

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

PÉCS, 2023

1. BEVEZETÉS

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).

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 termés 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).

A kukoricatermesztés jövőbeli problémája a gabonafélék kártevője, a zöld kukorica-levéltetű (*Rhopalosiphum maidis*) lehet. A zöld kukorica-levéltetű 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 szűrőszívó szájszervük következtében a növény a szűrés helyén klorotikusan 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).

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 zsírszövetekben, az úgynevezett bakteriocitákban (6. ábra) található meg, átadásuk csak vertikális úton történik (Angela, E. Douglas, 1994). Az obligát szimbioták nagyon szoros kapcsolatot ápolnak a gazdaszervezettel, sőt mindkét fél függ egymástól a túlélés szempontjából. Ezzel szemben a másodlagos szimbioták csak bizonyos ökológiai feltételek mellett profitálhatnak a gazdaszervezettel való kapcsolatból (Kikuchi, 2009; Moran and Telang, 1998).

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. A másodlagos szimbioták 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).

A *Rickettsia* fajok hatással vannak a levéltetvek fitneszére, a *Spiroplasma* baktériumok pedig megvédik a tetveket a fonálférgektől, az entomopatogén gombáktól, valamint a parazita darázsfajoktól, hasonlóan a *Hamiltonella defensa*-hoz. A *Wolbachia* nemzetségbe tartozó baktériumok a populáció szabályozásában játszanak kulcsszerepet azáltal, hogy a fertőzött nőtények 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. 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 bármilyen összefüggést a tápnövény (kukorica) környezeti diverzitásával?

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

3. ANYAG ÉS MÓDSZER

3.1 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.

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. 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 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 kukoricánövénnyről 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. A mintákat lefagyasztottuk és -80 °C-on tároltuk a későbbi feldolgozásig. A kiválasztott régiók, illetve parcellák a következő helyszínekről származtak: Temesvár, Sepsiszentgyörgy, Kézdivásárhely, valamint Segesvár.

3.2 Baktérium szimbionták 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 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.

3.3 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).

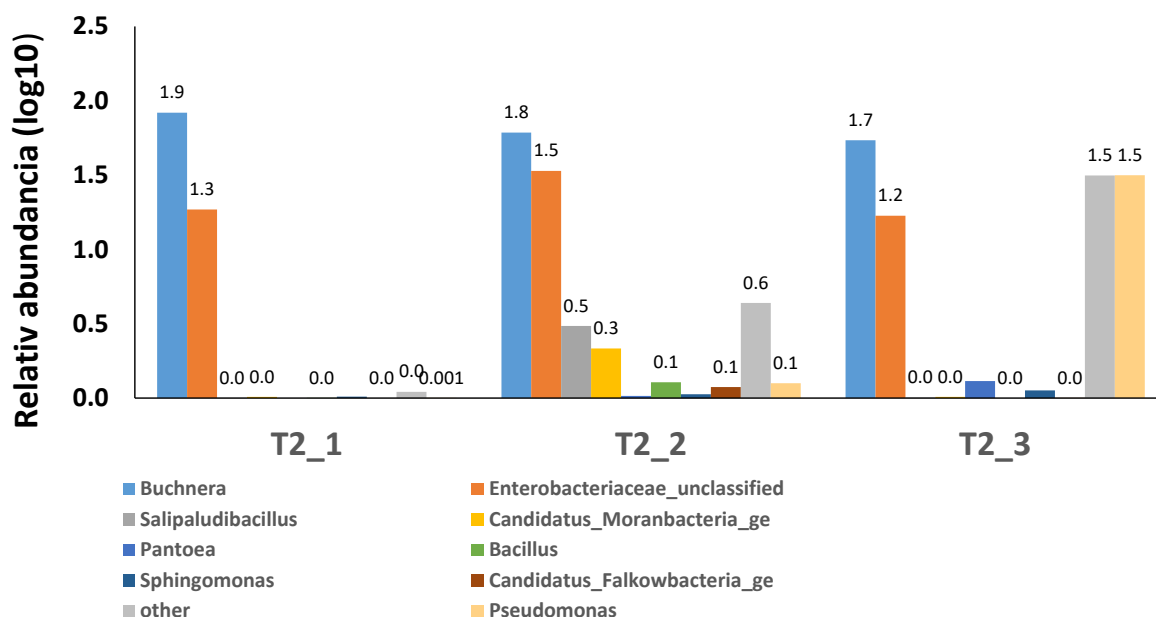
A teljes baktérium diverzitás eloszlás esetében lineáris regressziót és Shannon & Simpson indexeket számoltunk PAST 4.02 programban (Hammer et al., 2001). A szimbionták közösségi mutatót, mint a kezelések közötti eloszlásokat, illetve azok hatását Bray–Curtis szimilaritási index kiszámításával végeztük. A domináns endoszimbionta génuszok eloszlását a kukorica kultúrák kezelési típusai között a genomialis 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.

4. EREDMÉNYEK

4.1 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. 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. A szimbioták gyakoriságát tekintve kitűnik, hogy az obligát szimbionta *Buchnera* nemzetség dominál, ugyanakkor nagyon magas az *Enterobacteriaceae* nemzetség aránya is. A fakultatív szimbioták esetében a legnagyobb mértékben az *Enterobacteriaceae* család képviseltette magát (17.5%, 32.8%, 15.8%). (1. Ábra). Faj szintű határozás nem történt.



1. 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.

4.2 2020-as év eredményei

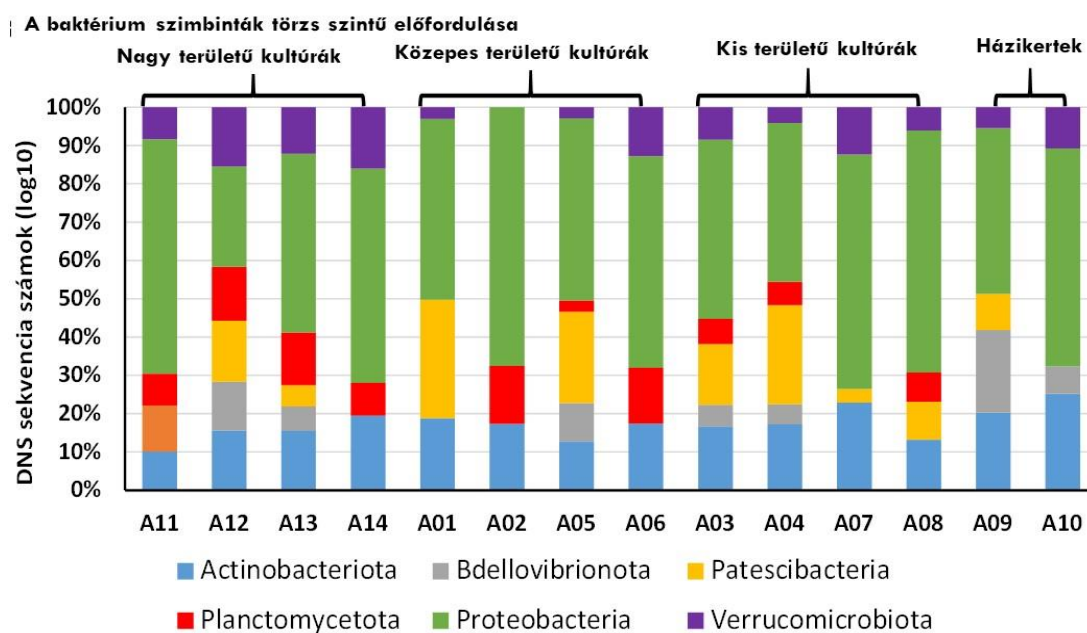
A 2020-as gyűjtések alkalmával összesen 365 baktériumnemzetséget sikerült azonosítanunk a négy régió mintáiból. A kukorica levéltetvekre vonatkozó lineáris regressziós analízissel megállapítottuk, hogy még az azonos művelési rendszereken belül sem egyezett a baktériumok összetétele és száma.

A leggyakoribb 20 taxon közül a *Buchnera* obligát szimbionta volt az, amely az összes mintában jelen volt, valamint a fakultatív szimbioták közül a *Serratia*, a *Wolbachia* és a *Hamiltonella* nemzetségbe tartozó fajok.

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.

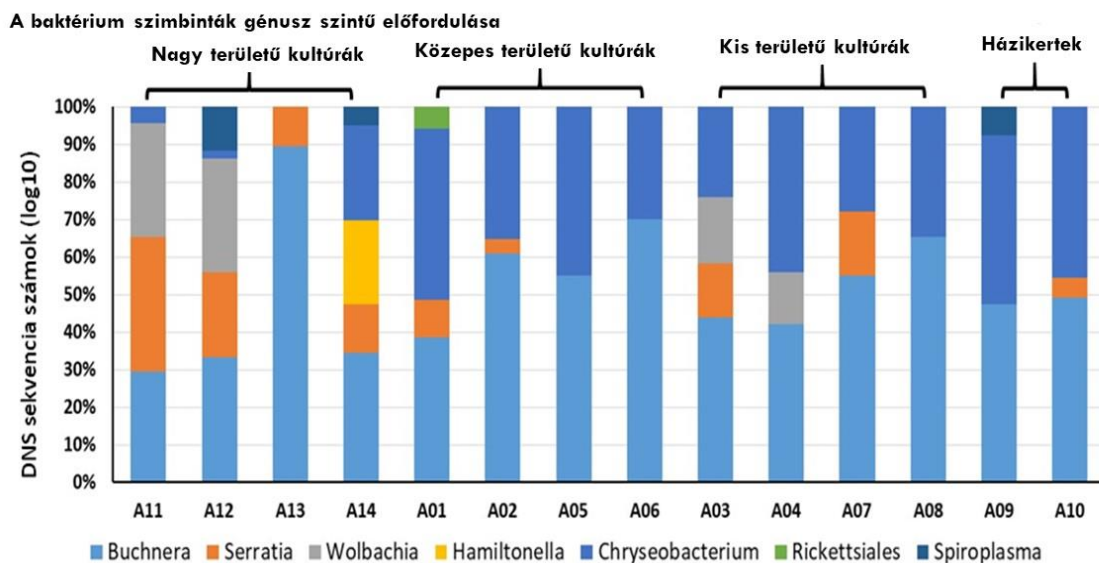
A baktériumok törzs szintű elkülönülése (2. ábra) során megfigyelhető, hogy a *Proteobacteria* törzs dominál, ezt követik az *Actinobacteriota*, *Planctomycetota*, *Patescibacteria* törzsek különböző arányban, valamint a sort a legkisebb részarányban a *Bdellovibrionata* törzs képviseli.



2. 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 *Serratia symbiotica* endoszimbiontát 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. A *Candidatus Hamiltonella* endoszimbiontát ellenben csak egyetlen terület mintájából sikerült csak kimutatni a nagy kiterjedésű területek közül. 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* endoszimbionták a nagy kiterjedésű területek mintáiban, valamint a kiskertekből gyűjtött tetvek mintáiban voltak jelen (3. Ábra).



3. 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.

4.2.1 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 és annak hiányában is elvégeztük. 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. 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. 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.

Az endoszimbionta 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.

5. Összefoglalás

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

6. IRODALOMJEGYZÉK

1. Ábrahám, R., Érsek, T., Kuroli, G., Németh, L., Reisinger, P., 2011. Növényvédelem. Mezőgazda Kiadó.
2. Angela, E. Douglas, 1994. Symbiotic Interactions. Oxford University Press, Oxford.
3. 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>
4. 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>
5. 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>
6. 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-West. J. Zool.* 17, 155–159.
7. 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>
8. FAOStat [WWW Document], 2022. URL <https://www.fao.org/faostat/en/#compare> (accessed 7.26.22).
9. Hammer, O., Harper, D.A.T., Ryan, P.D., 2001. PAST: Paleontological Statistics Software Package for Education and Data Analysis 1–9.
10. Kikuchi, Y., 2009. Endosymbiotic Bacteria in Insects: Their Diversity and Culturability. *Microbes Environ.* 24, 195–204. <https://doi.org/10.1264/jsme2.ME09140S>
11. 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>
12. Leonardo, T.E., Mondor, E.B., 2006. Symbiont modifies host life-history traits that affect gene flow. *Proc. R. Soc. B Biol. Sci.* 273, 1079–1084. <https://doi.org/10.1098/rspb.2005.3408>
13. 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>

14. 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>
15. Moran, N.A., Telang, A., 1998. Bacteriocyte-Associated Symbionts of Insects. *BioScience* 48, 295–304. <https://doi.org/10.2307/1313356>
16. Oliver, K.M., Moran, N.A., Hunter, M.S., 2005. Variation in resistance to parasitism in aphids is due to symbionts not host genotype. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 102, 12795–12800. <https://doi.org/10.1073/pnas.0506131102>
17. 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.
18. 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.* 98, 2101–2103. <https://doi.org/10.1073/pnas.98.4.2101>
19. 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>
20. 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>
21. 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>
22. Serna-Saldivar, S.O., 2019. Corn: chemistry and technology, 3rd edition. ed. Woodhead publ, Duxford.
23. Smith, B.D., 2001. Documenting plant domestication: The consilience of biological and archaeological approaches. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 98, 1324–1326. <https://doi.org/10.1073/pnas.98.4.1324>
24. 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>
25. 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>
26. 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*. *Lett. Appl. Microbiol.* 48, 140–144. <https://doi.org/10.1111/j.1472-765X.2008.02484.x>

PUBLIKÁCIÓS JEGYZÉK

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).

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.

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/DRCSEF/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.

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. Transylvanian 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