

*SZEGEDI TUDOMÁNYEGYETEM*  
*TERMÉSZETTUDOMÁNYI ÉS INFORMATIKAI KAR*  
*MIKROBIOLÓGIAI TANSZÉK*

***Trichoderma* törzseken és baktériumokon alapuló  
multikomponens talajoltó készítmény fejlesztése és  
tesztelése batáta növénykultúrában**

**Nagy Viktor Dávid**  
Ph.D. értekezés

Témavezetők:

**Dr. Kredics László, egyetemi docens**  
**Dr. Palanisamy Manikandan, egyetemi docens**



**2024**

## Bevezetés

A batáta (*Ipomoea batatas*) termesztése és fogyasztása világszerte növekszik. Mivel termesztése során a műtrágyák és kártevőellenes vegyszerek használata talaj-, víz- és levegőszennyezéshez vezethet, fokozódik az igény olyan környezetbarát, biológiai megoldások iránt, amelyek a terméshozam növelését és hatékony betegségkezelést tesznek lehetővé. A mezőgazdasági célú mikrobiológiai szerek egyre nagyobb jelentőséget kaptak az elmúlt évtizedekben. Célunk az volt, hogy egy több mikroorganizmusból összeálló mezőgazdasági talajoltóanyagot fejlesszünk ki, és teszteljük annak hatását batáta-termesztésben. Összesen 39 baktérium- és 7 *Trichoderma* törzset izoláltunk a magyar-szerb határvidék különféle mezőgazdasági talajaiból. A *Trichoderma* izolátumokkal készült MLST (multi-locus sequence typing) analízisbe bevontunk további 60, korábban ITS (internal transcribed spacer) szekvencia alapján meghatározott törzset, hogy képet kapjunk a *Trichoderma harzianum* fajkomplexum (THSC) dél-alföldi talajokban mutatott faji diverzitásáról, és összehasonlítsuk azt a THSC iráni talajokban tapasztalható faji diverzitásával. A talajoltó készítmények esetében célszerűbb lehet helyben izolált törzsekkel dolgozni, amelyek természetes körülmények között is jelen vannak, így túlélésük valószínűbb a kezelni kívánt talajban.

## Célkitűzések

A vegyszerhasználat csökkentése napjaink-mezőgazdasági termelésének egyik legégetőbb feladata, amit többek között mikrobiológiai készítmények révén érhetünk el. A batáta termesztése és fogyasztása egyre nagyobb népszerűségnek örvend. Tudomásunk szerint tanulmányunk megjelenéséig nem került tesztelésre *Trichoderma* törzseket és baktériumokat egyaránt tartalmazó, többkomponensű mikrobiológiai készítmény batátatermesztésben. Mezőgazdasági hasznosíthatóságú *Trichoderma* törzsek esetében kiemelt jelentőségű a pontos fajmeghatározás, mivel a nemzetség hasznos fajai mellett jónéhány gombaházi kártevő és opportunista humán fertőzést okozni képes fajt tartunk számon. A molekuláris fajmeghatározási technikák fejlődésével egyre megbízhatóbbá válik az izolátumok pontos azonosítása. A nemzetség biodiverzitásának vizsgálata fontos a potenciális kockázatot képviselő fajok mezőgazdasági gyakorlatból történő kizárásának érdekében. A fentiek alapján a következő célokat tűztük ki:

1. Mezőgazdasági hasznosíthatóságú baktériumok és *Trichoderma* törzsek – különös tekintettel a *T. harzianum* fajkomplexumba (THSC) tartozó törzsekre – izolálása és fajsztintú azonosítása
2. A THSC diverzitásának vizsgálata mezőgazdasági élőhelyeken
3. Az izolált mikroorganizmusok vizsgálata az abiotikus stresszfactorokkal szembeni válaszreakciójuk, enzimtermelésük, biokontroll képességeik és indolecetsav (IAA) termelésére való képességük szempontjából
4. Ígéretes törzsek kiválasztása növénynövekedés, szervesanyag-lebontás, biokontroll és nitrogénkötés megvalósítására
5. A szelektált mikroorganizmusokból talajoltó készítmény előállítására és tesztelésére édesburgonya termesztésében

## **Alkalmazott módszerek**

### **Mikrobiológiai módszerek**

- *Trichoderma* és baktériumtörzsek izolálása szelektív táptalajokon, tenyésztésük PDA (burgonyadextróz agar) illetve YEG (élesztőkivonat-glükóz) táptalajokon, hosszú távú tárolásuk glicerines tápoldatban 4 °C-on
- *Trichoderma* és baktériumtörzsek tenyésztése eltérő ökofiziológiai (hőmérséklet, pH, NaCl koncentráció) körülmények között
- *Trichoderma* és baktériumtörzsek növekedésének vizsgálata különböző fungicidek, nehézfémek és peszticidek jelenlétében
- *Trichoderma* törzsek *in vitro* antagonista és sziderofórtermelő képességének vizsgálata, a törzsek által termelt cellulóz- és kitinbontó valamint foszformobilizáló enzimek aktivitásának mérése kromogén szubsztrátokkal
- *Bacillus* törzsek növénypatogén fonalgombákkal szemben mutatott antagonizmusának vizsgálata, biokontroll index (BCI) értékek meghatározása
- Feltételezett nitrogénfixáló baktériumtörzsek növekedésének vizsgálata nitrogénmentes agaróz táptalajon
- Inokulumelőállítás szántóföldi kísérletekhez
- Szántóföldön kivitelezett mikroorganizmus-hatásvizsgálatok a növénynövekedésre és a termés hozamra nézve batátatermesztésben

### **Molekuláris biológiai módszerek**

- Genomi DNS tisztítása az izolált gomba- és baktériumtörzsekből
- A diagnosztikus lokuszok (ITS, *tefla*, *rpb2*, 16S RNS, *gyrA*) amplifikálása polimeráz láncreakció (PCR) segítségével
- Agaróz gélelektroforézis
- Amplikonszekvenálás

### **Bioinformatikai módszerek**

- Gomba- és baktériumtörzsek ITS, *tefla*, *rpb2*, 16S RNS, *gyrA* szekvenciáinak bioinformatikai elemzése (Finch TV, NCBI BLAST)
- Azonosított *Trichoderma* törzsek filogenetikai elemzése (MLST, E-INS-i, MAFFT, IQ-TREE)

## Eredmények összefoglalása

Vizsgálataink végeredményeként egy mikrobiális közösséget állítottunk össze és teszteltünk batáta kezelésére, amely két gomba- (*Trichoderma ghanense* SZMC 25217, *T. afroharzianum* SZMC 25231) és három baktériumtörzsből (*Bacillus velezensis* SZMC 24986, *Arthrobacter globiformis* SZMC 25081, *Pseudomonas resinovorans* SZMC 25872) áll. A törzsek Magyarország és Szerbia határvidékének mezőgazdasági talajaiból kerültek izolálásra répa, batáta, paradicsom és paprika növénykultúrákból. Összesen 7 *Trichoderma* és 39 baktériumtörzs izolálására került sor, melyeket molekuláris biológiai markerek segítségével azonosítottunk.

Az izolált *Trichoderma* törzsek további 60, korábban *T. harzianum* fajként azonosított mezőgazdasági izolátummal közösen a nemzetség biodiverzitására vonatkozó vizsgálatba lettek bevonva. Különös hangsúlyt fektettünk a THSC fajaira, melyek között a mezőgazdaság számára hasznos mikroorganizmusok mellett gombaházi kártevők és opportunista humán fertőzéseket okozni képes fajok is előfordulnak. Eredményeink alapján a 60, ITS-szekvenciák alapján korábban *T. harzianum*-ként azonosított izolátum és a 4 általunk izolált, THSC-hez tartozó törzs csupán 30%-a tartozik valójában ehhez a fajhoz. A többi izolátum a *T. afroharzianum*, *T. simile*, *T. guizhouense* és *T. breve* fajok képviselőinek bizonyult. Mindemellett iráni mintákból nagy számban kerültek elő egy, eddig még le nem írt *Trichoderma* fajt reprezentáló izolátumok, melyek a filogenetikai fán egy klaszterbe rendeződtek. Feltehetően új fajról van szó, melynek leírása további vizsgálat tárgyát képezi. A *tefla*- és *rpb2*-szekvenciák alapján generált filogenetikai fa nagymértékű hasonlóságot mutat korábbi munkákban közölt eredményekkel. Eredményeink alátámasztják, hogy a THSC fajainak megfelelő azonosításához több genetikai markerszekvencia együttes elemzése szükséges. Adataink arra is rámutatnak, hogy az egyes területekről izolált törzsek faji megoszlása eltérő, ami térbeli izoláltságukkal, vagy a növénykultúrából adódó mikroökoszisztémák különbségeivel magyarázható.

Az azonosítás után a törzseket úgy választottuk ki, hogy szintetikus közösség formájában számos elvárásnak (növényi kórokozók elleni biológiai védekezésre való képesség, növények növekedésének elősegítése IAA-termelés révén, tápanyagfeltárás foszformobilizáció, nitrogénfixáláson és poliszacharid-lebontáson keresztül) megfeleljenek. A *Trichoderma ghanense* SZMC 25217 törzset extracelluláris enzimaktivitásai alapján poliszacharidok biológiai lebontására és foszformobilizálására választottuk ki. Bár a kitint lebontó enzimaktivitás számos mikroorganizmus biokontroll aktivitásával korrelálhat, vizsgálatainkban ilyen korrelációt nem tapasztaltunk, mivel a *Trichoderma* törzsek biokontroll indexei és kitinbontó enzimaktivitásai között csupán 0,28-os  $R^2$  értéket kaptunk. A THSC-be tartozó *Trichoderma afroharzianum* SZMC 25231 törzs növénykórokozó fonalagombák elleni biológiai védekezésre lett szelektálva, mivel ígéretes *in vitro* antagonizmust mutatott növényi kórokozóként ismert gombafajok vizsgált törzseivel szemben. A vizsgált baktériumok közül a *Bacillus velezensis* SZMC 24986 törzs gátolta a legjobban a 9 vizsgált, növénykórokozóként ismert gombafaj legtöbb törzsét, ezért biokontroll célokra ez a mikroorganizmus is kiválasztásra került. Ez a törzs hatékony biokontroll tulajdonságai mellett foszformobilizáló képességet is mutatott, valamint sziderofórok termelésére is képesnek bizonyult. A nitrogénmentes táptalajon a leggyorsabb növekedést mutató *Arthrobacter globiformis* SZMC 25081 törzset potenciális nitrogénkötő képességgel rendelkező komponensként választottuk ki. A *Pseudomonas resinovorans* SZMC 25872 törzset azért választottuk, mert képes IAA-t termelni és foszfort mobilizálni, amit a teljes genom szekvenciájának elemzése során kimutatott *aldA*, *tso*, *pqqB*, *pqqC* és *pqqE* gének jelenléte is alátámaszt. Növénynövekedést serkentő tulajdonságát kutatócsoportunk korábbi adatai is alátámasztják, sziderofórtermelő képessége révén pedig hatékony kompetíciós partnere is lehet más mikroorganizmusoknak a talajban.

Teszteltük a kiválasztott törzsek pH- és hőmérsékletfüggését, valamint sóstresszel és fungicidekkel szembeni toleranciáját. Az említett hatások nagymértékben befolyásolhatják a kijuttatott mikroorganizmusok mezőgazdasági környezetben történő túlélését. A *T. ghanense* SZMC 25217 törzs 35-40 °C-on is növekedést mutatott, ami hozzájárulhat a mikroorganizmus nyári, meleg időszakban történő használatához is. A *T.*

*afroharzianum* SZMC 25231 törzs magasabb pH-értéken is képes volt növekedni, ami hozzájárulhat a túléléséhez lúgos kémhatású talajok esetében is. Az integrált növényvédelem (IPM) egy széles körben alkalmazott stratégia a modern mezőgazdaságban. A kiválasztott *T. ghanense* SZMC 25217, *T. afroharzianum* SZMC 25231 és *P. resinovorans* SZMC 25872 törzsek különböző típusú mezőgazdasági peszticidekkel szembeni toleranciáját vizsgáló tesztek eredményei arra utalnak, hogy az IPM keretein belül kémiai növényvédő szerekkel kombinálhatók.

A kiválasztott törzseket két egymást követő évben batáta kezelésére használtuk szántóföldi kísérletekben. Eredményeink alapján a kezelt növények átlagos gyökérgumómérete és az egy növényre jutó termésmennyiség a műtrágyával nem kezelt és műtrágyázott kontrollokhoz képest egyaránt magasabb a kezelt csoportok esetében. Amikor a batáta dugványait a készítményben áztattuk, és a növények később utókezelést is kaptak, az átlagos gumóméret és a növényenkénti termésmennyiség is szignifikánsan nagyobb volt, mint a kezeletlen kontroll esetében. Kiderült továbbá, hogy a batátatermesztés kemény és laza talajon is hatékonyan kivitelezhető. Eltekintve attól, hogy különböző évek adatairól van szó, kemény talajon, műtrágyázás nélkül is magasabb terméshozamot értünk el, mint a csepegtető rendszerrel trágyázott laza talajon. Ennek egyik lehetséges oka a talaj magas természetes tápanyagtartalma, amely így jobban támogatja a növények fejlődését, mint a homoktalaj, másik lehetséges magyarázata pedig a mikroorganizmusok magasabb aktivitása a kemény talaj körülményei között.

Tudomásunk szerint ez az első beszámoló egy gombákat és baktériumokat egyaránt tartalmazó készítmény batátatermesztésben történt sikeres alkalmazásáról. A termésmenyeskedési adatok arra utalnak, hogy a szintetikus mikroorganizmus-közösségek alkalmazása ígéretes stratégia a batáta hatékony biológiai termesztésére.

A dolgozat legfontosabb eredményei a következők:

- A Magyarország-Szerbia határvidék mezőgazdasági talajaiból 7 *Trichoderma* és 39 baktériumtörzs izolálására és molekuláris markerekkel történő azonosítására került sor.

- 64 mezőgazdasági mintából izolált, *Trichoderma harzianum* fajkomplexumba tartozó törzs multilokusz-szekvenciátípezálással történő vizsgálatával kimutattuk, hogy a korábban ITS-szekvenciák analízisével *T. harzianum* fajnak meghatározott törzsek csupán 30%-a tartozik valóban ehhez a fajhoz, a többi törzs a *T. afroharzianum*, *T. simile*, *T. breve* és *T. guizhouense* fajok képviselője.
- Iráni mintákból kimutattunk egy új, eddig még le nem írt *Trichoderma* fajt.
- Kimutattuk, hogy az általunk szelektált *T. afroharzianum* SZMC 25231 törzs *tefl*-genotípusa különbözik a közelmúltban kukoricakártevőként leírt *T. afroharzianum* törzsekétől.
- Adatokat gyűjtöttünk az izolált mikroorganizmusok abiotikus stresszfaktorokkal szemben mutatott ellenálló képességéről.
- Felmértük az izolált *Trichoderma* törzsek cellulózbontó és foszformobilizáló enzimaktivitásait, növénypatogén fonalas gombákkal szemben mutatott biokontroll képességeit és sziderofór-termelését.
- Kimutattuk a feltételezett nitrogénfixáló baktériumok nitrogénmentes táptalajon mutatott növekedését, a *Bacillus* törzsek növénypatogén fonalas gombákkal szemben mutatott biokontroll tulajdonságait, valamint *Ensifer* és *Pseudomonas* törzsek indol-3-ecetsav termelését.
- A *P. resinovorans* SZMC 25872 törzs teljes genomszekvenciájának elemzésével kimutattuk az *aldA* és *tso* géneket, melyeknek az IAA termelésében, illetve a *pqqB*, *pqqC* és *pqqE* géneket, melyeknek a foszfor mobilizációjában lehet szerepe.
- Vizsgálataink eredményei alapján kiválasztottuk a *T. afroharzianum* SZMC 25231, *T. ghanense* SZMC 25217, *B. velezensis* SZMC 24986, *A. globiformis* SZMC 25081 és *P. resinovorans* SZMC 25872 törzseket egy talajoltó készítmény összeállításának céljára.
- Elsőként teszteltünk többkomponensű mikrobiológiai készítményt batátatermesztésben, ami két egymást követő évben egyaránt pozitív hatást eredményezett.
- Kimutattuk, hogy a készítmény laza és kötött talajon egyaránt hatékony.



## Summary

As a result of our research, we assembled and tested a microbial community, consisting of two fungal (*T. ghanense* SZMC 25217, *T. afroharzianum* SZMC 25231) and three bacterial strains (*B. velezensis* SZMC 24986, *A. globiformis* SZMC 25081, *P. resinovorans* SZMC 25872) for the treatment of sweet potatoes. The strains were isolated from the agricultural soils of the Hungary-Serbia border region from carrot, sweet potato, tomato and pepper crops. A total of 7 *Trichoderma* and 39 bacterial strains were isolated and identified using molecular biological markers.

Along with 60 other agricultural isolates previously identified as *T. harzianum*, the isolated *Trichoderma* strains were included in a study on the biodiversity of the genus, with special focus on the *Trichoderma harzianum* species complex (THSC). Members of this group include species that can be applied for agricultural purposes, but also harmful species causing green mould disease in mushroom cultivation and opportunistic infections in humans. Our results revealed that only 30% of the 60 strains previously identified as *T. harzianum* based on ITS sequences actually belong to this species. The other isolates belong to the species *T. afroharzianum*, *T. simile*, *T. guizhouense* and *T. breve*. In addition, a high number of isolates deriving from Iranian samples proved to belong to a new, yet undescribed *Trichoderma* species. The description of this new species will be the subject of further investigations. The phylogenetic tree generated based on *tefla* and *rpb2* sequences showed a high degree of similarity with previously published data. We also confirmed that multilocus sequence typing (MLST), *i.e.*, the analysis of multiple genetic marker sequences is necessary for the proper identification of THSC members. Our data also show that the composition of the species isolated from each area is different. This may be due to their physical isolation or microenvironmental differences resulting from the plant culture.

After identification, strains were selected to meet a set of expectations - biological control of plant pathogens, promotion of plant growth through indole acetic acid (IAA)

production, nutrient exploration through phosphorus mobilization, nitrogen fixation and polysaccharide degradation - in order to assemble a synthetic community. The strain *Trichoderma ghanense* SZMC 25217 was selected based on its extracellular enzyme activities for the biological degradation of polysaccharides and the mobilization of phosphorus. Although the chitin-degrading enzyme activity can be correlated with the biocontrol activity of many microorganisms, we did not experience such a correlation, as we obtained an  $R^2$  value of only 0.28 between the biocontrol indices and chitin-degrading activities of the *Trichoderma* strains. *Trichoderma afroharzianum* SZMC 25231 was selected for biological control against plant pathogenic filamentous fungi. This THSC member showed promising *in vitro* antagonism against the tested strains of fungal species known as plant pathogens. *Bacillus velezensis* SZMC 24986 proved to be the best to inhibit most strains of the 9 investigated fungal species known as plant pathogens and was also capable of producing siderophores, therefore, this microorganism was also selected for biocontrol purposes. In addition to its effective biocontrol properties, *B. velezensis* SZMC 24986 also showed phosphorus mobilization ability. *Arthrobacter globiformis* SZMC 25081 showed the fastest growth on nitrogen-free medium, therefore it was selected as a component with potential nitrogen-fixing capacity. *Pseudomonas resinovorans* SZMC 25872 was chosen because it can produce IAA, which is supported by the *AldA*, *tso*, *pqqB*, *pqqC* and *pqqE* genes detected during the analysis of its whole genome sequence. The plant growth stimulating properties of this strain are also supported by previous results of our research group. furthermore, it can be an effective competitor of other microorganisms in the soil due to its siderophore production.

We tested the pH- and temperature dependence, and the tolerance of the selected strains to salt stress and fungicides. The mentioned factors can greatly affect the survival of the applied microorganisms in the agricultural environment. *T. ghanense* SZMC 25217 showed growth at 35-40 °C, which may contribute to the use of this fungus even in soils with higher temperature. *T. afroharzianum* SZMC 25231 was able to grow at the higher pH values of 7 and 8, which may contribute to its survival even in alkaline soils. Integrated pest management (IPM) is a widely used strategy in modern agriculture. The results of tests examining the tolerance of the selected *T. ghanense* SZMC 25217, *T.*

*afroharzianum* SZMC 25231 and *P. resinovorans* SZMC 25872 strains to different types of agricultural pesticides indicate that they can be combined with chemical pesticides within the framework of IPM.

The selected strains were used for sweet potato treatment in field experiments during two consecutive years. Our results showed that the average storage root size and the amount of storage root per plant of the treated plants are both higher in the treated groups compared to the untreated control. In the case where the sweet potato cuttings were soaked at planting and the plants later received a post-treatment as well, the average tuber size and the yield per plant were significantly higher than in the case of the untreated control. It also turned out that sweet potato can be cultivated effectively on both hard and loose soil. Beside the fact that we are talking about data from different years, we achieved a higher yield on hard soil, even without artificial fertilization, than on loose soil fertilized with the drip system. One of the possible reasons for this is the high natural nutrient content of the hard soil, which thus supports the development of plants better than sandy soil. Another explanation could be the higher activity of microorganisms under hard soil conditions.

To the best of our knowledge, this is the first report on the successful use of a consortium containing both fungi and bacteria in sweet potato cultivation. Yield-growth data suggest that the use of synthetic microbial consortia is a promising strategy for efficient biological cultivation of sweet potato.

The main results of the thesis are as follows:

- 7 *Trichoderma* and 39 bacterial strains were isolated from the agricultural soils of the Hungary-Serbia border region, and identified based on molecular marker sequences.
- With the multilocus sequence typing of 64 *Trichoderma* strains from the *Trichoderma harzianum* species complex we have shown that only 30% of the strains previously identified as *T. harzianum* based on the analysis of ITS sequences actually belong to this species, the other strains belong to the *T. afroharzianum*, *T. simile*, *T. breve* and *T. guizhouense* species.

- We detected a new, yet undescribed *Trichoderma* species from Iranian samples.
- We showed that the *T. afroharzianum* SZMC 25231 strain we selected has a *tefla* genotype different from the genotype of *T. afroharzianum* strains recently described as maize pathogens.
- We collected data about the resistance of the isolated microorganisms to abiotic stress factors.
- We surveyed the enzyme activities, the biocontrol abilities against plant pathogenic filamentous fungi and the siderophore production of the isolated *Trichoderma* strains.
- We determined the growth of potential nitrogen-fixing bacteria on nitrogen-free medium, the biocontrol properties of *Bacillus* strains against plant pathogenic filamentous fungi, and the indole-3-acetic acid production of *Ensifer* and *Pseudomonas* strains.
- With whole genome sequence analysis of the *P. resinovorans* SZMC 25872 strain we detected the *aldA* and *tso* genes which may play a role in the production of IAA, and the *pqqB*, *pqqC* and *pqqE* genes, which may play a role in the mobilization of phosphorus.
- We proved that the *P. resinovorans* SZMC 25872, *T. afroharzianum* SZMC 25231 and *T. ghanense* SZMC 25217 strains have the potential to be used in integrated pest management.
- Based on the results of our studies we selected the *T. afroharzianum* SZMC 25231, *T. ghanense* SZMC 25217, *B. velezensis* SZMC 24986, *A. globiformis* SZMC 25081 and *P. resinovorans* SZMC 25872 strains for the assembly of a soil inoculant.
- We firstly tested a multi-component microbiological preparation in sweet potato cultivation, which resulted in a positive effect in two consecutive years.
- We have shown that the product is effective on both loose and compact soil types.

## Publikációk:

### 1. A doktori eljárás alapját képező 2 db közlemény

Nagy, V. D., Zhumakayev, A., Vörös, M., Bordé, Á., Szarvas, A., Szűcs, A., Kocsubé, S., Jakab, P., Monostori, T., Skribic, B. D., Mohai, E., Hatvani, L., Vágvölgyi, C. and Kredics, L. (2023). Development of a Multicomponent Microbiological Soil Inoculant and Its Performance in Sweet Potato Cultivation. *Microorganisms*, 11(4), 914. doi.: <https://doi.org/10.3390/microorganisms11040914>

Allaga, H., Bóka, B., Poór, P., Nagy, V. D., Szűcs, A., Stankovics, I., Takó, M., Manczinger, L., Vágvölgyi, C., Kredics, L. and Körmöczi, P. (2020). A Composite Bioinoculant Based on the Combined Application of Beneficial Bacteria and Fungi. *Agronomy*, 10(2), 220. doi.: <https://doi.org/10.3390/agronomy10020220>

### 2. Referált folyóiratban megjelent közlemények

Nagy, V. D., Zhumakayev, A., Vörös, M., Bordé, Á., Szarvas, A., Szűcs, A., Kocsubé, S., Jakab, P., Monostori, T., Skribic, B. D., Mohai, E., Hatvani, L., Vágvölgyi, C. and Kredics, L. (2023). Development of a Multicomponent Microbiological Soil Inoculant and Its Performance in Sweet Potato Cultivation. *Microorganisms*, 11(4), 914. doi.: <https://doi.org/10.3390/microorganisms11040914> **IF: 4,500**

Allaga, H., Bóka, B., Poór, P., Nagy, V. D., Szűcs, A., Stankovics, I., Takó, M., Manczinger, L., Vágvölgyi, C., Kredics, L. and Körmöczi, P. (2020). A Composite Bioinoculant Based on the Combined Application of Beneficial Bacteria and Fungi. *Agronomy*, 10(2), 220. doi.: <https://doi.org/10.3390/agronomy10020220> **IF: 3,417**

Kredics, L., Chen, L., Kedves, O., Büchner, R., Hatvani, L., Allaga, H., Nagy, V. D., Khaled, J. M., Alharbi, N. S. and Vágvölgyi, C. (2018). Molecular Tools for Monitoring *Trichoderma* in Agricultural Environments. *Frontiers in Microbiology*, 9, 1599. doi.: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.01599> **IF: 4,259**

Kedves, O., Shahab, D., Champramary, S., Chen, L., Indic, B., Bóka, B., Nagy, V. D., Vágvölgyi, C., Kredics, L. and Sipos, G. (2021). Epidemiology, Biotic Interactions and Biological Control of Armillarioids in the Northern Hemisphere. *Pathogens*, 10(1), 76. doi.: <https://doi.org/10.3390/pathogens10010076> **IF: 4,531**

Chen, L., Bóka, B., Kedves, O., Nagy, V. D., Szűcs, A., Champramary, S., Rozsik, R., Patocska, Z., Münsterkötter, M., Huynh, T., Indic, B., Vágvölgyi, C., Sipos, G. and Kredics, L. (2019). Towards the Biological Control of Devastating Forest Pathogens from

the Genus *Armillaria*. *Forests*, 10(11), 1013. doi.: <https://doi.org/10.3390/f10111013> **IF: 2,221**

Kredics, L., Manczinger, L., **Nagy, V. D.**, Vágvolgyi, C., és Körmöczi, P. (2018). Gomba Gombának Farkasa: Trichoderma-alapú Mikofungicidok a Biológiai Védekezésben. *BIOKULTÚRA*, 29(1-2), 26-28. URL.: <http://publicatio.bibl.u-zegeed.hu/id/eprint/13529>

### 3. Egyéb szakmai anyagok

Allaga, H. (Szerkesztő), Balázs, D. K. (Szerkesztő), Olivér, J. (Szerkesztő), Kovács, T. (Szerkesztő), **Nagy, V. D.** (Szerkesztő). (2022) Természettudományok Helyzete Hazánkban: Egyetemtől a Munkaerőpiacig Workshop: Absztraktfüzet Baja, Magyarország: Doktoranduszok Országos Szövetsége (DOSZ) ISBN: 9786158205436

Chen, L., Shahab, D., Kedves, O., Champramary, S., Indic, B., **Nagy, V. D.**, Vágvolgyi, C., Kredics, L. és Sipos, G. (2021). Armillarioid Root Rot Invasion: Possibilities of Silvicultural and Chemical Control. *Hardwood Conference Proceedings*, 9<sup>TH</sup> HARDWOOD PROCEEDINGS: PART II pp. 90-97., 8 p.

Kredics, L., Körmöczi, P., Bóka, B., Racic, G., Kedves, O., **Nagy, V. D.**, Chen, L., Hatvani, L., Szekeres, A. és Sipos, G., Pankovic, D. és Vágvolgyi, C. (2018). Development of Biocontrol Strategies Based on Antagonistic *Trichoderma* Strains. 16<sup>th</sup> Wellmann International Scientific Conference "Hello Modern Agriculture!" pp. 11-12.

Kredics, L., Chen, L., Kedves, O., Büchner, R., Hatvani, L., Allaga, H., **Nagy, V. D.**, Racic, G., Pankovic, D., Skribic, B. és Vágvolgyi, C. (2018). Monitoring Biocontrol Microorganisms in Agricultural Environments: *Trichoderma* in the Spotlight. A 20<sup>th</sup> Danube-Kris-Mures-Tisa (DKMT) Euroregion Conference on Environment and Health, 55, 48-49., 2p.

Bóka, B., Sipos, G., Marik, T., Jakab, J., Imre, V., Chen, L., Kedves, O., **Nagy, V. D.**, Allaga, H., Kredics, L. és Vágvolgyi, C. (2017). Rhizomorph-Associated Microbiome as a Potential Source of Biocontrol Agents Against *Armillaria* Root Rot. *Woody Root 7: 7<sup>th</sup> International Symposium on Physiological Processes in Roots of Woody Plants*, 114, 86.

Vágvolgyi, C., Bóka, B., Sipos, G., Jakab, J., Imre, V., Marik, T., Kedves, O., Chen, L., Allaga, H., **Nagy, V. D.**, Khaled, J. M., Alharbi, N. S. és Kredics, L. (2017). Screening of Rhizomorph-associated Soil Samples for Potential Biocontrol Agents Against Forest-Damaging *Armillaria* Species. 19<sup>th</sup> DKMT Euroregional Conference on Environment and Health, 65, 55p.

**Nagy, V. D.**, Marik, T., Bóka, B., Takó, M., Szabó, S., Tarnai, G., Vágvolgyi, C. és Kredics, L. (2017). A BioGO Talajoltó Készítmény *Trichoderma* Komponenseinek Extracelluláris Poliszacharid-bontó és Foszfátáz Aktivitásai - Extracellular Polysaccharide-Degrading and Phosphatase Activities of the *Trichoderma* Components Included in the BioGO Soil Inoculant. *MIKOLÓGIAI KÖZLEMÉNYEK-CLUSIANA*, 56:1, 121-123, 3p.

Sipos, G., Kredics, L., Chen, L., Sahu, N., Prasanna, A., Champramary, S., Kedves, O., Indic, B., Raj, G., Nyikos, B. R., Huyn, T., Kocsubé, S., Vörös, M., Marik, T., **Nagy, V. D.**, Szekeres, A., Münsterkötter, M., Bencsik-Bóka, B., Szűcs, A., Tyagi, C., Merényi, Z., Vágvolgyi, C., és Nagy, L. (2021). Az Erdészeti Kártevő *Armillaria* (tuskógomba) Nemzetség Patológiája és a Biológiai Védekezés Lehetőségei. *Soproni Egyetem Kiadó*. URL.: <http://publicatio.bibl.u-szeged.hu/id/eprint/23025>

**Kumulatív impakt faktor: 18,928**

**MTMT azonosító: 10060682**

## Társszerzői nyilatkozat

Kijelentem, hogy Nagy Viktor Dávid szerepe meghatározó volt az

**Nagy, V. D.**, Zhumakayev, A., Vörös, M., Bordé, Á., Szarvas, A., Szűcs, A., Kocsubé, S., Jakab, P., Monostori, T., Skribic, B. D., Mohai, E., Hatvani, L., Vágvölgyi, C. and Kredics, L. (2023). Development of a Multicomponent Microbiological Soil Inoculant and Its Performance in Sweet Potato Cultivation. *Microorganisms*, 11(4), 914. doi.: <https://doi.org/10.3390/microorganisms11040914>

és

Allaga, H., Bóka, B., Poór, P., **Nagy, V. D.**, Szűcs, A., Stankovics, I., Takó, M., Manczinger, L., Vágvölgyi, C., Kredics, L. and Körmöczi, P. (2020). A Composite Bioinoculant Based on the Combined Application of Beneficial Bacteria and Fungi. *Agronomy*, 10(2), 220. doi.: <https://doi.org/10.3390/agronomy10020220>

címmel megjelent közleményekben. Az értekezésben közölt eredményeket tudományos fokozat (Ph.D.) megszerzésére nem használtuk fel és ezt a jövőben sem fogjuk tenni.

Szeged, 2024. 01. 29.

.....  
Prof. Dr. Vágvölgyi Csaba  
Tanszékvezető

.....  
Dr. Kredics László  
Témavezető