az azonosított szekvenciákat rendszertani és funkcionális csoportok szerint soroltuk be. Előadásunkban összehasonlítást végzünk a különböző növényminták és erdőkezelési módok között. Vizsgálatunk során 810 gombagenotípus detektálását végeztük el, melyek közül a legfajgazdagabb filogenetikai csoport az *Alternaria*, *Ascochyta*, *Mycosphaerellaceae*, *Naevula*, *Pseudopezizula*. A növénypatogén gombák diverzitása jelentős eltérést mutat a kezelések, illetve a minta típusok között egyaránt.

Environmental DNA sequencing reveals differential responses of plant pathogenic fungi to forestry treatments

This research was started in 2014, led by the Pilis Forestry Systems Experiment (PFSE), a long-term ecological study established in the Pilis Mountains that investigates the effects of the forestry treatments on forest site, regeneration and multi-taxon biodiversity. We carried out DNA metabarcoding of fungi from plant samples (moss, tree, sedge) to study the effect of different forestry treatments on the richness and community composition. Samples were collected in between 2020 and 2021, here, we present the first insights regarding the compositional dynamics of plant pathogenic fungi under

the above forestry treatments. We performed ITS2 rDNA metabarcoding of the soil-borne fungal communities, completed bioinformatic analyses, and assigned the resulting high-quality fungal sequences to taxonomic and functional groups. Out of the 810 detected fungal genotypes, which the most diverse phylogenetic clades were *Alternaria*, *Ascochyta*, *Mycosphaerellaceae*, *Naevata*, *Pseudopezicula*. Richness and proportional abundance of plant pathogens were highest in clear-cuts and gaps and correlated positively with herb cover and soil moisture. Community composition of plant pathogenic fungi correlated strongly with treatment type, with significant differences observed in all forestry treatments when compared to the control and to each other. These differences in habitat preference were already evident at genus level. Finally, the data presented here provide an unprecedented insight into the diversity and niche-based habitat partitioning of plant pathogenic fungi that is presumably driven in part by the altered abiotic conditions and changes in understory vegetation.



A fajta, a mikroélettér, a szezonális és az évjárat mikrobiomra gyakorolt hatásának vizsgálata egészséges és Esca-tünetes szőlő esetén az Egri borvidéken

GEIGER Adrienn^{1,2,3}, KARÁCSONY Zoltán², MOTA LEAL Carla^{1,3}, GOLEN Rihárd² & VÁCZY Kálmán Zoltán², GEML József^{1,2}

¹*Eszterházy Károly Katolikus Egyetem, HUN-REN-EKKE Lendület Környezeti Mikrobiom Kutatócsoport, Eger – HUN-REN-EKKE Lendület Environmental Microbiome Research Group, Eszterházy Károly Catholic University, Eger, Hungary; geiger.adrienn@uni-eszterhazy.hu*

²*Eszterházy Károly Katolikus Egyetem, Élelmiszertudományi és Borászati Tudásközpont, Eger – Food and Wine Knowledge Center, Eszterházy Károly Catholic University, Eger, Hungary*

³*Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Környezettudományi Doktori Iskola, Gödöllő – Environmental Sciences Doctoral School, Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Gödöllő, Hungary*

A szőlő egy gazdaságilag jelentős növény, mely változatos mikrobiális közösséggel rendelkezik. A szőlőt számos gombás betegség fertőzi, ezek közül az egyik legsúlyosabb a szőlő korai elhalásával (grapevine trunk diseases – GTD) összefüggésbe hozható Esca. A betegség jelentős károkat okoz a szőlő- és borágazatban. Munkánk során egészséges és Esca-tünetes növények mikrobiomját hasonlítottuk össze, vizsgáltuk a fajta, a szezonális, az évjárat, valamint a mikroélettér hatását a mikrobiom összetételére. A DNS metabarcoding technika segítségével a gombák azonosítására szolgáló ITS szekvenciákat generáltunk három különböző mikroélettérből (faszövet, kéreg, talaj) 2020 és 2021 februárjában és augusztusában. A szekvenciák elemzését a dada2 csomaggal végeztük az R környezetben. A gombák taxonómiai besorolását a legújabb UNITE adatbázis felhasználásával a USEARCH program segítségével végeztük. A gombákat funkció szerint is csoportosítottuk a FungalTraits alapján. A gombák fajgazdagságára az évjárat erősen, míg a szezonális gyengébben hatott. A növényi kórokozók a kéregben és a faszövetben domináltak, ezek közül is főként a GTD kórokozók, a nem GTD-hez köthető lignicol szaprotrófok és mikoparaziták a kéregben domináltak, a generalista szaprotrófok a talajban. A GTD kórokozók fajgazdagsága és abundanciája eltért az Esca-tünetes és egészséges növények esetén; a tünetes növényekben az abundancia és fajgazdagság értékek magasabbak voltak, míg a nem GTD kórokozók esetén nem volt különbség. A fajta hatása csak a GTD-hez köthető lignicol szaprotrófok esetén volt megfigyelhető. A mikrobiom összetételére a mikroélettér mellett az évjárat volt a legnagyobb hatással. Ezen eredmények kiemelik a mikroélettér szintű környezeti szűrés fontosságát, valamint az évjárat mikrobiomra gyakorolt hatását, mely valószínűleg az eltérő időjárási viszonyok következtében nyilvánul meg.

The impact of cultivar, season, and vintage on the fungal community of healthy and Esca-diseased grapevines

Grapevine harbour diverse microbial community. Fungal pathogens, especially those linked with grapevine trunk diseases (GTDs) like Esca, lead to significant losses

in vineyards. Our study aimed to compare the fungal communities of asymptomatic and Esca-symptomatic grapevines, while also examining how factors such as cultivar, season, vintage, and microhabitat influence the fungal community composition. DNA metabarcoding targeting the ITS rDNA region was conducted on samples collected from three compartments – bark, soil, and woody tissue – across four different cultivars in February and August of 2020 and 2021. Analysis of the DNA sequence data was performed using dada2 in R, with taxonomic classification carried out using the UNITE database and functional guild assignment based on FungalTraits.

The study revealed significant vintage effects and minor seasonal variations in fungal richness. Plant pathogens, particularly those associated with GTDs, were predominant in bark and wood samples, whereas GTD-related wood saprotrophs and mycoparasites were more prevalent in bark, and generalist saprotrophs were abundant in soil. Notably, there were marked differences in the abundance and richness of GTD-associated pathogens, with higher levels observed in symptomatic plants compared to asymptomatic ones. However, no significant differences were observed in non-GTD pathogens. The influence of grapevine variety was mainly evident in the richness values of GTD-related wood saprotrophs. Beside the strong community partitioning according to microhabitats (plant parts), vintage was the primary driver of mycobiome composition. These findings underscore the importance of environmental filtering at microhabitat-level in shaping the grapevine mycobiome and the observed differences between the two years, likely caused by differing weather conditions, provide a new layer of meaning to the concept of vintage in viticulture.



A gombák sokfélesége és élőhely-preferenciája pannon erdei közösségekben edafikus és topográfiai gradiensek mentén

GEML József¹ & SULYOK József²

¹*Eszterházy Károly Katolikus Egyetem, HUN-REN-EKKE Lendület Környezeti Mikrobiom Kutatócsoport, Eger – HUN-REN-EKKE Lendület Environmental Microbiome Research Group, Eszterházy Károly Catholic University, Eger, Hungary; jozsef.geml@gmail.com*

²*Bükk Nemzeti Park Igazgatóság, Eger – Bükk National Park Directorate, Eger, Hungary*

A pannon biogeográfiai régió Európában egyedülálló élővilágot képvisel. Középhegységeink különösen változatos biológiai közösségeknek adnak otthont az élőhelyek nagyfokú változatoságából kifolyólag. Ez jórészt az alapközetek széles skálájának, valamint a változatos domborzatnak köszönhető, amely az edafikus és mezoklimatikus viszonyok széles spektrumát teremti meg. Az élőhelyek sokfélesége lehetővé teszi a túlnyomórészt szubmediterrán, kontinentális, atlantikus és kárpáti florisztikai és faunisztikai elemek gyakran egymás közelében való együttélését, a lejtő domborzati fekvésétől, a tengerszint feletti magasságtól és az alapközettől függően. Míg a növényközösségek összetételére vonatkozó tájszintű mintázatok jól ismertek, a gombaközösségekről kevés információ van. A magyarországi erdei gombák első, környezeti DNS-t használó jellemzését végeztük el az észak-magyarországi Bükk hegység 11 pannon erdő-típusát reprezentáló 62 helyszínen vett talajmintákból származó gomba DNS-szekvenciák alapján. A kiválasztott mintavételi helyek a jellegzetes erdőtípusokat reprezentálják, amelyek a magassági (azaz hőmérsékleti), pH- és lejtőszögbeli gradiensek mentén oszlanak el. Összehasonlítottuk a gombák különböző funkcionális csoportjainak fajgazdagságát és összetételét az erdőtípusok között, és ezek lehetséges kapcsolatait vizsgáltuk a környezeti változókra vonatkozóan. Az adataink azt mutatják, hogy gombaközösségek összetételére számos környezeti változó hatással van, különösen a talaj kémhatása és nedvességtartalma, és számos gomba kifejezett előnyben részesít bizonyos zonális, topográfiai vagy edafikus erdőtípusokat. Ezenkívül az egyes funkcionális csoportok és gombanemzetségek között is jelentős különbségeket találtunk az erdőtípusok közötti fajgazdagságra és fajösszetételre vonatkozóan, amelyeket részben az eltérő környezeti tényezők okoztak. Minden erdőtípusra azonosítottunk indikátor fajokat, sokszor egy nemzetségben belül is, ami a rokon fajok niche-differenciálódására utal.

Annak ellenére, hogy a vizsgált környezeti változók viszonylag nagy mértékben magyarázták a minták közötti összetételbeli különbségeket, a variancia nagy része megmagyarázatlan maradt, ami azt jelzi, hogy mind a niche (környezeti szűrés), mind a semleges (sztochasztikus) folyamatok alakítják táji szinten a gombaközösségek összetételét.

Diversity and habitat preference of Pannonian forest fungi along edaphic and topographic gradients

The Pannonian biogeographic region represents unique ecosystems in Europe. Montane regions support particularly diverse biological communities, as they are characterised by high habitat diversity, due to the wide variety of calcareous, volcanic and igneous rocks and diverse topography that create a broad spectrum of edaphic and mesoclimatic conditions. This diversity of habitats allows the coexistence of predominantly sub-Mediterranean, continental, Atlantic, and Carpathian floristic and faunistic elements often in close proximity, depending on slope aspect, elevation, and geological parent material. While landscape-level patterns of plant communities are well documented, our information on fungal communities is scarce. We carried out DNA metabarcoding of fungi from soil samples taken at 62 sites, representing 11 Pannonian forest types in the Bükk Mountains in northern Hungary to carry out the first-ever characterization of forest fungi in Hungary using environmental DNA. The selected sampling sites represent the characteristic forest types distributed along elevation (i.e., temperature), pH and slope aspect gradients. We compared richness and community composition of various functional groups of fungi among forest types and explored relationships among environmental variables and fungal diversity and community turnover. The DNA sequence data generated in this study indicated strong correlations between fungal community composition and environmental variables, particularly with pH and soil moisture, with many fungi showing preference for specific zonal, topographic or edaphic forest types. Several fungal groups showed significant differences in richness among forest types and exhibited strong compositional differences mostly driven by differences in environmental factors. Indicator species were identified for each forest type, often within a genus, indicating niche differentiation of related species. Despite the relatively high proportions of compositional variance explained by the tested environmental variables, a large proportion of the compositional variance remained unexplained, indicating that both niche (environmental filtering) and neutral (stochastic) processes shape fungal community composition at landscape level. Our work provides unprecedented insights into the diversity, landscape-level distribution, and habitat preferences of fungi in the Pannonian forests of Northern Hungary.



A glükoszínolát eredetű nitrilek, izotiocianátok, valamint flavonoid glikozidok hatása a mikrobiom-összeszerelődésre torma (*Armoracia rusticana*, *Brassicaceae*) a gombataxonok eltérő érzékenységén keresztül valósul meg

GONDA Sándor¹, SZŰCS Zsolt¹, CZIÁKY Zoltán², ÁCS-SZABÓ Lajos¹ & PLASZKÓ Tamás³

¹Debreceni Egyetem, Növénytani Tanszék, Debrecen – Department of Botany, University of Debrecen, Debrecen, Hungary; gonda.sandor@science.unideb.hu

²Nyíregyházi Egyetem, Agrár és Molekuláris Kutató- és Szolgáltató Csoport, Nyíregyháza – Agricultural and Molecular Research and Service Group, University of Nyíregyháza, Nyíregyháza, Hungary

³Department of Biology, Terrestrial Ecology, Faculty of Science, University of Copenhagen, København Ø, Denmark

A jelen kutatás betekintést kíván nyújtani a növényi primer és speciális metabolitok és az endofiton közösség tagjai közötti kölcsönhatásokba torma (*Armoracia rusticana*, *Brassicaceae*) esetében. Az egyik megközelítésben egy négyhektáros termőterületről származó tormagyökereket három egymást követő évben több pontból mintavételeztük. A területet homogén, konzisztens agrotechnológia és nagy talajváltozékonyság jellemzi. Minőségellenőrzött, nem célzott LC-MS megközelítéssel a különféle talajtípusokon növekedő gyökerek között nagy kémiai változatosságot mutattunk ki. Az évek közötti hatás érdekes módon csak laza, nagy homoktartalmú talajokon volt jelentős. Az adatok integratív elemzését a talajkémiai, a növényi metabolomra, a talajmikrobiomra és az endofiton mikrobiomra vonatkozó adatok korrelációs hálózat-elemzésével végeztük. Utóbbi adatokat ITS2 metabarcoding megközelítéssel nyertük. Kimutattuk, hogy csak kisszámú endofiton ASV abundanciája korrelál a növénykémiai és talaj mikrobiológiai paraméterekkel, a többi endofiton abundanciáját pedig előbbi endofiton fajok alakítják. A flavonoidok és a kisebb glükoszínolátok voltak a legnagyobb hatással, mégis további vegyületek, köztük elsődleges metabolitok is megfigyelhetőek voltak egyes korrelációkban. A talajban és a gyökerekben is kimutatható ASV-k nagy aránya lehetővé tette dúsulási arányok kiszámítását, amely megmutatta, hogy a flavonoidok, egyszerű fenolos savak, minor glükoszínolátok és peptidek befolyásolják a különböző törzsek ilyen értékeit. Összességében úgy tűnik, hogy a talajkémia közvetve befolyásolja az endofiton mikrobiom-összeszerelődését a növény kémiájának és a talajgomba-közösség változásainak előidézésével. Egy másik megközelítésben a *Hypocreales*, *Glomerellales*, *Pleosporales* és *Eurotiales* csoportokba tartozó gombákat, köztük 15 torma eredetű endofitont és 30 talajgombát gátlási tesztnek vetettünk alá. Az ágensok a gombákra alig vizsgált különböző glükoszínolát-származékú nitrilek, továbbá egy izotiocianát (PEITC) és ezek kombinációi voltak. Megmutattuk, hogy a *Hypocreales* gombák szignifikánsan nagyobb toleranciát mutatnak a PEITC-vel, a glükoszínolát-származékú nitrilekkel szemben, és kevésbé érzékenyek a szinergista gombaellenes hatásokra. A szinergista hatás az indol-3-acetonitrillel bizonyult a legerősebbnek, a 3-butenitrillel pedig a leggyengébbnek. Az eredmények rávilágítanak a glükoszínolát eredetű nitrilek meglepő hozzájárulására a növényi mikrobiom alakításában.

Glucosinolate-derived nitriles and isothiocyanates as well as flavonoids possibly contribute to the root filtering of the endophytic fungi in horseradish (*Armoracia rusticana*, *Brassicaceae*) through different sensitivities of fungal taxa

The current report wishes to provide an insight into interactions between plant primary and specialized metabolites and endophytic community members, in horseradish (*Armoracia rusticana*, *Brassicaceae*). In one approach, horseradish roots from a 4-ha production area were sampled from multiple sites in three consecutive years. The plot is characterized by consistent agrotechnology and a high soil variability. A quality-controlled, untargeted LC-MS approach has shown large site-to-site chemical variability as well as high year-to-year variability in case of sand and loamy sand, but not medium loam sites. Integrative data analysis was carried out via correlation network analysis of data on soil chemistry, the plant metabolome, soil microbiome and the endophytic microbiome. The latter were obtained by an ITS2 metabarcoding approach. It was shown that the abundance of only a small number endophytic ASVs actually with changes in plant chemistry and soil microbiome changes. Flavonoids and minor glucosinolates were most influential, yet, additional compounds including primary metabolites were shown to be involved in correlations. The ratio of the abundance of ASVs in the soil and the roots enabled us to calculate an enrichment ratio, showing that flavonoids, simple phenolic acids, minor glucosinolates, peptides influence the enrichment ratios of a variety of strains. Altogether, soil chemistry seems to indirectly influence the assembly of the endophytic microbiome through inducing changes in plant chemistry and adjustments in the soil fungal community.

In another approach, 15 horseradish endophytes and 30 soil fungi belonging to *Hypocreales*, *Glomerellales*, *Pleosporales* and *Eurotiales* were subjected to inhibition test by various glucosinolate-derived nitriles, an isothiocyanate (PEITC) and combinations thereof. We show that fungi from *Hypocreales* show significantly more tolerance towards PEITC, glucosinolate-derived nitriles and are less susceptible to the synergistic antifungal effects as well. The synergistic effect was shown to be the strongest with indole-3-acetonitrile, and the weakest with 3-butenenitrile. In summary, the results highlight contributions of glucosinolate-derived nitriles in shaping the plant microbiome.



Magyarországi élőhelyek relatív gombatermő-képességének becslése és térképezése

KISNÉ FODOR LÍVIA^{1,2}, PETRIK OTTÓ³ & KUTSZEGI GERGELY⁴

¹Agrárminisztérium, Természetmegőrzési Főosztály, Budapest – Department of Nature Conservation, Ministry of Agriculture, Budapest, Hungary; fodor.livia@gmail.com

²Magyar Mikológiai Társaság, Budapest – Hungarian Mycological Society, Budapest, Hungary

³Lechner Tudásközpont, Budapest – Lechner Knowledge Center, Budapest, Hungary

⁴Állatorvostudományi Egyetem, Növényteni Tanszék, Budapest – Department of Botany, University of Veterinary Medicine, Budapest, Budapest, Hungary

A NÖSZTÉP, azaz a Nemzeti Ökoszisztéma-Szolgáltatások Értékelése és Térképezése Projekt keretében, a kulturális ökoszisztéma-szolgáltatások második tématerületeként, a gombászáshoz kapcsolódó kulturális örökség témájának vizsgálata került kiválasztásra. Az elemzés során hasonlóan jártunk el, mint a projektben kiválasztott többi ökoszisztéma-szolgáltatás esetében, így a gombászást is egy elméleti kaszkárendszer keretei között vizsgáltuk. Az értékelés alapjaként elfogadott ökoszisztéma-szolgáltatási kaszkád négy, különböző módon értékelhető szintre osztja az ökoszisztéma-szolgáltatások értékelésének folyamatát: (1) az ökoszisztémák állapota, (2) az ökoszisztéma-szolgáltatás kapacitások, (3) a ténylegesen igénybe vett szolgáltatások, és a (4) társadalmi jóllét fenntartása és növelése. A kaszkád 1. szintjén a cél az élőhelyek állapotértékelése volt a gombászás szempontjából. Ennek indikátoraként becsültük az élőhelyek gombatermő-képességét. Egy-egy terület gombatermő-képességét az ott termőtestet képző gombafajok fajszerkezetén túl a képződő termőtestek mennyiségén keresztül jellemezhetjük. Egy-egy jól definiált terület vagy élőhely gombatermő-képességére vonatkozó részletes felmérés csak néhány esetben készült, így az országos térképezéshez sem álltak rendelkezésünkre valós, mért adatok. Az egyes élőhelyek gombatermő-képességét ezért becsléssel határoztuk meg, figyelembe véve az élőhelyek természeti adottságait (pl. az ökoszisztéma-típusát, klimatikus viszonyait, talajtulajdonságait), valamint természetességét (a hazai erdők állapotterképe alapján). Az egyes ökoszisztéma-típusok potenciális gombatermő-képességeinek megállapításakor terepi gombaszakértők segítségét, valamint az élőhelyek természeti adottságait jellemző térinformatikai adatbázisokat is felhasználtunk.

A relatív gombatermő-képességet országos léptékben mutató térkép úgy nyújt összehasonlítást az egyes élőhelyek potenciális gombatermő-képességéről, hogy biotikus (a növénytakaróra vonatkozó) és abiotikus (a klimatikus viszonyokat jellemző) környezeti tényezőket is figyelembe vesz.

Készült a KEHOP-4.3.0.-VEKOP-15-2016-00001 azonosítószámú, „A közösségi jelentőségű természeti értékek hosszú távú megőrzését és fejlesztését, valamint az EU Biológiai Sokféleség Stratégia 2020 célkitűzéseinek hazai szintű megvalósítását megalapozó stratégiai vizsgálatok” című projekt keretei között.

Mapping of estimated relative mushroom-producing capacity of Hungarian habitats

In the framework of National Mapping and Assessing of Ecosystem Services Project (MAES-HU; NÖSZTÉP), the second topic of cultural ecosystem services was the evaluation of cultural heritage related to mushroom picking. Here, we followed the same methodology we applied for evaluating other ecosystem services assessed in the MAES-HU Project. Therefore, we similarly applied the conceptual framework, provided by a cascade system, for examining mushroom picking as an ecosystem service. This cascade system classifies the evaluation methods of ecosystem services into four levels that can be evaluated in different ways: based on the (1) current condition (health) of ecosystems, the (2) capacities of ecosystem services, the (3) actual use of ecosystem services by humans and (4) the contribution to maintain and/or increase social well-being. At the 1st cascade level, we aimed to assess the condition of ecosystems through the indicator of the general mushroom-producing capacities of habitats, which can be characterized by estimating the species richness of relevant macrofungal species as well as the potential amount of fruiting bodies. Comprehensive surveys on the mushroom-producing capacities of well-defined areas or habitats in Hungary are scarce, therefore no accurate, measured data was available for us for compiling a map at the country level. Therefore, we had to estimate the mushroom-producing capacity of habitats. To do this, we used expert judgment based on habitat characteristics such as the type of ecosystem, and also apply datasets of climatic conditions, soil properties and naturalness (map of the naturalness condition of Hungarian forests – product of the same project). During estimating the potential mushroom-producing capacities of different ecosystem types, we collaborated with field mycologists and used geographic information databases describing habitat characteristics.

The resulting country-scaled map provides a comparison of the potential mushroom-producing capacities of habitats by taking into account both biotic (related to the vegetation) and abiotic (characterizing climatic conditions) environmental factors.

This work was conducted in the framework of the project entitled “Strategic Assessments supporting the long-term conservation of natural values of community interest as well as the national implementation of the EU Biodiversity Strategy to 2020” (KEHOP-4.3.0.-VEKOP-15-2016-00001).



Az Őrségi Nemzeti Park védett nagygombafajai: elterjedés, élőhely-preferencia, fajmegőrzés

KUTSZEGI Gergely¹, ALBERT László², FINY Péter², KÖBLI Zoltán³, SILLER Irén⁴, ZAGYVA Imre⁵ & DIMA Bálint⁶

¹Állatorvostudományi Egyetem, Növényteni Tanszék, Budapest – Department of Botany, University of Veterinary Medicine, 1077 Budapest, Hungary; Kutszegi.Gergely.Jozsef@univet.hu

²Magyar Mikológiai Társaság, Budapest – Hungarian Mycological Society, 1087 Budapest, Hungary

³Szombathely, Hungary

⁴Budapest, Hungary

⁵HUN-REN Agrártudományi Kutatóközpont, Talajtani Intézet, Budapest – Institute for Soil Sciences, HUN-REN Centre for Agricultural Research, Budapest, Hungary

⁶Eötvös Loránd Tudományegyetem, Természettudományi Kar, Biológiai Intézet, Növényiszervezettani Tanszék, Budapest – Department of Plant Anatomy, Institute of Biology, Eötvös Loránd University, Budapest, Hungary

A gombák nélkülözhetetlen szerepet töltenek be az erdei és gyepi életközösségek anyagkörforgalmában; főleg növényi eredetű szerves anyagokat bontanak és tesznek hozzáférhetővé más élőlénycsoportok számára. Közösségeik csak akkor képesek hatékonyan betölteni a természetbeni funkcióikat, ha minél több faj alkotja őket, ugyanis fajaik gyakran úgy kerülnek el a versengést, hogy csak bizonyos kémiai kötések bontására specializálódnak. A bomló szerves anyagokban sokféle kémiai kötés található, így teljes feldolgozásukhoz mindenképpen számos gombafaj szükséges. A gombák faji sokféleségét nagyban veszélyezteti az emberi tájhasználat, amely főleg a számukra alkalmas élőhelyfoltok (tápanyagforrások) eltűnésén keresztül nyilvánul meg. Sok gombafaj pontos előfordulásáról, környezeti igényeiről és szubsztrátum-preferenciáiról keveset tudunk, és ez elmondható a hazánkban jelenleg jogszabályi védelem alatt álló gombafajokról is, melyek hatékony, tartamos védelmét a szóban forgó ismeretek nélkül nem lehet kidolgozni. Célunk ezért Magyarország egyik gombákban leggazdagabb területe, az Őrségi Nemzeti Park (ŐNP) védett gombafajainak élőhelyfelmérése és környezeti igényeik feltárása. Ezt a munkát célszerű a védett gombafajokkal kezdeni, mert élőhelyeik célirányos alkalmasabbá tételét nemcsak jogszabály segíti, hanem a számukra megfelelő élőhelyek rengeteg más gombafaj számára is fennmaradási lehetőséget biztosíthatnak. Az Őrség, a Vendvidék és a Kőszegi-hegység számos erdő és gyep-társulását gyalog jártuk be. Feljegyeztük a védett gombafajok termőtesteinek geokoordinátáit, valamint – az erdőlakók esetében – a 20 m-es körzetükben növényfajokat, ill. a szubsztrátumaik jellegzetességeit. Az észlelési térkép elkészítéséhez közösségi tudományból (citizen science) származó és szakirodalmi előfordulási adatokat is figyelembe vettünk. A gombafajok fajaj-preferenciáit nem metrikus, többdimenziós skálázással (NMDS) ábrázoltuk. Az ŐNP működési területén a hazai védett 58 nagygombafajból eddig 35-öt találtunk meg: *Agaricus bohusii*, *Amanita caesarea*, *A. lepiotooides*, *A. vittadinii*, *Cantharellus melanoxeros*, *Cladomeris umbellata*, *Entoloma porphyrophaeum*, *Ganoderma pfeifferi*, *Gomphidius roseus*, *Gomphus clavatus*, *Grifola frondosa*, *Gyrodon lividus*, *Hericium cirrhatum*, *H. erinaceus*, *Hydnellum ioeides*, *H. scabrosum*, *Hygrocybe punicea*, *Hygrophorus marzuolus*, *H. poëtarum*, *Hypsizygus ulmarius*, *Lactarius helvus*,

Leccinum variicolor, *Leucopaxillus compactus*, *Lycoperdon mammiforme*, *Phellodon niger*, *Pholiota squarrosoides*, *Phylloporus pelletieri*, *Pogonoloma macrorrhizum*, *Polyporus tuberaster*, *Porphyrellus porphyrosporus*, *Porpolomopsis calyptriformis*, *Pseudoboletus parasiticus*, *Scutigera pes-caprae*, *Strobilomyces strobilaceus*, *Volvariella bombycina*.

Az egyes megtalált gombafajok lokalitásait vizsgálva számos specifikus jellegzetességet állapítottunk meg, de általánosságban az erdők jelenlegi holtfakészletének javítása és elegyességük fenntartása lenne a legfontosabb.

Munkánkat az Őrségi Nemzeti Park Igazgatóság támogatta.

Red-listed macrofungal species in Őrség National Park, western Hungary: spatial distribution, habitat preference, conservation

Fungi are essential for maintaining nutrient cycling in grasslands and forest ecosystems. Primarily decomposing plant matter, they share and make nutrients available for other organisms. Only the fungal communities rich in species can fulfil their functioning in nature, as most fungal species avoid exploitation competition by specialising in the breakdown of specific chemical bonds. Decaying organic matter contains a broad spectrum of such bonds. Hence, diverse fungal assemblages are vital for completing decomposition. Fungal diversity is greatly threatened by human land use via destroying microhabitats and substrates essential for fungi. The occurrence, environmental requirements, and substrate preferences are still largely unknown regarding many fungal species, including macrofungal taxa red-listed in Hungary. Their successful, long-term conservation cannot be developed without addressing these knowledge gaps. Thus, we aimed to map habitats and reveal environmental drivers of red-listed macrofungal species in the Őrség National Park (ŐNP), one of the areas with the highest fungal diversity in Hungary. It is worth starting this with protected fungal species not only due to the legal support for the targeted improvement of their habitats, but also because the habitats suitable for them can also provide survival opportunities for many other fungal species.

We conducted field excursions in the grasslands and forests of Őrség, Vendvidék, and the Kőszeg Mountains in western Hungary. We recorded the geocoordinates of the sporocarps of protected fungal species, and for forest fungi, also the tree species and substrate properties within a 20-meter radius. For creating the distribution map of species occurrences, we also involved data from citizen science and relevant literature. We visualized the tree species preferences of fungal species using non-metric multi-dimensional scaling (NMDS).

Within the ŐNP, we found 35 out of the 58 macrofungal species protected in Hungary: *Agaricus bohusii*, *Amanita caesarea*, *A. lepiotoides*, *A. vittadinii*, *Cantharellus melanoxeros*, *Cladomeris umbellata*, *Entoloma porphyrophaeum*, *Ganoderma pfeifferi*, *Gomphidius roseus*, *Gomphus clavatus*, *Grifola frondosa*, *Gyrodon lividus*, *Hericium cirrhatum*, *H. erinaceus*, *Hydnellum ioeides*, *H. scabrosum*, *Hygrocybe punicea*, *Hygrophorus marzuolus*, *H. poëtarum*, *Hypsizygus ulmarius*, *Lactarius helvus*, *Leccinum variicolor*, *Leucopaxillus compactus*, *Lycoperdon mammiforme*, *Phellodon niger*, *Pholiota squarrosoides*, *Phylloporus pelletieri*, *Pogonoloma macrorrhizum*, *Polyporus tuberaster*, *Porphyrellus*

porphyrosporus, Porpolomopsis calyptriformis, Pseudoboletus parasiticus, Scutigera pes-caprae, Strobilomyces strobilaceus, Volvariella bombycina.

During our work, we identified numerous species-specific characteristics. Generally, the most important factors for improving habitats would be increasing the amount of deadwood in managed forests and maintaining high tree species richness.

This study was supported by the Directorate of Órség National Park.



Kripták mikológiai vizsgálata

MAGYAR Donát¹, BOGNÁR Csaba², KREDICS László³, VARGA András³, PAP Ildikó Katalin⁴ & SIMON Zsófia⁵

¹Nemzeti Népegészségügyi és Gyógyszerészeti Központ, Budapest – National Center for Public Health and Pharmacy, Budapest, Hungary; magyar.donat@gmail.com

²MH Egészségügyi Központ Járványvédelmi és Tudományos Kutató Intézet, Budapest – Hungarian Defence Forces, Medical Centre, Epidemiological Scientific and Research Institute, Hungary, Hungary

³Szegedi Tudományegyetem, Természettudományi és Informatikai Kar, Mikrobiológiai Tanszék Szeged – Department of Microbiology, Faculty of Science and Informatics, University of Szeged, Szeged, Hungary

⁴Szombathelyi Egyházmegye, Szombathely – Diocese of Szombathely, Szombathely, Hungary.

⁵Kőszegi Városi Múzeum, Könyvtár és Levéltár, Kőszeg – Town Museum, Library and Archives of Kőszeg, Kőszeg, Hungary

Régi temetkezési helyek, kripták megnyitása előre nem látható egészségi kockázatot rejt. Előadásunkban beszámolunk nyolc hazai kripta feltárása során szerzett tapasztalatainkról. A bemutatott kriptákat a Tihanyi Bencés Apátság altemplomában, továbbá Kőszegen, a Szt. Jakab és a Szt. Imre templomban tárták fel. Két betemetett kriptát talajradar mutatott ki, ezek a XVII. sz. óta érintetlen állapotban voltak; négy kripta (a tihanyi és három kőszegi: Jurisics, Széchy, Szegedi) kőlappal volt lezárva (az egyikbe két pestisben elhunyt gyermeket temettek 1538-ban); két kripta pedig ajtó nélkül a kültérbe nyílt belvárosi területen. A betemetett kripták köré a nyitás előtt fóliásátrát építettek; a mintavétel előtt és után, valamint a védőruházaton és felszerelésen felületi fertőtlenítést végeztünk. A levegőminták gyűjtése a kriptákból, valamint a kültérből és a templom légtéréből történt Andersen-típusú SAS mintavevővel (100 l/perc), baktériumok esetében véres agarra (inkubáció 37 °C, 3 nap); gombák esetében malátakivonatós agarra (2% kloramfenikollal; 25 °C, 5 nap). A baktériumok koncentrációja a kriptákban a beltéri referenciaérték (260 CFU/m³) kb. kétszerese volt. A pestis kórokozóját nem lehetett kimutatni. A levegőmintákból 57 gombataxont azonosítottunk. A kriptákban főként koporsódeszkákon, talajban és textíliákon élő aktinobaktériumok (*Streptomyces*) és gombák (*Penicillium*, *Engyodontium* spp.) fordultak elő, a csontokon elpusztult gombák (főként *Onygenales*) voltak nagy mennyiségben fellelhetők. A kőlapokkal fedett kripták levegőjének gombaösszetétele hasonló volt. Öt kriptában a gombakonzentráció nagyon magas (>10 000 CFU/m³) volt, a kültéri, valamint a beltéri referenciaérték ~30-, illetve 20-szorosa. Eredményeink megerősítik, hogy a kripták régészeti feltárásánál fontos a megfelelő védőeszközök alkalmazása.

Mycological investigations of crypts

Opening old burial places and crypts can pose unforeseen health risks. In our presentation, we report on our experience in the exploration of eight crypts in Hungary. The presented crypts were excavated in the sub-church of the Tihany Abbey (Tihany, XI. century), as well as in the St. Jakab and St. Imre churches in Kőszeg. Two buried crypts were detected by Ground-Penetrating Radar, these are from the XVI–XVII.

century, since then representing a closed environment; four crypts (one in Tihany and three in Kőszeg: Jurisics, Széchy, Szegedi) were closed with stone slabs (two children who died of the plague were buried in one of them in 1538); and two crypts were connected directly (i.e., without doors) to the outside in the downtown area. A foil tent was built around the buried crypts before they were opened; surface disinfection was performed on the protective clothing and equipment both before and after sampling. The air samples were collected from the crypts and from outdoors, and from the church with an Andersen-type (SAS) sampler (100 l/min), onto blood agar (for bacteria, incubation at 37 °C, 3 days); and malt extract agar (for fungi, with 2% chloramphenicol; 25 °C, 5 days). The concentration of airborne bacteria in the crypts was ~2× the indoor reference value (260 CFU/m³). The causative agent of plague could not be detected. We identified 57 fungal taxa from the air samples. Actinobacteria (*Streptomyces*) and fungi (*Penicillium*, *Engyodontium* spp.) colonizing mainly coffins, burial soil and textiles were found in the crypts, and remnants of fungi (mainly *Onygenales*) were found in large quantities on the bones. The fungal composition of the air in the crypts covered with stone slabs was similar. In five crypts, the fungal concentration was very high (>10,000 CFU/m³), the outdoor and the indoor reference value is ~30 or 20× of the outdoor and indoor reference values, respectively. Our results confirm that it is important to use appropriate protective equipment during the archaeological excavation of crypts.



A Székelyföld fungája és a fajok élőhelyei

PÁL-FÁM Ferenc¹, SZÁSZ Balázs² & BENEDEK Lajos³

¹Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Növénytermesztési-tudományok Intézet, Agronómiai Tanszék – Department of Agronomy, Institute of Agronomy, Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Kaposvár, Hungary; pff3pff3@gmail.com

²Olthévíz, Románia

³Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Növénytermesztési-tudományok Intézet, Növénytani Tanszék – Department of Botany, Institute of Agronomy, Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Budapest, Hungary

A Székelyföld egy történelmi tájegység Románia középső részén, a székely népcsoport által lakott terület, összesen mintegy 12 800 km². A Székelyföld nagygombakutatása Benkő József 1778-as munkájával kezdődött, majd kisebb-nagyobb szünetekkel napjainkig folytatódott. A terület gombakutatásának történetét Sántha Tibor 2009-ben foglalta össze igen részletesen. A Székelyföld fungájának összeállítása az összes fellelhető szakirodalom begyűjtésével kezdődött. Az első adatbázist Lázár Zsolt készítette. Ez az adatbázis az 1999-es évig tartalmazta a gombaadatokat, viszont számos fontos szakirodalmi forrás hiányzott belőle. Egy másik, szintén nem teljes adatbázist Szász Balázs állított össze, míg egy harmadikat Pál-Fám Ferenc. A későbbiekben ebből a három adatbázisból állt össze a jelen munka, mely a Székelyföld és közvetlen környezete nagygombáinak teljes listáját tartalmazza a terület tudományos kutatásának kezdetétől, 1787-től 2020-ig az összes (119 darab) ismert szakirodalmi munka alapján. Ez a recens nomenklatúra alapján beazonosítható 1477 gombafajt tartalmaz. A 9805 előfordulási adat közül 1058 a szerzők még nem publikált adata, amit az utóbbi évek gyűjtései eredményeztek. A publikációkban előforduló adatokban a rendkívül heterogén élőhely-megjelölések miatt 28 élőhely-kategória került meghatározásra az egységesítés végett. A Székelyföld összes élőhelytípusából van nagygombaadat. Az előfordulási adatok száma és az élőhely-kategóriák szerinti csoportosítás is megtörtént. Az adatok földrajzi értelemben a Székelyföld egész területét lefedik, kisebb fehér foltok csak a városok területén vannak. Az egyes fajokhoz tartozó adatszámok az egyetlen előfordulástól a 89 adatig változnak, a 10-nél több adattal dokumentált fajok száma 281. Az élőhely-kategóriák közül a nagy kiterjedésű, zonális élőhelyek fajszáma és adatszámja a legnagyobb, de néhány kisebb, foltos élőhely is megfelelően dokumentált. A teljes anyag megtekinthető a Moesia – Erdélyi Gombász című folyóirat legújabb számában. Ez az adatbázis megteremti a székelyföldi nagygombák jövőbeni terület-, tájegység- és élőhelyalapú elemzésének lehetőségét.

The funga of Székely Land and the habitats of the species

The Székely Land is a historical landscape unit in the central part of Romania, an area inhabited by the Székely ethnic group, with an approximately 12,800 km² territory. The study of macrofungi of the Székely Land began with the work of József Benkő in

1778, and then continued with smaller and larger breaks until today. The history of macrofungi research in the area was summarized in great detail by Tibor Sántha in 2009. The compilation of the funga of the Székely Land began with the collection of all available literature. The first database was created by Zsolt Lázár. This database contained macrofungi data until 1999, but many important literature sources were missing from it. Another, also incomplete database was compiled by Balázs Szász, while a third was compiled by Ferenc Pál-Fám. Later, the present work was compiled from these three databases, which contains the complete list of the macrofungi of Székely Land and its immediate surroundings from the beginning of scientific research in the area, from 1787 to 2020, based on all (119 items) known literary works. It contains data of 1,477 macrofungi species that can be identified based on the recent nomenclature. Of the 9,805 occurrence data, 1,058 are the authors' unpublished data as a result of collections in recent years. Due to the extremely heterogeneous habitat designations in the different publications, 28 habitat categories were defined for unification. All of the Székely Land's habitat types have documented macrofungi data. The number of occurrence data and the grouping according to habitat categories were also done. In a geographical sense, the data cover the entire area of Székely Land, white spots exist only in the areas of the cities. The numbers of data for the particular species varies from a single occurrence to 89 data, the number of species documented with more than 10 data is 281. Among the habitat categories, the large-scale, zonal habitats have the largest number of species and data, but some smaller, patchy habitats are also adequately documented. The entire material can be viewed in the latest issue of the journal *Moeszia – Erdélyi Gombász*. This database creates the possibility of future analysis of the Székely Land's macrofungi based on areas, landscape units, and habitats, too.



Olívaolaj – az élesztőgomba-biodiverzitás kincsesládája

PÉTER Gábor, DLAUCHY Dénes & TÓBIÁS Andrea

Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Élelmiszertudományi és Technológiai Intézet, Mezőgazdasági és Ipari Mikroorganizmusok Nemzeti Gyűjteménye, Budapest – Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Institute of Food Science and Technology, National Collection of Agricultural and Industrial Microorganisms, Budapest, Hungary; peter.gabor@uni-mate.hu

Az ételmezésben betöltött kiemelkedő szerepe és az ezzel járó nagy gazdasági jelentősége ellenére csak nemrégiben ismerték fel, hogy a frissen sajtolt olívaolaj gazdag mikroba közösségnek adhat otthont, amelynek sokszor az élesztőgombák a domináns összetevői. Az élesztőgombák elsősorban az olajban lebegő parányi növényi eredetű részecskékhez kötődnek vagy az apró vízcseppekben fordulnak elő. Olívaolajban történő előfordulásuknak megfigyelése óta egyre nagyobb érdeklődés övezi az élesztőgombák biodiverzitását az olívaolajban és lehetséges hatásukat az olívaolaj érzékszervi tulajdonságaira. Egyes esetekben az olívaolajból izolált élesztőgomba törzsek nagy részéről kiderült, hogy ismeretlen fajok képviselői, és számos új fajt írtak le olívaolajból vagy ahhoz köthető szubsztrátumból származó törzsek alapján.

Több mint 80, a Mediterrán régióból származó olívaolaj és olívaolajüledék-mintát vizsgáltunk. Az olívaolaj-minták között kifogástalan minőségű és romlott minták is voltak. Egy új, hatékony minta feldolgozási módszert alkalmazva több mint 100 élesztőgomba törzset izoláltunk a vizsgált mintákból. Az izolált élesztőgomba törzsek faj spektruma alapján az olívaolaj egy olyan specifikus élőhelynek bizonyult, amely az élesztőgombák csupán limitált körének az előfordulását teszi lehetővé. Csaknem az összes izolált törzs az aszkuszos élesztőgombák közé tartozott, ami valószínűsíti, hogy az olívaolajban található mikrobiológiai anyagok hatékonyabbak a bazídiumos, mint az aszkuszos élesztőgombákkal szemben. Számos izolátum korábban ismeretlen, vagy az olívaolajból nemrégiben leírt élesztőgomba faj képviselőjének bizonyult. Az olívaolajból izolált törzsek alapján több új élesztőgomba fajt és néhány magasabb rendű taxont is leírtunk. Az élesztőgombatörzseknek az olívaolaj minőségére gyakorolt potenciális hatását valamint esetleges romlást okozó képességét a lipolitikus aktivitásuk alapján becsültük meg.

Olive oil – a treasure trove of yeast biodiversity

Despite its huge dietary and economic importance, it has only recently been recognised that freshly prepared olive oil can harbour a rich microbiota, often predominated by yeasts. Yeasts are mainly associated with solid particles and micro-drops of vegetation water originating from the olive fruit. Since this observation, an increasing interest has raised towards exploring the diversity of yeasts in olive oil and their effects on the organoleptic properties of this valuable food. In some cases, the majority of yeast strains isolated from olive oil turned out to be representatives of undescribed yeast species,

and several novel species were described from olive oil and related substrates. We investigated more than 80 olive oil samples including high quality olive oil, olive oil sediment as well as spoiled olive oil samples originating from the Mediterranean region. Using a novel, effective sample processing method, we isolated more than 100 yeast strains from the investigated samples. The species spectrum of the recovered yeast strains suggests that olive oil is a specific habitat allowing the occurrence of limited number of species. Almost all recovered strains belonged to ascomycetous yeasts, suggesting that the inhibitory compounds of olive oil are more effective against basidiomycetous than against ascomycetous yeasts. Numerous isolates represented undescribed yeast species or belonged to species recently described from olive oil. We described several novel yeast species as well as some higher taxa based on strains originating from olive oil. We estimated the spoilage potential of the isolates and their potential impact on the quality of olive oil by investigating their lipolytic activity.



***Periconia* DSE-gombák diverzitása természetes élőhelyeken és mezőgazdasági területeken**

PINTYE Alexandra^{1,2}, MOLNÁR Orsolya¹, IMREFI Ildikó², KÁMÁN-TÓTH Evelin¹, BOROS-TYÁN Katalin¹, NÉMETH Z. Márk¹, LENGYEL Petra¹, MATOLCSI Fruzsina^{1,2}, ROGERS Ruth^{1,2}, SASVÁRI Péter² & KOVÁCS M. Gábor^{1,2,3}

¹HUN-REN Agrártudományi Kutatóközpont, Növényvédelmi Intézet, Budapest – Plant Protection Institute, HUN-REN Centre for Agricultural Research, Budapest, Hungary

²Eötvös Loránd Tudományegyetem, Biológiai Intézet, Növény szerkezettani Tanszék, Budapest – Department of Plant Anatomy, Institute of Biology, Eötvös Loránd University, Budapest, Hungary

³HUN-REN-ELTE-MTM Integratív Ökológia Kutatócsoport, Budapest, HUN-REN-ELTE-MTM Integrative Ecology Research Group, Budapest, Hungary

A gyökérendofiton gombák számos növényfaj gyakori szimbionta partnerei, és közös jellemzőjük, hogy az életciklusuk legalább egy szakaszában nem okoznak betegségre utaló tüneteket a gazdanövényeiken. A melanizált, szeptált hifákkal rendelkező, gyökereket kolonizáló formacsoportot DSE (dark septate endophytes) gombáknak hívjuk. A DSE gombák gyakori tagjai a gyökérmikrobiomnak. A *Periconia* fajok, köztük az egyik legtöbbet tanulmányozott DSE gombával, a *P. macrospinosa* fajjal, egyszikű növények gyakori gyökérkolonizáló partnerei. Munkánk során célul tűztük ki, hogy *Periconia* nemzetségbe tartozó DSE gombákat izoláljunk és azonosítsunk félszáraz, füves homokgyepek és mezőgazdasági területek egyszikű növényeiről. Gyökereket gyűjtöttünk magyar csenkeszről (*Festuca vaginata*) és homoki árvalányhajról (*Stipa borysthénica*) a Kiskunsági Nemzeti Park Fülöpháza melletti homokbuckás területein, valamint búza (*Triticum aestivum*) és kukorica (*Zea mays*) növényekről az Agrártudományi Kutatóközpont martonvásári szántó földjein. A felszínsterilizált gyökerekből endofiton gombákat izoláltunk, majd a tisztatenyészetekből DNS-t izoláltunk. Az izolátumok endofiton tulajdonságait *in vitro* tesztekben ellenőriztük; morfológiai vizsgálatokat végeztünk különböző táptalajokon, valamint gazdanövény- és habitat-adaptációra vonatkozó elemzéseket is végeztünk. A molekuláris filogenetikai elemzésekhez öt lókuszt, az nrDNS ITS, 28S és 18S régióját, valamint az RNS-polimeráz II (*RPB2*) második legnagyobb alegységét és a transzlációs elongációs faktor 1-alpha (*TEF1- α*) génjét amplifikáltuk és szekvenáltattuk. A filogenetikai elemzésekhez a *Periconiaceae* családba tartozó reprezentáns fajok szekvenciáit használtuk fel.

A több mint 100 *Periconia* izolátum a molekuláris filogenetikai vizsgálatok során három kládba csoportosult. A három kládból kettő eddig már ismert fajt (*P. macrospinosa* és *P. circinata*) képvisel, azonban a harmadik egy új, eddig még leíratlan taxont reprezentál.

A kutatás a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Hivatal (FK142735, K139026 és Kooperatív Doktori Program C1792177) támogatásával készült.

Diversity and novel lineages of *Periconia* DSE fungi in natural and agricultural habitats

Fungal root endophytes are common symbiotic partners of various plant species. These fungi colonize plants, at least for a part of their life cycle, without causing noticeable symptoms. Many of these primarily ascomycetous fungi have pigmented hyphae and are commonly called “dark septate endophytes” (DSE). DSE fungi are widely distributed and are frequent members of the root microbiome. *Periconia* species generally colonize gramineous plants, with *P. macrospinosa*, being one of the extensively studied DSE fungi. In the present study we aimed to identify *Periconia* DSEs from gramineous plants in semiarid grasslands and agricultural fields.

The roots of *Festuca vaginata* and *Stipa borysthénica* were sampled in the semi-arid grassland of the Great Hungarian Plain near Fülöpháza, and the roots of *Triticum aestivum* and *Zea mays* were sampled in wheat and corn croplands of the Centre for Agricultural Research in Martonvásár. Isolates were collected from surface-sterilized healthy roots and the representative isolates were subcultured onto different media and morphological characteristics were studied. Resynthesis experiments were also carried out with those isolates. Genomic DNA was extracted and five loci, ITS, partial 28S and 18S regions of nrDNA, translation elongation factor 1-alpha gene (*TEF1- α*), and RNA polymerase II second largest subunit (*RPB2*), were amplified and sequenced. Bayesian inference analyses and Maximum likelihood phylogenetic analyses were carried out with representative taxa from *Periconiaceae*.

More than 100 isolates were gained during the last years, which formed three clades in the phylogenetic analyses. Beside known species (*P. macrospinosa* and *P. circinata*) one clade represents a novel *Periconia* taxon. The associations with hosts and habitats are also discussed.

This research was supported by the National Research, Development and Innovation Office of Hungary (Projects: FK142735, K139026 and Cooperative Doctoral Program C1792177).



A talajhasználat hatása az arbuszkuláris mikorrhizagombák glomalin-termelésére

TAKÁCS Tünde, PABAR Sándor, KELEMEN Bettina, MAKÓ András & FÜZY Anna

HUN-REN ATK, Talajtani Intézet, Talajbiológiai Osztály, Budapest – Department of Soil Biology, Institute for Soil Sciences, HUN-REN Centre for Agricultural Research, Budapest, Hungary, takacs.tunde@atk.hun-ren.hu

A talajok egészségének megítélésénél meghatározó szerves szénkészletük minősége és mennyisége. A talajokban raktározott szén alapvető fontosságú a talajtermékenység alakulásában, befolyásolja a tápelemek körforgalmát, a talaj szerkezetét, víztárolási, szűrési és pufferolási képességét és a talajélőlények működőképességét és sokféleségét. Az arbuszkuláris mikorrhizagombák (AM) gazdanövényeik vitalitására, fitnesszére és a talajszerkezetre gyakorolt kedvező hatása bizonyított. Az AM gombák által termelt glomalin, a talajok szerves szénkészletének jelentős részét képezi. Fontos C és N raktár, kiemelkedő szerepet játszik az aggregátumok képzésében. A túlzott műtrágyahasználat gátolja az AM gombák és növények szimbiotikus kapcsolatának kialakulását, az intenzív és rendszeres talajművelés felszabdalja a talajt behálózó és a növényeket egymással összekötő hifahálózatot. Kutatásunk fő célja közel hét évtizedes hiánytrágyázási (N, P, NPK és szerves trágya, Martonvásár, ATK HUN-REN), kukorica-búza bikultúrás tartamkísérlet talajainak tanulmányozása révén képet kapjunk az agrárökoszisztémák talajaiban a bennszülött AM gombaközösségek összetételéről, működőképességükről. Továbbá meghatározzuk az AM gombák hifái által termelt taxonspecifikus glikoprotein a glomalin mennyiségét a talajok szerves szénkészletének alakulásának vonatkozásában. Vizsgálataink során az AM gombák gyökérekolonizációs paraméterei és a talajok könnyen oldható glomalin-tartalma (EE-GRSP) között jelentős összefüggés nem volt kimutatható, míg a tápanyagutánpótlás típusa jelentős hatással volt a bennszülött AM gombafajok funkcionalitására, a közösség faji összetételére. A vizsgált agrárökoszisztémák talajaiban a leggyakoribb AM gombafajoknak a *Funneliformis mosseae* és *Rhizophagus intraradices* bizonyultak. A *F. mosseae* és *Septoglomus* sp. fajok a hosszútávú műtrágyahatás indikátorai. A talajok glomalintartalma és a talajok fiziko-kémia paraméterei elsősorban a talajok kémhatása, nitrogéntartalma, humusz és vízdoldható humusztartalmának alakulása között jelentős összefüggést lehetett kimutatni. A talajok pH-jának és némileg felvehető foszfortartalmának (AL-P) növekedésével a talajok glomalintartalma csökkent, míg a humusztartalom, nitrogéntartalmak (totál N, NH₄⁺-N, NO₃⁻-N), és a makroaggregátumok stabilitása között pozitív korreláció volt kimutatható.

A kutatást SA-26/2021 ELKH (HUN-REN) témapályázat keretében végeztük, továbbá az MTA Fenntartható Fejlődés és Technológiák Nemzeti Program (FFT NP FTA) támogatta.

Effects of the soil use on glomalin production by arbuscular mycorrhizal fungi

The quality and quantity of organic carbon in soils are a key determinant of soil health. The carbon stored in soils is essential for soil fertility, affecting nutrient cycling, soil structure, water storage, filtration, and buffering capacity, and the functionality and diversity of soil organisms. It has been proven that the arbuscular mycorrhiza (AM) fungi have a beneficial effect on the soil structure and the vitality and fitness of their host plants. Glomalin, produced by AM fungi, is a major fraction of the organic carbon pool in soils. It is an important store of C and N and plays a significant role in aggregate formation. Excessive fertilizer use inhibits the formation of symbiotic relationship between AM fungi and plants, while the intensive tillage disrupts the hyphal network that nets the soil and connects plants. Our main objective is to gain insight into the composition and functionality of indigenous AM fungal communities in agroecosystem soils by studying the soils of an almost seven decades long maize-wheat bicultural trial with NPK fertilization (N, P, NPK, and organic manure, Martonvásár, ATK HUN-REN). Furthermore, the amount of glomalin, a taxon-specific glycoprotein produced by AM fungal hyphae, is determined in relation to the soil organic carbon stocks. In our study, no significant correlation was found between the root colonisation parameters of AM fungi and the readily soluble glomalin content of soils (EE-GRSP), while the type of nutrient supplementation had a significant effect on the functionality of the native AM fungal species and the species composition of the community. In the studied agroecosystems the most common AM fungi species were *Funneliformis mosseae* and *Rhizophagus intraradices*. *Funneliformis mosseae* and *Septoglomus* sp. are indicators of long-term fertilizer exposure. A significant correlation was found between the glomalin content of the soils and the physico-chemical parameters, in particular soil chemistry, nitrogen content, humus and water-soluble humus content. As the pH and the slightly absorbable phosphorus (AL-P) content of the soils increased, the glomalin content of the soils decreased, while a positive correlation was found between humus content, nitrogen content (total N, NH₄⁺-N, NO₃-N), and macroaggregate stability.

The research was funded by the Sustainable Development and Technologies National Programme of the Hungarian Academy of Sciences (FFT NP FTA) and the HUN-REN (SA-26/2021).



Rekombináns mitokondriális genommal bíró interspecifikus *Saccharomyces* élesztőhibridek vizsgálata

ANTUNOVICS Zsuzsa & SIPICZKI Mátyás

Debreceni Egyetem, Genetikai és Alkalmazott Mikrobiológiai Tanszék, Debrecen – Department of Genetics and Applied Microbiology, University of Debrecen, Debrecen, Hungary; lepkekutato@gmail.com

A *Saccharomyces* nemzetség tagjai a legkedveltebb egysejtű eukarióta modellszervezetek közé tartoznak. A sejtciklus, a génexpresszió-szabályozás, az öregedés, a jelátviteli útvonalak, az anyagcsere tanulmányozása mellett genomikai és evolúciós kutatásokban, pl. genomhibridizációval, kromoszómaszegregációval és aneuploiditással kapcsolatos kutatások számára is nélkülözhetetlenek. A Debreceni Egyetem Genetikai és Alkalmazott Mikrobiológiai Tanszékén évtizedek óta végezzük különböző borvidékek borélesztőinek izolálását, molekuláris taxonómiai és további genetikai vizsgálatát. Izolálásaink során többször interspecifikus *Saccharomyces* hibrideket/kimérákat is találtunk, mely törzsek kialakulása igen izgalmas folyamat, hiszen mai önálló fajként leírt és biotechnológiai szempontból is jelentős *S. pastorianus* és *S. carlsbergensis* sörélesztők többszörös hibridizációs események eredményeként létrejött különálló fajok, míg a *S. bayanus* szintén több *Saccharomyces* genom részlettel bír. Laboratóriumi körülmények között is előállítható interspecifikus *Saccharomyces* hibrid. Tanszékünkön *S. cerevisiae*, *S. uvarum* és *S. kudriavzevii* fajok bevonásával többszáz kettős és jó néhány hármas hibridet sikerült előállítanunk. Genetikai elemzéseik során a szülőktől örökölt kromoszómakészleteiket, egyedi molekuláris markereiket, spóráképzési képességüket és mitokondriális genomjukat is vizsgáltuk. A *Saccharomyces* fajoknál a mtDNS öröklődése biparentális: zigótaképzéskor mindkét párosodásban résztvevő partner mitokondriuma jelen van, de kb. 20 osztódási ciklus után az egyik szülő mtDNS-e fixálódik a sejtekben. Több kutatás szerint a mitokondriális genom jelentősen befolyásolja az élesztők stressztűrését, hőmérséklet-érzékenységét, illetve a sterilitás-fertilitás kérdésében is szerepe van. A mtDNS-ben különböző mutációk, deléciók történhetnek, amelyek a respiráció képességének elvesztéséhez vezethetnek. A respirációs képesség elvesztésének következményeként a törzsek fermentálható szénforráson lassabban nőnek, kisebb telepeket képeznek, míg nem fermentálható szénforráson életképtelenek (Petite-mutánsok). Az általunk izolált interspecifikus hibridek esetében bizonyos szülői törzsek párosításából származó hibridutódok mitokondriális genomját illetően többször megfigyeltük az egyik szülő dominanciáját. A tiszta szülői mitotípusok mellett jelentős mennyiségben sikerült változatos rekombináns jellegű mitokondriális genomokat is izolálnunk *S. cerevisiae* × *S. uvarum* keresztezésből származó interspecifikus hibridekből. Ezen genomok egy részét sikerült megszekvenáltatnunk és a rekombinációk jellemző pontjait azonosítanunk. Összefüggést találtunk bizonyos mitokondriális génekben történt rekombinációk és a hibridek hőmérséklet-érzékenysége között.

Megfigyeléseink szerint a két szülőtől származó, rekombináns mitokondriális genommal bíró interspecifikus hibridek többsége genetikailag nem stabil: különféle

szegregáns utódaik vannak, melyek különböző hőmérséklet-érzékenységű és eltérő méretű telepeket képeznek. Ezen szegregánsok további molekuláris genetikai és fiziológiai vizsgálataival újabb összefüggésekre szeretnénk rávilágítani a mitokondriális genom élesztő sejt életében betöltött szerepéről.

A konferencián való részvételt a Publikációs Tudománytámogatási Program tette lehetővé.

Study of interspecific *Saccharomyces* yeast hybrids with recombinant mitochondrial genomes

Members of the genus *Saccharomyces* belong to the most popular eukaryote model organisms. Besides the investigations on cell cycles, regulation on gene expression, ageing, signal pathways are essential items in genomic and evolutionary experiments: like genome hybridisation, chromosome segregation or aneuploidy. We have isolated and done molecular taxonomy and some more genetic analysis of yeasts from different wine regions, from decades at the Department of Genetics and Applied Microbiology. In the course of wine yeast isolation, we often found interspecific *Saccharomyces* hybrids/chimeras. Evolvement of a hybrid is a really exiting progression: a good example is the lager yeast *S. pastorianus* and *S. carlsbergensis* – very important from biotechnological point of view – which are described like independent species today but their genome is derived from multiple hybridisation events. Also, the species *S. bayanus* possesses polyphyletic *Saccharomyces* genome parts. It is possible to create interspecific *Saccharomyces* hybrids under laboratory conditions. At our department, we have already successfully prepared hundreds of dihybrids and many triple hybrid strains involved the species *S. cerevisiae*, *S. uvarum* and *S. kudriavzevii*. During the genetical analysis, we checked their chromosomal sets inherited from parents, single molecular markers, spore formation ability and their mitochondrial genome. The inheritance of mitochondrial DNA is biparental in *Saccharomyces*: during the zygote formation both parental mitochondria are presented, but after about twenty cell cycles one of them became fixed in the cell. According to several studies, the mitochondrial genome significantly affects the stress-response, thermo-sensitivity, and has role in fertility–sterility. In the mtDNA several mutations, deletions could be happened leading to the loss of respiration capability. Due to this loss of respiration capability, strains growth slower on fermentable carbon source while they are non-viable on non-fermentative carbon source (Petite mutants).

We found the prevalence of one parents' mitochondria in special crossing types, when isolated the total mtDNA. Besides the pure parental mitotypes we successfully isolated several different recombinant-types mitochondrion genomes in the hybrids arose from *S. cerevisiae* × *S. uvarum* crosses. We sequenced them and we identified the special recombinant hotspots. We found correlation between heat-sensitivity and mutations inside special genes of the mtDNA. According to our study, the majority of hybrids with recombinant typed mitochondrial genomes are not stable: they have several types of segregants: produce variant sized colonies and are different in temperature sensitivity. With some more genetical and physiological investigation of these

segregants we would like to find more connections between the mitochondrial genome and its role in the life of a yeast.

This work was supported by the University of Debrecen Program for Scientific Publication and the Slovak Research and Development Agency grant (APVV 22-0144).



Harzianum kládba tartozó *Trichoderma* gombatörzsek által termelt biológiailag aktív peptaibolok vizsgálata

BALÁZS Dóra, NAGY Mirtill, SZEKERES András, ROZSNYÓI Ákos, TERNA Gergő, VÁGVÖLGYI Csaba, TYAGI Chetna, MARIK Tamás & KREDICS László

Szegedi Tudományegyetem, Természettudományi és Informatikai Kar, Biológia Intézet, Mikrobiológiai Tanszék, Szeged
– Department of Microbiology, Institute of Biology, Faculty of Science and Informatics, University of Szeged, Szeged, Hungary; dora.balazs91@gmail.com

A szélsőséges időjárási viszonyok és szélesebb körben elterjedő növénypatogén mikroorganizmusok elleni védekezésben új megközelítésekre van szükség. A *Trichoderma* fonalgombafajok számos kedvező tulajdonságuknak köszönhetően egyre jelentősebb szerepet kapnak a biológiai növényvédelemben, másodlagos anyagcseretermékeik, köztük a peptaibolok pedig új megoldást kínálhatnak a vegyszerek használatának mérséklésére. A peptaibolok rövid, antibiotikus hatással rendelkező peptidok, melyek összekapcsolódva ioncsatornákat hoznak létre a sejtmembránban, ezáltal fejteve ki sejtroncsoló hatásukat. Munkánk során nyolc, Harzianum kládba tartozó *Trichoderma* törzs peptaiboltermelését vizsgáltuk meg HPLC-MS módszer segítségével. Nagytálcás tenyészetek és preparatív HPLC segítségével peptaibolkivonatokat állítottunk elő. A kivonatok minimális gátló koncentrációjának (minimum inhibitory concentration, MIC, mg/ml) értékét 12 Gram-pozitív és Gram-negatív baktériummal szemben határoztuk meg, továbbá négy növénypatogén gombatörzssel szemben vizsgáltuk meg a növekedésslassító hatásukat (effective concentration, EC, mg/ml). Számos új, 17 és 18 aminosav hosszúságú szekvenciát határoztunk meg, melyek a trichokindin és trichorzin peptaibolcsoportokba tartoznak. A peptaibolkivonatok Gram-pozitív baktériumtörzsekkel szemben kifejtett hatásuk mellett Gram-negatív baktériumokkal szemben is aktivitást mutattak, továbbá a növénypatogén gombák esetében is növekedésslassító hatást fejtettek ki. A *Trichoderma* törzsek által termelt peptaibolok átfogó vizsgálata mélyebb betekintést nyújthat a kifejtett aktivitásuk háttérmechanizmusába, továbbá segítheti a jövőben az aktív peptaibolokat termelő törzsek gyors és célzott kiválasztását mezőgazdasági célokra.

A munka a Kulturális és Innovációs Minisztérium Új Nemzeti Kiválóság Programjának a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Alapból finanszírozott szakmai támogatásával (ÚNKP-23-4-SZTE-544 és ÚNKP-23-4-SZTE-643), valamint az Interreg VI-A IPA Magyarország-Szerbia Program FERTILEAVES (HUSRB/23S/11/027) projektjének támogatásával készült.

Examination of biologically active peptaibols produced by *Trichoderma* strains from the Harzianum clade

New research directions are needed to find protection against extreme weather conditions and emerging plant pathogenic microorganisms. Due to their many favourable properties, filamentous fungal species from the genus *Trichoderma* play an

increasingly important role in biological plant protection. Their secondary metabolites, including peptaibols, can offer a new solution to reduce the use of chemicals in agricultural applications. Peptaibols are short peptides with an antibiotic effect, which attach and create ion channels in the cell membrane of other microorganisms, thereby exerting their cell-destructive effect. During our work, the peptaibol production of eight *Trichoderma* strains belonging to the Harzianum clade of the genus were investigated using the HPLC-MS method. Peptaibol extracts were prepared using large-scale plate cultivation and preparative HPLC. The value of the minimum inhibitory concentration (MIC, mg/ml) of the extracts was determined against 12 Gram-positive and Gram-negative bacterial strains, furthermore their values of growth-slowing effect (effective concentration, EC, mg/ml) were examined against four plant pathogenic fungal strains. Several new sequences of 17 and 18 amino acids in length were determined, which belong to the peptaibol groups Trichokindin and Trichorzin. In addition to their effect against Gram-positive bacterial strains, the extracts also showed activity against Gram-negative bacterial species, and also exerted a growth-slowing effect in the case of plant pathogenic fungal strains. A comprehensive study of the peptaibol compounds produced by *Trichoderma* strains can provide a deeper insight into the background mechanism of their expressed activity and may also help in the future to select strains producing active peptaibols for agricultural purposes.

The research is supported by grants ÚNKP-23-4 -SZTE-544 and ÚNKP-23-4-SZTE-643 from the New National Excellence Program of the Ministry for Innovation and Technology from the source of the National Research, Development and Innovation Fund, and by the project FERTILEAVES (HUSRB/23S/11/027. Hungary–Serbia IPA Cross-border Co-operation Programme).



Egy sötét szeptált endofiton (DSE) gomba klórozott izokumarinjai – bioaktivitás és bromináció

CSÍKOS Sándor¹, KRASZNI Márta², TÓTH Gergő², LAKATOS Levente^{3,4}, BŐSZE Szilvia³, PÁLYI Bernadett⁴, DARÁZS Anna^{1,5}, NÉMETH Z. Márk⁶, BOLDIZSÁR Imre^{1,7} & KOVÁCS M. Gábor^{1,6}

¹Eötvös Loránd Tudományegyetem, Biológia Intézet, Növényszervezettani Tanszék, Budapest – Department of Plant Anatomy, Institute of Biology, Eötvös Loránd University, Budapest, Hungary

²Semmelweis Egyetem, Gyógyszerészi Kémiai Intézet, Budapest – Department of Pharmaceutical Chemistry, Semmelweis University, Budapest, Hungary

³Eötvös Loránd Tudományegyetem, Magyar Kutatási Hálózat, HUN-REN-ELTE Peptidkémiai Kutatócsoport, Budapest – HUN-REN-ELTE Research Group of Peptide Chemistry, Hungarian Research Network, Eötvös Loránd University, Budapest, Hungary

⁴Nemzeti Népegészségügyi és Gyógyszerészeti Központ, Budapest – National Center for Public Health and Pharmacy, Budapest, Hungary

⁵Révai Miklós Gimnázium, Győr – Révai Miklós High School, Győr, Hungary

⁶HUN-REN Agrártudományi Kutatóközpont, Növényvédelmi Intézet, Budapest – Plant Protection Institute, HUN-REN Centre for Agricultural Research, Budapest, Hungary

⁷Semmelweis Egyetem, Farmakognózi Intézet, Budapest – Department of Pharmacognosy, Semmelweis University, Budapest, Hungary

Az endofiton gombák számos másodlagos metabolit termelésére képesek, melyeknek jelentős bioaktivitása is lehet. A sötétszeptált endofitonok (DSE) széles körben elterjedt, gyökérkolonizáló gombák, amelyek leginkább (fél)száraz területeken gyakoriak, emellett hatóanyagok és értékes enzimek kiaknázatlan forrásait jelenthetik. A *Periconia macrospinosa* egy gyakran előforduló DSE gomba, mely többek között a 6-hidroxi-mellein klórozott származékait termeli. Ezen vegyületek bioaktivitása és bioszintézisének útja ismeretlen. Célunk volt ezen metabolitok bioaktivitásának és bioszintézisének vizsgálata. A metabolitokat preparatív, nagy teljesítményű folyadékkromatográfiával tisztítottuk, szerkezetüket pedig mágneses magrezonancia (NRM) technikával igazoltuk. Vizsgáltuk a vegyületek növényekre gyakorolt hatásait békalencse növekedésén és citotoxicitásukat emberi és főemlős sejteken. A gomba genomjában azonosítottuk a lehetséges bioszintetikus génklasztert (BGC), melynek működésének elemzéséhez különböző molekuláris biológiai módszereket alkalmaztunk. Mivel a halogénázok hasznosak lehetnek az ipar számára, tovább vizsgáltuk, hogy a gomba képes-e más halogéneket (pl. bróm) beépíteni a klór helyett, ha azok jelen vannak a táptalajban. Kimutattuk, hogy a gomba felhasználta a brómot, és egy új brómos 6-hidroxi-mellein-származékot azonosítottunk.

A projektet NKFIH K-135712, VEKOP-2.3.3-15-2017-00020 és CELSA pályázatok támogatták.

Bioactivity and bromination of chlorinated isocoumarins produced by a dark septate endophytic (DSE) fungus

Fungal endophytes are known to produce a wide range of secondary metabolites (SMs) with potential bioactive properties. Dark septate endophytes (DSE) are wide-

spread root colonising fungi that are frequent in some environments; they are considered unexploited sources of SMs and valuable enzymes. *Periconia macrospinoso*, a widely distributed pleosporalean DSE fungus, produces chlorinated polyketides deriving from 6-hydroxymellein with unknown bioactivity and biosynthesis pathways. We aimed to test the bioactivity of these SMs and to better understand their biosynthesis. We purified the metabolites using preparative high-performance liquid chromatography and their structures were proved by nuclear magnetic resonance (NMR) technique. The effects of the compounds were tested in various bioassays, such as duckweed growth and human and non-human primate cell cytotoxicity assays. We identified the putative biosynthetic gene cluster (BGC) in the genome of the fungus. Different molecular biological methods were applied for a better understanding of the BGC. Since halogenases can have biotechnological importance, we further studied whether the fungus can substitute chlorine for other halogens (e.g. bromine) if they are present in the medium. We proved that the fungus is capable to incorporate bromine, and a new brominated 6-hydroxymellein derivative was successfully identified.

This work was supported by grants NKFIH K-135712, VEKOP-2.3.3-15-2017-00020 and CELSA.



Az *Aspergillus fumigatus* vas anyagcseréjében megfigyelhető változások kombinatorikus stresszkísérletekben

EMRI Tamás^{1,2}, ANTAL Károly³, GILA Barnabás^{1,4}, VARGA Kinga^{1,4}, PÁKOZDI Klaudia^{1,4}, WUNDERLICH Vivien¹ & PÓCSI István^{1,2}

¹Debreceni Egyetem, Molekuláris Biotechnológiai és Mikrobiológiai Tanszék, Debrecen – Department of Molecular Biotechnology and Microbiology, Institute of Biotechnology, Faculty of Science and Technology, University of Debrecen, Debrecen, Hungary; emri.tamas@science.unideb.hu

²HUN-REN-DE Gomba Stresszbiológiai Kutatócsoport, 4032 Debrecen – HUN-REN-UD Fungal Stress Biology Research Group, Debrecen, Hungary

³Eszterházy Károly Katolikus Egyetem, Állattani Tanszék, Eger – Department of Zoology, Eszterházy Károly Catholic University, Eger, Hungary

⁴Debreceni Egyetem, Táplálkozás- és Élelmiszertudományi Doktori Iskola, Debrecen – Doctoral School of Nutrition and Food Sciences, University of Debrecen, Debrecen, Hungary

A humánpatogén gombák virulenciáját vasanyagcseréjük hatékonysága alapvetően meghatározza. Az emberi szervezetben uralkodó vashiányos körülmények (nutritional immunity) között a vas anyagcserének megfelelő mennyiségű vasat kell biztosítani a növekedéshez, az oxidatív és az oxigénlimitációs stresszek leküzdéséhez, és meg kell tudnia védeni a gombát az esetlegesen fellépő vastúlادagolás okozta stressztől is. A gomba alkalmazkodását egy adott stresszhez jelentősen befolyásolják a tenyésztési körülmények és az esetlegesen jelenlévő másodlagos stresszhatások. Emiatt *in vitro* vizsgálatok segítségével nehéz megjósolni a gomba *in vivo* viselkedését. Az *in vivo* vizsgálatoknak ugyanakkor technikai és etikai korlátai vannak. Egy lehetséges alternatív megközelítési módot a kombinatorikus stresszválaszok vizsgálata jelent: többféle tenyésztési körülmény között, többféle stresszor jelenlétében vizsgáljuk a gomba viselkedését, hogy átfogó képet kapjunk stresszválaszairól és megtalálhassuk alkalmazkodó képességének gyenge pontjait.

A jelen prezentációban kombinatorikusan alkalmazott szénforrás-limitációs, oxidatív, vaslimitációs és vastúlادagolásos stresszkezelések hatására az *Aspergillus fumigatus* transzkriptomában bekövetkezett változások tanulságait foglaljuk össze. Az eredmények ismertetésekor nagy hangsúlyt fektetünk a vasanyagcserében bekövetkezett változások bemutatására és kitérünk a *sodB* (mitokondriális szuperoxid dismutáz), *meaB* és *zipB* (transzkripció faktor) gének jelentőségére is.

A kutatás finanszírozása az alábbi pályázatok segítségével valósult meg: NKFIH K131767, TKP2021-EGA-20, HUN-REN Magyar Kutatási Hálózat.

Changes in iron metabolism of *Aspergillus fumigatus* in combinatorial stress experiments

The virulence of human pathogenic fungi is largely determined by the efficiency of their iron metabolism. Under the iron-deficient conditions of the human body (nutritional immunity), iron metabolism must provide sufficient iron for growth, to cope

with oxidative and oxygen limitation stresses and to protect the fungus from the stress of possible iron overload. The adaptation of a fungus to a given stress is significantly influenced by the growing conditions and the possible presence of secondary stress effects. This makes it difficult to predict the *in vivo* behavior of the fungus using the data of *in vitro* experiments. However, *in vivo* studies have technical and ethical limitations. A possible alternative approach is to investigate combinatorial stress responses: the behavior of the fungus is studied under multiple culture conditions in the presence of multiple stressors to obtain a comprehensive picture of its stress responses and to identify weaknesses in its adaptive ability.

In this presentation, we summarize the lessons learned from transcriptome changes induced by combinatorically applied carbon source limiting, oxidative, iron limiting and iron overload stress treatments *in Aspergillus fumigatus*. The results are presented with emphasis on the description of changes in iron metabolism and the significance of the *sodB* (mitochondrial superoxide dismutase), *meaB* and *zipB* (transcription factor) genes are also discussed.

Project no. TKP2021-EGA-20 has been implemented with the support provided by the Ministry of Culture and Innovation of Hungary from the National Research, Development and Innovation Fund, financed under the TKP2021-EGA funding scheme. The research was financed by the NRDIO (Hungary), project no. K131767.



Megismerni, elrontani, létrehozni: a spóráképzést meghatározó ismeretlen gének feltérképezése és spóramentes gombatörzsek célzott fejlesztése

FÖLDI Csenge¹, MERÉNYI Zsolt¹, HOU Zhihao¹, BÁLINT Balázs¹, HEGEDÜS Botond¹, GALGÓCZY László² & NAGY G. László¹

¹HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóintézet, Biokémia Intézet, Szintetikus és Rendszer-biológiai Egység, Szeged – Synthetic and Systems Biology Unit, HUN-REN Biological Research Centre, Szeged, Hungary; foldi.csenge@brc.hu

²Szegedi Tudományegyetem, Biológia Intézet, Biotechnológia Tanszék, Szeged – Department of Biotechnology, Faculty of Science and Informatics, University of Szeged, Szeged, Hungary

A bazídiumos gombák termőtestfejlődésének végső és legfontosabb állomása a meiotikus spórák képzése. Beltéri termesztés esetén azonban a nagymennyiségű spóra számos problémához vezethet, mivel belélegezve a spórák súlyos tüdőbetegséget okozhatnak a gombaszedők körében, eltömíthetik a szellőzőrendszert és a természetbe kijutva potenciális ökológiai kockázatot jelenthetnek. A kereskedelmi forgalomba hozható spóramentes laskatörzs (SPOPP0) esetében a spórák hiánya a termőtestek nem kívánt deformitásával társul. Új, spóramentes törzsek célzott előállításához elengedhetetlen a spóráképzést szabályozó genetikai hálózat részletes feltárása, kiváltképp a posztmeiotikus eseményekét, ami bazídiumos gombákban jórészt még ismeretlen. A sporulációban részt vevő géneket *Coprinopsis cinerea*-ban (trágyatintagomba) tanulmányoztuk, mivel gyors növekedése és könnyű fenntarthatósága laboratóriumi körülmények között a spóráképzés nagyfokú szinkronitásával együtt ideális modellorganizmussá teszi a sporuláció nagyfelbontású vizsgálatához. A spóráképzés molekuláris folyamatait RNS-szekvenálással vizsgáltuk, három egymást követő fejlődési stádiumban, kezdve a meiózis I. fázisának végétől egészen a spórákezdemények felfúvódásáig. Ezzel a transzkriptomikai analízissel betekintést nyerhettünk a meiózison túl az azt követő folyamatokba is. A magas dúsulást mutató génfunkciók alapján a spóráképzés során többek között intenzív sejtfalszintézis és -átrendeződés mehet végbe, számos transzportert kódoló gén felülexpresszálódik, továbbá a ferritinek spórafelfúvódás közben mutatott rendkívül magas expressziószint emelkedése miatt elképzelhető a vasionok spórákban való felhalmozódása. Mindezen túl, az adatsor értékes forrása lehet további olyan géneknek, amik elengedhetetlenek a spóráképzéshez, így ezek ígéretes jelöltek lehetnek ipari spóramentes törzsek fejlesztésére. Ezt bizonyítandó, kiválasztottunk három ismeretlen funkciójú vagy annotálatlan génjelöltet, amik expressziószintje jelentősen megemelkedik a posztmeiotikus stádiumban és magasán konzervált más bazídiumos fajokban is. A génjelölteket CRISPR/Cas9 rendszerrel ütöttük ki, ami olyan spóramentes vagy spóraszegény *C. cinerea* törzseket eredményezett, amik termőteste nem mutattak további morfológiai elváltozásokat. A kiütött gének ortológjai olyan ipari termesztésbe is bevont ehető gombafajokban is jelen van, mint amilyen a kései laskagomba (*Pleurotus ostreatus*), így ezek a gének ígéretes jelöltek lehetnek ipari spóramentes törzsek célzott fejlesztésére.

Az Innovációs és Technológiai Minisztérium Kooperatív Doktori Program doktori hallgatói ösztöndíj programjának a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs alapról finanszírozott szakmai támogatásával készült.

Decipher, disrupt, develop: identifying the unknown genetic background of sporogenesis for the targeted construction of novel sporeless mushroom strains

The final and most important phase in the development of mushroom fruiting bodies is the production of meiospores. However, when grown indoors, excessive spore production can lead to various problems, such as respiratory diseases in workers, clogging of ventilation systems and potential ecological risks. Consequently, there is a substantial demand from the industry for sporeless mushroom strains. In the case of the commercially available sporeless oyster mushroom strain (SPOPP0), the absence of sporulation was accompanied by unintended morphological alterations in the fruiting bodies. Targeted generation of novel sporeless strains requires a deeper understanding of the genetic background controlling the sporulation process, especially the less well-studied postmeiotic phases of sporulation. To study the genes related to sporulation, we used *Coprinopsis cinerea* (grey inkcap) as a model basidiomycete. Its rapid growth, relatively easy maintenance under laboratory conditions and high synchrony during spore development make it an ideal model for the detailed investigation of sporulation. We examined sporogenesis using RNA-Seq, including three developmental stages, ranging from the end of meiosis phase 1 to the inflation of spore initials. The transcriptomic analysis allowed us to gain insights into the meiotic process and subsequent molecular events. The highly enriched gene functions indicate that during sterigma formation and spore inflation, intensive cell wall synthesis and restructuring takes place, numerous transporters are upregulated and due to the high expression level of ferritins probably a considerable amount of iron ions accumulate in the spores. Furthermore, our dataset proved to be suitable for the identification of candidate genes essential for sporulation, providing a valuable resource for the development of industrial sporeless strains. Testing this concept experimentally, we identified three genes with unknown functions that are not yet annotated, whose expression levels increase significantly in postmeiotic stages and that are highly conserved in other basidiomycetes. We disrupted these candidates using the CRISPR/Cas9 system, resulting in *C. cinerea* strains with reduced or absent spore production and no other visible morphological defects. The orthologs of these genes are present in the genomes of important edible mushroom species such as *Pleurotus ostreatus* and may therefore serve as promising candidates for the targeted development of sporeless fungal strains for industry.

Prepared with the professional support of the Doctoral Student Scholarship Program of the Co-operative Doctoral Program of the Ministry of Innovation and Technology financed from the National Research, Development and Innovation Fund. KDP-17-4/PALY-2021.



Nagygombák anyagainak bioaktivitás alapú szétválasztása kétrétegű SPE-töltettel

KRÜZSELYI Dániel, OTT G. Péter & MÓRICZ M. Ágnes

HUN-REN Agrártudományi Kutatóközpont, Növényvédelmi Intézet, 1022, Budapest – Plant Protection Institute, HUN-REN Centre for Agricultural Research, Budapest, Hungary; kruzselyi.daniel@atk.hun-ren.hu

A gombák speciális másodlagos anyagcseréje lehetővé teszi olyan vegyületek létrejöttét, melyek egyedülállóak a természetben, ilyenek például a különböző glükánok, lektinek, sztaninok, a kresztin, vagy a különböző béta-karbolin származékok. Ezen vegyületek igen kis mennyiségben találhatóak meg a gomba termőtestében, így a kimutatásukhoz hatékony és szelektív dúsításra van szükség.

Kutatásunk során, a különböző gombákból származó bioaktív vegyületek gyors, kétrétegű szilárd fázisú extrakcióját (SPE) és elválasztását dolgoztuk ki. A módszer két lépésben választja szét az anyagokat a bioaktivitásuk szerint, aminek a hátterében a kémiai szerkezeti sajátosságok játszanak kulcsszerepet, mivel az antioxidánsok jellemzően jól oldódnak vízben, míg a különböző antimikrobiális hatással rendelkező molekulák jóval apolárisabb karakterűek. Az SPE alapú módszer hatékonyan választja szét a bioaktivitással rendelkező vegyületeket, miközben jelentősen mérsékli a mátrix anyagok okozta interferenciát.

A módszert ez idáig metanolos kivonatok esetében alkalmaztuk; a módszer magába foglalja az extrakciót, az aktivitást mutató anyagok detektálását vékonyréteg-kromatográfiához csatolt direkt bioautográfiával, az SPE elválasztást és ez utóbbi sikerességének monitorozását is. Az elsődleges anyagcseretermékek (zsírok, cukrok, fehérjék) jelenléte a mintában, elfedheti és akadályozhatja a komponensek detektálását. Az általunk alkalmazott módszer szelektíven dúsítja a bioaktív vegyületek mennyiségét, miközben a zavaró komponensek jelentős részétől elválasztja. A kétrétegű SPE módszer eredményei alapján az eljárás hatékonyan képes az antioxidáns és az antimikrobiális hatású vegyületek szeparálására és dúsítására, nem csak a bazídiumos, hanem az aszkuszos nagygombák kivonatai esetében is. A módszernek hátrányai közül a töltetre vihető korlátozott mintamennyiség a legjelentősebb. Már a kis mértékben túlterhelt töltet esetében is számolni kell a bioaktív anyagok mellett jelen lévő zavaró mátrixanyagok együttes leoldódásával, igaz, csupán kis mennyiségben. A módszer előnye viszont, hogy a gombákra jellemző magas víztartalom (85–90%) mellett is képesek lehetünk akár egyetlen termőtestből is detektálható mennyiségű bioaktív anyagot kinyerni, ezáltal pedig alkalmas különböző előkísérletek elvégzésére, vagy akár egy fajhoz tartozó, de más élőhelyeken gyűjtött gombatermőtestek gyors összehasonlítására is, mivel a minta abszolút mennyisége nem lesz korlátozó tényező. Összefoglalva, a kifejlesztett SPE módszer ígéretes megközelítés a bioaktív vegyületek elválasztására és dúsítására a nagygombamintákból. Sokoldalúsága és hatékonysága értékes eszközzé válhat a

gombák metabolizmusának kutatásában és analitikai alkalmazásokban. A módszer további optimalizálása és validálása tovább segítheti a különböző mikológiai vizsgálatok során való alkalmazását.

Bioactivity-based separation of macrofungi compounds with dual-layer SPE

The distinctive secondary metabolism of macrofungi enables the formation of compounds unique in nature, such as various beta-glucans, lectins, stannins, krestin, and beta-carboline derivatives. These are sometimes present in minute amounts in the mushroom body, and for their effective detection and enrichment, it is necessary to use suitable methods.

In our research, a rapid, dual-layer solid-phase extraction (SPE) and separation of bioactive compounds of macrofungi were performed. The method provides the separation of the bioactive compounds according to bioactivity in two steps, as the chemical structure of these groups playing a pivotal role. The antioxidant molecules are typically highly soluble in water, while molecules with various antimicrobial effects have much more nonpolar characteristics. With the developed SPE-based method the compounds with bioactivity can be effectively separated while significantly reducing interference from other substances.

The method has been applied to methanol extracts of fungi and includes extraction, SPE separation, and detection of bioactive compounds thus monitoring the progress of separation by thin layer chromatography–direct bioautography. The presence of primary metabolites (fats, sugars, proteins) in the sample can make separation and detection of valuable components challenging – by the so-called masking effect. The results of the dual-layer SPE method suggest that the procedure is effective for the separation and enrichment of compounds with antioxidant and antimicrobial activities while removing a significant proportion of interfering components, not only in extracts of basidiomycetes but also in those of ascomycetes.

Besides the advantages, the most significant drawback of the method is the limited loadability of the dual-layer SPE. Even with a slight overload, elution of the interfering compounds can be expected, but in small amount. The advantage of this method is that it is possible to obtain detectable quantities of bioactive minor components from a single fruiting body. Therefore, the developed method is suitable for different preliminary experiments or for rapid comparison of fruiting bodies of the same species collected in various habitats, provided that the absolute volume of the sample is not a limiting factor.

In summary, the developed SPE method represents a promising approach for separation and enrichment of bioactive compounds from mushroom samples. Its versatility and efficiency could make it a valuable tool for fungal metabolomics research and analytical applications. Further optimisation and validation of the method could enhance its applicability in various mycological studies.



Allélspecifikus expresszió a *Pleurotus ostreatus* termőtestképzése során

MERÉNYI Zsolt¹, BÁLINT Balázs¹, VIRÁG Lilla¹, MIKLOVICS Nikolett¹, FÖLDI Csenge¹, LIU Xiao-Bin¹, WU Hongli¹, CSERNETICS Árpád¹, VIRÁGH Máté¹, HEGEDÜS Botond¹, HAJDÚ Csaba², GEÖSEL András³ & NAGY G. László¹

¹Szintetikus és Rendszer-biológiai Egység, HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Szeged – Synthetic and Systems Biology Unit, HUN-REN Biological Research Centre, 6726 Szeged, Hungary; zmerenyi@gmail.com

²Gombakertész Kft., Nagytálya – Gombakertész Ltd., Nagytálya, Hungary

³Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Kertészettudományi Intézet, Zöldség- és Gombatermesztési Tanszék, Budapest – Department of Vegetable and Mushroom Growing, Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Budapest, Hungary

A bazídiumos gombák termőtesteik dikarionos hifákból állnak, melyek szeptumai közt többnyire kettő, a két szülőtől származó sejtmag található. Ezáltal a hifák heterokarionos természete megteremti a lehetőséget, hogy a két sejtmag eltérő mértékben járuljon hozzá a génexpresszióhoz. Kis számú irodalmi adat alapján bazídiumos gombákban a legtöbb gén egyenlő mértékben (EE) fejeződik ki a két sejtmagból, amíg az allélspecifikus expressziót (ASE) mutatók gén szinten szabályozottak. Ugyanakkor az ASE háttérében húzódozó pontos genetikai mechanizmus, a termőtestképzésben betöltött szerepe vagy a lehetséges hasznosítása a törzs nemesítésben még nem feltártak. A PC9 és PC15 *Pleurotus ostreatus* monokarion törzsek teljes genomjának ismerete, valamint az ezekből leszármazott N001-es dikarion törzs termőtest fejlődési sorozatán végzett szál-specifikus teljes RNS-szekvenálás lehetőséget nyújtott az ASE morfogenezisben betöltött szerepének vizsgálatára.

Az N001 törzset vizsgálva, 2626 gén (25,2% a kifejeződő géneknek) mutatott allélspecifikus expressziót. Az ASE gének többségére jellemző volt, hogy egy adott gén kifejeződése során minden fejlődési stádiumban ugyanaz a szülői allél dominált. Az ASE gének upstream gén régiójában található szignifikánsan magasabb szekvencia divergencia és gyengébb szelekció arra utal, hogy az ASE az allélek eltérő promóter régióival magyarázható. Génkordúsulási elemzéssel kimutattuk, hogy a fiatal vagy nemrég duplikálódott gének között találjuk a legtöbb ASE-t mutató gént. Mivel a fiatal génekre jellemzően kisebb szelekció hat, mint a konzerváltakra, feltételezésünk szerint az ASE neutrális módon jelenik meg a transzkriptomban, és nem tekinthető egy adaptív, funkcióval bíró jelenségnek. Ugyanakkor az ASE magyarázhatja az egyes törzsek közötti fenotípusos eltéréseket, ezt a törzsnemesítésben kihasználva a természetben fontos jellegek genetikai háttérének megismerését teheti lehetővé. Különösen érdekes lehet az ASE vizsgálata az intraspecifikus hibridek esetén, ahol jelentős számú gén rendelkezhet eltérő cisz-regulációval.

Az eredményeink kiterjesztése végett, több *P. ostreatus* komplexbe tartozó vad és ipari hibrid törzset (hat monokarion, kilenc dikarion) készítettünk elő teljesgenom-szekvenálásra. A dikarionok szülői monokarionjait protoplasztálással nyertük vissza, hogy azokat keresztezve minél nagyobb fenotípusos varianciát lefedő, ismert genomi

hátterű adatsort kapjunk. Ezen adatsor egyedülálló lehetőséget nyújthat annak megválaszolására, hogy a fenotípusos különbségek mennyiben magyarázhatóak genomai (pl. nukleotid-, kópiaszám-variánsok), génexpresszióbeli vagy cis-transz regulációbeli (ASE) különbségekkel, illetve, hogy ASE-vel miként követhető a beltenyésztési leromlás vagy hibridizáció előnye a laskagomba nemesítés során.

Allele specific expression during fruiting body formation in *Pleurotus ostreatus*

The mycelia in the fruiting body of *Basidiomycota* fungi are composed of dikaryotic cells, containing mostly two nuclei, originating from two parental strains. The heterokaryotic nature of hyphal cells opens the possibility for the two nuclei to contribute differently to gene expression, with one transcribing the given gene more actively than the other. Based on a few studies on *Basidiomycota* species, most of the genes show equal expression (EE) from the two nuclei, while those genes which show allele specific expression (ASE) were regulated at the gene level. However, the exact genetic mechanism that generates ASE and its significance in the fungus' life, or the potential of involving ASE in breeding remained elusive.

The availability of the genomes of both parental monokaryons of *Pleurotus ostreatus* (PC15 and PC9) as well as new strand-specific RNA-Seq data across fruiting body development, allowed us to analyse the ASE during fruiting body morphogenesis of *P. ostreatus*. Analysing the *P. ostreatus* strain N001, we found that 2,626 genes (25.2% of expressed genes) show ASE, the vast majority of them being expressed predominantly from one of the parental alleles in every developmental stage. In addition, the significantly higher difference and weaker selection in upstream regions of ASE than EE genes implied that promoter divergence could cause these different expression patterns. Gene age enrichment and trend analyses proved that ASE was characteristic of young or recently duplicated genes. Since, young genes are known to be under weaker evolutionary constraint than conserved ones, it is possible that ASE arise neutrally in the transcriptome. Therefore, ASE may be a tolerated, rather than an adaptive phenomenon in fungi similarly to other organisms. At the same time, ASE can explain phenotypic differences of strains. Therefore, ASE may have important implications in mushroom breeding, where intraspecific hybrids harbouring different cis-regulatory alleles may result strains with industrially relevant phenotypes.

To validate our results in many strains, we also obtained wild and commercial strains of *P. ostreatus* complex (6 monokaryons, 9 dikaryons) and prepared them for long read whole genome sequencing. With protoplastation we re-generated parental strains and crossed them with each other to establish a high range of phenotypic variance with known genomic background. This dataset could provide the opportunity to answer the question to what extent we can explain phenotypic differences with genomic (e.g., single nucleotide, copy number variation), gene expression or cis-trans regulation (ASE), as well as how we can explain inbreeding depression and outbreeding enhancement with ASE in *Pleurotus* breeding.



Epigenetika a *Metschnikowia pulcherrima* pulcherriminsav-termelésének szabályozásában

SIPICZKI Mátyás & CZENTYE Kinga

Debreceni Egyetem, Genetikai és Alkalmazott Mikrobiológiai Tanszék, Debrecen – Department of Genetics and Applied Microbiology, University of Debrecen, Debrecen, Hungary; lipovy@gmx.com

A pulcherriminsav a cyclo(L-leucyl-L-leucyl) dipeptid származéka. Számos baktérium-nemzetség és néhány élesztőfaj képes termelni. Két hydroxamate csoportjának köszönhetően pulcherrimint, egy színes, vízben oldhatatlan komplexet képez Fe^{3+} ionokkal. A reakció lejátszódhat a sejteken belül és azokon kívül is, mivel a pulcherriminsav kijut a környezetbe is. A pulcherrimin sejten belüli felhalmozódása sötétpirossá (pigmentálttá) teszi a telepet. Sejten kívüli képződése pigmentált gyűrűt hoz létre a telep körül. Mivel sok sejten belüli folyamat igényel vasat, a pulcherriminsav vasleköttő reakciója hátrányosan befolyásolja sok mikroorganizmus szaporodását. Ennek a mikrobaellenes aktivitásnak köszönhetően a pulcherrimin-termelő élesztőket fel lehet használni biológiai szerként a növénypatogén gombákkal szemben a betakarítás előtti időszakban és a termés tárolása során. *Metschnikowia pulcherrima* a leghatékonyabb pulcherriminsav-termelő az élesztőgombák között.

Nagyszámú, különböző természetes forrásból származó izolátum vizsgálata során észrevettük, hogy pulcherrimin-termelésük instabil volt. Telepeik gyakran tartalmaztak pulcherrimin-termelő (pigmentált) és pigmentmentes szektorokat. Mindkét szektor sejtjei olyan telepeket (klónokat) képeztek, amelyek szegregáltak hosszabb idejű inkubáció során. A jelenség mögötti mechanizmusok feltárása érdekében, egysejtből fejlődő klónok 18 egymást követő generációit hoztuk létre egy olyan törzsből, amelynek a genomszekvenciája ismert volt. A klónok többségének sejtjeiben pigmentált és pigmentmentes részek (szektorok) képződtek. Sok szektorban visszakapcsolás is lejátszódott. A klónon belüli megfordítható BE-KI kapcsolat emlékeztet a pozícióeffektus-variegációra, egy epigenetikai jelenségre, ami ismert pl. a *Drosophila*-nál és a *Saccharomyces*-nél, és heterokromatin-szerű struktúrák változásainak a következménye. Noha a KI-BE átváltások magas gyakorisága miatt kevésbé valószínű, hogy helyspecifikus mutációk állnának a háttérben, mégis megszekvenáltuk a kiindulási törzs és egyes klónok *PUL2* génjét (ami a pulcherriminsav bioszintézisének utolsó lépéséhez szükséges enzimet kódolja). A szekvenciák azonosak voltak, bár mindegyikben bizonytalan nukleotidok fordultak elő azonos pozíciókban (dimorf helyek). Az azonosságuk a reverzibilis mutációk szerepe ellen szól. A dimorf helyek arra utalnak, hogy a sejtek egynél több *PUL2* génnel rendelkeznek. A heterozigótáság megerősítése érdekében DNS-molekulákat klónoztunk és szekvenáltunk a *PUL2* amplifikátumokból. A klónozott szekvenciák nem tartalmaztak dimorf helyeket, de eltértek egymástól azokon a helyeken, amelyek dimorfok voltak a nem-klónozott szekvenciákban. Érdekes módon, egyik klónozott szekvencia sem volt azonos a genomszekvencia *PUL2* szekvenciájával. Az

eltérés valószínű oka az, hogy a genomszekvencia a haploid assembly módszerével készült, ami a homológ gének szekvenciáját egy konszenzus-szekvenciába olvasztja össze. A genomszekvencia *PUL2* szekvenciája egy ilyen műtermék lehet.

Epigenetics in the regulation of pulcherriminic acid synthesis in *Metschnikowia*

Pulcherriminic acid is a hydroxamic acid derivative of the cyclic dipeptid cyclo(L-leucyl-L-leucyl) produced by certain genera of bacteria and a few yeasts. It harbours two hydroxamate groups and forms pulcherrimin, a coloured water-insoluble complex with ferric ions. The reaction can take place within the cells and also extracellularly because the pulcherriminic acid can be secreted into the environment. The accumulation of pulcherrimin in the cells turns the colony dark red (pigmented), whereas its formation outside the cells produces a pigmented halo in the medium around the colony. Since iron is required for many cellular processes, its immobilisation by the reaction with pulcherriminic acid adversely affects the propagation of many microorganisms. Due to this antimicrobial activity the pulcherrimin-producing yeasts can be used as biological agents against plant pathogens in the preharvest stage and during storage. By far the most efficient pulcherrimin-producer among yeasts is *Metschnikowia pulcherrima*.

When comparing large numbers of isolates from various natural sources, we noticed that their pulcherrimin production was unstable. The colonies frequently contained pulcherrimin-producing (pigmented) and pigment-free sectors. Cells of both sectors formed colonies (clones) that segregated during longer periods of incubations. To uncover the underlying mechanism(s), a series of 18 generations of single-cell clones were produced from a strain whose genome had been sequenced. Most clones had pigmented and non-pigmented parts (sectors) in their colonies. In many sectors back-switching also took place. This reversible ON-OFF switching within a clone is reminiscent of position-effect variegation, an epigenetic phenomenon known e.g. in *Drosophila* and *Saccharomyces* and attributed to changes in heterochromatin like structures. Although the high frequency of the ON-OFF transitions makes site-specific mutations as an underlying mechanism rather unlikely, we sequenced the *PUL2* genes (coding for the last enzyme of the biosynthesis of pulcherriminic acid) of the starting culture and certain clones. The sequences were identical, although all had ambiguous nucleotides (dimorphic sites) in the same positions. Their identity argues against the involvement of reversible mutations. The dimorphic sites indicate that the cells had more than one *PUL2* gene. To verify the heterozygosity, individual DNA molecules were cloned from the *PUL2* amplicons and sequenced. The cloned sequences contained no dimorphic sites but differed from each other at sites corresponding to the ambiguous nucleotides of the amplicon sequences. Remarkably, none of the sequences were identical to the *PUL2* sequence of the genome sequence. The possible cause of this discordance is that the genome sequence is a haploid assembly, in which all copies of the homologous genes are collapsed into single consensus sequences. The *PUL2* sequence of the genome sequence can be such an assembly artefact.



Termőtestképzésben szerepet játszó, RNS-kötő fehérjét kódoló gének funkcionális jellemzése *Coprinopsis cinerea*-ban

SZATHMÁRI Benedek^{1,2}, CSERNETICS Árpád¹, BÁLINT Balázs¹ & NAGY G. László¹

¹HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Szeged – HUN-REN Biological Research Centre, Szeged, Hungary; benedek.szathmari@gmail.com

²Nemzeti Tudósképző Akadémia, Szeged – National Academy of Scientist Education, Szeged, Hungary

A termőtestek egyes gombák makroszkopikus szaporítóképletei, melyek eleget tesznek a komplex soksejtűség feltételeinek: háromdimenziós szerkezetük van, rendelkeznek a külvilággal nem érintkező sejtekkel, valamint végleges megjelenésük egy jól koreografált fejlődési program eredményeként áll elő. Azzal kapcsolatban, hogy ez a fejlődési program honnan ered, mik az evolúciós gyökerei, sok a megválaszolatlan kérdés. Az ősi bazídiumos gombák bazídiumait nem vette körül termőtest, hasonlóan ma élő egyszerűbb felépítésű leszármazottaikhoz; ilyen a *Cryptococcus neoformans*, mely életmenetének ivaros részében fontos szerepet játszanak a *pum1* és *csa2* RNS-kötő fehérjék. A két gén szekvenciája igen konzervált, a termőtestképző gombákban lévő ortológokat viszont eddig még nem jellemezték. Célunk egyrészt, hogy megértsük, ezen gének hogyan járulnak hozzá a termőtestképzéshez, másrészt pedig, hogy mind-ebből evolúciós tanulságokat vonjunk le. A kalapos–tönkös termőtesteket képző modellszerkezetünkben (*Coprinopsis cinerea*) található *csa2*-ortológ expressziója alapján fogalmaztuk meg azt a hipotézist, mely szerint a bazídiumos gombák (*Basidiomycota*) körében a különböző termőtestsejtprogramok a bazídium fejlődési programjából jöttek létre, tehát a termőtestsejtek evolúciósan tekinthetők módosult bazídiumoknak. A CRISPR-Cas9 rendszer segítségével deletáltuk az említett géneket a *C. cinerea* genomjából. A szerkesztési eseményeket genomszekvenálással igazoltuk. Megfigyeléseink szerint az egyik mutánsban be sem indul, a másikban pedig a legkorábbi, ún. hifacsomó stádiumban leáll a termőtestképzés. Hősokkal indukálható promotérral meghajtott extra kópiák ektopikus integrációjával a *Cc.pum1* és a *Cc.csa2* RNS-kötő fehérjéket túltermelő törzseket állítottunk elő, melyek vizsgálatából kiderült, hogy a túltermelés önmagában nem elégséges a termőtestképzés beindításához, viszont optimális tenyésztési körülmények mellett érdekes termőtest-morfológiákat figyelhettünk meg az overexpressziós törzsekben. A deléciós mutánsok transzkriptom-analízise, illetve a fehérjék FLAG-taggal történő megjelölése folyamatban van; ezek segítségével szeretnénk a későbbiekben meghatározni a két fehérje interakciós partnereit.

A termőtestképző gombák komplex soksejtűségére vonatkozó morfoevolúciós ismeretanyag mélységeiben messze elmarad a növényeknél és állatoknál leírtaktól, holott számos gyakorlati hasznót ígérő aspektusa van (ld. gombaalapú bőrhelyettesítő és építőanyagok). Reményeink szerint kutatásaink hozzájárulhatnak ahhoz, hogy jobban megértsük az eredetét ennek a megkerülhetetlen evolúciós újításnak, a termőtestképzésnek.

Functional characterisation of RNA binding protein coding genes playing a role in fruiting body formation in *Coprinopsis cinerea*

Fruiting bodies are macroscopic reproductive structures of particular fungi, embodying all the characteristics of complex multicellularity: they are three-dimensional structures, contain cells that lack direct contact with the environment, and attain their final form as a result of a meticulously orchestrated developmental programme. Regarding the origin and the evolutionary roots of this programme, there are plenty of questions yet to be answered. Basidia of early basidiomycetes were not encapsulated in fruiting bodies, similar to their extant, simpler descendants, such as *Cryptococcus neoformans*, in which RNA binding proteins called pum1 and csa2 play important roles in the sexual life cycle. The sequences of the genes are highly conserved, yet the orthologues in mushroom-forming fungi have not been functionally characterised. We aim, on the one hand, to understand the role of these genes in fruiting body formation, and on the other hand, to draw evolutionarily relevant conclusions. Based upon the expression pattern of the csa2 orthologue in our pileate-stipitate mushroom-forming model species (*Coprinopsis cinerea*), we formulated a hypothesis stating that in basidiomycetes, the developmental programmes of the different fruiting body cells derive from the basidial developmental programme. Therefore, fruiting body cells can be considered evolutionarily as modified basidia.

We used the CRISPR-Cas9 system to delete the aforementioned genes from the genome of *C. cinerea*, and the DNA editing events were confirmed by genome sequencing. We observed that one of the mutants fails to initiate fruiting, while in the other one, the process is terminated at the so-called hyphal knot stage, which is the earliest phase of development. We ectopically integrated additional copies of the genes driven by an inducible heat shock promoter to generate strains that overexpress the Cc.pum1 and Cc.csa2 RNA binding proteins. The examination of the overexpressing strains revealed that overexpression alone is not sufficient to initiate fruiting. However, under optimal growth conditions, interesting fruiting body morphologies were observed in the overexpressing strains.

Our morpho-evolutionary knowledge on fungal complex multicellularity falls far behind that described in plants and animals, despite having several aspects of potential practical use (e.g. fungal leather alternatives and building materials). We hope our research will contribute to a better understanding of this fundamental evolutionary innovation, what we call mushroom formation.



Egy szeptinduplikáció hatása az *Agaricales* termőtestek morfológiájára

VIRÁGH Máté, SZAFIÁN Dorottya, KRISTÓFFY Zsolt, WU Hongli, MERÉNYI Zsolt,
NAGY G. László

HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Szeged – HUN-REN Biological Research Centre, Szeged, Hungary;
viragh.mate@gmail.com

A soksejtű gombák legösszetettebb képletei a termőtestek, melyek akár harmincnél is több, morfológiailag eltérő sejttypusból állhatnak. Ezek a sejtek számos folyamat révén differenciálódhatnak, azonban a termőtest végleges alakjára a turgor által történő felfúvódás gyakorolja a legnagyobb hatást. A vegetatív hifákkal ellentétben a felfúvódó termőtest sejtek egész felületük mentén, de anizotropikus módon tágulnak, ami arra utal, hogy morfogenezisük a vegetatív hifák morfogenezisétől eltérő, szigorú idő-és térbeli szabályozás alatt áll. Ennek a molekuláris háttere kevésbé ismert.

A szeptinek kisméretű, konzervált heteropolimer-képző fehérjék fajonként eltérő kópia számmal. A szeptin heteropolimerek magasabb rendű szeptinstruktúrák építőelemeiként szolgálnak (pl. filamentumok, gyűrűk, hálók), melyek változatos biológiai folyamatokban vesznek részt, mint pl. a sejtosztódás vagy a sejtek morfogenezise. Korábban a Cdc3 szeptinről bebizonyították, hogy a *Coprinopsis cinerea* tönkjének sejtjeiben hosszú filamentumokban található, és szerepet játszik a tönk megnyúlásában a tönksejtek alakjának meghatározása révén. Ezen felül semmit sem tudunk a szeptinek szerepéről a gombák termőtestsejtjeinek morfogenezise során. Kimutattuk, hogy a szeptin heteropolimer terminális komponense, a Cdc11 duplikálódott a legfajgazdagabb termőtest képző gomba csoportban, az *Agaricales* rendben. A két kópia közül a Cdc11a nagyobb mennyiségben található meg a vegetatív hifában és aminosav szekvenciája hasonló az ősi Cdc11-hez, míg a Cdc11B, a szeptin heteropolimer többi tagjával együtt felülexpresszálódik a termőtest-képzés során és számos konzervált aminosav cserét halmozott fel. A CRISPR/Cas9 rendszer segítségével *cdc11a*-ra és *cdc11b*-re nézve deléciós törzseket hoztunk létre és azt találtuk, hogy egyik szeptin deléciója sincs hatással a homokariotikus hifa morfológiájára, míg a *cdc11b*-re nézve deléciós törzs termőtestei elakadtak a fejlődés korai szakaszában és a felfúvódó sejtjei izotropikusan duzzadtak meg. Továbbá mCherry-vel fuzionáltatott Cdc11B-t expresszáló törzs segítségével kimutattuk, hogy a Cdc11B a felfúvódó sejtek szeptumjainak pórusai körül lokalizálódik. Ugyanakkor megjegyzendő, hogy ez utóbbi törzs a $\Delta cdc11b$ -hez hasonló fenotípust mutatott, ami arra utal, hogy a Cdc11B megfelelő működéséhez szükséges a fehérje érintetlen N-és C-terminálisa. Összegezve elmondható, hogy a Cdc11 szeptin *Agaricales* rendben történt duplikációja után a Cdc11B új funkcióra tett szert, ami fontos szerepet tölt be az *Agaricales* termőtestek felfúvódó sejtjeinek morfogenezisében.

Effect of a septin duplication on the morphogenesis of *Agaricales* fruiting bodies

Fruiting bodies are the most complex manifestations of fungal multicellularity. Some mushrooms consist of more than thirty morphologically distinct cell types. There are several mechanisms by which these cells can differentiate, and among them, inflation by turgor has the largest impact on the final morphology of a fruiting body. Unlike vegetative hyphae, inflating fruiting body cells expand over their whole surface anisotropically, suggesting a strong spatiotemporal control of morphogenesis in fruiting body cells that differs from that of the vegetative hyphae. The molecular background of this mechanism is far from understood.

Septins are heteropolymer-forming small GTPases conserved among most eukaryotes with varying copy numbers. Septin heteropolymers function as the building blocks of higher-order structures, like filaments, rings and gauzes that fulfill diverse roles in several biological processes, such as cytokinesis and cellular morphogenesis. Earlier, the septin Cdc3 was reported to be found in long filaments in stipe cells of *Coprinopsis cinerea* and found to play a role in stipe elongation by affecting the shape of stipe cells. However, no further information is known about the role of septins in cellular morphogenesis of fruiting body cells.

We have found that Cdc11, the terminal component of the septin heteropolymer, has been duplicated in the order Agaricales, the most species-rich group of fruiting body-forming fungi. One of the paralogs, Cdc11a is more abundant in the vegetative hyphae and resembles the ancestral Cdc11 in its amino acid sequence. On the other hand, Cdc11b is upregulated during fruiting body development along with the other components of the septin heteropolymer and accumulated several conserved amino acid substitutions. Using CRISPR/Cas9 we have generated deletion strains for *cdc11a* and *cdc11b* in *C. cinerea*. Neither of the deletions affected the morphology of the vegetative hyphae, while $\Delta cdc11b$ produced fruiting bodies whose development was arrested at an early developmental stage. We have found that inflating cells of the $\Delta cdc11b$ expanded isotropically. Using an mCherry-labeled Cdc11B-expressing strain we also found that Cdc11B localises to the septal pore caps of the inflating cells. However, this latter strain also showed a phenotype similar to $\Delta cdc11b$, suggesting the importance of an intact N- or C-terminal of the protein. Overall, we have found that Cdc11 has been duplicated in *Agaricales* and Cdc11B gained a novel function that plays a crucial role in the morphogenesis of inflating fruiting body cells in *Agaricales* mushrooms.



Echinocandinok *in vivo* hatékonysága *Candida auris* ellen

BALÁZSI Dávid¹, UDVARHELYI Gergely¹, FORGÁCS Lajos¹, BORMAN Andrew M.², KOVÁCS Renátó¹, TÓTH Zoltán¹, ADNAN, Awid¹ & MAJOROS László¹

¹Debreceni Egyetem, Általános Orvostudományi Kar, Orvosi Mikrobiológiai Intézet, Debrecen – Department of Medical Microbiology, Faculty of Medicine, University of Debrecen, Debrecen, Hungary; balazsd95@gmail.com

²National Mycology Reference Laboratory, Bristol, UK

A *Candida auris* egy új, világszerte terjedő multirezisztens gombafaj. Ez az új patogén alig egy évtizede ismert a tudományos világ előtt, mégis világszerte jelentettek már a gombafaj által okozott, az egészségügyi ellátással összefüggő fertőzéseket. Kutatómunkánk célja az volt, hogy *in vivo* megvizsgáljuk az echinocandinok hatékonyságát a négy fő kládba tartozó *C. auris* izolátumok esetében. Kísérleteinkben neutropéniás Balb/c egereket használtunk és kládonként (dél-ázsiai, kelet-ázsiai, dél-amerikai, dél-afrikai) legalább 2–2 törzset vizsgáltunk meg, amelyeknek a MIC értékei minden esetben alacsonyabbak voltak a „Centers for Disease Control and Prevention” által javasolt 2 mg/L-es érzékenységi határértékektől. Megvizsgáltunk két darab, a dél-amerikai kládhoz tartozó környezeti izolátumot is. Az intravénás fertőzést követő napon kezdtük az egerek intraperitoneális kezelését 20 mg/kg rezafunginnal (az első, a harmadik és a hatodik napokon), 3 mg/kg caspofunginnal (Cancidas®), 5 mg/kg micafunginnal (Mycamine®) és 5 mg/kg anidulafunginnal (Eraxis®). Ezek a dózisok ekvivalensek a humán gyógyításban használt echinocandin-dózisokkal.

A Kaplan–Meier logrank teszt alapján a 21 napos letalitási vizsgálatok igazolták, hogy mind a négy echinocandin szignifikánsan fokozta az egerek túlélését (a P-érték határok <0.001-től <0.0001-ig terjedtek). A fertőzéstől számított hetedik napon elvégzett boncolás alapján, a négy echinocandin a vesékből és a szívből kitenyészett élő gombasejtek számát nagyon gyakran, legalább három nagyságrenddel csökkentette, bár ez a csökkenés nem mindig volt statisztikailag szignifikáns a Kruskal–Wallis teszt alapján. A rezafungin kládoktól függetlenül, a szívekből kitenyészett élő gombasejtek számát 2–4 nagyságrenddel csökkentette. Egyik echinocandin sem akadályozta meg az agyban a gombasejtek számának a növekedését. Letalitási és a szervi perzisztencia kísérleti adatainkat hisztopatológiai vizsgálatok is megerősítették.

Az invazív candidasis kezelésére az FDA által a közelmúltban engedélyezett rezafungin (REZZAYO™), a letalitási, a szöveti perzisztencia és a hisztopatológiai eredmények alapján legalább olyan hatásosnak bizonyult neutropéniás egérmodellben a négy fő *C. auris* klád izolátumai ellen, mint az anidulafungin, a caspofungin és a micafungin.

In vivo efficacy of echinocandin against *Candida auris*

Candida auris is a new multi-resistant fungal species that is spreading worldwide. This new fungal pathogen has been known to the scientific world for less than a decade,

yet healthcare-associated infections caused by this fungal species have been reported worldwide. The aim of our research was to investigate the *in vivo* the efficacy of the echinocandins on *C. auris* isolates belonging to four major clades. In our experiments, we used neutropenic Balb/c mice and tested at least 2–2 strains per clade, all of which had MIC values below the sensitivity limit of 2 mg/L recommended by the “Centers for Disease Control and Prevention”. We also tested two environmental isolates belonging to the South American clade. We started intraperitoneal treatment of mice the day after intravenous infection with 20 mg/kg rezafungin (on days 1, 3 and 5), 3 mg/kg caspofungin (Cancidas®), 5 mg/kg micafungin (Mycamine®) and 5 mg/kg anidulafungin (Eraxis®). These doses are equivalent to the doses of echinocandin used in human medicine.

Based on the Kaplan–Meier logrank test, the 21-day lethality studies demonstrated that all four echinocandin significantly increased the survival of mice (P value limits ranged from <0.001 to <0.0001). Based on autopsies performed on day seven after infection, the four echinocandin very often reduced the number of live fungal cells from kidneys and heart by at least three orders of magnitude, although this reduction was not always statistically significant according to the Kruskal–Wallis test. Regardless of the clade, rezafungin reduced the number of live fungal cells from hearts by 2 to 4 orders of magnitude. None of the echinocandin prevented the increase in the number of live fungal cells in the brain. Our experimental data on lethality and organ persistence were confirmed by histopathological studies.

Rezafungin (REZZAYO™), recently approved by the FDA for the treatment of invasive candidiasis, has been shown to be at least as effective as anidulafungin, caspofungin and micafungin against the four major *C. auris* clade isolates in a neutropenic and murine model, based on lethality, tissue persistence and histopathology results.



***Candida auris* isavuconazol kezelésre adott válaszána vizsgálata**

BALLA Noémi, KOVÁCS Fruzsina, HARMATH Andrea, KOVÁCS Renátó & JAKAB Ágnes

Debreceni Egyetem, Általános Orvostudományi Kar, Orvosi Mikrobiológiai Intézet, Debrecen – Department of Medical Microbiology, Faculty of Medicine, University of Debrecen, Debrecen, Hungary; balla.noemi@med.unideb.hu

A nozokomiális fertőzések tekintetében a *Candida* fajoknak vitathatatlan a jelentősége, hiszen egyik leggyakoribb okai az egészségügyi ellátással összefüggő gombás fertőzéseknek. A leggyakrabban azonosított faj még mindig a *Candida albicans*, azonban 2009-ben egy új patogén élesztő került leírásra a klinikumban a *Candida auris*, amely a *Candida* speciesek között egyedülálló módon képes nozokomiális járványokat okozni a különböző kórházi osztályokon. Komoly aggodalomra ad okot, hogy a *C. auris* izolátumok több, mint 90%-a rezisztens fluconazolra, valamint egyes területeken az amphotericin B-re rezisztens törzsek aránya meghaladja a 30%-ot, míg az izolátumok közel 4–5%-a mutat rezisztenciát az echinocandinok ellen, továbbá az izolátumok 40–45 %-a pedig multirezisztens. Az elmúlt évtizedben egy új, széles spektrumú gombaellenes gyógyszer, az isavuconazol (ISA) vezettek be a klinikai gyakorlatba, amely kedvezőbb farmakológiai tulajdonságokkal bír, mint az első és második generációs azolok. Az ISA elsősorban invazív aspergillózis és mucormycosis kezelésére engedélyezett, és jelenleg nincs elérhető ajánlás a *Candida* fajok okozta fertőzések terápiájára vonatkozóan. Így kutatásunkban célul tűztük ki az ISA *in vitro* élettani hatásának vizsgálatát a dél-ázsiai kládba tartozó *C. auris* izolátumok ellen. Az izolátumok ISA iránti érzékenységét a „Clinical and Laboratory Standards Institute” által elfogadott M27-A3-as protokoll alapján határoztuk meg, standard mikrodilúciós módszerrel RPMI-1640 tápközegben. Az ISA hatását egynapos biofilmekre 24 órás kezelést követően a metabolikus aktivitásváltozáson alapuló XTT assay segítségével határoztuk meg. A transzkriptomikai vizsgálatokhoz az ISA rövid távú hatását is nyomon követtük a rázatott kultúrák (140 rpm) sejtsűrűség (OD_{640}), felnövekvő telepek száma (CFU) és száraztömeg (DCM) értékeinek meghatározásával. Eredményeink alapján elmondhatjuk, hogy a 0,015–8 mg/l ISA jelentősen gátolta a planktonikus *C. auris* izolátumok növekedését 24 órás expozíciót követően ($p < 0,01–0,05$), azonban nem tapasztaltunk jelentős különbséget a szeszillis izolátumok ISA-érzékenységét illetően (MIC = >8.0 mg/l). Kiemelnénk, hogy a planktonikus *C. auris* 10-es izolátum mérsékelten érzékenynek (MIC = 8.0 mg/l), míg a 33-as izolátum érzékenynek (MIC = 0.03 mg/l) bizonyult az ISA kezelésre. Továbbá, a 10-es és 33-as izolátumok négyórás 0,015–1 mg/l ISA kezelésénél jelentős csökkenést tapasztaltunk az optikai denzitás, a CFU, valamint a DCM értékekben ($p < 0,05$) a kontroll tenyészetekkel összehasonlítva. A kapott eredményeink alapján a 0,015 mg/l ISA 10-es és 33-as izolátumokra gyakorolt molekuláris biológiai hatását térképeztük fel. Jelenleg az új generációs RNS-szekvenálással nyert adatok kiértékelése még folyamatban van. Reményeink szerint eredményeink egyrészt hozzájárulnak az ISA-lal szemben kialakult csökkent érzékenység felderítéséhez, másrészt

segítséget nyújtanak új terápiás célpontok kijelöléséhez, ezzel megalapozva a *C. auris* által okozott fertőzések sikeres kezelését.

A munka az ÚNKP-23-3-II-DE-388 kódszámú Új Nemzeti Kiválóság Programjának támogatásával készült. A kutatást a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Hivatal támogatta (FK138462).

Investigation of *Candida auris* response to isavuconazole treatment

Candida species remained high significance in terms of nosocomial infections, as they are among the most common causes of fungal infections related to the healthcare-associated microbial diseases. The most commonly identified species is still *Candida albicans*; however, a new emerging yeast was described in the clinical practice – namely *Candida auris* – in 2009. Regarding *Candida* species, *Candida auris* is uniquely capable of causing nosocomial outbreaks across various hospital departments. It is noteworthy that more than 90% of *C. auris* isolates are resistant to fluconazole, the proportion of strains resistant to amphotericin B exceeds 30%. In addition, approximately 4–5% of isolates exhibit resistance to echinocandins, while 40–45% of isolates are multi-drug-resistant. In the past decade, a new broad-spectrum antifungal drug, isavuconazole (ISA), has been introduced into clinical practice, which has more favourable pharmacological properties compared to first and second-generation azoles. The ISA is primarily approved for the treatment of invasive aspergillosis and mucormycosis, and currently, there are no available recommendations for the therapy of infections caused by *Candida* species. Therefore, our research aimed to investigate the *in vitro* physiological effects of ISA against *C. auris* isolates belonging to the South Asian clade. The susceptibility of isolates to ISA was determined according to the M27-A3 protocol accepted by the Clinical and Laboratory Standards Institute using the standard microdilution method in RPMI-1640 medium. The effect of ISA on one-day-old biofilms following 24-hour treatment was assessed using the XTT-assay. For transcriptome analysis, we examined the short-term effects of ISA on shaken culture in terms of cell density (OD_{640}), counting living cells (CFU) and dry weight values (DCM). Based on our results, ISA at 0.015–8.0 mg/l concentrations significantly inhibited the growth of planktonic *C. auris* isolates after 24 hours ($p < 0.01–0.05$), however, we did not observe significant differences in the susceptibility of sessile isolates to ISA (MIC = >8.0 mg/l). It is noteworthy, that planktonic *C. auris* isolate 10 showed moderate susceptibility (MIC = 8.0 mg/l), whereas isolate 33 was susceptible (MIC = 0.03 mg/l) to ISA exposure. In addition, growth for shaken *C. auris* 10 and 33 cultures was significantly inhibited within four hours after the addition of 0.015–1 mg/l ISA as assessed by observed absorbance values, as well as CFU and DCM changes ($p < 0.05$). Based on these results, we revealed the molecular biological effects of 0.015 mg/l ISA on isolates 10 and 33. Currently, we are evaluating the data obtained from new generation RNA sequencing. We hope that our results will contribute to the exploration of reduced susceptibility to ISA and support to define novel therapeutic targets, thereby laying the foundation for successful treatment of infections caused by *C. auris*.

This research was supported by ÚNKP-23-3-II-DE-388 New National Excellence Program of the Ministry for Innovation and Technology. This research was supported by the Hungarian National Research, Development and Innovation Office (FK138462).



Gyógyszer-újrahasznosítás: gombaellenes hatással rendelkező molekulák azonosítása antifungális proteinek molekuláris célpontjai alapján

DÁN Kinga¹, BENDE Gábor¹, KAREMERA John K.¹, MISZLAI Lizett¹, BORICS Attila² & GALGÓCZY László¹

¹Szegedi Tudományegyetem, Természettudományi és Informatikai Kar, Biotechnológiai Tanszék, Szeged – Department of Biotechnology, Faculty of Science and Informatics, University of Szeged, Szeged, Hungary; galgoczi@bio.u-szeged.hu
²HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Biokémiai Intézet, Szeged – Institute of Biochemistry, HUN-REN Biological Research Centre, Szeged, Hungary

Epidemiológiai felmérések eredményei alapján a gyógyszerrezisztens gombák által okozott fertőzések száma világszinten növekvő tendenciát mutat. Az aggodalomra okot adó jelenség ellenére a gyógyszerrezisztens gombák által okozott fertőzések kezelésére kevés figyelem irányul. Ennek ellensúlyozására és a közfigyelem felkeltésére az Egészségügyi Világszervezet 2022-ben kiadta az első valaha létezett listát (*WHO fungal priority pathogens list to guide research, development and public health action*), ami mindamelllett, hogy felsorolja azt a 19 gombafajt, amelyek a legnagyobb közegészségügyi kockázatot jelentik, nyíltan megfogalmazza azt a célt is, hogy minél előbb minden eszközzel meg kell akadályozni és kontroll alá vonni a gombák által okozott fertőzések és antifungális szerekkel szemben mutatott rezisztenciájuk terjedését. Ez a cél olyan, teljesen új gombaellenes gyógyszereket igényel, amelyek hatásmódja lényegesen eltér a ma terápiás célból használtakétól. Az ilyen gyógyszerek kifejlesztése és kereskedelmi forgalomba hozatala költséges és időigényes folyamat. A gyógyszer-újrahasznosítás, vagyis egy már létező gyógyszereknek az eredeti terápiás célon túlmutató felhasználása viszont egy költség- és időhatékony stratégia. Korábbi tanulmányaink során kimutattuk, hogy a *Neosartorya fischeri* (\equiv *Aspergillus fischeri*) által termelt kis molekulatömegű, ciszteinben gazdag antifungális proteinek (NFAP és NFAP2) ígéretes gyógyszerjelölt molekulák felületi gombás fertőzések kezelésére, de a nagymértékű kötődésük a humán szérum albuminhoz alkalmatlanná teszi közvetlen alkalmazásukat invazív gombafertőzésekkel szemben.

Ennek ellenére a gombasejtben meglévő fehérje célpontjaik templátként szolgálhatnak jobb farmakokinetikai tulajdonságokkal, de az NFAP-hez és NFAP2-höz hasonló gombaszpecifikus hatást mutató molekulák azonosítására egy gyógyszer-újrahasznosítási stratégiában. Egyik jelenlegi kutatási projektünk során a figyelmünk erre irányul és célul tűztük ki az NFAP és NFAP2 fehérje célpontjainak az azonosítását *Aspergillus fumigatus*-ban, illetve *Candida albicans*-ban, továbbá azt, hogy olyan molekulákat azonosítsunk jóváhagyott gyógyszeradatbázisokból, amelyek képesek a célpont fehérjék NFAP és NFAP2 kötőzsebeivel kölcsönhatásba lépni. *In vitro* és *in vivo* módszerekkel sikerült az NFAP és NFAP2 intracelluláris fehérje célpontjait azonosítani, míg *in silico* fehérje-fehérje dokkolási kísérletekkel a kötőzsebeket. Az NFAP és NFAP2 kötőzsebek alapján végrehajtott szerkezetalapú virtuális szűrési kísérletek számos megbízható kölcsönható molekulát azonosítottak egy jóváhagyott gyógyszer-adatbázisból. *In vitro*

antifungális érzékenységi tesztek információt nyújtottak az azonosított molekulák gombaellenes szerekként történő lehetséges alkalmazásáról.

A munka a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Hivatal FK 134343 és K 146131 pályázatai támogatásával készült.

Drug repurposing: identification of compounds with antifungal effect based on molecular targets of antifungal proteins

Recent epidemiology surveys indicated the worldwide increasing incidences of drug-resistant fungal infections. In spite of this worrying trend, the treatment of fungal infections is still a neglected problem. To bring this problem to the public attention and to mitigate this situation, the World Health Organization published the first ever list of fungal priority pathogens list in 2022 (*WHO fungal priority pathogens list to guide research, development and public health action*). This list highlights 19 fungal pathogens posing the most serious threats on human health; and indicates action areas, among them the enhanced public health interventions to prevent and control the infection and the emergence of antifungal drug resistance. These goals require the development of new antifungal compounds with different mode of actions than that of the conventional ones. However, development of a totally new marketed treatment for the antifungal therapy is cost- and time-consuming. This can be overcome by drug repurposing, which represents a time- and cost-effective straightforward strategy for identification of new applicability of existing drugs beyond the original medical indication. Previously, we demonstrated that the small molecular weight, cysteine-rich, and cationic antifungal proteins secreted by *Neosartorya fischeri* (\equiv *Aspergillus fischeri*) (such as NFAP and NFAP2) are promising biomolecules for application in the treatment of superficial mycoses, but their high binding affinity to human serum albumin contradicts the application in the treatment of invasive fungal infections. However, their molecular targets in fungi can be applied as templates in drug repurposing to find molecules with better pharmacokinetic properties, but with similar antifungal effect and fungal-specific mode of action to that of NFAP and NFAP2. One of our recent projects focuses on this aspects and aims to identify the protein targets of NFAP and NFAP2 in *Aspergillus fumigatus* and *Candida albicans*, respectively, and to screen approved drug databases for molecules with binding affinity to the NFAP and NFAP2 binding pockets of target proteins. *In vitro* and *in vivo* target fishing experiments indicated the intracellular protein targets of NFAP and NFAP2, and *in silico* protein-protein docking experiments the binding pockets. Structure-based virtual screening experiments using the binding pockets of NFAP and NFAP2 protein targets identified the most reliable interacting drugs from an approved drug library. Investigation the *in vitro* antifungal effect of these drugs provided information their potential applicability as antifungal agents.

Present work was financed by the Hungarian National Research, Development and Innovation Office FK 134343 and K 146131 projects.



Humán *Saccharomyces* izolátumok összehasonlító vizsgálata egy magyarországi klinikai központban

HARMATH Andrea^{1,2,3}, PFLIEGLER Valter Péter² & KOVÁCS Renátó¹

¹Debreceni Egyetem, Általános Orvostudományi Kar, Orvosi Mikrobiológiai Intézet, Debrecen – Department of Medical Microbiology, Faculty of Medicine, University of Debrecen, Debrecen, Hungary; harmath.andrea@med.unideb.hu

²Debreceni Egyetem, Természettudományi és Technológiai Kar, Molekuláris Biotechnológiai és Mikrobiológiai Tanszék, Debrecen – Department of Molecular Biotechnology and Microbiology, Faculty of Science and Technology, Institute of Biotechnology, University of Debrecen, Debrecen, Hungary

³Debreceni Egyetem, Gyógyszerészeti Tudományok Doktori Iskola, Debrecen – Doctoral School of Pharmaceutical Sciences, University of Debrecen, Debrecen, Hungary

A *Saccharomyces cerevisiae* var. *boulardii* egy, a *Saccharomyces* nemzetségbe tartozó, a *S. cerevisiae* változataként számon tartott, probiotikus hatású élesztő, melyet elsősorban a hasmenéses megbetegedések megelőzéséhez és kezeléséhez használnak. A *S. cerevisiae* var. *boulardii*-t, akárcsak a nemzetség többi tagját, általánosan biztonságosnak tekintik. Ismert azonban, hogy az *S. cerevisiae* és probiotikus altípusa képesek a veszélyeztetett populációban (csecsemők, idősek, immunhiányos betegek) fungémiát okozni. A faj fertőzőképessége és klinikai izolátumainak diverzitása még nem kellő mértékben ismert. Jelen munkánk során a *S. cerevisiae* hazai klinikai izolátumait összehasonlító vizsgálatnak vetettük alá. A minták az elmúlt nyolc évből (2015–2023), a Debreceni Egyetem Klinikai Központjából származtak, mely idő alatt több, mint 50 klinikai izolátumot vizsgáltunk. A minták gyakoriságát tekintve a vizsgált időszakban nem figyelhető meg növekvő tendencia. Beteg életkor tekintetében, a minták közel fele idősekből, körülbelül ötöde gyermekekből lett izolálva; a minták 60%-ban női betegekből származtak. Négy esetben volt mikózis a diagnózis, melyből a mintatípus három esetben vér, egy esetben pedig cervix volt. A mintatípusok megoszlását tekintve 60%-ban légzőrendszerből, közel 25%-ban női nemi traktusból, 5%-ban vérből, a maradék esetekben különböző sebekből származtak a vizsgált élesztők. Multiplex PCR fingerprinting-et használva identifikáltuk a probiotikus élesztővel genetikailag egyező mintákat, illetve azok gyakoriságát. Az eredmények alapján elmondható, hogy az izolátumok közel 40%-a probiotikus eredetűnek mutatkozott. A minták kor szerinti eloszlása megegyezett az irodalomban ismerttel, miszerint a legtöbb gyermekek és idősek köréből származott; emellett a mintatípust tekintve, meglepő módon leginkább a légutakhoz köthető izolátumokról beszélhetünk. Ezen eredmény a *S. cerevisiae* var. *boulardii* opportunistá patogén mivoltára enged következtetni, melyet a mintatípusok is alátámasztanak. A probiotikus élesztő rendszerint katéteres, immunhiányos, hosszan kórházban tartózkodó betegek esetében okozhat fungémiát, így gyógyászati szempontból fontos tulajdonsága a biofilmképző képessége is. Munkánk során feltérképeztük az izolátumok érzékenységi profilját mind a planktonikus, mind pedig a szesszilisz formák esetében fluconazole, amphotericin B, caspofungin, micafungin és anidulafungin esetében. A probiotikus altípus érzékenysége az amphotericin B

esetén szignifikáns különbséget mutatott, a többi esetben csak kismértékben tért el a faj egyéb izolátumaitól. A tapasztalt minimális gátló koncentrációk sok esetben magasnak, kezelés szempontjából kedvezőtlennek tekinthetők.

Mindezen eredmények alapján a Debreceni Egyetem Klinikai Központjában a vizsgált időszakban a *S. cerevisiae* faj ritka opportunista patogénként, illetve kolonizálóként fordult elő, jelentős mértékben a probiotikus klád molekuláris jellemzőit mutatva.

A comparative study of human *Saccharomyces* isolates in a Hungarian clinical center

Saccharomyces cerevisiae var. *boulardii* is a probiotic yeast belonging to the *Saccharomyces* genus, considered as a variety of *S. cerevisiae*. It is primarily used for the prevention and treatment of diarrhea. Similar to other members of the genus, *S. cerevisiae* var. *boulardii* is generally considered as a safe microorganism. However, it is known that both *S. cerevisiae* and its probiotic subtype can cause fungemia in vulnerable populations such as infants, elderly and/or immunocompromised patients. The infectivity of the species and the diversity of its clinical isolates are not fully understood. In our present study, Hungarian clinical isolates of *S. cerevisiae* were collected to perform a comparative analysis. The samples were collected from the Clinical Center of the University of Debrecen over the past eight years (2015–2023), and during this time more than 50 clinical isolates were examined. There was no observed increasing trend in the prevalence of samples during the study period. Regarding patient age, nearly half of the samples were from the elderly population, about one-fifth from children; and 60% of the samples were from female patients. There were four cases with mycosis diagnoses, three specimens derived from haemoculture, and one was isolated from cervical sample. Concerning the origin, 60%, 25% and 5% of samples derived from respiratory tract, female genital tract and blood, respectively. We identified samples genetically matching the probiotic subtype and their frequency using multiplex PCR fingerprinting. Based on our results, it can be stated that nearly 40% of the isolates appeared to be of probiotic origin. The distribution of samples by age matched what is known from the literature: most samples originated from children and the elderly patients. Surprisingly, the majority of clinical isolates were associated with the respiratory tract. These results suggest the opportunistic pathogenic nature of *S. cerevisiae* var. *boulardii*. Probiotic yeast can cause fungemia, particularly in catheterised, immunocompromised patients who stay in the hospital for extended periods, making its ability to form biofilms an important consideration in medical practice. We surveyed the susceptibility profile of the isolates in both planktonic and sessile forms to fluconazole, amphotericin B, caspofungin, micafungin, and anidulafungin. The susceptibility of the probiotic subtypes showed significant differences in case of amphotericin B, while in other cases, it only slightly differed from other isolates of the species. The observed minimal inhibitory concentrations were often high. Based on obtained results, *S. cerevisiae* appeared as a rare opportunistic pathogen or colonizer at the Clinical Center of the University of Debrecen, which exhibit the molecular characteristics of the probiotic clade to a significant extent.



A *Candida auris* és a *Candida albicans* fiziológiai és transzkriptomikai összehasonlító elemzése az exogén homoszerin-lakton kezelést követően

KOVÁCS Fruzsina, BOZÓ Alíz, BALLA Noémi, HARMATH Andrea, FORGÁCS Lajos, JAKAB Ágnes & KOVÁCS Renátó

Debreceni Egyetem, Általános Orvostudományi Kar, Orvosi Mikrobiológiai Intézet, Debrecen – Department of Medical Microbiology, Faculty of Medicine, University of Debrecen, Debrecen, Hungary

A *Candida* fajok és a *Pseudomonas aeruginosa* közötti interakciók gyakran megfigyelhetők a különböző klinikai esetekben. A 3-oxo-C12 homoszerin-lakton (3OC12HSL) egy a *P. aeruginosa* által termelt quorum-sensing molekula, amelynek hatása a különböző *Candida* fajok esetében még nem teljesen ismert, ezért összehasonlító jelleggel vizsgáltuk a 3OC12HSL hatását a *C. albicans* és *C. auris* virulenciára, biofilm képződésére és transzkriptumára. A 3OC12HSL által indukált molekuláris események feltárására érdekében egy genomszintű transzkriptomelemzést végeztünk *C. albicans* és *C. auris* tenyészeteken 100 μM és 200 μM 3OC12HSL expozíciót követő teljes transzkriptum szekvenálásos módszer segítségével (RNA-Seq). A 3OC12HSL hatását vizsgáltuk mind planktonikus, mind szeszilis sejtek növekedésével kapcsolatos kísérletekben 100 és 200 μM 3OC12HSL koncentrációk alkalmazása mellett. Továbbá immunkompromittált szisztémás egérmodellt használtunk a 3OC12HSL *C. albicans* és *C. auris* virulenciára gyakorolt hatásának értékelésére.

A 3OC12HSL expozíció – az alkalmazott koncentrációktól függetlenül – a *C. albicans*-ban 44 (pl. sejt-sejt adhézió szabályozása, arginin metabolikus folyamat) és 76 (úgy, mint mitotikus sejtciklus, kromoszóma lokalizáció, mikrotubulus alapú folyamat) gént eredményezett, melyek transzkripciójában legalább 1,5-szeres a növekedése vagy csökkenése, míg 45 (azaz: zsírsavkatabolikus folyamat, peroxiszóma) és 25 génnél legalább 1,5-szeres növekedést vagy csökkenést figyeltünk meg a *C. auris* transzkripciójában. A növekedési vizsgálatok során a 3OC12HSL az expozíciót követő két órán belül szignifikánsan gátolta a *C. auris* növekedését, de *C. albicans* esetében csak a 200 μM -os kezelés volt hatásos. Az adhéziót és a biofilm képződést mind a 100 μM -os, mind a 200 μM -os 3OC12HSL szignifikánsan gátolta *C. albicans*-ban, ezzel ellentétben a *C. auris*-ban csak a 100 μM -os expozíció volt jelentős negatív hatással a biofilm képződésére. A 3OC12HSL kezelés statisztikailag összehasonlítható gombaterhelést eredményezett a *C. albicans*-sal fertőzött egerek veséjében a kezeletlen kontrollokhoz képest, addig a 200 μM -nál alacsonyabb koncentrációk szignifikáns módon gátolták gombaterhelés mértékét a *C. auris* esetében a kontrollhoz viszonyítva.

A *C. albicans*/*C. auris* és a *P. aeruginosa* által termelt 3OC12HSL közötti eltérő kölcsönhatás releváns klinikai hatással rendelkezhet. A 3OC12HSL azon képessége, hogy megváltoztatja bizonyos *C. albicans*/*C. auris*-szal kapcsolatos tulajdonságokat (pl.: virulencia, adhézió, biofilmképző képesség), hasznos eszközök lehetnek alternatív

gombaellenes stratégiák kidolgozására és a gomba–bakteriális patogén kölcsönhatások megértésére.

Kovács Renátót a Magyar Tudományos Akadémia Bolyai János Kutatási Ösztöndíjával támogatta. A kutatást a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Hivatal (FK 138462) támogatta.

Comparative physiological and transcriptome analysis of *Candida auris* and *Candida albicans* to exogenous homoserine-lactone

Interaction between *Candida* species and *Pseudomonas aeruginosa* is frequently observed in several clinical cases. The 3-oxo-C12 homoserine-lactone (3OC12HSL) is a quorum-sensing molecule produced by *P. aeruginosa*, whose effect on different *Candida* species is not fully understood. Therefore, we examined the effect of 3OC12HSL on virulence, biofilm formation and transcriptome of *C. albicans* and *C. auris* in comparative manner. To reveal the molecular events exerted by 3OC12HSL, a genome-wide transcriptome profiling was performed on *C. albicans* and *C. auris* culture following exposure to 100 μM and 200 μM 3OC12HSL using the whole transcriptome sequencing method (RNA-Seq). The effect of 3OC12HSL was assessed in planktonic and sessile growth-related experiments in the presence of 100 and 200 μM 3OC12HSL concentrations. Furthermore, we used an immunocompromised systemic mouse model to evaluate the effect of 3OC12HSL on *C. albicans* and *C. auris* virulence *in vivo*.

The 3OC12HSL exposure – regardless applied concentrations – resulted 44 (i.e.: regulation of cell-cell adhesion, arginine metabolic process) and 76 (i.e., mitotic cell cycle, chromosome localization, microtubule-based process) genes with at least 1.5-fold increase or decrease in transcription for *C. albicans*, while 45 (i.e., fatty acid catabolic process, peroxisome) and 25 genes was observed with at least 1.5-fold increase or decrease in transcription for *C. auris*. Growth was significantly inhibited within two hours of the addition of 3OC12HSL in *C. auris*, but only the 200 μM treatment had activity against *C. albicans*. Adhesion and biofilm formation were significantly inhibited by 100 and 200 μM in *C. albicans*, while only the 100 μM exposure had relevant negative effect on biofilm formation in *C. auris*. The 3OC12HSL treatment resulted statistically comparable fungal burden in kidneys compared to untreated control in *C. albicans*, while concentrations lower than 200 μM caused a significant fungal burden decreased in *C. auris* compared to control.

The interaction between *C. albicans/C. auris* and *P. aeruginosa* 3OC12HSL may have relevant clinical impact. The ability of 3OC12HSL to influence *C. albicans/C. auris* related properties (i.e., virulence, adhesion, biofilm forming ability) may have useful tools to develop alternative antifungal strategies and support the understanding of fungal-bacterial pathogenic interactions.

Renátó Kovács was supported by the Janos Bolyai Research Scholarship of the Hungarian Academy of Sciences. This research was supported by the Hungarian National Research, Development and Innovation Office (FK 138462).



***Candida auris*: mit tanultunk az elmúlt 15 évben?**

KOVÁCS Renátó

Debreceni Egyetem, Általános Orvostudományi Kar, Orvosi Mikrobiológiai Intézet, Debrecen – Department of Medical Microbiology, Faculty of Medicine, University of Debrecen, Debrecen, Hungary; kovacs.renato@med.unideb.hu

A 2009-ben történő azonosítása óta a *Candida auris* számos nozokomiális járványt okozott a különböző egészségügyi intézményekben világszerte. A klinikai izolátumokat legalább öt egymástól jól elkülöníthető földrajzi kládba sorolhatjuk: dél-ázsiai (I), kelet-ázsiai (II), afrikai (III), dél-amerikai (IV), iráni (V) klád. A hipotézisek alapján a *C. auris* megjelenése valószínűsíthetően a globális felmelegedésnek köszönhető. Eredeti életterében elsősorban a környezetben, vizes élőhelyeken található meg. Az antropogén hatásoknak köszönhető magasabb átlaghőmérséklet szelekciós nyomásként hathatott a környezeti *C. auris* izolátumokra. A rokon *Candida* fajokkal összehasonlítva ez a potenciálisan multirezisztens kórokozó magasabb termotoleranciával és sótűrőképességgel rendelkezik, ami lehetővé teszi a humán szervezethez történő könnyebb és gyorsabb adaptációt, így fokozva a gomba patogenitását. Fontos kiemelni, hogy a klinikai izolátumok több mint 90%-a rendelkezik rezisztenciával a fluconazzal szemben, mintegy 30%-a az izolátumoknak rezisztens amphotericin B-re, míg a törzsek körülbelül 5%-a mutat echinocandin-rezisztenciát. A jelenlegi terápiás ajánlások alapján felnőttek esetén a micafungin, míg újszülöttek esetében az amphotericin B az elsőként választandó antifungális szer. A látszólagos adekvát terápia ellenére az elmúlt 2–3 évben megháromszorozódott az echinocandin-rezisztens és pán-rezisztens izolátumok száma. Fontos kiemelni, hogy az invazív fertőzésekből származó törzsek jelentős százaléka katéter-/kanülassocíált infekcióból származik, ahol a biofilmképzés lesz az egyik fő predisponáló tényezője ezeknek a fertőzéseknek. Tovább nehezíti a gomba teljes eradikációját, hogy a *C. auris* hatékonyan képes kolonizálni a betegek bőrét különösen azokét, akik hosszabb ideje fekszenek kórházban, valamint korábban részültek már valamilyen antibakteriális vagy antifungális terápiában. A jelenlegi epidemiológiai adatok alapján a *C. auris* invazív fertőzések halálozási aránya 30% és 70% között változik. Többek között ezen adatok, valamint a korábban leírt magasszintű rezisztencia miatt az amerikai egyesült államokbeli CDC (Centers for Disease Control and Prevention) külön iránymutatást adott ki a *C. auris* okozta infekciók sikeresebb kezeléséhez; továbbá az Egészségügyi Világszervezet (WHO) a nemrégiben közzétett gombainfekciós prioritási listán a kritikus csoportba sorolta a *C. auris*-t.

A Magyar Tudományos Akadémia, Bolyai János Kutatási Ösztöndíjának (BO/00127/21/8) támogatásával készült. A kutatást a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Hivatal támogatta (FK 138462).

***Candida auris*: what have we learnt in the past 15 years?**

In 2009, a new emerging *Candida* species was described in clinical practice namely *Candida auris*, which has caused several outbreaks in different healthcare facilities

spanning six continents in the past 15 years. Based on initial genetic analysis, *C. auris* emerged independently in various locations into at least five distinct geographical clades, named after the geographical location: South-Asia, East-Asia, Africa, South America, Iranian respectively clade I, II, III, IV and V. According to current hypothesis, the emergence of this potential multidrug-resistant *Candida* species may be the result of global warming. *C. auris* originally found in the environment, primarily in wetland. The anthropogenic climate change and higher average temperature potentially acted as a selective pressure on *C. auris*, favouring strains adapted to salinity and higher temperatures – similar to the conditions in human organism – therefore producing favourable conditions for this fungus as an emerging human pathogen. Alarmingly, about 90% of clinical isolates are resistant to fluconazole, about 30% are resistant to amphotericin B, and approximately 5% are resistant to echinocandins. Based on current guidelines, micafungin and amphotericin B have been recommended as the first line therapy against *C. auris* for adults and infants, respectively; however, echinocandin-resistant, and pan-resistant isolates have tripled in the last two-three years. Moreover, further complicate the applied therapy, that indwelling medical devices are the sources in case of the majority of clinical episodes indicating that biofilm formation is one of the main predisposing factors for these invasive infections. It is noteworthy, that *C. auris* effectively colonizes the skin of patients, particularly those with extended hospital stays and prior antibiotic or antifungal exposure making complete eradication more challenging. Based on current epidemiological studies, the crude mortality rate of *C. auris* invasive infections ranging from 30% to 70%. Since its first clinical description, *C. auris* has emerged as a serious threat in the healthcare environment, warranting specific guidance by the Centers for Disease Control and Prevention and assignments to the critical group in the fungal priority pathogen list published recently by the World Health Organization.

Renátó Kovács was supported by the János Bolyai Research Scholarship of the Hungarian Academy of Sciences (BO/00127/21/8). This research was supported by the Hungarian National Research, Development and Innovation Office (FK 138462).



Vaskelátorok *in vitro* aktivitásának vizsgálata klinikailag releváns *Candida* fajok ellen

TÓTH Zoltán, BALÁZS Bence, MAJOROS László & KOVÁCS Renátó

Debreceni Egyetem, Általános Orvostudományi Kar, Orvosi Mikrobiológiai Intézet Debrecen – Department of Medical Microbiology, Faculty of Medicine, University of Debrecen, Debrecen, Hungary; toth.zoltan@med.unideb.hu

Egyes vaskelátorok jelentős aktivitást mutatnak *in vitro* számos patogén gomba, köztük a mukormikózis kórokozói ellen, illetve *Cryptococcus* és *Aspergillus* esetében is figyeltek már meg interakciót hagyományos antifungális szerekkel. Érdekes módon a *Candida* fajok elleni aktivitásukról viszonylag kevés adat áll rendelkezésre, a multi-rezisztens *C. auris*-szal szembeni hatásukról pedig egyáltalán nincsenek adatok. Kísérleteink célja annak vizsgálata volt, hogy klinikailag hasznosítható aktivitásuk lehet-e az utóbbi fajjal szemben, valamint a *C. auris* ellenes aktivitásuk összehasonlítása más, gyakran izolált *Candida* fajokkal.

Kísérleteinkben a klinikai gyakorlatban elérhető vaskelátorokat, a deferipront, a deferasiroxot és a deferoxamint vizsgáltuk CLSI M27 ed.4 mikrodilúciós érzékenységi módszerrel *C. auris* (n=10), *C. albicans* (n=6), *C. parapsilosis* (n=5), *C. glabrata* (n=4) és *C. krusei* (n=4) izolátumok ellen 0,5–128 mg/l koncentrációtartományon. A *C. auris* izolátumok kivételével valamennyi izolátum véráramfertőzésből származott. A vaskelátorok és a flukonazol közötti kölcsönhatást „checkerboard” mikrodilúciós módszerrel vizsgáltuk. A kombinációk esetében a frakcionált gátló koncentrációkat az 50%-os gátlási kritérium alapján határoztuk meg. A különböző *Candida* fajok jelentős különbséget mutattak a vaskelátorokkal szembeni érzékenységük tekintetében. A *C. glabrata* izolátumok rendkívül érzékenyek bizonyultak, a minimális gátló koncentráció minden vizsgált kelátor és izolátum esetében ≤ 8 mg/l volt. A *C. auris* ellen a legjobb aktivitást a deferipron mutatta, mely esetében a MIC értékek 16–64 mg/l között alakultak, majd a deferasirox és a deferoxamine következett. Ezen eredmények nagyban hasonlítanak a *C. albicans* esetében tapasztaltakhoz. A vizsgált szerek egyike sem mutatott gátló hatást a *C. parapsilosis* és a *C. krusei* izolátumok ellen a vizsgált koncentrációtartományon. A flukonazol és a vaskelátorok között ritkán tapasztaltunk interakciót.

Ezen eredmények alapján a vaskelátorok önmagukban vagy a flukonazzal kombinálva korlátozott aktivitással rendelkeznek a *C. auris* izolátumokkal szemben, azonban a *C. glabrata* elleni aktivitást érdemes lenne további kísérletekben vizsgálni.

***In vitro* activity of the iron chelators in clinical use against common *Candida* species**

Some of the iron chelators show notable activity *in vitro* against several pathogenic fungi, including agents of mucormycosis, and may show pharmacodynamic interactions against *Cryptococcus* and *Aspergillus* with conventional antifungal compounds.

Interestingly, data on their activity against *Candida* species is relatively limited and completely lacking against the emerging multi-drug resistant pathogen *C. auris*. Our study aimed to investigate whether they may have clinically useful activity against the latter species and to compare the susceptibility with other commonly isolated *Candida*.

In our experiments we have tested the available iron chelators in clinical practice deferiprone, deferasirox and deferoxamine against a panel of *C. auris* (n=10), *C. albicans* (n=6), *C. parapsilosis* (n=5), *C. glabrata* (n=4) and *C. krusei* (n=4) isolates according to CLSI M27 ed. 4 susceptibility testing protocol at a concentration range of 0.5-128 mg/l. Except for *C. auris*, all the isolates were originating from bloodstream infections. The interaction between the iron chelators and fluconazole was tested by checkerboard microdilution assay. Fractional inhibitory indices were calculated for combinations using 50% inhibition criteria.

Marked differences were observed between the different *Candida* species regarding their susceptibility to iron chelators. *C. glabrata* proved to be highly susceptible as MIC values were ≤ 8 mg/l for all chelators tested. Against *C. auris*, the best activity was observed for deferiprone with an MIC range of 16–64 mg/l, followed by deferasirox and deferoxamine, a broadly similar range to that of *C. albicans* isolates. None of the tested agents had inhibitory activity against *C. parapsilosis* and *C. krusei* at the tested concentrations. Significant drug-drug interactions between fluconazole and chelators were rarely observed.

Based on these results, iron chelators have limited activity against *C. auris* isolates alone or in combination with fluconazole, however, the good activity against *C. glabrata* warrant further investigation.



Kucsomagombák (*Morchella* spp.) hazai diverzitásának vizsgálata DNS-vonalkód alapján

ALBERT László¹, PAPP Viktor², KOVÁCS M. Gábor³ & DIMA Bálint³

¹Magyar Mikológiai Társaság, Budapest – Hungarian Mycological Society, Budapest, Hungary

²Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Növénytermesztési-tudományok Intézet, Növénytan Tanszék, Budapest – Department of Botany, Institute of Agronomy, Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Budapest, Hungary

³Eötvös Loránd Tudományegyetem, Biológiai Intézet, Növény szerkezettani Tanszék, Budapest – Department of Plant Anatomy, Institute of Biology, Eötvös Loránd University, Budapest, Hungary; balint.dima@ttk.elte.hu

A kucsomagombák (*Morchella* spp.) hazánkban a legfontosabb vadon termő gombák közé tartoznak, hiszen az egyik legismertebb és leginkább keresett ehető gombacsoport, aminek egyes fajai nagy népszerűségnek örvendenek a gombagyűjtők körében. Az étkezési célra forgalomba kerülő vadon termett gombák gyűjtéséről, feldolgozásáról, forgalomba hozataláról szóló rendeletben [107/2011. (XI. 10.) VM] található jegyzék négy *Morchella* faj árusítását engedélyezi: *M. esculenta*, *M. deliciosa*, *M. semilibera*, *M. steppicola*. A hagyományos, makromorfológiai bélyegek alapján is elkülöníthető listázott fajok mellett azonban további, megjelenésükben igen hasonló fajok előfordulását is jelezték már hazánkból, ilyenek például a *M. elata*, *M. vulgaris* fajok. Az elmúlt években, a nemzetség molekuláris taxonómiai vizsgálatának eredményei felhívták a figyelmet, hogy számos egyéb, kriptikus vagy morfológiai bélyegek alapján csak nehezen elkülöníthető faj is megtalálható Európában, és így vélhetően hazánk területén is. Jelen munkában ezért célul tűztük ki ennek a kiemelt kulináris jelentőséggel bíró nemzetségnek, a minél teljesebb hazai feltárását. Az ország különböző területeiről és élőhelyeiről begyűjtött kucsomagombaminták közül, összesen 78 esetben végeztünk DNS-vonalkód alapú azonosítást az ITS-szakasz bevonásával. Filogenetikai vizsgálatunk alapján 16 különböző *Morchella* faj előfordulását sikerült kimutatnunk a *Distantes*, valamint a *Morchella* szekciókból. Előbbiből a *M. angusticeps*, *M. eximia*, *M. norvegiensis* és a *M. oweri* bizonyult újak hazánk fungájára nézve, míg a *Morchella* szekcióból a *M. americana* növelte a fajsámozatot. A vizsgált minták alkotta kládok közül további öt olyat is azonosítottunk, amiknek fajsztintú meghatározása további vizsgálatokat igényel. Eredményeink alapján elmondható, hogy hazánkban a kucsomagombák lényegesen gazdagabbak, mint ahogyan azt korábban gondoltuk, és ebből adódóan az árusítható fajok listájának revíziója is szükségesnek látszik.

A kutatást a Magyar Tudományos Akadémia Bolyai János Kutatási Ösztöndíja, valamint a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Hivatal pályázata (FK-143061, ELTE Intézeti Kiválósági Program – TKP2020-IKA-05, ill. Diagnosztika és terápia 2) támogatta. A kutatás a Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem Kutatási Kiválósági Programjának támogatásával készült.

DNA barcoding of *Morchella* species in Hungary

Morels (*Morchella* spp.) are among the most important wild mushrooms in Hungary, as they are one of the best known and most popular edible genera. Some morel species are very precious among the mushroom pickers. The list in the Decree 107/2011 (XI.10.) VM on the collecting, processing, and marketing of wild mushrooms in Hungary intended for human consumption authorises the sale of four morel species: *Morchella esculenta*, *M. deliciosa*, *M. semilibera*, and *M. steppicola*. However, in addition to the listed species, which can be distinguished by traditional macromorphological characters, other species with very similar appearance have been reported from Hungary: e.g., *M. elata*, *M. vulgaris*. In recent years, the results of molecular taxonomic studies of the genus have drawn attention to the fact that several other species, which are difficult to distinguish based on morphological characters, are also found in Europe and thus presumably also in Hungary. In our work, we aimed to study this genus of great culinary importance as detailed as possible. A total of 78 samples of *Morchella* collected from different areas and habitats of the country were identified by DNA barcoding using the nrDNA ITS region. Based on phylogenetic analyses, we detected the occurrence of 16 different *Morchella* species in the sect. *Distantes* and sect. *Morchella*. Of the former, we reported *M. angusticeps*, *M. eximia*, *M. norvegiensis* and *M. oweri* as new species to Hungary, while *M. americana* increased the number of known species from the sect. *Morchella*. Additionally, five lineages were identified in our phylogenetic analysis which require further species level investigations. Based on our results, it can be concluded that the diversity of morels in Hungary is considerably higher than previously thought and, consequently, a revision of the list of the vendible species seems necessary.

The study was supported by the János Bolyai Research Scholarship of the Hungarian Academy of Sciences and the National Research, Development and Innovation Office of Hungary (FK-143061, Diagnostics and Therapy 2, and ELTE Institutional Excellence Program 2020 – TKP2020-IKA-05). This work was supported by the Research Excellence Programme of the Hungarian University of Agriculture and Life Sciences.



Lisztbogárlárva hatása a laskagomba növekedésére in vitro körülmények között

AMPURIRE Naijuka Edwiger, MWANGI Ruth, SZABÓ Anna & GEÖSEL András

Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Kertészettudományi Intézet, Zöldség- és Gombatermesztési Tanszék, Budapest – Department of Vegetable and Mushroom Growing, Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Budapest, Hungary; naijukaedwiger@gmail.com

A laskagombák (*Pleurotus*) az egyik legelterjedtebb termesztett gomba nemzetség a világon, amelynek termesztése folyamatosan nő az egyszerű termesztési technológiának, a nyersanyagok könnyű hozzáférhetőségének, a magas elérhető hozamnak, valamint táplálkozási és gyógyászati értékének köszönhetően. A laskagombák termesztésében bevált gyakorlat a növényi alapú (pl. szalma) természetközeg kiegészítése olyan dúsítóanyagokkal, amely magasabb terméseredményeket hoz. Ilyen dúsítóanyagként leginkább rizshéjat, búzakorpát, szójalisztet vagy más, fehérje alapú gombaszpecifikus formulákat használnak a termesztési gyakorlatban. A gombatermesztés során visszamaradó természetközeg, a letermett gombakomposzt hasznosítására többféle gyakorlati megoldás létezik. Az utóbbi években jelentős kutatómunkák indultak a letermett gombakomposzt különböző rovarlárvákkal történő lebontására vonatkozóan, amely gazdaságos és környezetbarát módszerré fejleszthető. A körkörös gazdálkodás alapelveit követve a távlati célkitűzés az, hogy a gombatermesztésben keletkező nagy mennyiségű letermett komposzt és szedési maradék (levágott gombatönk, nem megfelelő minőségű termőtest, egyéb szedési hulladék stb.) mennyiségét csökkentsük. Mindkét melléktermék magas víztartalommal rendelkező, szerves anyagban gazdag hulladékanyag, amelynek további hasznosítására a rovarok jó lehetőséget kínálnak. Az ilyen hulladékanyagokkal etetett rovarlárvák és ürülékük természetes kiegészítőként használhatók a gomba termesztésében, a keletkező rovarürülék (frass) akár a gombakomposzt előállításában is kiválthatná a jelenleg használt csirke trágya egy részét. Kísérletünkben a lisztbogár lárvját használtuk, amely jól bontja a komposztot, mivel az gazdag szervesanyagokban, ásványi elemekben, fehérjékben és szénhidrátokban, ráadásul a lisztbogár lárvák életciklusa gyors. A jelenlegi kísérlet célja annak vizsgálata, hogy miként befolyásolja a ledarált lárva, valamint az általuk előállított frass a laskagomba micéliumát in vitro körülmények között. A kísérletet a Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem Zöldség- és Gombatermesztési Tanszékének gombalaboratóriumában végeztük. Két különféle kiegészítőt teszteltünk a kései laskagomba egyik hibridjén (*Pleurotus* hibrid 'HK35'), a micélium növekedési ütemét mérve. Hét napig szobahőmérsékleten inkubáltuk a beoltott tenyészeteket, amelyek táptalaját lárvaürülékkel és őrölt lárvával dúsítottuk három különböző koncentrációban: 1%, 5% és 10% arányban keverve. A legnagyobb növekedési ütemet a 1% koncentrációjú lárva hozzáadásával értük el, 78,4 mm-es átlagos telepátmérő értékkel. Ezt követte az 5% lárva 76,7 mm-es értékkel. A legalacsonyabb növekedési ütemet a 10% fehérje

esetén figyeltük meg, 50,2 mm-es átlaggal. A lárvaürülék-kiegészítés gyorsabb növekedési eréllyel rendelkezett a lárvafehérjéhez képest. Arra a következtetésre jutottunk, hogy mind a lárvaürüléke, mind az őrölt lárvaürülék kiegészítése koncentrációtól függően segíti vagy éppen gátolja a micélium növekedését, az eredmények alapján kisparcellás termesztésben is érdemes megvizsgálni ennek hatását.

A kutatás a GINOP_PLUSZ-2.1.1-21-2022-00183 azonosító számú „A gombatermesztési hulladék rovarlárvákkal történő újrahasznosításának kutatás-fejlesztése” című projekt támogatásával valósult meg.

Effect of mealworm larvae on the growth of oyster mushroom under *in vitro* conditions

Oyster mushrooms (*Pleurotus* spp.) are one of the most widely cultivated mushrooms worldwide with an increasing rate of production due to their easy cultivation technology, availability of raw materials, high yield potential as well as its high nutritional and medicinal value. Supplementation is one of the key practices done in oyster mushroom cultivation for better results in production. Agricultural by-products supplements are mostly used in the practice, like rice bran, wheat bran, soymeal, or other protein-based mushroom-specific formulation. The recent years research has shown that spent mushroom substances have been a challenge to the mushroom farmers, however as one of the solutions to recycle them is to feed the spent mushroom substrate on insects for decomposition which is economically cheap and environmentally friendly. Mealworm's larvae are good decomposers of spent mushroom substance, since it is rich in organic matter, mineral elements, proteins, carbohydrates, and the larvae life cycle are fast. As they feed, they drop their frass and multiply easily. The idea is to support the circular economy in mushroom production by mealworms, to decrease the amount of spent mushroom compost and the mushroom picking residues (like poor quality mushroom, cut stalks, etc). The larvae and their frass developed on those mushrooms' residuals might be used in mushroom cultivation as natural supplements. The present study aims to find the effects of larvae's protein and frass supplementation *in vitro* on oyster mushroom cultivation. The experiment was carried out in the mushroom laboratory of Hungarian University of Agriculture and Life Sciences at the Department of Vegetable and Mushroom Growing. Two separate supplements were tested on the growth rate of one of the hybrids of oyster mushroom (*Pleurotus* hybrid 'HK35') mycelium for seven days at room temperature (larvae frass and grounded larvae as protein) respectively at three different concentrations: 1%, 5% and 10%. The highest growth rate was recorded at 1% larvae additive with the mean value of 78.4 mm, followed by 5% larva additive with 76.7 mm. The lowest growth rate was observed in protein 10% with a mean of 50.2 mm. Larvae frass supplement had a high growth rate compared to protein supplements. We conclude that supplementation of both larvae's frass and grounded larvae support the growth of oyster mycelium, and it is suggested to test in cultivation to boost yield potential in lower concentration.

The paper was supported by GINOP_PLUSZ-2.1.1-21-2022-00183 program „Research and development of recycling mushroom cultivation waste using insect larvae”.



Szőlőfajták domináns élesztőgombái az Egri borvidéken

BATÁNYÉ VIDÁCS Ildikó^{1,2}, KOSZTIK Judit^{1,2}, DLAUCHY Dénes³, KUKOLYA József¹ & GEML József^{1,2}

¹Eszterházy Károly Katolikus Egyetem, Élelmiszertudományi és Borászati Tudásközpont, Eger – Food and Wine Knowledge Center, Eszterházy Károly Catholic University, Eger, Hungary; vidacs.ildiko@uni-eszterhazy.hu

²Eszterházy Károly Katolikus Egyetem, HUN-REN-EKKE Lendület Környezeti Mikrobiom Kutatócsoport, Eger – HUN-REN-EKKE Lendület Environmental Microbiome Research Group, Eger, Hungary

³MATE ÉTTI, Mezőgazdasági és Ipari Mikroorganizmusok Nemzeti Gyűjteménye, Budapest – National Collection of Agricultural and Industrial Microorganisms, MATE ÉTTI, Budapest, Hungary.

Az Eszterházy Károly Katolikus Egyetem Kőlyuk-tetőn található közel 20 hektáros szőlészetéből steril körülmények között szőlőfürtöket gyűjtöttünk három párhuzamosban a következő fajtákból: Kékfrankos, Merlot, Syrah, Cabernet Franc, Olaszrizling, Chardonnay, Cabernet Sauvignon. Élesztőgombák izolálásához a 21 szőlőmintából 20–20 g bogyóból kiindulva tízes alapú hígítási sort készítettünk. A hígítási sor tagjából Rose Bengal Chloramphenicol Agar lemezekre szélesztettünk, majd a lemezeket szobahőmérsékleten hét napig inkubáltuk. A jellegzetes domináns élesztőgomba telepek közül minden mintából 10-et, összesen 210 telepet steril fogpiszkáló segítségével levettünk és Malt Extract Broth táplevesben felszaporítottuk szobahőmérsékleten hét napon keresztül. A szuszpenziókból tisztító szélesztést végeztünk Malt Extract Agar lemezek felületén. Ahol szükséges volt, további tisztítási lépéseket alkalmaztunk. Mikroszkópos vizsgálat alapján 177 élesztőgomba izolátumot helyeztünk el a törzsgyűjteményünkben 21,5% glicerinkoncentráció mellett –20 °C-ra molekuláris biológiai azonosításra és további vizsgálatokhoz. A szőlőbogyókról izolált élesztőgomba törzsek törzsoldataiból 0,5 µL mennyiséget Malt Extract Agar lemezekre pontszerűen oltottuk, majd szobahőmérsékleten két hétig, majd újabb két hétig inkubáltuk. A telep morfológia alapján csoportokat képeztünk. A csoportokból kiválasztott reprezentatív törzsekből DNS-t vontunk ki, majd a 26S rDNS régió D1/D2 doménjét az NL1 (5'-GCATATCAATAAGCGGAGGAAAAG-3') és NL4 (5'-GGTCCGTGTTTCAAGACGG-3') primerekkel amplifikáltuk. A reakcióterméket szekvenáltattuk. A szekvenciákat az NCBI BLAST adatbázisának segítségével értékeltük. A szőlőmintákról izolált élesztőgombák a következő fajokhoz tartoztak: *Aureobasidium pullulans*, *Metschnikowia pulcherrima*, *Hanseniaspora uvarum* és *Rhodotorula graminis*. Figyelembe véve a hígítási faktorokat is, a következő élesztőgomba-összetételeket találtuk: Kékfrankos (62,4% *A. pullulans*, 12,7% *M. pulcherrima*, 25,0% *H. uvarum*), Merlot (87,5% *A. pullulans*, 6,3% *M. pulcherrima*, 6,3% *H. uvarum*), Syrah (22,8% *A. pullulans*, 22,8% *M. pulcherrima*, 53,2% *H. uvarum*, 1,2% *R. graminis*), Cabernet Franc (58,8% *A. pullulans*, 24,7% *M. pulcherrima*, 16,5% *H. uvarum*), Olaszrizling (36,3% *A. pullulans*, 0,3% *M. pulcherrima*, 36,4% *H. uvarum*, 27,0% *R. graminis*), Chardonnay (13,3% *A. pullulans*, 12,5% *M. pulcherrima*, 49,1% *H. uvarum*, 0,2% *R. graminis*, 24,8% egyéb), Cabernet Sauvignon (99,5% *A. pullulans*, 0,5% egyéb).

Dominant yeasts of grape cultivars in the Eger wine region

From the nearly 20-hectare vineyard of Eszterházy Károly Catholic University in Kőlyuk-tető, we collected grape bunches under sterile conditions in triplicate from the following cultivars: Kékfrankos, Merlot, Syrah, Cabernet Franc, Italian Riesling, Chardonnay, Cabernet Sauvignon. To isolate yeasts, a ten-fold dilution series starting from 20 g of berries from each of the 21 grape samples were prepared. Samples were spread onto Rose Bengal Chloramphenicol Agar plates, then the plates were incubated at room temperature for seven days. The typical yeast colonies, 10 from each sample, a total of 210 colonies, were removed using a sterile toothpick and transferred into Malt Extract Broth, where they were incubated at room temperature for seven days. A purifying spread of the suspensions was performed on the surface of Malt Extract Agar plates. Additional purification steps were used where necessary. Based on microscopic examination, we placed 177 yeast isolates in our strain collection at $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$ with a 21.5% glycerol concentration for molecular biological identification and further studies. $0.5\text{ }\mu\text{L}$ of the stock solutions of the yeast strains isolated from the grapes were inoculated onto Malt Extract Agar plates, then incubated at room temperature for two weeks and then another two weeks. We formed groups based on colony morphology. DNA was extracted from the representative strains selected from the groups, and then the D1/D2 domain of the 26S rDNA region was amplified with the primers NL1 (5'-GCATATCAATAAGCGGAGGAAAAG-3') and NL4 (5'-GGTCCGTGTTTCAAGACGG-3'). The reaction product was sequenced. Sequences were evaluated using the NCBI Blast database. The yeasts isolated from the grape samples belonged to the following species: *Aureobasidium pullulans*, *Metschnikowia pulcherrima*, *Hanseniaspora uvarum* and *Rhodotorula graminis*. Taking the dilution factors into account, we found the following yeast compositions: Kékfrankos (62.4% *A. pullulans*, 12.7% *M. pulcherrima*, 25.0% *H. uvarum*), Merlot (87.5% *A. pullulans*, 6.3% *M. pulcherrima*, 6.3% *H. uvarum*), Syrah (22.8% *A. pullulans*, 22.8% *M. pulcherrima*, 53.2% *H. uvarum*, 1.2% *R. graminis*), Cabernet Franc (58.8% *A. pullulans*, 24.7% *M. pulcherrima*, 16.5% *H. uvarum*), Italian Riesling (36.3% *A. pullulans*, 0.3% *M. pulcherrima*, 36.4% *H. uvarum*, 27.0% *R. graminis*), Chardonnay (13.3% *A. pullulans*, 12.5% *M. pulcherrima*, 49.1% *H. uvarum*, 0.2% *R. graminis*, 24.8% other), Cabernet Sauvignon (99.5% *A. pullulans*, 0.5% other).



Szőlőbogyóról izolált élesztőgombák antagonizmusának vizsgálata szőlőpatogén penészgombákra

BATÁNE VIDÁCS Ildikó^{1,2}, KOSZTIK Judit^{1,2}, KUKOLYA József¹ & GEML József^{1,2}

¹Eszterházy Károly Katolikus Egyetem, Élelmiszertudományi és Borászati Tudásközpont, Eger – Food and Wine Knowledge Center, Eszterházy Károly Catholic University, Eger, Hungary; vidacs.ildiko@uni-eszterhazy.hu

²Eszterházy Károly Katolikus Egyetem, HUN-REN-EKKE Lendület Környezeti Mikrobiom Kutatócsoport, Eger – HUN-REN-EKKE Lendület Environmental Microbiome Research Group, Eger, Hungary

A fonalas gombákkal szemben mutatott jelentős antagonista hatásuk miatt néhány élesztőgombát már sikerrel alkalmaznak az élelmiszeriparban. Munkánk során a biológiai védekezés lehetőségét vizsgáltuk szőlőpatogén gombákkal szemben antagonista hatást mutató élesztőgombák kutatásával. *Eutypa lata* T15/2; *Phomopsis* sp. 63C2; *Botryosphaeria dothidea* 15/5; *Botrytis cinerea* B07/38, B07/49, B07/54 és *Guignardia bidwellii* 23/1, 23/2, 23/3, 23/5 szőlőkártevő gombák esetében nagyobb mennyiségű oltóanyag előállításához a lemezen tenyésztés nem volt megfelelő, ezért a penészgombákkal beoltottunk 50 mL maláta táplevest 200 mL-es csavaros tetejű üvegekben. Az üvegek tetejét meglazítottuk, hogy a gombák növekedéséhez nélkülözhetetlen aerob körülményeket biztosítani tudjuk. A folyadéktenyészeteket három hétig szobahőmérsékleten inkubáltuk, amíg a tápleves felületét benőtték a gombafonalak és megindult a spórázás. A tenyészeteket Potter homogenizátor segítségével homogenizáltuk, a szuszpenziókat hűtőszekrényben tároltuk. Ezzel a módszerrel 10–20 mL 10⁹ propagulum/mL koncentrációjú oltóanyagot állítottunk elő. A tervezett antagonista vizsgálatokhoz a penészgombatorzsek növekedési képességét vizsgáltuk háromféle táptalajon (Maláta Agar, Potato Dextrose Agar és De Man–Rogosa–Sharpe agar) pontban oltás, lemez felületére szélesztés és lemezöntés módszerekkel. A legmegfelelőbbnek az agarba kevert oltóanyaggal történő lemezöntés bizonyult. Az Eszterházy Károly Katolikus Egyetem Kőlyuk-tetőn található közel 20 hektáros szőlészetéből származó szőlőbogyókból izolált 177 élesztőgomba törzssel végeztük el a kiválasztott négy szőlőpatogén penészgombával szembeni antagonizmus vizsgálatokat. A penészgomba oltóanyagból 1,5 mL mennyiséget 1,5 L PDA agarba keverve lemezt öntöttünk, majd a lemez négy oldalára, a Petri-csésze középpontjától és a szélétől egyenlő távolságra, az élesztőgomba-izolátumok 48 órás folyadéktenyészeiből 0,5 µL mennyiséget vittünk fel. A lemezeket szobahőmérsékleten 1–2 hétig inkubáltuk. *Eutypa lata* T15/2 penészgombával szemben egy hét után minimális gátló hatást mutatott 22 élesztőgomba-izolátum, azonban ez a minimális gátlás további egy hét inkubáció esetében minden izolátumnál eltűnt, a penészgomba felülnötte a telepeket. *Phomopsis* sp. 63C2 penészgomba mellett mindössze hat élesztőgomba izolátum volt képes telepet képezni, ezek közül négy törzs határozott gátlási zónával rendelkezett. *Botryosphaeria dothidea* 15/5 penészgombatorzssal szemben jelentős gátló hatást egyik élesztőgomba izolátumnál sem tapasztaltunk, 52 élesztőgomba esetében azonban megfigyelhető volt a telephatárnál minimális

gátlási zóna, amely a további egy hétig tartó inkubáció után sem tűnt el. *Botrytis cinerea* B07/49 penészgomba az első hét leteltével a vizsgált penészgombatörzzsel szemben minimális gátló hatást mutatott. Tizenhét élesztőgomba-izolátum esetében azonban további egy hét inkubáció után a penészgomba felül tudta nőni ezeket az élesztőgombákat is.

Investigation of the antagonism of yeasts isolated from grapes to grape pathogenic moulds

Due to their significant antagonistic effect against filamentous fungi, some yeasts are already successfully used in the food industry. In the course of our work, we investigated the possibility of biological control by researching yeasts showing an antagonistic effect against grape pathogenic moulds. *Eutypa lata* T15/2; *Phomopsis* sp. 63C2; *Botryosphaeria dothidea* 15/5; *Botrytis cinerea* B07/38, B07/49, B07/54; and *Guignardia bidwellii* 23/1, 23/2, 23/3, 23/5 grape pathogenic moulds were grown on Malt agar at room temperature. Cultivation on plates was not suitable for the production of larger amounts of inoculum, so we inoculated 50 ml of Malt Extract Broth in 200 mL screw-top bottles with the moulds. The tops of the bottles were loosened to ensure the aerobic conditions necessary for the growth of fungi. The liquid cultures were incubated at room temperature for 3 weeks until the surface of the broth was overgrown with fungal filaments and sporulation began. The cultures were homogenised using a Potter homogeniser, and the suspensions were stored in a refrigerator for further experiments. Using this method, 10–20 mL of inoculum with a concentration of 10^9 propagules/mL was produced. To conduct planned antagonistic studies, the growth ability of the mould strains was investigated on three types of media (Malt Agar, Potato Dextrose Agar, and De Man–Rogosa–Sharpe agar) using point inoculation, plate spreading, and plate pouring methods. Plating with inoculum mixed with agar proved to be the most suitable. Antagonism tests against four selected grape pathogenic moulds were performed with 177 yeast strains isolated from grapes from the 20-hectare vineyard of Eszterházy Károly Catholic University in Kőlyuk-tető. Mixing 1.5 mL of the mould inoculum into 1.5 L of PDA agar, plates were poured, and then 0.5 μ L of the 48-hour liquid cultures of the yeast isolates was applied to the four sides of the plate, at equal distances from the centre and the edge of the petri dish. The plates were incubated at room temperature for 1–2 weeks. After one week, 22 yeast isolates showed a minimal inhibitory effect against the mould *Eutypa lata* T15/2, however, this minimal inhibition disappeared in the case of another week of incubation for all isolates, the mould outgrew all colonies. Co-culturing with *Phomopsis* sp. 63C2, only six yeast isolates were able to form colonies, of which four strains had a definite inhibition zone. No significant inhibitory effect against the mould strain *Botryosphaeria dothidea* 15/5 was observed in any of the yeast isolates, however, in the case of 52 yeasts, a minimal zone of inhibition was observed at the colony border, which did not disappear even after another week of incubation. Against *Botrytis cinerea* B07/49, at the end of the first week, 17 yeast isolates showed a minimal inhibitory effect, however, after another week of incubation, the mould was able to outgrow even these yeasts.



A *Schizosaccharomyces japonicus* képes a *Fusarium graminearum* gátlására és olyan enzimek termelésére, amelyek részt vehetnek a mikotoxinok elleni toleranciában és a biológiai detoxifikációban

BATTA Gyula¹, PAPP László Attila¹, ÁCS-SZABÓ Lajos¹, ADÁCSI Cintia², PUSZTAHELYI Tünde², PÓCSI István³ & MIKLÓS Ida¹

¹Debreceni Egyetem, Természettudományi és Technológiai Kar, Biotechnológiai Intézet, Genetikai és Alkalmazott Mikrobiológia Tanszék, Debrecen – Department of Genetics and Applied Microbiology, University of Debrecen, Debrecen, Hungary; batta.gyula.ijf@science.unideb.hu

²Debreceni Egyetem, Mezőgazdaság-, Élelmiszertudományi és Környezetgazdálkodási Kar, Agrárműszerközpont, Debrecen – Agricultural Laboratory Center, Faculty of Agricultural and Food Sciences and Environmental Management, University of Debrecen, Debrecen, Hungary

³Debreceni Egyetem, Természettudományi és Technológiai Kar, Biotechnológiai Intézet, Molekuláris Biotechnológiai és Mikrobiológiai Tanszék, Debrecen – Department of Molecular Biotechnology and Microbiology, Institute of Biotechnology, Faculty of Science and Technology, University of Debrecen, Debrecen, Hungary

A *Fusarium* fajok nagy gazdasági jelentőségűek, továbbá nagy élelmiszerbiztonsági kockázatot jelentenek, ezért növekedésük kontrollja vagy a veszélyes mikotoxinjaik módosítása vagy lebontása kiemelkedő fontosságú. Ebben a tanulmányban *in silico* megközelítést alkalmaztunk annak érdekében, hogy olyan élesztőfajokat találjunk, amelyek alkalmasak lehetnek a *Fusarium*-ok ellen. Felderítettük, hogy számos élesztőfajnak lehetnek *trichotecén-3-O-acetiltransferáz* homológ génjei, köztük a *Schizosaccharomyces japonicus*-nak is, amelynek a genomjában hét kópiában található egy olyan gén, ami feltételezhetően ilyen enzimet kódol. Ezek a gének valószínűleg működőképesek, mert néhányukat a dezoxinivalenol indukálja. Így ezt a fajt tovább vizsgáltuk. *Schizosaccharomyces japonicus*-*Fusarium graminearum* együttes tenyészeteket készítettünk, és az élesztősejtek génexpressziós profiljában bekövetkezett változásokat RNS-szekvenálással vizsgáltuk. Számos, transzporthoz és membránhoz kapcsolódó gén, továbbá olyan gének esetében, melyek feltehetően oxidoreduktázokat, transzferázokat vagy hidrolázokat kódolnak, változott meg az mRNS-szint az együttes tenyésztést követően. Ezek a gének mikotoxin toleranciában és biológiai méregtelenítési folyamatokban játszhatnak szerepet. Bár ezen géntermékek pontos aktivitásának és szerepének az igazolása további vizsgálatokat igényel, adataink hozzájárulhatnak a *S. japonicus* mikotoxin-toleranciájának jobb megértéséhez.

A 2019-2.1.13-TÉT_IN-2020-00056 számú projekt a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Alap támogatásával, a 2019-2.1.13-TÉT_IN támogatási konstrukció finanszírozásában valósult meg.

***Schizosaccharomyces japonicus* can inhibit the growth of *Fusarium graminearum* and produce proteins that may be involved in mycotoxin tolerance and biological detoxification**

Fusarium species have high economic importance and represent significant risks to food chain safety therefore, the control of their growths and modification and/or

degradation of their harmful mycotoxins are of paramount importance. In this study, we used an *in silico* approach to find potential antagonistic yeast species against the Fusaria. We revealed that several yeast species have putative *trichothecene-3-O-acetyltransferase* homologous genes, including *Schizosaccharomyces japonicus*, whose genome harbours seven copies of a gene putatively coding for such enzyme. These genes are probably functional because some of them can be induced by deoxynivalenol. Thus, this species was further investigated. We prepared *S. japonicus-Fusarium graminearum* co-cultures and the changes in the gene expression profile of the yeast cells were screened by RNA sequencing. Several transport and membrane-associated genes, and genes putatively encoding oxidoreductases, transferases, or hydrolases had altered mRNA levels after co-culturing. These genes may be involved in mycotoxin tolerance and biological detoxification processes. Although the validation of their exact activities and functions of the gene products requires further studies, our data may contribute to a better understanding of the mycotoxin tolerance of *S. japonicus*.

The project, no. 2019-2.1.13-TÉT_IN-2020-00056 has been implemented with the support provided by the National Research, Development and Innovation Fund of Hungary, financed under the 2019-2.1.13-TÉT_IN funding scheme.



Élesztőgomba–fuzárium együttes tenyészetek vizsgálata

BATTA Gyula¹, PAPP László Attila¹, ÁCS-SZABÓ Lajos¹, ADÁCSI Cintia², PUSZTAHELYI Tünde², PÓCSI István³ & MIKLÓS Ida¹

¹Debreceni Egyetem, Természettudományi és Technológiai Kar, Biotechnológiai Intézet, Genetikai és Alkalmazott Mikrobiológia Tanszék, Debrecen – Department of Genetics and Applied Microbiology, University of Debrecen, Debrecen, Hungary; batta.gyula.iff@science.unideb.hu

²Debreceni Egyetem, Mezőgazdaság-, Élelmiszertudományi és Környezetgazdálkodási Kar, Agrárműszerközpont, Debrecen – Agricultural Laboratory Center, Faculty of Agricultural and Food Sciences and Environmental Management, University of Debrecen, Debrecen, Hungary

³Debreceni Egyetem, Természettudományi és Technológiai Kar, Biotechnológiai Intézet, Molekuláris Biotechnológiai és Mikrobiológiai Tanszék, Debrecen – Department of Molecular Biotechnology and Microbiology, Institute of Biotechnology, Faculty of Science and Technology, University of Debrecen, Debrecen, Hungary

A növénypatogén *Fusarium* fajok komoly gazdasági veszteségeket okoznak szerte a világon. Ráadásul az általuk termelt mikotoxinok igen ellenállóak és könnyen bejuthatnak az élelmiszerláncba. Ebben az esetben veszélyt jelentenek mind a háziállatokra, mind az emberekre. Ráadásul a napjainkban tapasztalt éghajlatváltozás sokszor kedvez e káros gombák szaporodásának. Ezért a *Fusarium* fajok visszaszorítása, a mikotoxin termelésük gátlása vagy mikotoxinjaik átalakítása kevésbé mérgező vegyületekké napjainkban igen fontos feladat. Az ezen penészgombák elleni védekezés egyik alternatív formája lehet, hogy mikroorganizmusokat, pl. élesztőgombákat használunk e feladatokra. Ehhez azonban meg kell ismernünk azokat a folyamatokat, amelyek hozzájárulnak a két faj együttéléséhez, továbbá az élesztősejtek túléléséhez a *Fusarium* mikotoxinok jelenlétében. Munkánk elsődleges célja az volt, hogy olyan élesztőgombákat találjunk, amelyek alkalmasak lehetnek a *Fusarium* fajok elleni védekezésre. Ehhez először áttekintettük a rendelkezésre álló adatbázisokat és azonosítottuk azokat az élesztőgombafajokat, amelyek genomja nagy számban tartalmaz detoxifikációban szerepet játszó géneket. Mivel a *Schizosaccharomyces pombe* genomja tartalmazta a legtöbb ilyen gént, és mivel ezen élesztő mikotoxinokkal szembeni ellenálló képességéről és antagonisták kapacitásáról eddig nem voltak adatok, ezért ezt a fajt választottuk ki további vizsgálatokra. Annak érdekében, hogy megtudjuk, vajon képes-e ezen élesztő a *Fusarium verticilloides* kukoricapatogén gomba gátlására, antagonisták tesztet végeztünk. A molekuláris mechanizmusok jobb megértése érdekében teszteltük az élesztő sejtek szaporodását *Fusarium* mikotoxinok jelenlétében, továbbá feltérképeztük az élesztősejtek transzkriptom változásait fumonizin expozíciókat követően, illetve *F. verticilloides*-szel történő együttes tenyésztés alatt. A globális génexpresszió változásokat szintén meghatároztuk olyan *F. verticilloides* sejtekben is, melyeket élesztősejtekkel tenyésztettünk együtt. Eredményeink azt mutatták, hogy bár az *S. pombe* nem tudta gátolni a megvizsgált körülmények között az *F. verticilloides* növekedését, elég jól tolerálta a *Fusarium* mikotoxinok jelenlétét, és gyors válaszreakciót adott már egyórás fumonizin kezelésre is, mivel számos gén expressziója megváltozott. A megváltozott

mRNS-szinttel jellemzett gének száma jelentősen növekedett a többnapos együtt-tenyésztést követően. A legtöbb indukált vagy represszált gén membrán- és transzportfolyamatokkal volt kapcsolatos, vagy hidrolázokat, oxidoreduktázokat, illetve transzferázokat kódolt. A *F. verticilloides*-ben is számos transzkripció változás történt az élesztőgomba jelenlétében, többek között két fumonizin bioszintézis FUM gén és ezek egyik regulátor génjének az expressziója csökkent a kontroll tenyészethez képest.

A 2019-2.1.13-TÉT_IN-2020-00056 számú projekt a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Alap támogatásával, a 2019-2.1.13-TÉT_IN támogatási konstrukció finanszírozásában valósult meg.

Examination of yeast-*Fusarium* co-cultures

The plant pathogenic *Fusarium* species can cause great economic losses all over the world. The mycotoxins they produce are very resistant and can easily enter the food chain causing various diseases both in household animals and humans. In addition, the climate change observable today often facilitates the growth of these harmful fungi. Therefore, suppressing the growth of *Fusarium* species, inhibiting their mycotoxin production, or converting their mycotoxins to less toxic compounds is a very important task. One alternative form of protection against these moulds can be the use of antagonistic microorganisms, such as yeasts. To reach this goal, we need to understand the processes that contribute to the coexistence of the two species, and the survival of the yeast cells in the presence of the *Fusarium* mycotoxins. Our primary aim was to find yeasts that could be suitable to control *Fusarium* species. We mined the available databases and identified those yeast species whose genomes contain a large number of detoxification genes. Since the genome of *Schizosaccharomyces pombe* contained the most genes, and because its resistance to mycotoxins and its antagonistic capacity were not known, we chose this fission yeast for further investigations. Antagonistic tests were performed to determine whether or not this yeast could inhibit the growth of the maize pathogenic fungus *Fusarium verticilloides*. To better understand the molecular mechanisms, we also tested the growth of the yeast cells in the presence of *Fusarium* mycotoxins and mapped transcriptomic changes in the yeast cells after fumonisin exposures as well as under co-cultivation with *F. verticilloides*. The global gene expression changes were also recorded in *F. verticilloides* cells, co-cultivated with yeast cells.

Our results demonstrated that although *S. pombe* could not inhibit the growth of *F. verticilloides* under the tested conditions, fission yeast tolerated *Fusarium* mycotoxins quite well and responded quickly even to one-hour fumonisin treatment because the expression of many genes was altered. The number of yeast genes characterised by altered mRNA levels increased significantly after several days of co-culturing. Most induced or repressed genes were related to membrane- and transport processes or encoded hydrolases, oxidoreductases, and transferases. A large number of transcriptional changes also took place in *F. verticilloides* in the presence of the yeast cells, among which the expression of two fumonisin biosynthetic FUM genes and that of one of their regulators decreased in comparison to the control culture.

The project, no. 2019-2.1.13-TÉT_IN-2020-00056 has been implemented with the support provided by the National Research, Development and Innovation Fund of Hungary, financed under the 2019-2.1.13-TÉT_IN funding scheme.



Egy módszer kidolgozása korai stádiumú *Candida albicans* fonalas sejtek izolálására folyékony kultúrából egy antifungális fehérje (NFAP2) hatásának vizsgálatához

BENDE Gábor¹, MERBER Richárd¹, KAZINCZI Erika¹, PAPP Rebeka¹, VÁRADI Györgyi², TÓTH Gábor K.² & GALGÓCZY László¹

¹Szegedi Tudományegyetem, Természettudományi és Informatikai Kar, Biotechnológiai Tanszék, Szeged – Department of Biotechnology, Faculty of Science and Informatics, University of Szeged, 6726 Szeged, Hungary; bendeg@sol.cc.u-szeged.hu

²Szegedi Tudományegyetem, Szent-Györgyi Albert Orvostudományi Kar, Orvosi Vegytani Intézet, Szeged, – Department of Medical Chemistry, Albert Szent-Györgyi Medical School, University of Szeged, Szeged, Hungary

A *Candida albicans* a legelterjedtebb opportunista humán kórokozó gombafaj világszerte, amely számos különböző fertőzés kialakításáért felelős. A *C. albicans* különféle környezeti ingerek és stressz hatására képes a planktonikus (élesztő), pseudohifális és hifális (fonalas) sejtformák közötti morfológiai átalakulásra. A fonalas sejtformológia kiemelkedő szerepet játszik számos biológiai folyamatban, például az invazív fertőzés kialakításában, biofilmképzésben és az immunrendszer hatásaival szembeni védelemben. A biofilm egy háromdimenziós struktúra, amely extracelluláris mátrixba ágyazódott különböző formájú (planktonikus, pseudohifa, hifa) *Candida* sejtekből áll elsősorban nyálkahártyával borított felszíneken. A biofilmek belsejében elhelyezkedő sejtek sokkal ellenállóbbak külső behatásokkal szemben a planktonikus sejtekhez képest a biofilm fizikai védelmező hatásának köszönhetően, ideértve a gazda immunreakcióját és az antifungális szereket. Ezekből kifolyólag a *Candida* biofilmek elleni küzdelem rendkívül nagy kihívást jelent a klinikai gyakorlatban. Kutatócsoportunk korábban már leírta, hogy a *Neosartorya fischeri* (\equiv *Aspergillus fischeri*) NRRL 181 törzs által termelt kis molekulatömegű, ciszteinben gazdag, kationos *N. fischeri* antifungális protein 2 (NFAP2) képes a *Candida albicans* által képzett antifungális szerekekkel szemben rezisztenciát mutató biofilmet megszüntetni és a fonalasadást megakadályozni.

Jelen munkánk az NFAP2 biofilmképzést gátló mechanizmusának vizsgálatára összpontosít *C. albicans*-ban, amelyhez korai stádiumú fonalas *C. albicans* sejtek izolálása elengedhetetlenül szükséges. Ezért módszereket dolgoztunk ki: (i) planktonikus *C. albicans* sejtek folyékony tápközegben történő fonalásítására CO₂ alkalmazása nélkül; (ii) korai stádiumú fonalas *C. albicans* sejtek izolálására heterogén, fonalasadás alatt lévő folyadékkultúrából; (iii) korai stádiumú fonalas *C. albicans* sejtek planktonikus formába történő visszaalakulásának időintervallum vizsgálatára nem fonalásító körülmények között; (iv) az NFAP2 minimális gátló koncentrációjának meghatározására korai stádiumú fonalas *C. albicans* sejtekkel szemben; (v) BODIPY fluoreszcens festékkel jelölt NFAP2 lokalizációjának vizsgálatára korai stádiumú fonalas *C. albicans* sejtekben. A kidolgozott módszerek elősegítik az NFAP2 molekuláris célpontjainak azonosítását fonalas *C. albicans* sejtekben és az NFAP2 hatására

bekövetkező transzkriptomikai változások vizsgálatát. Mindezekből következtetni lehet majd az NFAP2 biofilmellenes hatására.

A munka a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Hivatal – NKFIH, K 146131 pályázat támogatásával készült.

Development of a protocol for isolating early-stage filamentous *Candida albicans* cells from liquid culture to investigate the effect of an antifungal protein (NFAP2)

Candida albicans is the most common human opportunistic fungal pathogen responsible for a wide range of infections. *C. albicans* exhibits morphological transitions between yeast, pseudohyphal, and hyphal forms in response to various stimuli and stress. The morphological switch between unicellular yeast and multicellular filamentous hyphal growth forms plays a crucial role in numerous biological processes, including the ability to invade host tissues, form biofilms, and evade the immune system, thus it contributes to pathogenicity and infection progression. Biofilm is a three-dimensional structure formed on mucous surfaces comprising different *Candida* cell types (yeast, pseudohypha, hypha), covered by extracellular matrix. *Candida* cells inside biofilms exhibit reduced susceptibility to external factors, including host immune defence mechanisms and antifungal drugs compared to planktonic cells due to the protective effect of the biofilm. Consequently, eliminating drug-resistant *Candida* biofilms is a formidable challenge in clinical practice. Previously we demonstrated that the small molecular weight, cysteine-rich, and cationic *Neosartorya fischeri* (\equiv *Aspergillus fischeri*) antifungal protein 2 (NFAP2) secreted by *N. fischeri* NRRL 181 is a promising anti-*Candida* biomolecule which is able to eradicate drug-resistant *C. albicans* biofilms and inhibit the filamentation process. Our present project focuses on the investigation of the biofilm inhibitory mechanism of NFAP2 in *C. albicans*, which requires isolation of individual early-stage filamentous *C. albicans* cells.

Here, we present protocols for (i) inducing filamentation in planktonic *C. albicans* cells in liquid culture without applying CO₂; (ii) isolating early-stage *C. albicans* filamentous cells from highly heterogeneous liquid culture undergoing filamentation; (iii) investigation of the time frame for early-stage filamentous *C. albicans* cells to revert to planktonic form under non-filamenting inducing conditions; (iv) determining the minimum inhibitory concentration of NFAP2 against isolated early-stage filamentous cells; (v) inspection of the localization of NFAP2 in them using a BODIPY fluorescent dye-labelled NFAP2. The developed protocols facilitate the identification of molecular targets of NFAP2 in filamentous *C. albicans* cells, and the investigation of the transcriptomic changes under NFAP2 pressure. These allow deduction regarding the anti-biofilm mechanism of NFAP2.

The present work of László Galgóczy was financed by the Hungarian National Research, Development and Innovation Office – NKFIH, K 146131 project.



Szőlőlevél mikrobiomjának taxonómiai és funkcionális felderítése Észak-Magyarországon

BIRÓ-KOVÁCS Ramóna^{1,2,3}, GEML József^{1,2}, MOTA LEAL Carla¹, GEIGER Adrienn^{1,2}, MOLNÁR Anna^{1,2}, KGOBE Glodia¹ & ZSÓFI Zsolt⁴

¹Eszterházy Károly Katolikus Egyetem, HUN-REN-EKKE Lendület Környezeti Mikrobiom Kutatócsoport, Eger – HUN-REN-EKKE Lendület Environmental Microbiome Research Group, Eszterházy Károly Catholic University, Eger, Hungary; biro-kovacs.ramona@uni-eszterhazy.hu

²Eszterházy Károly Katolikus Egyetem, Kutatási és Fejlesztési Központ, Eger – Centre for Research and Development, Eszterházy Károly Catholic University, Eger, Hungary

³Pázmány Péter Katolikus Egyetem, Roska Tamás Műszaki Tudományok Doktori Iskolája, Budapest – Roska Tamás Doctoral School of Sciences and Technology, Pázmány Péter Catholic University, Budapest, Hungary

⁴Eszterházy Károly Katolikus Egyetem, Szőlészeti és Borászati Intézet, Eger – Institute for Viticulture and Enology, Eszterházy Károly Catholic University, Eger, Hungary

A gombák minden növényben és növényi részen előfordulnak, és kulcsszerepet játszanak a tápanyagszerzésben, valamint a növények biotikus és abiotikus stresszel szembeni ellenálló képességében. A növényi mikrobiom a gazdaszervezettel való kölcsönhatásán keresztül fontos szerepet játszik a növények egészségében, valamint a termés minőségében és mennyiségében. E tanulmány célja, hogy áttekintést adjon az észak-magyarországi Egri borvidéken a szőlő alapvető mikrobiomját alkotó gombák taxonómiai és funkcionális csoportjairól. Több szőlőfajtából, köztük a Bianca, Furmint, Leányka, Kadarka és Syrah szőlőfajták leveléből vettünk mintát, és ITS2 rDNS meta-bárbáráddal elemeztük a levelekben található gombaközösségeket. A DNS-szekvenciákat a dada2 R segítségével vágtuk le, minőségszűrést végeztünk, és egyedi szekvenciatípusokká állítottuk össze. A szekvenciatípusokat taxonómiai szempontból az UNITE referenciaadatbázissal való páronkénti hasonlósági kereséssel azonosítottuk a USEARCH segítségével. A szekvenciatípusokat ezután a FungalTraits referenciaadatbázis alapján funkcionális csoportokhoz rendeltük. Miután kizártuk a csak egy adott kultúrában előforduló gombafajokat, csak azokat a gombákat tartottuk meg, amelyek az összes mintavételezett területen és a mintavételezett kultúrák többségében jelen voltak. A kb. 3000–3500 feltételezett gombafajcsoportból, amelyeket területenként észleltünk, kb. 1700 (nagyjából 50%) volt közös az összes mintavételezett területen, és ezáltal úgy tekintettük, hogy hozzájárulnak a szőlőlevél-mikrobiom magjához. Megállapítottuk, hogy a szőlőlevél-gombaközösséget változatos növényi kórokozók (339 faj), generalista szaprotrófok (248 faj), fát bontó (236 faj) és avarbontó (173 faj) gombák uralják, amelyeket állati parazita (36 faj) és mikoparazita (27 faj) gombák követnek. A legtöbb fajt tartalmazó rendszertani rendek a *Pleosporales* (250 faj), *Agaricales* (107 faj), *Hypocreales* (103 faj), *Xylariales* (68 faj), *Helotiales* (67 faj), *Polyporales* (48 faj) és *Tremellales* (46 faj) voltak. Az *Agaricales* nagy diverzitása a szőlőlevelekben némileg meglepő, bár számos, túlnyomórészt szaprotróf taxont, például a *Coprinopsis* nemzetség képviselőit többször találták endofitonként mérsékelt égövi és trópusi növényekben.

Eredményeink azt sugallják, hogy a szőlőlevél mikrobiomját sokféle gomba alkotja, amely a mintavételezett termőhelyen több fajtát is felölel. Jövőbeni tanulmányainkban a szőlőlevél-mikrobiom és a szőlő fiziológiája közötti lehetséges kapcsolatokat vizsgáljuk.

Taxonomic and functional profiling of the grapevine leaf core mycobiome in northern Hungary

Fungi are prevalent in all plants and plant parts, playing pivotal roles in nutrient acquisition and plant resistance to biotic and abiotic stresses. The plant mycobiome, through its interactions with the host plays important roles in plant health and in the quality and quantity of crops. The purpose of this study was to give an overview of the taxonomic and functional groups of fungi that make up the core grapevine mycobiome in the Eger wine region in northern Hungary. We sampled leaves of several grapevine cultivars, including Bianca, Furmint, Leányka, Kadarka, and Syrah and analysed leaf fungal communities using ITS2 rDNA metabarcoding. DNA sequences were trimmed, quality filtered, and assembled into unique sequence types using the dada2 R package. Sequence types were identified taxonomically by pairwise similarity searches against the UNITE reference database, using USEARCH. Sequence types were then assigned to functional groups based on the FungalTraits reference database. After excluding fungal species only found in a specific cultivar or terroir, we only kept fungi that were present in all sampled terroirs and in the majority of sampled cultivars. Out of the ca. 3000–3500 fungal species hypotheses groups detected per terroir, ca. 1700 (roughly 50%) were shared among all sampled terroirs and were, thus, considered as contributing to the core grapevine leaf mycobiome. We found that the grapevine leaf fungal community is dominated by a diverse set of plant pathogens (339 spp.), generalist saprotrophs (248 spp.), wood decomposers (236 spp.), and litter decomposers (173 spp.) fungi, followed by animal parasitic (36 spp.) and mycoparasitic (27 spp.) fungi. Taxonomic orders with the highest number of species were *Pleosporales* (250 spp.), *Agaricales* (107 spp.), *Hypocreales* (103 spp.), *Xylariales* (68 spp.), *Helotiales* (67 spp.), *Polyporales* (48 spp.), and *Tremellales* (46 spp.). The high diversity of *Agaricales* in grapevine leaves is somewhat surprising, although several predominantly saprotrophic agarics, such as representatives of the genus *Coprinopsis* have been repeatedly found as endophytes in temperate and tropical plants. Our findings suggest that a diverse set of fungi make up the grapevine leaf mycobiome, spanning several cultivars at the sampled terroir. Our future studies will investigate possible relationships between grapevine leaf mycobiome and grapevine physiology.



A szürke tölcsérgomba (*Clitocybe nebularis*) kivonatának *in vitro* tumor-ellenes hatásai

BODÓ Enikő, CZIÁKY Zoltán & ANTAL Tamás

Nyíregyházi Egyetem, Agrár és Molekuláris Kutató- és Szolgáltató Csoport, Nyíregyháza – Agricultural and Molecular Research and Service Group, University of Nyíregyháza, Nyíregyháza, Hungary; bodo3niko@gmail.com

Napjainkban számos ehető nagygombafajról írnak le pozitív élettani vagy sejtlejtani hatásokat. A szürke tölcsérgomba (*Clitocybe nebularis*) is a kutatások fókuszában áll többek között a biológiai aktivitása és lektinjeinek terápiás potenciálja miatt.

Jelen tanulmányunk célja a szürke tölcsérgombából készült kivonat analitikai kémiai elemzése és sejtlejtani hatásainak feltárása volt egy melanóma-sejtvonalon *in vitro*. A termőtestekből etanolos kivonatot készítettünk, majd a kivonatban HPLC-MS segítségével screeninget végeztünk a gomba szekunder metabolitjainak meghatározására. Az A375 melanoma sejteket kezeltük a gombakivonat különböző koncentrációival és vizsgáltuk a sejtek életképességét. A kivonat dóziszfüggően, szignifikánsan csökkentette a tumoros sejtek életképességét, apoptózist indukálva. Megvizsgáltuk, hogy milyen hatással van a kivonat a sejtek teljes antioxidáns-kapacitására és csökkent teljes antioxidáns szintet tapasztaltunk. Végül vizsgáltuk a gombakivonat sejtmigrációra kifejtett hatását is. Ezek az eredmények további betekintést adnak a gomba pozitív sejtlejtani hatásaiba a bőr tumoros sejtlejtinek vonatkozásában.

***In vitro* anti-tumour effects of *Clitocybe nebularis* extract**

Recently there is an increasing interest in edible mushrooms with positive physiological, cell biological effects. The clouded funnel cap mushroom is also in the focus of the research due to its biological activity and the therapeutic potential of its lectins.

The aim of our present study was to analyse the extract of *Clitocybe nebularis* and to explore of its cell biological effects on a melanoma cell line *in vitro*.

Extract from the fruiting bodies was prepared and a screening was performed using HPLC-MS to determine the secondary metabolites of the mushroom. A375 melanoma cells were treated with different concentrations of the mushroom extract and the viability of tumour cells was investigated. The extract significantly reduced the viability of tumour cells in a dose-dependent manner by inducing apoptosis. We investigated the effect of the extract on the total antioxidant capacity of the cells and found a reduced total antioxidant level. Finally, we also examined the effect of the mushroom extract on cell migration. These results provide further insight into the positive cell physiological effects of *C. nebularis* in relation to skin tumour cells *in vitro*.



Venturia inaequalis izolátumok fungicidekkel szembeni érzékenysége

BOGAJ Verelindé¹, PUSKÁS Péter², VÉGH Anita³ & PAPP Dávid¹

¹Magyar Agrár és -Élettudományi Egyetem, Kertészettudományi Intézet, Gyümölcsstermesztési Tanszék, Budapest – Department of Fruit Growing, Institute of Horticulture, Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Budapest, Hungary; verelindebogaj@gmail.com

²Kynetec Hungary Kft. – Kynetec Hungary Ltd.

³Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Növényvédelmi Intézet, Növénykórtani Tanszék, Budapest – Department of Plant Pathology, Institute of Plant Protection, Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Budapest, Hungary

Az alma a mérsékelt égöv legszélesebb körben termesztett gyümölcse. A hűvös, nedves éghajlatú területeken hatalmas veszteségeket okoz a termesztőknek a *Venturia inaequalis* hemibiotróf, aszkuszos gomba által okozott varasodás. A kórokozó elleni védekezés során, a leggyakrabban alkalmazott kémiai növényvédelmi gyakorlat nagymértékű fungicid kijuttatásával jár, ami gyakran a gombaölő szerekre rezisztens kórokozó populációk kialakulásához vezet. Emiatt a kezelések számának növelése szükséges, mely tovább emeli a termesztés költségeit és káros környezeti hatásait.

A különböző gombaölő szerekkel szemben rezisztens patogén populációk elterjedésének feltérképezése kulcsfontosságú a növényvédelmi gyakorlat fejlesztése szempontjából, az adatok a kutatásba bevont termesztők számára akár közvetlenül is hasznosíthatóak lehetnek. A MATE Gyümölcsstermesztési Tanszékén megkezdtünk egy kutatási projektet, melynek első lépéseként számos helyszínről fogunk ventúriás mintákat gyűjteni egy monospóraizolátum-gyűjtemény felállítására céljából. Igyekszünk aktív együttműködést kialakítani a gazdálkodókkal, hálózatot építve a kutatás teljes időtartamára. A kutatás számos gyümölcsös bevonásával zajlik jelenleg Koszovón belül (Gjilan, Istog, Junik, Malisheve, Prishtine és) és hazánkban (Bács-Kiskun, Borsod-Abaúj-Zemplén és Szabolcs-Szatmár-Bereg vármegyék). Folyamatban van a különböző gombaölő szerek hatékonyságának vizsgálatát szolgáló protokollok kidolgozása. Pilot kísérletek keretében már teszteltük a difenokonazol hatóanyag különböző koncentrációinak gátlási hatását a PDA-táptalajon fenntartott gombamicélium-tenyészetek növekedésére vonatkozólag. A gazdálkodókkal folytatott interjúk segítségével értékes betekintést kaphatunk az általuk használt fungicides kezelésekről, valamint folyamatban van a különböző ültetvények meteorológiai adatainak begyűjtése. Több éven keresztül tervezünk mintát gyűjteni, hogy a helyi rezisztens *Venturia inaequalis* populációk időjárásváltozásra vagy technológiai változtatásokra adott válaszát, azok populációdinamikáját nyomon követhessük (pl. ökológiai gazdálkodási gyakorlatra való átállás). A monospóragomba-izolátumgyűjtemény létrehozásával és hosszú távú fenntartásával, a munka reményeink szerint további kutatási irányok alapjául szolgálhat majd, olyan célkitűzésekkel, mint pl. alternatív hatóanyagok, illóolajok tesztelése, vagy a gombaölő szerekkel szembeni rezisztencia genetikai hátterének felderítése.

Sensitivity of *Venturia inaequalis* isolates to fungicides

Apple is the most widely grown fruit in the temperate zone. In cool, humid climates, growers suffer huge losses due to the scab caused by the hemibiotrophic ascomycete fungus *Venturia inaequalis*. In pathogen control, the most commonly used chemical pest management practice involves the application of high levels of fungicides, often leading to the development of fungicide-resistant pathogen populations. This increases the number of treatments, which further increases the cost of cultivation and its harmful environmental impacts.

Mapping the distribution of resistant pathogen populations towards various fungicides is a key to crop protection develop management practices but can also offer directly usable evidence for growers involved to the study. At the Department of Fruit Growing in MATE, we are conducting a study in which, as a first step, we aim to establish a monosporic isolate collection from several locations. We actively engage with farmers to establish a network for the entire research duration. The study encompasses 20 orchards, currently including various locations within Kosovo (Gjilan Istog, Junik, Malisheve and Prishtine) and Hungary (Bács-Kiskun, Borsod-Abaúj-Zemplén, Szabolcs-Szatmár-Bereg counties). Protocols for testing the efficacy of different fungicides are being developed. Pilot experiments have already been conducted to test the inhibitory effect of different concentrations of the active ingredient difenoconazole on the growth of fungal mycelial cultures on PDA media. Through interviews with farmers, we aim to gather valuable insights into their fungicide application strategies, as well as meteorological data is being obtained. Sampling will possibly be done for consecutive years to follow the population dynamics of local resistant *Venturia inaequalis* strains in response to any change in growing technology, or to changing weather (e.g., changing to ecological farming practices). As the collection of monosporic fungal isolates will be prepared for long-term storage, we hope that our work will also give opportunity to conduct further research on connected fields: e.g., testing alternative protective agents such as essential oils or describing the genetic background of fungicide resistance.



Gyöngyvesszőfajt (*Spiraea* sp.) fertőző *Podosphaera minor* első azonosítása Európában

BOROSTYÁN Katalin, SERESS Diána & NÉMETH Z. Márk

HUN-REN Agrártudományi Kutatóközpont, Növényvédelmi Intézet, Budapest – Plant Protection Institute, HUN-REN Centre for Agricultural Research, Budapest, Hungary; borostyan.katalin@atk.hun-ren.hu

A virágos növények közé tartozó *Spiraea* nemzetség főként az északi féltekén elterjedt. Számos fajt ültetnek díszcserjeként világszerte. A lizstharमत a *Spiraea* gyakran előforduló betegsége. A betegséget a lizstharमतgombák (*Erysiphaceae*) több faja is okozhatja. 2022-ben és 2023-ban lizstharमतtüneteket figyeltünk meg Budapesten, *Spiraea* növényeken. Munkánk célja volt, hogy azonosítsuk a kórokozó gombát. Három minta felhasználásával végeztünk morfológiai elemzést, illetve DNS-t izoláltunk, majd a kapott DNS-mintákból a riboszomális DNS internal transcribed spacer (ITS) régióját amplifikáltuk és szekvenáltattuk. A konídiumtartókon konídiumláncokat figyeltünk meg, melyekben a *Podosphaera* fajokra jellemző fibrozintesteket találtunk. A mikroszkópos vizsgálatok során teleomorf alakot nem találtunk. A kapott ITS-szekvenciák teljesen azonosak voltak két, Argentínából és Iránból származó, *Podosphaera minor*-ként megjelölt minta ITS-szekvenciájával. Ezek és az újonnan meghatározott szekvenciák további, kínai és japán, szintén *P. minor*-ként megjelölt mintákkal egy kládot alkottak. Eredményeink alapján a *Spiraea*-n lévő lizstharमतgombát *P. minor*-ként azonosítottuk. Ez a gomba eddig csak Amerikából és Ázsiából volt ismert. Kutatásunk során az is kiderült, hogy a gombát már Olaszországban is megfigyelték, azonban fajszintű azonosításra nem került sor. Munkánk során tehát először azonosítottuk a *P. minor* gombát Európából.

***Podosphaera minor*, a powdery mildew fungus affecting *Spiraea* species, identified for the first time in Europe**

Spiraea is a genus of flowering plants predominantly found in the Northern Hemisphere, with several species widely cultivated as ornamental shrubs worldwide. Powdery mildew, a common disease of *Spiraea*, can be caused by several species of powdery mildew fungi (*Erysiphaceae*). We observed powdery mildew symptoms on *Spiraea* plants in Budapest, Hungary, during the 2022 and 2023 growing seasons, and aimed to identify the causal agent. We conducted morphological analysis and extracted DNA from three samples to amplify and sequence the internal transcribed spacer (ITS) region of the nuclear ribosomal DNA. Our observations revealed catenate conidial development and characteristic fibrosin bodies in the conidia, suggesting the powdery mildew was caused by a *Podosphaera* species. No teleomorph was detected. Comparisons of the ITS sequences with reference sequences showed complete identity to ITS sequences from two samples labelled as *Podosphaera minor*, collected in Argentina

and Iran. These sequences, along with our newly determined ones, clustered within a clade containing additional samples from China and Japan, also identified as *P. minor*. Therefore, the powdery mildew fungus on *Spiraea* was identified as *P. minor*. Previously, this fungus was known only from America and Asia. Our analysis also showed that it had been detected in Italy, although without species-level identification. Hence, our work is the first to identify *P. minor* in Europe.



Befolyásolja-e a szterigmatocisztin az *Aspergillus nidulans* szénstressz-válaszát?

EMRI Tamás^{1,2}, POVAZSANYECZ Brigitta¹, ANTAL Károly³ & PÓCSI István^{1,2}

¹Debreceni Egyetem, Molekuláris Biotechnológiai és Mikrobiológiai Tanszék, Debrecen – Department of Molecular Biotechnology and Microbiology, Institute of Biotechnology, Faculty of Science and Technology, University of Debrecen, Debrecen, Hungary; emri.tamas@science.unideb.hu

²HUN-REN-DE Gomba Stresszbiológiai Kutatócsoport, Debrecen – HUN-REN-UD Fungal Stress Biology Research Group, Debrecen, Hungary

³Eszterházy Károly Katolikus Egyetem, Állattani Tanszék, Eger – Department of Zoology, Eszterházy Károly Catholic University, Eger, Hungary

Az *Aspergillus nidulans* fonalas gomba genomja több mint 70 szekunder metabolit-génklasztert kódol. E klaszterek aktivitása nagymértékben és klaszterenként eltérő módon függ a tenyésztési körülményektől. Sok szekunder metabolit megjelenik az extracelluláris térben is, és sok szekretált metabolit (a sejtek közötti kommunikáció biztosításával) fontos szabályozó feladatokat lát el a gomba életében. Elképzelhető, hogy a gomba folyamatosan „figyeli” a szomszédos telepek által a tápközegbe bocsátott szekunder metabolitok jelenlétét, és ezen információt felhasználja annak érdekében, hogy hatékonyan tudjon alkalmazkodni a környezetében éppen lezajló változásokhoz. Vizsgálatainkban ezt a hipotézist teszteltük az *A. nidulans* legismertebb szekunder metabolitja, a szterigmatocisztin (ST) segítségével. Megvizsgáltuk, hogy a glükóz szénforráson növekedő, ST-t nem termelő tenyészetekben milyen transzkriptomikai és élettani változásokat okoz a tápközeghez adott ST. A ST kezelés 894 gén aktivitását szignifikánsan csökkentette, míg 514 gén aktivitását szignifikánsan megnövelte. Az alulszabályozott génekre a glikolízis, a citromsav-ciklus, az ergoszterin bioszintézis és az antioxidatív enzimeket kódoló gének dúsulása volt jellemző. Míg a ramnogalakturonán lebontásért felelős gének és az extracelluláris proteázgének a felülszabályozott gének csoportjában dúsultak fel. Szintén felülszabályozódott a ramnogalakturonán és a pentóz lebontásért felelős transzkripció faktorok (*rhaR*, *araR*) génje, valamint a szénstresszválaszt (proteázképződést) szabályozó XprG transzkripció faktor génje. A fenti transzkripció változásokat korábban a ST-t termelő, szénéhező és szénforrás limitált tenyészetekben is megfigyeltük. A ST-kezelést követően szénéhezésnek kitett tenyészetekben a konidiofórok hamarabb kezdtek differenciálódni, mint a nem előkezelt, kontroll tenyészetekben. A ST-előkezelés megváltoztatta néhány szénstresszválasz alatt aktiválódó gén transzkripcióját is: a konidiofórok képződésért felelős *brlA* transzkripciófaktor-gén aktivitása a négyórás szénforrás-éheztetést követően nagyobb, a *chiB* kitináz és az *xprG* transzkripciófaktor-gének aktivitása kisebb volt, mint a nem előkezelt tenyészeteké. A tenyészetek szénstresszválaszában (szárazanyagtartalom csökkenése, a fonalak fragmentálódása, extracelluláris γ -glutamiltranszferáz és β -glükózidáztermelés) szignifikáns különbségeket nem tapasztaltunk. Eredményeink

alapján a ST nem tekinthető klasszikus szignál molekulának. Jelenléte azonban befolyásolja a gombasejtek működését. A ST által okozott változások adaptív értékének tisztázásához azonban még további vizsgálatok szükségesek.

A kutatás finanszírozása az alábbi pályázatok segítségével valósult meg: NKFIH K131767, TKP2021-EGA-20, HUN-REN Magyar Kutatási Hálózat.

Does sterigmatocystin influence the carbon stress response of *Aspergillus nidulans*?

The genome of the filamentous fungus *Aspergillus nidulans* encodes more than 70 secondary metabolite gene clusters. The activity of these clusters is highly dependent on the culture conditions and varies from cluster to cluster. Many secondary metabolites are secreted in the extracellular space and many secreted metabolites (by providing intercellular communication) play important regulatory roles during the growth and development of the fungus. It is also possible that the fungus is continuously monitors the secondary metabolites released into the culture medium by neighbouring colonies and use this information to adapt efficiently to changes in its environment. In our studies, we tested this hypothesis using the best known secondary metabolite of *A. nidulans*, sterigmatocystin (ST). Transcriptomic and physiological changes induced by ST in non-ST-producing cultures growing on a glucose were investigated. ST treatment significantly decreased the activity of 894 genes, while it significantly increased the activity of 514 genes. Down-regulated genes were characterized by enrichment of genes involved in glycolysis, citric acid cycle, ergosterol biosynthesis or encode antioxidant enzymes. While the genes responsible for rhamnogalacturonan degradation or encode extracellular proteases were enriched in the group of upregulated genes. The genes for the transcription factors responsible for rhamnogalacturonan and pentose degradation (*rhaR*, *araR*) and the gene for the transcription factor XprG, which regulates the carbon stress response and protease formation, were also upregulated. The above transcriptional changes were previously observed in ST-producing, carbon starved and carbon limited cultures. Conidiophores in cultures exposed to carbon starvation after ST treatment started to differentiate earlier than in untreated control cultures. The ST pretreatment also altered the transcription of some genes usually activated during the carbon stress response: the activity of the transcription factor gene *brlA* responsible for conidiophore formation was higher after four hours of carbon starvation, and the activity of the transcription factor genes *chiB* chitinase and *xprG* was lower than in the unpretreated cultures. No significant differences were observed in the carbon stress response of the cultures at the level of physiology and morphology (decrease in dry cell mass, hyphal fragmentation, extracellular γ -glutamyl transferase and β -glucosidase secretion). Our results suggest that ST cannot be considered as a classical signal molecule. Its presence does, however, influence fungal cell function. Nevertheless, further studies are needed to clarify the adaptive value of the changes caused by ST.

The research was financed by the National Research, Development, and Innovation Office project K131767.



A bentosz szaprotróf gombaközösségei a Kis-Balatonban

DOBOLYI Csaba¹, SUHAJDA Ákos¹, TISCHNER Zsófia¹, HARKAI Péter¹, PÉTER Dániel¹, SZABÓ Bence², KRISZT Balázs¹ & KASZAB Edit¹

¹Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Akvakultúra és Környezetbiztonsági Intézet, Környezetbiztonsági Tanszék, Gödöllő – Department of Environmental Safety, Institute of Aquaculture and Safety, Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, 2100 Gödöllő, Hungary; csdobolyi@gmail.com

²Semmelweis Egyetem, Orvostudományi Kar, Budapest – Faculty of Medicine, Semmelweis University, Budapest, Hungary

A Balaton víztömegének stabil összetétele elsősorban annak köszönhető, hogy a legnagyobb befolyó, a Zala hordalékban gazdag vize egy természetes szűrőn, a Kis-Balatonon át jut a tóba. A lebegő hordalék kiülepedése mellett az oldott anyagok kiszűrődése is jelentős, mely utóbbi folyamat elsősorban az iszap mikroszervezeteinek közreműködésével zajlik. A gombák jelenlétének és lehetséges szerepének ismeretéhez szándékoztunk hozzájárulni a bentosz szaprotróf gombaközösségének kvantitatív tenyésztéses vizsgálatával és a gombaközösségek diverzitásának összehasonlításával. A Kis-Balaton belső vízáramlását követve, három (A, B, C) ponton az iszap felső 10 cm-es rétegéből AMS diszkrét rétegvizsgáló mintavételi eszközzel 1–1 liter mintát vettünk. A minták kvantitatív tenyésztéses vizsgálatával, bengálrózsa-agaron, 25 °C-on az A, B, illetve a C mintavételi helyeken $8,52 \times 10^4$ CFU/g szárazanyag, $3,45 \times 10^5$ CFU/g szárazanyag, illetve $4,74 \times 10^4$ CFU/g szárazanyag gombamennyiséget találtunk. A 2022 augusztusában végzett mintavétel, illetve tenyésztés eredményeként összesen 383 random izolátumot nyertünk, melyeknek a telep- és mikroszkópos morfológiai tulajdonságai alapján 17 morfortípust különítettünk el. A morfortípusok reprezentáns törzseinek faj, illetve néhány esetben csak magasabb kategória szintű rendszertani azonosítását a riboszomális DNS ITS1 és ITS2 génszakaszok nukleotidszekvenciái alapján végeztük. A Zala-folyó belépéséhez legközelebbi, A mintavételi helyen vett iszaptól tenyésztett 129 izolátum azonosításakor 13 fajt tudtunk elkülöníteni, melyek között a leggyakoribbnak a *Pseudoeurotium ovale* és a *Trichoderma harzianum* mutatkoztak. A beérkezés és kifolyás közötti középső szakaszt képviselő B mintavételi pontról nyert 116 izolátum azonosítása kilenc fajt eredményezett, melyek között leggyakoribbnak a *Pseudoeurotium ovale* és egy, a *Pleosporales* rendbe tartozó faj bizonyultak. A Kis-Balatonban leghosszabb ideig tartózkodó víz alatti, C mintavételi ponton vett mintából kitenyésztett 138 random izolátum reprezentánsainak molekuláris azonosításával nyolc fajt nyertünk, közöttük leggyakoribbnak szintén a *Pseudoeurotium ovale* és egy, a *Pleosporales* rendbe tartozó faj bizonyultak.

A Zala-folyóból érkező víz a Kis-Balatonban körív jellegű áramlást végez, melynek során az alatta levő bentosz gombaközösségeinek diverzitása a kezdeti magas értékről alacsonyabb, egyensúlyi értékre áll be.

A kutatómunkát a Víztudományi és Vízbiztonsági Nemzeti Labor pályázat (#RRF 2.3.1-21-2022-00008) és a Fenntartható Fejlődés és Technológiák Nemzeti Program (#NP2022-II3/2022), valamint a Tématerületi Kiválósági Program 2021, Nemzetvédelem/nemzetbiztonsági alprogram (TKP2021-NVA-22) támogatta.

Saprotrophic fungal communities in the benthos of lake Kis-Balaton

The stable composition of Lake Balaton's water mass is mainly due to the fact that the water of the largest tributary, the Zala, which is rich in sediment, enters the lake through a natural filter of Kis-Balaton. In addition to the sedimentation of suspended particles, the filtration of dissolved substances is also significant, the latter process being mainly carried out by different microorganisms of the mud. We aimed to contribute to the knowledge of the presence and possible role of fungi by quantitative culturing the benthic fungal communities and by comparing the diversity of fungal communities. Following the internal water flow of the Lake Kis-Balaton, 1-1 L samples were collected from the upper 10 cm layer of the mud at three sites (A, B, C) using an AMS discrete stratigraphic sampler. Quantitative culturing of the samples on bengal rose agar at 25 °C at sampling points A, B and C revealed fungal abundances of 8.5×10^4 CFU/g dry matter, 3.5×10^5 CFU/g dry matter and 4.7×10^4 CFU/g dry matter, respectively.

A total of 383 random isolates were obtained as a result of sampling and cultivation in August 2022, and 17 morphotypes were distinguished based on the colonial and microscopic morphological characteristics. The representative strains of each morphotype were identified to species and, in some cases to higher taxonomic categories based on the nucleotide sequence of ITS1 and ITS2 regions of the ribosomal RNA gene clusters. The identification of 129 isolates from the mud cultivated at the closest point of entry of the Zala River, sampling site A, resulted in the isolation of 13 species, the most common being *Pseudoeurotium ovale* and *Trichoderma harzianum*. The identification of 116 isolates from sampling point B, representing the middle section between inlet and outlet, yielded nine species, the most common of which were *Pseudoeurotium ovale* and one species belonging to the order *Pleosporales*. Molecular identification of the representatives of 138 random isolates from the longest submerged sampling point C in the Lake Kis-Balaton yielded eight species, the most common of which were also *Pseudoeurotium ovale* and one species belonging to the order *Pleosporales*.

The water from the Zala River in Lake Kis-Balaton undergoes a circular flow, during which the diversity of the underlying benthic fungal communities is adjusted from an initial high value to a lower, equilibrium value.

This work was supported by the National Grant of Hydrology and Water Safety (#RRF 2.3.1-21-2022-00008), the National Program for Sustainable Technologies (#NP2022-II3/2022) and the Thematic Excellence Program (TKP 2021-NVA-22) (Hungarian University of Agriculture and Life Sciences).



A magyarországi epigéikus pöfetegfélék taxonómiai revíziója

FINY Péter¹, JEPPSON Mikael², ÖLVEDI István¹, ALBERT László¹, PAPP Viktor³, VARGA Dóra⁴, KNAPP G. Dániel^{4,5}, KOVÁCS M. Gábor⁴ & DIMA Bálint⁴

¹Magyar Mikológiai Társaság, Budapest – Hungarian Mycological Society, 1087 Budapest, Hungary; peter@fny.hu

²Department of Biological and Environmental Sciences, University of Gothenburg, Gothenburg, Sweden

³Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Növénytermesztési-tudományok Intézet, Növénytani Tanszék, Budapest – Department of Botany, Institute of Agronomy, Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Budapest, Hungary

⁴Eötvös Loránd Tudományegyetem, Biológiai Intézet, Növény szerkezettani Tanszék, Budapest – Department of Plant Anatomy, Institute of Biology, Eötvös Loránd University, Budapest, Hungary

⁵Department of Forestry and Wood Technology, Linnaeus University, Växjö, Sweden

Magyarországon hosszú múltra tekint vissza a zárt termőtestű gombák kutatása, köszönhetően a Kárpát-medence számukra kedvező életfeltételeinek. Régóta ismert tény, hogy európai összehasonlításban is kiugróan magas a gaszteroid taxonok diverzitása hazánkban. A morfológiai vizsgálatokra alapozott eddigi tanulmányok még ezzel együtt is jóval alábecsülték a molekuláris vizsgálataink által feltárt valódi fajgazdagságot. Kutatásunk célja a *Bovista*, *Disciseda*, *Geastrum*, *Lycoperdon* és *Tulostoma* gombanemzetségek taxonómiai tisztázása. A rejtett diverzitás felfedésében segítségünkre volt a sok évre visszatekintő terepi munkánk során begyűjtött minták molekuláris filogenetikai és morfológiai alapú együttes vizsgálata. Eredményeink igazolták, hogy a vizsgált gaszteroid nemzetségek fajszáma magasabb az eddigi ismereteinkhez képest. A kutatások több, a tudomány számára ismeretlen fajt is kimutattak, köztük több olyat is, ami ezidáig csak hazánkból ismert. A legnagyobb fajgazdagságot a *Tulostoma* nemzetségben mutattuk ki legalább 15 ismeretlen taxonnal, melyek közül négyet a közelmúltban írtunk le a magyar homokpusztákról.

A kutatást a Kulturális és Innovációs Minisztérium Nemzeti Kutatási és Fejlesztési Alap ÚNKP-22-5-ös kód-számú Új Nemzeti Kiválóság Programja, valamint a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Hivatal (FK-143061) pályázata, illetve a Magyar Tudományos Akadémia Bolyai János Kutatási Ösztöndíja támogatta.

Taxonomic revision on epigeous gasteroid fungi in Hungary

The research of puffball-like fungi in Hungary has a long tradition due to the especially favourable habitat requirements for these fungi of the Carpathian Basin. On a European scale, a significant species diversity has already been suggested for gasteroid taxa. However, using morphological species concept only, the number of species has likely been underrepresented in Hungary, according to our preliminary molecular data. The aim of this study is to re-evaluate our taxonomic knowledge on these fungi based on intensive and long-term field work, combined molecular phylogenetic and morphological methods to discover the hidden diversity in the genera *Bovista*, *Disciseda*, *Geastrum*, *Lycoperdon* and *Tulostoma*. Our results indicate that the number of species in these genera in Hungary is higher than previously thought.

In addition, several undescribed species have been discovered, many of them known only from Hungary. The genus *Tulostoma* seems to have the greatest diversity, with no less than 15 undescribed species from which we recently described four species from Hungarian sandy habitats.

The work was supported by ÚNKP-22-5 New National Excellence Program of the Ministry for Culture and Innovation from the source of the National Research, Development and Innovation Fund, the János Bolyai Research Scholarship of the Hungarian Academy of Sciences and the National Research, Development and Innovation Office (FK-143061).



Mobil konténeres laskagomba-termesztés optimalizálása

FŰRÉSZ Adrienn¹, GYALAI-KORPOS Miklós², SOMOSNÉ NAGY Adrienn² & GEÖSEL András¹

¹Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Kertészettudományi Intézet, Zöldség- és Gombatermesztési Tanszék, Budapest – Department of Vegetable and Mushroom Growing, Institute of Horticultural Science, Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Budapest, Hungary; adrie0707@gmail.com

²Pilze-Nagy Kft, 6000 Kecskemét – Pilze-Nagy Ltd., Kecskemét, Hungary

A gombatermesztés iránt egyre nagyobb érdeklődés mutatkozik, ráadásul a városi környezetben is megvalósítható eljárások iránt is növekszik az igény. A vizsgáltunk célja, hogy egy a már piacon lévő mobil laskagombatermesztő konténert optimalizáljunk és fejlesszünk úgy, hogy relatív kis befektetéssel a laskagomba termesztés biztonságosan kivitelezhető legyen a használatával. Ezért kisparcellás termesztési kísérlet került beállításra a mobil termesztőhelyiség optimalizálása érdekében azzal a céllal, hogy az ideális termesztési körülmények műszaki beállítása megtörténjen. Ehhez szubsztrátumként a nagyüzemi laskagomba-termesztésben használt búzaszalma alapú laskakomposztot használtunk, hogy az ezzel szerzett tapasztalatok alapján később különböző biohulladékok is bevonásra kerüljenek a termesztésbe.

A kísérlet célkitűzéseként egy kisebb méretű, városi környezetbe illeszthető, zárt termesztőhelyiségben a laskagomba-termesztés számára ideális környezeti feltételek megteremtését határoztuk meg. A termesztőhelyiségként szolgáló konténer mérőműszerekkel (komposzt- és levegő hőmérséklet, páratartalom, CO₂) és klimatikus szabályozásra alkalmas berendezésekkel való felszerelésekor az egyszerűség és a könnyű kezelhetőség volt a fő szempont. A kísérlet során vizsgáltuk, hogy vödörös termesztéstechnológia eredményesen alkalmazható-e a konténerben való termesztés esetén, továbbá a vödörök elhelyezése befolyásolja-e a terméshozamot, illetve, hogy a hőmérséklet és a páratartalom megfelelően szabályozható-e a konténerben egyszerű eszközökkel.

A próbatermesztés a későbbiekben egyértelműen megmutatta a megfelelő környezeti feltételek biztosításának fontosságát, és a váratlan technikai nehézségek hatását az eredményekre. A berendezések és műszerek összeállítása valamivel nagyobb befektetést és precizitást igényel a jelen kísérletben biztosítottnál, kiemelt figyelemmel a hőmérséklet, a páratartalom és a CO₂-szint mérésére és szabályozására. A kísérletben előálló kedvezőtlen termesztési feltételek a gombák deformált növekedéséhez, továbbá az elérhető termésmennyiség csökkenéséhez vezettek. A konténerben az egyenlőtlen hő- és páraeloszlás egyenlőtlen eloszlású termésmennyiségeket eredményezett. A tapasztalatok azt mutatják, hogy a rendszer jobban kidolgozott technikai háttérrel igényel, továbbá a termesztővödörök használata is megfontolandó. A kísérletből nyert tapasztalatok alapján a városi környezetbe szánt, konténerben való laskagomba-termesztés egy működőképes elképzelés lehet a megfelelő körülmények biztosításával, ugyanakkor további műszaki fejlesztéseket igényel a termésbiztonság növelése érdekében.

Megállapítottuk, hogy cégszerű bevételszerzésre ez a konténeres módszer nem alkalmas, ugyanakkor jó kiegészítője lehet az alternatív élelmiszertermelési eljárásoknak.

A konténer fejlesztése „Az adatközpontú innováció alkalmazása a gomba termelés értékláncában a termelékenység és az adatmegosztás javítása érdekében” címmel, 2019-2.1.7-ERA-NET-2020-00012 azonosító számmal az NKFI alapból, továbbá az ERA-NET COFUND /ICT-AGRI-FOOD program keretében az Európai Unió Horizon 2020 kutatási és innovációs programjából (támogatási szerződés no 862665) részesült támogatásban.

Optimising mobile container-based oyster mushroom cultivation

There is increasing interest in mushroom cultivation, and there is also a growing demand for methods that can be implemented in urban environments. The aim of our study was to optimize and improve an existing mobile mushroom cultivation container, making it possible to safely cultivate mushrooms with a relatively small investment. To achieve this, a small-scale cultivation experiment was set up within the mobile growing facility with the goal of optimizing the ideal growing conditions. Wheat straw-based mushroom compost, commonly used in large-scale oyster mushroom cultivation, was used as the substrate to gain insights for potentially incorporating various organic waste materials into cultivation in the future. The experiment aimed to establish optimal environmental conditions for oyster mushroom cultivation in a smaller-sized, urban-friendly, enclosed growing environment. When equipping the container serving as the cultivation facility with measuring instruments (for compost and air temperature, humidity, CO₂ levels) and climate control devices, simplicity and ease of operation were primary considerations. During the experiment, we examined whether bucket-based cultivation technology could be effectively applied within the container, whether the placement of the buckets affected yield, and whether temperature and humidity could be adequately regulated within the container using simple tools.

The trial clearly demonstrated the importance of providing appropriate environmental conditions and the impact of unexpected technical difficulties on the results. The assembly of equipment and instruments requires somewhat greater investment and precision than initially anticipated, with particular emphasis on measuring and regulating temperature, humidity, and CO₂ levels. Unfavourable growing conditions in the experiment led to deformed mushroom growth and a decrease in yield. Uneven distribution of heat and moisture within the container resulted in uneven yields. The experiences indicate that the system requires a more refined technical background, and the use of cultivation buckets should be reconsidered. Based on the insights gained from the experiment, oyster mushroom cultivation in containers for urban environments could be a viable concept with adequate conditions, but further technical development is necessary to increase yield reliability. It was determined that this container-based method is not suitable for generating company-like revenues; however, it could serve as a valuable addition to alternative food production methods.

The container was developed from the project entitled "Unlocking data-driven innovation for improving productivity and data sharing in mushroom value chain" received funding with identification number 2019-2.1.7-ERA-NET-2020-00012 from the NKFI fund, as well as from the European Union's Horizon 2020 research and innovation programme under grand agreement no 862665 ICT-AGRI-FOOD.



Talajlakó gombák egy trágyázási tartamkísérletben: mennyiség, minőség, sokféleség – minden, amit az ITS-szekvencia elárul

FÜZY Anna, KELEMEN Bettina, PABAR Sándor, KOVÁCS Zsófia & TAKÁCS Tünde

HUN-REN Agrártudományi Kutatóközpont, Talajtani Intézet, Budapest – Institute for Soil Sciences, HUN-REN Centre for Agricultural Research, Budapest, Hungary; fuzy@rissac.hu

Martonvásári csernozjom talajon beállított hiánytrágyázási tartamkísérletben a trágyázás hatását vizsgáltuk a szabadon élő és gyökérkapcsolt talajlakó gombák közösségeinek mennyiségi és minőségi mutatóira. A 60 éves tartamkísérletben 2 évente váltva kukoricát és őszi búzát termesztünk. A kísérletben műtrágyával kezelt (N, P, NPK), szerves trágyázott (istállótrágya) és kombinált kezeléssel parcellákat mintáztunk, 2022-ben őszi búza gyökérszimbionzájából, virágzáskori fenofázisban. Jellemeztük a talajokat a legfontosabb talajfizikai és talajkémiai paraméterek meghatározásával, elsősorban a talaj tápanyagforgalmára és azzal összefüggő változásokra koncentrálva. A talajminták amplitikon alapú metagenomikai elemzésével vizsgáltuk a gombaközösség abundanciáját és diverzitását leíró mutatókat. Továbbá értékeltük a kezelések hatására bekövetkező főbb változásokat: a szignifikáns mennyiségi változásokat a domináns taxonoknál, illetve feltérképeztük és kiválasztottuk a potenciális indikátor fajokat. A kezeléshatások statisztikai elemzését egy- illetve kétfaktoros ANOVA módszerrel végeztük el, míg a közösségek összetételét, változásait nem metrikus többdimenziós skálázás alkalmazásával szemléltettük. A talajlakó gombák mennyiségi mutatói mind a szerves trágya, mind a nitrogénműtrágya hosszú távú alkalmazása esetén emelkedtek. A szerves trágya elsősorban az aszkuszos gombákra (*Ascomycota*), míg a nitrogénműtrágya inkább a bazídiumos gombákra (*Basidiomycota*) volt hatással. A nitrogénműtrágya ugyanakkor csökkentette a közösség diverzitását akár csak N-műtrágya, akár komplex NPK-trágyázás, akár szerves trágyával együtt alkalmazott kezeléseket vizsgáltunk. A *Glomeromycota*-khoz tartozó arbuskuláris mikorrhizagombák obligát gyökérszimbionták. Mennyiségüket a talajban és a növényi gyökérben, valamint diverzitásukat a trágyázás drasztikusan csökkentette, jelenlétük a növény szempontjából ideális tápanyag ellátottság mellett marginális.

A kutatást az Eötvös Loránd Kutatóhálózat (SA-26/2021) és az MTA Fenntartható Fejlődés és Technológiák Nemzeti Program (FFT NP FTA) támogatta.

Soil fungi in a long-term fertilisation experiment: quantity, quality, diversity – everything the ITS sequence could tell

During a fertilisation deficit experiment on a chernozem soil in Martonvásár, the effect of fertilisation on the quantitative and qualitative indicators of free-living and root-associated soil fungi communities were investigated. Over the 60-year-long trial, maize and winter wheat are rotated every two years. In the experiment, plots treated

with fertilizers (N, P, NPK), organic fertilizers (manure) and combined treatments were sampled from the root zone of winter wheat in 2022, at flowering phenophase. We characterised the soils by determining the most important soil physical and chemical properties, especially focusing on nutrient cycling and related changes. Using amplicon-based metagenomic analysis, we investigated indicators describing the abundance and diversity of the fungal community. We also assessed the main changes in response to treatments: significant quantitative changes of the dominant taxa and also mapping and selecting the potential indicator species. The statistical analysis of the treatment effects was performed using the one- or two-way ANOVA, while the composition and changes of the communities were illustrated using non-metric multidimensional scaling. Quantitative indicators of soil fungi increased with long-term application of both organic manure and nitrogen fertilizer. The organic fertilizer had an effect mainly on the *Ascomycota* fungi, while the nitrogen fertilizer had an effect on the *Basidiomycota* fungi. At the same time, nitrogen fertilizer reduced the community diversity, whether only N fertilizer, complex NPK fertilization, or treatments applied together with organic fertilizer were investigated. Arbuscular endomycorrhizal fungi belonging to the *Glomeromycota* are obligate root symbionts. Their quantity in the soil and plant roots, as well as their diversity, were drastically reduced by fertilisation, and their presence is marginal despite the ideal nutrient supply of the plant.

The research was supported by the Eötvös Loránd Research Network (SA-26/2021) and the Sustainable Development and Technologies National Program of the Hungarian Academy of Sciences (FFT NP FTA).



Közösségi tudomány – az iNaturalist platform nyújtotta lehetőségek a mikológia területén

GALLÓ Orsolya

Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Vadgazdálkodási és Természetvédelmi Intézet, Természetvédelmi és Tájgazdálkodási Tanszék, Gödöllő – Department of Nature Conservation and Landscape Management, Institute of Wildlife Management and Nature Conservation, Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Gödöllő, Hungary; gorsi0125@gmail.com

A közösségi tudomány (citizen science) egy olyan kutatási forma, amely bevonja az érdeklődő laikusokat egy-egy tudományos kutatásba, akik szigorú kritériumok és meghatározott módszertan mellett gyűjthetnek adatokat, amelyeket kutatók értékelnek ki. Az iNaturalist egy világszintű közösségi tudományos kezdeményezés. A természetben végzett megfigyeléseinket – legyen az növény, állat vagy gomba – gyorsan és egyszerűen felvihetjük az adatbázisba. A felvitt adatokat az adott szakterületet művelő kutatók validálják, mielőtt a Global Biodiversity Information Facility (GBIF) adattárába kerülnek, mely jelenleg a legnagyobb biotikai adatbázis. A platform elérhető weboldalon keresztül és mobiltelefonos applikációval is, mindez magyar nyelven, magyar fajnevekkel. Jelenleg 7,5 millió regisztrált felhasználója van világszerte. Az adattár nagyságrendileg 180 millió megfigyelést tartalmaz, melyből 11 és fél millió a gomba, a megfigyelések mindössze 6,3 %-a. Az iNaturalist nagygombák adatainak bevitelére is lehetőséget ad, melynek során a következő adatokat adhatjuk meg és bővíthetjük vele hazánk nagygombákra vonatkozó adatbázisát: fajnév, fénykép, megfigyelés helye, ideje, megfigyelő neve. A program határozásra is alkalmas, a bevitt adatokat szakemberek ellenőrzik és emelik 'tudományos szintre'. A platform hazánkban még nem eléggé ismert, pedig hatalmas potenciált rejt magában, mivel bővülő fungisztikai adatbázisa nagyban segíti a hazai mikológiai kutatásokat és ezen keresztül potenciálisan a fajok védelmét.

Citizen science – opportunities provided by the iNaturalist platform in mycology

Citizen science is a research approach that involves engaging interested amateurs in scientific research, who, under strict criteria and defined methodology, can collect data that researchers evaluate. The iNaturalist is a global citizen science initiative. Our observations in nature – whether it is a plant, animal, or fungus – can be quickly and easily uploaded to the database. The data entered is validated by researchers in the respective field before being added to the Global Biodiversity Information Facility (GBIF) database, which is currently the largest biotic database. The platform is accessible through a website and a mobile application, both available in Hungarian with Hungarian species names. Currently, it has 7.5 million registered users worldwide.

The database contains approximately 180 million observations, of which 11.5 million are fungi, representing only 6.3% of the observations. The iNaturalist also allows for the input of data on macrofungi, where users can provide and expand the macrofungi database of Hungary with the following information: species name, photograph, observation location, time, and name of the observer. The program is also capable of species identification, with experts verifying and elevating the entered data to a scientific level. Although the platform is not widely recognized in Hungary yet, it holds great potential, as its expanding fungistic database significantly aids domestic mycological research and thereby potentially species conservation.



A szőlő korai elhalását okozó *Diaporthe* fajok mikoparazita tulajdonságainak vizsgálata

GEIGER Adrienn^{1,2,3}, SZABÓ Dóra¹, MOLNÁR Nikolett¹, VÁCZY Kálmán Zoltán¹ & KARÁCSONY Zoltán¹

¹Eszterházy Károly Katolikus Egyetem, Élelmiszertudományi és Borászati Tudásközpont, Eger – Food and Wine Knowledge Center, Eszterházy Károly Catholic University, Eger, Hungary; geiger.adrienn@uni-eszterhazy.hu

²Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Környezettudományi Doktori Iskola, Gödöllő – Environmental Sciences Doctoral School, Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Gödöllő, Hungary

³Eszterházy Károly Katolikus Egyetem, ELKH-EKKE Lendület Környezeti Mikrobiom Kutatócsoport, Eger – HUN-REN-EKKE Lendület Environmental Microbiome Research Group, Eszterházy Károly Catholic University, Eger, Hungary

Az aszkomikóta *Diaporthe* (anamorf: *Phomopsis*) nemzetség – több mint 860 leírt fajnévvel – széles körben elterjedt gombacsoport. Kevés tanulmány foglalkozik a *Diaporthe* fajok mikoparazitikus tulajdonságaival, a fajok túlnyomó többsége a növényekkel áll szoros kapcsolatban, főként szaprotrófok, endofitonok vagy kórokozók. A növénypatogének számos lágyszárú és fás szárú növényt képesek fertőzni. Szőlő esetén a *Diaporthe* fajok felelősek a hajtások és a levelek foltosodásért, a faszövetet is károsíthatják, a szőlő korai elhalását okozva. Munkánk során először észleltük a *Diaporthe* fajok mikoparazita tulajdonságait. Összesen 19 *Diaporthe* fajt izoláltunk a szőlő korai elhalását mutató olasz és magyar szőlő faszövetéből. Az izolátumok előzetes azonosítása az ITS (internal transcribed spacer), *TUB* (β -tubulin) és *TEF* (translation elongation factor 1- α) szekvenciák alapján arra utal, hogy az izolátumok a *D. ampelina*, *D. eres* és *D. vacuae* fajokhoz tartoznak. Konfrontációs tesztek végeztünk, mely során a *Diaporthe* fajokat és *Botrytis cinerea* törzseket koinokuláltunk celofános vizes agarra. A csészéket 25°C-on, sötétben inkubáltuk egészen addig, amíg a két gomba micéliuma összeért. Ezt követően a konfrontációs zónából a celofánt kivágtuk, és desztillált vízbe helyeztük. Az összes *Diaporthe* faj esetén megfigyelhető volt a hifák gazdatesthez történő rögzülése, pappillaszerű képletek kialakulása a gazdatest felületén, valamint a gazdaszervezet hifáinak kolonizációja. A gazdaszervezet hifái, melyek a *Diaporthe* fajokkal érintkeztek, elhaltak, a sejtfalak is nagy mértékben lebomlottak. A *Diaporthe* fajok hifái nem hatoltak be a gazdaszervezetbe, azonban néhány esetben a hifák felületén befordulásokat fejlesztettek ki. Fiatal hifák esetében a parazita körülfonódása is megfigyelhető volt a gazdaszervezet körül. A savas organellumok akridinnarancssal történő festése és fluoreszcens megjelenítése lizoszómák felszaporodását jelezte a gazdaszervezettel kölcsönhatásba lépő parazita hifákban, ami intenzív tápanyagfelvételre utal.

First report of mycoparasitism within *Diaporthe* species associated with grapevine trunk diseases

The fungal genus *Diaporthe*, known by its anamorph *Phomopsis*, encompasses a diverse array of filamentous fungi, boasting over 860 recorded names and a widespread

distribution. While scant reports exist of their parasitic activity on animal or human hosts, the majority of *Diaporthe* species exhibit close associations with plants, serving as saprobes, endophytes, or pathogens. Phytopathogenic strains exhibit broad host ranges, infecting both herbaceous crops and woody plants alike. On grapevines, *Diaporthe* species contribute to the development of cane and leaf spots, while also posing threats to woody tissues, leading to trunk diseases. This study unveils, for the first time, instances of mycoparasitism within the genus *Diaporthe*. Nineteen *Diaporthe* species were isolated from the woody tissues of grapevines afflicted with trunk diseases of Italian and Hungarian origins. Initial identification of these isolates through ITS (internal transcribed spacer), *TUB* (β -tubulin), and *TEF* (translation elongation factor 1- α) sequences suggests their affiliation with *Diaporthe ampelina*, *D. eres*, and *D. vacucae* species. Confrontation tests involved co-inoculating the growing mycelia of *Diaporthe* spp. isolates alongside three strains of *Botrytis cinerea* on cellophane disks, placed on water agar. Incubation at 25°C in darkness ensued until mycelial contact between the two fungi was established. Subsequent microscopic examination of interaction zones, achieved by sampling and mounting the cellophane, revealed notable observations. Across all *Diaporthe* species strains, the attachment of hyphae to the *Botrytis cinerea* host, the formation of papilla-like structures on its surface, and extensive colonization of host hyphae were evident. Typically, host mycelia engaged with the parasites were found to be deceased, with discernible degradation of cell walls. While penetration of the host by *Diaporthe* hyphae was absent, invaginations on its surface were observed in some cases. Additionally, coiling of parasite hyphae around host cells was documented in instances of initial mycelial contact. Staining and fluorescent visualization utilizing acridine orange revealed the recruitment of lysosomes in the parasite hyphae interacting with the host, indicative of significant nutrient uptake.



A különböző méretű és alakú lombkoronalekek értékelése az erdei gombaközösségek megőrzése szempontjából a folyamatos erdőborítású erdészeti rendszerekben

GEML József¹, KOVÁCS Bence², FINTHA Gabriella¹, MOTA LEAL Carla¹, GEIGER Adrienn¹, MOLNÁR Anna¹, LEPRES Luca¹, TINYA Flóra² & ÓDOR Péter²

¹*Eszterházy Károly Katolikus Egyetem, HUN-REN-EKKE Lendület Környezeti Mikrobiom Kutatócsoport, Eger – HUN-REN-EKKE Lendület Environmental Microbiome Research Group, Eszterházy Károly Catholic University, Eger, Hungary; jozsef.geml@gmail.com*

²*HUN-REN Ökológiai Kutatóközpont, Ökológiai és Botanikai Intézet, Vácrátót – Institute of Ecology and Botany, HUN-REN Centre for Ecological Research, Vácrátót, Hungary*

A lombkorona lékek okozta kisléptékű térbeli közösségi dinamika jól ismert lágy-szárú növények esetén, de gombaközösségekre vonatkozóan erre vonatkozó információink nincsenek. A lékvágás a folyamatos erdőborításos örökerdőgazdálkodás szerves része, és fontos, de kulcsfontosságú információk hiányoznak azzal kapcsolatban, hogy a lékek mérete és alakja hogyan befolyásolja a talaj gombaközösségét. Ebben a tanulmányban összehasonlítottuk a gombaközösségek összetételét a különböző méretű (150 m² és 300 m²) és alakú (kör és téglalap) lékekben egy 90 éves magyarországi gyertyános-kocsánytalan tölgyes erdőállományban. A talajmintákat 2022 márciusában gyűjtöttük a 2018/2019 telén létrehozott Pilis Lék Kísérletben, amely öt kezelést tartalmaz, beleértve a kontrollt is, hat ismétlődő blokkban, teljes blokktervben. Az ITS2 rDNS szekvencia adatokat Illumina MiSeq segítségével kaptuk, R-ben *dada2* csomaggal elemeztük és a taxonómiai jellemzést a USEARCH programban végeztük el a UNITE adatbázis legújabb verziójának felhasználásával. Ezután a szekvenciákat funkcionális csoportokba soroltuk a FungalTraits adatbázis segítségével. Nem találtunk szignifikáns kezelési hatást a gombaközösség összetételére vonatkozóan, csak a nagy kör lék-kezelés különbözött minimálisan a kontrolltól. Ezzel szemben a blokkok közötti összetételbeli különbség a szaprotróf fajok esetében szignifikáns volt, az ektomikorrhizás gombák esetében nem. Ezek az eredmények tükrözik a korábban közzétett eredményeket az aljnövényzetre vonatkozóan, amelyben szintén nem tapasztaltak kezelési hatást. Összességében, a kezelésekből korábban dokumentált abiotikus tényezők (pl. talajnedvesség, mikroklíma) közötti különbségek ellenére a legtöbb lék-kezelés képes volt fenntartani a környező erdőben található gombaközösséget. Ebből adódóan a parcellák közötti különbségek nagy részét a helyspecifikus tényezők okozzák a közösség szerkezetére vonatkozóan, így a kezelés alkalmas az örökerdő gazdálkodás céljainak teljesítésére.

Evaluating the potential of canopy gaps of different sizes and shapes to preserve forest fungal communities in continuous cover forestry systems

Small-scale spatial dynamics driven by canopy gaps are well-known in plants but have been scarcely studied in fungi. Gap-cutting is an integral component of continuous

cover forestry systems and there are important, yet unanswered questions regarding how gap size and shape affect the soil biota. In this study, we compared soil fungal communities among plots with different gap size (150 m² vs. 300 m²) and shape (circular vs. elongated) in a 90-year-old sessile oak-hornbeam forest stand in Hungary. Soil samples were collected in March 2022 in the Pilis Gap Experiment, that had been established in the winter of 2018/2019, with five treatments, including control, in six replicate blocks in a complete block design. ITS2 rDNA metabarcoding data were generated using Illumina MiSeq and were analyzed with *dada2* in R, with taxonomic characterization done in USEARCH using the latest version of the UNITE database, with functional guild assignment using FungalTraits. We found no significant treatment effect on fungal community composition, with only the large circle treatment differing marginally from the control. Conversely, compositional difference among the blocks was significant for saprotrophs, but not ectomycorrhizal fungi, despite no apparent visual differences among the blocks at stand level. These results mirror the lack of treatment effect seen in understory vegetation published previously. Overall, despite formerly documented differences in abiotic factors among treatments (e.g., soil moisture, microclimate), most gap treatments were able to maintain fungal communities of the surrounding forest. Therefore, site-specific factors account for much of the variation in community structure among the sampled plots, making the gap treatments suitable for meeting the objectives of continuous cover forestry systems.



Mogyorólisztharmat fertőzöttségének értékelése

KALMÁR Klementina¹ & VÉGH Anita²

¹Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Kertészettudományi Intézet, Gyümölcs-termesztési Kutatóközpont, Budapest – Fruit Growing Research Center, Institute of Horticultural Sciences, Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Budapest, Hungary; kalmar.klementina@uni-mate.hu

²Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Növényvédelmi Intézet, Növénykórtani Tanszék, Budapest – Department of Plant Pathology, Institute of Plant Protection, Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Budapest, Hungary

Magyarországon az egyik legismertebb termesztett mogyoró az európai vagy más néven közönséges mogyoró (*Corylus avellana*), mely a *Corylus* nemzetség, *Betulaceae* család *Coryloideae* alcsaládba tartozik. A mogyoró lombhullató cserje, mely hazánkban őshonos. Élőhelyei a lombhullató erdők széléi, de emellett hegyvidéki területeken is előfordul. A mogyoró napos területen fejlődik igazán megbízhatóan. A mogyoró termesztést számos vírusos, baktériumos és gombás betegség nehezíti. Hazánkban egyik legjelentősebb betegsége a mogyoró lisztharmat (*Phyllactinia guttata*), mely jelentős levélszáradást, elhalást okoz. A *P. guttata* a mogyoró levelein fehér micéliumos bevonatot képez a levelek fonákján. Magyarországon 2021-ben megjelent a mogyorón az *Erysiphe corylacearum*, mely főként a mogyoró levelek színén jelenik meg, de a levelek fonákján is megtelepedhet, a fertőzés következtében a levelek barnulnak és a mogyoró terméseit is károsítja.

Vizsgálatunk során célul tűztük ki, hogy igazoljuk a *P. guttata* jelenlétét különböző mogyoró fajtákon, és megállapítsuk az általuk okozott kár mértékét. A vizsgálatokat 2023 őszén, a Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem Érd-Elvira mogyoróültetvényében és fajtagyűjteményében végeztük több időpontban. A szemrevételezés során megfigyeltük a tüneteket és a mikroszkópos vizsgálathoz mintákat gyűjtöttünk. A vizsgálatba 11 hazai és külföldi fajtát vontunk, melyekről véletlenszerűen 100 levelet vizsgáltunk, majd hatfokozatú betegségkategóriába soroltuk, majd ez alapján a Townsend-Heuberger képlet segítségével kiszámoltuk a betegség-indexet. A fertőzési gyakoriságot is megállapítottuk a fertőzött levelek százalékos arányával.

A morfológiai vizsgálatok során igazoltuk, hogy a *P. guttata* okozta a lisztharmat tüneteket a vizsgált érdi mogyoróültetvényben és fajtagyűjteményben. A vizsgált fajták fogékonysága eltérést mutatott a betegségfok kiszámítása után. A külföldi fajtákon a kórokozó szaporítóképletei (konídiumok, kazmotéciumok) korábban fejlődtek ki, mint a hazai fajtáknál. A betegségi index alapján a külföldi fajták lisztharmat-fogékonysága jelentősebb volt.

A kulturális és innovációs minisztérium ÚNKP-23-3-I-MATE-35 kódszámú új nemzeti kiválóság programjának a nemzeti kutatási, fejlesztési és innovációs alaphól finanszírozott szakmai támogatásával készült.

Evaluation of powdery mildew infestation of hazelnut

Among the best-known cultivated hazelnuts in Hungary is the European or common hazelnut (*Corylus avellana*), which belongs to the genus *Corylus*, family

Betulaceae, subfamily *Coryloideae*. The hazelnut is a deciduous shrub that is native to our country. Its habitats are the edges of deciduous forests, but it also occurs in mountainous areas. Hazelnuts grow reliably in sunny areas. Hazelnut cultivation is complicated by a number of viral, bacterial and fungal diseases. In our country, one of the most important diseases is the hazelnut powdery mildew (*Phyllactinia guttata*), which causes considerable leaf drying and dieback. *Phyllactinia guttata* forms a white mycelial coating on the leaves of hazelnuts. In Hungary, *Erysiphe corylacearum*) appeared on hazelnut in 2021, mainly on the surface of hazelnut leaves, causing browning of the leaves and damage to the hazelnut fruit.

The aim of our study was to confirm the presence of *P. guttata* on different hazelnut varieties and to determine the extent of damage caused by them. The studies were carried out in autumn 2023 in the hazelnut orchard and variety collection of the Hungarian University of Agricultural and Life Sciences, Érd-Elvira, in several dates. During visual inspection, symptoms were observed, and samples were collected for microscopic examination. Eleven domestic and foreign cultivars were included in the study, from which 100 leaves were examined randomly, classified into six disease categories and disease index was calculated using the Townsend–Heuberger formula. The infection rate was also determined by the percentage of infected leaves.

The morphological studies confirmed that *P. guttata* caused powdery mildew symptoms in the investigated hazelnut orchard and variety collection in Érd. The susceptibility of the tested cultivars showed a difference after calculation of the disease severity. In the foreign varieties, the pathogen's reproduction formulas developed earlier than in the domestic varieties. Based on the disease index, the susceptibility of foreign varieties to powdery mildew was more significant.

Supported by the ÚNKP-23-3-I-MATE-35 New National Excellence Program of the Ministry for Culture and Innovation from the source of the National Research, Development and Innovation Fund.



A zuzmók és természetvédelmük szakirodalmi áttekintése

KANYUNGULU Coretor N.¹ & FARKAS Edit²

¹Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Biológiai Tudományi Doktori Iskola, Gödöllő – Doctoral School of Biological Sciences, Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Gödöllő, Hungary; colnyiva@gmail.com

²HUN-REN Ökológiai Kutatóközpont, ÖBI, Vácrátót – Institute of Ecology and Botany, HUN-REN Centre for Ecological Research, Vácrátót, Hungary

A zuzmók fontos szerepet töltenek be mind a természetben (pl. talajképződés, allelopátiás hatások), mind az emberek életében (pl. antibiotikus és antitumor-aktivitás), továbbá bioindikátorokként is használatosak. Mindazonáltal, vörös listáik elkészítésére és törvényes védelmükre is gondolnunk kell, minthogy diverzitásuk számos okkal összefüggésben csökken. A zuzmók védelmi státusza és ennek kutatása világszerte folyamatban van, különösen az IUCN-kategóriák figyelembevétele fokozódik a zuzmók fajszintű védelmével is összefüggésben. Adatainkat folyóiratpublikációk alapján összegeztük, amelyeket mindenekelőtt a Recent Literature on Lichens, továbbá a Google Scholar, a Scopus és a Web of Science adatbázisok szűrésével gyűjtöttünk. A publikációk tartalmát a következő területeken elemeztük: a zuzmókat fenyegető tényezők, a konzerváció folyamatát érintő kihívások, természet-helyreállítási lehetőségek mértéke, az érintett földrajzi régió. A zuzmók számára a következők jelentenek leginkább fenyegetést: a kutatási és azonosítási problémák, az élőhely leromlása és beszűkülése, emberi hatások, ipari szennyeződés, globális környezeti hatások, kis populációméret, hibás természetvédelmi gyakorlat. Európa vezető szerepet játszik a zuzmók természetvédelmében más kontinensekhez képest. Trópusi területeken, különösen Afrikában a zuzmókkal és kutatásukkal kapcsolatos alapvető információk hiányoznak. A zuzmók mind az ember, mind az őt körülvevő ökoszisztémák számára nélkülözhetetlenek, ezért a konzervációs gyakorlatot úgy kell kiterjeszteni lichenológiai szempontból, hogy további pusztulásukat megállítsuk, még azokon a területeken is, ahol jelentős mértékben hiányosak az ismeretek diverzitásukról és elterjedésükről.

A kutatást a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Alapítvány NKFI K 124341. számú pályázata és a Stipendium Hungaricum PhD Ösztöndíj (2022–2026) támogatta.

A review of lichens and their conservation

Lichens play important roles in nature (e.g., soil production, allelopathic effects) and in human life (e.g., antibiotic or antitumor nature), they are also functioning as biological indicators. However, their red listing and conservation by law is necessary because of various threats decreasing their diversity. The status of lichen conservation and its research has been studied worldwide, special attention is paid to the role of the IUCN in the conservation of lichen species. Data were synthesised from journal publications found by searches especially in Recent Literature on Lichens, furthermore in Google Scholar, Scopus and Web of Science. The publications were analysed

in the following fields: threats to lichen conservation, the factors influencing conservation challenges, the measures of recovery and the geographic regions studied. The research and identification difficulties, habitat destruction and shrinking, human pressure, industrial pollution, erroneous conservation practice, global change, low population size, human pressure, vulnerability of lichens to the environment and climate change represent major threats to lichens. Europe has a leading role in lichen conservation compared to other continents. In tropical areas, especially in Africa sufficient information on the research of lichens are missing. Lichens are indispensable in the ecosystem and human life, thus conservation policies should be extended to prevent their further threat even in areas where considerable knowledge gaps exist in lichen diversity and distribution.

This study was supported by the National Research Development and Innovation Fund NKFI K 124341 and the Stipendium Hungaricum Scholarship (2022–2026).



***Chaetomium* és *Dichotomopilus* fajok antagonizmusának vizsgálata az erdő- és diófakárosító *Armillaria* fajok ellen**

KEDVES Orsolya¹, KEDVES Alfonz², KÓNYA Zoltán², BRÁNYI Árpád³, VÁGVÖLGYI Csaba¹, SIPOS György⁴ & KREDICS László¹

¹Szegedi Tudományegyetem, Természettudományi és Informatikai Kar, Mikrobiológia Tanszék, Szeged – Department of Microbiology, Faculty of Science and Informatics, University of Szeged, Szeged, Hungary; kedvesorsolya91@gmail.com

²Szegedi Tudományegyetem, Természettudományi és Informatikai Kar, Alkalmazott és Környezeti Kémiai Tanszék, Szeged – Department of Applied and Environmental Chemistry, Faculty of Science and Informatics, University of Szeged, Szeged, Hungary

³Pannon-Trade Kft., Győr – Pannon-Trade Ltd., Győr, Hungary

⁴Soproni Egyetem, Funkcionális Genomika és Bioinformatika Kutatócsoport, Sopron – Functional Genomics and Bioinformatics Group, University of Sopron, Sopron, Hungary

Az *Armillaria* fajok a fehérkorhadást okozó fapusztító gombák közé tartoznak. Több száz fafajt és fásszárú cserjéket támadnak, és több millió hektár erdőt, gyümölcsöst és szőlőültetvényt, valamint városi területeken lévő fákat pusztítanak el szinte minden kontinensen. A legtöbb faj szaprotróf életmódot folytat, melynek során hozzájárul az erdei ökoszisztémák szerves anyagainak lebomlásához, de kórokozóvá válhat, ha a környezeti feltételek kedvezőek a fertőzéshez. Az *Armillaria* fajok által okozott súlyos gazdasági és ökológiai károk hatékony védekezési stratégiákat igényelnek. A kártételükkel szembeni védekezés nehezen kivitelezhető, mert a kórokozó a talajban marad, fás maradványokban évtizedekig képes életben maradni, és a kémiai gombaölő szerek alkalmazása kedvezőtlen mellékhatással járhat, ezért a kutatók és a gazdák is felismerték, hogy a legjobb megoldás az *Armillaria* ellen a környezetbarát, biológiai védekezés. A növények gyökérzónájában élő gombák, mint például a *Chaetomium*, *Dichotomopilus*, *Trichoderma* fajok közvetlenül vagy közvetve védelmet nyújthatnak a növények számára. A *Chaetomium* nemzetség világszerte gyakran előforduló gombataxon. Képviselői megtalálhatók a talajban, a lebomlott cellulóztartalmú anyagokban, valamint a beltéri környezetben is. A nemzetség egyes fajai egészséges növényekben is megtalálhatók endofitákként. Munkánk célja olyan *Chaetomium* és *Dichotomopilus* törzsek szelektálása és jellemzése, amelyek gátolják az *Armillaria* fajok növekedését. *In vitro* antagonizmus-vizsgálatokat végeztünk tíz *Chaetomium* és egy *Dichotomopilus* törzset két *A. cepistipes*, négy *A. gallica*, négy *A. mellea* és öt *A. ostoyae* törzssel szemben tesztelve. Megfigyeltük, hogy egyes esetekben az *Armillaria* törzs és a biokontroll mikroorganizmusok nem nőttek teljesen össze a Petri-csészében, ezért az antagonizmus mechanizmusának megértése érdekében a mintákat pásztázó elektronmikroszkóppal (scanning electron microscope – SEM) vizsgáltuk. Az összes vizsgált *Chaetomium* sp. és *Dichotomopilus* sp. törzs 80% fölötti mértékben gátolta az összes tesztelt *Armillaria* törzs növekedését. A SEM-vizsgálatok során a biokontroll mikroorganizmusokkal kezelt gombamicéliumokon erőteljes károsodás volt megfigyelhető. A *Chaetomium* törzsek képesek voltak kolonizálni az *Armillaria*-t: minden esetben a

károsodott gombamicéliumokon megtelepedő *Chaetomium* micéliumokat figyeltünk meg, ami direkt antagonizmusra utal. Egy korábbi tanulmányban vizsgált *Armillaria*-antagonista *Trichoderma atroviride* SZMC 24276 antagonizmusának mechanizmusát is vizsgáltuk pásztázó elektronmikroszkóppal, és megfigyeltük, hogy a *T. atroviride* hifái rátekeredtek az *Armillaria* hifáira.

A konferenciaanyag a Kulturális És Innovációs Minisztérium ÚNKP-23-4-SZTE-556 kódszámú Új Nemzeti Kiválóság Programjának a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési És Innovációs Alapból finanszírozott szakmai támogatásával, valamint a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Hivatal (2022-1.2.6-TÉT-IPARI-TR-2022-00009 projekt) támogatásával készült.

Investigation of the antagonism of *Chaetomium* and *Dichotomopilus* species against *Armillaria* species damaging forest and walnut trees

Armillaria species are well-known wood-destroying fungi that cause white rot. They target hundreds of tree species and woody shrubs, devastating millions of hectares of forests and orchards, as well as trees in urban areas such as parks and gardens and are found on almost every continent. Most species lead a saprophytic lifestyle, contributing to the decomposition of organic matter in forest ecosystems and becoming pathogenic when environmental conditions are favourable for infection. The severe economic and ecological damage caused by *Armillaria* species requires effective control strategies. Controlling their damage is difficult due to the pathogen's ability to survive for decades in the woody remains left in the soil, and the use of chemical fungicides can have many adverse side effects. Thus, researchers and farmers have realized that the best solution against *Armillaria* is the environmentally friendly biological control.

Fungal species living in the rhizosphere of plants, such as *Chaetomium*, *Dichotomopilus*, and *Trichoderma*, can directly or indirectly protect plants against biotic and abiotic stress. The genus *Chaetomium* is a common fungal taxon worldwide. Its representatives can be found in the soil, decomposed cellulosic materials, and indoor environments. Some species of the genus are also found as endophytes in healthy plants. Our work aims to select and characterize *Chaetomium* and *Dichotomopilus* strains that inhibit the growth of *Armillaria* species. *In vitro* antagonism tests were performed with ten *Chaetomium*, and one *Dichotomopilus* strains against two *A. cepistipes*, four *A. gallica*, four *A. mellea*, and five *A. ostoyae* strains. During the *in vitro* antagonism tests we observed that in some cases the *Armillaria* strain and the biocontrol microorganisms did not completely grow together in the Petri plate. To understand the mechanism of the antagonism, the samples were examined with a scanning electron microscope (SEM).

All examined *Chaetomium* and *Dichotomophilus* strains inhibited the growth of all tested *Armillaria* strains by over 80%. During the SEM examinations, severe damage was observed on the fungal mycelia treated with biocontrol microorganisms. *Chaetomium* strains could colonize *Armillaria*, in all cases we observed *Chaetomium* mycelia settling on damaged *Armillaria* mycelia, suggesting direct antagonism.

A previously selected antagonist, *Trichoderma atroviride* SZMC 24276, was also examined for its antagonistic mechanism against *Armillaria* using a scanning electron microscope. It was observed that the fungal mycelium of *T. atroviride* coils around the *Armillaria* mycelium.

The preparation of this conference material was supported by ÚNKP-23-4-SZTE-556 New National Excellence Program of the Ministry for Culture and Innovation from the source of the National Research, Development and Innovation Fund, and by the National Research, Development and Innovation Office (2022-1.2.6 - TÉT-IPARI-TR-2022-00009 project).



Arbuszkuláris mikorrhizagombák hatása kadmiummal kezelt tavaszi búza gyökérzetére

KELEMEN Bettina, FÜZY Anna, CSERESNYÉS Imre, RAJKAI Kálmán & TAKÁCS Tünde

HUN-REN ATK, Talajtani Intézet, 1022 Budapest – Institute for Soil Sciences, HUN-REN Centre for Agricultural Research, Budapest, Hungary, kelemen.bettina@atk.hu

Az arbuszkuláris mikorrhizagombák (AM) kölcsönösen előnyös szimbiózisban élnek a szárazföldi növények 80–90%-ával, és jótékony hatással vannak a növények vitalitására. A növény–gomba szimbiózis kialakulását a talajok fémszennyezése hátrányosan befolyásolja. A kadmium (Cd) felhalmozása elsősorban a növények gyökérzetében történik. A gyökérzet a gyökéraszociált szimbionták élettere, emellett morfológiai és funkcionális változásai a növény növekedésének, fejlődésének bioindikációjában is jelentőséggel bírnak. Tenyészedény-kísérletben vizsgáltuk különböző dózisu kadmium kezeléseket hatását AM gombával (AMF+) oltott és nem oltott (AMF–) tavaszi búza (*Triticum aestivum* L. cv. TC-33) növekedési és élettani paramétereire, különös tekintettel a gyökérzet adta válaszokra. Az oltást *Rhizoglossus intraradices* (sin. *Glomus intraradices*) oltóanyaggal végeztük. Kadmiumterhelésként négy dózist (Cd0, Cd1, Cd2, Cd3: rendre 0, 1, 2,5 és 5 mg Cd²⁺ kg⁻¹ nevelőközeg) alkalmaztunk. A gyökérzet morfológiáját és növekedési dinamikáját in situ és destruktív módszerekkel monitoroztuk. WINRHIZOTM képelemző szoftverrel meghatároztuk a gyökerek hosszát, átmérőjét és felületét. A gyökérnövekedés változásainak roncsolásmentes észlelésére a talaj–gyökér rendszer elektromos kapacitásának (CR) mérését használtuk. A kontroll (Cd0) növényekhez képest a mikorrhizáltság intenzitásában (M%) szignifikáns csökkenést (44%) a Cd3 kezeléseknél találtunk. A növény–gomba szimbiotikus kapcsolat működőképességére utaló arbuszkulumgazdagság (A%) mértéke az M%-hoz hasonlóan alakult. Az AM gomba oltás a Cd0, Cd1, Cd2 és Cd3 kezeléseknél rendre 7,4%-os, 9,7%-os, 17,6%-os és 14,5%-os gyökértömeg-növekedést eredményezett. A gyökerek tömege az AMF+ növényeknél szignifikánsan nagyobb volt, mint az AMF– növényeknél. A *R. intraradices* gyökérkolonizációja 15%-kal nagyobb gyökér/ hajtás arányt eredményezett az oltatlan növényekhez képest. A Cd-kezelés a gyökérzet felszínének és hosszának jelentős csökkenését eredményezte, szignifikáns csökkenést a Cd2 és Cd3 növényekre mértünk. A legnagyobb mértékű csökkenést a 0,5 mm alatti átmérőjű gyökerek esetében tapasztaltunk. Az AMF+ növények CR értéke minden esetben nagyobb volt, mint az oltatlanoké. Az AMF+ növényeken a kisebb Cd-dózis a CR értékekben enyhébb csökkenést okozott. Az AM gombával oltás a Cd2 növényeken 18,5%-kal növelte a CR-t, míg a Cd3 növényeken a növekedés 12,8% volt. Ez egyrészt magyarázható az AM növény-növekedésre gyakorolt kedvező hatásával, ami szignifikánsan nagyobb gyökérbio-masszát eredményezett a nem oltottakhoz képest. Továbbá az AM gombák gyökérkolonizációja révén az extraradikális hifahálózatnak a gyökérzet tápanyagfelvevő felületét

növelő hatásából is adódhat. A *R. intraradices* oltás kedvező hatása a Cd-toxicitás enyhítésén túl, a gyökérzet morfológiájára, növekedésére és funkcionálisára is jelentős.

A 137617 sz. projekt az NKFIH FK-21 pályázati programjának finanszírozásában valósult meg.

Effects of arbuscular mycorrhizal fungi on the root system of spring wheat treated with cadmium

Arbuscular mycorrhizal (AM) fungi live in a mutually beneficial symbiosis with 80–90% of terrestrial plants and have a beneficial effect on plant vitality. Metal contamination of soils adversely affects the plant-fungi symbiosis. Cadmium (Cd) accumulates primarily in the root system of plants. The root system is the habitat of root-associated symbionts, and its morphological and functional changes are also important in the bioindication of plant growth and development. We investigated the effect of different doses of cadmium treatments on spring wheat (*Triticum aestivum* L. cv. TC-33) inoculated with AM fungi (AMF+) and uninoculated (AMF-) in a pot experiment. The growth and physiological parameters were examined, especially the reactions of the root system. The inoculation was done with *Rhizoglyphus intraradices* (syn. *Glomus intraradices*) inoculum. Four doses were used as cadmium (Cd0, Cd1, Cd2, Cd3: 0, 1, 2,5 and 5 mg Cd²⁺ kg⁻¹ culture medium). We monitored the morphology and growth dynamics of the root system using in situ and destructive methods. The length, diameter and surface of the roots were determined using WINRHIZO™ image analysis software. The non-destructive changes in root growth were detected by measuring the electrical capacity (CR) of the soil-root system. We found a significant decrease (44%) in the intensity of mycorrhiza (M%) in the Cd3 treatments compared to the control (Cd0) plants. The measure of arbuscule richness (A%), indicating the functionality of the plant-fungi symbiotic relationship, developed similarly to M%. AM fungal inoculation resulted in an increase in root mass of 7.4%, 9.7%, 17.6% and 14.5% in treatments Cd0, Cd1, Cd2 and Cd3, respectively. The mass of roots in AMF+ plants was significantly higher than in AMF- plants. Root colonization by *R. intraradices* resulted in a 15% higher root/shoot ratio compared to uninoculated plants. The Cd treatment resulted in a significant decrease in the surface area and length of the root system, a significant decrease was measured for Cd2 and Cd3 plants. We found that roots with a diameter of less than 0.5 mm were mostly reduced. In all cases, the CR value of AMF+ plants were higher than that of non-inoculated ones. On AMF+ plants, the lower Cd dose caused a slight decrease in CR values. Inoculation with AM fungi on Cd2 plants increased CR by 18.5%, while on Cd3 plants the increase was 12.8%. This can be explained by the effect of AM on plant growth, which resulted in a significantly higher root biomass compared to non-inoculated ones. Furthermore, through the root colonization of AM fungi, it may also result from the effect of the extraradical hyphae network increasing the surface area of the root system for absorbing nutrients. In addition to Cd toxicity, the beneficial effect of *R. intraradices* inoculation is also significant on the morphology, growth and functionality of the root system.

No. 137617 project was implemented with the funding of the NKFIH FK-21 program.



Újonnan izolált tejsavbaktériumok gombaellenes hatása fuzáriumokra

KIRÁLY Szabina¹, PUSZTAHELYI Tünde², KOVÁCS Szilvia², PÓCSI István¹, KRISHNAN S. Vipin³ & NAMPOOTHIRI K. Madhavan³

¹Debreceni Egyetem, Természettudományi és Technológiai Kar, Molekuláris Biotechnológia és Mikrobiológia Tanszék, Debrecen – Department of Molecular Biotechnology and Microbiology, Institute of Biotechnology Faculty of Science and Technology, University of Debrecen, Debrecen, Hungary; kiraly.szabina@science.unideb.hu

²Debreceni Egyetem, Mezőgazdaság-, Élelmiszertudományi és Környezetgazdálkodási Kar, Agrárműszerközpont, Debrecen – Central Laboratory of Agricultural and Food Products, Faculty of Agricultural and Food Sciences and Environmental Management, University of Debrecen, Debrecen, Hungary

³Microbial Processes and Technology Division (MPTD), CSIR-National Institute for Interdisciplinary Science and Technology (NIIST), Thiruvananthapuram, India

A *Fusarium*-ok, mint a növények nagyon fontos kórokozói sokféle élelmiszer- és takarmányalapanyagot szennyeznek. A *Fusarium* másodlagos metabolitok (pl. trichotecének, zearalenon és fumonizinek) széles körben ismert mikotoxinok. A zöld címkével ellátott élelmiszerek iránti növekvő kereslet arra késztet minket, hogy elkerüljük a vegyi anyagok használatát a gyártási folyamatokban. Ezért az élelmiszerben fellelhető toxinok biológiai kontrollja fontos a fejlődő élelmiszer-ágazatban. A legújabb kutatások azt sugallják, hogy biológiai védekezésként a *Fusarium* mikotoxinok eliminációjára a tejsavbaktériumok (LAB) a legjobb választás. Az újonnan izolált LAB-törzseket gombaellenes szerként teszteltük *Fusarium moniliforme* NCIM 1099 és NCIM 1100, *F. graminearum* MTCC 2089 és *F. oxysporum* MTCC 284 törzseken. A különböző jellemzett és genetikailag azonosított *Limosilactobacillus fermentum* SD4, *Lactoplantibacillus plantarum* FCW4 és CB2 törzseket alkalmaztunk, és teszteltük gombaellenes potenciáljukat. Mindkét *F. moniliforme* törzs ellen az FCW4, CB2 és SD4 törzsek kiváló gátlást mutattak MRS szilárd táptalajon. A folyékony burgonya dextrózlevesben hasonló eredményeket kaptunk az FCW4, CB2 és SD4 törzsek tenyészetének szűrletével mindkét *F. moniliforme* törzs ellen, amit micélium degradációként észleltünk. A gombaellenes vegyületek fontosságát a tenyészfolyadékban a LAB-tenyészetek etil-acetát kivonatainak elkészítésével és Mueller-Hinton agarlemezekon történő korongdiffúziós vizsgálatokkal bizonyítottuk. A gombaellenes aktivitást felületileg sterilizált búza-, földimogyoró- és kukoricamagokban is teszteltük. Itt bizonyítottuk a *F. moniliforme* szennyeződés elleni gombaellenes hatást, valamint a kukoricaszemek gyökér- és hajtáshosszának változását a kezelésekre. *In vitro* kisüzemi kukorica növényi erjedés kiváló SD4 aktivitást mutatott ki a kevert populációkban, valamint a *Fusarium* kinövésének csökkenését a siló felnyitása után.

Köszönettel tartozunk az indiai Department of Science Technology felé az Indomagyar Nemzetközi Projekt pénzügyi támogatásáért [DST/INT/Hun/P-27/2020(G), 2021.7.9.]. A 2019-2.1.13-TÉT_IN-2020-00056 számú projekt a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Alap támogatásával, a 2019-2.1.13-TÉT_IN támogatási konstrukció támogatásával valósult meg. A TKP2021-NKTA-32 a Kulturális és Innovációs Minisztérium támogatásával, a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Alapból, az TKP2021-NKTA támogatási rendszer keretében valósult meg.

Antifungal effect of newly isolated lactic acid bacteria on *Fusarium* species

Fusarium species as very important fungal pathogens of crops contaminate a wide variety of food and feed basic materials. *Fusarium* secondary materials (e.g., trichothecenes, zearalenone, and fumonisins) are widely known mycotoxins. The growing demand for green-labelled food drives us to evade the use of chemicals in the production processes. Thus, the biocontrol of food toxins is important in the developing food sector. Recent research suggests that lactic acid bacteria (LABs) as biocontrol are the best choice for extenuating *Fusarium* mycotoxins. Newly isolated LABs were tested as antifungal agents on *Fusarium moniliforme* NCIM 1099 and NCIM 1100, *F. graminearum* MTCC 2089, and *F. oxysporum* MTCC 284 were tested against different characterised and genetically identified LAB strains. *Limosilactobacillus fermentum* SD4, *Lactoplantibacillus plantarum* FCW4 and CB2 strains were applied, and their antifungal potential was tested. Against both *F. moniliforme* strains, FCW4, CB2, and SD4 strains showed excellent inhibition on MRS solid medium. In liquid potato dextrose broth, we had similar results with the culture filtrate of FCW4, CB2, and SD4 strains against both *F. moniliforme* strains, what was detected as mycelial disintegration. We provided evidence of the importance of the antifungal compounds in the culture fluid by preparing ethyl acetate extracts of the LAB cultures and test them in disc diffusion assays on Mueller–Hinton agar plates. The antifungal activity was also tested in surface sterilised wheat, peanut, and corn kernels. Here we could prove the antifungal effect against *F. verticilloides* contamination and the changes in root and shoot length of the corn kernels *in vitro*. Small-scale maize plant fermentation revealed the excellent SD4 activity within mixed populations and the decrease of *Fusarium* outgrowth after silo opening.

The authors gratefully acknowledge the Department of Science Technology (DST), India for the financial support for the Indo-Hungary International project [DST/INT/Hun/P-27/2020(G) Dated 9.7.2021]. The project, no. 2019-2.1.13-TÉT_IN-2020-00056 has been implemented with the support provided by the National Research, Development and Innovation Fund of Hungary, financed under the 2019-2.1.13-TÉT_IN funding scheme. Project no. TKP2021-NKTA-32 has been implemented with the support provided by the Ministry of Culture and Innovation of Hungary from the National Research, Development and Innovation Fund, financed under the TKP2021-NKTA funding scheme.



A Magyar Mikológiai Társaság oktatási tevékenységei a tudomány szolgálatában

KISNÉ FODOR Lívia¹, FINY Péter¹, ALBERT László¹, BENEDEK Lajos^{1,2}, BOROS Lajos¹, FEDOR Ilona¹, KOSZKA Attila¹, TUSNÁDY Zsanett¹, PAPP Viktor^{1,2} & DIMA Bálint^{1,3}

¹Magyar Mikológiai Társaság, Budapest – Hungarian Mycological Society, Budapest, Hungary; hungmikologia@gmail.com

²Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Növényteremtési-tudományok Intézet, Növénytan Tanszék, Budapest – Department of Botany, Institute of Agronomy, Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Budapest, Hungary

³Eötvös Loránd Tudományegyetem, Biológiai Intézet, Növény szerkezet-tani Tanszék, Budapest – Department of Plant Anatomy, Institute of Biology, Eötvös Loránd University, Budapest, Hungary

A Magyar Mikológiai Társaság (MMT) több évtizede vállal vezető szerepet a hazai nagyomba-mikológiai oktatásban és ismeretterjesztésben. Egyesületünk jelenleg az államilag elismert, képesítést adó középfokú gombaszakellenőri képzés mellett több módon biztosít lehetőséget, hogy – a gyermekektől a tudományos kutatásra is nyitott tanfolyami hallgatókig – minden érdeklődő fejleszthesse a nagygombák rendszertani ismeretével, ökológiájával, védelmével kapcsolatban tudását, különböző szinteken.

A tudomány iránt érdeklődő hallgatók, a képzések során nemcsak újabb tudásanyaggal gazdagodnak, hanem lehetőségük nyílik betekinteni tudományos műhelyek munkáiba is, sőt sokszor maguk is bekapcsolódhatnak a kutatásokba, hozzájárulva új tudományos eredmények megszületéséhez. A mikroszkóphasználati képzést és a két-éves felsőfokú gombaismereti tanfolyamot kifejezetten azzal a céllal indítottuk el, hogy a hallgatók elsajátíthassák a nagygombák tudományos kutatása szempontjából megfelelő mintagyűjtési és vizsgálati sztenderd módszereket, valamint mélyebb elméleti ismeretek szerezhessenek a középfokú gombaismereti tanfolyamok tananyagánál. A hazai nagygombák rendszertani csoportjainak tematikus ismertetésén keresztül alapvetően faj-, illetve taxonismeret bővítése a cél, ami a recens tudományos publikációk alapján, valamint az adott szakterület hazai kutatóinak és terepi mikológusainak segítségével valósul meg. A speciális ismereteket és módszertani sajátosságokat igénylő gombacsoportok (pl. mohákon növő, tűznyomon élő vagy koprofil gombák stb.) hazai taxonjainak megismerését mikológiai workshopokon keresztül igyekeztünk elősegíteni.

Ezen új képzési formák eredményeként nagyszámú tudományos minta került az ország egész területéről a releváns kutatási műhelyekbe, megsokszorozva a hazai lelőhelyi adatokat (pl. védett és veszélyeztetett gombák), valamint hazánkra vagy éppen a tudomány számára új gombafajokat eredményezve.

A felsőfokú gombatanfolyamok végzett hallgatói közül többen tudományos publikációkban, vagy éppen fajleírásokban is szerzőséget vállalnak. Így olyan gombacsoportok magyarországi tudományos vizsgálata is megkezdődött vagy kiszélesedett a végzett hallgatók segítségével, amelyeket az aktív mikológusaink jelenleg nem vagy alig vizsgálnak. Továbbá ezen hallgatók (amatőr mikológusok) közül egyesek, idővel egy-egy gombacsoport hazai specialistáivá váltak, ezzel is gazdagítva a magyarországi nagygombák kutatóinak csoportját. A hazai funga minél teljesebb feltárásának érdekében,

a tudományos műhelyek által végzett DNS-vonalkód alapú vizsgálatok mellett, a gombák iránt érdeklődő civilek (citizen science) bevonása, és minél nagyobb számú amatőr mikológus (specialista) aktivitása igen nagy jelentőséggel bírhat. Ezért az MMT vezetősége a jelenlegi képzéseket folytatni és lehetőség szerint akár bővíteni is szeretné a jövőben.

Educational activities of the Hungarian Mycological Society in the service of science

The Hungarian Mycological Society has been taking a leading role in mycological education and knowledge dissemination for decades. In addition to the state-recognised intermediate mushroom inspector training courses, our association currently provides opportunities for learning in several ways to everyone – from children to course students who are enthusiastic for supporting scientific activities and wants to improve their knowledge about the taxonomic knowledge, the ecology and the protection of macrofungi, on different levels. Students interested in science will not only be enriched with new knowledge materials during the training, but will also have the opportunity to get an insight into the works of scientific research groups, and often can even join to the research, contributing to new scientific results. The microscope training and the two-year advanced course in fungal taxonomy have been initiated specifically to enable students to learn the standard methods of sampling and analysing appropriate for the scientific research of macrofungi, as well as to gain deeper theoretical knowledge than provided by the intermediate mushroom course. Through the thematic presentation of taxonomic groups of macrofungi in Hungary, the main objective is to expand the knowledge of species and higher taxa, which is achieved based on recent scientific publications, as well as with the help of the best researchers and field mycologists of the respective field. We also promote the knowledge of those fungal groups that require special knowledge and methodological specialities (e.g., bryophilous, pyrophilous or coprophilic fungi, etc.) via mycological workshops.

As a result of these new types of training, a large number of scientific samples from all over the country have been transferred to the relevant research groups, multiplying the data from Hungarian sites (e.g., protected and endangered fungi) and resulting in new species to our country or new species to science.

Many of the students who have completed the higher-grade mushroom courses are authors in scientific publications or even in new species descriptions. Thus, the scientific investigation of fungal groups in Hungary has also begun or expanded with the help of graduate students, which our active mycologists currently do not or rarely study. Furthermore, some of these students (amateur mycologists) eventually became specialists in one taxonomic group, thus enriching the group of researchers in Hungary. In order to explore the Hungarian funga as much as possible, in addition to the DNA barcoding carried out by scientific research groups, the involvement of citizen science and the activity of as many amateur mycologists (specialists) as possible, can be of great importance. Therefore, the board of the Hungarian Mycological Society wants to continue the current training and, if possible, even expand it in the future.



Fásodott hajtásrészek gombaközösségének vizsgálata dél-svédországi erdeifenyő-csemetékben

KNAPP G. Dániel & WITZELL Johanna

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

Az erdészet és a faipar szempontjából Észak-Európában kiemelt fontosságú erdeifenyőre (*Pinus sylvestris*) egyre nagyobb fenyegetést jelentenek a különböző patogén gombák. Az erdeifenyő, ahogy általánosan a növények, együtt élnek olyan endofiton gombákkal, amelyek tünetmentesen kolonizálják a belső szöveteiket. A fenyők héjkérge vagy másodlagos bőrszövege alatti fásodott szövetekben is számos endofiton gomba van jelen. Ezek akár befolyásolhatják a növények védekező képességét is a kórokozókkal szemben, de néhányuk jelentős kórokozóvá is válhat az életciklusa egy látens szakasza után, azonban ismereteink az erdeifenyő esetén is meglehetősen hiányosak ezen gombaközösségek kialakulásának, diverzitásának és funkcióinak megértéséhez.

Munkánk során a fiatal erdeifenyők egészséges hajtásainak belső, fásodott szövegeiben található gombaközösségeket és ezek patogén gombák elleni védekezésben játszott szerepüket vizsgáljuk. Kutatásaink fő célkitűzései: (i) Dél-Svédországban az erdeifenyők fásodott belső hajtásrészeiben található gombák általános diverzitásának vizsgálata, (ii) hogyan befolyásolják ezt a gombaközösséget az előkezelések és a nevelési körülmények a faiskolákban, (iii) a fontos (látens) kórokozó gombák jelenlétének és dominanciájának változása a vegetációs időszakok során, valamint (iv) eltérő hatással vannak-e a különböző endofiton gombaközösségek adott patogén gombák nekrozisképző képességére. Az erdeifenyők fásodott belső hajtásrészeiben található gombamikrobiom megismeréséhez mind klasszikus tenyésztésalapú technikákat, mind MinION platformon (Oxford Nanopore Technology) végzett HTS (high-throughput sequencing) alapú metabarcoding módszert alkalmazunk. A konferencián a kutatási projekt első eredményeit mutatjuk be.

A kutatást a FORMAS #2020-02125 és a Kungl. Skogs- och Lantbruksakademien (KSLA) #GFS2023-0166 támogatja.

Fungal communities in woody shoot tissues of Scots pine saplings in Southern Sweden

Scots pine (*Pinus sylvestris*), a species of critical importance to forestry and the wood industry, is increasingly threatened by fungal pathogens. Scots pine, like plants in general live together with fungal endophytes that colonize internal tissues asymptotically. These trees also harbour endophytic fungi in the woody tissues beneath the periderm or bark. While these endophytes may influence the defensive capabilities of pine saplings against pathogens, and some can become significant

pathogens during their latent life cycle stages, our understanding of the establishment, diversity, and functional roles of these fungal communities in pine trees remains limited.

Our research focuses on the fungal community within the woody shoot tissues of Scots pine and the potential roles these inhabitants play in combating other fungal pathogens. Our main goals are to gain information on: (i) the general fungal diversity of Scots pine wood in Southern Sweden, (ii) how this fungal community is influenced by pre-treatments and growing conditions in the nursery, (iii) the presence and dominance of important (latent) fungal plant pathogens across vegetational seasons, and (iv) the influence of different endophytic fungal microbiomes with varying community structures on the necrosis formation capability of infecting fungal pathogens.

To explore the fungal microbiome within the wood tissue of these plants, we use both classical culture-isolation techniques and metabarcoding with high-throughput sequencing (HTS) on the MinION platform (Oxford Nanopore Technology). Here, in this conference, we present the initial results of the research project.

This work is supported by the FORMAS #2020-02125 and Kungl. Skogs- och Lantbruksakademien (KSLA) #GFS2023-0166.



Illékony vegyületek által közvetített kölcsönhatások *Armillaria* és *Trichoderma* között: khatások a biológiai védekezési stratégiára

LANGUAR Omar^{1,2}, KEDVES Orsolya², CHAMPARAMARY Simang^{1,2}, LANGE-ENYEDI Nóra Tünde¹, INDIC Boris¹, VÁGVÖLGYI Csaba², KREDICS László², SZEKERES András² & SIPOS György¹

¹Soproni Egyetem, Erdőmérnöki Kar, Funkcionális Genomika és Bioinformatika Kutatócsoport, Sopron – Functional Genomics and Bioinformatics Group, Institute of Forest and Natural Resource Management, Faculty of Forestry, University of Sopron, Sopron, Hungary; o.languar@gmail.com

²Szegedi Tudományegyetem, Természettudományi és Informatikai Kar, Mikrobiológiai Tanszék, Szeged – Department of Microbiology, Faculty of Science and Informatics, University of Szeged, Szeged, Hungary

A gombák közötti biokémiai jelátvitel és ökológiai kölcsönhatások komplex hálózatát példázza az *Armillaria ostoyae* és a *Trichoderma atroviride* közötti illékony szerves vegyületeken (VOC) alapuló interakció. A tanulmánynak a célja, hogy megismerjük a vizsgált fajok VOC-termelését és feltárjuk a *Trichoderma atroviride*-nek mint az *Armillaria ostoyae* elleni biológiai védekező (BCA) szernek a VOC-alapú hátterét. Külön növesztett kolóniák szembeállítása során, génexpressziós profilalkotással és GC-MS elemzéssel igyekszünk tisztázni az *Armillaria ostoyae* és a *Trichoderma atroviride* közötti molekuláris kommunikációt a VOC-közvetített kölcsönhatásokon keresztül. Vizsgálatunk célja a VOC-termelést irányító szabályozási útvonalak azonosítása a másik partner VOC-jának érzékelése alapján a két gomba között a differenciális génexpressziós elemzések segítségével. A *Trichoderma atroviride* különböző VOC vegyületeket termel, köztük olyan erős irritáló anyagokat, mint a 6-pentil-2H-pyran-2-one (6PP). A vegyületek az *Armillaria ostoyae*-ban különböző kémiai védekező mechanizmusokhoz és nekrozishoz kapcsolódó génexpressziós profilok felülszabályozását váltják ki. Ez a tanulmány betekintést kíván nyújtani az *Armillaria ostoyae* és a *Trichoderma atroviride* között zajló komplex molekuláris párbeszédbe, hogy feltárja a gombaökológiai és a biokontroll kölcsönhatások során a VOC-vegyületek potenciális célpontjait. A kapott eredmények alapot adhatnak a jövőbeli kutatásokhoz, amelyek célja a gomba-gomba kölcsönhatások VOC-szintű megértése a mezőgazdaság, az erdőgazdálkodás és a környezeti fenntarthatóság fejlesztésében.

A konferenciaanyag a Kulturális És Innovációs Minisztérium ÚNKP-23-4-SZTE-556 kódszámú Új Nemzeti Kiválóság Programjának a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési És Innovációs Alapból finanszírozott szakmai támogatásával, valamint a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Hivatal (2022-1.2.6-TÉT-IPARI-TR-2022-00009 projekt) támogatásával készült.

Volatile compound-mediated interactions between *Armillaria* and *Trichoderma*: implications for biocontrol strategies

A complex network of biochemical signalling and ecological interactions between fungi is exemplified by the interaction between *Armillaria ostoyae* and *Trichoderma*

atroviride, involving volatile organic compounds (VOCs). The aim of this study was to understand the basis of VOC production in each species and to explore the VOC-related background of the use *Trichoderma atroviride* as a biological control agent (BCA) against *Armillaria ostoyae*. Using a dual culture assay (face-off between separately growing colonies), gene expression profiling, and GC-MS analysis, we aim to clarify the molecular communication between *Armillaria ostoyae* and *Trichoderma atroviride* through VOC-mediated interactions. Our study aims to identify regulatory pathways that control VOC production based on sensing VOC from the other partner among both fungi through differential gene expression analyses. *Trichoderma atroviride* produces a range of VOCs including strong irritants, as 6-pentyl-2H-pyran-2-one (6PP). The compounds trigger the upregulation of gene expression connected to diverse chemical defence mechanisms and possibly necrosis in *Armillaria ostoyae*.

This study aims to provide insight into the complex molecular dialogue between *Armillaria ostoyae* and *Trichoderma atroviride* in order to identify a potential VOC target for fungal ecology and biocontrol strategies. The results obtained will provide a foundation for future research to understand fungal-fungal interactions at the level of VOCs for use in the development of agriculture, forestry, and environmental sustainability.

The preparation of this conference material was supported by ÚNKP-23-4-SZTE-556 New National Excellence Program of the Ministry for Culture and Innovation from the source of the National Research, Development and Innovation Fund, and by the National Research, Development and Innovation Office (2022-1.2.6 - TÉT-IPARI-TR-2022-00009 project).



Növénypatogén gombaközösségek gazdapreferenciája és szezonalitása a szőlő és a szomszédos gyümölcsösök és őshonos cserjék leveleiben és fás szöveteiben

LEPRES Luca^{1,2}, MOLNÁR Anna^{1,3}, GEIGER Adrienn^{1,3}, VÁCZY Kálmán Zoltán¹ & GEML József^{1,3}

¹Eszterházy Károly Katolikus Egyetem, Élelmiszertudományi és Borászati Tudásközpont, Eger – Food and Wine Research Center, Eszterházy Károly Catholic University, Eger, Hungary; lepres.luca@uni-eszterhazy.hu

²Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Környezettudományi Doktori Iskola, Gödöllő – Doctoral School of Environmental Sciences, Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Gödöllő, Hungary

³Eszterházy Károly Katolikus Egyetem, HUN-REN-EKKE Lendület Környezeti Mikrobiom Kutatócsoport, Eger – HUN-REN-EKKE Lendület Environmental Microbiome Research Group, Eszterházy Károly Catholic University, Eger, Hungary

A szőlőtermesztés az egyik vezető mezőgazdasági ágazat Magyarországon. A szőlőültetvények gyakran gyümölcsösök és féltermészetes gyepek és bozótosok alkotta tájba ágyazódnak, ahol gyakran a rózsafélékhez tartozó cserjék dominálnak, mint például a vadrózsa (*Rosa canina*) és a kökény (*Prunus spinosa*). A környező növényzetnek a szőlő (*Vitis vinifera*) egészségére gyakorolt lehetséges hatása alig ismert. Összehasonlítottuk a növénypatogén gombaközösségeket a szőlő, a kajszibarack (*Prunus armeniaca*), a körte (*Pyrus communis*), a vadrózsa és a kökény fa- és levélmintáiban. A mintákat márciusban, júniusban és szeptemberben gyűjtöttük az Egri borvidéken. Az ITS2 rDNS-szekvencia adatokat a *dada2* csomaggal elemeztük R-ben, míg a taxonómiai jellemzést USEARCH segítségével végeztük a UNITE referenciaadatbázis legújabb (2023-as) kiadásának felhasználásával. A növénypatogén gombákat a FungalTraits adatbázis segítségével választottuk ki az adathalmazból. Mivel a levél- és faközösségek nagymértékben különböztek, ezért külön elemeztük őket. A domináns patogén nemzetségek közé tartozott többek között a *Phyllosticta*, *Alternaria* és *Ascochyta* a levelekben, valamint a *Seimatosporium*, *Phaeomoniella* és *Herpotrichia* a fás szövetekben. Megállapítottuk, hogy a levélközösségeket erős szezonális (az összetételbeli variancia 26%-a) és nem jelentős gazdahatás jellemezte, míg a faközösségekre ennek ellenkezője volt igaz, ahol a gazda a variancia 14%-át magyarázta. Ezenkívül megfigyeltük a növénypatogén gombák összetételbeli átfedését a szőlő, a gyümölcsfák és az őshonos rózsaféle cserjék között, ami azt jelzi, hogy számos patogén gomba mind a szőlőt, mind a gyümölcsfákat fertőzheti, és hogy a környező növényzet potenciális inokulumforrásként szolgálhat.

Host preference and seasonality of plant pathogenic fungal communities in leaves and wood of grapevine and adjacent orchards and native shrubs

Viticulture is one of the leading agricultural sectors in Hungary. Vineyards are often embedded in a landscape of fruit orchards and semi-natural vegetation of grasslands and shrublands, often dominated by *Rosaceae* shrubs, such as dogrose (*Rosa*

canina) and blackthorn (*Prunus spinosa*). The possible impact of the surrounding vegetation on grapevine (*Vitis vinifera*) health is scarcely known. We compared plant pathogenic fungal communities in wood and leaf samples of grapevine, apricot (*Prunus armeniaca*), pear (*Pyrus communis*), dogrose, and blackthorn. Samples were collected in March, June and September in the Eger wine region, Hungary. ITS2 rDNA metabarcoding data were generated using Illumina MiSeq and were analysed with *dada2* in R, while taxonomic characterisation was done in USEARCH using the latest (2023) release of the UNITE reference database. Plant pathogenic fungi were selected from the dataset based on functional guild assignment using the FungiTraits database. Because leaf and wood communities differed greatly, we analyzed them separately. Dominant pathogenic genera, among others, included *Phyllosticta*, *Alternaria*, and *Ascochyta* in leaf and *Seimatosporium*, *Phaeomoniella*, and *Herpotrichia* in wood. We found that leaf communities were characterized by strong seasonality (26% of compositional variance) and non-significant host effect, while the opposite was true for wood communities, with host explaining 14% of variance. In addition, we observed compositional overlap of plant pathogenic fungi among grapevine, fruit trees and native *Rosaceae* shrubs, indicating several pathogenic fungi are known to infect both grapevine and *Rosaceae* fruit trees and that surrounding vegetation can serve as potential sources of inoculum.



Szertefoszló kulturális örökségünk – a néprajzi gyűjteményeket veszélyeztető mikroszkopikus gombák

MAGYAR Donát¹, TISCHNER Zsófia², CZUPPON Tamás^{3,4}, SOLYMOSI Norbert⁵ & KREDICS László⁶

¹Nemzeti Népegészségügyi és Gyógyszerészeti Központ, Budapest, – National Center for Public Health and Pharmacy, Budapest, Hungary; magyar.donat@gmail.com

²Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Akvakultúra és Környezetbiztonsági Intézet, Környezetbiztonsági Tanszék, Gödöllő – Department of Environmental Safety, Institute of Aquaculture and Environmental Safety, Hungarian University of Agriculture and Environmental Sciences, Gödöllő, Hungary

³Hansági Múzeum, Mosonmagyaróvár, – Hansági Museum, Mosonmagyaróvár, Hungary

⁴Pázmány Péter Katolikus Egyetem Régészeti Intézet, Budapest – Institute of Archaeology, Pázmány Péter Catholic University, Budapest, Hungary

⁵Állatorvostudományi Egyetem, Bioinformatikai Központ, Budapest – Centre for Bioinformatics, University of Veterinary Medicine, Budapest, Hungary

⁶Szegedi Tudományegyetem, Természettudományi és Informatikai Kar, Mikrobiológiai Tanszék, Szeged – Department of Microbiology, Faculty of Science and Informatics, University of Szeged, Szeged, Hungary

A gombák biodegradáció révén jelentős károkat, állagromlást, értékcsökkenést okozhatnak szerves anyagokból készült tárgyainkon, melyek védelme fontos feladat, főként, ha ezek kulturális örökségünk részét képezik. A műtárgyvédelem területén a néprajzi tárgyakat veszélyeztető gombákról kevés kutatási eredmény áll rendelkezésre. A célunk két hazai, vízkárral érintett néprajzi gyűjtemény mikológiai vizsgálata volt.

Vizsgálatainkat egy nyugat-magyarországi (NY) és egy pest megyei (PE) néprajzi gyűjteményben végeztük. A NY épület téglafalazatú (tűzoltás következtében ázott be); a PE vályog (talajvíz elleni szigetelés hiányossága miatt érte vízkár). Az épületekben összesen 18 helyiségben (NY: 11 emeleti és négy alagsori raktár, PE: két földszinti és egy alagsori kiállítótér) gyűjtöttünk mintákat a levegőből (MK2 Andersen-típusú mintavevő, 100–100 l) és tárgyak felületéről (NY: 54, PE: 34 db), melyeket 2%-os, klóramfenikol-tartalmú malátakivonatos agaron tenyésztettük (25 °C, öt nap). A megjelenő sporuláló penészgombatelepeket nemzetségszinten meghatároztuk, és kiszámítottuk a légköri koncentrációjukat. Egyes törzsek molekuláris azonosítását is elvégeztük a 18S rDNS ITS régiójának hagyományos Sanger-szekvenálása alapján, (BayGen 3500 Genetic Analyzer). Metagenom-elemzést is végeztünk a NY gyűjtemény felületi mintáiból. Az emeleti mintában 4 360 079, az alagsoriban 3 891 454 klasztert tudunk taxonklasszifikálni az NCBI NT adatbázisát felhasználva.

A beltéri levegőminták 83%-ában a gombák légköri koncentrációja meghaladta az irányértéket. A néprajzi tárgyak anyaga főként fa, papír, szalma, kerámia volt; melyek (a kerámia kivételével) kiváló tápanyagul szolgáltak a gombáknak, jelentős, olykor helyrehozhatatlan kárt szenvedve. Kimagaslóan nagy számú gombafajt azonosítottunk (a modern tárgyakhoz képest), amely a szerves anyagok változatosságának következménye. A kimutatott taxonok közül említést érdemel: *Trichoderma virens* (ivaros alakban is), *Cryptendoxyla*, *Helicofilia*, *Serpula lacrymans* (faeszközökön),

Spiromastix curvata (szalmakosarakon), *Ascotricha chartarum*, *A. erinaceae*, *Talaromyces*, *Tropospora* (papíron). A beltéri levegőben gyakori gombák (NY/PE) épület esetében: *Aspergillus sydowii* (12%/32%), *Penicillium* spp. (21%/27%), *Cladosporium* spp. (2%/12%).

A néprajzi tárgyak cellulóz- és lignintartalmuk miatt különösen érzékenyek a gombakártételre, ezért fontos a megfelelő tárolásuk (R.H. <55%). A *S. lacrymans* kártétele miatt a gyűjteményt 3 raktárban (NY) meg kellett semmisíteni. E tárgyak restaurálása során fontos a fertőtlenítés és a megfelelő légzésvédelem és védőruházat használata. Gombákkal szennyezett gyűjtemény tárgyaival és a belsőtéri levegővel való érintkezés komoly egészségkockázatot jelenthet, elsősorban az ott dolgozók esetében.

Eredeti környezetükben (vályogház) tárolt tárgyakon előforduló gombák tanulmányozásával betekintést nyerhetünk abba, hogy az előző évszázadok embere milyen mikrobiális/mikológiai környezeti hatásoknak lehetett kitéve.

Our disappearing cultural heritage – microscopic fungi threatening ethnographic collections

Through biodegradation, fungi can cause serious damage, deterioration and depreciation on artefacts. Their preservation is especially important when they represent our cultural heritage. In this field, little research is available on the fungi that threaten ethnographic artefacts. Our aim was to conduct a mycological study of two ethnographic collections affected by water damage in Hungary. Our investigations were carried out in Western Hungary (NY) and in Pest County (PE). The brick walls of the NY building were soaked by water during fire-fighting. The PE is a traditional adobe house with an inadequate groundwater insulation. Surfaces of objects (NY: 54, PE: 34), and air was sampled with an Andersen-type (MK2) sampler (100–100 l, in a total of 18 rooms (NY: 11 ground floor and four basement storerooms, PE: two ground floor and 1 basement exhibition space). The samples were cultured on 2% MEA+chloramphenicol (25 °C, five days). The sporulating mould colonies were identified to the genus level and their airborne concentrations were calculated. Molecular identification of individual strains was performed with conventional Sanger sequencing of the ITS region of 18S rDNA (BayGen 3500 Genetic Analyzer). Metagenomic analysis was also performed on surface samples from the NY collection. We were able to classify 4 360 079 clusters in the upstairs sample and 3 891 454 clusters in the basement sample using the NCBI NT database. In 83% of the indoor air samples, airborne concentrations of fungi exceeded the threshold level. The investigated ethnographic artefacts were mainly made of wood, paper, straw, ceramics which (with the exception of ceramics) provided excellent nutrients for fungi, sometimes causing irreversible damage. An exceptionally large number of fungal species was identified (compared to modern objects), which is a consequence of the diversity of organic materials. Some noteworthy taxa are *Trichoderma virens* (also with ascocarps), *Cryptendoxyla*, *Helicofilia*, *Serpula lacrymans* (on wooden tools), *Spiromastix curvata* (on straw baskets), *Ascotricha chartarum*, *A. erinaceae*, *Talaromyces*, *Tropospora* (on paper). Common

fungi in the indoor air samples were (NY/PE): *Aspergillus sydowii* (12%/32%), *Penicillium* spp. (21%/27%), and *Cladosporium* spp. (2%/12%). Because of their cellulose and lignin content, ethnographic objects are particularly susceptible to fungal damage; it is therefore important to store them properly (R.H. <55%). Due to the damage caused by *S. lacrymans*, the collection had to be destroyed in 3 warehouses (NY). Indoor air quality of contaminated artefact collections can pose a serious health risk, especially for workers. Before the restoration of the artefacts, disinfection is recommended; workers should wear masks and protective clothing. By studying the fungi on objects stored in their original environment (i.e., adobe house), we can gain insight into the mycological environment to which people of previous centuries may have been exposed.



A szárazságstressz hatása a szőlő hajtásait kolonizáló gombaközösségekre az Egri borvidéken

MOLNÁR Anna^{1,2}, GEML József², GEIGER Adrienn^{1,2,3}, MOTA LEAL Carla^{2,3}, KGOBE Glodia^{2,3}, TÓTH Adrienn Mária⁴, VILLANGÓ Szabolcs⁴, LOVAS Miklós¹, BAKOS-BARCSI Nóra¹, VÁCZY Kálmán Zoltán^{1,2}, LŐRINCZ György⁴ & ZSÓFI Zsolt⁴

¹Eszterházy Károly Katolikus Egyetem, Kutatási és Fejlesztési Központ, Eger – Centre for Research and Development Eszterházy Károly Catholic University, Eger, Hungary; molnar.anna@uni-eszterhazy.hu

²Eszterházy Károly Katolikus Egyetem, HUN-REN-EKKE Lendület Környezeti Mikrobiom Kutatócsoport, Eger – HUN-REN-EKKE Lendület Environmental Microbiome Research Group, Eszterházy Károly Catholic University, Eger, Hungary

³Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Környezettudományi Doktori Iskola, Gödöllő – Environmental Sciences Doctoral School, Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Gödöllő, Hungary

⁴Eszterházy Károly Katolikus Egyetem, Természettudományi Kar, Szőlészeti és Borászati Intézet, Eger – Institute for Viticulture and Enology, Eszterházy Károly Catholic University, Eger, Hungary

A szőlőmikrobiom összetételét befolyásoló biotikus és abiotikus tényezőkkel kapcsolatos ismereteink bővítése mezőgazdasági jelentőséggel bír a növény egészségre, termőképességre és a bor érzékszervi tulajdonságaira gyakorolt lehetséges hatásai révén. A szőlő morfológiai, fiziológiai, biokémiai és molekuláris tulajdonságait befolyásoló különféle környezeti tényezők közül a szárazságstressz az egyik legsúlyosabb, világszerte egyre növekvő probléma.

Jelen tanulmányunkban felmértük a vízhiány hatását a gombaközösségek diverzitására és összetételére, valamint a bogyók és levelek kémiai jellemzőire. Élettani paraméterek (hajnali vízpotenciál és gázcsere) alapján mérsékelt szárazságstressz által érintett mintavételi területet alakítottunk ki az Egri Borvidéken, Magyarországon. DNS-metabarkódolásból származó adatok generálását követően statisztikailag összehasonlítottuk a gombák számos funkcionális csoportjának fajgazdagságát, relatív abundanciáját és összetételét két fajta (*Vitis vinifera* cv. Furmint és cv. Kadarka) esetében. A gomba funkciós csoportok fajgazdagsága és relatív abundanciája statisztikailag különbözött a különböző szervekben, valamint a kontroll és szárazságstressznek kitett minták között. A levélélettani paraméterek, valamint a bogyók savtartalma és cukorkoncentrációja is fajtaszintű és stresszhez kapcsolódó különbségeket mutattak. Eredményeink újszerű betekintést nyújtanak a szőlő mikrobiális dinamikájába a Magyarországot egyre inkább érintő szárazságstressz tekintetében.

Drought-induced shifts in fungal assemblages of grapevine canopies in the Eger wine region

Improving our knowledge on biotic and abiotic factors that influence the composition of the grapevine mycobiome is of great agricultural significance, due to potential effects on plant health, productivity, and wine characteristics. Among the various environmental factors affecting the morphological, physiological, biochemical, and

molecular attributes of grapevine, drought stress is one of the most severe, becoming increasingly an issue worldwide.

In the present study we assessed the influence of water deficit on the diversity and composition of fungal communities and chemical characteristics of the berries and leaves. Based on physiological parameters (pre-dawn water potential and gas-exchange) a sampling area was designed in the Eger Wine Region, Hungary, affected by moderate drought stress. We generated DNA metabarcoding data, and statistically compared the richness, relative abundance, and composition of several functional groups of fungi in two cultivars (*Vitis vinifera* cv. Furmint, and cv. Kadarka). The richness and relative abundance of fungal functional groups statistically differ among berry and leaf, and control samples compared to those under drought stress. We also detected cultivar-level and stress-related differences in leaf physiology and the acidity and sugar concentration of berries. Our findings offer novel insights into the microbial dynamics of grapevine considering drought stress with implications for viticulture.



Fuzáriumok a borókaszúval fertőzött, rákszerű tüneteket mutató ciprusféléken (*Cupressaceae*)

MOLNÁR Orsolya¹, NÉMETH Z. Márk¹, BOZSIK Gábor¹, SERESS Diána¹, KOVÁCS M. Gábor^{1,2,3} & SZŐCS Gábor¹

¹HUN-REN Agrártudományi Kutatóközpont, Növényvédelmi Intézet, 1022 Budapest – Plant Protection Institute, HUN-REN Centre for Agricultural Research, 1022 Budapest, Hungary; molnar.orsolya@atk.hun-ren.hu

²Eötvös Loránd Tudományegyetem, Biológia Intézet, Növény szerkezettani Tanszék, Budapest – Department of Plant Anatomy, Institute of Biology, Eötvös Loránd University, 1117 Budapest, Hungary

³HUN-REN-ELTE-MTM Integratív Ökológia Kutatócsoport, Budapest – HUN-REN-ELTE-MTM Integrative Ecology Research Group, Budapest, Hungary

A ciprusfélék (*Cupressaceae*) Európa mérsékelt éghajlati övében népszerű dísznövények. A borókaszúra (*Phloeosinus aubei*), mely a *Seiridium cardinale*, a ciprusrák, a fák pusztulását okozó pusztító betegség kórokozó gombájának ismert vektora, az 1990-es években lettek figyelmesek nagymértékű károsítása kapcsán. Az utóbbi években Magyarországon több helyen is megfigyelték a *Cupressaceae* családba tartozó fák elhalt vagy kiszáradó leveleit és ágait. Ezek a tünetek a ciprusrák tüneteire emlékeztettek. Munkánk célja az volt, hogy a fa–borókaszú–gomba tritrófikus komplex eredeti mediterrán elterjedési területétől extrazonálisan, Európa mérsékelt éghajlatú régiójában azonosítsuk az e tünetekkel összefüggésbe hozható gombákat.

2022-ben beteg és tünetmentes növényi mintákat, valamint járatokból származó borókaszú egyedeket gyűjtöttünk Magyarország különböző helyszínein. A gombákat az ITS DNS-szekvenciáik alapján azonosítottuk. A *Fusarium*-nemzetségbe tartozó izolátumokat tovább tisztítottuk, míg egyetlen konídiumból származó tenyészeteket nyertünk. Az így kapott 20 izolátumot a *Fusarium*-nemzetség esetében leginkább használatos transzlációs elongációs faktor (*TEF*) és az RNS-polimeráz II. második legnagyobb alegységének (*RPB2*) szakaszainak segítségével vizsgáltuk. A szekvenciákat az NCBI adatbázisából letöltött referenciaszekvenciákkal együtt filogenetikai elemzésnek vetettük alá az izolátumok fajszintű azonosítására. Összesen 246 gombaizolátumot nyertünk, és 183-at azonosítottunk szekvenálással. *Seiridium*-fajokat nem mutattunk ki. A *Fusarium* a második leggyakrabban azonosított nemzetség volt. Egy kivétellel valamennyi *Fusarium*-izolátumot beteg növényi mintából izoláltuk, az egy izolátum pedig egy imágó borókaszú egyedből származott. A 20 monokonidiális izolátumunk nyolc *Fusarium*-fajba tartoztak, amelyek hat különböző *Fusarium*-fajkomplex képviselői. Ezek a fajok mind először lettek izolálva ciprusfélékből. Adataink arra utalnak, hogy a fuzáriumok összefüggésbe hozhatók a ciprusrákra jellemző tünetekkel.

***Fusarium* fungi of bark beetle-infested scale-leaved conifers (*Cupressaceae*) exhibiting symptoms similar to canker**

The cypresses (*Cupressaceae*) are popular ornamental plants in the temperate climate zone of Europe. The cypress bark beetle (*Phloeosinus aubei*) is known as the

vector of the fungus *Seiridium cardinale*, the causative agent of cypress canker. Cypress canker is a devastating disease leading to tree decay, first drew attention in the 1990s due to its significant damage. In recent years, in various locations in Hungary, dead or withering leaves and branches of trees belonging to the Cupressaceae family have been observed. These symptoms resembled those of cypress canker. The aim of our work was to identify the fungi associated with these symptoms in the temperate climate region of Europe, extrazonally from the original Mediterranean distribution range of the tree – bark-beetle – fungi tritrophic complex.

In 2022, we collected diseased and symptomless plant samples as well as bark beetles from different locations in Hungary. Fungi were identified based on their internal transcribed spacer (ITS) DNA sequences. Isolates belonging to the *Fusarium* genus were further purified, and cultures were obtained from single conidia. The obtained 20 isolates were examined using the translation elongation factor (*TEF*) and the second largest subunit of RNA polymerase II (*RPB2*) sequences, commonly used for *Fusarium* genus identification. Sequences were subjected to phylogenetic analysis along with reference sequences downloaded from the NCBI database to identify isolates at the species level.

In total, 246 fungal isolates were obtained, and 183 were identified by sequencing. No *Seiridium* species were detected. *Fusarium* was the second most commonly identified genus. With one exception, all *Fusarium* isolates were obtained from diseased plant samples, and one isolate originated from an adult bark beetle. Our 20 monoconidial isolates belonged to eight *Fusarium* species, representing six different *Fusarium* species complexes. These species were all isolated from cypresses for the first time. Our data suggest that *Fusarium* fungi may be associated with symptoms typical of cypress canker.



Egy idegenhonos lisztharmatgombafaj, a szilfákat fertőző *Erysiphe kenjiana* első felbukkanása Magyarországon

MOLNÁR Orsolya¹, SERESS Diána¹, BOROSTYÁN Katalin¹, PINTYE Alexandra^{1,2} & NÉMETH Z. Márk¹

¹HUN-REN Agrártudományi Kutatóközpont, Növényvédelmi Intézet, 1022 Budapest – Plant Protection Institute, HUN-REN Centre for Agricultural Research, 1022 Budapest, Hungary; molnar.orsolya@atk.hun-ren.hu

²Eötvös Loránd Tudományegyetem, Biológia Intézet, Növényyszervezettani Tanszék, Budapest – Department of Plant Anatomy, Institute of Biology, Eötvös Loránd University, 1117 Budapest, Hungary

Az Európában természetesen előforduló, vagy dísznövényként ültetett szilfák (*Ulmus* spp.) lisztharmatra fogékonyak. A betegség leggyakoribb kórokozói az *Erysiphe ulmi* és a *Phyllactinia nivea* lisztharmatgombák. Egy vizsgálat során két különböző morfológiájú *Erysiphe*-fajt azonosítottunk lisztharmatos szilfákról. Néhány mintában *Uncinula*-típusú kazmotéciumok (termőtestek) voltak megfigyelhetők, amelyek függelékei a végükön visszakunyorodók. Más mintákban a kazmotéciumok függelékeinek végén jellegzetes spirális csavarok voltak láthatók. A morfológia alapján a kórokozókat *E. ulmi* és *E. kenjiana*-ként azonosítottuk. Az azonosítás igazolására DNS-t nyertünk ki három-három mintából, és a nukleáris riboszomális DNS ITS (internal transcribed spacer) szakaszát amplifikáltuk és szekvenáltattuk. A filogenetikai elemzés megerősítette az azonosításokat, mivel a mintáinkból kapott szekvenciák teljesen megegyeztek más *E. ulmi* és *E. kenjiana* minták korábban publikált ITS szekvenciáival. Munkánk során elsőként mutattuk ki az *E. kenjiana* jelenlétét Magyarországon. Az *E. kenjiana* Ázsiából származó gomba; eredeti elterjedési területén kívül korábban Ukrajnában, Oroszország nyugati felén és Romániában dokumentálták a jelenlétét. Úgy tűnik, hogy a gomba nyugat felé terjed, amit valószínűleg a kereskedelmi tevékenységek segítenek elő, amint azt a gomba urbanizált területeken való jelenléte is mutatja.

***Erysiphe kenjiana*, a pathogen of Asian origin infecting elm trees documented first time from Hungary**

Elm trees (*Ulmus* spp.) occurring naturally or planted as ornamentals in Europe, are susceptible to powdery mildew (PM). The most common causal agents of this disease are *Erysiphe ulmi* and *Phyllactinia nivea*. During a study of PM fungi on *Ulmus* trees we identified two distinct *Erysiphe* species with notably different morphologies. In some samples, chasmothecia (fruiting bodies) had appendages with uncinately-circinate apices, while in others, the chasmothecia had appendages with characteristic helical coils at their apices. Based on morphology, we tentatively identified the causal agents as *E. ulmi* and *E. kenjiana*, known to infect *Ulmus* trees in Europe. To confirm these identifications, DNA was extracted from three samples each, and the internal transcribed spacer (ITS) region of the nuclear ribosomal DNA was sequenced. The phylogenetic analysis corroborated the identifications, as the sequences obtained from

our samples were completely identical to those of other *E. ulmi* and *E. kenjiana* samples, respectively. This study marks the first report of *E. kenjiana* in Hungary, a fungus of Asian origin, documented previously from western Russia, Ukraine, and Romania outside of its native range. The fungus appears to be spreading westward, possibly facilitated by human transport activities, as evidenced by its presence primarily in urbanized areas.



bZIP típusú transzkripciós faktorok vizsgálata *Aspergillus flavus*-ban

MONDOK Ágnes Kata¹, KOCSIS Beatrix^{1,2}, HARAPKÓ Dóra¹, PÓCSI István^{1,2} & LEITER Éva^{1,2}

¹Debreceni Egyetem, Természettudományi és Technológiai Kar, Biotechnológiai Intézet, Molekuláris Biotechnológiai és Mikrobiológiai Tanszék, Debrecen – Department of Molecular Biotechnology and Microbiology, Institute of Biotechnology, Faculty of Science and Technology, University of Debrecen, Debrecen, Hungary; magneskata@gmail.com

²HUN-REN-DE Gomba Stresszbiológiai Kutatócsoport, Debrecen – HUN-REN-UD Fungal Stress Biology Research Group, Debrecen, Hungary

Az *Aspergillus flavus* egy szaprotróf és patogén gomba, amely súlyos mezőgazdasági károkat okoz a terményekben, gyakran halálos kimenetelű aszpergillózist idéz elő emberben, valamint a szekunder metabolit aflatoxin termelésével emlősökben májkárosodást és immunszuppressziót eredményez. Korábbi tanulmányainkban azt tapasztaltuk, hogy a szekunder metabolitok, így a mikotoxinok termelését a *Schizosaccharomyces pombe* Atf1 ortológ bZIP típusú transzkripciós faktorok szabályozzák fonalas gombákban. *Aspergillus nidulans*-ban az *atfA* deléciója a sterigmatocisztin termelését, a $\Delta FvatfA$ gén deléció *Fusarium verticillioides*-ben a fumonizin bioszintézist gátolta. Az Atf1 ortológok a fonalas gombák stressz védelmi rendszerében is fontos szerepet töltenek be.

Ebben a munkában néhány bZIP típusú transzkripciós faktor deléciós mutánsát készítettük el és fenotípusosan jellemeztük. Az *AflatfA* deléciója nagyfokú H₂O₂ érzékenységet okozott. A $\Delta Aflap1$ mutáns oxidatív stresszre volt érzékeny H₂O₂ és tBOOH jelenlétében. Az *AflzipA* deléciója szintén oxidatív stressz érzékenységi fenotípust eredményezett H₂O₂ és tBOOH kezelés hatására, továbbá érzékenynek bizonyult a sejtfalintegritás stresszt okozó Kongóvíz és az ozmotikus stresszt indukáló szorbit kezelésre. Az *AFLA_014249* (*Aspergillus fumigatus atfC* és *atfD* ortológ) deléciós mutáns PDA táptalajon körülbelül 10-szer több aflatoxint termelt, mint a kontroll törzs.

Reményeink szerint eredményeink hozzájárulhatnak az *A. flavus* stresszválaszának és aflatoxin termelésének mélyebb megértéséhez.

A kutatás a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Hivatal (Magyarország) K142801 pályázati forrás finanszírozásával valósult meg a TKP2021-EGA-20 sz. projekt (Biotechnológia) a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Alap támogatásával valósult meg a TKP2021-EGA finanszírozási rendszeren keresztül. A projekt a HUN-REN Magyar Kutatói Hálózat támogatásában is részesült.

Study on bZIP type transcription factors in *Aspergillus flavus*

Aspergillus flavus is a saprotrophic soil-borne pathogenic fungus causing serious damages in crops in agriculture and often fatal aspergillosis in human as well as liver damage and immunosuppression by the production of aflatoxin secondary metabolite in mammals. In previous studies we observed that secondary metabolite including mycotoxin production is controlled by the *Schizosaccharomyces pombe* Atf1 ortholog

bZIP type transcription factors in filamentous fungi. Deletion of *atfA* in *Aspergillus nidulans* and the $\Delta FvatfA$ gene deletion in *Fusarium verticillioides* hindered sterigmatocystin production and fumonisin biosynthesis, respectively. Atf1 orthologs play important role in the stress defense system of filamentous fungi as well.

In this study, we generated and phenotypically characterized some bZIP transcription factor encoding gene deletion mutants. Deletion of *AflatfA* resulted in high H₂O₂ sensitivity. The $\Delta Aflap1$ mutant showed oxidative stress sensitivity in the presence of H₂O₂ and *tBOOH*. Deletion of *AflzipA* increased also the oxidative stress sensitivity of the fungus treated with H₂O₂ and *tBOOH* and, furthermore, the cell wall integrity stress susceptibility tested with Congo Red as well as the osmotic stress sensitivity triggered by sorbitol. The *AFLA_014249* (ortholog of *Aspergillus fumigatus atfC* and *atfD*) deletion mutant produced approximately ten times more aflatoxin than the corresponding control strain tested on PDA medium.

Our results may hopefully contribute to a deeper understanding of the stress response and aflatoxin production of *A. flavus*.

The research was financed by the National Research, Development and Innovation Office (Hungary) K142801 grant. Project no. TKP2021-EGA-20 (Biotechnology) has been implemented with the support provided from the National Research, Development and Innovation Fund of Hungary, financed under the TKP2021-EGA funding scheme. This project has also received funding from the HUN-REN Hungarian Research Network.



Az uzneasav hatása az *Anopheles gambiae*-re Nyugat-Kenyában

MUHORO Arthur M.^{1,2}, OCHOMO Eric² & FARKAS Edit³

¹Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Biológiai Tudományi Doktori Iskola, Gödöllő – Doctoral School of Biological Sciences, Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Gödöllő, Hungary; arthmacharia@yahoo.com

²Kenya Medical Research Institute, Centre for Global Health Research, Kisumu, Kenya

³HUN-REN Ökológiai Kutatóközpont, ŐBI, Vácrátót, – Institute of Ecology and Botany, HUN-REN Centre for Ecological Research, Vácrátót, Hungary

Az *Anopheles gambiae* a malária fő vektora, amely a malária által okozott halálesetek 90%-áért felelős. A jelenlegi vektor-kontroll mellett, a malária-átvitel még mindig magas a szubszaharai afrikai államokban. A zuzmók több, mint ezer bioaktív másodlagos anyagcsereterméket termelnek. Némelyikük potenciális inszekticid. Közülük az uzneasavat használják leggyakrabban erre a célra. Az uzneasav mindkét enantiomerje termelődik a természetben. Inszekticidként a (-)-uzneasavat találták hatásosabbnak, mint az egyébként gyakrabban termelődő (+)-uzneasav izomert. Célunk, hogy a tiszta (+)-uzneasavat és a (-)-uzneasav és fumarprotocetrársav tartalmú *Cladonia foliacea* nyers kivonatát teszteljük, hogy a nyugat-kenyai *A. gambiae*-re gyakorolt hatásuk között van-e különbség. Az *A. gambiae* mortalitás-értékeit hasonlítottuk össze különböző koncentrációjú uzneasav vagy kivonat (5–90 mg/ml) alkalmazása során, 2% vörös indikátorfesték és 5 ml (csaliként használt) 10% cukoroldat hozzáadásával, laboratóriumi körülmények között. Frissen kikelt, kiéheztetett 5–5 hím és 5–5 nőstény szúnyogot vetettünk alá a koncentráció-sorozatnak orális úton bejuttatott cukros csali formájában, három ismétlésben, majd a mortalitást vizsgáltuk 4, 24, 48 és 72 óra elteltével. Az eredmények szerint a tiszta (+)-uzneasav magasabb mortalitást mutatott, mint a nyers kivonat, bár mindkettő potenciális orális inszekticidnek tekinthető. Ugyancsak mind a hím, mind a nőstény egyedek fogyasztottak a toxikus csaliból, és egyaránt érzékenyek voltak. Következésképpen, az uzneasavat az integrált szúnyog-gyérítés szempontjából ígéretesnek tarthatjuk a *Plasmodium falciparum* terjesztésének szabályozásában.

A kutatás a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Alapítvány NKFI K 124341. számú pályázata és a Stipendium Hungaricum PhD Ösztöndíj (2020–2024) támogatása.

The effect of usnic acid on *Anopheles gambiae* in Western Kenya

Anopheles gambiae is the major vector of malaria and accounts for at least 90% of deaths attributed to malaria. Despite the application of existing vector control tools, malaria transmission remains high in sub-Saharan African countries. Lichens produce over a thousand biologically active secondary metabolites. Some of them are potential insecticides. Among them usnic acid has been applied most frequently for this purpose. Both enantiomers of this lichen secondary metabolite are produced in nature. As insecticide, (-)-usnic acid has been found more effective, than the otherwise more frequent (+)-usnic acid isomer. It was aimed to test if pure (+)-usnic acid and the crude extract

of the (-)-usnic acid and fumarprotocetraric acid containing *Cladonia foliacea* has any difference in its effect against the Western Kenyan *A. gambiae*. Mortality values of *A. gambiae* were compared when exposed to different concentrations of usnic acid or its crude extract (5–90 mg/ml) adding also 2% red dye as indicator and 5 ml 10% sugar solution (applied as bait) under laboratory conditions. Newly starved 10 mosquitoes hatched (5 male and 5 female) were exposed to each of the prepared concentrations and control in form of oral toxic sugar bait in 3 replicates and post exposure mortality monitored at 4, 24, 48 and 72 hours. Results show that pure (+)-usnic acid caused higher mortality compared to crude extract, however, both can be considered as potential oral insecticides. Both males and females fed on toxic bait and were susceptible. Therefore, application of usnic acid is promising in integrated mosquito management for control of *Plasmodium falciparum* transmission.

This study was supported by the National Research Development and Innovation Fund NKFI K 124341 and the Stipendium Hungaricum Scholarship (2020–2024).



Fehérkalapú csiperkegomba (*Agaricus bisporus*) hozamának és minőségének alakulása rovarfehérjével dúsított komposzton

MWANGI Ruth W., KAPPEL Noémi, SZABÓ Anna, GEÖSEL András

Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Kertészettudományi Intézet, Zöldség- és Gombatermesztési Tanszék, Budapest – Department of Vegetable and Mushroom Growing, Institute of Horticulture, Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Budapest, Hungary; Mwangi.Ruth.Wambui.phd@uni-mate.hu

A gombatermesztés globális és folyamatosan növekvő iparág a maga világszerte évente több mint ötvenmillió tonnás termelésével. Az ágazat egyik fő problémája a terméshozam és a minőség csökkenése a termesztés során. Ennek oka a nem kívánt vegyületek felhalmozódása és a termesztési alapanyag tápanyagtartalmának csökkenése. A dúsítóanyagokkal kezelt komposzt az egyik módja a csökkenés elkerülésének. A fehérkalapú csiperkegomba (*Agaricus bisporus*) esetében ez azt jelenti, hogy tápanyagokat – elsősorban fehérjéket – adunk a komposzthoz a minőség és a hozam javítása érdekében. Kísérletünkben a III. fázisú komposzt két rovaralapú fehérjével való dúsításának hatását vizsgáltuk a csiperkegomba termesztésében. A két fehérje lisztkekacból (MWL) és fekete katonalégy lárvából (BSFL) állt, 1% és 3%-os arányban (száraz tömegre vonatkoztatva), amelyeket hat, illetve kilenc ismétlésben adtuk hozzá a III. fázisú komposzthoz. Az alapanyagok keverését követően 2 kg-os műanyag zsákokba töltöttük a komposztot, majd 4 cm vastagságú takarást alkalmaztunk. A zsákokat $80 \pm 5\%$ relatív páratartalom mellett inkubáltuk egy gombatermesztő helyiségben. A közeg hőmérsékletét 20 ± 2 °C-on tartottuk.

A 3%-os MWL-kezelés (F3) eredményezte a legmagasabb hozamot (46,951 kg gomba / 100 kg komposzt), amely 28,9%-os növekedést jelentett a kontrollhoz képest. Ezzel szemben az F1, a BSFL 3% (B3) és a kontroll kezelések esetében nem mértünk szignifikáns különbségeket a terméshozamban. Figyelemre méltó, hogy a B1 eredményezte a legalacsonyabb terméshozamot, (17,537 kg/100 kg komposzt), amely jelentősen elmaradt a várt 30-35 kg/100 kg komposzt terméshozamtól. Ennek ellenére az F1 meghaladta a kereskedelmi termelésben elvárt hozamot. Bár az F1 nem különbözött jelentősen a kontrolltól, a hozama meghaladta a dúsítás nélküli komposztra jellemző mennyiséget, így javasolható az alkalmazása. A termesztési folyamathoz igazodó, megfelelő mennyiségű dúsítási eljárás hatékonyan növelheti mind a termelési teljesítményt, mind a minőségi jellemzőket az *A. bisporus* esetében.

A kutatás a GINOP_PLUSZ-2.1.1-21-2022-00183 "A gombatermesztési hulladék rovarlárvákkal történő újrahasznosításának kutatás-fejlesztése" program keretében valósult meg.

Enhancing white button mushroom (*Agaricus bisporus*) yield and quality with insect protein-enriched compost supplements

Mushroom cultivation is a global and ever-growing industry, producing more than three million tons worldwide each year. One of the major issues facing the

mushroom production sector is the decline in yield and quality levels during cultivation. This is because of the buildup of unwanted compounds and a decline in substrate nutrients. Compost enriched with nutrient supplements is one way to avoid the decline. For white button mushrooms (*Agaricus bisporus*), supplementation means adding nutrients – especially proteins – to the compost to improve both the quality and yield. This investigation examined the impact of supplementing phase III compost with two insect-based proteins for cultivating white button mushrooms. The two proteins were composed of mealworm (MWL) and black soldier fly larvae (BSFL) and were supplemented at 1 and 3% dry weight with six and nine replications respectively on high-nutrient phase III compost. These were mixed thoroughly and then loaded into 2 kg plastic bags and thereafter casing of 4cm thickness was applied. The bags were incubated at $80 \pm 5\%$ relative humidity in a mushroom growing house. The substrate temperature was maintained at 20 ± 2 °C. The MWL treatments applied at 3% (F3) yielded the highest amount, with a recorded yield of 46.951kg per 100 kg, a 28.90% increase compared to the control. Conversely, F1, BSFL 3% (B3), and the control exhibited no significant differences in yield. Notably, B1 displayed the lowest yield at 17.537kg/100 of compost, substantially below the expected yield range of 30-35kg/100kg of compost. Despite this, F1 surpassed the standard yield expected in commercial production. Although F1 did not significantly differ from the control, its productivity exceeded the typical standard for commercial compost, thus making it a recommended option. Utilizing suitable supplement amounts tailored to the cultivation process can effectively enhance both production output and quality attributes in *Agaricus bisporus*.



A mikorrhizagombák szerepe a paradicsom (*Solanum lycopersicum*) abiotikus stresszekkel szembeni ellenállóságának javításában

NAJAFI Raheleh, KAPPEL Noémi & MOZAFARIAN Maryam

Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Kertészettudományi Intézet, Zöldség- és Gombatermesztési Tanszék, Budapest – Department of Vegetable and Mushroom Growing, Institute of Horticultural Science, Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Budapest, Hungary; najafi.raheleh@phd.uni-mate.hu

Az abiotikus stressztényezők (pl. só, szárazság, hő, hideg stb.) az egyetemes mezőgazdasági termelés fő problémáivá váltak. Ezek a stresszhatások önmagukban és/vagy kombinációban befolyásolják a növények növekedését, fejlődését, érettségét és a termelékenységet azáltal, hogy fiziológiai rendellenességeket, iontoxicitást, valamint beltartalmi és hormonális eltéréseket okoznak. A szárazság és a sóstressz csökkentheti a fotoszintézis és az antioxidáns enzimek aktivitását, csökkentheti a sztóma sűrűséget, ionhiányt idézhet elő, befolyásolhatja a membránstabilitási indexet, és csökkentheti a növények relatív víztartalmát. Ezenkívül a magas hőmérséklet és az alacsony csapadékmennyiség, amely a talaj felszínén sófelhalmozódáshoz vezet, negatívan befolyásolja a növények növekedését és fejlődését, még erőteljesebben, mint csak a megnövekedett sótartalom. A paradicsom széles körben fogyasztott zöldség, jelentős szerepet játszik a globális mezőgazdaságban, emellett jelentős vitamin és antioxidáns forrás. A paradicsom termesztése során érzékeny a környezeti tényezőkre, amelyek a termés hozam és a bogyók minőségének csökkenését eredményezhetik. Ezért szükséges minimalizálni az abiotikus stressz hatásait. A mikorrhiza gombák a gazdanövény gyökereihez kapcsolódnak, amelyek segítik és fokozzák a növények növekedését, termelékenységét és ellenállóképességét. Egyes értékes talajmikrobák, például a mikorrhizás gombák, a rizoszférában élnek, és szimbiotikus kapcsolatot alakítanak ki a legtöbb gazdanövényfaj gyökerével. A mikorrhiza jelentősen növelheti a gazdanövények ellenállóképességét a változatos abiotikus és biotikus stresszekkel szemben. Az arbuskuláris mikorrhiza gombák azon gyökérszimbionták egyike, amelyek létfontosságú szerepet játszanak a kultúrnövények növekedésének fokozásában, és segítik a gazdanövényt az abiotikus stresszel szembeni tolerancia kialakulásában. Az AM-gombák segítik a növények növekedését azáltal, hogy növelik a növényi biomasszát, a fotoszintetikus aktivitást és a szelektív tápanyagfelvételt. Az AM-gombák csökkentik az abiotikus stressz káros hatásait a gazdanövény antioxidáns védekező mechanizmusának fokozásával. Segítik továbbá fenntartani az ozmotikus egyensúlyt azáltal, hogy szabályozzák a Na⁺ és K⁺ arányt sóstressz alatt azáltal, hogy a gazdanövényben indukálja a különböző ozmolitok, például prolin, glicin-betain stb. szintézisét. Így az ellenálló AM-gomba fajok javíthatják a mezőgazdasági termelékenységet abiotikus stressz körülmények között. Összességében az abiotikus stressztényezők súlyosan befolyásolhatják a növények növekedését és fejlődését, valamint akár 70%-kal csökkenthetik teljes termés hozamot. Ezeknek a problémáknak a leküzdésére a mikorrhizával történő beoltás segíthet a gazdanövények fotoszintetikus, fiziológiai, biológiai és vízfelhasználási hatékonyságának javításával.

The role of mycorrhizal fungi to improve abiotic stresses in tomatoes (*Lycopersicon esculentum*)

Abiotic stresses (such as salinity, drought, heat, cold, etc.) have become the main threats to universal agricultural production. These stresses alone and/or in combination control plant growth, development, maturity, and productivity by causing physiological disorders, ion toxicity, and nutritional and hormonal disparities. Drought and salinity injuries could decrease photosynthetic rate, reduce antioxidant enzyme activities, reduce stomatal conductance, induce ion deficiencies, affect membrane stability index, and reduce the relative water content of the plants. In addition, high temperatures and low precipitation leading to salt accumulation at the soil surface affect the establishment, growth, and development of plants, and even more as salinity increases.

Tomatoes are a widely consumed vegetable with a significant role in global agriculture, as well as a source of vitamins and antioxidants. However, tomato cultivation is susceptible to environmental stresses that may result in a reduction in yield and fruit quality. Therefore, it is necessary to minimize the effects of abiotic stress.

Mycorrhizal fungi are associated with host plant roots, which complement and augment plant growth, productivity, and immunity. Some precious soil microbes, like mycorrhizal fungi, inhabit the rhizosphere and develop a symbiotic and mutualistic relationship with the roots of most host plant species. Mycorrhiza can considerably enhance the resistance of host plants to varied abiotic and biotic stresses. Arbuscular Mycorrhizal Fungi (AMF) is one of the root symbionts that play a vital role in enhancing crop plant growth and helping the host plant develop tolerance against abiotic stress. AMF helps to enhance plant growth, by increasing plant biomass, photosynthetic activity, and selective uptake of nutrients. AMF reduces the adverse effect of abiotic stresses by increasing the antioxidant defence mechanism. AMF maintains the osmotic balance by regulating the Na⁺ and K⁺ ratio under salinity. AMF also helps in maintaining osmotic adjustment in host plants by inducing the synthesis of various osmolytes like proline, glycine betaine, etc. Thus, tolerant AMF species can improve agricultural productivity under abiotic conditions.

Overall, abiotic stress factors can severely impact the growth and development of plants and decrease their overall yield by about 70%. To overcome this problem, inoculation of plants with mycorrhiza increases photosynthetic, physiological, biological, and water use efficiency under various stresses.



A sárga sárkánygyümölcs (*Selenicereus megalanthus*) rizoszférájában élő gombák közösségi összetételének és diverzitásának összehasonlítása az ecuadori Amazonas vidékén található gazdaságok között

NAVAS, Susana Araujo^{1, 2}, JUHÁSZ Ákos¹, GEML József³ & POSTA Katalin¹

¹Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Genetika és Biotechnológia Intézet, Mikrobiológiai és Alkalmazott Biotechnológiai Tanszék, Gödöllő – Department of Microbiology and Applied Biotechnology, Institute of Genetics and Biotechnology, Hungarian University of Agriculture and Life Science, Gödöllő, Hungary; susy.estefy@gmail.com

²Translational Plant Research Group, Universidad Regional Amazónica Ikiam, Ecuador

³Eszterházy Károly Katolikus Egyetem, HUN-REN-EKKE Lendület Környezeti Mikrobiom Kutatócsoport Eger – HUN-REN-EKKE Lendület Environmental Microbiome Research Group, Eszterházy Károly Catholic University, Eger, Hungary

Ecuadorban a sárga sárkánygyümölcs a nemzeti és nemzetközi piacokon széles körben elterjedt trópusi gyümölcs. A gyümölcs azonban számos, gombák, baktériumok, vírusok és fonálférges által okozott betegségre hajlamos, ami súlyos veszteségeket okoz a növénytermesztésben, főként az intenzív mezőgazdaság miatt, amely negatív nyomot hagy a talaj mikrobiomjában. Mivel a sárga sárkánygyümölcs rizoszférájának mikrobiális sokféleségére vonatkozó alapvető információk hiányoznak, célunk, hogy jobban megértsük a gombák sokféleségének összetételét és azt, hogy az hogyan reagál a különböző mezőgazdasági kezelésre. Az ITS1 rDNS régió nagy átírási képességű szekvenálásával jellemeztük a *S. megalanthus* ültetvények rizoszférájában a gombák diverzitását és közösségi összetételét. Ezeket összehasonlítottuk nyolc, az Amazonas régióbeli Palora közelében lévő gazdaságban, különböző gazdálkodási rendszerekkel, beleértve a biogazdálkodást és a konvencionális gazdálkodást. A DNS-szekvenciákat az R-ben implementált *dada2* csomaggal dolgoztuk fel, és a taxonómiai hozzárendelést az UNITE adatbázis alapján végeztük el, és a FungalTraits segítségével funkcionális csoportokba soroltuk. Összesen 1572 gomba amplikon szekvencia-változatot (ASV) azonosítottunk, amelyek többek között növényi patogénekhez (pl. *Fusarium*, *Phaeoacremonium*, *Corallomyces*), lignikol szaprotrófokhoz (pl. *Humicola*, *Conlarium*, *Clonostachys*), avarszaprotrofok (pl. *Chaetosphaeria*, *Cladosporium*, *Nigrospora*), koprofilok (pl. *Apiosordaria*, *Enterocarpus*, *Preussia*) tartoztak. A gazdaságok között jelentős különbségeket figyeltünk meg gombaközösség diverzitásában, összetételében és az azonosított funkcionális csoportok között.

Összességében megállapíthatjuk, hogy a legtöbb gazdaságban eltérő gombaközösségek találhatók, valószínűleg az edafikus különbségek, valamint a gazdálkodási gyakorlatok – beleértve a talajmanipulációt, a trágyázás típusait és a használt gombaölő szereket – különbségei miatt.

Ezt a kutatást a magyar–vietnami együttműködésben megvalósuló ipari kutatási és fejlesztési projektek finanszírozták, támogatási szám: 2019-2.1.12-TÉT_VN-2020-00001. Köszönetet mondunk továbbá a Stipendium Hungaricum programnak és Prof. Lisbeth Espinozának, aki a gazdálkodókkal biztosította a kapcsolatot.

Comparison of fungal diversity and community composition in rhizosphere of dragon fruit (*Selenicereus megalanthus*) among farms in the Ecuadorian Amazon region

In Ecuador, yellow pitahaya is a tropical fruit widely accepted in national and international markets. However, the fruit is prone to many diseases incited by fungi, bacteria, viruses, and nematodes, leading to heavy losses in plant production, mainly caused by intensive agriculture leaving a negative print on the soil microbiome. Since crucial information about the microbial diversity of yellow dragon fruit rhizosphere is missing, we aim to understand better the composition of fungal diversity and how it responds to different agricultural management. We characterized the diversity and community composition of fungal diversity in *S. megalanthus* crops using high-throughput sequencing of ITS1 rDNA region. These were compared among eight farms near Palora in the Amazon region, with different management systems, including organic and conventional. DNA sequences were processed with the *dada2* package implemented in R, and taxonomic assignments were made based on the UNITE database and were assigned to functional groups using FungalTraits. In total, 1572 fungal amplicon sequence variants (ASV) were identified, belonging to plant pathogens (e.g., *Fusarium*, *Phaeoacremonium*, *Corallomyces*), wood saprotrophs (e.g., *Humicola*, *Conlarium*, *Clonostachys*), litter saprotrophs (e.g., *Chaetosphaeria*, *Cladosporium*, *Nigrospora*), dung saprotrophs (e.g., *Apiosordaria*, *Enterocarpus*, *Preussia*), and several other functional groups. Significant differences in richness values were observed among the farms, and different patterns were observed among functional groups. In addition, the composition of soil fungal communities differed strongly among most farms.

Overall, all results indicate that most farms have distinct fungal communities, likely because of edaphic differences as well as differences in management practices, including soil manipulation, types of fertilization, and fungicides used.

Acknowledgements: This research was funded by the industrial research and development projects in Hungarian-Vietnamese cooperation, grant number 2019-2.1.12-TÉT_VN-2020-00001. We also thank the Stipendium Hungaricum program and Prof. Lisbeth Espinoza who provided farmers contacts.



A tenyészthető mikrobiom és a *Saccharomyces cerevisiae* élesztőfaj elemzése tradicionális belga sörökben

NÉMETH Bálint^{1,2}, HARMATH Andrea^{1,3,4} & PFLIEGLER Valter Péter¹

¹Debreceni Egyetem, Természettudományi és Technológiai Kar, Molekuláris Biotechnológiai és Mikrobiológiai Tanszék, Debrecen – Department of Molecular Biotechnology and Microbiology, Faculty of Science and Technology, University of Debrecen, Debrecen, Hungary; nemeth.balint@science.unideb.hu

²Debreceni Egyetem, Táplálkozás- és Élelmiszertudományi Doktori Iskola, Debrecen – Doctoral School of Nutrition and Food Sciences, University of Debrecen, Debrecen, Hungary

³Debreceni Egyetem, Általános Orvostudományi Kar, Orvosi Mikrobiológiai Tanszék, Debrecen – Department of Medical Microbiology, Faculty of Medicine, University of Debrecen, Debrecen, Hungary

⁴Debreceni Egyetem, Gyógyszerészeti Tudományok Doktori Iskola, Debrecen – Doctoral School of Pharmaceutical Sciences, University of Debrecen, Debrecen, Hungary

A fermentált élelmiszerek és az otthoni fermentálás megnövekedett népszerűsége miatt egyre nagyobb figyelem fordul ezek mikrobiológiai jellemzőire és biztonságosságára. Ezen termékek elfogyasztásával élő mikroorganizmusok juthatnak a szervezetbe, amelyek kolonizálva azt, befolyásolhatják a mikrobiom egyensúlyát, valamint ritka esetekben potenciális patogénként viselkedhetnek. Munkánk során egy különleges termékcsoporthoz, a savanyú söröket vizsgáltuk (flamand savanyú ale, gueuze lambic és gyümölcsös lambic). Ezen Belgiumból származó, tradicionális sörök különlegessége, hogy a komplexitásért és aromáért felelős mikrobák a nyíltkádás spontán erjesztés és a többéves hordós érlelés során kerülnek a termékbe és a palackban is tovább élnek, hobbi sörfőzés esetén pedig előfordul inokulumként való használatuk is.

A vizsgált termékekből kitenyésztett élesztőgombák, penészgombák esetében Sanger- és Illumina-szekvenálás alapú fajmeghatározást végeztünk. A bakteriális flóra elemzéséhez Nanopore 16S metabarcodingot alkalmaztunk. A 25 db elemzésbe bevont sörminta közül 19-ből tenyésztett ki élesztő, nyolcból penész, míg hét termék esetében baktérium. Az ITS régió szekvenálási eredmények kilenc mintából ötnél mutatták ki *Brettanomyces bruxellensis* jelenlétét, kettőnél *B. custersianus*-t, továbbá *Debaryomyces hansenii*, *Hanseniaspora uvarum*, *Saccharomyces cerevisiae*, illetve *S. kudriavzevii*, *Yarrowia lipolytica* és *Pichia terricola* fajok voltak jelen a termékekben. A savanyú sörökben megtalálható *Saccharomyces*-ek filogenomikai elemzése az izolátumok sokféleségét mutatta. 1200 törzsön végzett összehasonlítás alapján az egyes talált izolátumok a bor-, a pezsgő-, valamint a pékélesztő kládokkal mutattak rokonságot.

Az identifikált élesztőfajok többsége, beleértve a *S. cerevisiae*-t is, előfordulhat a mikrobiomban, ritkán opportunistá patogénként is válhat, míg a talált penészfajok esetleges mikotoxin-termelésük miatt lehetnek jelentősek. Biztonságosság szempontjából azonban a legfontosabb eredményünk, hogy számos potenciálisan patogén baktérium házi fermentálási módszerekkel is feltenyészthető a vizsgált termékekből.

Jelen kutatásunk több más termékcsoporthoz való kiterjesztésével a jövőben célunk, hogy átfogó képet nyújtsunk alulkutatott fermentált élelmiszerek mikrobiológiai összetételéről, illetve, hogy az ezekből izolálható *Saccharomyces*-ek leszármazását, sokféleségét feltárjuk.

Analysis of the culturable microbiom and *Saccharomyces cerevisiae* yeast species in traditional Belgian beers

Due to the increased popularity of fermented foods and home fermentation, there is growing attention on their microbiological characteristics and safety. Consuming these products introduces live microorganisms into the body, which, upon colonization, can affect the balance of the microbiome and, in rare cases, act as potential pathogens.

In our work, we examined a particular group of products, sour beers (Flemish sour ale, gueuze lambic, and fruit lambic). The uniqueness of these traditional beers from Belgium lies in the fact that the microbes responsible for complexity and flavors are introduced into the product through spontaneous fermentation and barrel aging. They also survive in the bottle, and in the case of home brewing, they are sometimes used as inoculum. Yeasts and moulds cultured from the examined products were identified based on Sanger and Illumina sequencing, while for bacterial flora analysis, we employed Nanopore 16S metabarcoding. Among the 25 beer samples analyzed, yeasts were cultured from 19, mould from eight, and bacteria from seven products. Sequencing of the ITS region detected the presence of *Brettanomyces bruxellensis* in five samples, *B. custersianus* in two, as well as *Debaryomyces hansenii*, *Hanseniaspora uvarum*, *Saccharomyces cerevisiae*, *S. kudriavzevii*, *Yarrowia lipolytica*, and *Pichia terricola* species in various products. Phylogenetic analysis of *Saccharomyces* found in sour beers revealed their diversity. Comparison with 1200 strains showed that the isolated strains had similarity with either wine, champagne, or baker's yeast clades.

Among the identified yeast species, the majority, including *S. cerevisiae* may occur in the microbiome and can occasionally become opportunistic pathogens, while the detected mould species may be significant due to their potential mycotoxin production. However, the most important finding for safety is that numerous potentially pathogenic bacteria can be cultured using home fermentation methods from the examined products.

By extending our current research to other product groups, our future goal is to provide a comprehensive understanding of the microbiological composition of under-researched fermented foods and to explore the phylogenomics and diversity of *Saccharomyces* isolates that can be isolated from them.



Peritéciumos briofil (mohaparazita) tömlősgombák Magyarországon

NÉMETH Csaba

HUN-REN Ökológiai Kutatóközpont, Ökológiai és Botanikai Intézet, 2163 Vácrátót, Alkotmány u. 2-4; nemeth.csaba@ecolres.hu

A Magyarországról ismert briofil (obligát mohaparazita) gombák száma meghaladja a százat. Képviselőik csak csekély hányadban bazídiumosak, döntő többségük a tömlősgombákhoz tartozik. Utóbbiak jelentős hányada apotécium termőtesttel rendelkezik, melyet a gazdamohán magán, vagy annak közelében a talajon, sziklán, esetleg fakérgen, szezonálisan fejleszt (*Bryorutstroemia*, *Bryoscyphus*, *Lamprospora*, *Mniaecia*, *Moravecia*, *Neottiella*, *Octospora*, *Pithyella* nemzetségek fajai). Kisebb részük viszont a kiszáradást jobban tűrő, perzisztensebb, zárt termőtestet, peritéciumot képez, mely a gazdamoha különböző részein fejlődik, és sokszor az adott fajra jellemző, speciális mikroniche-t foglal el (pl. levélhónalj, levélér, levélér lamellái közötti térrész, levélcsúcs hialinszőre, stb.). Egy részük biotróf-, más részük nekrotróf parazita, vannak közöttük gazdaspecialisták és sokgazdás generalisták egyaránt. A Magyarországon előforduló huszonegynéhány peritéciumos briofil faj rendszertani háttere széles spektrumot ölel fel: többségük az *Epibryon* nemzetséghez tartozik, de kisebb fajszámmal a *Bryocentria*, *Bryochiton*, *Bryosphaeria*, *Bryostroma*, *Leptomeliola*, *Lizonia*, *Nectria*, *Octosporella*, *Pleosphaeria*, *Pleostigma* nemzetségek is képviseltetik magukat.

Bryophilous ascomycetes with perithecioid ascomata from Hungary

The number of bryophilous fungi known from Hungary exceeds one hundred. Only a small proportion of their representatives are *Basidiomycota*, the vast majority belonging to the *Ascomycota*. A significant proportion of the latter have apothecia, which develop seasonally on or near the host moss on soil, rock or possibly on the bark (species of the genera *Bryorutstroemia*, *Bryoscyphus*, *Lamprospora*, *Mniaecia*, *Moravecia*, *Neottiella*, *Octospora*, *Pithyella*). However, a smaller proportion of these fungi form perithecia, which develop in different parts of the host moss. These ascomata often occupy a specific microniche specific to the species (e.g. leaf axils, nerve of leaf lamina, leaf nerve lamellae, hyaline hair points, etc.). Some of them are biotrophic, others are necrotrophic parasites, some are host specialists and others are multihost generalists. The taxonomic background of the twenty-some perithecioid bryophilous species occurring in Hungary is diverse. The majority of these species are members of the genus *Epibryon*, while a smaller number of species belong to the genera *Bryocentria*, *Bryochiton*, *Bryosphaeria*, *Bryostroma*, *Leptomeliola*, *Lizonia*, *Nectria*, *Octosporella*, *Pleosphaeria*, *Pleostigma*.



Az erdőgazdálkodási gyakorlatok és az évjáratok egyaránt alakítják az észak-magyarországi gyertyános-tölgyesek ektomikorrhiza-gombaközösségeit

ODODA Kennedy^{1,2,3}, ÓDOR Péter⁴, KOVÁCS Bence⁴, TINYA Flóra⁴, FINTHA Gabriella^{1,2,3}, MOTA LEAL Carla^{1,3}, GEIGER Adrienn^{1,2,3}, MOLNÁR Anna^{1,2}, LEPRES Luca^{1,2,3} & GEML József^{1,2}

¹Eszterházy Károly Katolikus Egyetem, HUN-REN-EKKE Lendület Környezeti Mikrobiom Kutatócsoport, Eger – HUN-REN-EKKE Lendület Environmental Microbiome Research Group, Eszterházy Károly Catholic University, Eger, Hungary; okothkennedy0@gmail.com

²Eszterházy Károly Katolikus Egyetem, Kutatási és Fejlesztési Központ, Eger – Centre for Research and Development, Eszterházy Károly Catholic University, Eger, Hungary

³Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Környezettudományi Doktori Iskola, Gödöllő – Environmental Sciences Doctoral School, Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Gödöllő, Hungary

⁴HUN-REN Ökológiai Kutatóközpont, Ökológiai és Botanikai Intézet, 2163 Vácrátót – Institute of Ecology and Botany, HUN-REN Centre for Ecological Research, 2163 Vácrátót, Hungary

A vizsgálat célja az volt, hogy jobban megértsük az erdészeti kezelések (véghasználat, lékvágás, bontás, hagyásfa csoport és kontroll) hatását az ektomikorrhiza (ECM) gombák diverzitására és közösségének összetételére egy észak-magyarországi gyertyános-tölgyesben. Az Ökológiai Kutatóközpont és a Pilisi Parkerdő Zrt. által működtetett Pilis Üzem mód Kísérlet mind a 30 parcelláján talajmintákat vettünk 2020 és 2021 őszén, 6, ill. 7 évvel a kezelések után. Elvégeztük a talajban élő gombaközösségek ITS2 rDNS szekvenálását és a bioinformatikai elemzéseket, majd az így kapott gombaszekvenciákat rendszertani és funkcionális csoportokba csoportosítottuk. Ezt követően összehasonlítottuk az ECM gombák fajgazdagságát és közösségi összetételét az erdőkezelési módok és a két év között. Az alfa-diverzitás elemzéshez varianciaanalízist, a béta-diverzitás elemzéséhez pedig nem metrikus többdimenziós skálázást és permutációs varianciaanalízist használtunk.

Az 1035 detektált gombagenotípusból 267 ECM-gombákhoz tartozott, amelyek közül az öt legfajgazdagabb filogenetikai csoport a /tomentella-thelephora (47 genotípus), /inocybe (40 genotípus), /russula-lactarius (52 genotípus), /sebacina (27 genotípus) és /cortinarius (20 genotípus) volt. Az ECM gombák diverzitásában jelentős eltéréseket találtunk a kezelések között, amelyek mindkét évben hasonló mintázatot mutattak. Konkrétan, a véghasználat kezelésben szignifikánsan alacsonyabb volt az ECM-gombák sokfélesége, mint a kontroll, a bontás és a hagyásfa csoport parcellákban. Ez különösen az /amanita, /cenococcum, /russula-lactarius és kisebb mértékben a /tomentella-thelephora esetében volt nyilvánvaló, míg a /inocybe nem mutatott erős kezelési hatást. Alfa-diverzitásban nem találtunk szignifikáns különbséget az évek között. Ezzel szemben, az erős kezelési hatás mellett, szignifikáns összetételbeli különbséget találtunk a két év között.

A kezelés hatását részben a megváltozott környezeti változók, például a talaj víztartalma, a mikroklíma (elsősorban a relatív páratartalom és a felső talajréteg

hőmérséklete), az aljnövényzet, valamint a parcellák és a környező ECM-szimbionta fák közötti távolság magyarázta, míg az évek közötti eltéréseket részben a vegetációs időszak eltérő időjárási viszonyai okozhatták, mivel a 2021-es év szárazabb volt, mint a 2020-as.

Forestry practices and interannual variation shape ectomycorrhizal fungal community composition in an oak-hornbeam forest in northern Hungary

The purpose of this study was to better understand the effects of forestry treatments (clear-cutting, gap-cutting, preparation-cutting, tree retention in clear-cut areas, and control) on the diversity and community composition of ectomycorrhizal fungi (ECM) in an oak-hornbeam forest in northern Hungary. We sampled soil in all 30 plots of the Pilis Forestry Systems Experiment, operated by the Ecological Research Centre and the Pilis Park Forest Ltd., in the autumn of 2020 and 2021, six and seven years after the treatments were implemented. We performed ITS2 rDNA metabarcoding of the soil-borne fungal communities, completed bioinformatic analyses, and assigned the resulting high-quality fungal sequences to taxonomic and functional groups. For this presentation, we compared the richness and community composition of ECM fungi among forest treatment types and between years using analysis of variance for alpha diversity and non-metric multidimensional scaling and permutational analysis of variance for beta diversity analyses. Out of the 1035 detected fungal genotypes, 267 represented ECM fungi, of which the five most diverse phylogenetic clades were /*tomentella-thelephora* (47 genotypes), /*inocybe* (40 genotypes), /*russula-lactarius* (52 genotypes), /*sebacina* (27 genotypes), and /*cortinarius* (20 genotypes). We found significant variations in ECM fungal richness among forest treatment types, showing similar patterns on both years. Specifically, clear-cutting plots had significantly lower richness of ECM fungi than control, preparation cutting, and retention tree groups. This reduction was particularly evident in /*amanita*, /*cenococcum*, /*russula-lactarius*, and to a smaller extent in /*tomentella-thelephora*, while /*inocybe* did not show strong treatment effect. We did not find significant differences in richness between the years. Conversely, there was a significant compositional difference between the two years, in addition to the strong treatment effect. Treatment was partly explained by altered environmental variables, such as soil water content, microclimate (predominantly relative humidity and upper soil temperature), understory vegetation, and distance from the plot to surrounding ECM host trees, while interannual variation may partly be caused by differing weather conditions during growing season, as the year 2021 was noticeably drier than 2020.



Kóspallag környéki jellemző fás élőhelyek nagyombáinak fungisztikai vizsgálata

PÁL-FÁM Ferenc¹, PAPP Mátyás² & BENEDEK Lajos³

¹Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Növénytermesztési-tudományok Intézet, Agronómia tanszék, Kaposvár – Department of Agronomy, Institute of Agronomy, Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Kaposvár, Hungary; pff3pff3@gmail.com

²Baracska, Hungary

³Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Növénytermesztési-tudományok Intézet, Növénytani Tanszék, Budapest – Department of Botany, Institute of Agronomy, Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Budapest, Hungary

2014 augusztusa és 2016 novembere között végzett vizsgálataink fás élőhelyeken zajlottak a Délnyugat-Börzsönyben: hegyvidéki gyertyános-tölgyes, középhegységi mészkerülő-tölgyes, középhegységi mészkerülő-bükkös és telepített lucfenyves. Elsődleges célunk volt, hogy minél teljesebb nagyomba-fajlistát állítsunk össze, és ezt összevegyük a vonatkozó irodalmi adatokkal. Kutatásaink során meghatározott nagyombák fajlistája 270 fajt és két formát tartalmaz, 1039 előfordulási adattal. Ezek közül 15 faj eddig még nem volt ismert a Börzsönyből az irodalmi adatok alapján. Ezen és korábbi kutatások szerint jelenleg 972 nagyombafaj ismert a Börzsöny területéről. A vizsgált lombos állományok egyértelműen fajgazdagabbak voltak a lucfenyvesnél. A legmagasabb fajszámot a gyertyános-tölgyesben találtuk (145 faj), ehhez képest a lucosban kevesebb mint feleannyi fajt (65) detektáltunk. Emellett a fajok rendszertani kiértékelését is elkészítettük: a legjelentősebb család a galambgombaféléké (*Russulaceae*) volt 39 fajjal. A funkcionális spektrum szerinti megoszlás tekintetében a három lombos élőhelyen igen jelentős volt a gyökérkapcsolt gombák aránya, a gyertyános-tölgyes és a mészkerülő-tölgyes esetében a legjelentősebb, 50% körüli értékkel. A mészkerülő bükkös állománynál is jelentős volt ezek aránya, de alacsonyabb részesedéssel (~40%). A mikorrhizás fajok legkisebb arányban a lucfenyvesben voltak jelen (~25%). A mészkerülő bükkösben és a lucfenyvesben viszonylag nagy mennyiségű holt faanyag volt, ez a xilofág gombák arányában is megmutatkozott. A lombos állományoknál a xilofág gombák adták a második legjelentősebb részesedést, arányuk a mészkerülő-bükkös esetében megközelítette, a lucfenyves esetében meg is haladta a gyökérkapcsoltakét. Mindegyik élőhelyen jelentős volt a talajlakó szaprotróf fajok aránya is, a nekrotróf paraziták alacsony részesedése pedig az erdészeti kezelések jelenlétére utal.

Érdekes, hogy a három lombos állományban kijelölt mintavételi területeken hat faj adta a termőtestszámok közel 69%-át. Fajösszetétel alapján az egyes lombos élőhelyeken a fajok közel 30%-a kizárólag az adott élőhelyhez kötődik, míg a lucfenyvesnél ugyanez az arány 58,5%-os volt. A természetvédelmi értékelésnél azt tapasztaltuk, hogy a lombos élőhelyeknél a legmagasabb a veszélyeztetett nagyombafajok aránya (50% körüli), míg a lucfenyvesben ugyanez az arány 41,5%-os volt.

Az általános mikológiai jellemzési formákon túl termőtestképzési dinamikákat is vizsgáltunk. Egy kihalással veszélyeztetett (*Naematelia encephala*) és két védett faj (*Amanita caesarea*, *Strobilomyces strobilaceus*) előfordulását is sikerült igazolnunk munkánk során Kóspallag környékéről.

Macrofungi examination of the typical forest habitats in the neighbourhood of Kóspallag, Börzsöny Mts, North Hungary

Starting from the summer of 2014 and with the end of 2016 November, four forest habitats were examined in the South-West-Börzsöny: upland oak-hornbeam forest, acidophilic oak forest, highland acidophilic beech forest and spruce plantation. The aim of the work was to compile a macrofungi species list as complete as possible, and compare it to the literary data. The number of documented taxa contains 270 species and two forms with 1039 occurrence data in all. According to the previously published data, 15 of them were not known beforehand from the Börzsöny Mts. In this way the total number of known macrofungi species in the Börzsöny Mts. has grown to 972. The deciduous habitats were clearly richer in macrofungi species as the spruce plantation. The highest number of species were in the upland oak-hornbeam stand (145 species), till simultaneously in the spruce plantation were detected less than half of that (65 species). The most remarkable family was the *Russulaceae* with 38 documented species. With regards to the functional spectra, the 3 deciduous habitats had a very large proportion of mycorrhizal fungi; that was the most significant in case of the upland oak-hornbeam and the acidophilic oak stands; around 50%. The rate of these was remarkable at the acidophilic beech stand too, but with a substantially lower proportion (~40%). The mycorrhizal species had the lowest representation in the spruce plantation (~25%). The highland acidophilic beech and spruce stands had a relatively high amount of the dead wood, this showed in the proportion of the wood inhabiting fungi too. In the case of the deciduous habitats they were the second most frequent functional group. By all of the habitats the ratio of the soil-inhabiting saprotrophic fungi was significant too, the low proportion of the necrotrophic parasites refers to the presence of the forestry treatments. The spruce plantation was the poorest in species, around two times more fungal species were found in each deciduous forest habitat. Interestingly, 6 species gave near the 69% of the number of fruit-bodies. By the categorization according to the species composition of the individual deciduous forest habitats, around 30% of number of species were accounted for exclusively one habitat, while by the spruce forest their proportion was 58,5%. From the point of view of conservation value the three deciduous habitats had the highest ratio of endangered species (around 50%), while in the spruce plantation this ratio was 41,5%, according to the provisional Red List of Hungarian Macrofungi. Over and above fruiting dynamics were also examined. The presence of one critically endangered (*Naematelia encephala*) and two protected species (*Amanita caesarea*, *Strobilomyces strobilaceus*) was also documented from Kóspallag environs.



A Kelet-Börzsöny telepített fenyveseinek és fenyővel elegyes lomberdei- nek nagyombái

PÁL-FÁM Ferenc¹, SZÉKELYNÉ BOGNÁR Eszter², DIMA Bálint³ & BENEDEK Lajos⁴

¹Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Növénytermesztési-tudományok Intézet, Agronómia tanszék, Kaposvár – Department of Agronomy, Institute of Agronomy, Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Kaposvár, Hungary; pff3pff3@gmail.com

²Diósjenő, Hungary

³Eötvös Loránd Tudományegyetem, Biológiai Intézet, Növény-szervezet-tani Tanszék, Budapest – Department of Plant Anatomy, Institute of Biology, Eötvös Loránd University, 1117 Budapest, Hungary

⁴Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Növénytermesztési-tudományok Intézet, Növény-tani Tanszék, Budapest – Department of Botany, Institute of Agronomy, Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Budapest, Hungary

A Börzsöny fungisztikailag egyik legjobban feltárt tájegységünk. 2018–2019 között végzett munkánk során Diósjenő és Berkenye települések környékén öt különböző élőhelyen végeztünk nagyomba-fungisztikai vizsgálatokat (lucfenyves ültetvények, erdeifenyő elegyes származék erdő, vörösfenyő elegyes bükkös és jegenyefenyő ültetvény) annak kiderítésére, hogy milyen különbségek vannak a különböző fenyőfajjal beültetett élőhelyek nagyombáinak jellemzői között. A kiválasztott állományokat funkcionális spektrum alapján is összehasonlítottuk, a természetvédelmi értékelésüket is elvégeztük. Összesen 186 taxon 465 adata került rögzítésre. A Börzsöny vonatkozásában 32 új faj jelenlétét igazoltuk, így összesen 989-re nőtt bizonyítottan előforduló nagyombafajok száma a hegységben. A *Cortinarius alboamarens* és a *C. pseudonebularis* fajnak ez egyben az első magyarországi előfordulási adata is. Külön foglalkoztunk a vizsgált élőhelyeken előforduló *Psilocybe serbica* és négy *Galerina* faj makro- és mikrobélyegeivel. Az élőhelyek közül a Berkenye melletti lucfenyvesben volt a legmagasabb a fajszám (113 faj), ezt követte a vörösfenyővel elegyes bükkös (47 faj), majd a Diósjenő-Lóégés közelében található lucfenyves (29 faj), és a Berkenye melletti erdeifenyő elegyes származék erdő (26 faj). A jegenyefenyő foltban jelent meg a legkevesebb faj (12 faj). Az értékek közötti jelentős különbségek a területek eltérő nagyságára és degradáltsági fokára is visszavezethetők. Az 500 m²-es kvadrátokban is hasonló volt a sorrend, de itt már a berkenyei lucfenyves fajszáma sem volt kiugróan magas. A legmagasabb termőtestszám is a berkenyei lucfenyvesben volt, késő ősszel a *Mycena vulgaris* termőtestjei számát csak becsülni lehetett a kvadrátban. A fenyőfélék faanyagán élő *Trichaptum*, *Strobilurus*, *Crepidotus* nemzetség képviselői sok termőtestet képeztek. Ezért a fajszámmal ellentétben a lóégési lucfenyvesben, és az erdeifenyővel elegyes származék-erdőben, a sok holt fenyőfaanyag miatt magasabb volt a termőtestszám, mint a vörösfenyővel elegyes bükkösben. Eredményeink megerősítették, hogy a funkcionális spektrum stabil jellemzője lehet egy adott élőhelynek. A két lucfenyvest összehasonlítva azonban megállapítható, hogy ugyanabban a tájegységben lévő, azonos fafajjal betelepített területeken, ha eltér a fafajok kora, az erdők állapota és erdészeti kezelése, a gombafajok funkcionális csoportok szerinti megoszlása jelentősen eltérhet. A változás a xilofág szaprotrófok, és a mikorrhizaképző gombák

arányát érinti. A vörösfenyővel elegyes bükkösben megjelentek a nektrotróf paraziták is, ami az erdő idős korára utal. Az erdeifenyővel elegyes származékerdőben a xilofág szaprotrófok aránya volt a legmagasabb, ami a területen lévő nagy mennyiségű holt faanyaggal magyarázható.

Macrofungi of conifer plantations and mixed deciduous–coniferous forests of eastern Börzsöny Mts, North Hungary

Börzsöny Mts is one of our best-explored landscape units in terms of fungi. In our work between 2018–2019, we carried out macromycological studies in five different habitats around Diósjenő and Berkenye (spruce plantations, scotch pine mixed derivative forest, larch mixed beech, and fir plantations) to find out the differences in the characteristics of macrofungi. We also compared the habitats on the basis of functional spectra and carried out their nature conservation assessment. A total of 465 data of 186 taxa were recorded. We have documented 32 new species to Börzsöny, so the total number of macrofungi species has increased to 989. *Cortinarius alboamarens* and *C. pseudonebularis* were recorded as new to Hungary. We specifically examined macro- and micromorphological features of *Psilocybe serbica*, as well as four species of *Galerina*. The species number was highest in the spruce forest near Berkenye (113 spp.), followed by beech mixed with larch (47 spp.), then the spruce forest in Diósjenő-Lóégés (29 spp.), and the scotch pine mixed derivative forest near Berkenye (26 spp.). The least number of species appeared in the fir plantation (12 spp.). The significant differences between the values can also be explained by the different sizes and degrees of degradation of the habitats. The sequence was similar in the 500 m² quadrates, but here the number of Berkenye spruce species was not particularly high either. The highest number of fruitbodies was also found in the Berkenye spruce forest, in late autumn the fruitbodies of *Mycena vulgaris* could only be estimated. Representatives of the genera *Trichaptum*, *Strobilurus*, and *Crepidotus* living on the wood of pines formed many fruiting bodies. Therefore, in contrast to the number of species, in the Lóégés spruce forest and in the derived forest mixed with scotch pine, the number of fruiting bodies was higher than in the beech mixed with larch due to the large amount of dead wood. Our results confirmed that the functional spectra can be a stable feature of a given habitat. However, by comparing the two spruce forests, it can be concluded that in the areas planted with the same tree species in the same landscape unit, if the age of the tree species differs, the condition of the forests differs, and the forest management differ, the distribution of species according to functional groups may differ significantly. The change affects the proportion of xylophagous saprotrophs and mycorrhizal groups. Necrotrophic parasites appeared in the beech mixed with larch, which indicates the old age of the forest. The ratio of xylophagous saprotrophs was the highest in the derivative forest mixed with Scotch pine, which can be explained by the large amount of dead wood in the area.



Parádóhuta környéke jellemző élőhelyeinek fungisztikai vizsgálata

PÁL-FÁM Ferenc¹, ZSITNYÁNYI Ildikó² & BENEDEK Lajos³

¹Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Növénytermesztési-tudományok Intézet, Agronómia tanszék, Kaposvár – Department of Agronomy, Institute of Agronomy, Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Kaposvár, Hungary; pff3pff3@gmail.com

²Szalafő, Pityerszer, Hungary

³Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Növénytermesztési-tudományok Intézet, Növénytan Tanszék, Budapest – Department of Botany, Institute of Agronomy, Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Budapest, Hungary

Az Északi-középhegység, köztük a Mátra nagygyombavilágának vizsgálata immár több mint fél évszázados múltra tekint vissza, amelyek eredményeiről több publikáció is született. Természetvédelmi jelentősége miatt kiemelt szerepet kapott a vizsgálatok során a Kékes-Észak Erdőrezervátum területe, továbbá számos, főként védett és/vagy veszélyeztetett nagygyombafaj adatát közölték, de más nagyobb összefüggő területről csak szórványosan készült áttekintő fajlista.

A Kékestető, a Som-hegy és a Mohos-hegy ölelte völgyben megbúvó Parádóhuta környéki mészkerülő bükkösök más hasonló hazai mészkerülő állományokhoz hasonlóan kis kiterjedésűek és igen érzékenyen reagálnak a környezeti változásokra vagy az erdészeti beavatkozásokra. Ugyancsak sérülékenyek a telepített lucfenyvesek, amelyek más középhegységi élőhelyekhez hasonlóan, eltűnőfélben vannak. A kijelölt, Parádóhuta fölött magasodó – helyenként lombos-, valamint fenyőfajokkal elegyes – mészkerülő bükkösben és a Clarissa-forrástól (csevice) délkeletre lévő telepített lucosban 2019. augusztus és 2020. november között 14 terepi felvételt végeztünk. A talált fajokat makroszkopikus és mikroszkópos bélyegek alapján határoztuk meg, így összesen 300 nagygyombafaj került dokumentálásra. Rögzítettük a talált fajok funkcionális csoportjait, adatszámait, veszélyeztetettségét, valamint az élőhelyét. Mindkét vizsgált élőhelyen a mikorrhizás fajok voltak többségben, de jelentős volt a szaprotrófok aránya is, különösen a telepített lucfenyves állományban. A nekrotrófok és a xilofág szaprotrófok alacsony aránya az intenzív erdészeti kezeléssel indokolható.

A hazánkban védett 58 gombafaj közül kilenc faj előfordulását dokumentáltuk. A magyarországi nagygyombák javasolt vörös listája szerint a fajok több mint a fele, 57,6 %-a (157 faj) bizonyult veszélyeztetettnek, különböző mértékben. Mindkét vizsgált élőhelyen VL3-as (veszélyeztetett) fajok aránya volt a legmagasabb. Kiemelendő, hogy a mészkerülő bükkösben 18 darab VL2-es (erősen veszélyeztetett) faj jelenlétét sikerült kimutatni. Ugyancsak ehhez az élőhelyhez kötődik négy VL1-es (kihalással veszélyeztetett) faj előfordulása is. A kilenc védett faj adatát a lombos- és fenyőfajokkal elegyes mészkerülő bükkösből rögzítettük, így az *Amanita lepiotoides*-t, amelyből összesen egy termőtestet találtunk a vizsgált időszak alatt. Ennek a fajnak ez az első adata a Mátrából. Előkerült a tölgy alatt megjelenő *Pogonoloma macrorrhizum*, amelynek korábban egy fungáriumi adata volt Mátranovák területéről. A zsemlegombafélék közül a mintaterületen került elő az erősen veszélyeztetett *Boletopsis leucomelaena*.

A hegyvidéki lucosokban, ritkán savanyú talajú bükkösökben előforduló, mikorrhizaképző faj mátrai előfordulására utaló irodalmi publikációt szintén nem találtunk, így ez az első dokumentált előfordulása a Mátrából ennek az országosan is nagyon ritka fajnak.

Macrofungi examination of the habitats of Parádóhuta, Mátra Mts, North Hungary

The examination of the Northern Hills Funga, including the Mátra Mts, goes back more than half a century, several results have been published up to now. Due to its importance for nature conservation, the Kékes North Forest Reserve was a focused area, and the data of macrofungi species, mainly protected and/or endangered, were published. On the other hand, overviews of species lists for other larger areas were only sporadically. Hiding in the valley surrounded by Kékestető, Som-hegy and Mohos-hegy, the acidophilous beech forests around Parádóhuta, like other similar Hungarian acidophilous stands, are small in size and react very sensitively to environmental changes or forestry interventions. Also vulnerable are the planted spruce forests, which, like other habitats in the Northern Hills, are on the verge of disappearing. Between August 2019 and November 2020, we carried out 14 field recordings in the designated acidophilous beech forest above Parádóhuta (sometimes mixed with deciduous and pine species) and in the planted spruce forest southeast of the spring "Clarissa-csevice". The collected species were determined on the basis of macroscopic and microscopic characteristics. A number of 300 macrofungi species were documented. We recorded the functional groups, data numbers, endangerment and habitat of the species found. In both investigated habitats, mycorrhizal species were dominants, but the proportion of saprotrophs was also significant, especially in the planted spruce stands. The low ratio of necrotrophic parasites and xylophagous saprotrophs can be explained by the intensive forestry treatment. We have documented the occurrence of 9 of the 58 protected macrofungi species in Hungary. According to the red list proposal of the Hungarian macrofungi, more than half, 57.6% (157 species) were found to be endangered, in varying degrees. The proportion of VL3 (vulnerable) species was the highest in both investigated habitats. It should be noted that the presence of 18 VL2 (endangered) species was detected in the acidophilous beech stand. The occurrence of four VL1 (critically endangered) species is also linked to this habitat. The data of the nine protected species were recorded from the acidophilous beech stand mixed with deciduous and pine species, thus *Amanita lepiotoides*, of which only one fruitbody was found during the investigated period. This is the first record of this species from Mátra Mts. *Pogonoloma macrorhizum*, appeared under oak, was discovered, too, which previously had only one documented data from Mátranovák area. The highly endangered *Boletopsis leucomelaena* was also found in the sample area. We didn't find literary data referring to the occurrence of this mycorrhiza-forming species in Mátra, which is connected to spruce, rarely occurring in beech stands with acidic soils, so this is the first documented occurrence of this species from Mátra Mts.



Az *Irpicodon pendulus* hazai előfordulása és taxonómiai revíziója

PALLA Balázs¹, DIMA Bálint² & PAPP Viktor¹

¹Magyar Agrár-és Élettudományi Egyetem, Növénytermesztési-tudományok Intézet, Növénytani Tanszék, Budapest – Department of Botany, Institute of Agronomy, Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Budapest, Hungary; palla.balazs@uni-mate.hu

²Eötvös Loránd Tudományegyetem, Biológiai Intézet, Növény szerkezet-tani Tanszék, Budapest – Department of Plant Anatomy, Institute of Biology, Eötvös Loránd University, 1117 Budapest, Hungary

Az *Irpicodon* gombanemzetség az *Amylocorticiales* rend *Amylocorticiaceae* családjába tartozó, jellegzetes morfológiájú, monotipikus taxonja. Jelen munkában elsőként jelezzük a nemzetség egyetlen fájának (*Irpicodon pendulus*) magyarországi előfordulását, a hazánkban egyedüli, sajátos társulástípusba sorolt Fenyőfői Ősfenyves területéről. Az *I. pendulus* szakirodalmi adatok alapján egy fenyőhöz (*Pinus*) kötődő fehérkorhasztó faj, ami az adott élőhely alacsony szintű bolygatottságát, természetközeli állapotát jelzi. A korábbi morfológiai alapú, majd a későbbi, molekuláris technikákat is alkalmazó taxonómiai munkák folytatásaként saját gyűjtésekre és szakirodalmi adatokra alapozva igyekszünk tisztázni az *I. pendulus* természetes fejlődéstörténeti pozícióját integratív taxonómiai módszerek alkalmazásával. A termőtestek makro- és mikromorfológiai bélyegei mellett a sejtmagi DNS három vonalkód régiója (ITS, LSU, *RPB2*) alapján készült hagyományos (szubsztitúció-alapú) és időkalibrált (földtörténeti időben mért) filogenetikai törzsfák segítségével igyekeztünk tisztázni a faj közelrokon nemzetségekhöz fűződő viszonyát. Így a *Plicatura* és *Plicaturopsis* nemzetségek szakirodalomban is elérhető makro- és mikromorfológiai bélyegeivel, illetve további génbanki szekvenciáival történő összevetése révén javaslatot teszünk a csoport újabb rendszerezésére.

Taxonomic revision and first report of *Irpicodon pendulus* in Hungary

Irpicodon (*Amylocorticiales*, *Amylocorticiaceae*) is a monotypic, morphologically distinctive basidiomycetous fungal genus. The present work reports the presence of the only known species in the genus (*Irpicodon pendulus*) from Hungary, found in the peculiar pine association of the Fenyőfői Ősfenyves forest reserve. As a white-rotting species occurring in old-growth pine (*Pinus*) forests, its presence indicates natural and undisturbed site conditions. As a continuation of former morphological and molecular-based studies, we aim to clarify the natural classification and taxonomy of *I. pendulus* and the closely related *Plicatura* and *Plicaturopsis* genera. Based on three-gene (nuclear ITS, LSU, *RPB2*) phylogenetic evidence and divergence time estimation and with the aid of macromorphological and microscopical characters, a new taxonomic concept is proposed for the monophyletic group that encompass *Irpicodon*, *Plicatura* and *Plicaturopsis*.



A Kelet-Ázsiából leírt ehető és termesztett „hon-shimeji” gomba (*Lyophyllum shimeji*) első hazai előfordulása

PAPP Viktor¹, PALLA Balázs¹ & DIMA Bálint²

¹Magyar Agrár-és Élettudományi Egyetem, Növénytermesztési-tudományok Intézet, Növénytani Tanszék, Budapest – Department of Botany, Institute of Agronomy, Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Budapest, Hungary; papp.viktor@uni-mate.hu

²Eötvös Loránd Tudományegyetem, Biológiai Intézet, Növény szerkezeti Tanszék, Budapest – Department of Plant Anatomy, Institute of Biology, Eötvös Loránd University, Budapest, Hungary

A Japánból leírt *Lyophyllum shimeji* (hon-shimeji) egy kedvelt vadon termő és termesztett étkezési gomba, ami a hazánkban is honos *L. decastes*, *L. fumosum* és *L. loricatum* fajokkal mutat morfológiai hasonlóságot és közeli rokonságot a nemzetség *Difformia* szekcióján belül. A *L. shimeji* kelet-ázsiai elterjedése mellett ismert még Észak-Európából (Norvégia, Finnország és Svédország) is, ahol az élőhelyei oligotróf, homoktalajon növény erdeifenyő (*Pinus sylvestris*) által dominált erdőkre korlátozódik. Hazánkban az erdeifenyő többnyire ültetvényekben fordul elő, és csak kis kiterjedésű őshonosnak tekintett állományai, illetve spontán előfordulásai ismertek a Zalai-dombságban, az Őrség–Vendvidék területén, a Kőszegi-, és Soproni-hegységben, valamint Fenyőfő és Bakonyszentlászló között. A 2021-es év őszén, Somogy vármegye, Berzence településének közelében található, savanyú homokon lévő ültetvény jellegű vörös tölgy (*Quercus rubra*) elegyes erdeifenyvesben végzett fungisztikai felvételezés során egy makromorfológiai bélyegek alapján a *L. decastes* fajkomplexbbe tartozó gombát is gyűjtöttünk. A begyűjtött fungáriumi minta (DB-2021-10-24-2) sejtmagi riboszomális RNS génkomplex (nrDNS) ITS szakaszának vizsgálata alapján teljes egyezést mutatott Norvégiából származó *L. shimeji* mintákkal (GenBank: HM572529, HM572530). Filogenetikai vizsgálat alapján pedig együtt csoportosult további európai, ázsiai, valamint publikálatlan észak-amerikai szekvenciákkal. Az adatok alapján a *L. shimeji* egy cirkumboreális elterjedésű faj, aminek jelen munkában az első molekuláris genetikai vizsgálatokkal is alátámasztott előfordulási adatát közöljük Közép-Európából. A régió savanyú talajú erdeifenyveseinek célzott fungisztikai vizsgálata lenne szükséges ahhoz, hogy alaposabb képet kaphassunk a faj közép-európai és hazai elterjedéséről.

A kutatás a Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem Kutatási Kiválósági Programjának (P.V.), valamint a Magyar Tudományos Akadémia Bolyai János Kutatási Ösztöndíjának (D.B.) támogatásával készült.

The first Hungarian occurrence of the edible and cultivated "hon-shimeji" mushroom (*Lyophyllum shimeji*) described from East Asia

The *Lyophyllum shimeji* (hon-shimeji), originally described in Japan, is a popular wild and cultivated edible mushroom. It shows morphological similarities and a close relationship with *L. decastes*, *L. fumosum*, and *L. loricatum*, species native to Hungary, all within the *Difformia* section of the genus. Besides its distribution in East Asia,

L. shimeji is also known from Northern Europe (Norway, Finland, and Sweden), where its habitats are restricted to forests dominated by scots pine (*Pinus sylvestris*) growing on oligotrophic sandy soils. In Hungary, scots pine is primarily found in plantations, with only small native stands or spontaneous occurrences known in the Zala Hills, the Őrség–Vendvidék region, the Kőszeg and Sopron mountains, and the area between Fenyőfő and Bakonyszentlászló. During a mycological survey conducted in the autumn of 2021 in a mixed scots pine and northern red oak (*Quercus rubra*) plantation forest on acidic sand near Berzence in Somogy County, a mushroom belonging to the *L. decastes* species complex was collected. Examination of the collected sample (DB-2021-10-24-2) based on the ITS region of the nuclear ribosomal RNA gene complex (nrDNA) revealed complete identity with *L. shimeji* samples from Norway (GenBank: HM572529, HM572530). Based on phylogenetic analysis it also grouped with additional European, Asian, and unpublished North American sequences. Our results suggest that *L. shimeji* is a circumboreal species, and this study reports its first molecularly confirmed occurrence in Central Europe. Conducting targeted mycological surveys of pine forests on acidic soils in the region is essential for obtaining a more comprehensive understanding of the distribution of *L. shimeji* in Central Europe and Hungary.

This work was supported by the Research Excellence Programme of the Hungarian University of Agriculture and Life Sciences (V.P.) and the János Bolyai Research Scholarship of the Hungarian Academy of Sciences (B.D.).



A Sas-hegy nagygombavilága és természetvédelmi értékelése

PÉTER Balázs Domonkos & BRATEK Zoltán

*Eötvös Loránd Tudományegyetem, Biológiai Intézet, Növényélettani és Molekuláris Növénybiológiai Tanszék, Budapest
– Department of Plant Physiology and Molecular Plant Biology, Institute of Biology, Eötvös Loránd University, Budapest,
Hungary; peterbalazs02@gmail.com*

A budai Sas-hegy a természet egyik utolsó érintetlen mementója Budapest fővárosában. Ez és a dolomitgyepek mikológiai kutatásának alulreprezentáltsága ideális kutatási témává tette számunkra a terület fungájának felmérését. A termőtesteket 2020 és 2022 között gyűjtöttük, többnyire késő ősszel. A begyűjtött termőtesteket először makroszkóposan és mikroszkóposan vizsgáltuk, majd a lehetőségekhez képest molekuláris módszerekkel is megpróbáltuk azonosítani. A termőtesteket az ELTE-NÉT herbáriumában helyeztük el. A Sas-hegyről 94 gombafaj előfordulását igazoltuk, ezek összesen 41 különböző családba tartoznak. Eredményeink alapján a Sas-hegyen az erdős élőhelyek nagyobb gombadiverzitással rendelkeznek, mint a nyílt élőhelyek. A Sas-hegyen a különböző szaprotróf életmódot folytató fajok dominálnak. A kevés gyűjtött nitrofrekvens indikátor faj az élőhely zavartalanságára utal. Összehasonlítva az irodalomban fellelhető magyar publikációkkal, a Sas-hegyen sokkal nagyobb a veszélyeztetett fajok aránya, mint a többi vizsgált területen. Összességében a budai Sas-hegy gombavilágának természetvédelmi szempontból három legkiemelkedőbb értéke az árvalányhaj-pöfeteg (*Gastrosporium simplex*), a nyelespöfeteg fajok (*Tulostoma* spp.) és a holtfához kötődő gombafajok diverzitása. A gombák érdekében a jövőbeli élőhely-rehabilitációs kezelések alkalmával minimalizálni szükséges a talajbolygatás mértékét, érdemesebb lenne a kezeléseket foltszerűen végrehajtani és a kivágott faanyagot a helyszínen hagyni. Az eredményeink alapján a dolomit sziklagyepek és homokgyepek fajkészlete között nagy a hasonlóság. A molekuláris vizsgálatok alapján új, vélhetően leíratlan és ritkán gyűjtött fajokat sikerült Magyarországról kimutatnunk.

Diversity and conservation assessment of the Sas-hegy macrofungal community

The Sas-hegy in Buda is one of the last untouched monuments of nature in the capital of Budapest. This and the underrepresentation of dolomite grasslands in mycological research make it an ideal research topic for our research group. We collected the fruiting bodies between 2020 and 2022, mostly in late autumn. The collected fruiting bodies were first examined macroscopically and microscopically and then sequenced in amount as much as possible. The fruiting bodies were deposited in the herbarium of the ELTE-NÉT. We recorded 94 fungal species from Sas-hegy, belonging to 41 different families. On Sas-hegy, forest habitats have a higher

fungal diversity than open habitats. The Sas-hegy is dominated by species with different saprophytic lifestyles. Scarcity of nitro-frequent indicator species indicating habitat stability of the habitat. Compared to the Hungarian publications in the literature, the proportion of endangered species is much higher in the Sas-hegy habitats than in the other study areas. Overall, the three most outstanding conservation values of the fungal fauna of Buda's Sas-hegy are the *Gastrosporium simplex*, the diversity of stalked puffballs (*Tulostoma* spp.), and the deadwood-associated species. For the benefit of the fungi, future habitat restoration treatments should minimize disturbance and should be carried out in patches, leaving felled wood on site. Our results suggest that there is a high similarity between the species composition of dolomite and sand grasslands. Based on molecular analyses we were able to detect new, possibly undescribed, and under-recorded species from Hungary.



Letermett gombakomposzttal etetett rovarlárva ürülékének alkalmazása zöldségfajok palántanevelésében

SZABÓ Anna & TÓTH Dániel

Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Kertészettudományi Intézet, Zöldség- és Gombatermesztési Tanszék, Budapest – Department of Vegetable and Mushroom Growing, Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Budapest, Hungary; szabo.anna@uni-mate.hu

A felgyorsult társadalmunk egyre növekvő élelmiszer igényeit kiszolgáló agrárium hatalmas mennyiségű alapanyagot állít elő évente, amely magával vonzza a különféle melléktermékek és szerves hulladékok nagy mennyiségű termelődését is, aminek újbóli felhasználásában játszik szerepet a gombatermesztés. A mezőgazdasági termelésben igen fontos a környezetvédelmi és fenntarthatósági szempontok megvalósulása, amelyre egy jó lehetőség a reciklikáció, az anyag körforgásának biztosítása.

A zöldségnövények termelésének fokozására az egyik hatékony megoldás a palántanevelés. Ennek fejlesztése és korszerűsítése csakugyan indokolt, mint a gombatermesztés fenntarthatóságának tökéletesítése, amelyre egy lehetséges eszköz a kísérletünk fókuszában lévő letermett gombakomposzt hasznosítása, lárvákkal való feletetést követően. A kutatásban palántanevelési/tenyészedényes kísérletet állítottunk be, melyben a fejes saláta és a zöldborsó fajokat alkalmaztuk. A palántanevelő közeg 1%, 5% és 10% koncentrációban tartalmazott adalékot (letermett gombakomposzttal etetett rovarlárva ürülékét), amelynek hatása, hogy a használt anyag többlet tápanyagot szolgáltat, de fontos tényező a használt dózis. Kontroll kezelésként Ferticare műtrágyás öntözést, illetve sima vizes öntözést alkalmaztunk. A palántanevelési kísérlet eredményei alapján elmondható, hogy a fejes salátára és a zöldborsóra negatívan hatott a tőzeghez kevert adalék, magasság értékeikben elmaradnak a kontroll kezelés növényeitől, illetve a Ferticare-el öntözött palántáktól. A palántanevelő közegek makroelem-tartalma mindkét zöldségfaj esetében is növekvő tendenciát mutatott. A nitrogén, a foszfor és a kálium mennyisége is több lett az adalék tőzegben való koncentrációjának emelkedésével. A későbbi vizsgálatok során alacsonyabb koncentrációkat indokolt lehet kipróbálni, amennyiben a műtrágya kiváltása a cél.

A növények beltartalmi értékeire viszont pozitív hatással volt az adalék különböző koncentrációban való alkalmazása. A fejes saláta és a zöldborsó növényekben mért nitrogén, foszfor és kálium tartalom a dózis növekedésével párhuzamosan emelkedett. A kutatás további lépése lehet az adalékot termő kultúra tápanyagutánpótlásában megvizsgálni, hogy a már kifejlett állomány további növekedésére hogyan hat az anyag.

A kutatás a GINOP_PLUSZ-2.1.1-21-2022-00183 „A gombatermesztési hulladék rovarlárvákkal történő újrahasznosításának kutatás-fejlesztése” program keretében valósult meg.

Utilization of the waste of larvae fed with spent mushroom compost in seedling production

Serving the growing food needs of our increasing population, agriculture produces huge amounts of raw materials every year, which also entails the production of large quantities of various by-products and organic waste, which mushroom cultivation plays a role in reusing. It is very important to achieve environmental and sustainability aspects in agricultural production, for which recycling, i.e., the circulation of material, is a good option.

One effective way to increase the production of vegetable crops is to grow seedlings. Its development and modernisation are indeed justified, as well as to improve the sustainability of mushroom production, for which one possible tool is the utilisation of the fungal compost as a food source for larvae, whose waste can afterwards be used as nutrient source for the plants. In this research, a seedling/pot experiment was set up using lettuce and green pea species. The seedling growing medium contained the additive (insect larvae waste fed with spent mushroom compost) at 1%, 5% and 10% concentration, the effect of which is that the material used provides additional nutrients, but an important factor is the dose used. Ferticare fertiliser irrigation and plain water irrigation were used as control treatments. Based on the results of the seedling growing experiment, lettuce and green peas were negatively affected by the additive, and their height values were lower than those of the control treatment and Ferticare-irrigated seedlings. The macro-nutrient content of seedling growing media showed an increasing trend for both vegetable species. The amounts of nitrogen, phosphorus and potassium also increased in correlation with the additive concentrations. In future studies, lower doses may be appropriate to try if the aim is to replace fertilisers.

The nutritional values of the plants were positively affected by the application of the additive at different concentrations. Nitrogen, phosphorus and potassium contents in lettuce and green peas increased with the additive dose. The next step in the research could be to investigate the effect of the additive on the further growth of the mature crop.

This paper was supported by GINOP_PLUSZ-2.1.1-21-2022-00183 program „Research and development of recycling mushroom cultivation waste using insect larvae”.



A Velvet transzkripció faktorok szerepének vizsgálata bazídiomos gombákban

SZAFIÁN Dorottya Anna, VIRÁGH Máté & NAGY G. László

HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóintézet, Biokémia Intézet, Szintetikus és Rendszer-biológiai Egység, Szeged – Synthetic and Systems Biology Unit, HUN-REN Biological Research Centre, Szeged, Hungary; szafian.dorka@gmail.co

A Velvet fehérjecsaldába tartozó transzkripció faktorok szinte minden gombataxonban jelen vannak, számuk tág határok között változhat, más élőlényekből azonban teljesen hiányoznak. Aminosav-szekvencia tekintetében erősen konzervált DNS-kötő motívummal rendelkeznek és szerkezetük alapján nagyfokú hasonlóságot mutatnak az emlősökre jellemző, immunválaszokban szerepet játszó NF κ B transzkripció faktorral. Már több mint ötven éve, hogy az első velvet domainnel rendelkező fehérjét felfedezték, mégis viszonylag keveset tudunk a szerepükről, az általuk befolyásolt folyamatokról, illetve a hatásmechanizmusukról. Jelenlegi információink nagy része aszkuszos gombákból származik, e fajokban a velvet fehérjék főként fényfüggő folyamatokban játszanak szerepet, pl. a szexuális és aszexuális szaporodás, illetve a másodlagos metabolitok termelésének szabályozásában. Gyakran nem egyedül, hanem homo- és heterodimerek, vagy több tagból felépülő komplexek formájában, esetenként nem csak velvet doménnel rendelkező fehérjékkel összekapcsolódva működnek.

Termőtestképző bazídiomos gombákban eddig kevés velvet fehérjékkel kapcsolatos tanulmány született, így célul tűztük ki szerepük megismerését ebben a gombacsoportban. Modellünkben, a *Coprinopsis cinerea*-ban hat velvet domainnel rendelkező fehérjét találunk. CRISPR/Cas9 technikát használva elsőként deléciós törzsek létrehozásával és fenotipizálásával kezdtük meg a transzkripció faktorok szerepének vizsgálatát. Sikeresen létrehoztunk egy, az *Aspergillus nidulans VelB* fehérjéjével homológiát mutató *CcVelB* törzsre nézve deléciós törzset. A $\Delta CcVelB$ vegetatív növekedésében nem tapasztaltunk változást a vad típushoz képest, azonban a termőtesteken nem figyeltünk meg lemezeket, sem himéniumot. Mindez alapján valószínűsíthető, hogy a *CcVelB* szerepet játszik a himénium és a lemezek differenciálódásában.

The role of Velvet transcription factors in *Basidiomycota*

Transcription factors belonging to the Velvet protein family appear in almost all taxa of fungi, but nowhere outside this group. They share a conserved DNA binding domain unique in its amino acid sequence. However, its structure shows a surprisingly high similarity to the mammalian transcription factor NF κ B, which plays a role in different immune responses. The first member of the family was described more than 50 years ago, but we have relatively little understanding of their roles and mechanisms of action. Our current information comes mostly from Ascomycota species, where velvet proteins are involved in regulating light-dependent processes like sexual and asexual reproduction and the production of secondary metabolites. Velvet proteins

often form homodimers, heterodimers, or larger complexes with various partners not only from the velvet protein family.

In our work, we aimed to identify the role of the velvet transcription family in a model fruiting-body forming fungus, *Coprinopsis cinerea*. This species has six velvet proteins. Using the CRISPR/Cas9 technique we aimed to create deletion mutants and phenotyping the deletion strains to access the function of the Velvet proteins. So far, we have created a deletion strain for *CcVelB* showing homology to *Aspergillus nidulans VelB*. The deletion does not have any affection on the vegetative growth of *Coprinopsis cinerea*. However, we did not observe any hymenium or gill on the fruting bodies formed by the deletion strain. These results suggest that *CcVelB* plays a role in the differentiation of the hymenium and the gills.



Importált banánon megjelenő kórokozók jelentősége

SZENDREI Lilla, FARKAS Zoltán, PETRÓCZY Marietta & TÓTH Annamária

Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Kertészettudományi Intézet, Növényvédelmi Intézet, Növénykórtani Tanszék, Budapest – Department of Plant Pathology, Institute of Plant Protection, Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Budapest, Hungary; szendrei.lilla22@gmail.com

A banán (*Musa × paradisiaca*) az egyik legnépszerűbb trópusi gyümölcs. Általában trópusi, szubtrópusi régiókban termesztik, és világszerte árulják. Évente több mint 130 országból több millió tonna trópusi gyümölcsöt, köztük banánt is importálnak az EU-ba, ami a növényi kórokozók számára potenciális útvonallá válhat. A növényi kórokozók által okozott betakarítás utáni veszteségek mind általánosságban, mind a szállítás során hatalmas gazdasági problémát jelentenek. Az élelmiszerboltokban gyakran találkozhatunk gombabetegségek tüneteit mutató gyümölcsökkel. Vizsgálatunk során célul tűztük ki, a hazánkba importált banán gyümölcs gombás betegségeiért felelős kórokozók izolálását és meghatározását mind morfológiai, mind molekuláris módszerek segítségével. A vizsgálathoz olyan gyümölcsöket választottunk ki, melyeken fertőző kóroktól származó elváltozást figyeltünk meg. A vizsgálat anyaga hazai szupermarketekből, zöldség-gyümölcs kiskereskedelemről, piacokról származott. A kórokozókat PDA táptalajon izoláltuk, majd tiszta tenyészeteket hoztunk létre, melyeket felhasználtunk a morfológiai és molekuláris vizsgálatokhoz, patogenitási tesztekhez. Jellemeztük a tiszta tenyészetek általános morfológiai tulajdonságait: a tenyészetek alakját, színét, mintázottságát, felszínét és a szaporító képletek képződését. Izolátumként 50–50 konídium hosszúságát és átmérőjét vizsgáltuk citoplaszt mikroszkóppal. A patogenitási tesztek során a Koch-posztulátumokat követve bizonyítottuk az izolált kórokozók megbetegítőképességét. Az ITS genomi régió, a kalmodulin gén és a β -tubulin gén DNS-szekvenciája alapján molekulárisan is azonosítottuk az izolált kórokozókat.

A tüneteket mutató banán gyümölcsökön *Colletotrichum* és *Fusarium* nemzetséghez tartozó fajok jelenlétét igazoltuk. A fertőzött gyümölcscrészek komposztba kerülése lehetőséget teremt a kórokozók megtelepedésére. A globális felmelegedéssel az éghajlati tényezők kedvezőbbé válnak számos kórokozó számára, ezért érdemes nagyobb figyelmet fordítani az újonnan behurcolt kórokozókra.

Significance of fungal pathogens on imported bananas

Bananas (*Musa × paradisiaca*) are among the most popular tropical fruits. It is generally cultivated in tropical, subtropical and other regions and distributed worldwide. Millions of tons of tropical fruits, including banana, are imported to the EU from more than 130 countries every year, which could become a potential pathway for plant pathogens. Post-harvest losses caused by plant pathogens, both in general and during transport, are a huge economic problem. Fruits showing symptoms of fungal

diseases are often observed in grocery stores. The aim of this study was to identify fungal pathogens introduced into Hungary with the fruit trade. For this study bananas showing symptoms of fungal diseases were selected from supermarkets and fruit merchants in Hungary. Isolates were obtained from infected fruit tissues placed into PDA medium. Macroscopic and microscopic characteristics of the fungal isolates were recorded. Koch's postulates were fulfilled for all isolates. Genomic DNA was extracted from the growing margins of the colonies, using the cetyl-trimethyl-ammonium-bromide (CTAB) method. ITS1 and ITS4 primers were used to amplify the internal transcribed spacer (ITS) region. The partial beta-tubulin (TUB) gene was amplified using Bt1a and Bt1b primers. Sequences were checked and edited according to the chromatogram and compared with the sequences stored in the NCBI database.

In this study we reported the presence of *Colletotrichum* and *Fusarium* spp. on imported banana fruits. Infected fruit parts can end up in compost bins, providing an opportunity for pathogen establishment. With global warming, climatic factors will become more favourable for many pathogens, therefore more attention should be paid to newly introduced pathogens.



Csiperkegomba komposztok hőkezelésének energiaigény meghatározása

TRÁSY Benedek^{1,2}, MIKONY Róbert¹ & GEÖSEL András²

¹Bio-Fungi Kft., Áporka – Bio-Fungi Ltd., Áporka, Hungary; benedek.trasy@biofungi.hu

²Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Kertészettudományi Intézet, Zöldség- és Gombatermesztési Tanszék, Budapest – Hungarian University of Agriculture and Life Sciences, Faculty of Horticultural Sciences, Department of Vegetable and Mushroom Growing, Budapest, Hungary

Napjaink talán legfontosabb kihívása a különböző élelmiszerek termeléséhez szükséges ökológiai lábnyom csökkentése, a rendelkezésre álló erőforrások minél hatékonyabb kihasználásával. Az intenzív gombatermesztéshez szükséges termeszőközeg előállítása speciális technológiát igényel, amely csak erre az iparágra jellemző. A gombakomposzt gyártásához annak intenzitása és üzemmérete miatt nagy mennyiségű villamos energiát használunk fel. A komposzt előállítása mezőgazdasági melléktermékek (pl.: szalma, csirketrágya, lótrágya, mész) felhasználásán alapszik. A gombák termesztéséhez tápanyag szempontjából nélkülözhetetlen lignocellulóz komplex előállítása a kiindulási alapanyagok fizikai és kémiai paramétereitől, valamint az adott gombafaj igényeitől függően változó körülmények között, de zárt technológia szerint kerül előállításra.

A komposzt előállítás egyik legfontosabb és legnagyobb ellenőrzést igénylő folyamata a hőkezelőkben történő pasztörizálás. A folyamat során a félkész termék egy szabályozott hőkezelési görbét jár be, amelynek technológiai paramétereit (hőmérséklet, időtartam, levegőztetés stb.) előre be kell állítani. A kívánt értékek technológia szerinti betartását egy számítógép által vezérelt program biztosítja, amely lehetővé teszi a komposzt állandó felügyelet alatt tartását. Az ideális hőkezelési görbe lefuttatásához szükséges energia mennyiséget az anyag tulajdonságai nagyban meghatározzák. A komposzt gyártásának technológiája és a felhasznált alapanyagok eredeti tulajdonsága meghatározza a termék szerkezetét és viselkedését. A jó minőségű komposzt előállításához megfelelő mennyiségű oxigén és szükség szerinti hűtés szükséges. A fermentáláshoz és bakteriális tevékenységhez szükséges alapvető körülményeket nagy teljesítményű ventilátorok segítségével biztosítja a technológia. Egy-egy hőkezelési egységben a biológiai és kémiai bomlási folyamatok egyedileg szabályozottak, amelynek irányítása a levegő folyamatos forgatásával, friss levegő adagolásával és annak hűtésével történik. Az egyszerre legyártásra kerülő anyagok aktivitását, viselkedését, a termék gyártásakor beállított receptúrájával is tudjuk szabályozni.

Az alapanyagok arányával közvetetten befolyásoljuk a ventilátorok hatékonyságát. Azon komposztok esetén, ahol az ideálisnál magasabb az ammónium tartalom, hosszabban és magasabb fordulatszámra szükséges a ventilátorokat működtetni, amely az energiaigényben jelentkezik. A komposzt beltartalmi értékeken kívül a hőkezelőkbe betárolt termék mennyisége közvetlenül kihat a gyártási technológia egyéb elemeire, hiszen a komposztok szerkezete, azok sűrűsége, térfogatsúlya előre tudja jelezni a technológiát kiszolgáló gépészet leterheltségét.

Mindezen felül tapasztalataink szerint az azonos gyártási tételből származó komposztok, külön-külön hőkezelőkbe töltött részegységei alkalmanként eltérően viselkednek. A gyártás során fellépő kisebb inhomogenitások, a félautomata rendszerből eredő különbségek, a technológia aktuális adottságai hatással vannak a komposzt viselkedésére. Az eltérő viselkedés nagyságrendi eltéréseket tud okozni az energiafogyasztásban. Az áramfelhasználást tehát a hipotézis szerint aktívan tudjuk befolyásolni a gyártástechnológia különböző paramétereinek változtatásával. A kevésbé lefermentált, magas ammónia tartalmú komposztok hőkezelése esetén jobban ki kell használni a ventilátorok kapacitását. Az egyes tételeken belül esetlegesen fellépő inhomogenitások, illetve a technológiai adottságok következtében fellépő különbségek szintén befolyásolják a folyamat lezajlását.

A hőkezelés folyamatáról megfelelő mennyiségű adat összegyűjtése után összefüggésvizsgálatokkal és főkomponens analízissel fogjuk meghatározni azokat a komposzt fizikai és kémiai tényezőket, technológiai paramétereket, amelyek az áramfogyasztást befolyásolják. Távlati célunk olyan adatbázis létrehozása, amely alapján előre jelezhető, hogy az egyes gyártási tételek milyen energiamennyiséget fognak igényelni a hőkezelés során. Ez a tudományos újdonságon túl közvetlen gyakorlati célokat is szolgál.

Determining the energy requirements of heat treatment for button mushroom composts

One of the most important challenges of our time is reducing the ecological footprint required for the production of various foods by utilizing available resources as efficiently as possible. The production of the mushroom compost needed for intensive mushroom cultivation requires a specialized technology that is unique to this industry. Due to its intensity and the scale of operations, this industry consumes a large amount of electricity. The production of compost is based on the use of agricultural by-products (e.g., straw, chicken manure, horse manure, limestone). The essential lignocellulose complex required for mushroom cultivation is produced under varying conditions, depending on the physical and chemical parameters of the starting materials and the specific needs of the mushroom species. This process is carried out using a closed technology.

One of the most important and highly controlled processes in compost production is pasteurization. This is done in heat treatment units called pasteurization tunnels. During this process, the semi-finished product follows a regulated heat treatment curve, the technological parameters of which (temperature, duration, aeration, etc.) must be set in advance. Adherence to the desired values according to the technology is ensured by a computer-controlled program, which allows the compost to be constantly monitored. The amount of energy required to run the ideal heat treatment curve is largely determined by the properties of the material. The technology of compost production and the original properties of the raw materials influence the structure and behaviour of the product. Producing high-quality compost requires an adequate amount of oxygen and cooling as needed. The fundamental conditions necessary for

fermentation and bacterial activity are ensured by high-performance fans. In each pasteurisation tunnel, the biological and chemical decomposition processes are individually regulated, managed through continuous air circulation, the addition of fresh air, and cooling.

The activity and behaviour of the material being processed can be influenced by the recipe set during production. The efficiency of the fans is indirectly influenced by the proportion of raw materials. For composts with higher than ideal ammonium content, the fans need to operate for longer periods and at higher speeds, which increases energy consumption. In addition to the chemical parameters of the compost, the amount of product stored in the heat treatment units directly impacts other elements of the production technology. The structure and bulk density of the composts can predict the workload on the machinery serving the technology.

Additionally, based on our experience, composts from the same production batch, loaded into separate heat treatment units, occasionally behave differently. Minor inhomogeneities arising during production, differences resulting from the semi-automated system, and the current conditions of the technology all affect the behaviour of the compost. This can cause significant differences in energy consumption. According to the hypothesis, we can actively influence electricity consumption by adjusting various parameters of the manufacturing technology. During the heat treatment of less fermented composts with high ammonia content, it is necessary to fully utilize the capacity of the fans. Any potential inhomogeneities within individual batches, as well as differences resulting from technological conditions, also influence the course of the process. After collecting a sufficient amount of data on the heat treatment process, we will use correlation analysis and principal component analysis to determine the physical and chemical factors of the compost, as well as the technological parameters that influence electricity consumption. Our long-term goal is to create a database that can predict in advance the amount of energy each production batch will require during heat treatment. In addition to its scientific novelty, this has direct practical implications.



Az *Aspergillus fumigatus* MeaB transzkripció faktorának szerepe a reaktív nitrogénformák elleni védekezésben

VARGA Kinga^{1,2}, BENKŐ Zsigmond¹, ANTAL Károly³, PÓCSI István^{1,4} & EMRI Tamás^{1,4}

¹Debreceni Egyetem, Molekuláris Biotechnológiai és Mikrobiológiai Tanszék, Debrecen – Department of Molecular Biotechnology and Microbiology, Institute of Biotechnology Faculty of Science and Technology, University of Debrecen, Debrecen, Hungary; kinga_varga@yahoo.com

²Debreceni Egyetem, Táplálkozás- és Élelmiszertudományi Doktori Iskola, Debrecen – Doctoral School of Nutrition and Food Sciences, University of Debrecen, Debrecen, Hungary

³Eszterházy Károly Katolikus Egyetem, Állattani Tanszék, Eger – Department of Zoology, Eszterházy Károly Catholic University, Eger, Hungary

⁴HUN-REN-DE Gomba Stresszbiológiai Kutatócsoport, Debrecen – HUN-REN-UD Fungal Stress Biology Research Group, Debrecen, Hungary

A MeaB egy a nitrogén anyagcsere szabályozásában közreműködő bZIP típusú transzkripció faktor. Az *Aspergillus fumigatus* opportunista humánpatogén gombában a MeaB részt vesz, többek között, a galaktózaminogalaktán bioszintézis gének, valamint β -1,3-glukanoziltranszferáz gének aktiválásában. Deléciója (az *A. fumigatus* A1160 törzs esetében) az *in vivo* virulencia csökkenésével, a galaktózaminogalaktánmediált biofilm képzés zavarával és megnövekedett sejtfalstressz érzékenységgel járt együtt (Chen és munkatársai 2024; 10.1128/msphere.00619-23). Vizsgálatainkban a *meaB* géndeléció következményeit tanulmányoztuk az *A. fumigatus* Af293 törzsben. A MeaB transzkripció faktor hiánya, bár nem befolyásolta érdemben a tenyészetek nitrát hasznosító képességét, jelentősen növelte a nitráttal szembeni érzékenységet. Felületi kultúrákban 60 mM NaNO₂ a vad típusú törzs növekedésében érdemi változást nem okozott, míg a Δ *meaB* törzs növekedését teljesen gátolta. Süllyesztett kultúrák esetében az 50% növekedésgátlás eléréséhez a vad típusú törzs tenyészeteinél 135 mM, a géndeléció törzs tenyészeteinél 90 mM NaNO₂-re volt szükség. Ezen NaNO₂-es kezelések esetében a két törzs redox egyensúlyvesztése is hasonló mértékű volt. A transzkriptomikai vizsgálatok alapján a NaNO₂-es kezelést követően a MeaB hiánya érdemben nem befolyásolta a nitrát (nitrit) hasznosításában, illetve a reaktív nitrogénformák eliminálásában résztvevő gének indukcióját és érdemi különbséget az antioxidáns enzimek génjeinek felülszabályozásában sem tapasztaltunk. A Δ *meaB* és a vad típusú törzs transzkriptomának közvetlen összehasonlítása ugyanakkor azt mutatta, hogy a sziderofór génklaszter génjei a felülszabályozódott, míg a hem tartalmú fehérjék génjei az alulszabályozott gének között mutattak dúsulást mind a kezeltlen, mind a NaNO₂-tel kezelt tenyészetekben. Adataink arra utalnak, hogy a MeaB transzkripció faktor (közvetve) részt vesz a vas homeosztázis fenntartásában. Hiányában a nitrit okozta nitrozatív stresszre a Δ *meaB* törzs feltehetőleg a nem megfelelően működő vas anyagcseréje miatt nem tudott olyan hatékonyan reagálni, mint a vad típusú törzs.

A kutatást a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Hivatal támogatta (K131767).

Role of the MeaB transcription factor in the regulation of reactive nitrogen species in *Aspergillus fumigatus*

MeaB is a bZIP-type transcription factor involved in the regulation of fungal nitrogen metabolism. In the opportunistic human pathogenic fungus *Aspergillus fumigatus*, MeaB is involved in the activation of, among others, galactosaminogalactan biosynthesis genes and β -1,3-glucanotransferase genes. Its deletion (in the case of *A. fumigatus* strain A1160) was associated with reduced *in vivo* virulence, impaired galactose aminogalactan-mediated biofilm formation and increased cell wall stress sensitivity (Chen et al. 2024; 10.1128/msphere.00619-23). Here we investigated the consequences of *meaB* gene deletion in *A. fumigatus* Af293. The absence of MeaB, although did not affect substantially the nitrate utilization of the cultures, significantly increased the sensitivity to nitrite. In surface cultures, 60 mM NaNO₂ did not cause any significant change in the growth of the wild-type strain, whereas the growth of the Δ *meaB* strain was completely inhibited. In submerged cultures, 135 mM NaNO₂ was required to achieve 50% growth inhibition in cultures of the wild-type strain and only 90 mM NaNO₂ in cultures of the gene deletion mutant. Under these treatment conditions, the redox imbalance of the two strains was also similar. Evaluation of transcriptomic data showed that in NaNO₂ treated cultures the absence of MeaB did not significantly affect the induction of genes involved in nitrate (nitrite) utilization or elimination of reactive nitrogen forms, and no significant difference was observed in the up-regulation of antioxidant enzyme genes. Direct comparison of the transcriptome of the Δ *meaB* mutant and the wild-type strain, however, showed that genes of the siderophore gene cluster were enriched among the upregulated gene set, whereas genes of heme-containing proteins were enriched among the downregulated gene set in both untreated and NaNO₂-treated cultures. Our data suggest that the MeaB transcription factor is (indirectly) involved in the maintenance of iron homeostasis. In its absence, the Δ *meaB* strain could not respond as efficiently as the wild-type strain to nitrosative stress induced by nitrite, presumably due to its inadequate iron metabolism.

The research was financed by the National Research, Development, and Innovation Office (Hungary) project K131767.



Bazídiumos zuzmólakó mikrogombák Magyarországról

VARGA Nóra¹, LŐKÖS László¹ & FARKAS Edit²

¹Magyar Természettudományi Múzeum, Növénytár, Budapest – Department of Botany, Hungarian Natural History Museum, Budapest, Hungary; varga.nora@nhmus.hu

²HUN-REN Ökológiai Kutatóközpont, Ökológiai és Botanikai Intézet, Vácrátót – Institute of Ecology and Botany, HUN-REN Centre for Ecological Research, Vácrátót, Hungary

A zuzmólakó gombák nem alkotnak különálló rendszertani kategóriát, a csoportosításuk ökológiai jellegű. Ezen csoportosításuk alapját az képezi, hogy zuzmókon élnek. Becslések szerint több mint 2000 fajuk ismert. Többségük a tömlősgombák közé tartozik, de egy kisebb részük (kb. 10%) rendszertanilag a bazídiumos gombákhoz sorolható. A zuzmólakó gombák és a zuzmók közötti kapcsolatot több szempont alapján értékelhetjük. Vannak obligát zuzmólakók, amik kizárólag zuzmókon fordulnak elő, s egy-egy fajra vagy nemzetségre specializálódtak, s vannak közöttük fakultatív zuzmólakók, amelyek több zuzmónemzetség fajain is előfordulnak, valamint nemcsak zuzmókon, hanem mohákon, algákon és csupasz fakérgen is. Megjelenésüket tekintve is változatosak, hiszen egyesek a termőképleteik kifejllesztése során nem okoznak színbeli és alakbeli elváltozást, míg mások elszíneződéseket, nekrotikus foltokat, dudorokat képeznek, amik gyakran szabad szemmel is észrevehetőek.

A zuzmólakó gombák közé soroljuk az endolichenikus gombákat is. Ezek a zuzmótelepek belsejében élnek, s elsősorban molekuláris genetikai vizsgálatokkal mutathatók ki. Magyarországról ezidáig kilenc faj ismert szórványos elterjedési adatokkal. Ezek közül a *Lichenozyma pisutiana* egy olyan bazídiumos élesztő, ami főleg *Cladonia* zuzmókon él, egy adata van hazánkból. Azonosításához különböző mikrobiológiai és molekuláris genetikai technikák szükségesek.

Az *Athelia arachnoidea* fakultatív zuzmólakó, sokféle zuzmón megfigyelhető, továbbá mohákat, zöldalga bevonatot, fakérget és lehullott leveleket is kolonizál. Jellegzetes, fehér színű hifaszövedékével gyűrűket képez a fák kérgén és más aljzatokon, amik nedves időben különösen szembetűnőek a parkokban, utcai sorfákon. Világosbarna, krémszínű szkleróciumai gyakran megfigyelhetők, termóréteget azonban ritkán találunk rajta. Az ország szinte minden részén elterjedt, gyakori faj.

Több adattal rendelkezünk a rózsaszín-narancs termőképletekkel, vegetatív sarkakkal (angolul „bulbil”) rendelkező fajokról, mint az *Erythricium aurantiacum* és a *Marchandiomyces corallinus*. Ezek összetéveszthetők egymással, mert a gazdakörük átfed és a mikroszkópos morfológiai tulajdonságaik is hasonlóak az életciklusuk bizonyos szakaszában, a színük pedig az érés és gyűjteményi tárolás során változik, kifakul. Az *Erythricium aurantiacum* főleg fakérgen élő *Physcia* fajok parazitája, a *Marchandiomyces corallinus*, ami tágabb gazdaspektrummal bokros, lombos és kéregtelepű zuzmókon, változatos aljzaton fordul elő, kevésbé virulens, nem okozza a gazda látványos pusztulását.

Egyre több példány kerül elő a változatos formájú és színárnyalatú, barnás dudorokat képező, *Tremella*-szerű fajokból, mint a *Zyzygomyces physciacearum*. Mivel baktériumok is képesek dudorokat képezni a zuzmók telepén, szükséges a nagy gyakorlatot igénylő mikroszkópos morfológiai, esetleg molekuláris genetikai technikákkal történő azonosítás.

A kutatást a NKFI K 124341. számú pályázata támogatta.

Lichenicolous fungi from the *Basidiomycota* in Hungary

The lichenicolous fungi are not classified as a separate taxonomic category. Rather, their grouping is ecological, based on the fact that they live almost exclusively on lichens. The estimated number of species is over 2000. Most of them belong to the *Ascomycota*, but a small proportion, about 10%, are taxonomically classified as *Basidiomycota*. The relationship between lichens and lichenicolous fungi has several aspects. The obligate lichenicolous fungi occur exclusively on lichens and are specialised to a particular species or genus, while facultative lichenicolous fungi occur on species of several lichen genera, and not only on lichens but also on mosses, algae and tree bark. They are also diverse in their appearance, with some not showing any colour or shape changes during the development of their fruiting stages, while others cause discolorations, necrotic spots or galls, often visible in the field. Lichenicolous fungi include endolichenic fungi, which live inside lichen thalli and can be detected mainly by molecular genetic analysis.

So far, nine species have been recorded from Hungary with sporadic distribution records. Of these, *Lichenozyma pisutiana* is a basidiomycete yeast that lives mainly on *Cladonia* species and has only one record from Hungary. Its identification requires different microbiological and molecular genetic techniques. *Athelia arachnoidea* is a facultative lichen parasite, it can be observed on a wide range of lichens, also colonises mosses, green algae, bark and fallen leaves. Its characteristic white-coloured hyphae form rings on the bark of trees and other substrates, which are particularly conspicuous in parks and street trees in wet weather. Its light brown to cream-coloured sclerotia are often, but a fertile layer is rarely observed. It is a common species in almost all parts of the country. We have more data on species with pink-orange fruiting structures (and bulbils), such as *Erythricium aurantiacum* and *Marchandiomyces corallinus*. They can be confused because their host range overlaps and their microscopic morphology is similar at certain stages of their life cycle, and their colour changes and fading during maturation and herbarial storage. *Erythricium aurantiacum* is a parasite of corticolous *Physcia* species, *Marchandiomyces corallinus*, which occurs with a wider host range on fruticose, foliose and crustose lichens on various substrates, is less virulent and does not cause obvious host mortality.

Tremella-like species with varied shapes and colours, forming brownish galls, such as *Zyzygomyces physciacearum*, are found more and more frequently. Since bacteria can also form galls on lichen thalli, microscopic morphological identification requiring considerable practice, or identification by molecular genetic techniques is necessary.

This study was supported by the National Research Development and Innovation Fund NKFI K 124341.



Fán élő pirenomicéta és korticioid gombafajok a Budakeszi-erdőből

VÁRHELYI Szabolcs & KUTSZEGI Gergely

Állatorvostudományi Egyetem, Növényteni Tanszék, Budapest – Department of Botany, University of Veterinary Medicine Budapest, Budapest, Hungary; varhelyi.szabolcs@gmail.com

A fán élő gombafajok nélkülözhetetlen szerepet játszanak a holt faanyag lebontásában. Közülük a szabad szemmel látható méretű (> 2 mm) termőtesteket fejlesztő nagygombákat, pl. a kalapos, vagy a poroid taplófajokat gyakran fénymikroszkóp, vagy DNS alapú fajmeghatározási módszerek nélkül is sikeresen meg lehet határozni. A hozzájuk képest sokkal kevesebb, szabad szemmel megfigyelhető morfológiai bélyeget viselő, ezért nehezebben határozható korticioid (nem poroid, vagy sztereooid rezupinátus, bazídiumos) és pirenomicéta (peritéciumos, aszkuszos) gombafajok egy ritkán vizsgált, ezért még jórészt feltáratlan részét képezik a faanyagbontó szaprotróf gombafajok közösségének. Szerepük azonban a holt faanyag lebontásában ugyancsak jelentős, mert termőtesteik csaknem minden lehullott fadarabon felelhetők és egy adott élőhelyen a fajsámuk is gyakran magas. Ez különösen azon gazdálkodással érintett erdőállományokban lehet így, ahol a sérült, főleg csak vékonyabb ágakból és gallyakból álló holtfaészlet nem szolgáltat elegendő tápanyagot a nagyobb termőtesteket fejlesztő gombafajoknak. Hazánk korticioid gombafajait és pirenomicétáit még nagyon kevesen kutatták. Célunk ezért egy általunk könnyen megközelíthető, de a hazai viszonylatban gyakori erdei élőhelyeket (tölgyeseket és bükkösöket) reprezentáló terület (a Budakeszi-erdő, 47,509199 É, 18,949939 K pont kb. 800 m-es körzete) korticioid és pirenomicéta gombafajainak felmérése volt. A terepi mintavétel során 20 db, 30 m hosszú, K-NY-i irányultságú transzekt mentén mintavételeztük a korticioid és pirenomicéta gombafajok termőtesteit, melyeket utólag fénymikroszkópban vizsgáltunk. Minden gyűjtéshez rögzítettük a szubsztrátum (a holt faanyag) faját, átmérőjét, hosszát, korhadási fokát, kéreggel való borítottságát és a termőtest(ek) elhelyezkedését (alul, felül, vagy oldalt fejlődött-e) a faanyagon.

Az összesen 306 db gyűjtésünkből eddig 80-at határoztunk meg, melyeket 14 fa- és cserjefajon találtunk. Hetvenkét preparátumot faj, vagy fajcsoport (sensu lato), további 8-at pedig nemzetség szintig tudtunk meghatározni. Jelenleg 14 pirenomicéta (*Biscogniauxia nummularia*, *Diatrype decorticata*, *D. stigma*, *Eutypa flavovirens*, *E. lata*, *E. spinosa*, *Hypocrea citrina*, *Hypocrea crystalligena**, *Hypoxylon fragiforme*, *H. howeanum*, *H. macrocarpum**, *H. petriniae*, *Nectria cinnabarina* s. lato, *Nemania serpens*) és 13 korticioid (*Hyphoderma cremeoalbum**, *Lyomyces crustosus*, *L. sambuci* s. lato, *Mutatoderma mutatum*, *Peniophora cinerea*, *Peniophorella pallida*, *P. praetermissa* s. lato, *P. pubera**, *Phanerochaete laevis**, *Ph. sordida**, *Ph. velutina*, *Steccherinum fimbriatum*, *Vuilleminia cystidiata**) taxont találtunk, melyeket összesen 15 nemzetségbe soroltunk. Közülük hét (*) taxonra még nem találtunk hazai hivatkozást.

Wood-inhabiting pyrenomycetous and corticioid fungi in Budakeszi-erdő (Buda Hills, Central Hungary)

Wood-inhabiting fungi play a fundamental role in the decomposition of deadwood. Wood saprotroph polypores and agarics with fruiting bodies visible to the naked eye (> 2 mm, “macrofungi”) can often be identified without using a light microscope or applying DNA sequencing. In contrast, the corticioid (non-poroid, non-stereoid resupinate basidiomycetes) and pyrenomycetous (perithecial ascomycetes) fungal species mostly have micro-morphological characteristics complicating identification. Consequently, they often represent an understudied group of wood-decaying fungi. However, they are also crucial decomposers in forests exhibiting a great species richness on fine (< 5 cm in diameter) woody debris. Especially in managed forests where deadwood volume is often low, predominantly consisting of twigs and branches, less suitable for fungi forming larger sporocarps. Corticioid and pyrenomycetous taxa have rarely been studied in Hungary. Therefore, we aimed to collect corticioid and pyrenomycetous fungal taxa in Budakeszi-erdő. Budakeszi-erdő is a woodland near to Budapest with a core area surrounding the point 47.509199 N, 18.949939 E within 800 m radius harbouring oak and beech stands both being frequent forest types in Hungary.

We surveyed corticioid and pyrenomycetous fungi along 20, east-west-oriented transects of 30 m. We sampled voucher specimens and identified them under a light microscope. For each specimen, we recorded species identity, diameter, length, decay stage, and bark cover of dead wood units and the position of fruiting bodies on the wood (developed underneath, on top, or on the side).

Out of our 306 samples, we have identified 80 so far, found on 14 tree and shrub species. We were able to identify 72 specimens to the species or species complex (*sensu lato*) level and an additional 8 specimens to the genus level. Up to this point, we found 14 pyrenomycetous (*Biscogniauxia nummularia*, *Diatrype decorticata*, *D. stigma*, *Eutypa flavovirens*, *E. lata*, *E. spinosa*, *Hypocrea citrina*, *Hypocrea crystalligena**, *Nectria Cinnabarnia s. lato*, *Nemania serpens*, *Hypoxylon fragiforme*, *H. howeanum*, *H. macrocarpum**, *H. petriniae*) and 13 corticioid (*Efibula tuberculata*, *Hyphoderma cremeoalbum**, *Lyomyces crustosus*, *L. sambuci s. lato*, *Mutatoderma mutatum*, *Peniophora cinerea*, *Peniophorella praetermissa s. lato*, *P. pubera**, *Phanerochaete laevis**, *Ph. sordida**, *Ph. velutina*, *Steccherinum fimbriatum*, *Vuilleminia cystidiata**) taxa belonging into 15 genera. We found no Hungarian references yet for seven taxa (*).



Humánpatogén gombák molekuláris azonosítása formalinban fixált, paraffinba ágyazott szövetekben

ZAJTA Erik¹, GUDOR Szilárd², HORVÁTH Róbert¹, CSOMOR Judit¹, KRENCZ Ildikó¹, LUKÁTSINÉ NAGY Veronika¹, KNAPP G. Dániel^{3,4}, HARDI Apor⁵, PESKÓ Gergely⁶, VAD Eszter⁷, TRESÓ Bálint⁷, SINKÓ János⁵ & BÖDÖR Csaba¹

¹Semmelweis Egyetem, Patológiai és Kísérleti Rákkutató Intézet, Budapest – Department of Pathology and Experimental Cancer Research, Semmelweis University, Budapest, Hungary zajta.erik@semmelweis.hu

²Sapientia Erdélyi Magyar Tudományegyetem, Biomérnöki Tanszék, Csíkszereda – Department of Bioengineering, Sapientia Hungarian University of Transylvania

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

⁴Eötvös Loránd Tudományegyetem, Biológiai Intézet, Növénynszervezettani Tanszék, Budapest – Department of Plant Anatomy, Institute of Biology, Eötvös Loránd University, Budapest, Hungary

⁵Országos Hematológiai és Infektológiai Intézet, Dél-pesti Centrumkórház, Hematológiai és Óssejt-transzplantációs Osztály, Budapest – Department of Hematology and Hematopoietic Stem Cell Transplantation, South-Pest Central Hospital, National Institute of Hematology and Infectious Diseases, Budapest, Hungary

⁶Semmelweis Egyetem, Belgyógyászati és Hematológiai Klinika, Budapest – Department of Internal Medicine and Haematology, Semmelweis University, Budapest, Hungary

⁷Dél-pesti Centrumkórház, Országos Hematológiai és Infektológiai Intézet, Központi Laboratórium, Mikrobiológiai Profil, Budapest – Microbiology Profile, Central Laboratory, South-Pest Central Hospital, National Institute of Hematology and Infectious Diseases, Budapest, Hungary

Az invazív humán gombafertőzések kezelésében a kórokozó pontos ismerete az adekvát terápia megválasztásának alapja. A klinikai diagnosztikában ennek alapvető módszere a tenyésztés alapú identifikáció. A tenyésztés azonban nem mindig végezhető el vagy sikeres. A fertőzött szövetekből a patológiai egységekben formalinban fixált, paraffinba ágyazott (FFPE) minták készülnek, melyekből a gombaelemek kimutatása hematoxin-eozin és speciális festésekkel megbízható, azonban a patogén ágens pontos meghatározása csak ritkán kivitelezhető. Molekuláris vizsgálattal viszont a humán patogén gombák FFPE szövetekből is meghatározhatók. Ezért az újabb klinikai irányelvek ajánlásokat tartalmaznak a kórokozó gombák FFPE mintákból végzett DNS alapú meghatározására.

Célunk volt a Dél-pesti Centrumkórház – Országos Hematológiai és Infektológiai Intézet közreműködésével hazai beteganyagban beállítani a patogén gombák FFPE mintából végzett molekuláris diagnosztikáját a Semmelweis Egyetem Patológiai és Kísérleti Rákkutató Intézetében. Munkánk során a 2015 és 2024 közötti időszakból származó, összesen 34 olyan FFPE blokkot használtunk fel, melyekben a kórszöveti lelet gomba fertőzést írt le, emellett negatív kontrollként 16 gombaelemet nem tartalmazó mintát vizsgáltunk. Enzimes sejtfaeleméssel kiegészített DNS izolálási protokollt követően négy jelentős opportunista humánpatogén gombacsoportra (*Candida*, *Aspergillus*, *Pneumocystis* és *Mucorales*) specifikus kvantitatív polimeráz láncreakciót alkalmaztunk, valamint az nrDNS internal transcribed spacer (ITS) szakaszát, illetve a *Mucorales* esetében a 18S rDNS egy szakaszát szekvenáltuk Sanger-féle módszerrel. Az azonosított szekvenciákat az ISHAM Barcoding Database és az NCBI GenBank adatbázisokba deponált referenciaszekvenciákkal vetettük össze.

Molekuláris vizsgálattal a gombával fertőzött minták 85%-ában rendszertani csoport (nemzetségbe és/vagy *Mucorales* rendbe tartozás) szintű azonosítás, 73%-ában nemzetség szintű, továbbá 47%-ában faj/fajkomplex szintű meghatározás vált lehetővé. Az alábbi csoportokat mutattuk ki: *Aspergillus* sp., *A. fumigatus* komplex, *A. flavus* komplex, *A. nidulans* komplex, *Mucorales* sp., *Rhizopus* sp., *Rhizomucor* sp., *Cunninghamella* sp., *Lichtheimia ramosa*, *Candida* sp., *C. albicans*, *Alternaria* sp., *Scopulariopsis* sp. és *Pneumocystis jirovecii*. Egyes esetekben az eredmény hatást gyakorolt a terápiás döntésre, melyekből egy példát bemutatunk.

Munkánk megalapozza a kórokozó gombák molekuláris meghatározásának bevezetését intézetünk rutindiagnosztikai készletébe, így hozzájárul a szövetszövetmintából történő, tenyésztéstől független azonosítás hazai elterjedéséhez. Ez a nemzetközi ajánlásokhoz igazodva támogatja a megfelelő antifungális terápia kiválasztását.

Molecular identification of human fungal pathogens in formalin-fixed, paraffin-embedded tissues

The exact knowledge of the pathogenic agent is fundamental to adequate treatment of invasive human mycoses. Although culture-based identification remains elemental in clinical diagnostics, it is not always feasible nor successful. Infected tissues are normally transformed into formalin-fixed, paraffin-embedded (FFPE) samples at pathological units. Hematoxylin and eosin staining together with special staining procedures of these samples allow for reliable detection of fungal structures, however, the precise identification of the fungal pathogen is seldom possible. Molecular techniques, on the other hand, provide an opportunity to identify fungi in these samples. Therefore, recent clinical guidelines include recommendations on DNA-based identification of fungal pathogens from FFPE samples.

Our aim was to set up molecular identification of pathogenic fungi using FFPE tissues from Hungary at the Department of Pathology and Experimental Cancer Research of Semmelweis University in collaboration with the South-Pest Central Hospital - National Institute of Hematology and Infectious Diseases.

We tested a total of 34 FFPE specimens from 2015 to 2024 that were histologically positive for fungal elements together with 16 negative control specimens with no microscopically detected fungi in them. Samples were subjected to a DNA isolation protocol supplemented with enzymatic cell wall lysis followed by quantitative polymerase chain reactions specific to four groups of major opportunistic human pathogenic fungi (*Candida*, *Aspergillus*, *Pneumocystis* and *Mucorales*). Sanger sequencing of the nrDNA internal transcribed spacer (ITS) and *Mucorales*-specific sequencing of the partial 18S rDNA were also carried out. Retrieved sequences were compared with reference sequences in the ISHAM Barcoding Database and NCBI GenBank for genus or species identification.

Molecular identification to a taxonomical category level (genus level and/or *Mucorales* order level), to genus level and to species/species complex was possible in 85%, 73% and 47% of cases, respectively. The following taxa were detected: *Aspergillus* sp., *A. fumigatus* komplex, *A. flavus* komplex, *A. nidulans* komplex, *Mucorales* sp.,

Rhizopus sp., *Rhizomucor* sp., *Cunninghamella* sp., *Lichtheimia ramosa*, *Candida* sp., *C. albicans*, *Alternaria* sp., *Scopulariopsis* sp. and *Pneumocystis jirovecii*. In some cases, our results made an impact on the therapeutic decision, one of which will be presented.

This work provides a basis for the establishment of molecular diagnostics of mycoses in our institute and thus contributes to the spread of culture-independent identification of fungal pathogens directly from tissue specimens in Hungary. This, in line with international recommendations, can support the selection of appropriate antifungal therapy.

Regisztrált résztvevők és email címeik

Albert László	gasztromikogomba@gmail.com
Antunovics Zsuzsa	antunovics.zsuzsa@science.unideb.hu
Araujo, Susana Estefania	susy_estefy@hotmail.com
Bagi István	i.bagi@nefag.hu
Balázs Dóra Krisztina	dora.balazs91@gmail.com
Balázs Dávid	balazsd95@gmail.com
Balla Noémi	balla.noemi@med.unideb.hu
Batáné Vidács Ildikó	vidacs.ildiko@uni-eszterhazy.hu
Batta Gyula Gábor	batta.gyula.ifj@science.unideb.hu
Bende Gábor	bendeg@sol.cc.u-szeged.hu
Bíró-Kovács Ramóna	biro-kovacs.ramona@uni-eszterhazy.hu
Bodnár Veronika	bodnar.veronika@unideb.hu
Bodó Enikő	bodo3niko@gmail.com
Bódogh Zsolt	zsolt.bodogh@gmail.com
Bogaj, Verelindé	verelindebogaj@gmail.com
Borostyán Katalin	borostyan.katalin@atk.hun-ren.hu
Csíkos Sándor	csikossandor95@gmail.com
Dán Kinga	dan.kinga@bio.u-szeged.hu
Dima Bálint	balint.dima@ttk.elte.hu
Dobolyi Csaba	csdobolyi@gmail.com
Emri Tamás	emri.tamas@science.unideb.hu
Erdei Balázs	berdei@sylvanhu.hu
Fedor Ilona	fedicus@gmail.com
Fintha Gabriella	gabriella.fintha@gmail.com
Finy Péter	peter@finy.hu
Fodor Péter	Fodor.Peter.Oszkar@uni-mate.hu
Földi Csenge	foldi.csenge@brc.hu
Fülöp Miklós	miklos.fulop@biofungi.hu
Füzy Anna	fuzy@rissac.hu
Gábris Péter	pgabris@sylvanhu.hu
Galambos Máté	galambos.mate@biofungi.hu
Galgóczy László	galgoczi@bio.u-szeged.hu
Geiger Adrienn	geiger.adrienn@uni-eszterhazy.hu
Geml József	jozsef.geml@gmail.com
Geösel András	geosel.andras@uni-mate.hu
Geréné Radványi Dalma	gerene.radvanyi.dalma@uni-bge.hu
Gonda Sándor	gonda.sandor@science.unideb.hu
Gyalai-Korpos Miklós	research@pleurotus.hu
Harmath Andrea	harmath.andrea@med.unideb.hu
Hubay Csongor	csongor1.hubay.bongi@gmail.com
Imrefi Ildikó	iimrefi@gmail.com
Jakab Ágnes	jakab.agnes@med.unideb.hu
Juhász Péter	juhasz.peter@atk.hu
Juhász Zsuzsanna	juhaszssu@nebih.gov.hu
Juhászné Galló Orsolya	gorsi0125@gmail.com
Kalmár Klementina	kalmar.klementina@uni-mate.hu
Kántor Máté	kantormate93@gmail.com
Kanyungulu, Coretor Nyiva	colnyiva@gmail.com
Kappel Noémi	kappel.noemi@uni-mate.hu
Karaffa Levente	levente.karaffa@science.unideb.hu

Kavalecz Napsugár	kavalecz.napsugar@gmail.com
Kelemen Bettina	kelemen.bettina@atk.hu
Király Szabina	kiraly.szabina@science.unideb.hu
Kis Szidónia	szidoniakis@gmail.com
Kisné Fodor Lívia	fodor.livia@gmail.com
Knapp G. Dániel	daniel.knapp@lnu.se
Kocsis Beatrix	kocsis.beatrix@science.unideb.hu
Kovács Fruzsina	kovacs.fruzsina18@med.unideb.hu
Kovács M. Gábor	gaborm.kovacs@ttk.elte.hu
Kovács Renátó	kovacs.renato@med.unideb.hu
Kovács Zsófia	kovacs.zsofi@atk.hun-ren.hu
Kovácsné dr Orosz Anita	anita.kovacsneorosz@teva.hu
Kőszeginé Tóth Judit	zge.judit@gmail.com
Kredics László	laszlo.kredics@gmail.com
Krúzselyi Dániel	kruzselyi.daniel@atk.hun-ren.hu
Kutszegi Gergely	Kutszegi.Gergely.Jozsef@univet.hu
Ledezma Estrada, Alfonso Juan	ponch.allfuns@gmail.com
Lengyel Dorottya	lengyel.dorka98@gmail.com
Magyar Donát	magyar.donat@gmail.com
Magyari László	magyari.laszlo@biofungi.hu
Majoros László	major@med.unideb.hu
Maryam, Mozafarian	Mozafarianmeimandi.Maryam@uni-mate.hu
Matolcsi Fruzsina	matolcsifruzsina@gmail.com
Merényi Zsolt	zmerenyi@gmail.com
Molnár Anna	molnar.anna@uni-eszterhazy.hu
Molnár Orsolya	molnar.orsolya@atk.hun-ren.hu
Molnár-Bánffy Kata	mbk@salt.hu
Mondok Ágnes Kata	magneskata@gmail.com
Muhoro, Arthur Macharia	arthemacharia@yahoo.com
Mwangi, Ruth Wambui	Mwangi.Ruth.Wambui@phd.uni-mate.hu
Nagy G. László	cortinarius2000@gmail.com
Naijuka, Edwiger Ampurire	naijukaedwiger@gmail.com
Najafi, Raheleh	najafi.raheleh@phd.uni-mate.hu
Németh Bálint	nemeth.balint@science.unideb.hu
Németh Csaba	nemeth.csaba@ecolres.hu
Németh Márk	nemeth.mark@atk.hun-ren.hu
Nyisztor Éva	eva.nyisztor@biofungi.hu
Ododa, Kennedy Okoth	kododa.pt@chuka.ac.ke
Ozgyin Lilla	Lilla.Ozgyin@teva.hu
Pabar Sándor Attila	pabar.sandor@atk.hu
Pákozdi Klaudia	pakozdi.klaudia@science.unideb.hu
Pál-Fám Ferenc	pff3pff3@gmail.com
Palla Balázs	palla.balazs@uni-mate.hu
Papp Dóra	dora.papp1@gmail.com
Papp Viktor	papp.viktor@uni-mate.hu
Péter Balázs Domonkos	peterbalazs02@gmail.com
Péter Gábor	peter.gabor@uni-mate.hu
Petróczy Marietta	horvathne.petroczy.marietta.erszebet@uni-mate.hu
Pintye Alexandra	pintye.alexandra@atk.hun-ren.hu
Pócsi István	pocsi.istvan@science.unideb.hu
Radnóti Ágnes	radnoti.agnes@gmail.com
Rozsnyói Ákos	akosrozsnyoi@gmail.com
Scherman Jakab	jakabscherman@gmail.com

Sipiczki Mátvás	lipovy@gmx.com
Sipos György	sipos.gyorgy@uni-sopron.hu
Somosné Nagy Adrienn	a.nagy@pleurotus.hu
Szabó Anna	szabo.anna@uni-mate.hu
Szabó Vince	szabo.vince2002@gmail.com
Szafián Dorottya Anna	szafian.dorka@gmail.com
Szathmári Benedek	benedek.szathmari@gmail.com
Szendrei Lilla	szendrei.lilla22@gmail.com
Takács Eszter	takacs.eszter@uni-mate.hu
Takács Tünde	takacs.tunde@atk.hun-ren.hu
Terna Gergő	kedvesorsolya91@gmail.com
Tischner Zsófia	zsofi.tischner@gmail.com
Tóta Ádám	istigkei0@gmail.com
Tóth Annamária	toth.annamaria@uni-mate.hu
Tóth Liliána	toth.liliana88@gmail.com
Tóth Zoltán	toth.zoltan@med.unideb.hu
Trásy Benedek	benedek.trasy@biofungi.hu
Tusnádý Zsanett	tusnadyzsanett@gmail.com
Vadas János	janos.vadas2002@gmail.com
Vágvölgyi Csaba	mucor1959@gmail.com
Vajna Balázs	vajna.balazs@ttk.elte.hu
Varga Dóra	vargadori2011@gmail.com
Varga Kinga Edina	kinga_varga@yahoo.com
Varga Nóra	varga.nora@nhmus.hu
Varga Torda	t.varga@kew.org
Várhelyi Szabolcs	varhelyi.szabolcs@gmail.com
Vig Ildikó	vig.ildiko@atomki.hu
Virágh Máté	viragh.mate@gmail.com
Virágh-Richter Annamária	annapharm3580@gmail.com
Zajta Erik	zajta.erik@semmelweis.hu

