



Csonthéjasok PPV fertőzöttségének
vizsgálata

Doktori (PhD) értekezés tézisei

ÁDÁM JÁNOS

GÖDÖLLŐ

2019

A doktori iskola

megnevezése: Kertészettudományi Doktori Iskola

tudományága: Növénytermesztési és kertészeti tudományok

Vezetője: Zámboriné dr. Németh Éva
tanszékvezető egyetemi tanár, DSc
SZENT ISTVÁN EGYETEM, Kertészettudományi
Kar,
Gyógy- és Aromanövények Tanszék

Témavezető: Dr. Palkovics László
tanszékvezető egyetemi tanár, DSc
SZENT ISTVÁN EGYETEM, Kertészettudományi
Kar,
Növénykórtani Tanszék

A jelölt a Szent István Egyetem Doktori Szabályzatában előírt valamennyi feltételnek eleget tett, az értekezés műhelyvitájában elhangzott észrevételeket és javaslatokat az értekezés átdolgozásakor figyelembe vette, azért az értekezés védési eljárásra bocsátható.

.....
Az iskolavezető
jóváhagyása

.....
A témavezető jóváhagyása

1. A KUTATÁS ELŐZMÉNYEI, CÉLKITŰZÉSEK

Magyarországon az almatermésűek után a csonthéjas gyümölcsöket termesztik a legnagyobb mennyiségben és területen. A hazai környezeti feltételek valamennyi mérsékelt égövi gyümölcsfaj termesztéséhez adottak, azonban számos tényező befolyásolja termesztetőségüket. Az éghajlat változása és az egyre gyakoribb szélsőséges időjárási jelenségek mellett a már ismert, és újabb növényvédelmi problémák, köztük a jelentős károkat okozó vírusfertőzések jelentenek nagy gondot.

A szilva (*Prunus domestica* L.) sokoldalú feldolgozhatóságának és nagyfokú ökológiai toleranciájának köszönhetően ma is az egyik legnagyobb mennyiségben termesztett csonthéjas gyümölcsfajunk. A szilva hazánkban nagyfokú termésbiztonsággal rendelkezik, alacsony költséggel bőven és rendszeresen terem, gépi betakarításra kiválóan alkalmas. Hazánk az őszibarack (*Prunus persica* L.) és a kajszi (*Prunus armeniaca* L.) gazdaságos termesztetőségének északi határán fekszik. Mindkét faj nagyon kedvelt és keresett gyümölcs, így hazánkban is viszonylag nagy felületen termesztik őket, az őszibarack a meggy és a szilva után a harmadik legnagyobb területen termesztett csonthéjas gyümölcsünk. Bő fajtaválasztékkal rendelkeznek, de Magyarországon érdemes a helyi (hűvösebb) környezeti feltételeknek megfelelő fajtákat termesztésbe vonni, mert a mediterrán régióból érkező import barackokkal csak ezekkel a fajtákkal lehet felvenni a versenyt.

A szilva himlő vírus (*Plum pox virus*, PPV, sharka vírus) a csonthéjasok termesztését meghatározó kórokozó. Súlyos károkat főleg szilva-, őszibarack- és kajsziültetvényekben okoz. A fertőzés következtében kialakult terméskiesés több milliárd euróra becsülhető gazdasági kárt okoz világszerte napjainkban is. Veszélyességét

fokozza, hogy a nemzetközi szaporítóanyag-kereskedelemnek köszönhetően mára világszerte elterjedtté vált, és minden fontosabb csonthéjas gyümölcsfajokat termesztő országban kimutathatóan jelen van. Magyarországon a PPV előfordulása 1948 óta ismert (Szirmai, 1948), a csonthéjas gyümölcsökben a legveszélyesebb, legnagyobb károkat előidéző kórokozók között tartják számon. A betegség következtében csökken a termés mennyisége és minősége, alacsonyabb az áru esztétikai és beltartalmi értéke, szállításkor a gyümölcs könnyebben sérül, romlik a tárolhatósága. A PPV-vel szembeni védekezési stratégiák a levéltetű vektorok elleni védekezés, egészséges szaporítóanyag használata, valamint rezisztens fajták nemesítése. A szilva himlő elleni védekezés kiemelkedő fontosságú módja a rezisztencianemesítés. A PPV megjelenése óta nagy gazdasági jelentőséggel bír, máig kilenc törzsét írták le, és a jövőben elképzelhető, hogy számolnunk kell meggyen és cseresznyén is járványos megjelenésével. Dolgozatomban a vírus hazai elterjedésnek felmérését, valamint a hazánkban jelen lévő törzsek felmérését és gazdanövény preferenciájuknak vizsgálatát tűztem ki fő feladatul. A diagnosztikai módszerek folyamatos fejlődése hozzájárul a vírus elleni küzdelemhez, így a molekuláris vizsgálatokon túl a már meglévő technikák pontosítása, valamint új technikák tesztelése is részét képezi a vizsgálataimnak. Munkám során hazai termesztési gyakorlatban használt őszibarack alany-nemes kombinációknak is vizsgáltam a vírussal szembeni ellenállóságát, eredményeimmel a termesztés sikerességéhez szeretnék hozzájárulni.

Munkám és dolgozatom főbb céljai ezek után a következők:

- Felmérés készítése Magyarország északi megyéiben a csonthéjas ültetvények és házikertek PPV fertőzöttségéről, a

pozitív mintákból származó vírusizolátumok törzsekbe sorolása, és molekuláris jellemzése, valamint a különböző törzsek hazai elterjedtségének feltérképezése.

- Őszibarack oltványok vizsgálata, mely során vizsgáltuk, hogy igazolható-e, az alanyfajtának hatása a vírusfertőzöttségre, igazolható-e a nemesfajták hatása a vírusfertőzöttségre, és igazolható-e az alany-nemes kombinációk hatása a vírusfertőzöttségre.
- Egy ültetvényben egymás mellett elhelyezkedő szilva, kajszi és őszibarack fák virológiai vizsgálatának elvégzése, a PPV kimutatása molekuláris módszerekkel, a vírustörzsek meghatározása, a vizsgált csonthéjasokon előforduló PPV törzsek gazdanövény preferenciáinak vizsgálata.
- A korábban már ismert P3–CI genomi régióban végzett RFLP vizsgálat tökéletesítése a leggyakrabban előforduló PPV törzsek (M, D, Rec) azonosítására.
- A Whatman FTA (Flinders Technology Associates) membrán alkalmazási lehetőségeinek vizsgálata a mintagyűjtés, tárolás és a vírusdiagnosztika területén.

2. ANYAG ÉS MÓDSZER

A vizsgált minták gyűjtése és tárolása

A hazai felmérés során Magyarország északi megyéiből ültetvényekből és házi kertekből gyűjtöttünk 105 darab mintát. A felmérésben résztvevő megyék Pest, Borsod-Abaúj-Zemplén, Nógrád, Szabolcs-Szatmár-Bereg, Komárom-Esztergom és Győr-Moson-Sopron megye voltak. Az őszibarack alany nemes kombinációk vizsgálatában a mandula magonc, a 'Cadaman', a 'GF677' és a 'Pe-Ma' alanyok, valamint a 'Babygold 6', a

'Cresthaven' és a 'Michelini' nemes kombinációi vettek részt, összesen 91 mintát vizsgáltunk ezekben a kombinációkban. A PPV törzsek gazdanövény preferenciájának vizsgálatához kiválasztott ültetvények: 'Čačanska lepotica' szilva mirabolán alanyon, 'Redhaven' őszibarack keserű mandula alanyon, 'Tomcot' kajszii mirabolán alanyon. A laboratóriumi vizsgálatok elvégzéséhez 20-20 fáról őszibarack, kajszii és szilvaleveleket gyűjtöttünk. A fent említett vizsgálatokban szereplő mintákat $-70\text{ }^{\circ}\text{C}$ fokon tároltuk gyűjtés után. Az FTA Card vizsgálatában részt vevő minták Bulgáriából származtak szilva virág szövetekből. 32 mintát vizsgáltunk, melyek gyűjtése 2013 és 2014-ben történt, ezeket a mintákat szobahőmérsékleten tároltuk.

Molekuláris módszerek, RT-PCR és Nested-PCR

A TRNS kivonáshoz mintánként 100 mg szövetet használtunk fel. A művelethez rendelkezésünkre álló eszközöket és vegyszereket a Kit-ek tartalmazzák. A teljes ribonukleinsav kivonást a gyártók utasításait alapul véve végeztük. A mintákból kinyert TRNS-t használtuk a további lépésekhez. A megmaradt mennyiséget további felhasználásig $-70\text{ }^{\circ}\text{C}$ -on fagyasztva tároltuk. A PCR folyamatához dezoxiribonukleinsav szükséges, ezért cDNS-t, vagyis komplementer DNS szálát kell készíteni az egyszálú vírus nukleinsavból (+ssRNS-ből). Mintánként nagyjából 1500 ng/ μl TRNS-t, vagy 2 mm átmérőjű tisztított FTA korongot használtunk, melyhez 1 μl 100 pmol-os antiszenz primert adtunk, majd 12,5 μl végtérfogatra nukleáz mentes vízzel egészítettük ki. Az elegyet $65\text{ }^{\circ}\text{C}$ -on öt percig inkubáltuk, ezután tíz percig jégen hűtöttük, mely alatt a következő elegyet állítottuk össze, és mértük a mintákhoz: 4 μl 5x RT puffer, 2 μl 10 mM-os dNTPs, 1 μl (200 u) RevertAid reverz transzkriptáz enzim, 0,5 μl 20 u RiboLock ribonukleáz inhibitor. A reverz transzkripció 42

°C-on egy órán keresztül zajlott, majd 70 °C-on tíz percig inkubálva elimináltuk az enzimet. Az így kapott cDNS-t további felhasználásig -20 °C-on tároltuk. A polimeráz láncreakciók során a két vizsgált genomi régió a vírus 3' végéhez közel található 3'NIb-CP géneket kódoló, valamint a 3'P3-6K1-5'CI géneket kódoló volt. A PCR-t és a Nested-PCR-t 20 µl végtérfogaton végeztük a primereknek megfelelő kötődési hőmérséklet és a PCR termék hosszának megfelelő láncépítési időtartam megválasztásával. A PCR során felhasznált primerek az alábbiak voltak: Sprimer, M4T és M4 (Chen és Adams, 2001), PP3 és PCI (Glasa *et al.*, 2002) valamint mM5, mM3, mD5 és mD3 (Šubr *et al.*, 2004).

Törzsmeghatározás RFLP és RT-PCR módszerekkel

Annak megállapításához, hogy az egyes minták a PPV-nek melyik törzsébe tartoznak, a PCR-termékeket 3féle restrikciós endonukleázzal, a *DdeI*-gyel, az *EcoRI*-gyel és az *EcoRV*-tel hasítottuk. Az így kapott hasítási minta alapján elkülöníthető a három leggyakrabban előforduló törzs. PCR-rel egy vírustörzs kimutatásához törzsspecifikus forward és reverz primerekre van szükség, amelyek a sokszorosítani kívánt szakasz mindkét végéhez kapcsolódnak a primerkötés (anelláció) során. A D törzshöz tartozó minta esetében a D specifikus forward és reverz primer kötődik (mD5 és mD3), M törzsnél pedig az M törzs specifikus forward és reverz primer (mM5, mM3). Az általunk alkalmazott PCR azért alkalmas a Rec kimutatására, mert a vizsgált régió tartalmazza a rekombinációs pontot. A Rekombináns törzs genomja az NIb génről keletkező cDNS-en tartalmazza a D törzs forward primerének kötési helyét, az M törzset azonban nem, így 5' vég felől a D törzs specifikus forward primer (mD5) kapcsolódik hozzá. A Rec törzs genomja az CP génről keletkező cDNS-en tartalmazza az M törzs reverz primerének kötési

helyét, az D törzsét azonban nem, így 3' vég felől az M törzs specifikus reverz primer (mM3) kapcsolódik hozzá. A PCR eredményét 1%-os agarózgélben való futtatással tesszük láthatóvá. A gélelektroforézis során megjelenített PCR termékeket hosszúságuk alapján soroljuk törzsekbe. A legrövidebb (459 bp) szakasz az M törzs esetében jön létre, míg a D törzsnél kapjuk a leghosszabb (664 bp) PCR terméket. A Rec törzs esetében a felszaporított cDNS szakasz hossza a kettő közé fog esni (605 bp).

Nukleotid szekvencia meghatározása és analízise

A PCR termékeket PCR termék tisztítása után küldjük szekvencia meghatározásra Hollandiába, ahol a BaseClear cég Barcode Sequencing szolgáltatását vettük igénybe. Az összehasonlítást és a filogenetikai törzsfát a CLC Sequence Viewer 7.0-ás verziójával végeztük. A törzsfá elkészítése során 1000 ismétléses bootstrap analízist használtunk, mely során a program 1000 alkalommal rajzolja meg a törzsfát.

Statisztikai módszerek

Az eredmények statisztikai elemzésére az IBM SPSS Statistics 20 programcsomagot használtuk. Függetlenségvizsgálat Khi-négyzet-próbával: E próbával két eseményrendszer és ezen keresztül két változó függetlenségét teszteltük (Harnos és Ladányi, 2005). A nullhipotézis a változók függetlenségét mondja ki. Esetünkben a következő kérdésekre kerestük a választ függetlenségvizsgálattal:

- Igazolható-e, hogy az alanyfajtának hatása van a vírusfertőzöttségre?
- Igazolható-e, hogy a nemesfajtának hatása van a vírusfertőzöttségre?
- Igazolható-e, hogy az alany és nemes kombinációknak hatása van a vírusfertőzöttségre?

Amennyiben a szignifikanciaszint kisebb volt, mint az elsőfajú hibavalószínűség ($p <$), elutasítottuk a H_0 hipotézist, azaz szignifikáns összefüggést mutattunk ki. Ha szignifikáns hatást tudunk kimutatni, az azt jelenti, hogy az alanyfajták, nemesfajták, és kombinációik között különbség van a fertőzöttséggel szembeni ellenállóképesség szempontjából. Vizsgálatainkban $\alpha=0,05$ esetén szignifikanciáról, $\alpha=0,01$ érték esetén erős szignifikanciáról beszélünk.

Bináris logisztikus regresszió: A fák fertőzöttségét befolyásoló tényezők vizsgálatára logisztikus regressziós modellt is alkalmaztunk, amelyben a vizsgált esemény (az adott időszakban történő megfertőződés) bekövetkezési valószínűségét becsljük. A logisztikus regressziós modell szignifikanciája mellett az alanyok, fajták, és kombinációjuk közötti különbségeket az esélyhányadossal vizsgáltuk. A nemesfajták összehasonlításakor referenciaszintként a 'Michelini' nemesfajtát választottuk irodalmi adatok alapján rezisztenciát mutató mivolta miatt. A kombinációk összehasonlításakor referenciaszintként a mandula magonc x 'Michelini' kombinációt választottuk az irodalmi adatok alapján a mandula magonc PPV-vel szembeni fogékonyságából és a 'Michelini' rezisztenciájából kifolyólag.

3. EREDMÉNYEK ÉS KÖVETKEZTETÉSEK

Az északi megyékben végzett felmérés során 105, a PPV fertőzés jellegzetes tüneteit mutató és tünetmentes levélmintát gyűjtöttünk. Az RT-PCR vizsgálat során alkalmazott PCI és PP3 primerek – a genom 3'P3–6K1–5'CI régiójának megfelelő – 836 bp hosszú PCR-terméket emeltek ki, mely alapján 42 minta bizonyult PPV-vel fertőzöttnek. Ezeket a mintákat RFLP módszerrel, valamint szekvencia analízis

segítségével törzsekbe soroltuk. Az általunk gyűjtött és nukleotid szinten is elemzett 23 izolátum közül 12 a D, 10 a Rec és 1 az M törzsbe tartozónak bizonyult. Így eredményeink alapján megállapítható, hogy Magyarország északi megyéiben a két legelterjedtebb törzs a D és Rec, de az M törzs is jelen van. A törzsek megoszlását megyénként tekintve, a D törzs főként Szabolcs-Szatmár-Bereg megyében és Komárom-Esztergom megyében elterjedt, a Rec törzs pedig Pest, Nógrád és Borsod-Abaúj-Zemplén megyékben a leggyakoribb. Az M törzs képviselőjét is Borsod-Abaúj-Zemplén megyéből gyűjtöttük.

Az alany-nemes kombinációk vizsgálata során 91 tünetmentes, illetve PPV jellegzetes tüneteit mutató őszibarackfáról származó mintát gyűjtöttünk Sóskúton. Vizsgálataink során a 91 mintából 45-ben sikerült kimutatni a PPV jelenlétét. Az ültetvényből származó őszibarack alany, és nemes minták vizsgálata során bebizonyosodott, hogy a 45 vizsgált pozitív minta közül 19 az M és 12 a D törzssel fertőződött meg. Tizennégy esetben M+D kevert fertőzést is diagnosztizáltunk. Az eredményeken elvégzett statisztikai analízisek során arra a következtetésre jutottunk, hogy a vizsgált alanyoknak nem volt hatása a vírussal való fertőződésre. A nemes fajták vizsgálata során megállapítottuk, hogy a kísérletben szereplő nemesfajták közül a 'Michelini' fajta jóval alacsonyabb mértékben fertőződött meg, a többi nemesfajtahoz viszonyítva, a különbség szignifikáns volt. A kombinációk vizsgálata során Khi-négyzet próbával a 'Cadaman' x 'Michelini', 'GF677' x 'Cresthaven', 'GF677' x 'Michelini' kombinációk alacsonyabb mértékben fertőződtek meg a többi kombinációhoz viszonyítva. A 'Cadaman' x 'Cresthaven' kombinációk ezzel ellentétben nagyobb arányban fertőződtek meg a többi kombinációhoz viszonyítva. Logisztikus

regressziós modellben a Mandula x 'Michelini' kombinációt vettük referenciaként az irodalmi adatok alapján a mandula magonc PPV-vel szembeni fogékonyságából és a 'Michelini' toleranciájából kifolyóan. A 'GF667' x 'Cresthaven', 'GF677' x 'Michelini', 'Cadaman' x 'Michelini' kombinációknál az esélyhányados kisebb ugyan 1-nél (különösen a 'GF667' x 'Cresthaven' esetében), ami magasabb ellenállóképességre utal, de az eredmények statisztikai értelemben nem szignifikánsak. A 'Cadaman' x 'Cresthaven' kombinációnál az esélyhányados szignifikánsan nagyobb 1-nél, ($\text{Exp}(B)=13,000$; $p=0,013$), vagyis ezen kombinációnál szignifikánsan nagyobb esély van a fertőzöttségre a referenciához képest.

A gazdanövény preferencia vizsgálatában a vizsgált szilvamintákból azonosított PPV izolátum típusok megoszlása: 53% D, 18% Rec, 18% kevert Rec+M fertőzés, 11% M. Őszibarack minták esetén ugyanez: 50% M, 28% kevert M+D fertőzés, 22% D. Kajsziminták esetén 57% kevert M+D fertőzés, 28% M, 15% D. A szilva, kajszi és őszibarack ültetvényekből származó minták elemzésénél sikerült gazdanövény preferenciát megállapítanunk. A D, M és Rec törzsek fajonkénti eloszlása a három táblában lényeges eltéréseket mutatott, így megállapíthatjuk, hogy az általunk vizsgált ültetvényekben az M törzs leginkább őszibarackon volt jelen (56%), amíg a D egyenlően magas arányban volt kimutatható szilva és őszibarack mintákból (39.1%) - igaz viszont, hogy őszibarackban a D fertőzések fele M törzssel közös kevert fertőzésként jelentkezett. Rekombináns törzset csak szilván találtunk, 50%-ban M törzssel közös kevert fertőzésként.

A PPV diagnosztikai módszereinek tökéletesítését és tesztelését célzó vizsgálatok eredményeként megállapíthatjuk, hogy a genom 3'P3-6K1-5'CI régiójának *EcoRV* restriktív endonukleázzal

végzett RFLP vizsgálata hatékonyan kimutatja a Rekombináns törzset, valamint az Whatman FTA Card alkalmas a PPV izolátumok gyűjtésére, szobahőmérsékleten való tárolására és RT-PCR módszerrel való kimutatására.

4. ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK

1. Hazai kertekben és ültetvényekben felmértem a PPV elterjedését. 20 minta esetében a molekuláris vizsgálatok alapján meghatároztam az izolátumok filogenetikai helyét és törzsekbe soroltam azokat.
2. Négy alany és három őszibarack nemes kombináció PPV fogékonyságát vizsgálva megerősítettem, hogy a vizsgált alanyfajtáknak nincs szignifikáns hatása a PPV fertőzésre. Továbbá bizonyítottam, hogy a 'Michelini' fajta szignifikánsan kevésbé fogékony a többi vizsgált nemes fajtához képest.
3. Szilván, kajszin és őszibarackon megállapítottam a PPV törzsek gazdanövény preferenciáját, az M törzs őszibarackon, a D és Rec törzs szilván a leggyakoribb.
4. A P3-CI genomi régióban alkalmazott RFLP vizsgálatot tovább fejlesztettem az *EcoRV* restrikciós endonukleáz alkalmazásával. Az *EcoRV* hasítóhelye a GAT|ATC nukleotidok között található, és a P3-CI genomi régióban így már egyértelműen elkülöníthetők a rekombináns izolátumok.

5. IDÉZETT IRODALMAK

1. CHEN, J. és ADAMS, M. 2001. A universal PCR primer to detect members of the *Potyviridae* and its use to examine the taxonomic status of several members of the family. *Archives of virology*, 146, 757-766.
2. GLASA, M., MARIE-JEANNE, V., MOURY, B., KÚDELA, O. és QUIOT, J.-B. 2002. Molecular variability of the P3-6K 1 genomic region among geographically and biologically distinct isolates of *Plum pox virus*. *Archives of virology*, 147, 563-575.
3. HARNOS, Z. és LADÁNYI, M. 2005. Biometria agrártudományi alkalmazásokkal. Aula Kiadó, Budapest. 274-324.
4. ŠUBR, Z., PITTNEROVA, S. és GLASA, M. 2004. A simplified RT-PCR-based detection of recombinant *Plum pox virus* isolates. *Acta virologica*, 48, 173-176.
5. SZIRMAI, J. 1948. A kajszi vírusbetegsége. *Magyar Bor és Gyümölcs*, 3, 7-8.

6. PUBLIKÁCIÓK JEGYZÉKE

Az értekezés témakörében megjelent publikációk jegyzéke

Impakt faktoros folyóiratcikk

J, Ádám; Á, Borsos; I, Balla; A, Ittész; L, Palkovics (2015): PPV Susceptibility of commonly used peach rootstock-scion combination. *Acta virologica* 59. 429-433. IF:1.222

Lektorált folyóiratban megjelent közlemények

Ádám János; Sáray Réka; Palkovics László (2018): Hazai Plum pox virus törzsek gazdanövény preferenciájának vizsgálata. *Növényvédelem* 79.(54): 285-292.

J, Ádám; L, Palkovics; I, Tóbiás; A, Almási (2015): Presence of sharka disease in the North-Hungarian counties. *Acta Horticulturae: Technical Communications of ISHS*. 55-60.

Egyéb tudományos cikkek

L, Predajňa; Z, Šubr; **J, Ádám;** L, Palkovics; M, Glasa (2012): Use of FTA (WHATMAN) membranes for efficient and easy-to-use sampling and molecular detection of stone fruit and grapevine RNA viruses. *Acta Fytotechnica et Zootechnica* Special Number. 44-45.

Konferencia közlemények (full paper)

J, Ádám; R, Sáray; B, Stefanova; I, Tóbiás; L, Palkovics (2016): The host preference of PPV isolates in a Hungarian orchard. *Journal of Mountain Agriculture in the Balkans*. 19: 124-133.

Ádám, J.; Stefanova, B.; Dragoyski, K.; Tóbiás, I.; Palkovics, L. (2015): Use of FTA® (Whatman) membrane for collection and detection of Bulgarian PPV isolates. *Journal of Mountain Agriculture in the Balkans*. 18: 334-343.

I, Tóbiás; É, Pájtli; **J, Ádám**; A, Almási; L, Palkovics (2015): Potyvirus In Hungary. *Journal of Mountain Agriculture in the Balkans*. 18: 887-901.

Ádám, J.; Tóbiás, I.; Almási, A.; Šubr, Z.; Nagyová, A.; Glasa, M.; Palkovics, L. (2013): The presence of Sharka disease on stone fruit trees in the Hungarian-Slovak cross-border region. *Episteme Czasopiśmie Naukowo-Kulturalnym*. 3: 429-436.

László, Palkovics; Asztéria, Almási; **János, Ádám**; Boglárka, Balotai; István, Tóbiás (2012): Survey of sharka disease (*Plum pox virus*) on stone fruit trees in Northern Hungary. *Petria*. 22: 251-255.

Konferencia összefoglalók (abstract)

Ádám, J.; Sárny, R. A.; Palkovics, L. (2018): *Plum pox virus* törzsek gazdanövény preferenciájának indirekt vizsgálata. In: Haltrich, Attila; Varga, Ákos (szerk.) 64. Növényvédelmi Tudományos Napok. Budapest, Magyarország: Magyar Növényvédelmi Társaság, 46.

Ádám, János; Borsos, Árpád; Balla, Ildikó; Ittész, András; Palkovics, László (2015): Gyakorlatban használt őszibarack alanyok hatása a *plum pox virus* fogékonyságra. In: Horváth, József; Haltrich, Attila; Molnár, János (szerk.) 61. Növényvédelmi Tudományos Napok. Budapest, Magyarország: MAE Növényvédelmi Társaság. 59.

Ádám, J.; Almási, A.; Subr, Z.; Nagyova, A.; Glasa, M.; Palkovics, L.; Tóbiás, I. (2014): Sharka in the Hungarian-Slovak cross-border region. In: Seventeenth International Scientific Conference, 'EcoMountain – 2014': Summeries in Journal of Mountain Agriculture on the Balkans. 157-158.

Ádám, János; Almási, Asztéria; Tóbiás, István; Balotai, Boglárka; Palkovics, László (2013): Szilva himlő vírus (*Plum pox virus*) jelenlétének felmérése hazánk északi megyéinek csonthéjas

ültetvényeiben. In: Horváth, József; Haltrich, Attila; Molnár, János (szerk.) 59. Növényvédelmi Tudományos Napok, Összefoglalók. 65. **Ádám, J.**; Almási, A.; Tóbiás, I.; Subr, Z.; Nagyova, A.; Glasa, M.; Palkovics, L. (2013): Sharka in the Hungarian-Slovak Cross-Border Region. In: VII International Conference Bioresources and Viruses. 19.

Almási, Asztéria; Balotai, Boglárka; Tóbiás, István; **Ádám, János**; Palkovics, László (2012): Szilva himlő vírus (plum pox virus, ppv) fertőzöttség felmérése a magyar-szlovák határ menti régióban. In: Kőmíves, T; Haltrich, A; Molnár, J (szerk.) 58. Növényvédelmi Tudományos Napok. Budapest, Magyarország: MAE Növényvédelmi Társaság. 41.

Almási, A.; Balotai, B.; Tóbiás, I.; **Ádám, J.**; Palkovics, L. (2012): A csonthéjasok vírusfertőzöttségének felmérése a magyar-szlovák határmenti régióban. In: XXII. Keszthelyi Növényvédelmi Fórum. Keszthely, Magyarország: Pannon Egyetem Georgikon Kar. 14.