

PÉCSI TUDOMÁNYEGYETEM

Biológiai és Sportbiológiai Doktori Iskola

A zöld kukorica-levéltetű [*Rhopalosiphum maidis* (Fitch)] (Hemiptera: *Aphididae*) szimbionta baktérium közösségének vizsgálata és szerepük a faj adaptációjára nézve

PhD értekezés

Csorba Artúr Botond

PÉCS, 2023

PÉCSI TUDOMÁNYEGYETEM

Biológiai és Sportbiológiai Doktori Iskola

A zöld kukorica-levéltetű [*Rhopalosiphum maidis* (Fitch)] (Hemiptera: *Aphididae*) szimbionta baktérium közösségének vizsgálata és szerepük a faj adaptációjára nézve

PhD értekezés

Csorba Artúr Botond

Témavezető:

Prof. Dr. Balog Adalbert
egyetemi tanár

.....
Prof. Dr. Balog Adalbert,
egyetemi tanár,
Témavezető

.....
Dr. Gábrriel Róbert,
habil. egyetemi tanár,
PTE-BDI, Iskolavezető

PÉCS, 2023

Tartalomjegyzék

1. Bevezető	5
2. Irodalmi áttekintés	7
2.1 A kukorica (<i>Zea mays</i> L.) jelentősége és helyzete a világon	7
2.1.1 A kukorica (<i>Zea mays</i> L.) jelentősége és helyzete Magyarországon és Romániában	9
2.2 A kukorica kórokozói és kártevői	11
2.2.1 Kórokozók	11
2.2.2 Kártevők	12
2.4 Szimbionta baktériumok és levéltetvek kapcsolata	16
2.4.1 Obligát (elsődleges) szimbionta baktériumok	16
2.4.2 Fakultatív (másodlagos) szimbionta baktériumok	19
3. Célkitűzések	23
4. Anyag és módszer	24
4.1 A mintagyűjtések helyszínei és időpontjai	24
4.3 Baktérium endoszimbionták genetikai elemzése	31
4.4 Az adatok bioinformatikai és statisztikai értékelése	32
5. Eredmények	34
5.1 2019-es év eredményei	34
5.2 2020-as év eredményei	37
5.2.1 Baktérium szimbionták taxonómiai és diverzitási mutató	37
5.2.2 Közösségszerkezeti és korrelációs mutatók	46
6. Eredmények megvitatása	52
7. Összefoglalás	57
8. Summary	59

9. Irodalomjegyzék.....	60
10. Köszönetnyilvánítás	72
11. Publikációs lista.....	73
11.1 MTMT közlemény és idéző összefoglaló táblázat	73
11.2 Disszertáció alapjául szolgáló publikációk.....	75
11.3 Az értekezéshez kapcsolódó konferencia közlemények	75
11.4 Egyéb tudományos közlemények	75
11.5 Egyéb konferencia közlemények	76
12. Mellékletek.....	77

1. Bevezető

Kolumbusz Kristóf a kontinens felfedezése mellett elhozta Európába azt a növényt, amelyről talán akkoriban nem is gondolták volna, hogy értékesebb az aragnál. Ezt talán csak az ott élő civilizációk tudták, akik többre becsülték a kukoricát, mint az aranyat, hiszen ettől függött a mindennapi megélhetésük nekük és a jószágaiknak is. Ma az Antarktisz kivételével minden kontinensen termesztik, sőt századunkban termesztési határa egyre hűvösebb területekre húzódik, s így az egyenlítőtől egyre távolabb és tengerszint fölött egyre nagyobb magasságban elhelyezkedő szántóterületeken válik lehetővé a termesztése. A kukorica az emberiség harmadik legfontosabb termesztett növénye a búza és rizs után. Földünkön a szárazföld területe közel 15 milliárd hektár, melyből 1,5 milliárd hektár szántóterület. A szántóterületből a világ összes kukorica vetésterülete 200 millió hektárra tehető napjainkra. Évente Romániában mintegy 2 millió hektár kukoricát termesztene (átlagosan 18,6 millió tonna/év), ezzel Románia a kilencedik legnagyobb kukorica termelő a világon. A kukoricatermesztés egyik növekvő problémája a gabonafélék egyik kártevője, a zöld kukorica-levéltetű (*Rhopalosiphum maidis*).

A növények rezisztenciájának javítása az egyik legfontosabb integrált növényvédelmi technika, és jó kilátásai vannak az agroökoszisztémákban a peszticidek alkalmazásától való függőség csökkentésére. Ezenkívül a gazdanövény minősége, amely jellemzően a kártevők teljesítményének fő meghatározója, befolyásolja a növényevő rovarok növekedését és termékenységét mind egyed-, mind populációs léptékben. Ezek a tulajdonságok befolyásolhatják a levéltetvek túlélését, fejlődését és termékenységét.

A baktériumok és rovarok közötti kapcsolatok széles körben elterjedtek a természetben. A rovarokhoz kapcsolódó bakteriális szimbionták sokféle ökológiai és evolúciós hatást gyakorolhatnak gazdáikra. Bár a fakultatív szimbionták nem feltétlenül szükségesek a gazdaszervezet túléléséhez, ökológiai előnyöket biztosítanak a gazdaszervezet számára, mint például a kórokozók, kártevők és természetes ellenségek elleni védekezés, a testszín szabályozása, a hőstressz elleni védekezés, valamint a gazdaszervezet szaporodásának manipulálása. Szinte minden levéltetű fertőzött a *Buchnera aphidicola* obligát endoszimbionta baktériummal, amely meghatározott sejtekben, azaz a bakteriocitákban lokalizálódik, és vertikálisan terjednek az anyától az utódokig. A levéltetvek esszenciális aminosavakat és vitaminokat kaphatnak a *Buchnera aphidicola*-tól. A fakultatív szimbionták szerepe a

levéltetvek esetében mind a mai napig nem teljesen tisztázott, de néhány faj bizonyítottan előnyöket biztosít számukra. A *Rickettsia* fajok hatással vannak a levéltetvek fitnessére, a *Spiroplasma* baktériumok pedig megvédik a tetveket a fonálférgektől, az entomopatogén gombáktól, valamint a parazita darázs-fajoktól, hasonlóan a *Hamiltonella defensa*-hoz. A *Wolbachia* nemzetségbe tartozó baktériumok a populáció szabályozásában játszanak kulcsszerepet azáltal, hogy a fertőzött nőstények alig nemzenek hím utódokat. A *Serratia symbiotica* a levéltetvek egyik leggyakoribb másodlagos szimbiontája, amely a hőstresszel szemben nyújt védelmet számukra, emellett pedig olyan tápelemekkel segíthetik őket, amelyeket nem képesek felvenni. A levéltetvekre ható tényezők (termésgazdálkodás, éghajlat- és földhasználat változása, valamint természetes ellenségek) sokasága látszólag a gyors alkalmazkodás felé készíti őket.

Munkánk során arra kerestük a választ, hogy az eltérő zöld kukorica-levéltetű (*Rhopalisphum maidis*) populációk mely endoszimbionta baktériumokkal élnek együtt eltérő régiók-, és termesztési körülmények között.

2. Irodalmi áttekintés

2.1 A kukorica (*Zea mays* L.) jelentősége és helyzete a világon

A kukoricát az első termesztésbe vont növényeink között tartjuk számon, kb. 7000 évvel ezelőtti múltra tekint vissza, amelyeket a Mexikó területéről talált bizonyítékok is alátámasztanak (Piperno and Flannery, 2001; Smith, 2001). Azóta a termesztése meghódította szinte az egész világot, elterjedt egész Amerikában, Ázsiában, Afrikában és Európában, valamint a búzával együtt a világ gabonatermelésének kb. a 80%-át adja (Vollbrecht and Sigmon, 2005).

A kukorica (*Zea mays* L.) a perjevirágúak rendjébe (*Poales*), a perjefélék (*Poaceae*) családjába, valamint a kukorica (*Zea*) nemzetségbe tartozó egynyári növényünk. Termesztésének jelentősége jól nyomon követhető a FAOSTAT kimutatásai alapján. A világon az 1960-as évek óta a vetésterülete szinte megduplázódott, 106 millió hektárról 200 millió hektár fölé. A globális termésátlag is hasonlóan alakult, a 60-as évek óta gyakorlatilag a háromszorosára nőtt. 1961-ben 2 tonna/ha-al lehetett számolni, mára ez 6 tonna/ha-ra duzzadt. Nem mehetünk el szó nélkül a termelés növekedési üteme mellett sem, hiszen közel 60 év alatt 200 millió tonnáról napjainkban meghaladta a 1.2 milliárd tonnát az össztermés világszinten ("FAOStat," 2022; Serna-Saldivar, 2019).

C4-es növény lévén a kukorica jól alkalmazkodik az forró és száraz trópusi és szubtrópusi éghajlathoz. Becslések szerint 1kg termés előállításához 1222 liter vizet használ fel, ami kedvezőbb a termesztésben levő gabonaféléinkhez képest (Andersen, 2000; Mekonnen and Gerbens-Leenes, 2020)

A világ egyik legnagyobb és legfontosabb kukoricatermelő országa az USA, amelynek a vetésterülete 33 millió hektárra tehető napjainkban, az össztermés 347 millió tonnára, a hektáronkénti termésátlag pedig kiemelkedően magas, 10.79 t/ha (1. ábra). Az EU-n belül Magyarország, illetve Románia is a fontosabb kukoricatermesztő országok közé tartozik ("FAOStat," 2022). A nem EU-s országok sorában Kína következik 41 millió hektáros vetésterülettel, valamint 260 millió tonnás összterméssel és 6.0 t/ha-os termésátlaggal.

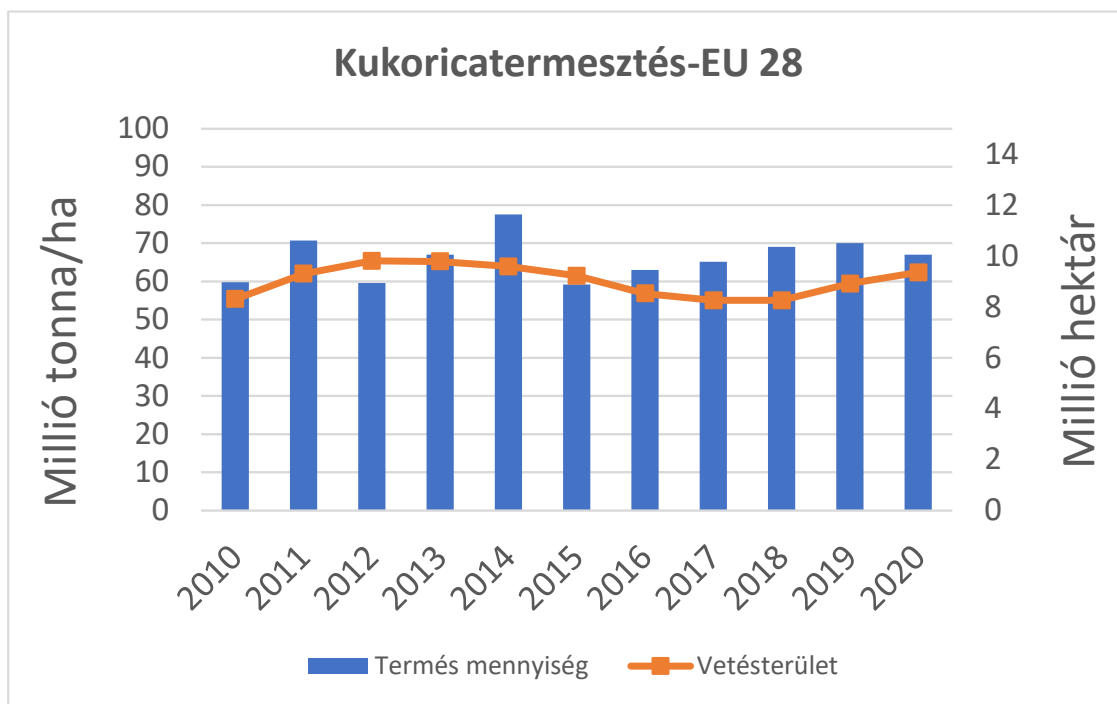
Brazília visszacsúszott a mezőny elejéről, jelenleg 18 millió hektáros vetésterülettel rendelkezik. A 2009-es adatok alapján Brazília kb. 51 millió tonna kukoricát termelt, 2020-ra

sikerült megduplázza a termelését, hiszen mára 101 millió tonnára tehető amennyiség. A hektáronkénti termésátlagok tekintetében (5.3 t/ha) azonban jócskán elmarad az USA, illetve a vezető EU-s országok átlagaitól (1. ábra) (“FAOStat,” 2022).

Country	Produce (tonnes)
United States	347.047.570
China	260.778.900
Brazil	101.138.617
Argentina	56.860.704
Ukraine	35.880.050
Indonesia	30.693.355
India	27.715.100
Mexico	27.228.242
Romania	17.432.220
Russia	14.282.352

1. Ábra: A világ vezető kukoricatermesztő országai és a termelési mutatók 2019-ben (FAO adatok alapján, www.fao.org/faostat)

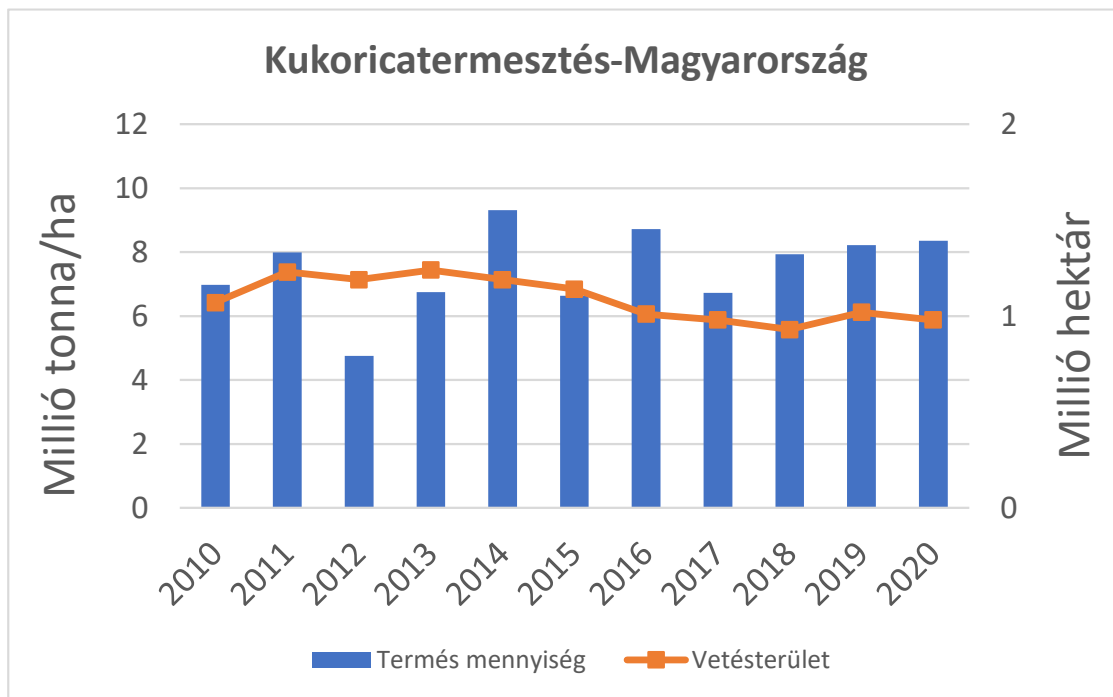
Az EU-s termelés javarészt stagnálást mutatott az elmúlt 10 esztendőben (2. ábra). A 2014-es évben közel 80 millió tonnát termeltek az EU-s országok, ez az érték az utóbbi pár évben 70 millió tonna alá esett (“FAOStat,” 2022). Az okok között szerepel a népességnövekedés (Willett et al., 2019), a globális felmelegedés problematikája (Jones and Yosef, 2015; Porter et al., 2019), a szárazság kérdésköre (Cairns et al., 2012), valamint az eddigi és újonnan megjelenő kártevők és kórokozók helyzete (De Groote et al., 2020; Mueller et al., 2020).



2. Ábra: A kukorica vetésterülete és termésátlagai az EU-ban 2010-2020-as periódusra vetítve (FAO nyomán, www.fao.org/faostat)

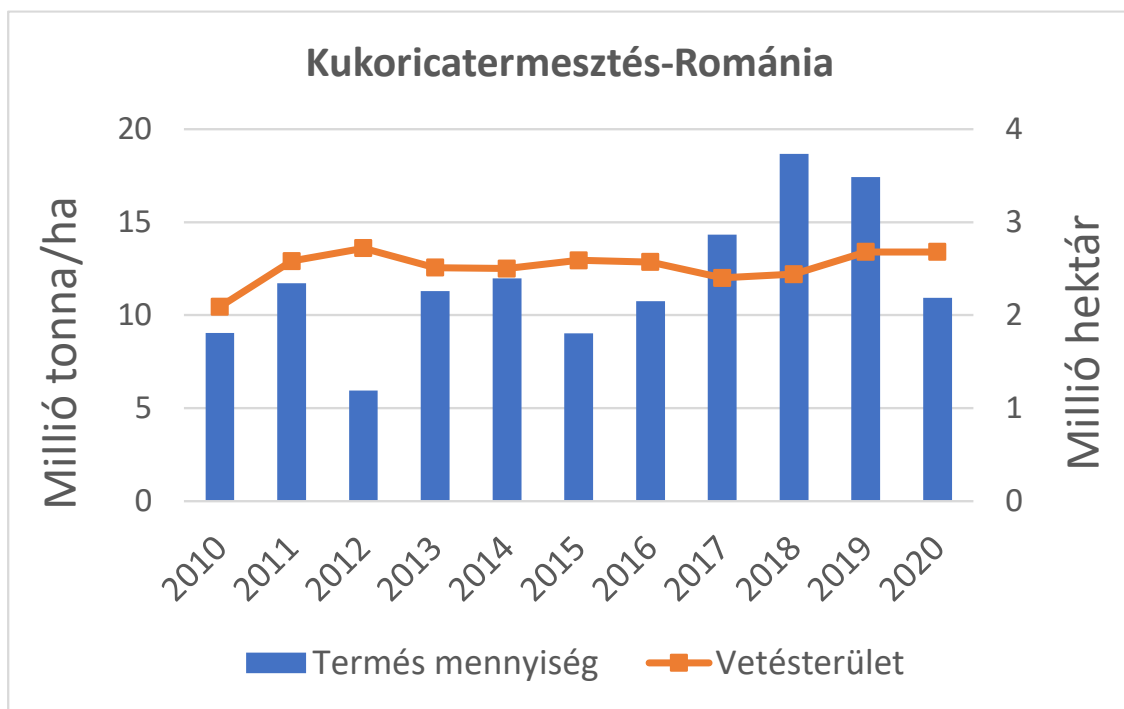
2.1.1 A kukorica (*Zea mays* L.) jelentősége és helyzete Magyarországon és Romániában

Magyarország esetében a vetésterület az utóbbi években 1.1 millió körül mozgott (3.ábra). Magyarország 2020-ban közel 8.5 tonna/ha kukoricát termelt, Romániában valamivel magasabb volt a termésmennyiség. A 2018-as, valamint, a 2019-es évben 18.6, illetve 17.4 millió tonna/ha. (4.ábra). (“FAOStat,” 2022). A világon ma már mindenütt fontos takarmánynövény, de a biokonyha elterjedésével étkezési célokra is felhasználják, valamint a termesztés volumenének nagyságát az is mutatja, hogy Magyarországon a búza után a második legnagyobb területen termesztett növény (Kiss, 2000).



3. Ábra: A kukorica vetésterülete és termésátlagai Magyarországon a 2010-2020-as periódusra vetítve (FAO nyomán, www.fao.org/faostat)

Romániában a kukorica legnagyobb mértékben termesztett szántóföldi növény, vetésterülete 2.0-2.7 millió ha között változott (4. ábra), a rangsorban pedig a búza követi (Popescu, 2018). Mint az egyik legfontosabb gabonafélének, emberi és állati fogyasztásra is egyaránt termesztik, a legnagyobb hányadát azonban az állati takarmányozásra használják fel (Stoica Dinca et al., 2020), de az etanol gyártás is egyre nagyobb teret hódít, az USA-ban például 90% fölötti a kukoricából elállított etanol (Morris and Hill, 2006), míg Brazília inkább a cukornádat használja alapanyagként (“AFDC,” 2020).



4. Ábra: A kukorica vetésterülete és termésátlagai Romániában a 2010-2020-as periódusra vetítve (FAO nyomán, www.fao.org/faostat)

2.2 A kukorica kórokozói és kártevői

2.2.1 Kórokozók

- Kukorica csíkos mozaikvírus - (*Maize dwarf mosaic virus* -MDMV)
- Kukorica klorotikus foltosság - (*Sugarcane mosaic virus* – SCMV)
- Kukorica baktériumos hervadása - *Pantoea stewartii* ssp. *stewartii* (Smith, 1898)
- Kukoricaperonoszpóra - *Sclerophthora macrospora*, (Sacc.)
- Kukorica golyvásüszög - *Ustilago maydis* DC. (Corda, 1842)
- Kukorica rostosüszög - *Sporisorium reilianum*, (J.G. Kühn, Langdon & Fullerton, 1978)
-
- Kukoricarozsda - *Puccinia sorghi*, (Schwein, 1832)
- Kukoricafuzáriózis - *Fusarium* spp. (Link, 1809)
- Kukorica hamuszürke szárkorhadás és hervadás - *Macrophomina phaseolina* (Tassi Goid, 1947)

- Kukorica kabatiellás szemfoltosság - *Kabatiella zae* (Narita & Y. Hirats, 1959)
- Kukorica nigrospórás szárazkorhadása - *Nigrospora oryzae* (Berk. & Broome, Petch, 1924)
- (Ábrahám et al., 2011).

2.2.2 Kártevők

- Talajlakó kártevők (pajorok, drótférgék, szipolyok)
 - *Melolonthidae* (Leach, 1819)
 - *Elateridae* (Leach, 1815)
 - *Rutelidae* (MacLeay, 1819)
- Kukoricabarkó, Hegyesfarkú barkó - *Tanymecus dilaticollis* (Gyllenhal, 1834), *Tanymecus palliatus* (Fabricius, 1787)
- Fritlégy - *Oscinella frit* (Linnaeus, 1758)
- Kukorica gyökértetű - *Tetraneura ulmi* (Linnaeus, 1758)
- Amerikai kukoricabogár - *Diabrotica virgifera virgifera* (LeConte, 1868)
- Kukoricamolý - *Ostrinia nubilalis* (Hübner, 1796)
- Gyapottok bagolylepke - *Helicoverpa armigera* (Hübner, 1808)
- Vetési bagolylepke - *Agrotis segetum* (Denis & Schiffermüller 1775)
- Levéltetvek - *Aphididae* (Latreille, 1802) (Ábrahám et al., 2011).

Levéltetvek

A levéltetvek (*Aphidoidea*) a rovarok (*Insecta*) osztályába és a félfedelesszárnyúak (*Hemiptera*) rendjébe tartozó rovarok. Ökológiai megközelítésben több szempontból is különleges rovarcsoportot alkotnak. Míg testfelépítésük, táplálkozásmódjuk és szaporodásuk meglehetősen egységesnek mondható, életciklusuk fajonként, illetve fajon belül nagyon eltérő lehet. A különböző morfológiai alakok eltérnek felépítésükben és biológiájukban, de egyforma morfológiai alakokon belül is nagyfokú eltérés mutatkozhat amely a levéltetvek egyik sikerfaktoraként tekinthető (Dixon, 1977).

Számos interakciót alakítanak ki más élőlényekkel: a gazdanövénykörük életteret és táplálékot nyújt nekik, számos predátor illetve parazitoid darázs faj tizedeli a populációjukat, szimbiózisban élnek elsődleges (*Buchnera aphidicola*) valamint fakultatív baktériumfajokkal,

növényi kórokozók vektoraiként működnek, valamint mutualizmust alakítanak ki egyes hangyafajokkal (Itioka and Inoue, 1996; Müller and Godfray, 1999).

A *Buchnera* proteobaktériumok, amelyek aminosavakat és más vegyi anyagokat termelnek a gazdaszervezet számára, szükségesek a levéltetvek normális fejlődéshez és szaporodásához (Darby et al., 2003). A levéltetvekben speciálisan átalakult zsírsavakban, az úgynevezett bakteriocitákban található meg, átadásuk vertikális úton történik (Angela, E. Douglas, 1989).

A levéltetvek által szívogatott növényi nedvek összetétele általában kiegyenlítetlen. Cukortartalmuk magas, viszont egyes szervesen sókban, illetve a növekedésükhöz nélkülözhetetlen aminosavakban rendkívül szegények. Ezen probléma kiküszöbölésére a levéltetvek mézharmatot választanak ki, a szükséges aminosavakhoz pedig a velük szimbiózisban élő endoszimbionta baktériumok segítségével jutnak hozzá (Tóth, 2014). A levéltetvek megjelenését az egyes tápnövényeken, valamint térbeli eloszlásukat több tényező is befolyásolja. Egyik legfontosabb faktor ezek közül a tápnövény minősége, vagyis a floémában található nitrogén (N) mennyisége (Honek, 2013).

Életciklusuk a mérsékelt égövben javarészt szinkronizáltan zajlik. A rügyfakadással és az idő felmelegedésével egyidőben a levéltetű kolóniák is kezdenek megjelenni, az őszi lombhullás pedig a kedvezőtlen időszak beköszöntét jelzi számukra (Minks and Harrewijn, 1987). A szezonális dinamikát tekintve, számos faj esetében egy tavaszi és egy őszi abundanciacsúcs figyelhető meg, nyáron pedig egy drasztikusabb egyedszám csökkenés (Dixon and Kundu, 2013).

A nyári egyedszám csökkenést együttesen több dolog is befolyásolhatja: a szárnyas egyedek megjelenése és migrációja, a túl magas hőmérséklet, a természetes ellenségek jelenléte, valamint a tápanyag minőségének esetleges romlása (Dixon, 1977; Thompson, 1988). A levéltetvek tavaszi generációi legtöbb esetben valamilyen fás szárú növényen fejlődnek, majd migrálnak a lágyszárú tápnövényekre, de vannak fajok, amelyek az elsődleges tápnövény minőségének romlása ellenére is ott maradnak és folytatják reprodukciójukat (Dixon, 1977).

A fákon élő levéltetvek esetében megfigyelhető, hogy a magas hőmérséklet és a gyengébb minőségű táplálékforrás az egyedek méretének csökkenésével jár és kevesebb utódot

is eredményez, ellenben ezek hosszabb életűek (Minks and Harrewijn, 1987). Az őszi beköszöntével a holociklikus fajoknál a fotoperiódus változásának és a hőmérséklet csökkenésének hatására megjelennek a váltivarú alakok (Dixon, 1977).

A növények términtázata meghatározza a növényevő rovarok térbeli eloszlását, és kihat az életmenetükre is. A tápnövény foltosságának mértéke befolyásolja a fajon belüli és fajok közötti interakciók kimenetelét (Thompson, 1988). Egy másik érdekesség a levéltetvek esetében a migrációs viselkedés. Egy fajon belül is bizonyos egyedek akár 1000 km-t is megtesznek, míg ugyanazon a kolóniából egy genetikailag teljesen megegyező egyed a születési helyétől nem mozog többet 1 cm-nél (Taylor et al., 1979).

A levéltetvek táplálkozásukkor a gazdanövényük floém nedvéből mézharmatot termelnek, amely aminosavakban és szénhidrátokban igen gazdag. Ez jó táplálékforrást jelent a hangyáknak (*Formicidae*), amelyek cserébe megvédik a tetveket a természetes ellenségeiktől (Carroll and Janzen, 1973).

Előfordul azonban az az eset is, amikor a hangyák bizonyos természetes ellenségektől nem védik meg a tetveket. Megfigyelték ugyanis, hogy a *Lysiphlebus cardui* parazitoid darázs faj képes megfertőzni a fekete répa-levéltetű fajt (*Aphis fabae*) a *Lasius niger* jelenlétében, mert a hangyáknak is van előnyük a parazitoid fejlődéséből. Ezek a parazitált levéltetű egyedek kezdetben nagyobb mennyiségű mézharmatot termelnek, a darazsak esetében pedig csökken a hiperparazitáltság mértékének az esélye a hangyák gondoskodásának köszönhetően.

A hangyák jelenlétében nagyobbak a levéltetvek kolóniái, kevesebb a szárnyas egyed és nagyobb a túlélési esély is. A tisztogatásuknak köszönhetően a mézharmaton nem képes a korompenész sem telepeket létrehozni (Müller and Godfray, 1999; Yao et al., 2000).

Zöld kukorica-levéltetű (*Rhopalosiphum maidis*)

A zöld kukorica-levéltetű (5. ábra) tápnövényei között a kukorica, cirok, cukornád, valamint a gabonafélék köre szerepel (Chen et al., 2019). A levéltetű kolóniák többnyire a levelek fonákán táplálkoznak, de előfordulhatnak a virágzaton is. A szűrő-szívó szájszervük következtében a növény a szűrés helyén klorótikusan elhalványul vagy – a cirokfélék esetében

– bíborvörösre színeződik. A kukorica bibeszálainak szívogatásával a terméskötést akadályozza meg. A faj elterjedése szempontjából Európán kívül megtalálható Afrika, Ázsia, Észak-Amerika, valamint Ausztrália területén is (Ábrahám et al., 2011). Európában kezdetben csak a mediterrán országokban volt jelen, mára már szinte mindenhol elterjedt. Szívogatásukkal, illetve mézharmattermelésükkel, valamint a vírusterjesztéssel okozhatnak károkat. A termelt mézharmaton korompenész telepedhet meg (Blackman and Eastop, 2000; Van Emden and Harrington, 2007).

A zöld kukorica-levéltetvek esetében máig tisztázatlan egyes szimbionta baktériumok szerepe a különböző környezeti feltételekkel, valamint az alkalmazott kezelésekkel (pl. alacsony vagy magas herbicid, inszekticid használat) szemben. A tetvek fő gazdanövényét, a kukoricát Európában eltérő éghajlati és gazdálkodási rendszerekben termesztik, ami egyben egy jó kísérleti rendszert jelenthet ezen szimbionták szerepének a vizsgálatára, különös tekintettel a gyors alkalmazkodásukra és választ adhat rövidesen a fent említett kérdésfelvetésekre is (Blackman and Eastop, 2000; Scott F., 2011).



5. ábra: Zöld kukorica-levéltetű imágó (*Rhopalosiphum maidis*) (“Alcehtron,” 2017)

2.4 Szimbióta baktériumok és levéltetvek kapcsolata

2.4.1 Obligát (elsődleges) szimbióta baktériumok

Buchnera aphidicola

Az evolúcióbiológia egyik fő célja az, hogy megértsük a természetes szelekció és más folyamatok szerepét a biológiai sokféleség megteremtésében (Schluter, 2000). A növényevő rovarok tanulmányozása értékes modellt szolgáltatott az ökológiai specializáció megértéséhez (Drès and Mallet, 2002).

Néhány ökológiai tényező elősegítheti az adott gazdanövényhez való alkalmazkodást, fontosságuk azonban nagyon változó. A növényfajok gyakran különböznek szerkezeti és kémiai összetételükben és ez egy jelentős kiválasztódáshoz vezet az őket elfogyasztó rovarok körében (Messina, 1985). A borsó levéltetű populációk jellemzően azokra a növényekre specializálódtak, amelyekről gyűjtik őket illetve választási tesztek során is nagy valószínűséggel ugyanazt a növényt preferálják és választják, mert ismert, hogy a fajnak az egyes tápnövényekre specializálódott biotípusai alakultak ki (Ferrari et al., 2006; Via, 1991). Egy ilyen kivételt például a lóbab (*Vicia faba*) képez, erről a növényről gyűjtött borsó levéltetű egyedek nem mutattak specializációt (Ferrari et al., 2008).

Számos szimbiózist, amely állatok és mikroorganizmusok között jön létre hagyományosan bináris társulásokként írják le, tehát mint egy kapcsolat egy állatfaj és a mikroorganizmus egyetlen taxonja között (Angela, E. Douglas, 1994). Egyre nyilvánvalóbbá válik azonban, hogy ez a kijelentés nem állja meg a helyét, hiszen számos állatfaj több mikroorganizmussal is létesít kapcsolatot. Ez a feltevés jól nyomon követhető a levéltetvek mikrobiális szimbiózisa által. Napjainkig szinte minden levéltetvekkel kapcsolatos kutatás a velük szimbiózisban élő, *Buchnera* nemzetségbe tartozó gamma-preoteobaktériumokról szól (Paul et al., 1995). A *Buchnera* proteobaktériumok, amelyek aminosavakat és más vegyi anyagokat termelnek a gazdaszervezet számára, szükségesek a levéltetvek normális fejlődéséhez és szaporodásához (Darby et al., 2003). A levéltetvekben speciálisan átalakult zsírsejtekben, az úgynevezett bakteriocitákban (6. ábra) található meg, átadásuk csak vertikális úton történik (Angela, E. Douglas, 1994)

Az endoszimbionta kapcsolatok természetüktől fogva lehetnek obligát vagy fakultatív jellegűek. Az obligát szimbionták nagyon szoros kapcsolatot ápolnak a gazdaszervezettel, sőt mindkét fél függ egymástól a túlélés szempontjából. Ezzel szemben a másodlagos szimbionták csak bizonyos ökológiai feltételek mellett profitálhatnak a gazdaszervezettel való kapcsolatból (Kikuchi, 2009; Moran and Telang, 1998). A másodlagos szimbionttal való kapcsolatok kialakításának azonban következményei lehetnek a gazdaszervezetre nézve hiszen befolyásolhatják az életét: megváltozhatnak a párázási szokások, az egyedek termékenysége is hatással lehetnek, valamint az élettartamot is befolyásolhatják (Leonardo and Mondor, 2006; Vorburger and Goukov, 2011). A gazda-szimbionta kapcsolat kényes egyensúlyra támaszkodik, hiszen ez biztosítja mindkét fél sikerét. A gazdaszervezetnek képesnek kell lennie a szimbionta populációt szabályozni és erre ki is fejlesztettek számos mechanizmust. Ide tartoznak elsősorban maguk a bakteriociták, vagyis azok az átalakult sejtek, amelyekben a gazdaszervezet tárolja a baktériumokat (Braendle et al., 2003), emellett fejlett szűrési mechanizmussal rendelkeznek ennek felügyelésére valamint időszakos kiürítésre, ha többlet lépne fel (Dimond and Carrington, 2008).

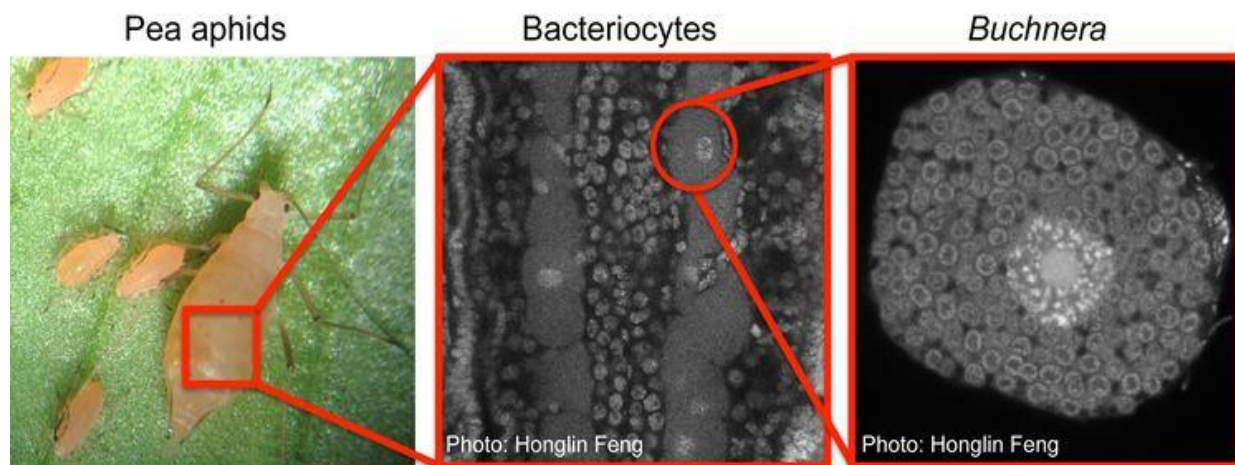
A szoros koevolúciós kapcsolatnak egyik következménye a gazdaszervezet genomjának a megváltozása. A megváltozott géneknek szerepük lehetett például a virulens fajok felismerésében vagy a sejtfal védelmében, hiszen ezek nagyban befolyásolhatják a gazdaszervezet immunrendszere és a szimbionta közötti kölcsönhatásokat (Login and Heddi, 2013). Ezen felül néhány gazdaszervezet bakteriocitájában magas koncentrációjú antimikrobiális peptidet találtak, amely a bakteriális membrán károsításával fejt ki hatását és szelektív módon szabályozza az elsődleges szimbionta populációt (Login et al., 2011).

A biológiai öregedés vagy szenescencia esetében a szervezetben progresszív károsodás lép fel. Evolúciós szempontból nézve az öregedés a túlélési esélyek valamint a termékenység csökkenésével jár (Novoseltsev et al., 2003). Különösen az immunrendszer hatékonysága csökken a korrallal, ezt nevezzük immunosenescenciának, tehát az idősebb szervezet sokkal fogékonyabbá válik a fertőzésekkel szemben (Ramsden et al., 2008). Bizonyos körülmények között ezek a szimbionták bizonyítottan nagy előnyöket biztosítanak a gazdaszervezet számára (pl. hőstressz és inszekticidek elleni védelem, valamint természetes ellenségek elleni védelem), másrészt nekük van szükségük azokra az aminosavakra amelyeket nem képesek maguk

szintetizálni (Douglas, 2016), azonban néhány másodlagos szimbiontóval való kapcsolat fenntartása ökológiai stressz hiányában igen költséges lehet a gazdaszervezet számára (Oliver et al., 2010).

Eddig kevés olyan tanulmány készült, amely rávilágított volna a levéltetvek alkalmazkodóképességére a velük szimbiózisban élő baktériumok hatására. Korábbi tanulmányok ugyan bebizonyították, hogy hőstressz esetén a *Buchnera aphidicola* hatással van a levéltetvek fitneszére, a túlélési paraméterekre, a termékenységükre, de érdekes módon a különböző fajok eltérő eredményeket mutattak a hőstresszel szemben (Zhang et al., 2019).

A fekete répa levéltetű (*Aphis fabae*) esetében magas volt a mortalitás, a hőstressz hatására a *Buchnera* egyedszáma lecsökkent, közvetlen hatást gyakorolva a gazdaszervezet fejlődésére, valamint termelékenységére. Egy másik tanulmány, amely a gyapot levéltetvek (*Aphis gossypii*) esetében vizsgálta ugyanezt a hatást és ellentétes eredményeket tapasztaltak, ugyanis nem volt hatással a *Buchnera* egyedszámára, valamint a túlélési arány is magas maradt az egyedek között. Valószínűsíthető, hogy a *Buchnera aphidicola* által biztosított hőshock-gén hiánya okozhatja a különbségeket a hőstresszel szemben a két faj között (Zhang et al., 2019).



6. Ábra: A bakteriocitákban élő *Buchnera aphidicola* szimbionta baktérium (“Alchetron,” 2023)

2.4.2 Fakultatív (másodlagos) szimbionta baktériumok

Mára világossá vált, hogy számos levéltetű faj a *Buchnera* nemzetségbe tartozó baktériumokon kívül más baktériumokkal is kapcsolatban áll. Ezen kapcsolatot másodlagos vagy járulékos szimbiózisnak nevezzük.

Ezen másodlagos szimbionták nagyobb eloszlásban találhatók meg, mint a *Buchnera* nemzetségbe tartozó társaik, átadásuk vertikálisan és horizontálisan is megtörténhet (Chen et al., 2000, 1996; Chen, and Purcell., 1997).

Átvihetők horizontális és vertikális úton is (pl. a levéltetű olyan növényvel táplálkozik, amely a baktériummal fertőzött) vagy egy félbeszakított parazitoid támadás után pl. a tojásrakó csövébe kerül be a baktérium egy előző levéltetű támadás útján, amely egyed már fertőzve volt (Sandström et al., 2001).

Mára már bizonyítékok vannak arra vonatkozóan, hogy a másodlagos szimbionta baktériumoknak lehetnek pozitív, negatív vagy semleges hatásaik is a levéltetvek fitneszére, ezek azonban függenek a környezeti feltételektől valamint maguktól a baktériumközösségektől is (Montllor et al., 2002). A másodlagos szimbionták befolyásolják a levéltetvek különböző biológiai aspektusait, így védelmet nyújtanak a természetes ellenségek pl. a parazitoid darazsak ellen (Oliver et al., 2005), befolyásolják a hőstresszel szembeni ellenállást (Montllor et al., 2002), a zöld vagy vörös egyedek arányát a populációban (Tsuchida et al., 2010), illetve a szárnyas egyedek kialakulásának hajlamát (Leonardo and Mondor, 2006; McLean et al., 2011; Scarborough et al., 2005).

***Rickettsia* spp.**

A *Rickettsia* nemzetség törzsfajlódestanilag egy elkülönülő baktériumcsoport, amely a *Proteobacteriumok* osztályába azon belül pedig a *Rickettsiales* rendjébe tartozik (Roux and Raoult, 1995). A nemzetség összes képviselője a gram-negatív baktériumok csoportjába tartozik és obligát módon eukarióta sejtekben él (Kikuchi et al., 2002). A *Rickettsia* baktériumok vertikális úton terjednek át az utódokra. Számos gerinctelen fajnál mutattak már ki ilyen baktérium szimbiózist, mint a katicabogár, levéltetű, kabóca, babzsizsik, kullancs, valamint pióca fajoknál (Davis et al., 1998; von der Schulenburg et al., 2001).

Néhány másodlagos szimbionta baktérium a levéltetveknél szintén egy átalakult sejtrétegben található meg, ezeket másodlagos bakteriocitáknak nevezzük (Fukatsu, 2001; Koga et al., 2003). Ezzel ellentétben, számos baktériumfaj esetében, mint a *Wolbachia*, *Spiroplasma*, és *Rickettsia* fajoknál, amelyek széles körben alkotnak szimbiózist különböző rovarcsoportokkal, nem találtak specifikus sejten belüli kötőhelyet (Kondo et al., 1999).

Néhány előző vizsgálat arra világított rá, hogy a *Rickettsia* baktérium jelen van a levéltetvek hemolimfájában és negatív hatással lehet a levéltetvek fitnesszére és élettartamára, de hatása függ a környezeti tényezőktől és a gazdanövénytől (Chen et al., 2000).

A zöldborsó levéltetű (*A. pisum*) esetében pedig kimutatták, hogy amennyiben a *Rickettsia* mellett a *Spiroplasma* másodlagos szimbionta baktérium is jelen van a levéltetvekben akkor védelmet nyújtanak néhány gombás fertőzés ellen (Ferrari et al., 2004).

***Spiroplasma* spp.**

A *Spiroplasma* a *Mollicutes* nemzetségbe tartozó, sejtfa nélküli baktérium, amely számos gerinctelen (rákok, pókok, rovarok) állatfajjal áll kapcsolatban, becslések szerint a szárazföldi ízeltlábúak több, mint 7%-val (Duron et al., 2008).

A baktérium nagy eltéréseket mutat kezdve az átviteli módok, valamint a gazdaszervezetek fitnesszére gyakorolt hatásokat tekintve is, valamint növényi kórokozó vagy szimbionta mivoltában is. A védelmi szerepét az entomopatogén gombák, fonálférgek és parazitoid darazsak ellen azonban csak az elmúlt évtizedekben fedezték fel (Anbutsu and Fukatsu, 2011).

Kutatások kimutatták, hogy három *Spiroplasma poulsonii* törzs, a *Drosophila* fajok esetében megvédte a gazdáját néhány parazita darázs támadásától (Paredes et al., 2016; Xie et al., 2010). Más kutatások arról számoltak be, hogy néhány levéltetűvel szimbiózisban élő *Spiroplasma* baktérium törzs védelmet nyújt a darazsak mellett egy virulens gombakórokozó, a *Pandora neoaphidis* ellen is., oly módon, hogy csökkenti a sporuláció gyakoriságát és növeli a levéltetvek túlélését (Łukasik et al., 2013).

***Wolbachia* spp.**

A *Wolbachia* nemzetségbe tartozó baktériumok hasonlóan a *Spiroplasma* baktériumokhoz számos különböző ízeltlábút fertőznek meg (Vavre et al., 1999), de a fonálférgekben is előfordulnak (Bandi et al., 1998; Taylor and Hoerauf, 1999). A *Wolbachia* baktériummal fertőzött rovarfajok száma a világon meghaladja a 65%-ot és a fertőzések az anya révén kerülnek az utódokba (Weinert et al., 2015).

A levéltetvekkel való kapcsolatukat először Gómez-Valero et al (2004) mutatták ki a cédrus levéltetvekben (*Cinara cedri* Mimeur) és arról számoltak be, hogy ez a baktérium növelheti annak az esélyét hogy szűznemzéssel szaporodjanak, illetve megakadályozza, hogy a fertőzött nőtények hím utódokat nemzenek.

Szerepük tehát nem teljesen világos a jelenlegi kutatások alapján, de legkézenfekvőbb magyarázat a populációk szabályozása lehet (Augustinos et al., 2011).

Az általunk végzett kutatás során a baktérium jelen volt mind a nagy kiterjedésű, több éves monokultúrában termesztett, mind pedig a közepes vagy kis méretű táblákról gyűjtött levéltetvekben (Csorba et al., 2022). Ez arra enged következtetni, hogy a jelenléte a levéltetvekben nem függ az alkalmazott termesztési módoktól, sem az éghajlattól sokkal inkább egy horizontális úton adódnak át egyik egyedről a másikra pl. parazitoid darazsak által (Gómez-Valero et al., 2004)

Serratia symbiotica

A *Serratia symbiotica* a levéltetvek egyik leggyakoribb fakultatív szimbiontája (Henry et al., 2015), amely megvédi a gazdaszervezetet a hőstresszel szemben, valamint ez gyakran parazitoid rezisztenciával is társul (Burke et al., 2010; Oliver et al., 2003), emellett segítik őket olyan tápelemekkel amelyeket nem képesek felvenni (Zhou et al., 2021). Az általuk nyújtott ismert védelem ellenére a szimbionták fenntartása, különösen stresszhelyzet nélkül, szintén nagyon költséges lehet a levéltetvek számára (Vorburger et al., 2013).

Az első tanulmány, amelyben különböző földrajzi régiókhoz kapcsolódó endoszimbionta bakteriális diverzitást vizsgáltak, két levéltetűfaj a *Melanaphis sacchari* és a *Neophyllaphis podocarpi* esetében szignifikáns korrelációt találtak a földrajzi távolságok és a szimbionta közösségek között (Xu et al., 2021). A magasság és a szimbionták gazdagsága között

negatív korreláció állt fenn, ami mindenképp érdekes megállapításnak tekinthető annak tükrében, hogy néhány másodlagos szimbionta baktérium, mint a *Serratia symbiotica*, a *Regiella insecticola* vagy maga a *Buchnera aphidicola* fajok is megvédik az egyedeket a hőstressztől, a levéltetvek anyagcseréjének szabályozásával (Xu et al., 2021).

Hamiltonella defensa

A levéltetvek esetében természetes populációkból begyűjtött zöldborsó levéltetű (*Acyrtosiphon pisum*) egyedeiben a *Buchnera* nemzetségbe tartozó fajokon kívül még öt féle fakultatív szimbiontát sikerült azonosítani. Ilyen a PASS (zöldborsó-levéltetű másodlagos szimbionta vagy R-típusú szimbionta baktérium), PAUS (zöldborsó-levéltetű U-típusú szimbionta vagy U-típusú szimbionta), PABS (zöldborsó-levéltetű Bemisia-típusú szimbionta vagy T-típusú szimbionta), *Rickettsia*-szimbionta (vagy PAR) és a *Spiroplasma*-szimbionta (Sandström et al., 2001; Tsuchida et al., 2002).

A *Hamiltonella defensa* szimbiontát először 2001-ben mutatták ki a zöldborsó-levéltetvekből, mint PABS (zöldborsó-levéltetű Bemisia-típusú szimbionta), majd a későbbiekben T-típusú szimbiontaként írták le (Darby et al., 2001; Sandstrom et al., 2001).

A közönséges zöldborsó-levéltetvek esetében sikerült igazolni, hogy védelmet nyújt a domináns parazitoid darázs, az *Aphidius ervi* ellen (Oliver et al., 2003). Az átadás az utódokba vertikális úton történik, de találtak példát horizontális átadásra is, amelyeket valószínűleg maguk a parazitoidok visznek át (Chevignon et al., 2018; Gehrler and Vorburger, 2012; Henry et al., 2013).

3. Célkitűzések

A kutatás az alábbi hipotézisek mentén zajlott:

H1. A kukorica levéltetű (*R. maidis*), mint viszonylag szűk tápnövény körrel rendelkező faj, rendelkezik-e, hasonlóan más levéltetű fajhoz, nagyobb számú (obligát és fakultatív) baktérium szimbionta közösséggel?

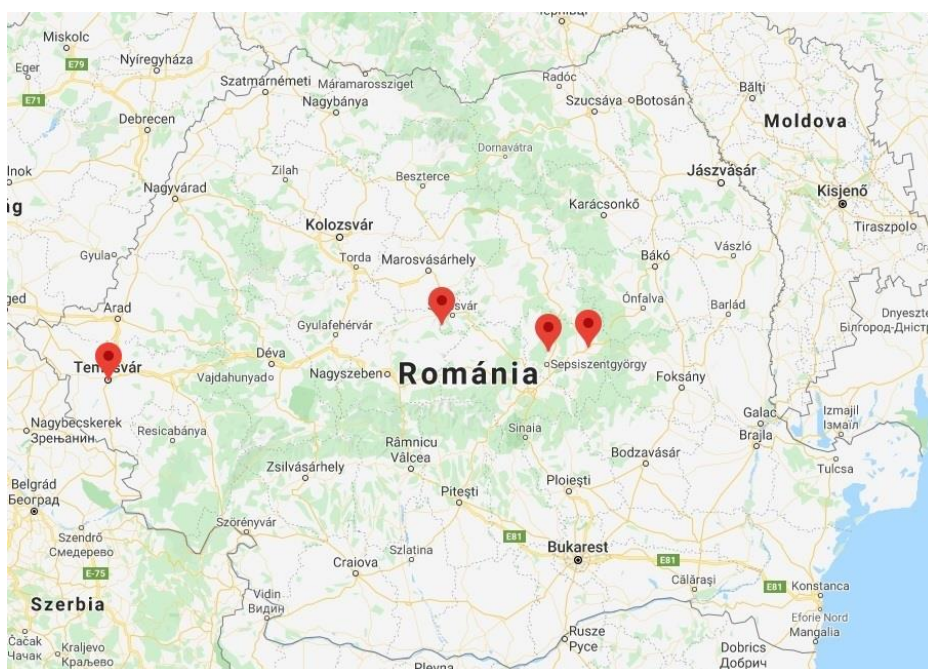
H2. Amennyiben ezek a baktérium szimbionták jelen vannak a kukorica levéltetű szervezetében, a diverzitásuk mutat-e bárminemű összefüggést a tápnövény (kukorica) környezeti diverzitásával?

H3. Adott baktérium taxonok jelenléte és diverzitása mutat-e összefüggést a tápnövény (kukorica) kezelési (elsősorban tápanyagkiegészítés) intenzitásával?

4. Anyag és módszer

4.1 A mintagyűjtések helyszínei és időpontjai

A terepi munkát, vagyis a kukoricával bevetett területek kijelölését, valamint a levéltetvek gyűjtését 2019, illetve 2020-ban végeztük Romániában, összesen négy különböző régióból (7. ábra). A mintagyűjtés elsődleges szempontja volt, hogy a konvencionálisan művelt, nagy költségráfordítású (High Input Fields-HIF) mellett a természeteshez közeli, kis költségráfordítású (Low Input Fields-LIF) kukoricatáblákról is történjen gyűjtés.



7. ábra: A gyűjtések helyszínei, Románia különböző régióiból (“Google Maps,” 2022)

A mintavételezés mindkét gyűjtési évben ugyanazon területekről származott minden régió esetében. Az első mintavételezésre úgy 2019-ben, mint 2020-ban június első dekádjában került sor, a második gyűjtést pedig július első dekádjában végeztük, kivéve a Segesvári (Keresd) gyűjtési helyszíneket, ahonnan csak júniusban történt mintavétel. Minden régió esetében 2-2 táblát választottunk ki, amelyekről a mintagyűjtés zajlott. (9.,10., 11., 12. ábra). Az első mintákat mindig a kukoricatáblák szegélyeitől 10 méterre kezdtük gyűjteni, hogy minimalizáljuk a szegélyhatást és innen haladtunk menedékesen tovább a táblák belseje felé. A levéltetvek egy-egy kukoricánövénnyre koncentráltak (8. ábra), így elfordult, hogy sem a

kiválasztott növény közvetlen közelében, sem tőle távolabb nem találtunk újabb levéltetűvel fertőzött növényt, ezért haladtunk a tábla belseje felé, ahol mindig meghatároztunk egy 10x10 m-es négyzetet és ezen belül random módon választottuk ki a 10 növényt. Egy mintának a 10 kukoricánövényről begyűjtött össz levéltetű egyedszám felelt meg (kb. 50 egyed/minta). A mintákat 95%-os etanollal töltött 0.5 milliliteres Eppendorf csövekbe gyűjtöttük, steril kesztyű és csipesz használatával (13. ábra). A mintákat lefagyasztottuk és -80 °C-on tároltuk a későbbi feldolgozásig.



8. ábra: Zöld kukorica-levéltetű (*Rhopalosiphum maidis*) kolónia egyetlen kukoricánövényre koncentrállódva

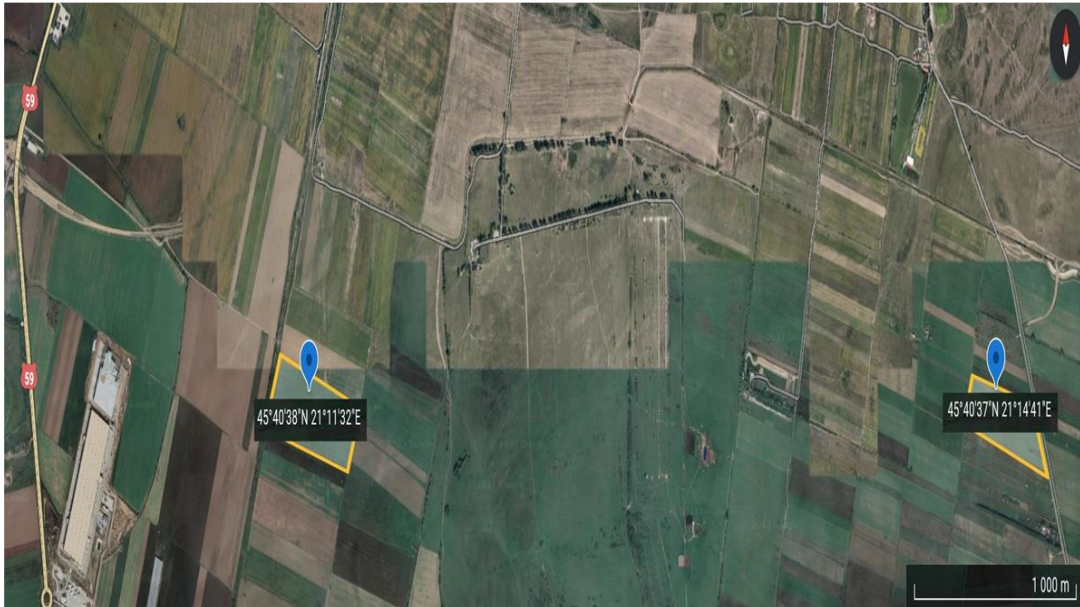
A kiválasztott régiók, illetve parcellák a következő helyszínekről származtak: Temesvár, Sepsiszentgyörgy, Kézdivásárhely, valamint Segesvár. A régiókat, illetve azon belül a gyűjtési pontokat a következő paraméterek jellemezték:

1. Sepsiszentgyörgy (Sepsikőröspatak)
 - a.) Tengerszint feletti magasság: 520-580 m
 - b.) Évi középhőmérséklet: 8.1 °C
 - c.) Környező növényzet: kukorica és búza



9. ábra: Sepsiszentgyörgyi (Sepsikőröspatak) gyűjtési pontok, műholdas felvétel
("Google Earth," 2023)

2. Temesvár:
 - a.) Tengerszint feletti magasság 91-94 m
 - b.) Évi középhőmérséklet: 11 °C
 - c.) Környező növényzet: kukorica



10. ábra: Temesvári gyűjtési pontok, műholdas felvétel (“Google Earth,” 2023)

3. Kézdivásárhely (Nyújtód)

- a.) Tengerszint feletti magasság: 560-570 m
- b.) Évi középhőmérséklet: 7 °C
- c.) Környező növényzet: kukorica és burgonya



11. ábra: Kézdivásárhelyi (Nyújtód) gyűjtési pontok, műholdas felvétel (“Google Earth,” 2023)

4. Segesvár (Keresd)

a.) Tengerszint feletti magasság: 400-420 m

b.) Évi középhőmérséklet: 15 °C

c.) Környező növényzet: Házikertek, elsősorban zöldségfélék, egy nagyobb alma ültetvény



12. ábra: Segesvári (Keresd) gyűjtési pontok, műholdas felvétel (“Google Earth,” 2023)

2019-ben csak a Temesvár környékén gyűjtött minták kerültek feldolgozásra és kiemelésre. Ebben az esetben még 3 kukoricatáblából összesen 10 növényről gyűjtöttünk mintákat. A minták a tábla szélétől befelé, kb. 10 méterig történtek azokról a növényekről, melyeken előfordultak a kolóniák (véletlenszerű mintavétel). Minden fertőzött növényről szintén 10-10 egyed került begyűjtésre. A genetikai elemzéseknél minden tábla esetében 3-3 minta került feldolgozásra, de mivel az adott táblákból származó minták azonos szimbionta összetételt mutattak, azokat együtt kezeltük (T2_1, T2_2, T2_3). A minták kódolása esetében a T-Temesvárt jelöli, a 2-s szám a földrajzi régió általunk meghatározott kódja, az 1, 2, 3 pedig a táblák.

2020-ban a fentebb ismertetett gyűjtési módszerekkel és rendszerezéssel a következőképpen alakultak a mintaszámok: négy régióból (Sepsiszentgyörgy, Temesvár, Kézdivásárhely, Segesvár), régióként 2-2 egymástól legalább 1 kilométerre lévő táblából, azokon belül is két eltérő, egymástól legalább 100 méterre lévő transzektből összesen 14 minta került begyűjtésre (3. Táblázat). Kivételt képeznek a Segesvár melletti házikertek, ahol csak két olyan kukoricatáblát találtunk, melynek mérete és elhelyezkedése (könnyen hozzáférhető, út mellett lévő) lehetőséget adott a minták begyűjtésére., kialakítva a 14 mintát (A1-A14). A minták kódolása (A1-A14) abban a sorrendben történt, ahogy azok időrendi gyűjtése volt, ugyanis adott régiók között nagyjából 600 kilométer távolság volt, ugyanakkor a klimatikus viszonyok miatt, adott helyeken nem egyszerre, hanem 3-4 hét eltéréssel jelentek meg a levéltetű kolóniák. Ennek megfelelően Az A1, A2, A5, A6 a közepes méretű területeket jelentette, az A3, A4, A7, A8 a kis méretű területeket, az A9, A10 a házikerteket, míg az A11, A12, A13, A14 pedig a nagy méretű területeket jelentette. Mivel a kódolásnak kulcsfontosságú szerepe volt a genetikai elemzésekben, ezeken utólag már nem változtattuk.

A gazdanövények BBCH skála szerint besorolása, valamint fonológiai fázisa a mintavételezés időpontjában a következőképpen volt jellemezhető: Virágzás (6) – Pollenszórás kezdete, bibeszálak megjelenése (63) és Teljes virágzás (50%) – a címer alsó és felső része virágzik, a bibeszálak teljesen kiemelkednek (65).

A második gyűjtések alkalmával már szárnyas egyedeket is találtunk a kukoricákon, ez arra engedett következtetni, hogy a levéltetvek hamarosan elhagyják a táblákat és valamilyen lágyszárú növényen, szemes gabonán vagy gyomnövényen folytatják az életciklusukat és alakítanak ki új populációkat, ennek következtében már nehézkessé válik a nyomonkövetésük.

A mintagyűjtés helyszíneinek adatait, vagyis az intenzíven kezelt területek (HIF), valamint a kis költségráfordítással művelt táblák (LIF) esetén használt vetőmag, peszticidek és műtrágyák fajtáit, illetve mennyiséget az alábbiakban foglaltam össze (3. Táblázat).

3. Táblázat: A kutatásban szereplő területek (HIF+LIF) részletes adatai (Csorba et al., 2022, 2021)

Termesztési mód	Alkalmazott kezelés	Mintakód	Szimbionták
Nagy táblák 2 éves monokultúra, előzőleg napraforgó Hibrid vetőmag: P 9911	<i>Vetőmag csávázás:</i> Imidacloprid 600 g/l (Seedoprid 600 FS 10 l/t)		<i>Buchnera, Serratia, Wolbachia,</i>
	<i>Preemergens herbicid:</i> Isoxaflutol 225 g/l + Tiencarbazon-metil 90 g/l+Ciprosulfamide (safener) 150 g/l (Adengo 0.35 l/ha) <i>Műtrágyák:</i> NPK 16:16:16 250 Kg/ha szántással egy menetben + N 33,33% 250 Kg/ha + N lombtrágya (195 g/l), MgO (26 g/l), SO ₃ (55 g/l) + mikroelemek (bőr, réz, vas, mangán, molibdén, cink (14,3 g/l) (Plonvit Active Maize 3 l/ha)	A11	
	<i>Insztikcidek:</i> Lambda – cihalotrin (50 g/l) (Karate Zeon 250 ml/ha) <i>Diabrotica</i> ellen	A12	<i>Buchnera, Serratia, Wolbachia, Spiroplasma</i>
Nagy táblák 4 éves monokultúra Hibrid vetőmag: PR 37 N 01	<i>Vetőmag csávázás:</i> Fludioxinil + Metalaxyl-M + Thiabendazole+Azoxytrobilin		<i>Buchnera, Serratia</i>
	<i>Preemergens herbicid:</i> Isoxaflutol 225 g/l + Tiencarbazon-metil 90 g/l +Ciprosulfamide (safener) 150 g/l (Adengo 0.35 l/ha) <i>Posztemergens herbicid:</i> Nicosulfuron 40 g/l (Nicogan 40 OD 1 l/ha) és Florasulam 6.25 g/l + Acid 2,4-D EHE 300 g/l (Mustang 0.5 l/ha)	A13	
	<i>Műtrágyák:</i> NPK 16:16:16 300 Kg/ha szántással egy menetben	A14	<i>Buchnera, Serratia, Hamiltonella, Spiroplasma</i>
Közepes táblák 3 éves monokultúra Hibrid vetőmag: LG 33.50	<i>Vetőmag csávázás:</i> Prothioconazole+Metalaxyl.		<i>Buchnera, Serratia, Rickettsiales de nem Spiroplasma</i>
	<i>Preemergens herbicid:</i> Isoxaflutol+Tiencarbazon-Metil. <i>Szerves- és műtrágyák:</i> 50t/ha szerves trágya szántással egy menetben + 12 leveles állapotban: NH ₄ NO ₃ +CaMg (CO ₃) ₂ 200 kg/ha.	A01	
		A02	<i>Buchnera, Serratia</i>
Közepes táblák 5 éves monokultúra Hibrid vetőmag: LG SHANNON	<i>Vetőmag csávázás:</i> Prothiocanazole+Metalaxyl.		<i>Buchnera</i>
	<i>Preemergens herbicid:</i> Isoxaflutol+Tiencarbazon-Metil. 4-6 leveles állapotban: Nicosulfuron. <i>Szerves- és műtrágyák:</i> 70t/ha szerves trágya szántással egy menetben + 12 leveles állapotban NH ₄ NO ₃ +CaMg (CO ₃) ₂ 200 kg/ha.	A05	
		A06	<i>Buchnera</i>
Kis táblák 1 éves kultúra, előzőleg búza Vetőmag: Nem ismert	<i>Szerves trágya:</i> csak szerves trágya 50t/ha mennyiségben szántással egy menetben		<i>Buchnera, Serratia, Wolbachia</i>
		A03	
		A04	<i>Buchnera, Wolbachia</i>
Kis táblák 1 éves kultúra, előzőleg búza Vetőmag: Nem ismert	<i>Szerves trágya:</i> Csak szerves trágya 50t/ha mennyiségben szántással egy menetben		<i>Buchnera, Serratia</i>
		A07	
		A08	<i>Buchnera</i>
Kis kertek 1 éves kultúra, előzőleg burgonya Vetőmag: Nem ismert	Nem volt kezelés (kontrol csoport)		<i>Buchnera, Spiroplasma</i>
		A09	
		A10	<i>Buchnera, Serratia</i>



13. Ábra: Zöld kukorica-levéltetű (*Rhopalosiphum maidis*) mintagyűjtés (Fotó: Költő Norbert)

4.3 Baktérium endoszimbionták genetikai elemzése

A levéltetvek baktérium szimbiontáinak genetikai elemzését Illuminával (Illumina amplicon sequencing) végeztük a V3-V4 régiók 16S rRNS génvizsgálatával OTU rendszerben (operational taxonomic units), amelyben 97% nukleotid szekvencia azonosságot követtünk. A DNS kivonáshoz és PCR láncreakcióhoz egyenként öt darab levéltetű minta volt felhasználva minden gyűjtési pontból, minden terület és gyűjtési időpont esetében.

A mintákat abszolút alkoholba gyűjtöttük, majd az elemzések előtt azokat átmostuk kétszer 70% etanolban, hogy minden felületi szennyeződést és más felületre tapadt mikroorganizmust eltávolítsunk. Azt követően a szekvenálás a 16S rRNS génre fókuszált (Benedek et al., 2019; Csorba et al., 2021), pontosabban a teljes DNS kivonást követően, amit

DNeasy PowerSoil Kit (Qiagen) segítségével végeztünk, a 16S rRNS gén amplifikációja történt baktérium specifikus szekvenciák keresésével (Bakt_341F (5'-CCT ACG GGN GGC WGC AG-3' [19]) and Bakt_805NR (5'-GAC TAC NVG GGT ATC TAA TCC-3') (Apprill et al., 2015).

A teljes DNS szekvenálás Illumina MiSeq platformon keresztül történt (MiSeq standard v2 chemistry Genomics Core Facility RTSF, Michigan State University, USA). Miután megtörtént a szimbionták azonosítása, a rokonsági viszonyok további felbontására tandem ismétlődő szakaszok számának meghatározásán alapuló, ún. multi-locus variable number of tandem repeats (MLVA) elemzést végeztünk (Vogler et al., 2009). A domináns baktérium fajok teljes genom szekvenciáját új generációs szekvenálási módszerrel (Illumina MiSeq) határoztuk meg.

4.4 Az adatok bioinformatikai és statisztikai értékelése

Az adatok bioinformatikai elemzését a mothur v1.38.1 (Schloss et al., 2009) rendszerben végeztük MiSeq SOP (http://www.mothur.org/wiki/MiSeq_SOP_downloaded_at_04/04/2018) (Kozich et al., 2013) programmal. Az endoszimbionták taxonómiai elemzését az ARB-SILVA SSU Ref NR 132 (Quast et al., 2013), módszerrel végeztük, 80% pontossággal 1000 iterációs szinten. A baktériumok törzsi és génusz szintű elemzését a 16S rRNS szekvenciák szerint végeztük 97% génszekvencia gyakorisági azonosságot véve figyelembe (Tindall et al., 2010). A szimbionták alfa diverzitását Shannon-Wiener és Inverse Simpsons's (1/D) diverzitási indexek kiszámításával elemeztük. A szimbionták gyakoriságát az eltérő területek között a Chao1 és az ACE gyakorisági mutatók kiszámításával határoztuk meg (mothur v1.38.1).

A teljes baktérium diverzitás eloszlás esetében lineáris regressziót és Shannon & Simpson indexeket számoltunk PAST 4.02 programban (Hammer et al., 2001). Mivel a diverzitás mutatók az adott baktérium taxon előfordulását annak specifikus DNS szekvencia arányából származtattuk, a módszer alkalmazható annak ellenére is, hogy a minták (és ennek megfelelően a taxonok előfordulása) nagyban függhet a környezettől. A módszert amúgy más, hasonló vizsgálatok esetében is gyakran alkalmazzák.

A szimbionták közösségi mutatót, mint a kezelések közötti eloszlásokat, illetve azok hatását Bray–Curtis szimilitási index kiszámításával végeztük. A domináns endoszimbionta

génuszok eloszlását a kukorica kultúrák kezelési típusai között a genomiális DNS gyakoriságok alapján végeztük. Főkoordináta módszert (PCoA) alkalmaztunk az adott baktériumokhoz kapcsolódó DNS szekvenciák diverzitása és a kezelések közötti hatások elemzéséhez. A DNS szekvencia adatok log10 transzformációját követően meghatároztuk a két komponens (Diverzitás (PCoA axis1) és kezelés (PCoA axis2)) közötti eloszlásokat és a domináns *Buchnera* obligát endoszimbionta jelenlétében és annak hiányában is.

5. Eredmények

5.1 2019-es év eredményei

Összesen 259,878 kiváló minőségű bakteriális 16S rRNS génszekvenciát nyertünk a mintákból ($86,626 \pm 15,031$). Minden esetben az átfedések 0.99% felett voltak, ami azt jelenti, hogy a módszer sikeresen kimutatta a keresett baktérium taxonokat (Melléklet 1. Táblázat).

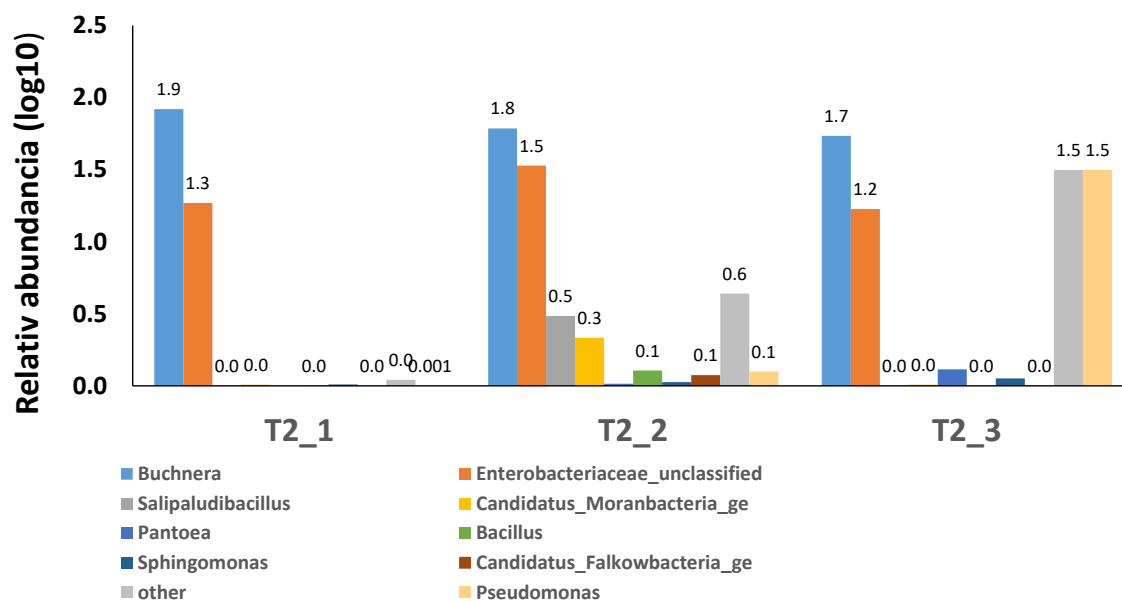
A szekvenciák átlagos hossza 450 bázispár volt, amely lehetővé tette a nemzetség szintű azonosítást. Összességében ezekből a mintákból az első gyűjtési évben 213 baktériumnemzetséget sikerült azonosítani (Mellékletek 1. Táblázat). A dominás fajokat a 4. Táblázatban foglaltuk össze.

4. Táblázat: Domináns baktérium taxonok a 2019-es év mintáiból. A genetikai elemzéseknél minden tábla esetében 3-3 minta került feldolgozásra, de mivel az adott táblákból származó minták azonos szimbionta összetételt mutattak, azokat együtt kezeltük (T2_1, T2_2, T2_3). A minták kódolása esetében a T-Temesvárt jelöli, a 2-es szám a földrajzi régió általunk meghatározott kódja, az 1, 2, 3 pedig a táblák kódjai.

Nemzetség	T2_1	T2_2	T2_3
<i>Buchnera</i>	68,999	43,980	54,742
<i>Enterobacteriaceae_unclassified</i>	14,706	23,991	16,289
<i>Sphingomonas</i>	18	44	132
<i>Pseudomonas</i>	3	243	30,999
<i>Candidatus_Moranbacteria_ge</i>	16	845	18
<i>Salipaludibacillus</i>	3	1,505	7
<i>Candidatus_Falkowbacteria_ge</i>	0	136	3

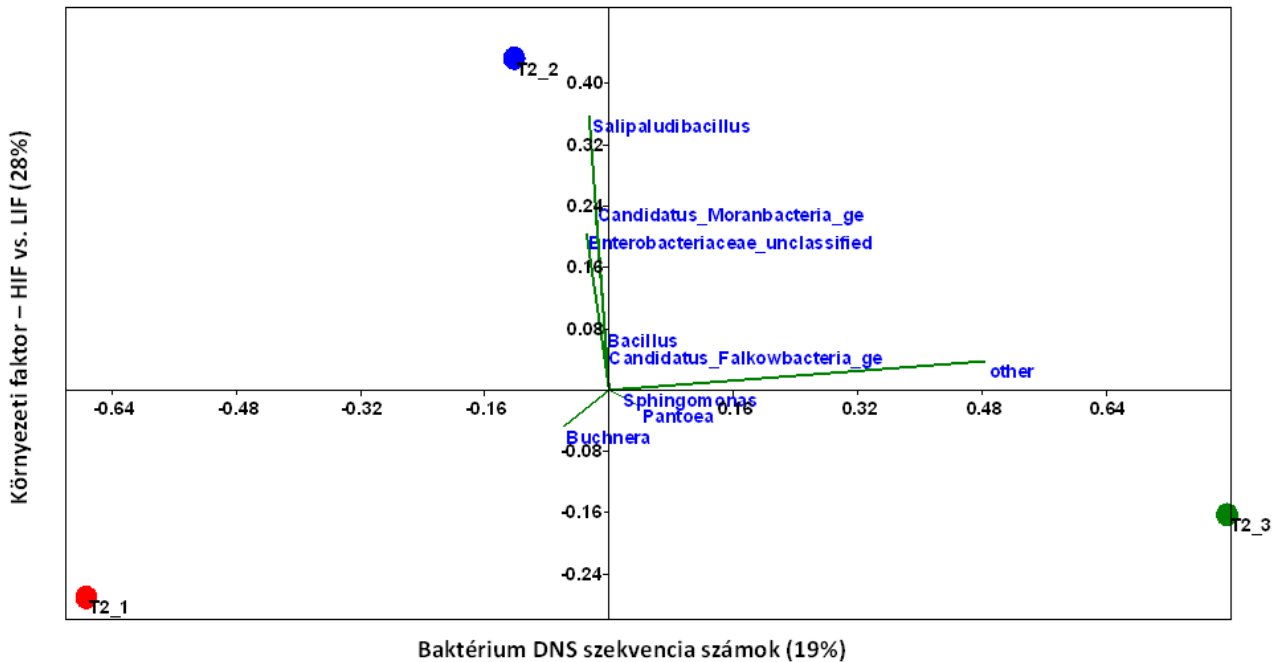
A szimbionták gyakoriságát tekintve kitűnik, hogy az obligát szimbionta *Buchnera* nemzetség dominál, ugyanakkor nagyon magas az *Enterobacteriaceae* nemzetség aránya is. A *Buchnera aphidicola* elsődleges szimbiontát mindhárom minta esetében magas számban sikerült kimutatni, valamint ezek jelentős részét képezték az össz baktériumközösségnek is (82.3%, 60.1%, 53.2%).

A fakultatív szimbioták esetében a legnagyobb mértékben az *Enterobacteriaceae* család képviseltette magát (17.5%, 32.8%, 15.8%), faj szintű határozás nem történt ebben az évben (14. Ábra).



14. Ábra: Kukorica levéltetvekből (*R. maidis*) kimutatott (log10) domináns baktériumok eloszlása. A minták kódolása esetében a T-Temesvárt jelöli, a 2-es szám a földrajzi régió általunk meghatározott kódja, az 1, 2, 3 a táblák kódjai.

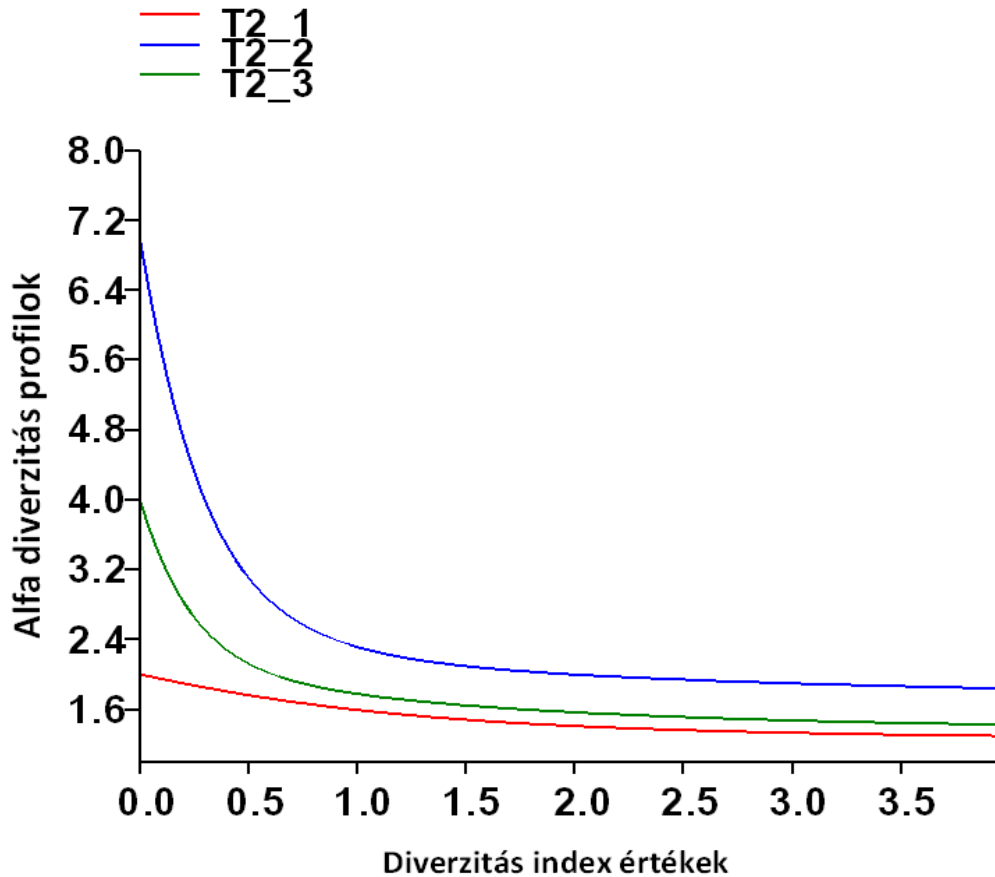
A fent említett baktérium nemzetségeken kívül kisebb mértékben sikerült azonosítani a *Bacillus*, *Pseudomonas*, *Salipaludibacillus*, *Pantoea*, *Sphingomonas*, *Candidatus Falcowbacteria*, valamint a *Candidatus Moranbacteria* baktériumokat is. Ezen baktériumokat leginkább a konvencionálisan művelt, nagy költségráfordítású (HIF) területekről gyűjtött levéltetvekből sikerült kimutatni (14. Ábra).



15. Ábra: A baktérium szimbionták előfordulását meghatározó tényezők (kezelés vs. DNS gyakoriság). Főkomponens analízis (PCA). A tengelyeken az adott faktor hatása van feltüntetve, a zöld vonalak az adott faktorok felé való irányultságot mutatják.

A kezelések hatása 28%-ban határozta meg a baktérium közösségek eloszlását. (15. Ábra). A legtöbb nemzetség viszonylag alacsony abundanciával volt kimutatható (pl. *Bacillus*, *Sphingomonas*, *Salipaludibacillus*). Ezek a fajok tápanyagokban gazdag környezetben gyakran előforduló heterotrófok és a tetvek bélrendszeréhez kapcsolódnak (Garrity, 2005). A fent említett nemzetségek tagjait gyakran különböző rovarokból izolálták, köztük a levéltetvekből is (Grigorescu et al., 2018).

Másrészt a *Candidatus Moranbacteria*, illetve a *Candidatus Falkowbacteria* szerepe még ismeretlen, de potenciálisan a levéltetvekhez kapcsolódó szimbionták csoportját erősítik (Brown et al., 2015). A három minta esetében eltérő hatást tapasztaltunk, elsősorban azt, hogy a *Buchnera* nemzetség esetében nem a kezelés volt meghatározó, míg fakultatív szimbionták esetében fordítva, a kezelés (HIF vs LIF) volt a meghatározó az előfordulásukban. A természeteshez közeli, kis költségráfordítású parcellákról gyűjtött levéltetvekből nyert mintákban figyeltük meg a legalacsonyabb bakteriális diverzitást (16. Ábra).



16. Ábra: A meghatározott baktérium szimbionták diverzitás mutatói. A diverzitás mutatók az adott baktérium taxon előfordulását annak specifikus DNS szekvencia arányából származtattuk.

5.2 2020-as év eredményei

5.2.1 Baktérium szimbionták taxonómiai és diverzitási mutató

A 2020-as gyűjtések alkalmával összesen 365 baktériumnemzetséget sikerült azonosítanunk a négy régió mintáiból (Mellékletek 2. Táblázat). A kukorica levéltetvekre vonatkozó lineáris regressziós analízissel megállapítottuk, hogy még az azonos művelési rendszereken belül sem egyezett a baktériumok összetétele és száma. A legtöbb taxont az A12-es mintából mutattuk ki, szám szerint 166-ot, amely egy konvencionálisan művelt, nagy költségráfordítású területről származott (HIF), a legkevésébbet (28) pedig érdekes módon szintén egy hasonló terület mintájából került kimutatásra (A11). A leggyakoribb 20 taxon,

melyek az eltérő kezelésekben a kukorica levéltetvekhez köthetőek, a 17. ábrán vannak feltüntetve. Ezek közül kiemelendő az obligát endoszimbionta *Buchnera aphidicola*, amely az összes mintában jelen volt, valamint a fakultatív szimbionták közül a *Serratia symbiotica*, a *Wolbachia* nemzetségbe tartozó szimbionta és a *Hamiltonella defensa*.

A *B. aphidicola* baktériumok aminosavakat és más vegyi anyagokat termelnek a gazdaszervezet számára (Darby et al., 2003). A *Serratia symbiotica* az egyik leggyakoribb szimbiontája a levéltetveknek és védelmet biztosít számukra a hőstressz ellen, amely a magasabb termékenység, és magasabb túlélési ráta formájában mutatkozik meg a nem fertőzött levéltetvekhez képest (Montllor et al., 2002; Russell and Moran, 2006).

A *Wolbachia*-val fertőzött tetvek esetében nagyobb az esély a szűznemzéssel való szaporodásra, a betöltött szerepük nem teljesen világos a tetvek életében, de a populációk szabályozására mindenképp hatással lehetnek ezáltal (Bordenstein et al., 2001; O'Neill et al., 1997).

A *Hamiltonella defensa* elsődleges szerepe a parazitoid darazsak (pl. *Aphidius ervi*) elleni védelem biztosítása a levéltetvek esetében. Az átadásuk vertikális úton történik az utódokba, de maguk a darazsak is átvihetik egyik egyedről a másikra (Ferrari et al., 2004; Guay et al., 2009).

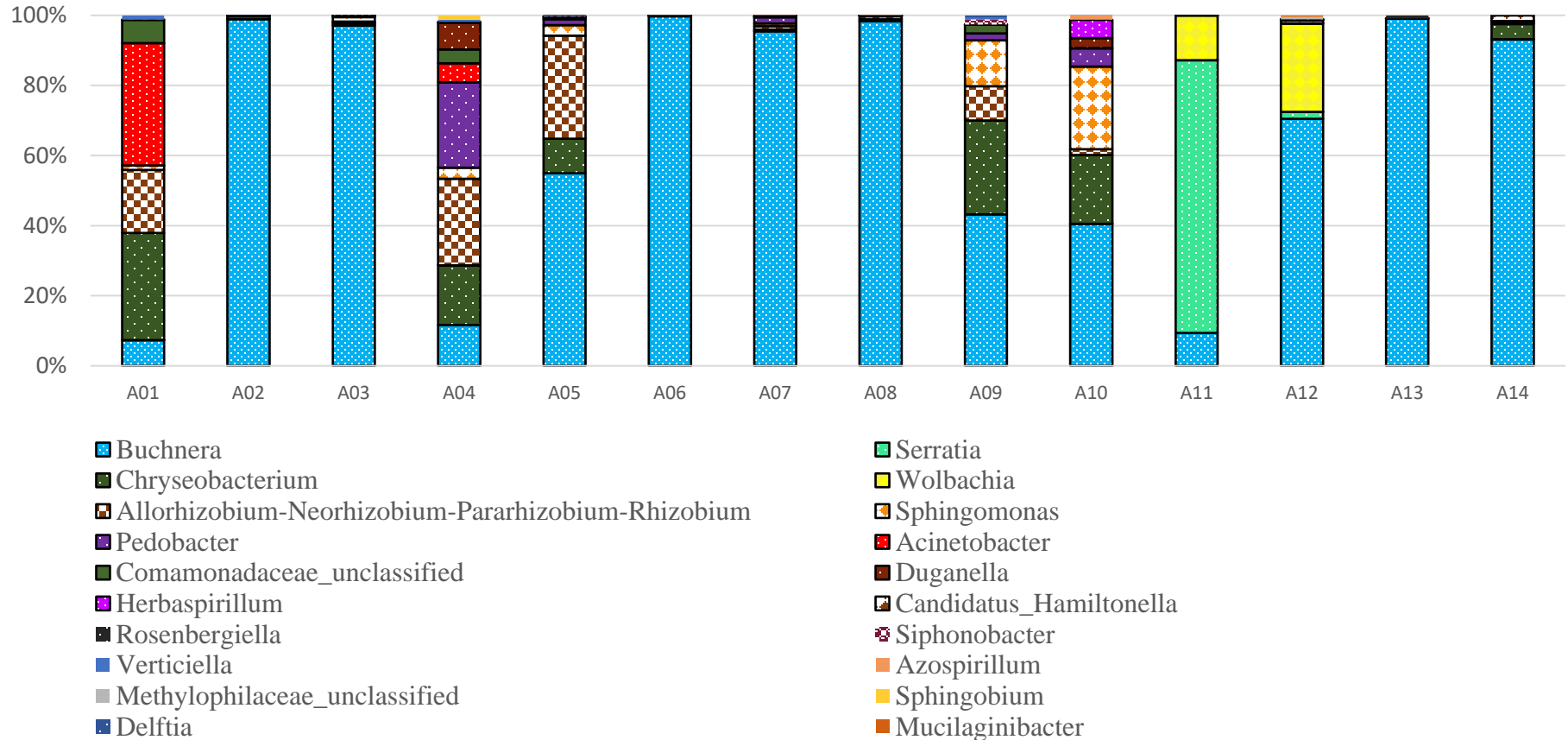
A *Chrysobacterium*, *Duganella*, valamint *Verticiella* nemzetségbe tartozó baktériumok egyes törzsei képesek gátolni a növénypatogén gombák szaporodását (Dahal et al., 2020). A legújabb kutatások eredményei arra mutatnak, hogy a *Chrysobacteriumot* a jövőben, mint mikrobiális anyagokat fel lehet használni a fenntartható növénygazdálkodás terén (Kumar et al., 2021). Egyes *Duganella* törzsek laboratóriumi körülmények között gátolták a búza egyik veszélyes kórokozóját, a búza fuzárium (*F. graminearum*) fejlődését (Haack et al., 2016). Hasonló eredményekről számoltak be a *Verticiella* baktérium esetében is a *Fusarium oxysporum* mikroszkopikus gomba elleni védelmében (Ravi et al., 2022).

Az *Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium* rokon nemzetségek baktérium törzsei hüvelyes zöldségnövények gyökereivel élnek szimbiózisban és a nitrogén megkötésében játszanak elvitatlan szerepet (de Lajudie et al., 2019; Sprent, 2008). A *Herbaspirillum*, *Azospirillum* nemzetségekbe tartozó baktériumok szintén a nitrogén fixálást segítik elő, amelyet

rizzsel végzett kutatások igazoltak (James and Olivares, 1998; Reinhold-Hurek and Hurek, 1998).

A *Comamonadaceae* és *Sphingobium* baktériumok szerepe is fontos a környezetünkre nézve: lebonthatnak különböző vegyi anyagokat (pl. aromás vegyületeket), fenolokat, illetve herbicideket is (Khan et al., 2002; Mitra et al., 2020). Itt fontos megjegyeznünk, hogy néhány baktérium esetében a szerepük még nem tisztázott a levéltetvekre nézve, illetve további kutatások szükségesek ezen interakciók feltárása érdekében.

Genus (top20)



17. ábra: A kukorica levéltetűhöz köthető leggyakoribb 20 baktérium taxon. Az A1, A2, A5, A6 a közepes méretű területeket jelenti, az A3, A4, A7, A8 a kis méretű területeket, az A9, A10 a házikerteket, míg az A11, A12, A13, A14 a nagy méretű területeket jelenti.

A kutatásunk során átlagosan 50-53 baktérium taxont (génuszt) sikerült kimutatnunk a magas költségráfordítású, valamint a természeteshez közeli, kis költségráfordítású területekről egyaránt. A diverzitási mutatók alapján kijelenthetjük, hogy bár számos baktérium taxont találtunk a mintákban, ezek alacsony gyakorisággal voltak jelen ezekben és csak néhány faj volt az, ami dominánsnak bizonyult (5 és 6. Táblázat).

5. Táblázat: A baktérium taxonok (teljes bakteriális diverzitás) gyakorisági és diverzitási viszonyai. Az A1, A2, A5, A6 a közepes méretű területeket jelenti, az A3, A4, A7, A8 a kis méretű területeket, az A9, A10 a házikerteket, míg az A11, A12, A13, A14 a nagy méretű területeket jelenti.

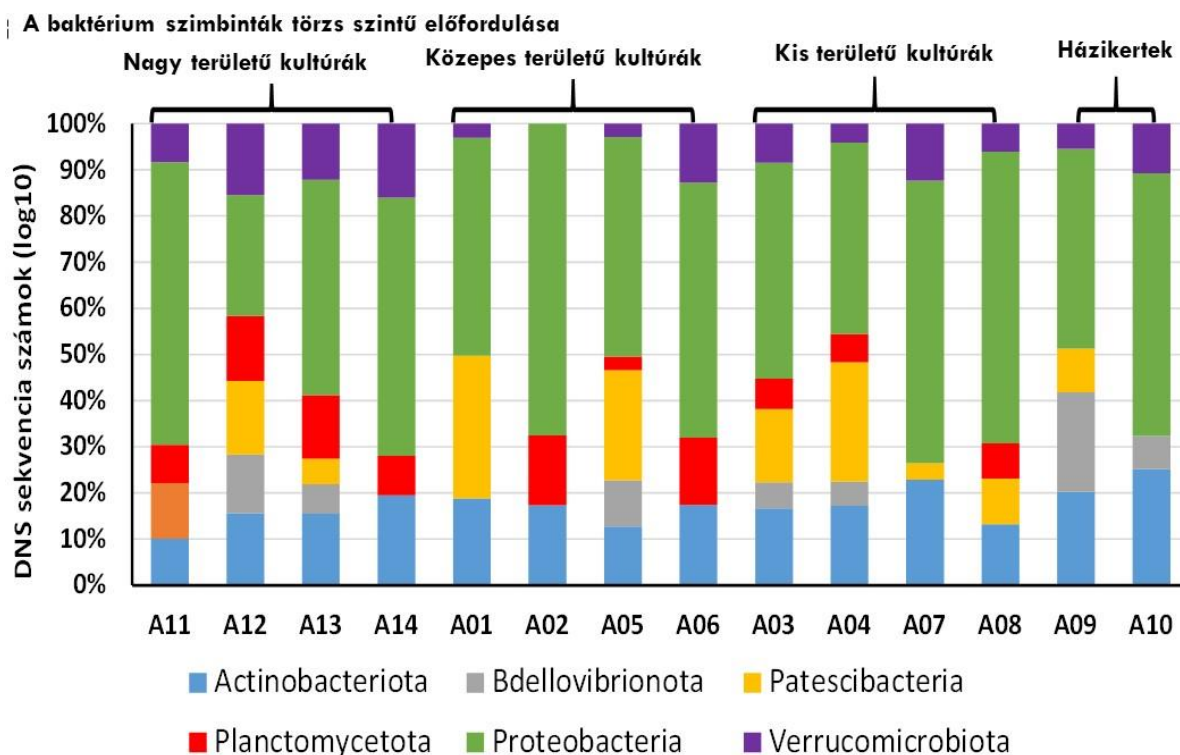
Táblaméret	Nagy területű kultúrák				Közepes területű kultúrák				Kis területű kultúrák				Házikertek	
Kódok	A11	A12	A13	A14	A01	A02	A05	A06	A03	A04	A07	A08	A09	A10
Nemzetségek száma	28	166	47	55	47	31	46	59	60	59	63	33	56	50
Simpson index	0.920	0.993	0.964	0.969	0.966	0.937	0.966	0.967	0.971	0.971	0.973	0.944	0.969	0.966
Shannon_H	2.922	4.998	3.627	3.733	3.582	3.079	3.578	3.779	3.802	3.754	3.872	3.168	3.716	3.592
Gyakoriság (e ^{H/S})	0.664	0.893	0.800	0.760	0.765	0.701	0.778	0.742	0.746	0.724	0.763	0.720	0.734	0.726

6. Táblázat: Domináns szimbionta baktérium taxonok a 2020-as év mintáiból. Az A1, A2, A5, A6 a közepes méretű területeket jelenti, az A3, A4, A7, A8 a kis méretű területeket, az A9, A10 a házikerteket, míg az A11, A12, A13, A14 a nagy méretű területeket jelenti.

Táblaméret	Nagy területű kultúrák				Közepes területű kultúrák				Kis területű kultúrák				Házikertek	
	A11	A12	A13	A14	A01	A02	A05	A06	A03	A04	A07	A08	A09	A10
<i>Buchnera</i>	1852	77628	77706	3778	10808	72051	63720	70886	24704	18610	12136	62604	122689	114848
<i>Serratia</i>	6	1	41	0	0	0	31	0	0	2	100837	1689	3	83
<i>Wolbachia</i>	0	0	94	14	0	0	0	0	0	0	16586	22362	0	0
<i>Candidatus_Hamiltonella</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1969
<i>Spiroplasma</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	47	0	4
<i>Chryseobacterium</i>	7703	654	478	5476	1941	120	266	358	15355	8994	3	1	0	5368
<i>Sphingomonas</i>	306	153	981	1028	577	63	541	88	7501	10840	18	764	6	420
<i>Erwinia</i>	5762	877	0	5805	15599	5	78470	117	11	56	0	0	23	1664
<i>Pseudomonas</i>	19895	1364	2174	31416	54571	232	3373	23380	17637	23711	2	1851	64	656

Amennyiben csak az endoszimbionta taxonokat vesszük figyelembe, akkor elmondható, hogy változóak voltak a különböző kezelésekben és hat nemzetséget sikerült detektálni. Az obligát szimbionta *Buchnera aphidicola* minden egyes mintában jelen volt, de eltérő gyakorisággal a teljes genomiális DNS elemzés szerint.

Az A12-es mintából volt kimutatható a legtöbb endoszimbionta baktérium, szám szerint négy (*Buchnera*, *Serratia*, *Wolbachia*, *Spiroplasma*), míg a további levéltetű mintában már kevesebb volt kimutatható. Egyedül a *Buchnera aphidicola* obligát szimbiontát találtuk meg az összes mintában. Törzsi szinten a *Proteobacteriumok* voltak a dominánsak az összes mintában. Nemzetség szinten a már említett *B. aphidicola* mellett a fakultatív szimbionták közül gyakori volt a *Serratia symbiotica*, valamint a *Wolbachia* (19.ábra).



18. Ábra: Bakteriális szimbionta taxonok törzs szintű eloszlása az eltérő nagyságú és kezelésű kukorica ültetvények között. A minták kódolása (A1-A14), abban a sorrendben történt, ahogy azok időrendi gyűjtése volt. Ennek megfelelően Az A1, A2, A5, A6 a közepes méretű területeket jelenti, az A3, A4, A7, A8 a kis méretű területeket, az A9, A10 a házikerteket, míg az A11, A12, A13, A14 a nagy méretű területeket jelenti.

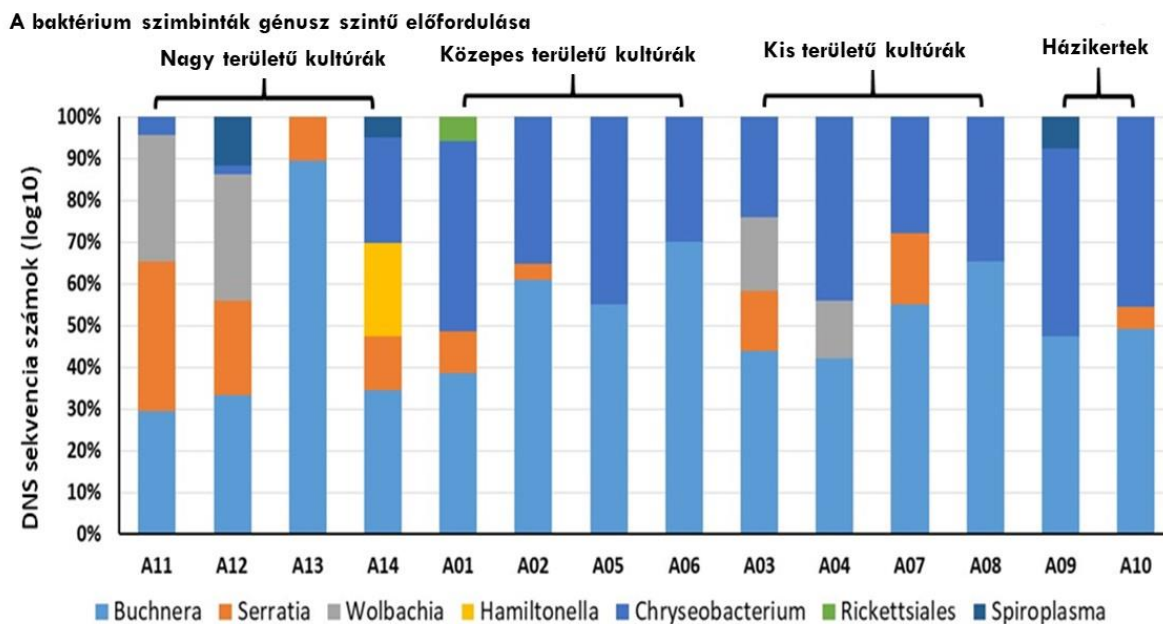
A 18. ábra esetében a szimbióta baktériumok törzs szintű elkülönülése során megfigyelhető, hogy a *Proteobacteria* törzs dominál, ezt követik az *Actinobacteriota*, *Planctomycetota*, *Patescibacteria* törzsek különböző arányban, valamint a sort a legkisebb részarányban a *Bdellovibrionata* törzs képviseli.

A *Serratia symbiotica* endoszimbiótát a legnagyobb gyakorisággal a konvencionálisan művelt, nagy költségráfordítású (HIF) területekről gyűjtött levéltetvekből mutattuk ki, de jelen volt szinte az összes mintában.

A *Wolbachia* nemzetség hiányzott a közepes méretű táblák (Sepsiszentgyörgy és környéke), valamint a kertekből gyűjtött mintákból (19. ábra).

A *Candidatus Hamiltonella* endoszimbiótát ellenben csak egyetlen terület mintájából sikerült csak kimutatni a nagy kiterjedésű területek közül (A14-es minta).

A *Rickettsiales* rendjébe tartozó baktériumok, kivéve a *Spiroplasma* nemzetséget, nagyon kis gyakorisággal voltak jelen a levéltetvekben és ezt is csak egy közepes kiterjedésű területről gyűjtött mintából sikerült kimutatni. Végül de nem utolsó sorban a *Spiroplasma* endoszimbióták a nagy kiterjedésű területek mintáiban, valamint a kiskertekből gyűjtött tetvek mintáiban voltak jelen. (19. ábra).



19. Ábra: Bakteriális szimbionta taxonok nemzetség szintű eloszlása az eltérő nagyságú és kezelésű kukorica ültetvények között. Az A1, A2, A5, A6 a közepes méretű területeket jelenti, az A3, A4, A7, A8 a kis méretű területeket, az A9, A10 a házikerteket, míg az A11, A12, A13, A14 a nagy méretű területeket jelenti.

A 19. ábrán a nemzetség szintű vizsgálatokból kiderül, hogy az obligát szimbionta *Buchnera aphidicola* eltérő gyakorisággal, de minden kezelési körülmény közepette jelen van. Legnagyobb arányban az (A13, A06) -es mintákban mutattuk ki. A minták a közepes kiterjedésű és méretű területekről származtak Sepsiszentgyörgy vonzáskörzetéből. A termesztett kukoricafajta jelen parcellákban minden esetben hibrid volt (LG.33.50, illetve LG Shannon), valamint a mintaterületek nagysága is hasonló volt: 2.5 hektár a legkisebb és 3.2 hektár a legnagyobb terület.

A legkisebb arányban az (A11, A12) -es mintákból mutattuk ki a *Buchnera* faj jelenlétét. A minták a Bánsági területekről származtak, ezeken a területeken intenzív monokultúrás termesztés folyik évek óta. A területeken termesztett hibridek a következők voltak: P9911, valamint a PR 37 N 01-es fajta. A mintavételi területek nagysága 15-20 hektár között változott.

A fakultatív szimbionta nemzetségek közül kiemelkedő gyakorisággal van jelen a *Serratia*. A legnagyobb arányban a nagy kiterjedésű területek (Bánsági régió) mintáiból sikerült

kimutatni (A11, A12). A fent is említett monokultúrás termesztéshez a legkorszerűbb technológiát használják a gazdák, ahol a gyomirtás, műtrágyahasználat elengedhetetlen a termésátlagok maximalizálásához.

Legkisebb arányban a kiskerti mintákban találtuk meg a *Serratia* fakultatív szimbiontát, amelyeket Keresd környékéről gyűjtöttünk a Szász régióból. Jelen parcellák esetében tájfajta, régi kukorica vetőmagot használtak a gazdák, illetve sem gyomirtás, sem műtrágyahasználatra nem került sor. A *Serratia symbiotica* faj szerepe a levéltetvek esetében a hőstressz elleni küzdelemben nyilvánul meg, amelyet néhány kutatás igazolt és amelyet legfőképp a zöld-borsó levéltetvekben vizsgáltak eddig.

A következő legnagyobb gyakorisággal a *Chryseobacterium* nemzetséget sikerült kimutatni a mintákból. A begyűjtött minták leginkább a közepes (Sepsiszentgyörgy) és kis kiterjedésű területekről, kiskertekből (Keresd) származtak.

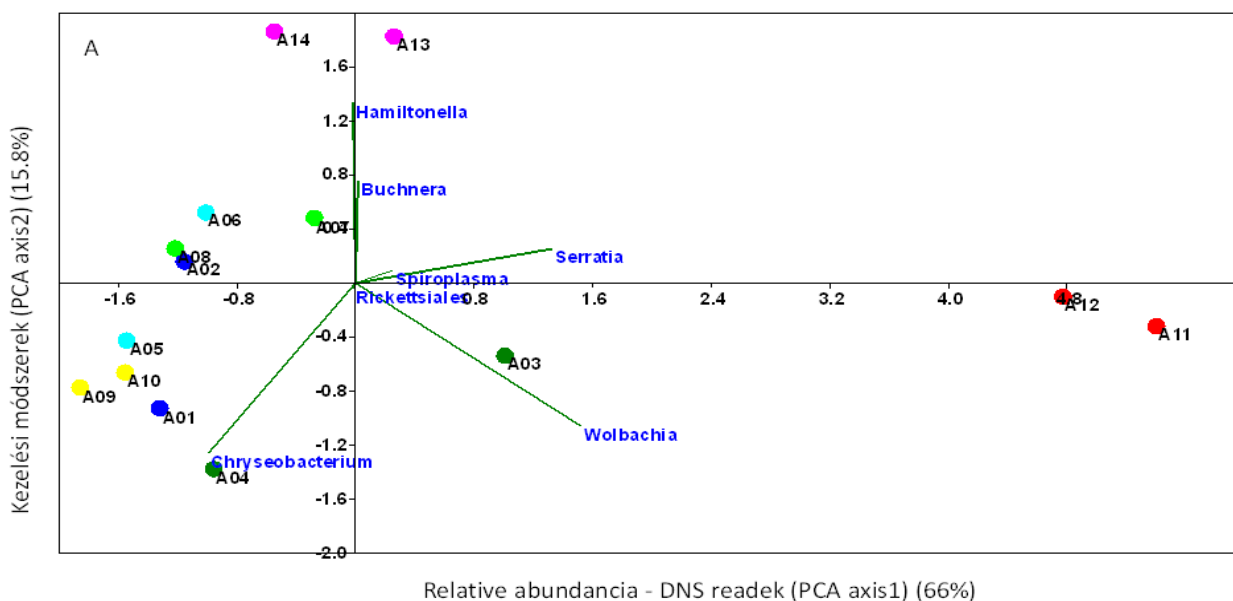
A *Wolbachia*, valamint a *Hamiltonella* nemzetségeket leginkább a nagy kiterjedésű, intenzív művelésű területek mintáiból sikerült azonosítani. A *Wolbachia* szimbionta baktériumok szerepét még vizsgálják a levéltetvek esetében, de a kutatások azt bizonyítják, hogy erős szelekciós nyomást gyakorol a gazdaszervezetekre, mégpedig úgy, hogy a gazdaszervezet utódai nőneműek legyenek. A *Hamiltonella defensa*-t szintén a zöld-borsó levéltetvek esetében vizsgálták és bizonyítottan védelmet nyújt a tetveket parazitáló fürkészdarazsak (*Aphidius ervi*) ellen.

A *Spiroplasma* szimbiontát kevés mintában sikerült csak kimutatni, ami arra utalhat, hogy a jelenléte nem függ össze a termesztés intenzitásával, vagyis nem az a meghatározó a levéltetvekben való jelenlétében. Szerepük az entomopatogén gombák elleni védelemben van a levéltetvek szempontjából.

5.2.2 Közösségszerkezeti és korrelációs mutatók

A főkoordináta módszer alkalmazásával kimutathatóvá vált, hogy melyek azok a baktérium taxonok, amelyek egy adott területen történő kezelési technológiához köthető. A módszer alapján a két független változó a baktérium taxonok genetikai diverzitása (Axis 1) a DNS szekvenciák alapján, valamint a kezelések (Axis 2) voltak. A kimutatást az obligát *Buchnera* jelenlétében (20. ábra), és annak hiányában is elvégeztük (21. ábra). Abban az

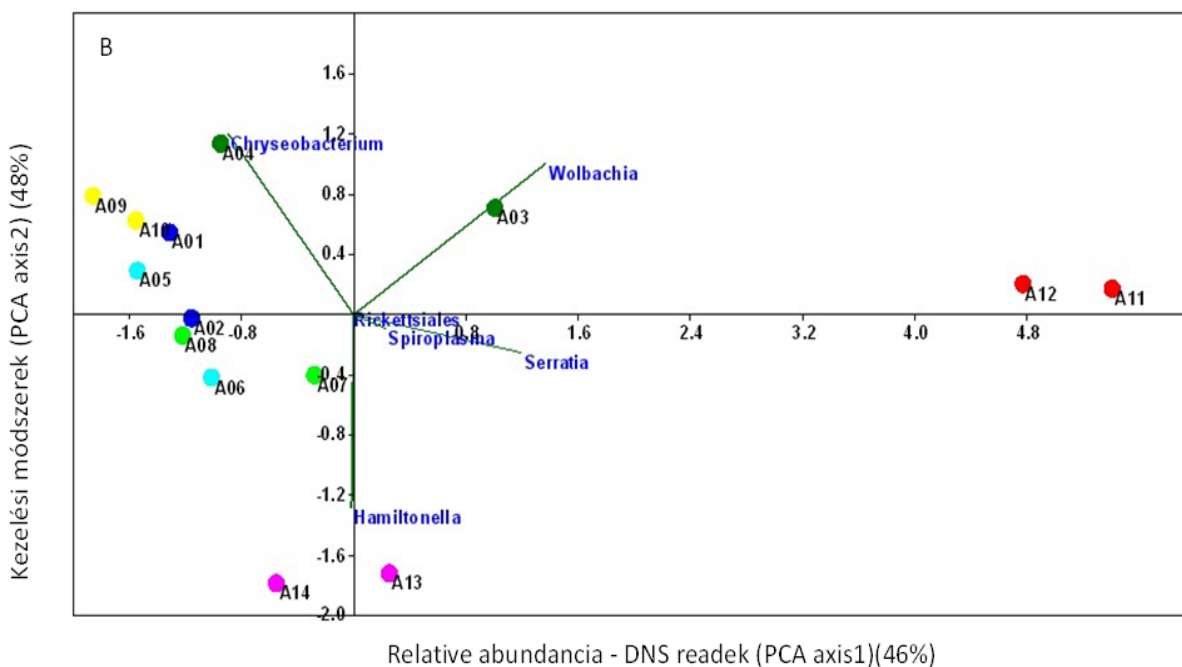
esetben, ha a *Buchnera* is jelen volt a kimutatásban, a baktérium taxonok genetikai diverzitása 72%-ban határozta meg azok eloszlását, a kezelések viszont csak 16,3%-ban (20. ábra). A kimutatás alapján egyértelműen látszik, hogy az obligát szimbionta *Buchnera*, valamint a fakultatív *Hamiltonella* a négy területen, monokultúrában termesztett kukoricában előforduló levéltetvekre jellemző, hasonlóan a *Serratia* taxonokhoz, míg a *Wolbachia* és a *Chryseobacterium* taxonok a kis területű és extenzíven termesztett kukoricában előforduló levéltetvekre volt jellemző (20. ábra).



20. Ábra: Főkoordináta módszer alkalmazása a baktérium taxonok eloszlására a *Buchnera* obligát szimbionta jelenlétében. A módszer alapján a két független változó a baktérium taxonok genetikai diverzitása (Axis 1) a DNS szekvenciák alapján, valamint a kezelések (Axis 2) voltak. A tengelyeken az adott faktor hatása van feltüntetve, a zöld vonalak az adott faktorok felé való irányultságot mutatják.

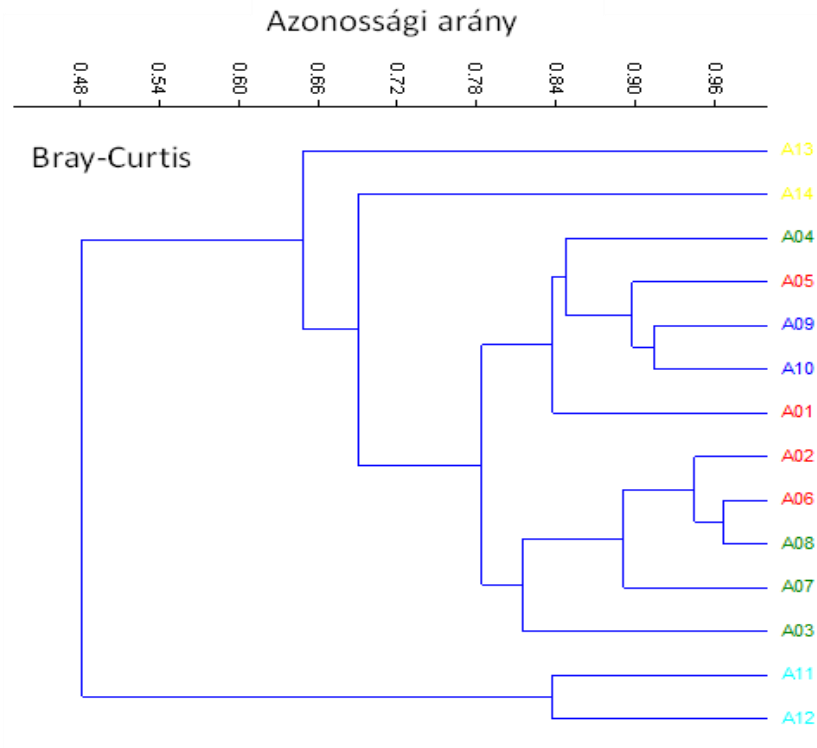
A domináns *Buchnera* hiányában, amikor csak a fakultatív taxonok diverzitását vettük figyelembe, a kezelések 23,3%-ban határozták meg az eloszlást, míg a taxonok genetikai diverzitása 43,8%-ban (21. ábra). Ebben az esetben a *Wolbachia* és a *Chryseobacterium* taxonok kis területű és extenzíven termesztett kukoricában előforduló levéltetvekhez való kötődése szintén kimutatható, hasonlóan a *Hamiltonella* dominanciájával a nagy területű és extenzív

ültetvényekhez, ugyanakkor nem mutatható ki egyértelműen a többi taxon szoros kötődése egy adott termesztési technológiához (21. ábra).



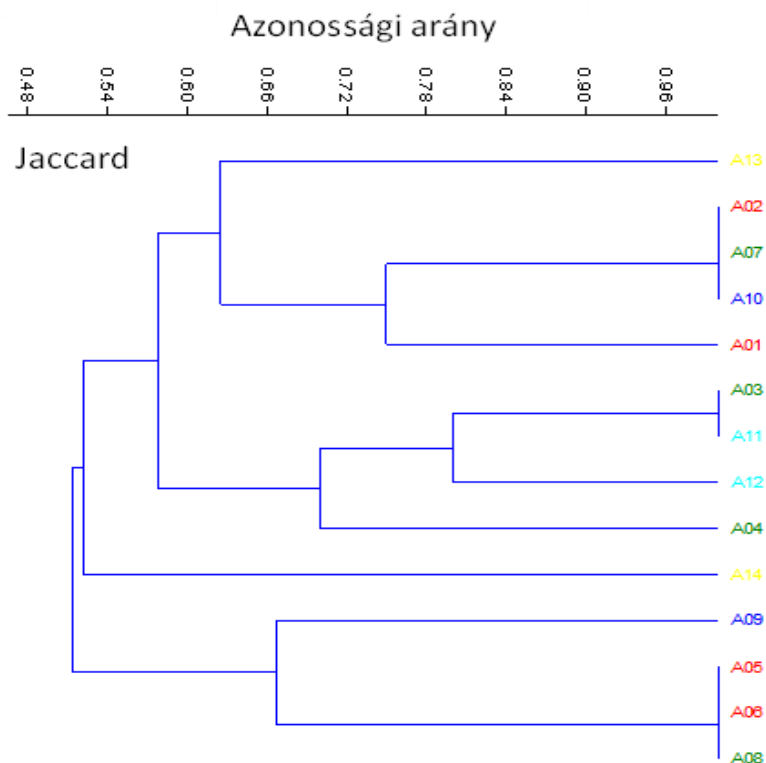
21. Ábra: Főkoordináta módszer alkalmazása a baktérium taxonok eloszlására a Buchnera obligát szimbionta hiányában. A módszer alapján a két független változó a baktérium taxonok genetikai diverzitása (Axis 1) a DNS szekvenciák alapján, valamint a kezelések (Axis 2) voltak. A tengelyeken az adott faktor hatása van feltüntetve, a zöld vonalak az adott faktorok felé való irányultságot mutatják.

A Bray-Curtis szimilaritási elemzéssel, mely a ritkábban előforduló taxonokra érzékeny, kimutatható, hogy a gyakori termesztési technológiák mentén, mely kultúrák azok, amelyek esetében hasonló a levéltetvek szimbionta állománya. Ennek kapcsán jól elkülönül az A 13, A 14 és az A 11, A12 (intenzív nagykulturák) (22. Ábra).



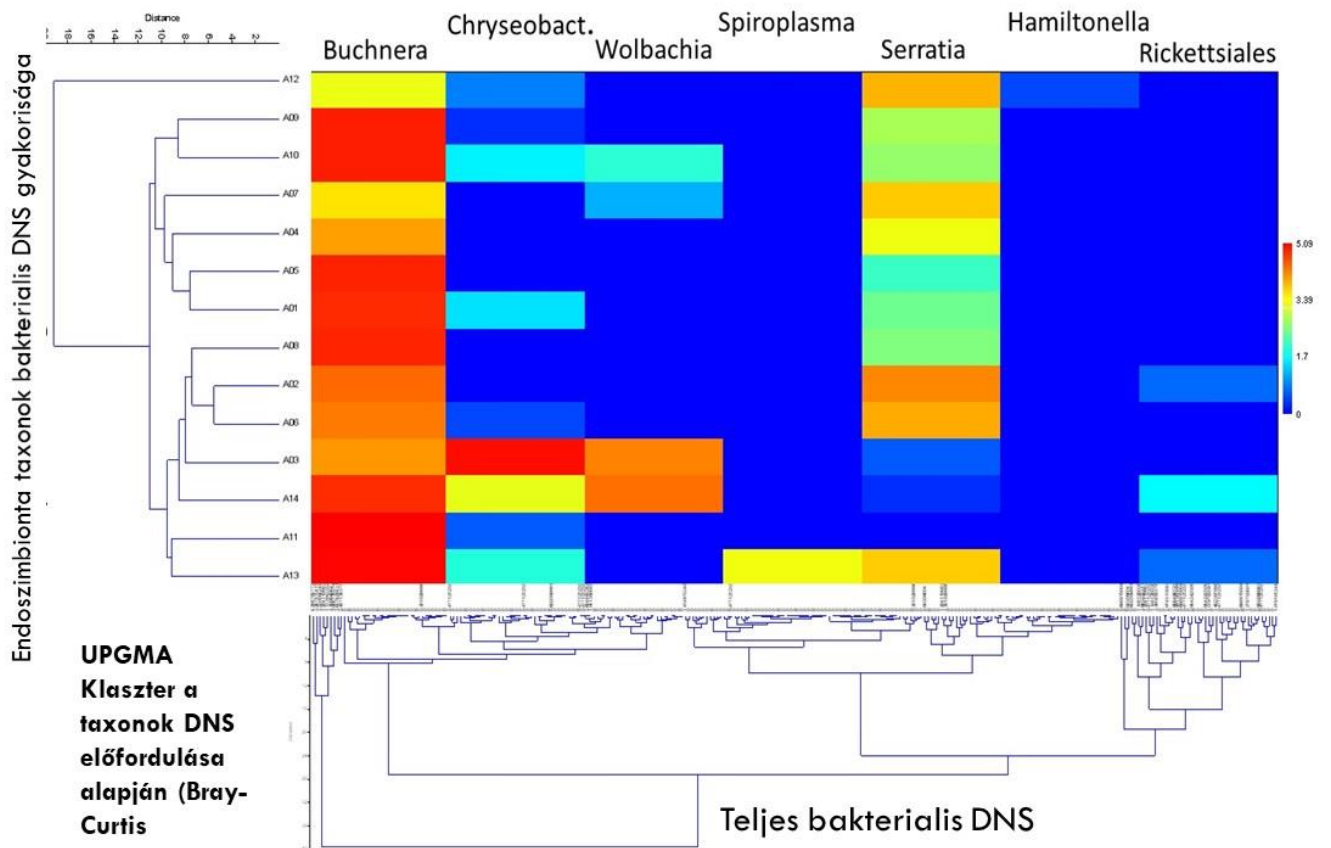
22. ábra: Bray-Curtis azonossági mutató, mely a szimbionták eloszlását a termesztési technológiák szerint rendezi a gyakori taxonok függvényében.

A Jaccard szimilaritási elemzéssel, melynek értékét a vizsgált sokaság közös és differenciális elemeinek a száma alapján számoljuk, nem mutatható ki egyértelműen a kezelések és az adott taxonok közötti összefüggés (23. Ábra).



23. ábra: Jaccard azonossági mutató, mely a szimbioták eloszlását a termesztési technológiák szerint rendezi a ritka taxonok függvényében.

Az endoszimbióta baktériumok genetikai diverzitása és taxonómiai kapcsolódása (génusz szinten) nagymértékben függött a vizsgált kukorica kultúrák termesztési módszereitől és az alkalmazott kezelési módszerektől. Az obligát *Buchnera* és a fakultatív *Serratia* gyakoriságát a szintén fakultatív *Wolbachia* követte. A Bray–Curtis azonossági algoritmus segítségével kimutatható volt, hogy az említett baktérium génuszok eloszlása genetikai diverzitás szinten is a termesztési módszerek szerint történt, adott termesztési módhoz adott baktérium csoport köthető (22, 24. ábra).



24. Ábra. A kukorica levéltetű szimbionta baktériumainak genetikai diverzitása a kukorica különböző termesztési módszerei során. Az ábrán a kék színek alacsony, a vörös színek magas diverzitást jelölnek. Az UPGMA klaszter az adott taxon genetikai alapú gyakoriságát jelenti, ezt viszonyítja az adott területen (A1-A14 klaszter) való előforduláshoz.

6. Eredmények megvitatása

Kutatásunk során összesen 365 baktériumnemzetséget azonosítottunk, amelyek közül hat az endoszimbionta baktériumok csoportjába tartozik, és amelyek szoros kapcsolatban vannak vagy lehetnek a zöld-kukorica levéltetvekkel, biztosítva számukra bizonyos előnyöket, mint a hőstressz elleni adaptáció, különböző vegyi anyagok elleni rezisztencia vagy a parazitoid darazsak elleni védelem stb. A kutatásunkon kívül csak néhány korábbi publikált tanulmány mutatott be részletes fajösszetételt bizonyos levéltetűfajokhoz kapcsolódó endoszimbiotikus baktériumközösségekről (McLean et al., 2011).

A kielemezett minták alapján elmondható, hogy minden esetben az elsődleges szimbionta baktériumfaj (*Buchnera aphidicola*) valamint az *Enterobacteriaceae* családba tartozó fakultatív szimbionták voltak a dominánsak. A műtrágyák, inszekticidek, herbicidek használata nagyban befolyásolhatja a kukoricán megtalálható levéltetvek baktériumközösségének számát és összetételét.

A *Buchnera* elsődleges szimbionták aminosavakat és más vegyi anyagokat termelnek a gazdaszervezet számára valamint szükségesek a levéltetvek normális fejlődéshez és szaporodásához (Shigenobu et al., 2000) és emellett jelentős szerepük van a hőstressz elleni védelemben (Zhang et al., 2019). A *Wolbachia* fakultatív endoszimbionta baktériumot egyetlen nagy kiterjedésű, több éves monokultúrában termesztett területről gyűjtött mintából sikerült kimutatnunk, ugyanakkor jelen volt a kis táblák mintájában is. A *Serratia* endoszimbionta ellenben a nagy táblákról származó mintákban volt csak jelen, A *Candidatus Hamiltonella* endoszimbiontát pedig szintén egyetlen területről származó mintából tudtunk csak kimutatni a nagy kiterjedésű területek közül. Tudomásunk szerint jelen kutatásunk az első, amely a kukoricát károsító levéltetvek szimbionta baktériumközösségét vizsgálja és tárja fel az extenzíven művelt (LIF) valamint az intenzíven művelt (HIF) területek vonatkozásában.

Az új generációs DNS elemzésekkel kimutathatóvá vált, hogy a levéltetvek a tápnövény adaptációjuk, biológiájuk szempontjából nem önálló szervezetek, hanem szoros együttműködésben változnak az endoszimbiontákkal (Brown and Blackman, 1988; Loxdale et al., 2020; Loxdale and Balog, 2018). Jelen kutatás eredményeként azt is elmondhatjuk, hogy az egyes fajok a tápnövényeik kezelési technológiájához a szimbionták segítségével adaptálódnak.

Feltételezhetően maguk az endoszimbionták is gyors adaptációt mutatnak egy sokkal gyorsabb időskálán, mint maguk a gazdaszervezeteik.

A zöld kukorica levéltetvek (*R. maidis*) adaptációjával kapcsolatos tényezőket ugyanakkor az endoszimbiontákkal való kapcsolatuk függvényében tovább szükséges vizsgálni. Számos kutatás beszámolt már a *Buchnera* és a levéltetvek ősidők óta tartó kapcsolatáról, de a legújabb kutatások bebizonyították, hogy néhány levéltetű faj esetében, mint például a *Geopemphigus* fajok, elvesztették a *Buchnera* obligát szimbiontájukat, helyüket pedig egy, a *Bacterioidetes* törzsből származó, anyai úton terjedő baktérium vette át (Chong and Moran, 2018). Az újonnan kimutatott endoszimbionta baktériumot *Skilesia alterna*-nak nevezték el. (Moran and Bennett, 2014).

Amennyiben a bakteriális szimbionták nem nyújtanak további előnyöket, a levéltetvek képesek megszabadulni tőlük vagy lecserélni őket egy új szimbionta fajra (Chong and Moran, 2018). Ezt a jelenséget a *Cerataphidini* törzsbe tartozó levéltetvek esetében sikerült igazolni és amelyek nem állnak közeli kapcsolatban a *Geopemphigus* fajhoz tartozó levéltetvekkel. A pálma levéltetű (*Cerataphis brasiliensis*) esetében egy extracelluláris gomba szimbiontát fedeztek fel, amely a levéltetvek testüregében él, szemben a *Buchnera* endoszimbiontával, amely a tetvek bakteriocitájában található meg (Nováková et al., 2013; Wegierek et al., 2017). Úgy a *Cerataphidini*, mint a *Geopemphigus* fajok a meleg éghajlathoz alkalmazkodtak. A *Buchnera* szimbiontáról pedig kimutatták, hogy érzékeny a magas hőmérsékletre, így valószínűleg ennek is köszönhető, hogy ezek a fajok hajlamosabbak arra, hogy olyan új szimbiontákkal alakítsanak ki szoros kapcsolatot, amelyek jobban tűrik a hőt (Chong and Moran, 2018).

A kutatásunk során az a tendencia volt megfigyelhető, hogy a konvencionálisan kezelt, kis költségráfordítású (kis méretű táblák, kertek) területekről származó mintáknál - amelyek a hidegebb régiókból kerültek ki- összeségében alacsonyabb baktériumdiverzitás volt a jellemző, valamint elsősorban az elsődleges szimbionta, a *Buchnera* dominált. A fakultatív szimbionták közül a *Serratia* és a *Wolbachia* volt többségben (19. Ábra, 6. Táblázat).

A gazdanövényre gyakorolt hatásokkal és a másodlagos szimbiontákkal kapcsolatban a borsó levéltetű (*A. pisum*) esetében kimutatták, hogy ha mesterséges fertőzés történik a *Hamiltonella defensa* fakultatív szimbiontával, a levéltetvek fitnesszére ez negatív hatással van,

amennyiben borsó vagy bükköny a gazdanövény, de nem tapasztaltak negatív hatást, amennyiben a gazdanövény lóbab volt. Ugyanebben a kutatásban megvizsgálták, hogy mi történik abban az esetben, ha nem megfertőzik, hanem mesterségesen eltávolítják a *Hamiltonella defensa*-t. Az eredmény a következőképpen alakult: a levéltetvek termékenysége átlagosan 20%-kal csökkent az összes vizsgált gazdanövény esetében. Ez az eredmény arra utalhat, hogy ez a szimbionta inkább “univerzális”, mintsem növényfaj specifikus (McLean et al., 2011).

Kutatásunk során a konvencionálisan művelt, nagy költségráfordítású területek kukoricatáblái esetében, ahol a kötelező gyomirtási feladatok mellett a domináns kezelési mód a műtrágyák használata volt (N, P, K) a magas bakteriális diverzitás (nem csak az endoszimbionták) pozitív korrelációt mutatott a műtrágyahasználat alkalmazásával. Különösen a nitrogénnek lehet pozitív hatása a levéltetvekre. Néhány kutatás rámutatott, hogy azok a levéltetvek, amelyek magasabb nitrogéntartalmú növényfajjal táplálkoztak nagyobb számban hordoztak fakultatív szimbiontákat, valamint a tetvek fejlődése is hamarabb végbement (Liu et al., 2016). A foszfor és a kálium hatása a levéltetvek biológiájára további vizsgálatokat igényel.

Hasonlóan, mint az obligát endoszimbionták esetében a fakultatív szimbionták esetében is kutatások igazolták hatásukat a termikus adaptációra vagy természetes ellenségek elleni védelemre vonatkozóan (Burke et al., 2010). A *Serratia* segíti a levéltetveket a hőstressz elleni védelemben, illetve potenciálisan a táplálkozásukra is hatással van. Kutatásunk során a *Serratia*-t elsősorban a nagy kiterjedésű területek mintáiból mutattuk ki. Ezek a területek az ország északnyugati részéről származtak, ahol magasabb hőmérséklet a jellemző. Néhány minta esetében azonban, amelyek a hidegebb régiókból származtak, szintén kimutatható volt a mintákból a baktérium jelenléte.

Az első tanulmány, amely szignifikáns korrelációt mutatott ki a különböző földrajzi régiókkal kapcsolatos baktériumdiverzitás és a földrajzi távolságok között, két oligofág levéltetű, a sárga cukornád levéltetű (*Melanaphis sacchari*), valamint a *Neophyllaphis podocarpus* szimbiontáinak a tanulmányozása során került leírásra. A magasság negatív korrelációt mutatott a szimbionták gazdagságával, ami egy érdekes eredmény, figyelembe véve, hogy a *Buchnera*, valamint néhány fakultatív szimbionta (pl. *Serratia*, *Regiella*) védi a levéltetveket a hőstressz hatásaitól, szabályozva az anyagcseréjüket (Xu et al., 2021).

A *Wolbachia* levéltetvekkel való kapcsolatát először (Gómez-Valero et al., 2004) mutatták ki a cédrus levéltetvekben (*Cinara cedri* Mimeur) és arról számoltak be, hogy ez a baktérium növelheti annak az esélyét, hogy szűznemzéssel szaporodjanak, illetve megakadályozza, hogy a fertőzött nőtények hím utódokat nemzenek, befolyásolva ezzel a szaporodásukat, illetve a nemek arányát a populációban. Az kutatás során kimutattuk, hogy a baktérium jelen volt mind a nagy kiterjedésű, több éves monokultúrában termesztett, mind pedig a közepes vagy kis méretű táblákról gyűjtött mintákban, ami arra enged következtetni, hogy a jelenlétük nem a termesztési módoktól vagy az éghajlattól függ, hanem ellenkezőleg, horizontális úton terjednek, egyik egyedről a másikra valószínűsíthetően egy természetes ellenség támadása során (pl. parazitoid darazsak által) (Gómez-Valero et al., 2004).

A *Hamiltonella defensa* jelenléte a levéltetvekben bizonyítottan védelmet nyújt a parazitoid darazsak ellen, azáltal, hogy gátolja a lárvák kifejlődését (Oliver et al., 2005). Kutatásunk során csak egyetlen minta esetében sikerült kimutatnunk a *Hamiltonella defensa* jelenlétét, egy a nagy kiterjedésű tábláról gyűjtött mintából.

Kutatásunkban a *Rickettsia* nemzetségbe tartozó baktériumokat a közepes méretű táblák mintáiban találtunk és amelyről a kutatások bizonyították, hogy jelenlétük hatására csökkenhet a kék lucerna levéltetvek (*Acyrtosiphon kondoi* Shinji) termékenysége és élettartama, tehát negatívan befolyásolhatja az életciklusukat (Chen et al., 2000). Más kutatásokban kimutatható, hogy a *Rickettsia* nemzetségbe tartozó baktériumok a patogén gombák ellen nyújtanak ellenállóságot (Ferrari et al., 2004).

Végül de nem utolsó sorban a kutatásunk során a *Spiroplasma* szimbiontát alacsony gyakorisággal ugyan, de a nagyüzemi kukoricások mintáiból, valamint a kiskertekből gyűjtött tetvek esetében mutattuk ki. Ez az eredmény arra utal, hogy jelenléte kevésbé vagy egyáltalán nem függ attól, hogy konvencionálisan művelt, vagy a természeteshez közeli, kis költségráfordítású területről származó populáció egyedei közül származik-e.

A kapott eredmények alapján elmondhatjuk - amit a diverzitási indexek is alátámasztanak, - hogy számos baktériumfaj alacsony gyakorisággal fordult elő a mintákban és csak néhány faj volt domináns a teljes baktériumközösségből. Összefoglalásképpen elmondható, hogy először sikerült kimutatnunk a zöld kukorica-levéltetvek esetében az

endoszimbionta baktériumok diverzitását különböző termesztési módok és kezelések mellett Románia különböző régióiból gyűjtött mintáiból. Emellett fontos megemlíteni, és egyben érdekes eredménynek tekinthető, hogy a diverzitásban mutatkozó eltérések nem teljes mértékben kapcsolódtak a különböző termesztési módok és kezelések rendszeréhez. Valójában az eredményeink tükrében csak az obligát szimbionta, a *Buchnera aphidicola*, valamint a fakultatív szimbionták közül a *Serratia* és a *Wolbachia* lehet közvetlen hatással a levéltetvek adaptációjára nézve az általunk vizsgált termesztési rendszerekben. Ennek tükrében további kutatásokra lesz szükség a jövőben.

Jövőbeli kutatások szükségesek a baktériumközösségek pontosabb feltárására, valamint faji szintű meghatározására, a kukorica levéltetvek esetében. Az elkövetkezendő években célunk tovább vizsgálni ezen másodlagos szimbionta baktériumok hatását a levéltetvek adaptációjára nézve, biotikus és abiotikus tényezőkkel szemben.

7. Összefoglalás

A kukorica (*Zea mays* L.) a perjevirágúak rendjébe (*Poales*), a perjefélék (*Poaceae*) családjába, valamint a kukorica (*Zea*) nemzetségbe tartozó növényünk. A világon az 1960-as évek óta a vetésterülete szinte megduplázódott, 106 millió hektárról 201 millió hektárra. Kutatásunk fókuszában az amerikai kontinensen, valamint mára már Európában is megjelent, valamint közvetlen és közvetett kártételével gazdasági kárt okozó zöld kukorica-levéltetű (*Rhopalosiphum maidis*), valamint a vele szimbiózisban élő obligát és fakultatív baktériumközösség vizsgálata áll.

Célul tűztük ki, hogy megvizsgáljuk ezen kártevő eltérő populációi mely endoszimbionta baktériumokkal élnek együtt eltérő régiók-, és termesztési körülmények között. Emellett választ kerestünk arra, hogy az obligát, valamint fakultatív szimbionták együttese eltérő gyakorisággal van-e jelen a populációkban eltérő termesztési és környezeti körülmények mellett. Végül de nem utolsó sorban pedig szerettünk volna megállapítani, hogy az adott szimbionta taxonok milyen korrelációt mutatnak az adott környezeti és kezelési eljárásokkal.

A terepi munkát két egymásutáni évben 2019, valamint 2020-ban végeztük Romániában, négy különböző régióban termesztett kukorica ültetvényben. Elsőként sikerült kimutatnunk a zöld kukorica-levéltetvek esetében az endoszimbionta baktériumok diverzitását különböző termesztési módok és kezelések mellett Románia különböző régióiból gyűjtött mintáiból.

Összesen 365 baktériumnemzetséget azonosítottunk, amelyek közül hat az endoszimbionta baktériumok csoportjába tartozik, és amelyek szoros kapcsolatban vannak vagy lehetnek a zöld-kukorica levéltetvekkel, biztosítva számukra bizonyos előnyöket.

A kielemezett minták alapján megállapítottuk, hogy minden esetben az elsődleges szimbionta baktériumfaj (*Buchnera aphidicola*) valamint az *Enterobacteriaceae* családba tartozó fakultatív szimbionták voltak a dominánsak.

A kutatásunk során az a tendencia volt megfigyelhető, hogy a konvencionálisan kezelt, kis költségráfordítású (kis méretű táblák, kertek) területekről származó mintáknál - amelyek a hidegebb régiókból kerültek ki- összeségében alacsonyabb baktériumdiverzitás volt a jellemző.

A konvencionálisan művelt, nagy költségráfordítású területek kukoricatáblái esetében, ahol a kötelező gyomirtási feladatok mellett a domináns kezelési mód a műtrágyák használata volt (N, P, K) a magas bakteriális diverzitás (nem csak az endoszimbionták) pozitív korrelációt mutatott a műtrágyahasználat alkalmazásával.

A jövőben szeretnénk folytatni ez irányú kutatásunkat a baktériumközösségek pontosabb feltárására, valamint faji szintű meghatározására, a kukorica levéltetvek esetében. Az elkövetkezendő években célunk tovább vizsgálni ezen másodlagos szimbionta baktériumok hatását a levéltetvek adaptációjára nézve, biotikus és abiotikus tényezőkkel szemben.

8. Summary

In this study, different maize fields cultivated under different management systems were sampled to test corn leaf aphid, *Rhopalosiphum maidis* populations in terms of total and endosymbiotic bacterial diversity.

Corn leaf aphid natural populations were collected from traditionally managed maize fields grown under high agricultural and natural landscape diversity as well as conventionally treated high-input agricultural fields grown in monoculture and with fertilizers use, hence with low natural landscape diversity.

Total bacterial community assessment by DNA sequencing was performed using the Illumina MiSeq platform. In total, 365 bacterial genera were identified, and six endosymbiont taxa. A high abundance of the primary endosymbiont *Buchnera* and secondary symbiont *Serratia* and *Wolbachia* were detected in all maize crops.

Their frequency was found to be correlated with the maize management system used, probably with fertilizer input. Three other facultative endosymbionts ("*Candidatus Hamiltonella*", an uncultured *Rickettsiales* genus and *Spiroplasma*) were also recorded at different frequencies, under the two management regimes.

Principal Components Analyses revealed that the relative contribution of the obligate and dominant symbiont *Buchnera* to the aphid endosymbiotic bacterial community was 72%, whereas for the managed system, this was only 16.3%. When facultative symbionts alone were considered, the effect of management system revealed a DNA diversity of 23.3%.

These findings strongly suggest that most of the endosymbionts harbored by corn-leaf aphids are less associated with management systems per se, but rather, are more related to special adaptations involving both abiotic and biotic factors, as we discuss.

9. Irodalomjegyzék

1. Ábrahám, R., Érsek, T., Kuroli, G., Németh, L., Reisinger, P., 2011. Növényvédelem. Mezőgazda Kiadó.
2. AFDC [WWW Document], 2020. URL https://afdc.energy.gov/fuels/ethanol_fuel_basics.html (accessed 7.27.22).
3. Alchetron [WWW Document], 2017. Alchetron.com. URL <https://alchetron.com/Rhopalosiphum-maidis> (accessed 1.31.23).
4. Alchetron, [WWW Document], 2023. Alchetron.com. URL [https://alchetron.com/Buchnera-\(bacterium\)](https://alchetron.com/Buchnera-(bacterium)) (accessed 1.30.23).
5. Anbutsu, H., Fukatsu, T., 2011. Spiroplasma as a model insect endosymbiont: Spiroplasma as a model endosymbiont. *Environmental Microbiology Reports* 3, 144–153. <https://doi.org/10.1111/j.1758-2229.2010.00240.x>
6. Andersen, S., 2000. Dyrkning Af Korn, in: *Landbrugsplanterne*, 2nd. Ed. DSR Forlaget Inc.: Frederiksberg, Denmark, pp. 106–144.
7. Angela, E. Douglas, 1994. *Symbiotic Interactions*. Oxford University Press, Oxford.
8. Angela, E. Douglas, 1989. Mycetocyte symbiosis in insects. *Biol. Rev.* 69, 409–434.
9. Apprill, A., McNally, S., Parsons, R., Weber, L., 2015. Minor revision to V4 region SSU rRNA 806R gene primer greatly increases detection of SAR11 bacterioplankton. *Aquat. Microb. Ecol.* 75, 129–137. <https://doi.org/10.3354/ame01753>
10. Augustinos, A.A., Santos-Garcia, D., Dionyssopoulou, E., Moreira, M., Papapanagiotou, A., Scarvelakis, M., Doudoumis, V., Ramos, S., Aguiar, A.F., Borges, P.A.V., Khadem, M., Latorre, A., Tsiamis, G., Bourtzis, K., 2011. Detection and Characterization of Wolbachia Infections in Natural Populations of Aphids: Is the Hidden Diversity Fully Unraveled? *PLoS ONE* 6, e28695. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0028695>
11. Bandi, C., Anderson, T.J.C., Genchi, C., Blaxter, M.L., 1998. Phylogeny of Wolbachia in filarial nematodes. *Proc. R. Soc. Lond. B* 265, 2407–2413. <https://doi.org/10.1098/rspb.1998.0591>
12. Benedek, K., Bálint, J., Máthé, I., Mara, G., Felföldi, T., Szabó, A., Fazakas, C., Albert, C., Buchkowski, R.W., Schmitz, O.J., Balog, A., 2019. Linking intraspecific variation in plant chemical defence with arthropod and soil bacterial community structure and N allocation. *Plant Soil* 444, 383–397. <https://doi.org/10.1007/s11104-019-04284-7>
13. Blackman, R.L., Eastop, V.F., 2000. *Aphids on the world's crops: an identification and information guide*, 2nd ed. ed. Wiley, Chichester, West Sussex, England ; New York.

14. Bordenstein, S.R., O'Hara, F.P., Werren, J.H., 2001. Wolbachia-induced incompatibility precedes other hybrid incompatibilities in *Nasonia*. *Nature* 409, 707–710. <https://doi.org/10.1038/35055543>
15. Braendle, C., Miura, T., Bickel, R., Shingleton, A.W., Kambhampati, S., Stern, D.L., 2003. Developmental Origin and Evolution of Bacteriocytes in the Aphid–*Buchnera* Symbiosis. *PLoS Biology* 1, e21. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.0000021>
16. Brown, C.T., Hug, L.A., Thomas, B.C., Sharon, I., Castelle, C.J., Singh, A., Wilkins, M.J., Wrighton, K.C., Williams, K.H., Banfield, J.F., 2015. Unusual biology across a group comprising more than 15% of domain Bacteria. *Nature* 523, 208–211. <https://doi.org/10.1038/nature14486>
17. Brown, P.A., Blackman, R.L., 1988. Karyotype variation in the corn leaf aphid, *Rhopalosiphum maidis* (Fitch), species complex (Hemiptera: Aphididae) in relation to host-plant and morphology. *Bull. Entomol. Res.* 78, 351–363. <https://doi.org/10.1017/S0007485300013110>
18. Burke, G., Fiehn, O., Moran, N., 2010. Effects of facultative symbionts and heat stress on the metabolome of pea aphids. *ISME J* 4, 242–252. <https://doi.org/10.1038/ismej.2009.114>
19. Cairns, J.E., Sonder, K., Zaidi, P.H., Verhulst, N., Mahuku, G., Babu, R., Nair, S.K., Das, B., Govaerts, B., Vinayan, M.T., Rashid, Z., Noor, J.J., Devi, P., San Vicente, F., Prasanna, B.M., 2012. Maize Production in a Changing Climate, in: *Advances in Agronomy*. Elsevier, pp. 1–58. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-394275-3.00006-7>
20. Carroll, C.R., Janzen, D.H., 1973. Ecology of Foraging by Ants. *Annu. Rev. Ecol. Syst.* 4, 231–257. <https://doi.org/10.1146/annurev.es.04.110173.001311>
21. Chen, D.Q., Campbell, B.C., Purcell, A.H., 1996. A new rickettsia from a herbivorous insect, the pea aphid *Acyrtosiphon pisum* (Harris). *Curr. Microbiol.* 33, 123–128.
22. Chen, D.-Q., Montllor, C.B., Purcell, A.H., 2000. Fitness effects of two facultative endosymbiotic bacteria on the pea aphid, *Acyrtosiphon pisum*, and the blue alfalfa aphid, *A. kondoi*. *Entomologia Experimentalis et Applicata* 95, 315–323. <https://doi.org/10.1046/j.1570-7458.2000.00670.x>
23. Chen, Purcell., 1997. Occurrence and transmission of facultative endosymbionts in aphids. *Curr. Microbiol* 34, 220–225.
24. Chen, W., Shakir, S., Bigham, M., Richter, A., Fei, Z., Jander, G., 2019. Genome sequence of the corn leaf aphid (*Rhopalosiphum maidis* Fitch). *GigaScience* 8, giz033. <https://doi.org/10.1093/gigascience/giz033>
25. Chevignon, G., Boyd, B.M., Brandt, J.W., Oliver, K.M., Strand, M.R., 2018. Culture-Facilitated Comparative Genomics of the Facultative Symbiont *Hamiltonella defensa*. *Genome Biology and Evolution* 10, 786–802. <https://doi.org/10.1093/gbe/evy036>

26. Chong, R.A., Moran, N.A., 2018. Evolutionary loss and replacement of *Buchnera*, the obligate endosymbiont of aphids. *ISME J* 12, 898–908. <https://doi.org/10.1038/s41396-017-0024-6>
27. Csorba, A.B., Bálint, J., Felföldi, T., Szabó, A., Fora, C.G., Máthé, I., Loxdale, H.D., Balog, A., Nyárádi, I.-I., 2021. Endosymbiotic bacterial diversity associated with corn leaf aphid, *Rhopalosiphum maidis* Fitch (Hemiptera: Aphididae) populations under different maize management systems - preliminary study. *North-Western Journal of Zoology* 17, 155–159.
28. Csorba, A.B., Fora, C.G., Bálint, J., Felföldi, T., Szabó, A., Máthé, I., Loxdale, H.D., Kentelky, E., Nyárádi, I.-I., Balog, A., 2022. Endosymbiotic Bacterial Diversity of Corn Leaf Aphid, *Rhopalosiphum maidis* Fitch (Hemiptera: Aphididae) Associated with Maize Management Systems. *Microorganisms* 10, 939. <https://doi.org/10.3390/microorganisms10050939>
29. Dahal, S.R., Lewellen, J.L., Chaudhary, B.P., Mohanty, S., 2020. ¹H, ¹³C, and ¹⁵N resonance assignment and secondary structure of the pheromone-binding protein2 from the agricultural pest *Ostrinia furnacalis* (OfurPBP2). *Biomol NMR Assign* 14, 115–118. <https://doi.org/10.1007/s12104-020-09930-1>
30. Darby, A.C., Birkle, L.M., Turner, S.L., Douglas, A.E., 2001. An aphid-borne bacterium allied to the secondary symbionts of whitefly. *FEMS Microbiology Ecology* 36, 43–50. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6941.2001.tb00824.x>
31. Darby, A.C., Tosh, C.R., Walters, K.F.A., Douglas, A.E., 2003. The significance of a facultative bacterium to natural populations of the pea aphid *Acyrtosiphon pisum*. *Ecol Entomol* 28, 145–150. <https://doi.org/10.1046/j.1365-2311.2003.00492.x>
32. Davis, M.J., Ying, Z., Brunner, B.R., Pantoja, A., Ferwerda, F.H., 1998. Rickettsial relative associated with papaya bunchy top disease. *Curr. Microbiol.* 36, 80–84.
33. De Groote, H., Kimenju, S.C., Munyua, B., Palmas, S., Kassie, M., Bruce, A., 2020. Spread and impact of fall armyworm (*Spodoptera frugiperda* J.E. Smith) in maize production areas of Kenya. *Agriculture, Ecosystems & Environment* 292, 106804. <https://doi.org/10.1016/j.agee.2019.106804>
34. de Lajudie, P.M., Andrews, M., Ardley, J., Eardly, B., Jumas-Bilak, E., Kuzmanović, N., Lassalle, F., Lindström, K., Mhamdi, R., Martínez-Romero, E., Moulin, L., Mousavi, S.A., Nesme, X., Peix, A., Puławska, J., Steenkamp, E., Stępkowski, T., Tian, C.-F., Vinuesa, P., Wei, G., Willems, A., Zilli, J., Young, P., 2019. Minimal standards for the description of new genera and species of rhizobia and agrobacteria. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 69, 1852–1863. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.003426>
35. Dimond, J., Carrington, E., 2008. Symbiosis regulation in a facultatively symbiotic temperate coral: zooxanthellae division and expulsion. *Coral Reefs* 27, 601–604. <https://doi.org/10.1007/s00338-008-0363-x>

36. Dixon, A.F.G., 1977. Aphid Ecology: Life Cycles, Polymorphism, and Population Regulation. *Annu. Rev. Ecol. Syst.* 8, 329–353. <https://doi.org/10.1146/annurev.es.08.110177.001553>
37. Dixon, A.F.G., Kundu, R., 2013. Trade-off between reproduction and length of adult life in males and mating females of aphids. *EJE* 94, 105–109.
38. Douglas, A.E., 2016. How multi-partner endosymbioses function. *Nat Rev Microbiol* 14, 731–743. <https://doi.org/10.1038/nrmicro.2016.151>
39. Drès, M., Mallet, J., 2002. Host races in plant-feeding insects and their importance in sympatric speciation. *Philos. Trans. R. Soc. Lond., B, Biol. Sci.* 357, 471–492. <https://doi.org/10.1098/rstb.2002.1059>
40. Duron, O., Bouchon, D., Boutin, S., Bellamy, L., Zhou, L., Engelstädter, J., Hurst, G.D., 2008. The diversity of reproductive parasites among arthropods: *Wolbachia* do not walk alone. *BMC Biol* 6, 27. <https://doi.org/10.1186/1741-7007-6-27>
41. FAOStat [WWW Document], 2022. URL <https://www.fao.org/faostat/en/#compare> (accessed 7.26.22).
42. Ferrari, J., Darby, A.C., Daniell, T.J., Godfray, H.C.J., Douglas, A.E., 2004. Linking the bacterial community in pea aphids with host-plant use and natural enemy resistance. *Ecological Entomology* 29, 60–65. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2311.2004.00574.x>
43. Ferrari, J., Godfray, H.C.J., Faulconbridge, A.S., Prior, K., Via, S., 2006. Population differentiation and genetic variation in host choice among pea aphids from eight host plant genera. *Evolution* 60, 1574–1584.
44. Ferrari, J., Via, S., Godfray, H.C.J., 2008. Population differentiation and genetic variation in performance on eight hosts in the pea aphid complex. *Evolution* 62, 2508–2524. <https://doi.org/10.1111/j.1558-5646.2008.00468.x>
45. Fukatsu, T., 2001. Secondary intracellular symbiotic bacteria in aphids of the genus *Yamatocallis* (Homoptera: Aphididae: Drepanosiphinae). *Appl. Environ. Microbiol.* 67, 5315–5320. <https://doi.org/10.1128/AEM.67.11.5315-5320.2001>
46. Garrity, G., 2005. *Bergey's Manual of Systematic Bacteriology: Volume 2: The Proteobacteria* (2nd ed.). Springer US.
47. Gehrler, L., Vorburger, C., 2012. Parasitoids as vectors of facultative bacterial endosymbionts in aphids. *Biol. Lett.* 8, 613–615. <https://doi.org/10.1098/rsbl.2012.0144>
48. Gómez-Valero, L., Soriano-Navarro, M., Pérez-Brocal, V., Heddi, A., Moya, A., García-Verdugo, J.M., Latorre, A., 2004. Coexistence of *Wolbachia* with *Buchnera aphidicola* and a Secondary Symbiont in the Aphid *Cinara cedri*. *JB* 186, 6626–6633. <https://doi.org/10.1128/JB.186.19.6626-6633.2004>

49. Google Earth [WWW Document], 2023. URL <https://earth.google.com/web/@45.68146975,21.20965821,88.15218623a,6114.94158899d,35y,0h,0t,0r> (accessed 2.18.23).
50. Google Maps [WWW Document], 2022. . Google Maps. URL <https://www.google.com/maps/place/Rom%C3%A1nia/@45.9237765,22.7769816,7z/data=!3m1!4b1!4m5!3m4!1s0x40b1ff26958976c3:0x84ef4f92a804b194!8m2!3d45.943161!4d24.96676> (accessed 11.2.22).
51. Grigorescu, A.S., Renoz, F., Sabri, A., Foray, V., Hance, T., Thonart, P., 2018. Accessing the Hidden Microbial Diversity of Aphids: an Illustration of How Culture-Dependent Methods Can Be Used to Decipher the Insect Microbiota. *Microb Ecol* 75, 1035–1048. <https://doi.org/10.1007/s00248-017-1092-x>
52. Guay, J.-F., Boudreault, S., Michaud, D., Cloutier, C., 2009. Impact of environmental stress on aphid clonal resistance to parasitoids: Role of *Hamiltonella defensa* bacterial symbiosis in association with a new facultative symbiont of the pea aphid. *Journal of Insect Physiology* 55, 919–926. <https://doi.org/10.1016/j.jinsphys.2009.06.006>
53. Haack, F.S., Poehlein, A., Kröger, C., Voigt, C.A., Piepenbring, M., Bode, H.B., Daniel, R., Schäfer, W., Streit, W.R., 2016. Molecular Keys to the *Janthinobacterium* and *Duganella* spp. Interaction with the Plant Pathogen *Fusarium graminearum*. *Front. Microbiol.* 7. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2016.01668>
54. Hammer, O., Harper, D.A.T., Ryan, P.D., 2001. PAST: Paleontological Statistics Software Package for Education and Data Analysis 1–9.
55. Henry, L.M., Maiden, M.C.J., Ferrari, J., Godfray, H.C.J., 2015. Insect life history and the evolution of bacterial mutualism. *Ecol Lett* 18, 516–525. <https://doi.org/10.1111/ele.12425>
56. Henry, L.M., Peccoud, J., Simon, J.-C., Hadfield, J.D., Maiden, M.J.C., Ferrari, J., Godfray, H.C.J., 2013. Horizontally Transmitted Symbionts and Host Colonization of Ecological Niches. *Current Biology* 23, 1713–1717. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2013.07.029>
57. Honek, A., 2013. The effect of plant quality on the abundance of *Metopolophium dirhodum* (Homoptera: Aphididae) on maize. *EJE* 91, 227–236.
58. Itioka, T., Inoue, T., 1996. The Role of Predators and Attendant Ants in the Regulation and Persistence of a Population of the Citrus Mealybug *Pseudococcus citriculus* in a Satsuma Orange Orchard. *Appl. entomol. Zool* 31, 195–202. <https://doi.org/10.1303/aez.31.195>
59. James, E.K., Olivares, F.L., 1998. Infection and Colonization of Sugar Cane and Other Gramineaceous Plants by Endophytic Diazotrophs. *Critical Reviews in Plant Sciences* 17, 77–119. <https://doi.org/10.1080/07352689891304195>

60. Jones, A.D., Yosef, S., 2015. The Implications of a Changing Climate on Global Nutrition Security, in: Sahn, D.E. (Ed.), *The Fight Against Hunger and Malnutrition*. Oxford University Press, pp. 432–466. <https://doi.org/10.1093/acprof:oso/9780198733201.003.0020>
61. Khan, S.T., Horiba, Y., Yamamoto, M., Hiraishi, A., 2002. Members of the Family Comamonadaceae as Primary Poly(3-Hydroxybutyrate-co-3-Hydroxyvalerate)-Degrading Denitrifiers in Activated Sludge as Revealed by a Polyphasic Approach. *Appl Environ Microbiol* 68, 3206–3214. <https://doi.org/10.1128/AEM.68.7.3206-3214.2002>
62. Kikuchi, Y., 2009. Endosymbiotic Bacteria in Insects: Their Diversity and Culturability. *Microbes and Environments* 24, 195–204. <https://doi.org/10.1264/jsme2.ME09140S>
63. Kikuchi, Y., Sameshima, S., Kitade, O., Kojima, J., Fukatsu, T., 2002. Novel clade of Rickettsia spp. from leeches. *Appl. Environ. Microbiol.* 68, 999–1004.
64. Kiss, I., 2000. A kukorica termesztéstechnológiájának áttekintése. *Agrofórum* 11, 2–9.
65. Koga, R., Tsuchida, T., Fukatsu, T., 2003. Changing partners in an obligate symbiosis: a facultative endosymbiont can compensate for loss of the essential endosymbiont Buchnera in an aphid. *Proc. Biol. Sci.* 270, 2543–2550. <https://doi.org/10.1098/rspb.2003.2537>
66. Kondo, N., Shimada, M., Fukatsu, T., 1999. High Prevalence of Wolbachia in the Azuki Bean Beetle *Callosobruchus chinensis* (Coleoptera, Bruchidae). *Zoological Science* 16, 955–962. <https://doi.org/10.2108/zsj.16.955>
67. Kozich, J.J., Westcott, S.L., Baxter, N.T., Highlander, S.K., Schloss, P.D., 2013. Development of a dual-index sequencing strategy and curation pipeline for analyzing amplicon sequence data on the MiSeq Illumina sequencing platform. *Appl. Environ. Microbiol.* 79, 5112–5120. <https://doi.org/10.1128/AEM.01043-13>
68. Kumar, M., Charishma, K., Sahu, K.P., Sheoran, N., Patel, A., Kundu, A., Kumar, A., 2021. Rice leaf associated Chryseobacterium species: An untapped antagonistic flavobacterium displays volatile mediated suppression of rice blast disease. *Biological Control* 161, 104703. <https://doi.org/10.1016/j.biocontrol.2021.104703>
69. Leonardo, T.E., Mondor, E.B., 2006. Symbiont modifies host life-history traits that affect gene flow. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences* 273, 1079–1084. <https://doi.org/10.1098/rspb.2005.3408>
70. Liu, Y.-H., Kang, Z.-W., Guo, Y., Zhu, G.-S., Rahman Shah, M.M., Song, Y., Fan, Y.-L., Jing, X., Liu, T.-X., 2016. Nitrogen hurdle of host alternation for a polyphagous aphid and the associated changes of endosymbionts. *Sci Rep* 6, 24781. <https://doi.org/10.1038/srep24781>
71. Login, F.H., Balmand, S., Vallier, A., Vincent-Monegat, C., Vigneron, A., Weiss-Gayet, M., Rochat, D., Heddi, A., 2011. Antimicrobial Peptides Keep Insect Endosymbionts Under Control. *Science* 334, 362–365. <https://doi.org/10.1126/science.1209728>

72. Login, F.H., Heddi, A., 2013. Insect immune system maintains long-term resident bacteria through a local response. *Journal of Insect Physiology* 59, 232–239. <https://doi.org/10.1016/j.jinsphys.2012.06.015>
73. Loxdale, H.D., Balog, A., 2018. Aphid specialism as an example of ecological-evolutionary divergence: Aphid specialism. *Biol Rev* 93, 642–657. <https://doi.org/10.1111/brv.12361>
74. Loxdale, H.D., Balog, A., Biron, D.G., 2020. Aphids in focus: unravelling their complex ecology and evolution using genetic and molecular approaches. *Biological Journal of the Linnean Society* 129, 507–531. <https://doi.org/10.1093/biolinnean/blz194>
75. Łukasik, P., van Asch, M., Guo, H., Ferrari, J., Charles J. Godfray, H., 2013. Unrelated facultative endosymbionts protect aphids against a fungal pathogen. *Ecol Lett* 16, 214–218. <https://doi.org/10.1111/ele.12031>
76. McLean, A.H.C., van Asch, M., Ferrari, J., Godfray, H.C.J., 2011. Effects of bacterial secondary symbionts on host plant use in pea aphids. *Proc. Biol. Sci.* 278, 760–766. <https://doi.org/10.1098/rspb.2010.1654>
77. Mekonnen, M.M., Gerbens-Leenes, W., 2020. The Water Footprint of Global Food Production. *Water* 12, 2696. <https://doi.org/10.3390/w12102696>
78. Messina, F.J., 1985. *Insects on Plants: Community Patterns and Mechanisms*. D. R. Strong, J. H. Lawton, Richard South-wood. *The Quarterly Review of Biology* 60, 239–239. <https://doi.org/10.1086/414391>
79. Minks, A.K., Harrewijn, P., 1987. *Aphids: their biology, natural enemies, and control*. Elsevier, Amsterdam; New York.
80. Mitra, M., Nguyen, K.M.-A.-K., Box, T.W., Gilpin, J.S., Hamby, S.R., Berry, T.L., Duckett, E.H., 2020. Isolation and characterization of a novel *Sphingobium yanoikuyae* strain variant that uses biohazardous saturated hydrocarbons and aromatic compounds as sole carbon sources. *F1000Res* 9, 767. <https://doi.org/10.12688/f1000research.25284.1>
81. Montllor, C.B., Maxmen, A., Purcell, A.H., 2002. Facultative bacterial endosymbionts benefit pea aphids *Acyrtosiphon pisum* under heat stress. *Ecol Entomol* 27, 189–195. <https://doi.org/10.1046/j.1365-2311.2002.00393.x>
82. Moran, N.A., Bennett, G.M., 2014. The Tiniest Tiny Genomes. *Annu. Rev. Microbiol.* 68, 195–215. <https://doi.org/10.1146/annurev-micro-091213-112901>
83. Moran, N.A., Telang, A., 1998. Bacteriocyte-Associated Symbionts of Insects. *BioScience* 48, 295–304. <https://doi.org/10.2307/1313356>
84. Morris, M., Hill, A., 2006. *Ethanol Opportunities and Questions*. ATTRA–National Sustainable Agriculture Information Service, Fayetteville, Arkansas.

85. Mueller, D.S., Wise, K.A., Sisson, A.J., Allen, T.W., Bergstrom, G.C., Bissonnette, K.M., Bradley, C.A., Byamukama, E., Chilvers, M.I., Collins, A.A., Esker, P.D., Faske, T.R., Friskop, A.J., Hagan, A.K., Heiniger, R.W., Hollier, C.A., Isakeit, T., Jackson-Ziems, T.A., Jardine, D.J., Kelly, H.M., Kleczewski, N.M., Koehler, A.M., Koenning, S.R., Malvick, D.K., Mehl, H.L., Meyer, R.F., Paul, P.A., Peltier, A.J., Price, P.P., Robertson, A.E., Roth, G.W., Sikora, E.J., Smith, D.L., Tande, C.A., Telenko, D.E.P., Tenuta, A.U., Thiessen, L.D., Wiebold, W.J., 2020. Corn Yield Loss Estimates Due to Diseases in the United States and Ontario, Canada, from 2016 to 2019. *Plant Health Progress* 21, 238–247. <https://doi.org/10.1094/PHP-05-20-0038-RS>
86. Müller, C.B., Godfray, H.C.J., 1999. Predators and mutualists influence the exclusion of aphid species from natural communities. *Oecologia* 119, 120–125. <https://doi.org/10.1007/s004420050767>
87. Nováková, E., Hypša, V., Klein, J., Footitt, R.G., von Dohlen, C.D., Moran, N.A., 2013. Reconstructing the phylogeny of aphids (Hemiptera: Aphididae) using DNA of the obligate symbiont *Buchnera aphidicola*. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 68, 42–54. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2013.03.016>
88. Novoseltsev, V.N., Novoseltseva, J.A., Yashin, A.I., 2003. What does a fly's individual fecundity pattern look like? The dynamics of resource allocation in reproduction and ageing. *Mechanisms of Ageing and Development* 124, 605–617. [https://doi.org/10.1016/S0047-6374\(03\)00061-7](https://doi.org/10.1016/S0047-6374(03)00061-7)
89. Oliver, K.M., Degnan, P.H., Burke, G.R., Moran, N.A., 2010. Facultative Symbionts in Aphids and the Horizontal Transfer of Ecologically Important Traits. *Annual Review of Entomology* 55, 247–266. <https://doi.org/10.1146/annurev-ento-112408-085305>
90. Oliver, K.M., Moran, N.A., Hunter, M.S., 2005. Variation in resistance to parasitism in aphids is due to symbionts not host genotype. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 102, 12795–12800. <https://doi.org/10.1073/pnas.0506131102>
91. Oliver, K.M., Russell, J.A., Moran, N.A., Hunter, M.S., 2003. Facultative bacterial symbionts in aphids confer resistance to parasitic wasps. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 100, 1803–1807. <https://doi.org/10.1073/pnas.0335320100>
92. O'Neill, S.L., Hoffmann, A., Werren, J., 1997. *Influential Passengers: Inherited Microorganisms and Arthropod Reproduction*. Oxford University Press.
93. Paredes, J.C., Herren, J.K., Schüpfer, F., Lemaitre, B., 2016. The Role of Lipid Competition for Endosymbiont-Mediated Protection against Parasitoid Wasps in *Drosophila*. *mBio* 7, e01006-16. <https://doi.org/10.1128/mBio.01006-16>
94. Paul, B., Chi-Yung Lai, Dadbeh Rouhbakhsh, Nancy A. Moran, Marta A. Clark, 1995. Genetics, physiology and evolutionary relationships of the genus *Buchnera*: intracellular symbionts of aphids. *Annu. Rev. Microbiol.* 49, 55–94.

95. Piperno, D.R., Flannery, K.V., 2001. The earliest archaeological maize (*Zea mays* L.) from highland Mexico: New accelerator mass spectrometry dates and their implications. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 98, 2101–2103. <https://doi.org/10.1073/pnas.98.4.2101>
96. Popescu, A., 2018. Maize and wheat - top agricultural products produced, exported and imported by Romania. *Scientific Papers. Series “Management, Economic Engineering in Agriculture and rural development”* 18, 14.
97. Porter, J.R., Challinor, A.J., Henriksen, C.B., Howden, S.M., Martre, P., Smith, P., 2019. Invited review: Intergovernmental Panel on Climate Change, agriculture, and food—A case of shifting cultivation and history. *Global Change Biology* 25, 2518–2529. <https://doi.org/10.1111/gcb.14700>
98. Quast, C., Pruesse, E., Yilmaz, P., Gerken, J., Schweer, T., Yarza, P., Peplies, J., Glöckner, F.O., 2013. The SILVA ribosomal RNA gene database project: improved data processing and web-based tools. *Nucleic Acids Res* 41, D590–D596. <https://doi.org/10.1093/nar/gks1219>
99. Ramsden, S., Cheung, Y.Y., Seroude, L., 2008. Functional analysis of the *Drosophila* immune response during aging. *Aging Cell* 7, 225–236. <https://doi.org/10.1111/j.1474-9726.2008.00370.x>
100. Ravi, S., Sevugapperumal, N., Nallusamy, S., Shanmugam, H., Mathiyazhagan, K., Rangasamy, A., Akkanna Subbiah, K., Varagur Ganesan, M., 2022. Differential bacterial endophytome in *Foc* -resistant banana cultivar displays enhanced antagonistic activity against *Fusarium oxysporum* f.sp. *cubense* (*Foc*). *Environmental Microbiology* 24, 2701–2715. <https://doi.org/10.1111/1462-2920.15800>
101. Reinhold-Hurek, B., Hurek, T., 1998. Life in grasses: diazotrophic endophytes. *Trends in Microbiology* 6, 139–144. [https://doi.org/10.1016/S0966-842X\(98\)01229-3](https://doi.org/10.1016/S0966-842X(98)01229-3)
102. Roux, V., Raoult, D., 1995. Phylogenetic analysis of the genus *Rickettsia* by 16S rDNA sequencing. *Res. Microbiol.* 146, 385–396.
103. Russell, J.A., Moran, N.A., 2006. Costs and benefits of symbiont infection in aphids: variation among symbionts and across temperatures. *Proc. R. Soc. B* 273, 603–610. <https://doi.org/10.1098/rspb.2005.3348>
104. Sandström, J.P., Russell, J.A., White, J.P., Moran, N.A., 2001. Independent origins and horizontal transfer of bacterial symbionts of aphids. *Mol. Ecol.* 10, 217–228.
105. Sandstrom, J.P., Russell, J.A., White, J.P., Moran, N.A., 2001. Independent origins and horizontal transfer of bacterial symbionts of aphids. *Mol Ecol* 10, 217–228. <https://doi.org/10.1046/j.1365-294X.2001.01189.x>
106. Scarborough, C.L., Ferrari, J., Godfray, H.C.J., 2005. Aphid protected from pathogen by endosymbiont. *Science* 310, 1781. <https://doi.org/10.1126/science.1120180>

107. Schloss, P.D., Westcott, S.L., Ryabin, T., Hall, J.R., Hartmann, M., Hollister, E.B., Lesniewski, R.A., Oakley, B.B., Parks, D.H., Robinson, C.J., Sahl, J.W., Stres, B., Thallinger, G.G., Van Horn, D.J., Weber, C.F., 2009. Introducing mothur: open-source, platform-independent, community-supported software for describing and comparing microbial communities. *Appl. Environ. Microbiol.* 75, 7537–7541. <https://doi.org/10.1128/AEM.01541-09>
108. Schluter, D., 2000. *The Ecology of Adaptive Radiation*. Oxford University Press, Oxford.
109. Scott F., G., 2011. Symbionts As An Epigenetic Source Of Heritable Variation, in: *Symbionts As An Epigenetic Source Of Heritable Variation*. MIT Press, pp. 283–293.
110. Serna-Saldivar, S.O., 2019. *Corn: chemistry and technology*, 3rd edition. ed. Woodhead publ, Duxford.
111. Shigenobu, S., Watanabe, H., Hattori, M., Sakaki, Y., Ishikawa, H., 2000. Genome sequence of the endocellular bacterial symbiont of aphids *Buchnera* sp. *APS. Nature* 407, 81–86. <https://doi.org/10.1038/35024074>
112. Smith, B.D., 2001. Documenting plant domestication: The consilience of biological and archaeological approaches. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 98, 1324–1326. <https://doi.org/10.1073/pnas.98.4.1324>
113. Sprent, J.I., 2008. 60Ma of legume nodulation. What’s new? What’s changing? *Journal of Experimental Botany* 59, 1081–1084. <https://doi.org/10.1093/jxb/erm286>
114. Stoica Dinca, C., Dumitru Ion, I.M., Bratoveanu, D.B., Stanciu, S., 2020. Aspects Regarding Maize Crops in the Southeast Region of Romania. *EAI* 26, 122–128. <https://doi.org/10.35219/eai15840409115>
115. Taylor, M.J., Hoerauf, A., 1999. *Wolbachia Bacteria of Filarial Nematodes*. *Parasitology Today* 15, 437–442. [https://doi.org/10.1016/S0169-4758\(99\)01533-1](https://doi.org/10.1016/S0169-4758(99)01533-1)
116. Taylor, Woiwod, Taylor, 1979. The Migratory Ambit of the Hop Aphid and its Significance in Aphid Population Dynamics. *The Journal of Animal Ecology* 48, 955. <https://doi.org/10.2307/4207>
117. Thompson, J.N., 1988. Variation in Interspecific Interactions. *Annu. Rev. Ecol. Syst.* 19, 65–87. <https://doi.org/10.1146/annurev.es.19.110188.000433>
118. Tindall, B.J., Rosselló-Móra, R., Busse, H.-J., Ludwig, W., Kämpfer, P., 2010. Notes on the characterization of prokaryote strains for taxonomic purposes. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 60, 249–266. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.016949-0>
119. Tóth, J., 2014. 2. Alrend: Sternorrhyncha-Növénytetvek, in: *Erdészeti Rovartan. Agroinform Kiadó*, pp. 150–187.

120. Tsuchida, T., Koga, R., Horikawa, M., Tsunoda, T., Maoka, T., Matsumoto, S., Simon, J.-C., Fukatsu, T., 2010. Symbiotic Bacterium Modifies Aphid Body Color. *Science* 330, 1102–1104. <https://doi.org/10.1126/science.1195463>
121. Tsuchida, T., Koga, R., Shibao, H., Matsumoto, T., Fukatsu, T., 2002. Diversity and geographic distribution of secondary endosymbiotic bacteria in natural populations of the pea aphid, *Acyrtosiphon pisum*. *Mol. Ecol.* 11, 2123–2135.
122. Van Emden, H.F., Harrington, R., 2007. *Aphids as crop pests*. CABI, Wallingford.
123. Vavre, F., Fleury, F., Lepetit, D., Fouillet, P., Bouletreau, M., 1999. Phylogenetic evidence for horizontal transmission of *Wolbachia* in host-parasitoid associations. *Molecular Biology and Evolution* 16, 1711–1723. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a026084>
124. Via, S., 1991. The genetic structure of host plant adaptation in a spatial patchwork: demographic variability among reciprocally transplanted pea aphid clones. *Evolution* 45, 827–852. <https://doi.org/10.1111/j.1558-5646.1991.tb04353.x>
125. Vogler, A.J., Birdsell, D., Wagner, D.M., Keim, P., 2009. An optimized, multiplexed multi-locus variable-number tandem repeat analysis system for genotyping *Francisella tularensis*. *Letters in Applied Microbiology* 48, 140–144. <https://doi.org/10.1111/j.1472-765X.2008.02484.x>
126. Vollbrecht, E., Sigmon, B., 2005. Amazing grass: developmental genetics of maize domestication. *Biochem. Soc. Trans* 33, 1502. <https://doi.org/10.1042/BST20051502>
127. von der Schulenburg, J.H., Habig, M., Sloggett, J.J., Webberley, K.M., Bertrand, D., Hurst, G.D., Majerus, M.E., 2001. Incidence of male-killing *Rickettsia* spp. (alpha-proteobacteria) in the ten-spot ladybird beetle *Adalia decempunctata* L. (Coleoptera: Coccinellidae). *Appl. Environ. Microbiol.* 67, 270–277. <https://doi.org/10.1128/AEM.67.1.270-277.2001>
128. Vorburger, C., Ganesanandamoorthy, P., Kwiatkowski, M., 2013. Comparing constitutive and induced costs of symbiont-conferred resistance to parasitoids in aphids. *Ecol Evol* 3, 706–713. <https://doi.org/10.1002/ece3.491>
129. Vorburger, C., Gouskov, A., 2011. Only helpful when required: a longevity cost of harbouring defensive symbionts: Defensive symbionts reduce host longevity. *Journal of Evolutionary Biology* 24, 1611–1617. <https://doi.org/10.1111/j.1420-9101.2011.02292.x>
130. Wegierek, P., Michalik, A., Wieczorek, K., Kanturski, M., Kobiałka, M., Śliwa, K., Szklarzewicz, T., 2017. *Buchnera aphidicola* of the birch blister aphid, *Hamamelistes betulinus* (Horváth, 1896) (Insecta, Hemiptera, Aphididae: Hormaphidinae): molecular characterization, transmission between generations and its geographic significance. *Acta Zool* 98, 412–421. <https://doi.org/10.1111/azo.12186>

131. Weinert, L.A., Araujo-Jnr, E.V., Ahmed, M.Z., Welch, J.J., 2015. The incidence of bacterial endosymbionts in terrestrial arthropods. *Proc. R. Soc. B.* 282, 20150249. <https://doi.org/10.1098/rspb.2015.0249>
132. Willett, W., Rockström, J., Loken, B., Springmann, M., Lang, T., Vermeulen, S., Garnett, T., Tilman, D., DeClerck, F., Wood, A., Jonell, M., Clark, M., Gordon, L.J., Fanzo, J., Hawkes, C., Zurayk, R., Rivera, J.A., De Vries, W., Majele Sibanda, L., Afshin, A., Chaudhary, A., Herrero, M., Agustina, R., Branca, F., Lartey, A., Fan, S., Crona, B., Fox, E., Bignet, V., Troell, M., Lindahl, T., Singh, S., Cornell, S.E., Srinath Reddy, K., Narain, S., Nishtar, S., Murray, C.J.L., 2019. Food in the Anthropocene: the EAT–Lancet Commission on healthy diets from sustainable food systems. *The Lancet* 393, 447–492. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(18\)31788-4](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(18)31788-4)
133. Xie, J., Vilchez, I., Mateos, M., 2010. Spiroplasma Bacteria Enhance Survival of *Drosophila hydei* Attacked by the Parasitic Wasp *Leptopilina heterotoma*. *PLoS ONE* 5, e12149. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0012149>
134. Xu, S., Chen, J., Qin, M., Jiang, L., Qiao, G., 2021. Geography-dependent symbiont communities in two oligophagous aphid species. *FEMS Microbiology Ecology* 97, fiab132. <https://doi.org/10.1093/femsec/fiab132>
135. Yao, I., Shibao, H., Akimoto, S., 2000. Costs and benefits of ant attendance to the drepanosiphid aphid *Tuberculatus quercicola*. *Oikos* 89, 3–10. <https://doi.org/10.1034/j.1600-0706.2000.890101.x>
136. Zhang, B., Leonard, S.P., Li, Y., Moran, N.A., 2019. Obligate bacterial endosymbionts limit thermal tolerance of insect host species. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 116, 24712–24718. <https://doi.org/10.1073/pnas.1915307116>
137. Zhou, X., Ling, X., Guo, H., Zhu-Salzman, K., Ge, F., Sun, Y., 2021. *Serratia symbiotica* Enhances Fatty Acid Metabolism of Pea Aphid to Promote Host Development. *IJMS* 22, 5951. <https://doi.org/10.3390/ijms22115951>

10. Köszönetnyilvánítás

Jelen disszertáció nem valósulhatott volna meg a barátok, ismerősök, munkatársak és a családom támogatása és segítsége nélkül és amelyet ezúton is szeretnék külön-külön megköszönni.

Elsősorban külön köszönettel és hálával tartozom **Prof. Dr. Balog Adalbert** egyetemi tanárnak, témavezetőmnek, aki a doktori disszertációm témájának kiválasztásában, kivitelezésben nyújtott szakmai segítséget. Hálával tartozom emellett **Prof. dr. Bálint János** egyetemi tanáromnak, kollégámnak, akire az egyetemi éveim alatt, valamint jelen pillanatban is bármikor számíthatok. A belém vetett önzetlen bizalmuk és iránymutatásuk nélkül jelen dolgozat nem készülhetett volna el.

Köszönettel tartozom kollégámnak, **drd. Putnoky-Csicsó Barnának**, valamint **Költő Norbertnek** és **Szabó Tasnak**, akik a terepezések során, illetve a levéltetvek gyűjtésében nyújtottak önzetlen segítséget minden alkalommal.

Köszönet illeti **dr. Felföldi Tamást** és **dr. Szabó Attilát**, akik az adatok genetikai elemzésének az előkészítésében nyújtottak segítséget.

Köszönetemet szeretném kifejezni **dr. Ciprian George Fora**-nak a bánáti gyűjtésekben nyújtott segítségért.

Köszönettel és hálával tartozom **dr. Hugh D. Loxdale** professzor úrnak az adatok genetikai elemzése során nyújtott segítségért.

Végül, de nem utolsó sorban szeretném megköszönni a családom támogatását, akik az egyetemi évek után is mindig mellettem voltak és igyekeztek mindenben támogatni céljaim elérése érdekében.

Disszertációm szerett nagypám, **Csorba Károly** tanító, pedagógus emlékére ajánlom.

11. Publikációs lista

11.1 MTMT közlemény és idéző összefoglaló táblázat

MTMT közlemény és idéző összefoglaló táblázat				
Csorba Artúr Botond adatai (2023.03.10)				
Közlemény típusok	Száma		Hivatkozások ¹	
	Összes	Részletezve	Független	Összes
Tudományos közlemények				
I. Tudományos folyóiratcikk	<u>6</u>	---	---	---
külföldi kiadású szakfolyóiratban idegen nyelven	---	<u>6</u>	<u>1</u>	<u>3</u>
külföldi kiadású szakfolyóiratban magyar nyelven	---	0	0	0
hazai kiadású szakfolyóiratban idegen nyelven	---	0	0	0
hazai kiadású szakfolyóiratban magyar nyelven	---	0	0	0
II. Könyvek	0	---	---	---
a) Könyv, szerzőként	0	---	---	---
idegen nyelvű	---	0	0	0
magyar nyelvű	---	0	0	0
b) Könyv, szerkesztőként²	0	---	---	---
idegen nyelvű	---	0	---	---
magyar nyelvű	---	0	---	---
III. Könyvrészlet	0	---	---	---
idegen nyelvű	---	0	0	0
magyar nyelvű	---	0	0	0
IV. Konferenciaközlemény folyóiratban vagy konferenciakötetben	0	---	---	---
idegen nyelvű	---	0	0	0
magyar nyelvű	---	0	0	0
Közlemények összesen (I.-IV.)	<u>6</u>	---	<u>1</u>	<u>3</u>
Absztrakt³	<u>1</u>	---	0	0
Kutatási adat	0		0	0
További tudományos művek⁴	<u>6</u>	---	0	0
Összes tudományos közlemény	<u>13</u>	---	<u>1</u>	<u>3</u>
Hirsch index⁵	<u>1</u>	---	---	---
Oktatási művek	0	---	---	---
Felsőoktatási művek	0	---	---	---

Felsőoktatási tankönyv idegen nyelvű	---	0	0	0
Felsőoktatási tankönyv magyar nyelvű	---	0	0	0
Felsőoktatási tankönyv része idegen nyelven	---	0	0	0
Felsőoktatási tankönyv része magyar nyelven	---	0	0	0
Oktatási anyag	0	---	0	0
Oltalmi formák	0	---	0	0
Alkotás	0	---	0	0
Ismeretterjesztő művek	0	---	---	---
Folyóiratcikk		0	0	0
Könyvek	---	0	0	0
További ismeretterjesztő művek	---	0	0	0
Közérdekű vagy nem besorolt művek⁶	0	---	0	0
További közlemények⁷	0	---	0	0
Egyéb szerzőség⁸	0	---	0	0
Idézők szerkesztett művekre	---	---	0	0
Idézők disszertációban, egyéb típusban	---	---	0	0
Összes közlemény és összes idézők	<u>13</u>	---	<u>1</u>	<u>3</u>
Megjegyzések				
A táblázat számai hivatkozások is. A számra kattintva a program listázza azokat a műveket, amelyeket a cellában összeszámlált.				
--- : Nem kitölthető cella				
¹ A hivatkozások a disszertáció és egyéb típusú idézők nélkül számolva. A disszertáció és egyéb típusú idézők összesítve a táblázat végén található.				
² Szerkesztőként nem részesedik a könyv idézéséből				
³ Csak a tudományos jellegű absztraktok.				
⁴ Minden további még el nem számolt tudományos mű (kivéve alkotás vagy oltalmi forma), ahol a szerző: szerző, szerkesztő, kritikai vagy forráskiadás készítője szerzőségű.				
⁵ A disszertációk és egyéb típusú idézők nélkül számolva. A sor értéke az "Összes tudományos közlemény" sor idézettségi adatait veszi alapul.				
⁶ Minden Közérdekű, Nem besorolt jellegű közlemény, ahol a szerző nem egyéb szerzőségű szerző.				
⁷ Ide értve minden olyan művet, mely a táblázat más, nevesített soraiban nem került összeszámlálásra.				
⁸ Minden olyan egyéb szerzőségű mű, ahol a szerző nem: szerző, szerkesztő, kritikai vagy forráskiadás készítője szerzőségű.				

Összesített Impakt Faktor: 7.186

11.2 Disszertáció alapjául szolgáló publikációk

CSORBA A. B., BÁLINT J., FELFÖLDI T., SZABÓ A., FORA C. G., MÁTHÉ I., LOXDALE HD., BALOG A. (2021). Preliminary study of total bacterial community associated with corn leaf aphid (*Rhopalosiphum maidis* Fitch; Hemiptera: *Aphididae*) under different maize management systems. *North-Western Journal of Zoology*, 17(2), 155-159. (IF: 0.778)

CSORBA, A. B., FORA, C. G., BÁLINT, J., FELFÖLDI, T., SZABÓ, A., MÁTHÉ, I., LOXDALE, H. D., KENTELKY, E., NYÁRÁDI, I.-I., & BALOG, A. (2022). Endosymbiotic Bacterial Diversity of Corn Leaf Aphid, *Rhopalosiphum maidis* Fitch (Hemiptera: *Aphididae*) Associated with Maize Management Systems. *Microorganisms*, 10(5), 939. <https://doi.org/10.3390/microorganisms10050939> (IF: 4.926)

11.3 Az értekezéshez kapcsolódó konferencia közlemények

CSORBA, A. B., BÁLINT J., FELFÖLDI T., SZABÓ A., FORA C. G., MÁTHÉ I., LOXDALE HD., BALOG A. (2021) Endosymbiotic bacterial diversity associated with corn leaf aphid, *Rhopalosiphum maidis* Fitch (Hemiptera: *Aphididae*) populations under different maize management systems – preliminary study. 67. *Növényvédelmi Tudományos Napok 2021*, Budapest, Magyarország

11.4 Egyéb tudományos közlemények

CSORBA, A.B., KENTELKY, E., SZABÓ, M.E., JAKAB, M., NYÁRÁDI, I.-I., BÁLINT J. (2023): Controlling grey mold (*Botrytis cinerea*) in flowering cyclamen production. *European Journal of Horticultural Science (EJHS)* 88(1) 1-8. (IF: 1.482) DOI: 10.17660/eJHS.2023/005

SZÉKELY-VARGA, ZS., **CSORBA, A.B.**, MOLNÁR, K., IAKAB, M., BÍRÓ-JANKA, B., KENTELKY, E. (2022): Could Cactuses endure winter in Romanian climatic conditions? *Scientific Papers, Series B, Horticulture LXVI* (1) 738-744.

CSORBA, A.B., PUTNOKY, CS. B., DEMETER, A., NYÁRÁDI, I. I., BÁLINT, J. (2021): Insecticide efficacy on ticks (*Dermacentor spp.*) – Case study from an infested territory in Transylvania, Romania. *Acta Universitatis Sapientiae, Agriculture and Environment* 13 pp. 23-25, DOI: 10.2478/ausae-2021-0003

CSORBA, A. B., TATÁR M., BUTA E., MOLNÁR K., DOMOKOS E., BANDI A., BÁLINT J. (2021): Effects of plant growth retardants on development of poinsettia “Christmas Feeling” cultivar. *Acta Biologica Marisiensis, ABMJ* 2021, 4(2) pp. 32-38, DOI: 10.2478/abmj-2021-0011

CSORBA, A. B., PUTNOKY CS. B., KONCZ R., BANDI A., NYÁRÁDI I.-I., BÁLINT J. (2020): Biological control of thrips pests (Thysanoptera: Thripidae) under greenhouse conditions in Transylvania, Romania. *DRC Sustainable Future* 1(2): 155-160, DOI: 10.37281/DRCSF/1.2.8

CSORBA, A. B., PÁNCZÉL T., BANDI A., NYÁRÁDI I. -I., BÁLINT, J. (2020): The effect of different fungicides and bactericides on rooting of pelargonium cuttings. *DRC Sustainable Future*, 1(2): 147-154, DOI: 10.37281/DRCSF/1.2.7

CSORBA, A. B., PUTNOKY CS. B., NYÁRÁDI I.-I., BÁLINT J. (2020): Testing insecticides efficacy on pollen beetles (*Meligethes aeneus* F.), *Journal of Horticulture, Forestry and Biotechnology* 4(3), pp. 53-57.

11.5 Egyéb konferencia közlemények

SZÉKELY-VARGA, ZS., CSORBA, A.B., MOLNÁR, K., IAKAB, M., BÍRÓ-JANKA, B., KENTELKY, E. (2022): Could cactuses endure winter in Romanian climatic conditions? *Agriculture for Life, Life for Agriculture*, 2022 Bucharest, Romania

IAKAB M., SZABÓ D., CSORBA, A. B., MOLNÁR K., BÁLINT, J. (2021): Evaluation of common nutrient deficiencies in Primrose (*Primula acaulis*). *VI. Transilvanian Horticulture and Landscape Studies Conference*, 2021, Târgu Mureş, Romania

CSORBA, A. B., PUTNOKY CS. B., SZABÓ K. A., BALOG A., BÁLINT J. (2020): Testing insecticide efficacy on pollen beetles (*Meligethes aeneus* F.) “*Young people and multidisciplinary research in applied life sciences*”, 2020, Timișoara, Romania

SZABÓ J.SZ., CSORBA, A. B. (2019): Különböző gyomirtószerek hatékonyságának vizsgálata fejes káposzta (*Brassica oleracea convar. capitata*) állományban, 2019. április 16-18. *XXXIV. OTDK Agrártudományi Szekció*, Debrecen, Magyarország

CSORBA, A. B., PUTNOKY CS. B., SZABÓ K. A., BALOG A., BÁLINT J. (2019): Rovarölő szerek hatékonyságának vizsgálata repcefénybogár (*Meligethes aeneus* F.) ellen. *V. Erdélyi Kertész és Tájépítész Konferencia, 2019*, Marosvásárhely, Romania

12. Mellékletek

1. **Melléklet: 2019-es adatok:** A zöld kukorica-levéltetvekhez kapcsolható baktériumok a különböző kezelési rendszerekben

Genus	T2_1	T2_2	T2_3
Sequences numbers			
<i>Buchnera</i>	68,999	43,980	54,742
<i>Enterobacteriaceae_unclassified</i>	14,706	23,991	16,289
<i>Sphingomonas</i>	18	44	132
<i>Pseudomonas</i>	3	243	30,999
<i>Candidatus_Moranbacteria_ge</i>	16	845	18
<i>Moellerella</i>	16	3	12
<i>Fimbriimonadaceae_ge</i>	4	0	0
<i>Hymenobacter</i>	4	0	0
<i>Chryseolinea</i>	3	7	0
<i>Halomonas</i>	3	0	0
<i>Lachnospira</i>	3	0	0
<i>Salipaludibacillus</i>	3	1,505	7
<i>Acidobacteria_unclassified</i>	2	0	0
<i>Brochothrix</i>	2	0	0
<i>Burkholderiaceae_unclassified</i>	2	65	5
<i>Candidatus_Kaiserbacteria_ge</i>	2	17	0
<i>Nitrospira</i>	2	3	0
<i>Pedomicrobium</i>	2	6	0
<i>Pedosphaeraceae_ge</i>	2	28	0
<i>Ruminococcaceae_unclassified</i>	2	3	0
<i>Skermanella</i>	2	0	0
<i>Haliangium</i>	1	5	0
<i>Qipengyuania</i>	1	0	0
<i>Absoconditabacteriales_(SRI)_ge</i>	0	12	0
<i>Acetobacter</i>	0	6	0
<i>Acholeplasma</i>	0	2	0
<i>Acidaminococcus</i>	0	8	0
<i>Acidimicrobiia_unclassified</i>	0	3	0
<i>Acinetobacter</i>	0	3	0
<i>Alcanivorax</i>	0	4	2
<i>Alphaproteobacteria_unclassified</i>	0	6	2
<i>Alteromonadaceae_unclassified</i>	0	4	0
<i>Aminicenantales_ge</i>	0	2	0

<i>Anaerocella</i>	0	11	0
<i>Anaerovibrio</i>	0	8	0
<i>Anaerovorax</i>	0	2	0
<i>Anoxybacillus</i>	0	16	0
<i>Arcobacter</i>	0	41	0
<i>Aridibacter</i>	0	3	0
<i>Arsenicitalea</i>	0	17	0
<i>Azoarcus</i>	0	5	0
<i>Azospirillum</i>	0	6	0
<i>Babeliales_ge</i>	0	3	0
<i>Bacillaceae_unclassified</i>	0	2	0
<i>Bacteria_unclassified</i>	0	89	3
<i>Bacteroides</i>	0	11	0
<i>Bacteroidetes_vadinHA17_ge</i>	0	8	0
<i>Bacteroidia_unclassified</i>	0	11	0
<i>Bauldia</i>	0	0	2
<i>Bergeyella</i>	0	0	4
<i>Berkelbacteria_ge</i>	0	2	0
<i>Blastocatellaceae_unclassified</i>	0	5	0
<i>Bosea</i>	0	2	0
<i>Brachybacterium</i>	0	2	0
<i>Bradyrhizobium</i>	0	7	5
<i>Brevundimonas</i>	0	8	0
<i>Bryobacter</i>	0	5	0
<i>Caldicoprobacter</i>	0	5	0
<i>Caldisericum</i>	0	8	0
<i>Candidatus_Adlerbacteria_ge</i>	0	8	0
<i>Candidatus_Azambacteria_ge</i>	0	4	0
<i>Candidatus_Buchananbacteria_ge</i>	0	4	0
<i>Candidatus_Collierbacteria_ge</i>	0	7	0
<i>Candidatus_Endomicrobium</i>	0	2	0
<i>Candidatus_Falkowbacteria_ge</i>	0	136	3
<i>Candidatus_Jidaibacter</i>	0	3	0
<i>Candidatus_Kerfeldbacteria_ge</i>	0	11	0
<i>Candidatus_Magasanikbacteria_ge</i>	0	30	0
<i>Candidatus_Nomurabacteria_ge</i>	0	69	0
<i>Candidatus_Omnitrophus</i>	0	2	0
<i>Candidatus_Peribacteria_ge</i>	0	2	0
<i>Candidatus_Solibacter</i>	0	4	0
<i>Candidatus_Thiosymbion</i>	0	3	0

<i>Candidatus_Uhrbacteria_ge</i>	0	3	0
<i>Candidatus_Woesebacteria_ge</i>	0	15	0
<i>Caproiciproducens</i>	0	2	0
<i>Carnobacterium</i>	0	3	0
<i>Christensenellaceae_R-7_group</i>	0	4	0
<i>Chromatocurvus</i>	0	3	0
<i>Chryseobacterium</i>	0	9	2
<i>Chthonomonadales_ge</i>	0	2	0
<i>Cloacibacterium</i>	0	0	3
<i>Cloacimonadales_ge</i>	0	15	0
<i>Cloacimonadales_unclassified</i>	0	19	0
<i>Clostridiales_vadinBB60_group_ge</i>	0	4	0
<i>Clostridium_sensu_stricto_12</i>	0	4	0
<i>Corynebacteriaceae_unclassified</i>	0	2	0
<i>Corynebacterium_1</i>	0	7	0
<i>Cyanobium_PCC-6307</i>	0	5	0
<i>Cytophaga</i>	0	2	0
<i>Desulfobacca</i>	0	3	0
<i>Desulfosporosinus</i>	0	2	0
<i>Desulfovibrionaceae_unclassified</i>	0	2	0
<i>Desulfurivibrio</i>	0	2	0
<i>Desulfuromonadales_unclassified</i>	0	29	0
<i>Donghicola</i>	0	2	0
<i>Dongia</i>	0	2	0
<i>Elusimicrobium</i>	0	3	0
<i>Erysipelotrichaceae_UCG-004</i>	0	4	0
<i>Ferribacterium</i>	0	5	0
<i>Ferruginibacter</i>	0	3	0
<i>Fimbriiglobus</i>	0	2	0
<i>Flaviflexus</i>	0	0	10
<i>Flavitalea</i>	0	2	0
<i>Flavobacterium</i>	0	7	0
<i>Fluviicola</i>	0	4	0
<i>Gammaproteobacteria_unclassified</i>	0	5	2
<i>Gemmatimonadaceae_unclassified</i>	0	2	0
<i>Geobacter</i>	0	52	0
<i>Gillisia</i>	0	2	0
<i>Gracilibacter</i>	0	3	0
<i>Gracilibacteria_ge</i>	0	1	0
<i>Haloplasma</i>	0	3	0

<i>Hirschia</i>	0	2	0
<i>Idiomarina</i>	0	5	0
<i>Kribbella</i>	0	1	0
<i>Lacunisphaera</i>	0	10	0
<i>Latescibacteria_ge</i>	0	7	0
<i>Lawsonella</i>	0	0	4
<i>Lentimicrobiaceae_ge</i>	0	3	0
<i>Limnochordaceae_ge</i>	0	2	0
<i>Loktanella</i>	0	3	0
<i>Luteimonas</i>	0	0	2
<i>Luteolibacter</i>	0	2	0
<i>Macellibacteroides</i>	0	15	0
<i>Magnetospirillum</i>	0	3	0
<i>Malikia</i>	0	36	0
<i>Margulisbacteria_ge</i>	0	2	0
<i>Maribacter</i>	0	2	0
<i>Marinimicrobia_(SAR406_clade)</i>			
<i>_ge</i>	0	6	0
<i>Marinobacter</i>	0	4	0
<i>Marivita</i>	0	2	0
<i>Megasphaera</i>	0	5	0
<i>Methylobacter</i>	0	2	0
<i>Methylotenera</i>	0	5	0
<i>Micavibrionales_unclassified</i>	0	1	0
<i>Microbacteriaceae_unclassified</i>	0	2	3
<i>Microbacterium</i>	0	0	15
<i>Micrococcaceae_unclassified</i>	0	35	0
<i>Micrococcus</i>	0	0	5
<i>Microcoleus_PCC-7113</i>	0	5	0
<i>Micromonosporaceae_unclassified</i>	0	1	0
<i>Myroides</i>	0	4	0
<i>Nannocystis</i>	0	3	0
<i>Nonlabens</i>	0	3	0
<i>Ohtaekwangia</i>	0	6	0
<i>Omnitrophicaeota_ge</i>	0	10	0
<i>Opitutus</i>	0	6	0
<i>Oxyphotobacteria_unclassified</i>	0	2	0
<i>Paenisporosarcina</i>	0	31	0
<i>Paracoccus</i>	0	3	3
<i>Parapusillimonas</i>	0	0	19

<i>Parcubacteria_ge</i>	0	4	0
<i>Parcubacteria_unclassified</i>	0	10	0
<i>Pedobacter</i>	0	7	34
<i>Pedosphaeraceae_unclassified</i>	0	4	0
<i>Phaeodactylibacter</i>	0	6	0
<i>Phormidesmiales_unclassified</i>	0	0	2
<i>Pirellula</i>	0	11	2
<i>Planctomicrobium</i>	0	2	6
<i>Pontibacter</i>	0	3	0
<i>Prevotella</i>	0	2	0
<i>Prevotella_9</i>	0	11	0
<i>Prevotellaceae_UCG-004</i>	0	8	0
<i>Prevotellaceae_unclassified</i>	0	2	0
<i>Pricia</i>	0	2	0
<i>Proteiniphilum</i>	0	9	0
<i>Pseudoalteromonas</i>	0	2	0
<i>Pseudolabrys</i>	0	3	0
<i>Pseudomonadaceae_unclassified</i>	0	5	25
<i>Pseudoxanthomonas</i>	0	4	0
<i>Puniceicoccaceae_unclassified</i>	0	3	0
<i>Rahnella</i>	0	0	2
<i>Reyranela</i>	0	1	0
<i>Rhizobiaceae_unclassified</i>	0	3	0
<i>Rhizobiales_unclassified</i>	0	5	0
<i>Rhodobacteraceae_unclassified</i>	0	11	3
<i>Rhodocyclaceae_unclassified</i>	0	4	0
<i>Rhodoplanes</i>	0	3	0
<i>Rikenellaceae_RC9_gut_group</i>	0	2	0
<i>Rokubacteriales_ge</i>	0	1	0
<i>Roseimaritima</i>	0	3	0
<i>Ruminiclostridium_1</i>	0	4	0
<i>Saccharimonadales_ge</i>	0	1	0
<i>Salegentibacter</i>	0	0	2
<i>Sandaracinaceae_unclassified</i>	0	2	0
<i>Sandaracinus</i>	0	8	0
<i>Savagea</i>	0	7	0
<i>Sedimentibacter</i>	0	2	0
<i>Serratia</i>	0	0	12
<i>Smithella</i>	0	10	0

<i>Solibacteraceae_(Subgroup_3)</i>			
<i>_unclassified</i>	0	2	0
<i>Sphingobacteriales_unclassified</i>	0	4	0
<i>Sphingomonadaceae_unclassified</i>	0	0	5
<i>Sphingopyxis</i>	0	7	0
<i>Spirochaeta_2</i>	0	3	0
<i>Streptomyces</i>	0	5	0
<i>Sulfuricurvum</i>	0	4	0
<i>Syntrophomonas</i>	0	4	0
<i>Syntrophus</i>	0	2	0
<i>Thermobacillus</i>	0	2	0
<i>Thermobifida</i>	0	2	0
<i>Thermodesulfobacterium</i>	0	3	0
<i>Thermomonospora</i>	0	5	0
<i>Thermopolyspora</i>	0	5	0
<i>Thermus</i>	0	83	0
<i>Thiobacillus</i>	0	2	0
<i>Variovorax</i>	0	11	2
<i>Victivallales_ge</i>	0	3	0
<i>Victivallales_unclassified</i>	0	2	0
<i>Victivallis</i>	0	4	0
<i>Xanthobacteraceae_unclassified</i>	0	5	2
<i>Zymophilus</i>	0	18	0

2. Melléklet: 2020-as adatok:

label	group	method	nseqs	coverage	sobs	chao
0.03	A01	ave	56288	0.999911	73	74
0.03	A02	ave	56288	0.999785	49	55
0.03	A03	ave	56288	0.999628	77	90
0.03	A04	ave	56288	0.999653	115	122
0.03	A05	ave	56288	0.999729	80	89
0.03	A06	ave	56288	0.999417	89	113
0.03	A07	ave	56288	0.999522	89	112
0.03	A08	ave	56288	0.999806	51	58
0.03	A09	ave	56288	0.999754	81	88
0.03	A10	ave	56288	0.999748	73	82
0.03	A11	ave	56288	0.999771	39	48
0.03	A12	ave	56288	0.999354	388	405
0.03	A13	ave	56288	0.999684	62	74
0.03	A14	ave	56288	0.999654	69	83

0.03	A01	std	0	0	0	0
0.03	A02	std	0	0.000048	1.819001	4.649065
0.03	A03	std	0	0.000062	2.673318	8.105077
0.03	A04	std	0	0.00006	1.870776	4.117756
0.03	A05	std	0	0.000051	2.162146	5.890277
0.03	A06	std	0	0.000079	3.683753	11.401967
0.03	A07	std	0	0.000072	3.464325	12.140873
0.03	A08	std	0	0.000044	1.834046	5.035429
0.03	A09	std	0	0.000043	1.760204	4.89317
0.03	A10	std	0	0.000043	1.698941	5.393429
0.03	A11	std	0	0.00005	2.254398	7.710591
0.03	A12	std	0	0.000084	3.126531	7.423993
0.03	A13	std	0	0.000062	2.598033	7.805808
0.03	A14	std	0	0.00006	2.727591	8.230407

chao_lci	chao_hci	ace	ace_lci	ace_hci	invsimpson	invsimpson_lci	invsimpson_hci
73.05688	78.42585	75.6746	73.63381	84.28637	6.02	5.959084	6.09215
50.2274	70.95196	56.59834	51.48983	71.29436	1.46	1.448269	1.467044
81.38122	115.1425	94.96808	84.45023	119.701	2.84	2.825028	2.86239
117.3412	136.5808	127.6477	120.464	144.3659	5.69	5.611227	5.767709
82.42049	109.2524	92.04475	84.55838	111.2414	2.62	2.596987	2.650121
99.13661	144.6445	123.8114	106.4665	158.8125	1.99	1.979171	1.991482
97.74744	147.357	118.6961	103.6721	149.5535	2.21	2.203746	2.222759
52.87042	76.84852	59.51027	54.00298	76.005	1.73	1.711816	1.738402
82.7716	107.4273	89.23396	83.75355	104.1809	5.23	5.185689	5.281892
75.92186	102.2716	84.95301	77.78175	104.2105	5.01	4.969017	5.054336
41.40862	73.62996	52.9538	44.18349	76.99803	1.61	1.597661	1.622555
395.6951	427.1283	403.9795	396.3052	418.9735	2.34	2.317262	2.36531
66.19496	97.98793	78.1464	69.09647	99.70926	1.03	1.024882	1.02876
73.98746	109.9503	93.88009	81.21257	121.2138	1.20	1.196579	1.208588
0	0	0	0	0	0	0	0
2.477104	11.72768	4.4686	2.633311	10.5296	0.003042	0.003006	0.00308
4.530911	17.21734	8.223437	5.320504	13.74033	0.006346	0.006335	0.006358
2.551863	8.028673	4.470505	3.011215	7.182541	0.021132	0.020876	0.021394
3.229591	13.61624	5.697621	3.731232	9.583373	0.008426	0.008326	0.008528
6.809042	21.53571	15.19441	10.57667	22.44191	0.002372	0.002415	0.00233
6.570816	25.85102	14.75067	10.52925	20.49444	0.003905	0.003859	0.003953
2.555787	13.63175	4.514877	2.841567	8.320792	0.004268	0.004218	0.004319
2.586068	11.94607	3.620418	2.515158	5.919314	0.012884	0.012847	0.012921
2.694678	13.55216	4.821131	2.993724	8.61261	0.010946	0.010872	0.011021
3.652448	20.84927	10.88354	6.687458	18.06622	0.004678	0.004611	0.004747

4.967896	12.3612	5.201476	4.316281	6.531439	0.007772	0.007656	0.00789
4.186436	17.77642	8.174496	5.47405	12.75008	0.000705	0.000679	0.000732
4.392471	18.76821	14.55861	10.05569	20.17721	0.002318	0.002276	0.002362

simpson	simpson_lci	simpson_hci	shannon	shannon_lci	shannon_hci
0.165978	0.164146	0.167811	2.16	2.154715	2.172829
0.686064	0.681646	0.690482	0.63	0.62096	0.638701
0.35167	0.34936	0.353981	1.27	1.258483	1.275582
0.175799	0.173381	0.178217	2.26	2.254352	2.275261
0.381205	0.377345	0.385066	1.42	1.410362	1.432554
0.503701	0.502139	0.505263	0.76	0.754256	0.766635
0.451834	0.449893	0.453774	1.01	0.997785	1.016718
0.579711	0.575245	0.584178	0.85	0.841258	0.859788
0.191083	0.189327	0.19284	1.94	1.935518	1.952794
0.199549	0.197851	0.201248	1.93	1.916012	1.934251
0.621119	0.616317	0.62592	0.79	0.777874	0.795202
0.427165	0.422782	0.431548	1.72	1.706433	1.743471
0.973883	0.972045	0.975722	0.09	0.087907	0.100163
0.831567	0.827415	0.835719	0.46	0.452653	0.473512
0	0	0	0	0	0
0.001432	0.001431	0.001433	0.002855	0.002834	0.002877
0.000785	0.000776	0.000794	0.002891	0.002862	0.00292
0.000653	0.000643	0.000663	0.002805	0.002805	0.002806
0.001225	0.001215	0.001235	0.0036	0.003586	0.003614
0.000602	0.000588	0.000617	0.0024	0.002326	0.002475
0.000797	0.0008	0.000795	0.003864	0.003819	0.00391
0.001435	0.00143	0.00144	0.003022	0.003004	0.003041
0.00047	0.000463	0.000478	0.002349	0.002336	0.002362
0.000436	0.000431	0.00044	0.00238	0.00237	0.002391
0.001805	0.001803	0.001806	0.003224	0.00322	0.003229
0.001418	0.00141	0.001425	0.006159	0.006128	0.00619
0.000669	0.000692	0.000647	0.002314	0.002237	0.002392
0.001604	0.001617	0.00159	0.004053	0.004015	0.004091

Taxon	A01	A02	A03	A04	A05	A06	A07	A08	A09	A10	A11	A12	A13	A14
<i>Acidicapsa</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	19	0	0
<i>Edaphobacter</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	17	0	0
<i>Bryobacter</i>	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	20	2	0
<i>Candidatus_Solibacter</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0
<i>Blastocatellaceae_unclassified</i>	0	0	0	2	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Subgroup</i>	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Vicinamibacteraceae</i>	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	48	0	0
<i>Actinobacteria</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1
<i>Corynebacterium</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	12	7	0
<i>Lawsonella</i>	0	3	4	4	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0
<i>Mycobacterium</i>	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	33	0	0
<i>Rhodococcus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	27	0	4
<i>Smaragdicosoccus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0
<i>Jatrophihabitans</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	11	0	0
<i>Frankiales_unclassified</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	21	0	0
<i>Geodermatophilaceae_unclassified</i>	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Sporichthyaceae_ge</i>	0	0	0	0	0	0	4	0	4	1	0	3	11	0
<i>Sporichthyaceae_unclassified</i>	0	0	0	0	0	0	22	3	6	1	0	13	17	7
<i>Quadrisphaera</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0
<i>Intrasporangiaceae_unclassified</i>	1	0	5	0	0	0	2	0	0	0	0	4	0	0
<i>Jonesia</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	9	0	0	0	0	0
<i>Candidatus_Aquiluna</i>	4	2	1	2	3	0	11	1	10	2	0	11	1	0
<i>Curtobacterium</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4
<i>Microbacteriaceae_unclassified</i>	28	6	33	16	15	4	21	0	35	5	2	462	0	18
<i>Microbacterium</i>	37	4	0	56	0	0	9	0	78	92	3	0	0	5
<i>Rathayibacter</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	16	0	0	0	0
<i>Subtercola</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5	0	0
<i>Kocuria</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3

Taxon	A01	A02	A03	A04	A05	A06	A07	A08	A09	A10	A11	A12	A13	A14
<i>Micrococcus</i>	0	1	0	0	2	0	0	0	10	0	0	0	0	0
<i>Pseudarthrobacter</i>	0	0	2	0	0	0	2	0	0	1	0	58	0	3
<i>Micrococcales_unclassified</i>	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Micromonosporaceae_unclassified</i>	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	5	0	0
<i>Marmoricola</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	10	0	7
<i>Nocardioides</i>	0	0	0	7	0	9	0	0	0	0	0	26	0	3
<i>Cutibacterium</i>	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Pseudonocardia</i>	2	0	0	0	0	3	3	0	1	0	0	0	3	0
<i>Actinobacteriota_unclassified</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3
<i>Rubrobacter</i>	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Gaiella</i>	0	0	0	0	0	2	7	0	0	0	0	15	0	0
<i>Gaiellales_ge</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0
<i>Gaiellales_unclassified</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	37	0	0
<i>Conexibacter</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	2	0
<i>Parviterribacter</i>	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Solirubrobacter</i>	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	47	0	0
<i>Solirubrobacterales_unclassified</i>	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Thermoleophilia_unclassified</i>	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	26	0	0
<i>Armatimonas</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0
<i>Armatimonadales_ge</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0
<i>Fimbriimonadaceae_ge</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	20	0	0
<i>Fimbriimonas</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0
<i>Bacteria_unclassified</i>	6	6	3	1	4	5	0	0	2	0	6	64	3	3
<i>Bacteroides</i>	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Bacteroidales_unclassified</i>	0	0	0	0	0	0	7	0	0	0	0	0	0	0
<i>Dysgonomonas</i>	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Alloprevotella</i>	0	0	9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Bacteroidia_unclassified</i>	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
<i>Aurantisolimonas</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	77	0	0

Taxon	A01	A02	A03	A04	A05	A06	A07	A08	A09	A10	A11	A12	A13	A14
<i>Chitinophaga</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	11	0	0
<i>Chitinophagaceae_unclassified</i>	0	0	3	0	0	0	0	0	8	0	0	208	0	0
<i>Dinghuibacter</i>	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	7
<i>Edaphobaculum</i>	0	0	1	0	0	0	0	3	3	0	0	48	17	0
<i>Ferruginibacter</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	171	0	0
<i>Flavisolibacter</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0
<i>Flavitalea</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	18	0	0
<i>Heliimonas</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0
<i>Parafilimonas</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0
<i>Rurimicrobium</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	6	2	0	0	0	0
<i>Sediminibacterium</i>	0	11	1	0	0	1	1	2	1	1	5	298	5	0
<i>Taibaiella</i>	7	0	5	0	0	0	5	0	7	0	0	9	4	0
<i>Terrimonas</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	73	0	0
<i>Chitinophagales_unclassified</i>	0	0	0	0	0	5	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Cyclobacteriaceae_unclassified</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5	0	0
<i>Cytophaga</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5	49	0	0
<i>Siphonobacter</i>	8	0	3	0	25	0	0	0	825	32	0	0	0	0
<i>Adhaeribacter</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	30	0	0
<i>Hymenobacter</i>	0	0	2	0	0	2	0	0	0	0	0	47	0	0
<i>Microscillaceae_unclassified</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	341	0	0
<i>Arcicella</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	407	0	0	0	0
<i>Dyadobacter</i>	15	0	0	8	0	0	59	0	0	0	0	108	0	0
<i>Emticicia</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	30	0	0
<i>Larkinella</i>	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	7	0	0
<i>Pseudarcicella</i>	0	0	2	1	0	0	5	10	0	4	0	0	1	6
<i>Runella</i>	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	6	0
<i>Spiroplasma</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	47	0	4
<i>Fluviicola</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0
<i>Flavobacterium</i>	3	6	0	1212	0	7	0	2	1	3	0	277	12	5

Taxon	A01	A02	A03	A04	A05	A06	A07	A08	A09	A10	A11	A12	A13	A14
<i>Myroides</i>	0	0	0	0	65	0	4	0	0	0	0	0	0	0
<i>Chryseobacterium</i>	7703	654	478	5476	1941	120	266	358	15355	8994	3	1	0	5368
<i>Moheibacter</i>	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Mucilaginibacter</i>	0	0	0	0	0	0	17	10	0	0	0	406	0	0
<i>Pedobacter</i>	15	0	130	7851	340	3	1201	16	1090	2375	0	32	0	0
<i>Sphingobacteriaceae_unclassified</i>	0	0	1	4	4	1	1	0	0	104	5	15	21	1
<i>Sphingobacterium</i>	25	0	0	10	3	3	0	0	0	0	0	11	0	0
<i>Sphingobacteriales_unclassified</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0
<i>Bacteriovorax</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	12	0	0
<i>Peredibacter</i>	0	0	3	0	10	0	0	0	128	3	0	29	0	0
<i>Bdellovibrio</i>	0	0	0	3	0	0	0	0	110	0	0	151	0	0
<i>Silvanigrellaceae_unclassified</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0
<i>Chloroflexi_unclassified</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	34	0	0
<i>Chloroflexaceae_unclassified</i>	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Cyanobium_PCC-6307</i>	0	0	0	0	0	0	8	0	0	0	0	0	0	0
<i>Synechococcus_MBIC10613</i>	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Deinococcus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3
<i>Anoxybacillus</i>	0	0	0	0	0	0	0	2	1	0	0	9	0	0
<i>Bacillales_unclassified</i>	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0	14	0	0
<i>Paenisporosarcina</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
<i>Exiguobacterium</i>	0	3	0	0	0	0	0	0	0	8	0	32	0	3
<i>Atopostipes</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	5	0	0	0	0	0
<i>Granulicatella</i>	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Lactococcus</i>	0	0	0	0	0	5	11	0	0	0	0	0	0	0
<i>Streptococcus</i>	0	0	13	0	0	0	0	0	0	0	0	33	0	0
<i>Paenibacillus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	5	0	0	0	0	0
<i>Staphylococcus</i>	0	0	0	0	0	0	10	0	0	0	0	18	0	0
<i>Lachnospirillum</i>	0	0	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Peptoclostridium</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0

Taxon	A01	A02	A03	A04	A05	A06	A07	A08	A09	A10	A11	A12	A13	A14
<i>Anaerococcus</i>	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Fenollaria</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0
<i>Selenomonadaceae_unclassified</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3
<i>Thermoanaerobacterium</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	3	0	0	0
<i>Fusobacterium</i>	0	0	10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Gemmatimonadaceae_unclassified</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	22	0	0
<i>Gemmatimonas</i>	0	0	5	0	0	39	0	0	0	0	0	11	0	5
<i>Haliangium</i>	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	27	0	0
<i>Aetherobacter</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	29	0	0
<i>Pajaroellobacter</i>	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	107	0	0
<i>Polyangiales_unclassified</i>	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Nitrospira</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0
<i>Absconditabacteriales_(SRI)_ge</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0
<i>Candidatus_Kaiserbacteria_ge</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	54	0	0
<i>Candidatus_Nomurabacteria_ge</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0
<i>Parcubacteria_unclassified</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5	0	0
<i>Saccharimonadaceae_unclassified</i>	0	0	45	0	12	0	0	0	8	0	0	63	0	0
<i>Saccharimonadales_ge</i>	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	222	0	0
<i>Saccharimonadales_unclassified</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	267	0	0
<i>Phycisphaeraceae_unclassified</i>	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Tepidisphaera</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	89	0	0
<i>Fimbriiglobus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0
<i>Gemmata</i>	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	49	0	0
<i>Singulisphaera</i>	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Pirellula</i>	0	3	0	2	0	4	0	0	0	0	0	0	17	3
<i>Acetobacteraceae_unclassified</i>	0	0	0	0	0	9	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Acidiphilium</i>	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Gluconobacter</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	79	20	0
<i>Roseococcus</i>	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0

Taxon	A01	A02	A03	A04	A05	A06	A07	A08	A09	A10	A11	A12	A13	A14
<i>Roseomonas</i>	18	1	0	2	0	0	8	0	8	9	0	0	3	0
<i>Alphaproteobacteria_unclassified</i>	2	0	6	4	0	2	0	0	6	17	0	126	4	0
<i>Azospirillum</i>	0	0	0	0	0	0	0	16	0	541	0	0	0	0
<i>Skermanella</i>	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0
<i>Inquilingus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	37	0	0
<i>Asticcacaulis</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	12	0	0
<i>Brevundimonas</i>	0	0	0	0	6	3	25	0	0	5	0	27	0	20
<i>Caulobacter</i>	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	66	0	0
<i>Caulobacteraceae_unclassified</i>	0	0	5	0	0	3	0	0	3	0	0	3	0	0
<i>Phenylobacterium</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	20	0	0
<i>Hyphomonas</i>	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0
<i>Dongia</i>	0	0	0	0	0	9	0	0	0	0	0	6	0	1
<i>Candidatus_Paracaedibacter</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	5	0	0	0	0	0
<i>Reyranela</i>	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	10	0	0
<i>Beijerinckiaceae_unclassified</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0
<i>Bosea</i>	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0
<i>Methylobacterium-Methylorubrum</i>	0	0	73	2	0	1	0	8	8	15	0	60	0	0
<i>Microvirga</i>	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Devosia</i>	0	4	1	0	1	2	3	0	0	7	0	105	0	0
<i>Devosiaceae_unclassified</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	56	0	0
<i>Hyphomicrobium</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	12	0	0
<i>Kaistia</i>	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	65	0	0
<i>Aureimonas</i>	8	8	48	43	8	3	13	0	65	3745	1	14	0	14
<i>Mesorhizobium</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	11	0	0
<i>Ochrobactrum</i>	0	0	0	0	1049	0	0	0	0	0	0	0	1	0
<i>Rhizobiaceae_unclassified</i>	4	0	0	19	15	0	0	0	2	0	0	0	0	0
<i>Rhizobiales_unclassified</i>	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	18	0	0
<i>Bradyrhizobium</i>	0	4	0	0	0	34	3	0	1	6	0	108	0	4
<i>Pseudorhodoplanes</i>	0	2	0	0	0	6	0	0	0	0	0	12	0	0

Taxon	A01	A02	A03	A04	A05	A06	A07	A08	A09	A10	A11	A12	A13	A14
<i>Rhodoplanes</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	25	0	0
<i>Tardiphaga</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	228	0	0
<i>Xanthobacteraceae_unclassified</i>	0	0	0	0	3	2	0	0	0	0	0	16	0	0
<i>Gemmobacter</i>	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	2	0
<i>Paracoccus</i>	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Rhodobacter</i>	0	0	0	0	0	0	0	3	10	8	0	7	6	0
<i>Rhodobacteraceae_unclassified</i>	0	0	6	0	0	0	2	0	0	0	0	0	6	0
<i>Tabrizicola</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0
<i>Wolbachia</i>	0	0	94	14	0	0	0	0	0	0	16586	22362	0	0
<i>Rickettsiales_unclassified</i>	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Altererythrobacter</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	65	0	4
<i>Novosphingobium</i>	19	0	0	5	1	0	11	0	0	0	0	88	0	1
<i>Porphyrobacter</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5	0
<i>Rhizorhapis</i>	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0
<i>Sandarakinorhabdus</i>	0	0	1	0	0	1	3	0	1	0	0	0	9	3
<i>Sphingobium</i>	0	0	0	394	0	0	0	0	0	0	0	57	3	0
<i>Sphingomonadaceae_unclassified</i>	0	0	0	0	0	0	2	0	23	2	0	24	0	3
<i>Sphingomonas</i>	306	153	981	1028	577	63	541	88	7501	10840	18	764	6	420
<i>Sphingorhabdus</i>	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0
<i>Rheinheimera</i>	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0
<i>Pseudoalteromonas</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	18	0	0
<i>Pigmentiphaga</i>	3	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Verticiella</i>	309	3	0	202	39	0	0	3	224	6	0	0	0	0
<i>Burkholderiaceae_unclassified</i>	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0
<i>Polynucleobacter</i>	11	4	6	7	7	5	29	11	1	17	11	14	51	23
<i>Ralstonia</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	51	0	0
<i>Burkholderiales_unclassified</i>	2	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	14	2	0
<i>Acidovorax</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	14	0	0	0	0	0
<i>Caenimonas</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	45	0	0

Taxon	A01	A02	A03	A04	A05	A06	A07	A08	A09	A10	A11	A12	A13	A14
<i>Comamonadaceae_unclassified</i>	1662	6	174	1271	94	0	3	27	1440	47	0	108	0	4
<i>Comamonas</i>	483	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Delftia</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	438	2	0	0	0	0
<i>Lampropedia</i>	0	0	0	0	26	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Leptothrix</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	14	0	0
<i>Limnohabitans</i>	2	0	0	1	0	0	4	1	1	1	0	1	26	17
<i>Paucibacter</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	11	0	0
<i>Ramlibacter</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	11	0	0
<i>Rhizobacter</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	19	0	0
<i>Rhodoferrax</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0
<i>Sphaerotilus</i>	0	0	0	0	0	2	0	0	2	0	0	1	0	0
<i>Variovorax</i>	15	0	0	71	11	0	515	0	16	23	0	66	0	0
<i>Hydrogenophilus</i>	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0
<i>Methylophilaceae_unclassified</i>	0	0	0	0	0	1	6	0	0	0	0	530	0	1
<i>Methylotenera</i>	0	2	5	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0
<i>Neisseriaceae_unclassified</i>	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0
<i>Ellin6067</i>	0	0	0	0	0	7	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Duganella</i>	12	4	95	2481	17	0	280	14	32	1298	0	1	6	7
<i>Herbaspirillum</i>	0	0	1	69	1	0	2	7	7	2400	1	0	0	0
<i>Massilia</i>	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	48	0	4
<i>Oxalobacteraceae_ge</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0
<i>Oxalobacteraceae_unclassified</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	7	0	0
<i>Cellvibrio</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	32	0	0
<i>Coxiella</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0
<i>Gibbsiella</i>	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Enterobacterales_unclassified</i>	13	7	0	32	86	16	365	0	0	0	48	2	0	2
<i>Enterobacteriaceae_unclassified</i>	10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Raoultella</i>	942	0	0	0	27	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Erwinia</i>	5762	877	0	5805	15599	5	78470	117	11	56	0	0	23	1664

Taxon	A01	A02	A03	A04	A05	A06	A07	A08	A09	A10	A11	A12	A13	A14
<i>Erwiniaceae_unclassified</i>	2	0	0	47	49	0	226	0	0	0	0	0	0	0
<i>Rosenbergiella</i>	0	0	0	0	0	0	13	0	0	0	0	4	1117	4
<i>Buchnera</i>	1852	77628	77706	3778	10808	72051	63720	70886	24704	18610	12136	62604	122689	114848
<i>Candidatus_Hamiltonella</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1969
<i>Moellerella</i>	0	0	4	0	0	10	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Morganellaceae_unclassified</i>	4	14506	15988	3	8	51330	5	1	0	0	7	0	0	34
<i>Pectobacterium</i>	0	0	4	0	0	0	0	11	0	0	0	0	0	0
<i>Rahnella</i>	76	0	0	2	180	0	11	0	0	0	0	0	0	0
<i>F</i>	6	1	41	0	0	0	31	0	0	2	100837	1689	3	83
<i>Yersiniaceae_unclassified</i>	13	0	0	3543	6	0	0	0	0	0	0	0	0	19
<i>Acidibacter</i>	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	17	0	0
<i>Gammaproteobacteria_unclassified</i>	0	0	0	6	4	2	0	0	0	0	8	0	0	0
<i>Legionella</i>	0	0	0	0	0	0	9	0	0	0	2	28	0	0
<i>Alcanivorax</i>	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Halomonadaceae_unclassified</i>	0	0	12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Acinetobacter</i>	8814	0	0	1757	40	0	1	0	0	0	0	93	0	406
<i>Enhydrobacter</i>	0	0	0	0	0	0	0	1	0	55	0	0	0	0
<i>Pseudomonadaceae_unclassified</i>	2	0	0	24	23	0	0	6	2	9	0	0	0	0
<i>Pseudomonas</i>	19895	1364	2174	31416	54571	232	3373	23380	17637	23711	2	1851	64	656
<i>Hydrocarboniphaga</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0
<i>Nevskia</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0
<i>Panacagrmonas</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0
<i>Vibrio</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	11	0	0
<i>Dokdonella</i>	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0
<i>Rhodanobacter</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	57	0	0
<i>Arenimonas</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	44	0	0
<i>Pseudoxanthomonas</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	12	0	0
<i>Stenotrophomonas</i>	2487	5	0	6	1376	0	2	17	0	0	0	21	0	27
<i>Thermomonas</i>	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Taxon	A01	A02	A03	A04	A05	A06	A07	A08	A09	A10	A11	A12	A13	A14
<i>Xanthomonas</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	19	0	3
<i>Neochlamydia</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0
<i>Parachlamydiaceae_unclassified</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	9	0	0
<i>Candidatus_Udaeobacter</i>	0	0	0	0	0	10	0	0	0	0	0	49	0	0
<i>Chthoniobacter</i>	0	0	0	2	0	0	0	2	0	0	0	40	0	0
<i>Terrimicrobium</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	169	0	0
<i>Candidatus_Xiphinematobacter</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	28	0	0
<i>Opitutaceae_unclassified</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	43	0	0
<i>Opitutus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	31	0	0
<i>Pedosphaeraceae_ge</i>	0	0	0	0	0	3	0	0	2	0	0	6	0	0
<i>Luteolibacter</i>	0	0	0	0	0	1	5	0	0	1	4	114	10	4
<i>Prosthecobacter</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	2	0	21
<i>Verrucomicrobium</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	21	0	0

