

SZAKDOLGOZAT

Dredor Dominik
természetvédelmi mérnöki szak

Gödöllő

2025

**Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem
Szent István Campus
Természetvédelmi mérnöki Szak**



**GYERTYÁNON ÉLŐ ÉLESZTŐGOMBÁS
NYÁLKAFOLYÁSOK VIZSGÁLATA A MÁTRÁBAN**

Belső konzulens: Dr. Alföldi Zoltán Péter
egyetemi docens

Külső konzulens: Dr. Geml József
tudományos tanácsadó

Készítette: Dredor Dominik
DLNZH1

természetvédelmi mérnöki szak, levelező

Intézet/Tanszék: Vadgazdálkodási és
Természetvédelmi Intézet,
Természetvédelmi Biológia Tanszék

Gödöllő

2025

Tartalomjegyzék

1. Bevezetés és célkitűzések.....	3
1.1. Bevezetés.....	3
1.2. Célkitűzések.....	3
2. Szakirodalmi áttekintés.....	5
2.1. A gyertyán (<i>Carpinus betulus</i> L. 1753), mint szubsztrátum ismertetése.....	5
2.2. A <i>Tausonia pullulans</i> (Lindner) Xin Zhan Liu, F.Y.Bai, M.Groenew. & Boekhout 2015 gombafaj jellemzése.....	7
2.3. A <i>Phaffia rhodozyma</i> M.W.Mill., Yoney. & Soneda 1976 gombafaj jellemzése.....	8
2.4. Gombák molekuláris genetikai vizsgálatai.....	9
2.5. Az akusztikus tomográfia vizsgálati módszere.....	9
3. A vizsgálatok módszerei.....	11
3.1. Terepi mintavételezés.....	11
3.2. A vizsgált gombák élőhelyének leírása.....	11
3.3. Molekuláris genetikai vizsgálatok.....	13
3.4. Terepi vizsgálat akusztikus tomográffal.....	15
4. Eredmények és értékelésük.....	17
4.1. A genetikai vizsgálat eredményei.....	17
4.2. Az akusztikus tomográfias vizsgálat eredményei.....	17
4.3. Új fungisztikai eredmény.....	19
4.4. A kutatások kiterjesztése és további lehetőségei.....	19
5. Következtetések és javaslatok.....	21
5.1. A nyálkafolyást okozó gombafajok pontos meghatározásának problémái.....	21
5.2. Természet- és erdővédelmi következtetések.....	23
6. Összefoglalás.....	25

7. Irodalom.....	26
8. Ábrák és táblázatok jegyzéke.....	33
9. Mellékletek.....	34
9.1. 1. Melléklet. A 12-es számú minta szekvenciája.....	34
9.2. 2. Melléklet. A 14-es számú minta szekvenciája.....	35
9.3. 3. Melléklet. A 12-es minta szekvenciájának lefuttatása után kapott eredmény az NCBI adatbázisában.....	37
9.4. 4. Melléklet. A 14-es minta szekvenciájának lefuttatása után kapott eredmény az NCBI adatbázisában.....	40
9.5. 5. Melléklet. A 12-es minta Unite-PlutoF adatbázisban történő ellenőrzésének eredménye.....	43
10. Konzulensi nyilatkozat.....	44
11. Hallgatói nyilatkozat.....	45

1. Bevezetés és célkitűzések

„Ha valami nem nehéz, akkor az biztosan nem egy gomba” – Rolf Singer (1906-1994)
(Mueller 1994)

1.1. Bevezetés

A XX. században több neves, magyarországi és nemzetközi viszonylatban is elismert mikológus foglalkozott mikroszkopikus gombákkal, és számos adatközlő cikk született, olykor különleges, ritkán kutatott élőhelyekről, vagy korábban jelentéktelennek vélt fajokról. Ilyen közlemények például, a teljesség igénye nélkül Moesz (1938, 1941), Bánhegyi (1944), Ubrizsy (1967), Vörös (1969), és Tóth (1975) munkái. Rajtuk kívül még több mikológus munkássága révén és külföldi szakkikkek feldolgozásával több értékes monográfia született meg, mint például a Magyarország mikroszkopikus gombáinak határozókönyve (Bánhegyi et al. 1985) vagy a Mezőgazdasági mykologia (Ubrizsy & Vörös 1968), és több növénykórtani határozókönyv, mint például Ubrizsy (1952) és Ubrizsy (1965) melyek megadják a mai kutatások alapját, kiindulási pontját.

A XXI. században kiemelkedőek Vágvölgyi Csaba csoportjának mikrogombákkal végzett, elsősorban humánegészségügyi és alkalmazott mikológiai kutatási eredményei (Antal et al. 2005, Sajben-Nagy et al. 2012). Mindezek kiegészítése ökológiai kutatásokkal különösen indokolt. A DNS-meghatározáson alapuló vizsgálatokban Dima Bálint és munkatársai kutatásai jelentősek, akik számos nagygomba taxon revízióját elvégezték, új fajokat írtak le és hozzájárultak a gombarendszertan még pontosabb elkészítéséhez (Antonín et al. 2014, Dima 2019).

Az elmúlt évtizedekben hazánkban mind a hagyományos adatközlő, mind a modern, DNS-meghatározáson alapuló vizsgálatok nagyrészen elkerülték a mikrogombákat, azon belül is a bazídiomos élesztőgombákat. Ezért az ezen a területen végzett kutatások különösen aktuálisak, mert a mai modern molekuláris vizsgálati módszerekkel még többet meg lehet tudni ezen élőlények magyarországi helyzetéről, ökológiai szerepéről, és bővíthető a hazánkban leírt fajok száma is, és a fajok meghatározásával új adatokat lehet szolgáltatni a hazai fungához.

1.2. Célkitűzések

Tavasszal, március végén-április elején megindul a fásszárú növényekben a nedvkeringés (Juhász 1971). Ekkor gyakran láthatók a fák törzsén narancssárga színű nyálkafolyások,

bevonatok, melyekben gomba- és baktériumfajok élnek (Haracsi 1969), amelyekről azonban nagyon korlátozott ismereteink vannak. Ezeket a narancssárga nyálkafolyásokat leggyakrabban gyertyánon (*Carpinus betulus* L. 1753) figyeltem meg, de előfordult fehér fűzön (*Salix alba* Crawford 1914) és bibircses nyíren (*Betula pendula* Roth 1788) is.

Munkám célja a tavaszi hónapokban fásszárú növényeken előforduló élesztőgombás narancssárga folyások vizsgálata. Kutatásaim során az alábbi célokat tűztem ki:

- az nyálkafolyásban előforduló gombafajok azonosítása DNS-meghatározáson alapuló módszerrel,
- az adatok értékelése természetvédelmi-erdészeti szempontból, és a detektált gombafajoknak társadalmi vagy gyakorlati jelentőségének megállapítása,
- annak vizsgálata, hogy a gombafajok milyen esetleges károkat okoznak a fákban,
- annak vizsgálata, hogy szükséges-e ezek ellen védekezni, vagy csak a nedvfolyásokon megtelepedő gombafajról van szó, mely a fától alapvetően független,
- az akusztikus tomográfiának, mint a gyakorlatban jól működő nondestruktív vizsgálati módszernek az alkalmazása.
- tisztázni a fajok biztonságos meghatározásának lehetséges módjait,
- az eddigi szakirodalom áttekintése, különös tekintettel a hazai viszonyokra,
- a szakirodalmi fajlista bővítése az általam detektált új előfordulási adatokkal.

2. Szakirodalmi áttekintés

2.1. A gyertyán (*Carpinus betulus* L. 1753), mint szubsztrátum ismertetése

A közönséges gyertyán (*C. betulus*) a növények (*Plantae*) országába, a szövetes növények törzsébe (*Tracheophyta*), a kétszikűek osztályába (*Magnoliopsida*), a bükkfavirágúak rendjébe (*Fagales*), és nyírfafélék családjába (*Betulaceae*) és a gyertyán (*Carpinus*) nemzetségbe sorolt faj (GBIF 2023a). Az erdőkben betöltött szerepe kiemelten fontos, mert a legjelentősebb kísérő fafajunk, a főfafajok törzsének árnyalásával biztosítja a kívánatos növekedést (Nagy 2009). A területaránya 5,6% a 2009-es adatok alapján (Nagy 2009). Ökológiai szerepe is kiemelkedő, hiszen stabil, klimax társulásokat képez (Gencsi & Vancsura 1992). Számos társulás névadó faja, mint például a gyertyános kocsánytalan tölgyes, mézskerülő gyertyános tölgyes (Majer 1968). Az elegyes társulásokban való megjelenése mellett találkozhatunk rontott erdőknek minősített elegyetlen állományaival is, melyek az úgynevezett gyertyán-konzociációk vagy elgyertyánosodott tölgyesek, ahol a felső lombkoronaszintben a gyertyán helyettesíti a tölgyet (Nagy 2009).

A gyertyán közép-európai fafaj, Dél-Anglia, a Földközi-tenger, a Dnyeper és Dél-Svédország határolta területeken található. Magyarországon a Dunántúlon és az Északi-középhegységben gyakori (Gencsi & Vancsura 1992, Nagy 2009). Szubatlanti, mezofil faj, páradús klímát igényel, a szárazságot nem tűri, többnyire többletvízhatástól független termőhelyeken jelenik meg vályogos, nem kilúgzott, akár meszes vagy szilikátos talajokon (Gencsi & Vancsura 1992, Nagy 2009). Árnyéktűrő, alacsony fényigényű, maximálisan 25 méteres magasságot elérő fafaj, melynek törzse ormós, gyakran csavarodott (1. ábra), ebből kifolyólag a keresztmetszete sem szabályos, és az évgyűrűk is hullámosak, likacsai szórtan helyezkednek el (Majer et al. 1953, Gencsi & Vancsura 1992). Törzsét sima, szürke kéreg borítja, mely alatt sekélyen futó oldalgökyérzet található. Vesszője zöldes-barnás színűek, vékonyak, paraszemölcsel gyakran borítottak. A vesszőkön váltakozva helyezkednek el az orsó alakú, vesszőhöz simuló végű rügyek, melyekből tojásdad alakú, egyszerű, kéteszeresen fűrészszélű, kiemelkedő erekkel rendelkező levelek fejlődnek ki (Gencsi & Vancsura 1992, Sikkema et al. 2016). Virága egyivarú, márciusban nyílik, melyből háromkaréjú kupacslevélen makkocskatermés fejlődik ki, ami októberre érik be. A magvak elfekvők, az érés utáni tavasszal nem csíráznak ki, csak az azt követő évben (Gencsi & Vancsura 1992, Nagy 2009, Sikkema et al. 2016).

Ektomikorrhiza-képző fajoként a gyertyán kiemelt szerepet tölt be az ökoszisztémában, például a sötét érdestinóru (*Leccinum pseudoscabrum* (Kallenb.) Šutara 1989) csak a gyertyánnal alkot szimbiózist (Ewald et al. 2017). Bár sokféle károsító vagy kórokozó szervezet megtámadhatja, kifejezetten jól regenerálódik, jól sarjad töről, illetve alvó rügyekben is gazdag (Gencsi & Vancsura 1992). Rovarkárosítók közül jellemző a gyertyánkéregszú (*Scolytus carpini* Wood & Bright 1992), gyűrűs szövő vagy gyűrűslepke (*Malacosoma neustria* L. 1758), az aranyfarú szövő (*Euproctis chrysorrhoea* L. 1758) (Fekete 1878).



1. ábra. Gyertyán (*C. betulus*) állománya Gyöngyös-Mátrafüreden (saját fénykép, 2023).

A kórokozók közül a gyökérrothadást okozó tuskógomba (*Armillaria*) nemzetség fajai, különösen a gyűrűs tuskógomba (*Armillaria mellea* (Vahl) P. Kumm. 1871) jelentős (Sikkema et al. 2016), gyakori jelenség a boszorkány- vagy bábaseprőt okozó *Taphrina carpini* (Rostr.) Johanson 1886 megjelenése gyakori (Csorba & Berend 1965). Előfordul még a lisztharmatot okozó *Oidium carpini* Foitzik 1995, a *Nectria cinnabarina* (Tode) Fr. 1849 is, mely egyes ágelhalásokért felelős (Szabó 2003), valamint a rákos megbetegedést előidéző *Nectria galligena* Bres. 1901 is (Györfi & Szilágyi 1959). A jellemző fajok mellett új kórokozók is megjelenhetnek: nemrégiben detektálták Magyarországról és Szlovákiából a *Cryphonectria carpinicola* D. Rigling, T. Cech, Cornejo & L. Beenken, 2020 fajt (Papp et al. 2024a).

Haracsi (1969) leírta, hogy a gyertyánon gyakran előfordulhatnak nyálkafolyások, melyekben sokféle gomba- és baktériumfaj jelenhet meg, azonban azt okozó konkrét faj(oka)t nem

ismertet. Ezek mellett ismert, hogy számos organizmus okoz nyálkafolyásokat, mint például dión a *Brenneria nigrifluens* (Wilson et al. 1957) Hauben et al. 1999 (Algeier 2015), tölgyeken a *Gibbsiella quercinecans* Brady et al. 2011 (Koltay et al. 2022), vagy csertölgyön az *Inonotus nidus-pici* Pilát 1953 (Haracsi 1969). Ritkább esetben abiotikus hatás is állhat a nyálkafolyás hátterében (Szodfridt 1983).

2.2. A *Tausonia pullulans* (Lindner) Xin Zhan Liu, F.Y. Bai, M. Groenew & Boekhout 2015 gombafaj jellemzése

A *T. pullulans* a gombák egy, hazai körülmények között viszonylag ritkán kutatott típusához, a bazídiumos élesztőgombákhoz tartozik. Taxonómiai besorolását tekintve a gombák (*Fungi*) országába, bazídiumos gombák törzsébe (*Basidiomycota*), *Tremellomycetes* osztályba, *Cystofilobasidiales* rendbe, *Mrakiaceae* családba és a *Tausonia* nemzetségbe tartozik (GBIF 2023b). Mycocin termelését Golubev és munkatársai (2002) írták le. Valódi hifákat fejleszt (Deák 1998). Kedveli a hideget, narancssárga színű, eddig leírták levegőből, vajból, fagyasztott húsról és nyers kolbászból (Lerche & Lammers 1955, Bánhegyi et al. 1985), viszont erdő-ökológiai szempontból a fák nyálkafolyásaiban való megjelenése érdekes.

A *T. pullulans* faj gyertyánon való megjelenésére vagy egyáltalán fás szárú növényeken történő előfordulására kettő hazai irodalmi hivatkozást találtam, ahol Oravecz (2001) említi egy ismeretterjesztő leírásban, mint a gyertyánokon (*C. betulus*) és fűzeken (*Salix* spp.) előforduló élesztőgombát, előfordulási és más adatok nélkül, és a Mezőgazdasági és Ipari Mikroorganizmusok Nemzeti Gyűjteményében található egy típuspéldányt gyertyánról izolálva (http1). Külföldről is jelentették már e faj gyertyán szubsztrátumon történő megjelenését, például Zhang és munkatársai (2020) Kínában számoltak be a megjelenéséről. Szinonim neveit, melyek alapján keresést tudtam végezni az irodalomban az 1. táblázatban ismertetem.

1. táblázat: A *Tausonia pullulans* faj szinonim nevei a GBIF (2023b) és a Mycobank adatbázis (http8) alapján.

A <i>Tausonia pullulans</i> faj szinonim nevei a szakirodalomban	
Név	Leíró, év
<i>Basidiotrichosporon pullulans</i>	Kock.-Krat., E.Slávíková & Zemek 1977
<i>Guehomyces pullulans</i>	(Lindner) Fell & Scorzetti 2004
<i>Monilia pullulans</i>	(Lindner) Klöcker 1924
<i>Oospora pullulans</i>	(Lindner) Sacc. & D.Sacc. 1906
<i>Trichosporon fuscans</i>	(Stautz) N.F.Buchw 1931
<i>Trichosporon pullulans</i>	(Lindner) Diddens & Lodder 1942

2.3. A *Phaffia rhodozyma* M.W.Mill., Yoney. & Soneda 1976 gombafaj jellemzése

A *P. rhodozyma* a *T. pullulans* fajjal megegyezően bazídiumos élesztőgomba, azonban gyakorlati jelentősége és kutatottsága nagyobb. Besorolása a következő: a gombák (*Fungi*) országába, bazídiumos gombák törzsébe (*Basidiomycota*), *Tremellomycetes* osztályba, *Cystofilobasidiales* rendbe, *Mrakiaceae* családba és *Phaffia* nemzetségbe tartozik. (GBIF 2023c). A *Phaffia* nemzetség típusfaja (Péter et al. 2017). Valódi gombafonalakat és termőtestet nem képez, pszeudohifái lehetnek (Papp et al. 2024b). Narancssárga megjelenésű, mely asztaxatin (3,3'-dihidroxi- β , β -karotin-4,4'-dion) szintetizálásának köszönhető, ami miatt gazdaságilag jelentősebb gombafaj, és erre a tulajdonságára számos vizsgálat irányult (Johnson 1991, Nagy 1994, Palágyi et al. 1999, Jia 2024). Hidegkedvelő faj, csak alacsony hőmérsékleten tenyésztik (Miller et al. 1976, Pfeiffer & Kucsera 1999).

Az élelmiszeriparban használatos, színezőanyagot vonnak ki belőle (Deák 2005, Deák & Novák 2009), pisztrángok hússzínének javítása érdekében a haltápba keverik (Pénzes 1990). Végeztek a gombafajjal kapcsolatban nemesítési kísérleteket is, melyek a karotinoidtermelés fokozására irányultak (Tóth et al. 2012). A mérsékelt éghajlati övben található meg északon és délen egyaránt (Péter et al. 2017). (Oravecz szerint (2001) Európában és Japánban fordul elő lombhullató fákön, az Egyesült Államok nyugati felén nem található meg. Hazai előfordulásáról Oravecz (2001) és Bánhegyi (1985) sem tesz említést, továbbá a magyarországi gomba-adatközlő cikkekben sem találtam róla adatokat, kizárólag élelmiszeripari, illetve genetikai vonatkozásban. Szinonim neveit, melyek alapján keresést tudtam végezni az irodalomban, a 2. táblázatban ismertetem.

2. táblázat. A *Phaffia rhodozyma* faj szinonim nevei a GBIF (2023c) alapján.

A <i>Phaffia rhodozyma</i> faj szinonim nevei a szakirodalomban	
Név	Leíró, év
<i>Cryptococcus rhodozymus</i>	(M.W.Mill., Yoney. & Soneda) Weijman & Rodr.Mir. 1988
<i>Monilia dendrorhoa</i>	(F. Ludw.) Sacc. & Traverso 1911
<i>Rhodomycetes dendrorhous</i>	F. Ludw., 1891
<i>Rhodozyma montanae</i>	Phaff, M.W. Mill., Yoney. & Soneda 1972
<i>Xanthophyllomyces dendrorhous</i>	Golubev 1995

2.4. Gombák molekuláris genetikai vizsgálatai

A Sanger szekvenálás, vagy más néven láncterminációs szekvenálás, egy molekuláris biológiai technológia, amelyet a DNS bázissorrendjének meghatározására használnak. Frederick Sanger (1977) fejlesztette ki, és azóta széles körben alkalmazzák a genetikai kutatásokban. A módszer lényege, hogy a DNS-t kétféle, normál és fluoreszcens láncvégső nukleotidokkal növelik, amely lehetővé teszi a DNS-szálak különböző hosszúságú fragmentumainak létrehozását (Weaver & Hedrick 2000). A fragmentumokat elektroforézissel választják el, majd a fluoreszcens jelzés segítségével azonosítják a nukleotidokat (http7). A Sanger szekvenálás különösen alkalmas rövid DNS-szekvenciák meghatározására (Hollósi 2001). Bár manapság már léteznek gyorsabb és olcsóbb technikák, de a Sanger szekvenálás továbbra is fontos szerepet játszik a tudományos kutatásokban és a klinikai diagnosztikában, akár a mikológia, akár az orvostudomány területén. Hazánkban is számos kutatócsoport foglalkozik DNS-meghatározáson alapuló vizsgálatokkal.

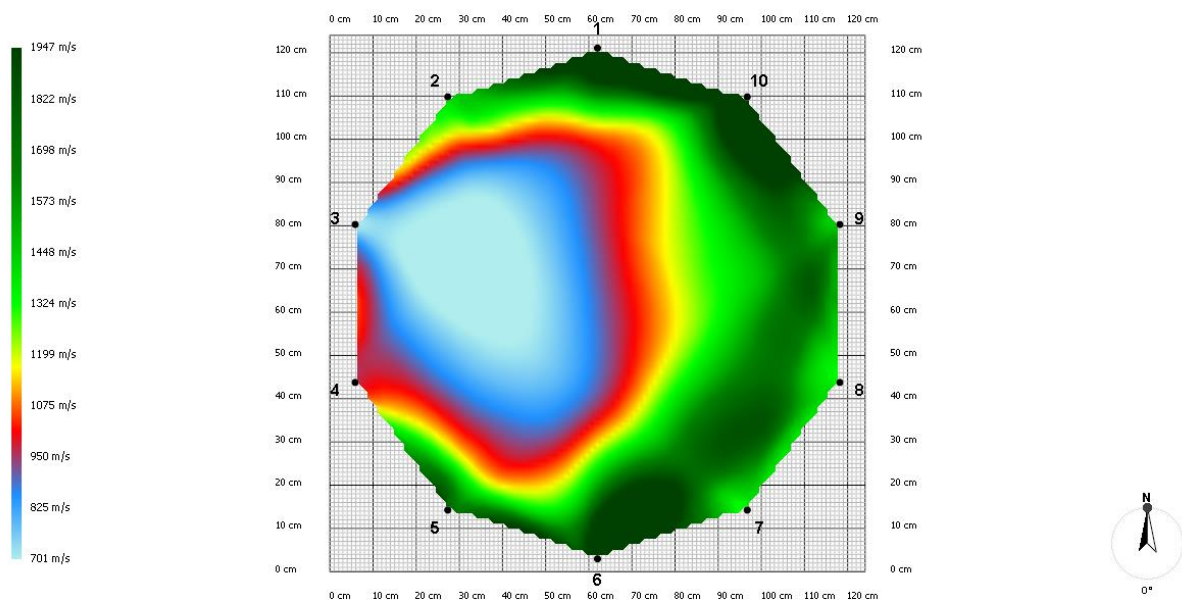
A gombák DNS alapú meghatározása tekintetében több kutatócsoport is kiemelendő. A MTA-EKE Lendület Környezeti Mikrobiom Kutatócsoport, akik többek között elvégezték a Pilisi Üzemmod és Lék Kísérlet (http9) mikrobiom vizsgálatát a gombákra nézve talaj-, kéreg-, levél és mohamintákból (). Folytak kutatások a MATE és az ELTE együttműködésében, Dima Bálint (ELTE) és Papp Viktor (MATE) együttműködésében már számos gombataxon DNS alapú rendszertani revíziója történt meg és több új gombaadatot jelentettek a hazai vagy európai fungára nézve (Papp & Dima 2017, Dima 2020).

2.5. Az akusztikus tomográfia vizsgálati módszere

A tomográfia görög eredetű *tomos* (sík réteg) és *graphein* (írni) szavakból alkotott összetett szó (Buza 2016). Számos típusa van, melyek közül széles körben az orvosi eljárások ismertek, például a számítógépes tomográfia (CT) (Damjanovics et al. 2007). Vannak azonban olyan megoldások, melyekkel roncsolásmentesen fákat lehet vizsgálni. Ilyen nondestruktív módszer az akusztikus tomográfia is, melynek segítségével felmérhetjük egy fában található korhadt részeket, azok korhadásának mértékét és a benne lévő üregeket, kiterjedésüket (Wang et al. 2001, Glibert et al. 2004). Működtetése során a vizsgálandó fába páros számú szenzorokat kell beverni gumikalapáccsal, melyeket össze kell kötni vezetékkel és a feldolgozáshoz alkalmas szoftverrel ellátott számítógéppel vagy okostelefonnal. A szenzorokra kis fémkalapáccsal ütésekkel kell mérni, majd a faanyagban így áthaladó hang sebességéből a szoftver kirajzolja a vizsgált faanyag állapotát (Divós & Szalai 2000, Buza & Divós 2022).

Ötfokozatú színskálán mutatja meg a faanyag egészségi állapotát a kéktől a sötétzöldig (kék: üreg, piros: erős korhadás, sárga: kezdődő korhadás, világoszöld: korhadásmentes, egészséges faanyag, sötét-zöld: nagyon egészséges faanyag) (2. ábra).

Előnye, hogy már azonnal, a terepen látható a fa belső állapota, és így rögtön el is lehet dönteni egy kutatás esetleges további irányát, valamint szükség esetén új méréseket lehet végezni. Egyaránt alkalmazható álló, élő törzseken és építőanyagnak szánt fáknál, kész épületekbe épített fák esetében is (Korenková & Krusinsky 2013, Buza & Divós 2022), valamint technika alkalmas mindenféle erdővédelmi és faanyag-egészségi vizsgálat elvégzésére, például nyálka-folyások vagy szövetburjánzások esetében, de akár rovarok okozta károk feltérképezésére is megfelelő lehet. Természetvédelemben alkalmas lehet védett faegyedek, famatuzsálemek egészségi állapotának ellenőrzésére is.



2. ábra. Az akusztikus tomográf által kirajzolt színskála a faanyag egészségi állapotával egyenes arányosságban (saját fénykép)

3. A vizsgálatok módszerei

3.1. Terepi mintavételezés

A nyálkafolyásos faegyedeket 2022. áprilisában, valamint 2023. márciusában és áprilisában kerestem fel. Ekkor öt helyszínről, két fafaj (gyertyán (*C. betulus*), bibircses nyír (*B. pendula*)) hét egyedéről sikerült mintát venni (3. táblázat). A bibircses nyír esetében nemrég kivágott tuskón, a gyertyánok esetében élő törzsön volt a gomba megtalálható. A mintavételezést 96%-os alkohollal, majd nyílt lánggal fertőtlenített késsel vettem, melyeket steril mintatartó edénybe helyeztem és feliratoztam. Fotódokumentációt készítettem Nikon Coolpix S9700 digitális fényképezőgéppel és terepi naplóba rögzítettem a mintavétel körülményeit, adatait. Az alább fel-sorolt 7 mintából kivont DNS bázissorrendjét sajnos csak 2 minta esetében volt lehetőség meghatározni, így a továbbiakban ezt a 2 mintát mutatom be a dolgozatomban.

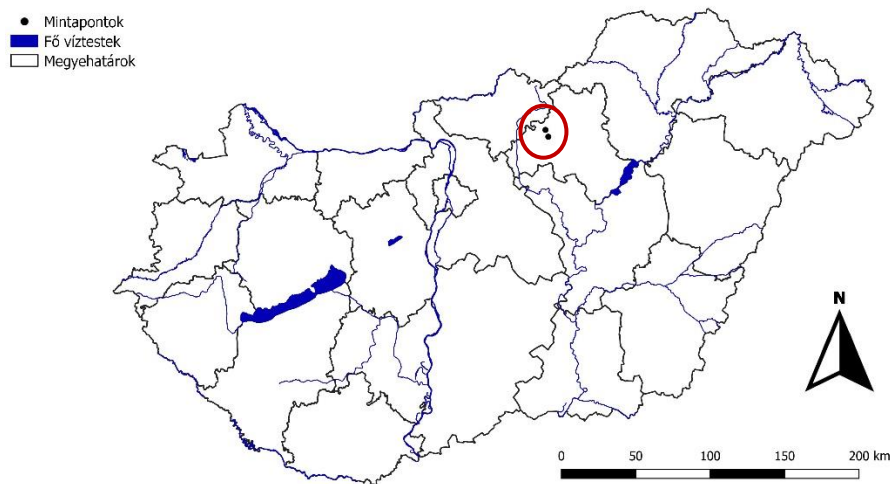
3. táblázat. A mintázott faegyedek faja, a mintavétel ideje, helye és a faegyedszám

Mintaszám	Fafaj	Mintavétel ideje	Mintavétel helye	Faegyedszám
11	Bibircses nyír	2022. 04. 17.	Gyöngyös (47.773869, 19.928113)	1
12	Gyertyán	2023. 03. 25.	Gyöngyös-Mátrafüred (47.824557, 19.976597)	1
14	Gyertyán	2023. 04. 13.	Gyöngyössolymos (47.877861, 19.942956)	2
21	Gyertyán	2023. 04. 20.	Gyöngyöstarján (47.840989, 19.857875)	2
23	Gyertyán	2023. 04. 27.	Szurdokpüspöki (47.840209, 19.722226)	1

3.2. A vizsgált gombák élőhelyének leírása

A terepen begyűjtött gombamintákból a 12-es és 14-es számú minták szekvencia-sorrendjét sikerült megkapnom a szekvenálást végző cégtől. A 12-es számú minta gyűjtőhelye a Heves vármegyei Gyöngyös-Mátrafüreden (3. ábra), a település végén, a Bene-patak hidjának

túloldalán, a Benehát szíjja dűlőhöz vezető út mellett fekszik, még a település belterületén. A mintát gyertyánról (*C. betulus*) gyűjtöttem, igen vegyes társulásból.



3.ábra. A vizsgált minták származási helye (saját szerkesztés, Quantum GIS szoftver)

A nyálkafolyással érintett fa egyik oldalán zártkertekhez vezető földút, másik oldalán gyertyánnal, feketefenyővel (*Pinus nigra* J.F. Arnold 2010) és magas kőrissel (*Fraxinus excelsior* L. 1753) együttesen beültetett mesterséges erdő van. A terület déli irányban enyhe lejtésű, megfelelő vízellátású a közelben (kb. 30 m) folyó Bene-patak miatt. Alapkőzete andezit. Az Általános Nemzeti Élőhely-osztályozási Rendszer (ÁNÉR) szerint az élőhely az RDa kategóriába sorolható, őshonos lombos fafajokkal elegyes fenyves származékerdő (Böloni et al. 2011a).



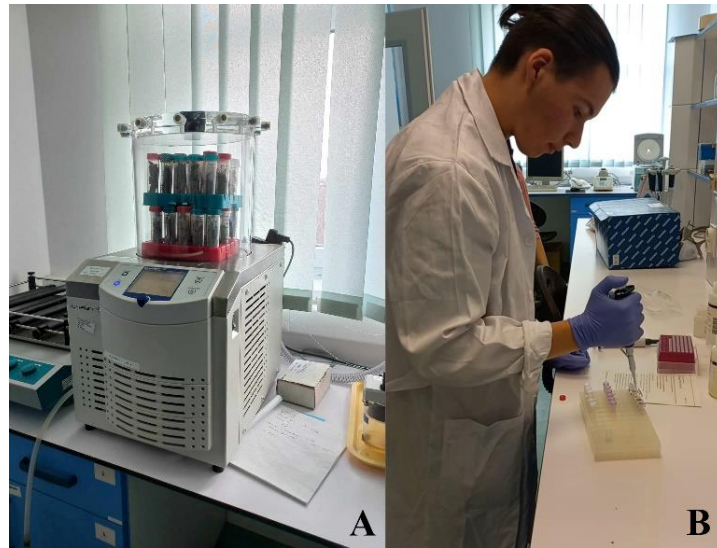
4. ábra. Narancssárga nyálkafolyás gyertyánon (Gyöngyössolymos, 2023; saját fénykép). A 14-es számú minta a Heves vármegyei Gyöngyössolymoson található, annak külterületén (4. ábra), A Szén-patak völgye és a Csórréti-víztározó között fekszik, az 57G erdőrészletben. A mintázott faegyed erdészeti út mellett található, másik oldalról csertölgyet (*Quercus cerris* L. 1753), gyertyánt) és kocsánytalan tölgyet (*Quercus petraea* (Matt.) Liebl. 1784) tartalmazó elegyes erdő áll. Natura 2000 terület, elsődleges rendeltetése kísérleti erdő. A vagyonnevelés az Egererdő Erdészeti Zrt. jogosultsága. Jelenleg a Soproni Egyetem Erdészeti Tudományos Intézet Erdővédelmi Osztálya (SOE ERTI EVO) többféle vizsgálatot végez a területen. Kutatják az erdei vöröshangyák (*Formica rufa* L. 1761) erdővédelmi szerepét (Fűrjes-Mikó 2024, szó-beli közlés), Chauvin-csapdák alkalmazásával (Chauvin 1966), valamint az erdőrészlet az ERTI erdőegészségi állapotfelmérési vizsgálatának (Anonym 1995) egyik mintaterülete (Fűrjes-Mikó 2024, szóbeli közlés). Az előbbi élőhelyhez képest kevésbé zavart, a közelében lévő erdészeti utat szinte csak az Egererdő Zrt., Bükki Nemzeti Park Igazgatóság és a SOE ERTI EVO munkatársai használják. Alapközete andezit, az ÁNÉR besorolása K2, azaz gyertyános-kocsánytalan tölgyes, ahol a leírás szerint a csertölgy előfordulása is jellemző lehet (Bölöni et al. 2011b). Természetvédelmileg kifejezetten értékes terület, több mint 70 bolyból álló erdei vöröshangya-szuperkolónia található itt (Eötvös et al. 2022), melyek minden fészke a 13/2001. (V. 9.) KöM rendelet 5. melléklete alapján védett, természetvédelmi értéke 50.000 forint (http2).

3.3. Molekuláris genetikai vizsgálatok

A minták feldolgozását az Eszterházy Károly Katolikus Egyetemhez tartozó Kutatási és Fejlesztési Központban végeztem, az ott működő, Dr. Geml József vezette ELKH-EKKE Lendület Környezeti Mikrobiom Kutatócsoport segítségével. A munka a minták liofilizálásával kezdődött. A fagyasztva-szárítás célja az volt, hogy a gombák légszárazak legyenek, mert azokkal a későbbiekben úgy könnyebb dolgozni. A műveletet Christ Alpha 1-4 LSc típusú liofilizáló géppel végeztem, a művelet 3 napig tartott (5. ábra).

A DNS kivonását DNeasy plant mini kit típusú DNS-kivonó készlet segítségével tettem meg. Ehhez a már száraz mintákból 20 milligrammot mértem ki Ohaus P124 típusú analitikai mérlegen, majd ezeket steril 1,5 milliliteres Eppendorf-csövekbe helyeztem és feliratoztam. A mintákat ezután -196 Celsius-fokos folyékony nitrogénbe mártottam néhány másodpercre, majd az Eppendorf-csövekbe 3-4 darab steril kisméretű acélgolyót dobtam, és Qiagen Tissue-

lyzer LT típusú szövetroncsoló gépen rázattam 50 Hz-en 5 percig, hogy a minták teljesen össze-törjenek és a DNS könnyebben kivonhatóvá váljon (6. ábra).



5. ábra. A liofilizáló gép működés közben (A), és pipetázás (B), (forrás: Dr. Szmátóna-Túri Tünde képei, saját szerkesztés Adobe Photoshop szoftverrel).

Ezt követően a csövekhez 400 μ l AP1 puffert adtam, majd 30 percig 65 Celsius-fokon melegítettem őket Eppendorf Thermomixer R 1,5 mL típusú melegítőgépben. A ribonukleáz enzim hozzáadását kihagytam, mert előfordulhat, hogy hő hatására a DNS egyszálúvá válik, és akkor ez az enzim elbonthatja, hiszen az RNáz nem csak RNS-t bont, hanem egyszálú nukleotid láncokat (Molnár 2023, szóbeli közlés). Ezután hozzáadtam a B1 puffert, majd 5 percre fagyasztóba helyeztem a mintákat.



6. ábra. A: Folyékony nitrogénbe helyezés után a minták a szövetroncsoló gépbe kerülnek (A). A mikrobiológiai laboratórium munkaasztala (B), (forrás: Dr. Szmátóna-Túri Tünde képei, saját szerkesztés Adobe Photoshop szoftverrel).

A rövid fagyasztás után Hettich Universal 320 típusú készülékben 14.000 fordulat/perc sebességgel centrifugáltam 5 percig a mintákat. Az így kapott anyagot a QIAshredder típusú, lila színű csövébe pipettáztam át (6. ábra), majd újabb centrifugálás következett 2 percig, 14.000 fordulat/perc sebességgel. Utána a DNS-t tartalmazó folyadékot új Eppendorf-csővekbe helyeztem át, majd a térfogata másfélszeresének megfelelő AWI puffert adtam hozzá, és a pipetta segítségével összekevertem, és ezután ebből 650 µl mennyiséget a DNS-kivonó készlet DNeasy Mini spin típusú, fehér színű csövébe helyeztem, és 1 percig 28.000 fordulat/perc sebességgel centrifugáltam. A cső felső részéről a folyadékot („felülúszót”) újabb, 2 milliliteres gyűjtőcsőbe helyeztem át, 500 µl AW2-es puffert adtam hozzá, majd 1 percig 28.000 fordulat/perc sebességgel centrifugáltam újra.

A centrifugálás során összegyűlt folyadékot eltávolítottam, majd 500 µl AW2 puffert adtam hozzá, és 21.538 fordulat/perc (20.000 g) sebességgel 2 percig újra centrifugáltam. A DNS-kivonás utolsó lépéseként 100 µl AE puffert adtam a folyadékhoz, 5 percig hagytam szobahőmérsékleten állni, majd 28.000 fordulat/perc sebességű centrifugálás következett. Ezt a lépést újra megismételtem, majd a végén megkaptam a szekvenálásra kész DNS-t nagy koncentrációban tartalmazó folyadékot. Ezeket a szekvenálásig fagyasztóba helyeztem.

A szekvenálás után kapott, a fajok bázissorrendjét tartalmazó FAS formátumú fájlokat a Geospiza gyártó FinchTV 1.4.0 verziójú szoftverével nyitottam meg. A kapott szekvenciákkal hasonlítottam, illetve egyeztettem a National Center for biotechnology Information (továbbiakban: NCBI) ([http3](http://3)) és az UNITE – PlutoF (Abarenkov et al. 2010) adatbázisában kerestem. A mintákat, melyeknek szekvenálására nem volt lehetőség, mélyhűtőben tároljuk, hogy alkalmas legyen esetleges későbbi vizsgálatokra is.

3.4. Terepi vizsgálat akusztikus tomográffal

Fakopp ArborSonic 3D típusú akusztikus tomográffal (7. ábra) mérést végeztem 2 gyertyán faegyeden, melyekről korábban Sanger szekvenálással sikerült azonosítani a *Tausonia* nemzetséget és a *P. rhodozyma* fajt. Célom volt megtudni, hogy okoznak-e a detektált gombataxonok valamilyen károsodást a faanyagban. A mérés ideje 2024. március 14. volt. A mérést a törzsek azon síkjában tettem meg, ahonnan a nyálkafolyás kiindult, mert feltételeztem, hogy ahol a legtöbb fánedv koncentrálódik, és a törzsön kifolyik, ott lehet a legnagyobb az

esetleges kórokozás, rothadás. A fák átmérőjének megfelelően 10 szenzort alkalmaztam. Mivel a terepen alkalmaztam a tomográfhoz gyártott Fakopp 3D Android mobiltelefonra letölthető alkalmazást, már a mérés elvégzése után közvetlenül észleltem, hogy több mérésre nincs szükség a faanyag állapota miatt. A terepi munka után a mérések adatait tartalmazó fájlokat az eszközt gyártó cég ArborSonic 3D v5.3.149 verziójú szoftverével nyitottam meg és dolgoztam fel. Innen töltöttem le a vizsgált fák tomogram képeit is.



7. ábra. A Fakopp ArborSonic 3D akusztikus tomográf működés közben (saját fénykép, 2023).

4. Eredmények és értékelésük

A gyertyánokról gyűjtött minták közül eddig kettőnek a genetikai meghatározását volt lehetőségem elvégezni, ezért a továbbiakban ezek eredményeit mutatom be. A dolgozat készítése során a mintavételekben, mérésekben, és laboratóriumi vizsgálatokban szerzett gyakorlat nagyon hasznosan segíti kutatási munkám további folytatását.

4.1. A genetikai vizsgálat eredményei

A Sanger szekvenálás után a kapott szekvenciák NCBI (<http3>) adatbázisába feltöltött adatokkal történő összehasonlítása során arra az eredményre jutottam, hogy a 12-es számú minta a *T. pullulans* fajjal 96,47%-os, míg a 14-es számú minta a *P. rhodozyma* fajjal 100,00%-os egyezést mutat. Utóbbinál biztos a faj azonosítása, viszont a *T. pullulans* fajnál a 96,47%-os eredmény még nem elégséges a faji szintű azonosításhoz, mert ahhoz legalább 98%-os, vagy a fölötti egyezés szükséges (Geml 2024, szóbeli közlés) Ezért a szekvenciát lefuttattam az UNITE – PlutoF (Abarenkov et al. 2010) adatbázison is, amely 96,40%-os egyezést mutatott.

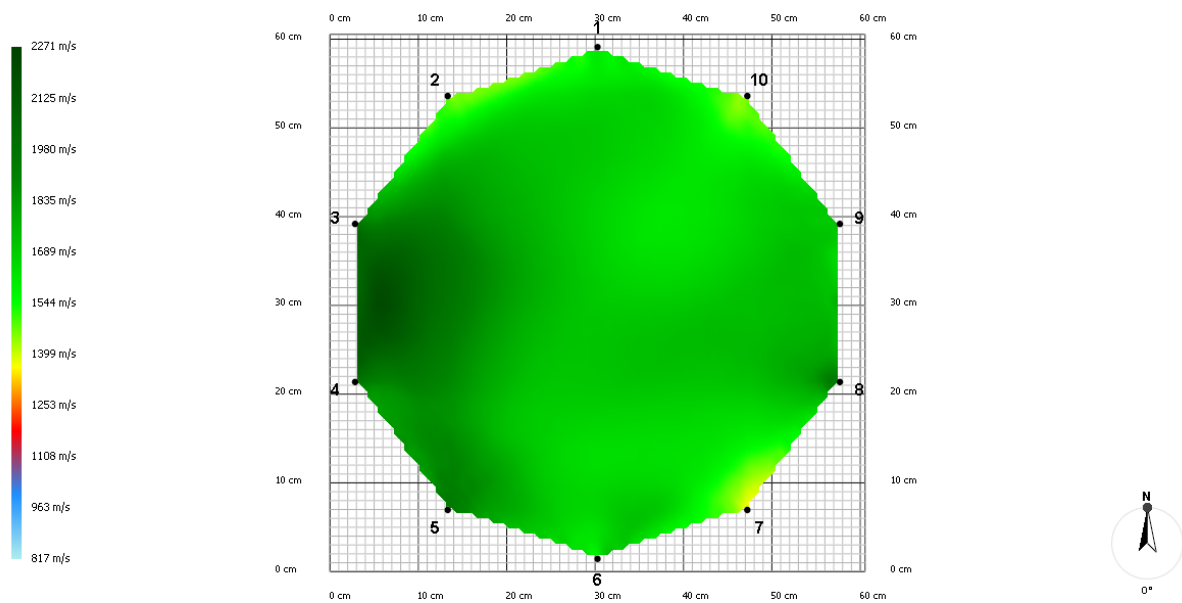
Mindezek alapján nagy valószínűséggel a *P. rhodozyma* faj jelenlétét sikerült kimutatni a Mátrából, mert az adatközlő cikkek áttekintése után nem találtam arra vonatkozó adatot, hogy ilyen taxonokat azonosítottak volna a környéken.

A kapott eredmények alapján megállapítható, hogy a 12-es számú mintából csak a *Tausonia* nemzetség detektálható teljes bizonyossággal. Pontosabb eredményeket nyújtó filogenetikai elemzésre nem volt lehetőségem. Valószínűsíthető, hogy a *T. pullulans* fajt találtam meg, mert más fajjal való hasonlóságot egyik adatbázis sem mutatott ki. Lehetséges, hogy korábban még nem leírt fajt sikerült vizsgálnom, ennek igazolása azonban további filogenetikai vizsgálatokat igényel. A *T. pullulans* fajnak számos szinonim és korábban használt neve van, melyek nagyban megnehezítik a szakirodalmi feldolgozást. A szinonim neveket a GBIF (2023b) segítségével tudtam összegyűjteni. Elemzésem során igyekeztem mindig a *T. pullulans* fajból kiindulni, hiszen ennek a fajnak a szekvenciájával mutatja a legnagyobb egyezést a genetikai vizsgálat.

4.2. Az akusztikus tomográfias vizsgálat eredményei

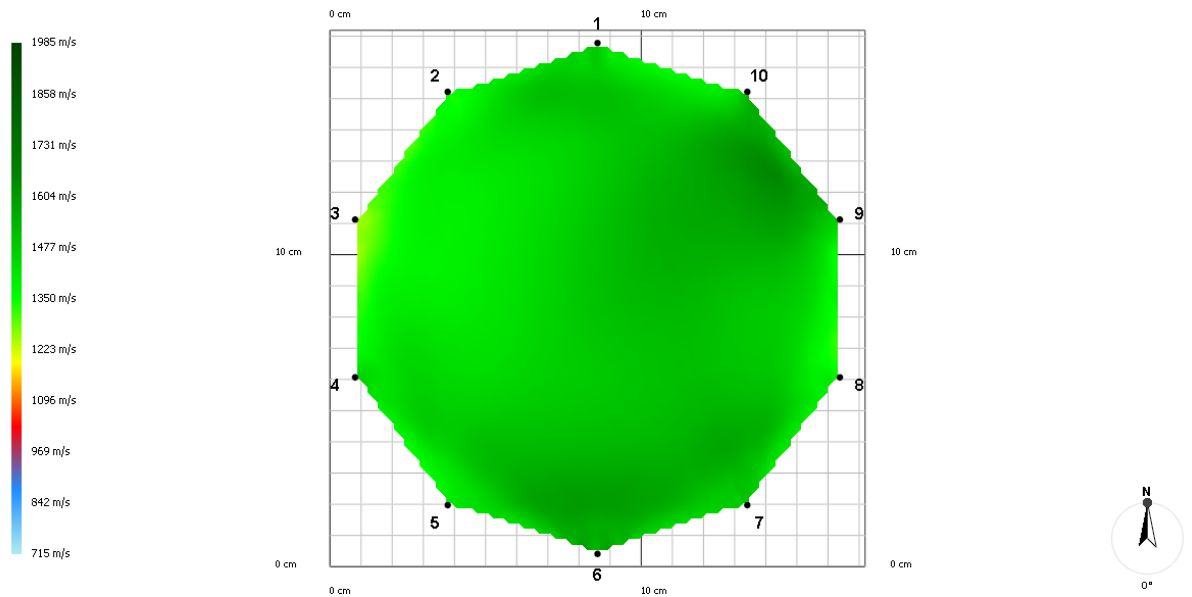
Molter (2022) szerint a dolgozatomban bemutatott élesztőgombás nyálkafolyás mindig valamilyen sérülés helyéről kiinduló cukros oldaton jelennek meg. A mérés során kirajzolt tomo-

gramból megállapítható, hogy a *Tausonia* nemzetségbe tartozó és *P. rhodozoma* fajt tartalmazó nyálkafolyással érintett gyertyán faegyedek faanyagát túlnyomórészt egészséges volt, a gomba nem okozott bennük makroszkóposan megállapítható, látható vagy érzékelhető károsodást. Mindkét vizsgált faegyednél az akusztikus tomográf által megalkotott kép zöld színt mutatott, mely arra utal, hogy a vizsgált rész egészséges sejteket tartalmaz. A két törzsnél egy-egy ponton, a 12-es mintánál a 7. szenzornál (8. ábra), míg a 14-es mintánál a 3. szenzornál (9. ábra) látszódtott halványan sárgás szín a kirajzolt képen, ez nagyon enyhe felületi korhadásra utal.



8. ábra. A 12-es minta tomográfias képe (saját fénykép)

A vizsgálat alapján kijelenthető, hogy a nyálkafolyásban élő gombák nem voltak érzékelhető negatív hatással a vizsgálat fák faanyagára. Bár a törzsön huzamosabb ideig maradó nyálkafolyás okozott minimális felületi korhadást, de ehhez hasonló, vagy nagyobb mértékű korhadást a törzseken megtelepedő mohák által megtartott többletvíz mennyisége is okozhat, amelyet egy korábbi, szintén akusztikus tomográfias vizsgálatomban is észleltem (Dredor et al. 2024).



9. ábra. A 14-es minta tomográfiai képe (saját fénykép).

4.3. Új fungisztikai eredmény

Terepbejárásaim során nagy figyelmet fordítok a Mátra, Mátravidék gombáinak felmérésére – főleg a mikrogombákra-, mert ez egy nagyon kevésbé kutatott terület, különösen a mikroszkopikus gombák terén. A Mátra nagygombák, kalapos gombák szempontjából viszonylag jól kutatott, értékes kutatásoknak adott teret például a Kékes Észak erdőrezervátum (Siller 1999, 2005). A mikrogombák terén viszont nagyon hiányosak az adatok, adatközlő cikkekben alig található mikrogombák a Mátravidékről; néhány ilyen faj például a *Pachyella babingtonii* (Berk. & Broome) Boud. 1907 (Lukács et al. 2013) és a *Sarcoscypha coccinea* (Scop.) E.J. Durand, Bull. 1900 (Tóth 1970), ezen kívül növénypatogén mikroszkopikus gombákról a SOE ERTI EVO-nál lelhetőek fel adatok az erdővédelmi kárbejelentőlapokról, de ez sem sok fajt jelenthet. Természetesen a pontos eddigi mátrai fajlista összeállítása az összes eddigi közlemény és gyűjteményi anyag áttekintését igényli, ez azonban a dolgozat terjedelmét és témáját meghaladja. Az azonban nyilvánvalóvá vált a szakirodalmi kutatás során, hogy a leírt mátrai mikrogombaadatok száma csekély.

Tekintve, hogy nem találtam sem nyálkafolyásokról, sem élesztőgombákról szóló mátrai adatot, így megállapítható, hogy a munkám során meghatározott gombák a Mátrára nézve új adatnak számítanak.

4.4. A kutatások kiterjesztése és további lehetőségei

Több minta szekvenálásával, és akár filogenetikai vizsgálatával érdemes lehet megnézni, hogy a gyertyánokon pontosan mely bazídiomos élesztőgombák telepednek meg, mert a

terepen végzett megfigyeléseim alapján az mondható el, hogy ezek a narancssárga nyálkafolyások túlnyomórészt gyertyánon találhatóak, míg fehér fűzön és bibircses nyíren csak kisebb mennyiségben jelentek meg. Nem kizárt, hogy a gyertyánon később akár sikerülhet detektálni olyan fajt, ami csak a gyertyánhoz kötődik, hiszen gyakori mind a szimbionta, mind a szaprotróf és parazita gombafajoknál, hogy egy-egy szubsztrátumra specializálódnak. Ilyen szaprotróf faj például a *Bartheletia paradoxa* G. Arnaud ex Scheuer, R. Bauer, M. Lutz, Stabentheiner, Melnik & Grube 2008 gombafaj, mely kizárólag páfrányfenyő (*Ginkgo biloba* L. 1771) földre hullott, száraz levelének lebontásában vesz részt (Scheuer et al. 2008) és nemrégiben Magyarországon is sikerült detektálni (Dredor & Szmátóna-Túri 2023).

Lehetséges az is, hogy olyan faj alatti rendszertani egységet azonosíthatunk, amely csak a gyertyánon jelenik meg. Az sem probléma, ha nem tudunk új taxont leírni, hiszen minden azonosított gombafaj feljegyzése hozzájárul a hazai funga ismeretéhez. Illetve a fajok további vizsgálatával akár olyan tulajdonságuk is felismerhetővé válhat, amely akár később a gyakorlatban, az alkalmazott mikológiában is hasznos lehet, mint például a *P. rhodozyma* élelmiszeripari hasznosítása (Deák & Novák 2009).

A kutatás folytatásaként fontos lesz majd filogenetikai analízist végezni. Ehhez a NCBI adatbázisból (<http3>) le kell tölteni a hasonló szekvenciákat, hogy a rokon fajok reprezentálva legyenek a törzsfán. Azon lehet majd megfigyelni az egyes rokonsági viszonyokat. Előfordulhat akár az is, hogy még leíratlan fajjal van dolgunk, vagy legalábbis olyannal, ami nem mutat egyértelmű egyezést egyik szekvenciával sem. Ez esetben a mintázott *Tausonia* fajból szükséges lesz még 2-3 mintát szekvenálni, hogy a faj genetikai diverzitásáról is kapjunk még információkat, hogy lássuk a fajok közötti eltéréseket (Geml 2025, szóbeli közlés). Új faj esetén el kell végezni a faj szakszerű leírását, valamint típuspéldányt szükséges elhelyezni egy közgyűjteményben, ez esetben a célszerű a Magyar Nemzeti Múzeum Közgyűjteményi Központ Magyar Természettudományi Múzeum Növénytarának mikrogomba-gyűjteménye lenne a legmegfelelőbb. Fontos, hogy az esetleges későbbi DNS-vizsgálatok céljából kerüljön megőrzésre szárított minta is.

Célom a későbbiekben a Mátravidék mikrogomba-fajlistájának összeállítása, új adatokkal bővítése, ennek érdekében még több terepi gyűjtőút megtartása. Jelen dolgozatban bemutatott eredményeket a jövőben szeretném adatközlő cikkekben is megjelentetni, hogy az előbb említett fajlistának alapot adjak.

5. Következtetések és javaslatok

5.1. A nyálkafolyást okozó gombafajok pontos meghatározásának problémái

A hazai gombahatározó könyvek, melyek széles körű terjesztésre, természetjáróknak és hobbi célból gombászóknak készültek, nem tartalmazzak semmiféle nyálkafolyást vagy abban megjelenő gombát, holott a jelenség gyakori. Viszont az egyik leglátogatottabb (több, mint 25 millió letöltés 2024. október 3-án) magyar nyelvű gombaleírásokat tartalmazó weboldal, a Miskolci Gombász Egylet (továbbiakban MIGE) honlapján található egy nyálkafolyásban élő gomba leírása (<http4>). Itt a *Cryptococcus macerans* (Freder.) Phaff & Fell 1970 fajjal azonosítják a nyálkafolyásokban megjelenő narancssárga színű élesztőgombát, melyhez magyar névnek a „répasárga faiszap” nevet tüntetik fel. Az említett faj új, jelenleg érvényes neve *Cystofilo-basidium macerans* J.P. Samp. 2009 (Libkind et al. 2009), melyről tudni érdemes, hogy az erdei megjelenése mellett élhet talajban, levegőben, és az emberi szervezetbe jutva súlyos megbetegedést, meningoencephalitist és epilepsziát okozhat főleg legyengült, immun-hiányos személyeknél (Lindsberg et al. 1997). Mivel ez az egyetlen széles körben elérhető és ismert forrás a jelenséget okozó gombákról, a gombaszakértők és amatőr mikológusok is általában a *C. macerans* fajt azonosítják a narancssárga nyálkafolyással (Sárközi 2023, szóbeli közlés), és a közösségi médiában lévő szakmai fórumokon is többször azonosították képről, ránézés alapján *C. marcescens* fajnak a nyálkafolyások gombáit.

Az ilyen határozás viszont helytelen, nem pontos, hiszen számos hasonló bazídiumos élesztőgomba-faj van, amely narancssárga nyálkafolyást okoz a fákon, de még a tömlősgombák (*Ascomycota*) képviselői között is találunk olyan fajt, amely ránézésre igen hasonló, ilyen például a *Fusicolla merismoides* (Corda) Gräfenhan, Seifert & Schroers 2011 (Gräfenhan et al. 2011). Golubev (1977) feljegyzései szerint a nyálkafolyásokban számos bazídiumos élesztő-gomba-nemzetség képviselői jelennek meg, mint például a *Bullera*, *Cystofilobasidium*, *Tausonia*, *Hannaella*, *Mrakia*, *Naganishia*, *Papiliotrema*, *Phaeotremella*, *Rhodotorula*, *Sporobolomyces* és *Sporidiobolus* nemzetségek fajai. Ráadásul, Weber (2006) és Molter (2022) leírása alapján a nyálkafolyásokban a gombafajoknak dinamikus váltakozása is gyakori, egyes fajok a cukortartalmú nedv megjelenésekor rögtön megjelennek, míg mások csak a későbbi szakaszokban jelennek meg. Az élesztők között versengés is kialakulhat, például a mycocin szintetizálására képes fajok vetélytársaikat akadályoztathatják ezen anyag termelésével.

Szintén ugyanolyan megjelenésű a munkám során izolált *Tausonia* nemzetségbe tartozó faj és *P. rhodozyma* faj is, valamint megemlítendő, hogy a két fajt már leírták együtt, egy mintából, hiszen gyakran több gombafaj jelenik meg egy-egy nyálkafolyásban (Péter et al. 2017). A legbiztosabb határozásra ezen gombataxonoknál DNS alapú meghatározással van lehetőség, valamint ennek hiányában működhet a gombafaj izolálása után a határozókulcsok alapján történő kizáráson alapuló keresés is, illetve a környezeti körülmények figyelembevétele, például már nem találtam nyáron a *P. rhodozyma* fajt, mivel hidegkedvelő.

Probléma van a faj magyar nevének használatával is, hiszen a MIGE a *C. macerans* fajra használja a répasárga fajszip elnevezést, míg az egyetlen másik leírás ([http5](#)), melyben találtam említést erről a magyar elnevezésről, pont arról ír, hogy korábban a *Cryptococcus hungaricus* (Zsolt) Phaff & Fell 1970 (ex *Dioszegia hungarica*) fajra értették, mely egy teljesen másik, *C. macerans*-tól eltérő, Magyarországról, Tihanyból izolált és leírt gombafaj (Zsolt 1957).

Ezek ismeretében elmondható, hogy a narancssárga színű nyálkafolyást okozó gombák kifejezetten nehezen határozhatók, és hazánkban irodalmuk is csak szűk körben ismert, ezért ez a gombacsoport véleményem szerint nem alkalmas közösségi tudomány (citizen science) általi adatgyűjtésre. Bár ez hiába működik nagyon jól más taxonoknál (Papp 2023), itt a nagy hasonlóság és a kisebb eltérések miatt csak minden egyes minta laboratóriumi meghatározásával válik lehetővé a nyálkafolyást okozó bazidiumos élesztőgombák pontos feltérképezése.

A magyar név eltérő használatára és egységesítésére javaslom, hogy a répasárga fajszip megnevezést a továbbiakban ne egy fajra, hanem a narancssárga nyálkafolyásokra, mint jelenségre használja összefoglalóan a hazai ismeretterjesztő irodalom, hiszen makroszkopikusan nem határozhatóak, és a nagy számú, de szabad szemmel nem határozható fajokat nem érdemes magyarul külön-külön elnevezni. A répasárga fajszip név másabb vonatkozásban történő használatát nem gondolom problémásnak, hiszen ez eddig egyébként sem volt hivatalos magyar gombanév, ugyanis nem szerepel a jelenleg érvényes latin-magyar gomba név-jegyzékben sem ([http6](#)). Ez a névhasználat hasonló lenne az angol tudományos szakmai nyelvben használt VOS (Vernal Orange Slime) elnevezéshez (Molter 2022). A magyar elnevezés enyhén módosított használatával javaslom, hogy a készülő ismeretterjesztő gombászkönyvek, valamint a gombaszakellenőri tanfolyamok tananyaga legalább alapszinten foglalkozzon a témával, mivel humánegészségügyi jelentősége miatt ezt indokoltnak tartom.

5.2. Természet- és erdővédelmi következtetések

A *Tausonia* nemzetségről és a *P. rhodozyma* fajról természetvédelmi vagy erdészeti megközelítésű részletes leírást, jellemzést nem találtam, így munkám hiánypótló, és új nézőpontot mutat be a fajok ismerete és ökológiája szempontjából.

Munkám során új előfordulási adatokat szolgáltatam a *P. rhodozyma* faj és a *Tausonia* nemzetség magyarországi előfordulásához, melyek pontosan DNS-szekvencia azonosítással lettek meghatározva, így az eredmények validnak tekinthetők.

Természetvédelmi jelentősége az okozó fajoknak a védett fafajokon és a védett természeti területeken történő megjelenéseknél lehetséges. Mivel az akusztikus tomográfiával végzett vizsgálatom alapján a faanyagban nem látható számottevő károsodás a gomba megjelenésénél, így valószínűsíthető, hogy védett fafajok nincsenek veszélyeztetve az élesztőgombás nyálkafolyások által. Azonban a patogenitás teljes kizárása érdekében mindenképpen érdemes lenne egy kiegészítő vizsgálatot végezni, melynek során direkt „fertőznénk” élesztőgombákkal különböző fafajokat.

Meg kell viszont említeni, hogy a *Cystofilobasidium* és *Cryptococcus* fajok képesek egy mycocin nevű anyagot szintetizálni (Yurkov & Golubev 2013), amely más gombákat képes elpusztítani (Al-Qaysi et al. 2017), azonban nem bizonyított a bazídiumos élesztőgombák mikoparazitizmusa makrogombákon, így nem valószínű, hogy általuk védett nagygombafajok veszélyeztetve lennének.

Az erdészeti jelentősége a narancssárga nyálkafolyásnak az erdővédelem és az erdőjárás területén van. Mivel az akusztikus tomográfiás vizsgálat megerősítette a detektált gombák szaprotróf életmódját, nem igazolódott faanyagminőséget rontó, parazita életmód, így az esetleges védekezésre sincs szükség. Érdemes lehet azonban a jelenséget az erdővédelem tantárgy keretében oktatni, hogy az erdészeti dolgozók ne higgyék olyan betegségnek, ami miatt esetleg kitermelésre kerülne az érintett faegyed. Javaslandó azonban, hogy a közjóléti erdőkben nagyobb turistaút-csomópontok környékén megjelenő narancssárga nyálkafolyások mellé helyezzen el az erdészeti szakszemélyzet vagy természetvédelmi őr (aki előbb észleli a jelenséget) tájékoztató táblát az érintett fa mellé, nehogy kisgyermekek belenyúljanak, és a kezükről a szervezetükbe kerülve megbetegedést okozzon, hiszen nem tudhatjuk, hogy kinek milyen állapotban van az immunrendszere, és hogyan reagálna ennek a gombának a szervezetbe jutására. Azért is lehet érdemes a tájékoztatót kihelyezni, mert ezek a nyálkafolyások hetekig,

akár több, mint egy hónapig a fákon maradhatnak. Fontos a tájékoztató szöveg jó megfogalmazása, hogy az nehogy ok nélküli riadalmat keltsen a természetjárókban.

6. Összefoglalás

Munkám során a fákon tavasszal megjelenő narancssárga nyálkafolyások vizsgálatát tettem meg, mivel kutatásuk az utóbbi időben viszonylag ritka, és a mai modern módszerekkel még többet megtudhatunk ezekről az élőlényekről.

A terepi munka során hét nyálkafolyásról vettem mintát, melyből mikrobiológiai laborban kivontam a DNS-t, és Sanger szekvenálásra küldtem. Két minta eredményét sikerült megkapnom, melyekből a *Tausonia* nemzetség és a *Phaffia rhodozyma* faj volt teljes biztonsággal detektálható. Akusztikus tomográffal megvizsgáltam a két fát, melyekről a nyálkafolyásban élő gombákat gyűjtöttem, és sikerült megállapítanom, hogy a nyálkafolyások nem okoztak a faanyagban számottevő károsodást, így nem jelentenek természet-vagy erdővédelmi veszélyforrást.

A humánegészségügyi vonatkozása viszont nem elhanyagolandó a jelenségnek, mert az ugyanilyen kinézetű, makroszkóposan nem elkülöníthető *Cystofilobasidium macerans* gombafajtól, mely mycocint termel, és súlyos agyvelő- és agyhártyagyulladás, valamint epilepsziát okozhat. Mivel ezek a nyálkafolyások hetekig is a fákon lehetnek, a turisták által gyakran látogatott helyekre érdemes lehet erről tájékoztató táblát kihelyezni, ezzel megelőzve az esetleges megbetegedéseket.

A magyar név vonatkozásában azt a javaslatot tettem, hogy a mikológiai ismeretterjesztő irodalomban eddig csak a *C. macerans* fajra használt répasárga fajszip megnevezést ne csak arra a fajra használják, hanem magára a narancssárga nyálkafolyás jelenségére, mert a fajok szabad szemmel nem különíthetők el, illetve távoli, tömlősgombataxonokkal is összetéveszthetők. Emiatt a bazídiumos élesztőgombák monitorozását nem tartom alkalmasnak a citizen science módszerével. Ettől függetlenül azonban mindenképpen érdemes kutatni őket, mert így akár új, gyakorlatban is hasznosítható fajt találunk, és hozzájárulunk a hazai funga ismeretéhez.

Dolgozatomban a bazídiumos élesztőgombák, nyálkafolyások vizsgálatának egy kis részével tudtam foglalkozni. Összességében elmondható, hogy új adatokat szolgáltatam nyálkafolyásban élő bazídiumos élesztőgombákról, megvizsgáltam az esetleges káros hatásukat, és értékelttem természetvédelmi-erdészeti szempontból. A téma érdekessége, aktualitása és kevésbé ismertsége miatt további munkára ösztönöz, és szeretném kutatómunkáimat ezen irányban folytatni.

7. Irodalom

1. Abarenkov K., Tedersoo L., Nilsson RH., Vellak K., Saar I., Veldre V., Parmasto E., Proust M., Aan A., Ots M., Kurina O., Ostonen I., Jõgeva J., Halapuu S., Põldmaa K., Toots M., Truu J., Larsson K-H., Kõljalg U. (2010): PlutoF - a Web Based Workbench for Ecological and Taxonomic Research, with an Online Implementation for Fungal ITS Sequences. *Evolutionary Bioinformatics* 6: 189-196. <https://doi.org/10.4137/EBO.S6271>
2. Algeier W. (2015): Közterületeink növényvédelme – Új kéregbetegségek. *Kertészet és Szőlészet* 64(3): 24-25.
3. Al-Qaysi SAS, Al-Haideri H, Thabit ZA, Al-Kubaisy WHAA, Ibrahim JAA. (2017): Production, Characterization, and Antimicrobial Activity of Mycocin Produced by *Debaryomyces hansenii* DSMZ70238. *International Journal of Microbiology* 2605382. <https://doi.org/10.1155/2017/2605382>
4. Anonym (1995): Útmutató a 16x16 km-es rácsháló pontjaiban végződő erdővédelmi adatgyűjtéshez. Erdészeti Tudományos Intézet Erdővédelmi Osztály, 26.
5. Antal Z., Varga J., Kredics L., Szekeres A., Manczinger L., Vágvolgyi, Cs., Nagy E. (2005): Mitochondrial DNA variability of human pathogenic *Trichoderma* isolates. *Clinical Microbiology and Infection* 11: 480-481.
6. Antonín V., Rimóczi I., Benedek L., Papp V., Szarkándi G., Dima B., Nagy GL., Papp T., Ďuriška O., Tomšovský M. (2014): *Melanoleuca juliannae* (Basidiomycota, Tricholomataceae), a new species from subgen. *Urticocystis*. *Phytotaxa* 170(1): 13–23.
7. Bánhegyi J. (1944): A Balaton környékének *Laboulbenia*-féléi. In: Lengyel G., Szabó Z. (szerk.): *Botanikai Közlemények* 41(1-2): 49-60.
8. Bánhegyi J., Tóth S., Ubrizsy G., Vörös J. (1985). Magyarország mikroszkopikus gombáinak határozókönyve 1–3. kötet. Akadémiai Kiadó, Budapest, pp. 1316.
9. Bölöni J., Tímár G., Bodoncz L., Ódor P., Bartha D., Kun A., Molnár Zs., Szmorad F. (2011a): RDa – Őshonos lombos fafajokkal elegyes fenyves származékerdők. In: Bölöni J., Molnár Zs., Kun A. (szerk.): Magyarország élőhelyei, Vegetációtípusok leírása és határozója, ÁNÉR 2011, MTA Ökológiai és Botanikai Kutatóintézete, Vácrátót, 375-378.
10. Bölöni J., Tímár G., Csiky J., Ódor P., Bodoncz L., Borhidi A., Nagy J., Szmorad F., Kun A., Juhász M., Fekete G., Bartha D. (2011b): K2 – Gyertyános-kocsánytalan tölgyesek. In: Bölöni J., Molnár Zs., Kun A. (szerk.): Magyarország élőhelyei, Vegetációtípusok leírása és határozója, ÁNÉR 2011, MTA Ökológiai és Botanikai Kutatóintézete, Vácrátót, 262-268.
11. Buza Á. K. (2016): Élő fák stabilitása – Az ágak és a gyökér vizsgálata. Doktori (PhD) értekezés, Nyugat-magyarországi Egyetem, Sopron, 86.
12. Buza Á. K., Divós F. (2022): Akusztikus és elektromos impedancia tomográfias vizsgálatok lakott környezetben élő fákon – törési biztonság megítélése. *Anyagvizsgálók Lapja* 32(1): 14-20.

13. Chauvin R. (1966): Un procédé pour récolter automatiquement les proies que les *Formica polyctena* rapportent au nid. *Insectes Sociaux* 13: 59-68.
14. Csorba Z., Berend I. (1965): Ascomycetes. In: Ubrizsy G. (szerk.): *Növénykórtan II.*, Akadémiai Kiadó, Budapest, 942.
15. Damjanovics S., Fidy J., Szöllösi J. (2007): *Orvosi biofizika*, Medicina Könyvkiadó, Budapest, 638.
16. Deák T. (1998): *Élesztőgombák a természetben és az iparban*. Mezőgazdasági Szaktudás Kiadó, Budapest, 243.
17. Deák T. (2005): Az eukarióták molekuláris taxonómiája. *Élelmezési Ipar*, 59(8): 225-231.
18. Deák T., Novák E. (2009): A gombák világa 7. *Ipari mikrobiológia és biotechnológia*. *Élelmezési Ipar*, 63(4): 101-106.
19. Dima B. (2019): A taxonómiában használt morfológiai bélyegek értékelése molekuláris filogenetikai eredmények segítségével a pókhálógombák nemzetségénél. Doktori (PhD) értekezés, Eötvös Loránd Tudományegyetem, Budapest, 112 p. <https://doi.org/10.15476/ELTE.2019.144>
20. Divós F., Szalai L. (2000): Tree Evaluation by Acoustic Tomography. In: Beall F. (szerk.) *Proceedings of the 13th International Symposium on Nondestructive Testing of Wood*. Forest Products Society, Madison, Wisconsin, USA, 251-256.
21. Dredor D., Szmátóna-Túri T. (2023): Adatok a korhadó levélen élő szaprotróf gombák magyarországi előfordulásához. *Acta Universitatis de Carolo Eszterházy Nominatae. Sectio Biologiae - Az Eszterházy Károly Egyetem tudományos közleményei. Tanulmányok a biológiai tudományok köréből*, 21-29.
22. Dredor D., Varga V., Szmátóna-Túri T., Tréfa M. (2024): Fásszárú növények törzsén megjelenő daganatos elváltozások vizsgálata akusztikus tomográffal. In: Haltrich Attila (szerk.): *70. Növényvédelmi Tudományos Napok*, Budapest, 69.
23. Eötvös Cs. B., Fürjes-Mikó Á., Gáspár Cs., Paulin M., Kárpáti M., Csósz S., Hirka A., Csóka Gy. (2022) Rovarevő madarak és erdei vöröshangyák szabályozó szerepének vizsgálata hazai tölgyesekben. In: Czimber, Kornél (szerk.) *Erdészeti Tudományos Konferencia, Sopron, 2022. február 10.*, Kivonatok Kötete, Soproni Egyetem Erdőmérnöki Kar, Sopron, 27-28.
24. Ewald G., Vasas G. Locsmándi Cs. (2017): *Gombászok kézikönyve*. Cser Kiadó, Budapest, p. 720.
25. Fekete L. (1878): *Erdészeti rovartan*. Selmezbánya, Joerges Á. özvegy nyomdája, 329.
26. Fintha G., Ódor P., Mota L. C., Geiger A., Molnár A., Kgober G, Aszalós R., Tinya F., Kovács B., Ododa K., Geml J. (2024): A növénypatogén gombákra gyakorolt erdészeti kezelések hatásának környezeti DNS-alapú feltárása. In: Dima, B., Papp V. (szerk.): *VII. Magyar Mikológiai Konferencia, 2024. június 5–7. Budapest: Absztraktkötet: Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Magyar Mikológiai Társaság*, 52-53.

27. Fűrjes-Mikó Á. (2024): Szóbeli közlés. Tudományos segédmunkatárs, Soproni Egyetem Erdészeti Tudományos Intézet Erdővédelmi Osztály, Mátrafüred.
28. GBIF (2023a): *Carpinus betulus* L. GBIF Backbone Taxonomy. Checklist dataset <https://doi.org/10.15468/39omei.2024-07-08>.
29. GBIF (2023b): *Tausonia pullulans* (Lindner) Xin Zhan Liu, F.Y.Bai, M.Groenew. & Boekhout. GBIF Backbone Taxonomy. Checklist dataset <https://doi.org/10.15468/39omei.2024-07-18>.
30. GBIF (2023c): *Phaffia rhodozyma* M.W.Mill., Yoney. & Soneda. GBIF Backbone Taxonomy. Checklist dataset <https://doi.org/10.15468/39omei.2024-08-26>.
31. Geml J. (2024, 2025): Szóbeli közlés. Tudományos tanácsadó, Eszterházy Károly Katolikus Egyetem. Kutatócsoport vezető, ELKH-EKKE Lendület Környezeti Mikrobiom kutatócsoport.
32. Gencsi L. és Vancsura R. (1992): Dendrológia. Mezőgazda Kiadó, Budapest, 728.
33. Glibert E. A., Smiley E. T. (2004): Picus sonic tomography for the quantification of decay in white oak (*Quercus alba*) and hickory (*Carya* spp.). *Journal of Arboriculture*, 30(5): 277-280.
34. Golubev W.I., Babjeva I.P., Novik S.N. (1977) Yeast succession in sap flows of birch. *Ekologia* 5:21–26
35. Golubev W.I., Pfeiffer I., Golubeva E. (2002): Mycocin production in *Trichosporon pullulans* populations colonizing tree exudates in the spring. *FEMS Microbiology Ecology* 40:151–157 <https://doi.org/10.1111/j.1574-6941.2002.tb00947.x>
36. Gräfenhan T., Schroers H.-J., Nirenberg H.I., Seifert K.A. (2011): An overview of the taxonomy, phylogeny, and typification of nectriaceous fungi in *Cosmospora*, *Acremonium*, *Fusarium*, *Stilbella*, and *Volutella*. *Studies in Mycology* 68: 79–113. <https://doi.org/10.3114/sim.2011.68.04>
37. Györfi J., Szilágyi L. (1959): Növényvédelem. In: Jérôme R. (szerk.) (1959): Erdővédelmi utasítás. Erdészeti Főigazgatóság, Kecskemét, 144.
38. Hollósi M. (2001): A humán genom – kémikus szemmel. A kémia tanítása – módszertani folyóirat. *Mozaik Oktatási Stúdió Kft, Szeged*, 9(3): 8-21.
39. Jia J., Chen Z., Li Q., Li F., Liu S., Bao G. (2024): The enhancement of astaxanthin production in *Phaffia rhodozyma* through a synergistic melatonin treatment and zinc finger transcription factor gene overexpression. *Frontiers in Microbiology*, 15:1367084. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2024.1367084>
40. Johnson E.A., An G.-H. (1991): Astaxanthin from microbial sources. *Critical Reviews in Biotechnology* 11(4): 297-326. <https://doi.org/10.3109/07388559109040622>
41. Juhász L. (1971): A hajtás módszertani és élettani kérdései. Az Egri Ho Si Minh Tanárképző Főiskola tudományos közleményei (Új sorozat, 9. kötet.) = *Acta Academiae Paedagogicae Agriensis* (Nova series, Tom. 9.), 133-178.

42. Koltay A., Lakatos T., Tóth T. (2022): Baktériumos kéregelhalás megjelenése a hazai tölgy állományokban. In: Csiha, Sára (szerk.) Alföldi Erdőkért Egyesület Kutatói Nap - tudományos eredmények a gyakorlatban. Lakitelek, Alföldi Erdőkért Egyesület, 44-50.
43. Korenková R., Krusinsky P. (2013): Diagnostics of the technical condition of timber roof frames using Fakopp 3D sonic tomograph. Transactions of the VŠB - Technical University of Ostrava, Civil Engineering Series 13(2): 93-98. [https://doi.org/ 10.2478/tvsb-2013-0010](https://doi.org/10.2478/tvsb-2013-0010)
44. Lerche M., Lammers H. (1955): Die Hefer der Rohwurst. Archiv Für Lebensmittelhygiene, 9(10): 93.
45. Liebkind D., Gandho M., Broock van M., Sampaio PJ. (2009): *Cystofilobasidium lacus-mascardii* sp. nov., a basidiomycetous yeast species isolated from aquatic environments of the Patagonian Andes, and *Cystofilobasidium macerans* sp. nov., the sexual stage of *Cryptococcus macerans*. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology 59: 622–630. <https://doi.org/10.1099/ij.s.0.004390-0>
46. Lindsberg PJ., Pieninkeroinen I., Valtonen M. (1997): Meningoencephalitis caused by *Cryptococcus macerans*. Scandinavian Journal of Infectious Diseases 29(4):430-433. [https://doi.org/ 10.3109/00365549709011847](https://doi.org/10.3109/00365549709011847)
47. Lukács Z., Hernádi A., Prutkay E., Szilvássy E., Koczuba J. (2013): Újabb adatok Magyarország gombavilágához V. Mikológiai Közlemények, Clusiana 52(1-2): 21-43.
48. Majer A. (1968): Magyarország erdőtársulásai (az erdőműveléstan alapjai). Akadémiai Kiadó, Budapest, 515.
49. Majer A., Papp L., Szőnyi L., Tuskó F. (1953): Erdészeti növénytan. Földművelésügyi Minisztérium Szakoktatási Főigazgatósága, Mezőgazdasági Kiadó, Budapest, 440.
50. Miller M. W., Yoneyama M., Soneda M. (1976): *Phaffia*, a New Yeast Genus in the Deuteromycotina (Blastomycetes). International Journal of Systematic Bacteriology 26(2): 286-291. <https://doi.org/10.1099/00207713-26-2-286>
51. Moesz G. (1938): Mykologiai közlemények. In: Lengyel G., Gombocz E. (szerk): Botanikai közlemények 35(1-2): 64-69.
52. Moesz G. (1941): A bányák és barlangok gombái Magyarországon. In: Lengyel Géza - Moesz Gusztáv (szerk.): Botanikai Közlemények 38(1-2): 4-11.
53. Molnár A. (2023): Szóbeli közlés. Tudományos segédmunkatárs, Eszterházy Károly Katolikus Egyetem, Kutatási és Fejlesztési Központ.
54. Molter D. (2022): On the ontology of vernal orange slime. Mushroom: The journal of Wild Mushrooming, 28.
55. Mueller G. M. (1994): Rolf Singer, 1906-1994. Mycologia, 87: 144-147.
56. Nagy Á., Garamszegi N., Vágvölgyi Cs., Ferenczy L. (1994): Electrophoretic karyotypes of *Phaffia rhodozyma* strains. FEMS Microbiology Letters 123(3):315–318. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6968.1994.tb07241.x>

57. Nagy L. (2009): Erdészeti növénytan. FVM Vidékfejlesztési, Képzési és Szaktanácsadási Intézet, Budapest, 152.
58. Oravecz E. (2001): Síró fák, nevető élesztők. Természet Világa 132(9): 422-423.
59. Palágyi Zs., Nagy Á., Ferenczy L., Vágvolgyi Cs. (1999): Genome typing suggests considerable natural ploidy differences in *Phaffia rhodozyma*. Acta Microbiologia 46(2-3): 343.
60. Papp V., Dima B. (2017): *Favolus gracilisporus* (Polyporaceae, Basidiomycota), a new polypore species to the European mycobiota. Mycosphere 8(6): 1177–1184.
61. Papp V., Palla B., Papp D., Németh C. (2024a): First report of *Cryphonectria carpinicola* in Hungary and Slovakia (Central Europe). Forest Pathology 54, e12845. <https://doi.org/10.1111/efp.12845>
62. Papp V., Petróczy M., Tóth A., Bagi B., Radnóti Á., Geösel A. (2024b): Gombataxonok bemutatása. In: Papp V., Geösel A.: Mikológiai kompendium. Kertészeti, szántóföldi és élelmiszeripari gombák rendszertani gyűjteménye. 27-132.
63. Papp, V. 2023: Egy új farontó taplógomba városi fákon: a *Rigidoporus ulmarius* (Polyporales, Basidiomycota) első hazai előfordulása. In: Haltrich Attila (szerk.) 69. Növényvédelmi Tudományos Napok, Budapest, Magyarország: Magyar Növényvédelmi Társaság, 73.
64. Péntes B. (1990): Miről számol be a külföldi sajtó? Színesebb lesz a hal! Halászat, 36(1): 18-19.
65. Péter G., Takashim, M., Čadež N. (2017): Yeast Habitats: Different but Global. In: Buzzini, P., Lachance, MA., Yurkov, A. (eds) Yeasts in Natural Ecosystems: Ecology. Springer, Cham. https://doi.org/10.1007/978-3-319-61575-2_2
66. Rust S. (2000): A new tomographic device for the non - destructive testing of trees. In: Divós F. (szerk.) Proceedings of the 12th International Symposium on Nondestructive Testing of Wood. Nyugat-magyarországi Egyetem, Sopron, 233-237.
67. Sajben-Nagy E., Sajben-Nagy E., Bálint E., Kovács K., Manczinger L., Vágvolgyi Cs. (2012): Laktáztermelő fonalas gombák izolálása és jellemzése. Mikológiai Közlemények-Clusiana 51(1): 109-110.
68. Sanger F., Nicklen S., Coulson AR. (1977): DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. Proceedings of the National Academy of Sciences 74(12):5463-5467. <https://doi.org/10.1073/pnas.74.12.5463>
69. Sárközi I. (2023): Szóbeli közlés. Amatőr mikológus, gombaszakellenőr.
70. Scheuer, C., R. Bauer, M. Lutz, E. Stabentheiner, V. A. Mel'nik M. Grube (2008). *Bartheletia para-doxa* is a living fossil on *Ginkgo* leaf litter with a unique septal structure in the Basidiomycota. Mycological. Research. 112: 1265–1279. <https://doi.org/10.1016/j.mycres.2008.06.008>
71. Sikkema R., Caudullo G., de Rigo D. (2016): *Carpinus betulus* in Europe: distribution, habitat, usage and threats. In: San-MiguelAyanz J., de Rigo D., Caudullo G., Houston Durrant, T.,

- Mauri A. (Eds.), European Atlas of Forest Tree Species. Publ. Off. EU, Luxembourg, pp. e01d8cf
72. Siller I. (1999): Ritka nagygombafajok a Kékes Észak erdőrezervátumban (1.). Mikológiai Közlemények 38. (1-3): 11-24.
73. Siller I. (2005): Hazai montán bükkös erdőrezervátumok (Mátra, Kékes Észak, Bükk Óserdő) nagygombái. Mikológiai Közlemények, Clusiana 44(1-2): 91-125.
74. Szabó I. (2003): Erdei fák betegségei. Erdészeti növénykórtan. Szaktudás Kiadó Ház, Budapest, 257.
75. Szodfridt I. (1983): Légszennyezés okozta erdei károk. Erdőgazdaság és faipar 37(1): 13.
76. Tóth E., Csernetics Á., Nagy G., Vágvolgyi Cs., Papp T. (2012): Különböző *Xanthophyllomyces dendrorhous* törzsek *crtS* génjének klónozása és összehasonlító vizsgálata. Mikológiai Közlemények, Clusiana 51(1): 95-116.
77. Tóth S. (1970): Data to the knowledge of microscopic fungi in Hungary V. Acta Botanica Academiae Scientiarum Hungaricae 16 (1-2): 241-251.
78. Tóth S. (1975): Ritka mikroszkopikus gombák Magyarországról. In: Horváth I., Maróti M. (szerk.): Botanikai Közlemények 62(1): 13-18.
79. Ubrizsy G. (1952): Növénykórtan. Akadémiai Kiadó, Budapest, 1076
80. Ubrizsy G. (1965): Növénykórtan II. Akadémiai Kiadó, Budapest, 942.
81. Ubrizsy G., Vörös J. (1968): Mezőgazdasági mykologia. Akadémiai Kiadó, Budapest, 576.
82. Vörös J. (1969): Review of the Mycoflora of Hungary. Acta Phytopathologien Academiae Scientiarum Hungaricae 4(2-3): 239-260.
83. Wang Li., Yang X., Xu K. (2001): Current situations and research development of non-destructive testing for wood properties. Forestry Engineering, 17(6): 1-3.
84. Weaver, R.F. és Hedrick, P. W. (2000): Genetika. Panem Kiadó, Budapest, 618.
85. Weber R. (2006). On the ecology of fungal consortia of spring sap-flows. Mycologist. 20. 140-143. <https://doi.org/10.1016/j.mycol.2006.09.015>.
86. Yurkov AM., Golubev W.I. (2013): Phylogenetic study of *Cryptococcus laurentii* mycocinogenic strains. Mycological Progress 12, 777–782. <https://doi.org/10.1007/s11557-012-0873-3>
87. Zhang KH., Shi CF., Chai CY., Hui FL. (2020): *Mrakia panshiensis* sp. nov. a new member of the Cystofilobasidiales from soil in China, and description of the teleomorphic-stage of *M. arctica*. MycoKeys 74:75-90. doi: 10.3897/mycokeys.74.53433
88. Zsolt J. (1957): Egy új élesztő: *Dioszegia hungarica* nov. gen. et sp. (előzetes közlemény). In: Kárpáti Zoltán (szerk.): Botanikai Közlemények 47 (1-2): 63-66.

Internetes források

http1: *Tausonia pullulans* (Lindner) Liu et al. National Collection of Agricultural and Industrial Microorganisms. Mezőgazdasági és Ipari Mikroorganizmusok Nemzeti Gyűjteménye. <https://www.ncaim.etk.szie.hu/hu/strainid/80964>. Letöltés: 2024. szeptember 20.

http2: 13/2001. (V. 9.) KöM rendelet a védett és a fokozottan védett növény- és állatfajokról, a fokozottan védett barlangok köréről, valamint az Európai Közösségben természetvédelmi szempontból jelentős növény- és állatfajok közzétételéről. <https://net.jogtar.hu/jogszabaly?docid=a0100013.kom>. Letöltés: 2024. szeptember 20.

http3: NCBI adatbázis. https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PROGRAM=blastn&BLAST_SPEC=GeoBlast&PAGE_TYPE=BlastSearch. Letöltés: 2024. március 10.

http4: Répasárga faiszap (*Cryptococcus macerans*). https://www.miskolcigombasz.hu/fajlistank.php?PPE_SID=&action=showKind&langOrder=hu&caller=kindList&kindId=1517. Letöltés: 2024. szeptember 30.

http5: [https://hu.wikibooks.org/wiki/Gomba/Gombanevek_változásai](https://hu.wikibooks.org/wiki/Gomba/Gombanevek_v%C3%A1ltoz%C3%A1sai). Letöltés: 2024. október 02.

http6: <https://gombanet.hu/latin-magyar-nevjegyzekek-online-verzio-2017>. Letöltés: 2024. október 02.

http7: <https://itc-old.semmelweis.hu/moodle/mod/page/view.php?id=137560>. Letöltés: 2024. december 17.

http8: <https://www.mycobank.org/> Letöltés: 2024. október 02.

http9: <https://piliskiserlet.ecolres.hu/> Letöltés: 2025. október 2.

8. Ábrák és táblázatok jegyzéke

1. ábra. A gyertyán (*C. betulus*) jellegzetes megjelenése (saját fénykép)
 2. ábra. Az akusztikus tomográf által kirajzolt színskála a faanyag egészségi állapotával egyenes arányosságban (saját fénykép)
 3. ábra. A vizsgált minták származási helye (saját szerkesztés, Quantum GIS szoftver).
 4. ábra. Narancssárga nyálkafolyás gyertyánon (saját fénykép)
 5. ábra. A: A liofilizáló gép működés közben (A), és pipettázás (B) (forrás: Dr. Szmátóna-Túri Tünde képei, saját szerkesztés Adobe Photoshop szoftverrel)
 6. ábra. A: A folyékony nitrogénbe helyezés után a minták a szövetroncsoló gépbe kerülnek, B: A mikrobiológiai laboratórium munkaasztala (forrás: Dr. Szmátóna-Túri Tünde képei, saját szerkesztés Adobe Photoshop szoftverrel)
 7. ábra. A Fakopp ArborSonic 3D akusztikus tomográf működés közben (saját fénykép)
 8. ábra. A 12-es minta tomográfias képe (saját fénykép)
 9. ábra. A 14-es minta tomográfias képe (saját fénykép)
-
1. táblázat: A *Tausonia pullulans* faj szinonim nevei a GBIF (2023b) és a Mycobank adatbázis (<http8>) alapján
 2. táblázat. A *Phaffia rhodozyma* faj szinonim nevei a GBIF (2023c) alapján
 3. táblázat. A mintázott faegyedek faja, a mintavétel ideje, helye és a faegyedszám

9. Mellékletek

9.1. 1. Melléklet. A 12-es számú minta szekvenciája

```
.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|
      10    20    30    40    50
12 ITS_Pre TCtaCCTggA TTTGAGGCCa GATCATAAAa aaTtgCCCag ggGgCGAtTA

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|
      60    70    80    90   100
12 ITS_Pre GAAGCTgACA ACTATgcctT TCTTATCCcG gtCAgccGCA TTGcTgcaac

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|
     110   120   130   140   150
12 ITS_Pre TgtCCTCadc GaaaTACTTA TCACgtaTGA GtggAACCGA TTACCAAAAag

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|
     160   170   180   190   200
12 ITS_Pre GGTCTGCTAA TGcaTttCGA GCGAGCCGCA ACAAAGCAGC
AGCGCTCAct

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|
     210   220   230   240   250
12 ITS_Pre TCCACgCCGC TaGCCACGAT TAAGAAAGcT AGAGGGTGAG
AGTTTCatGA

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|
     260   270   280   290   300
12 ITS_Pre CACTCAaaCA GGCATGCTCC TCGGAATAcc aagGAgCGCA
AGgTGCGTTC

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|
     310   320   330   340   350
12 ITS_Pre taagATTCTGA TGATTCACTG AATTCTGAAA tTgaCAtTAg tTATCGCATT

.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|
     360   370   380   390   400
12 ITS_Pre TCGCTGCGTT CTTCAtCGAT GCGAGAACCA AGAGATCCGT TGttgaaaGt
```

9.2. 2. Melléklet. A 14-es számú minta szekvenciája

....|....||....||....||....||....|
10 20 30 40 50
14 ITS_Pre ctacctgatt tgaGGtCaga tctcaaaagt Ggggggttga acgagcatGa

....|....||....||....||....||....|
60 70 80 90 100
14 ITS_Pre cCtCGACTgc TctCcttgc taagccaatt aCtaccgcaA tgctgctACT

....|....||....||....||....||....|
110 120 130 140 150
14 ITS_Pre Gtctctccgc cacTacttat cggggAcagc gcaaccgatt acggcggggc

....|....||....||....||....||....|
160 170 180 190 200
14 ITS_Pre gatgccaat GcctttCcAg caaGgCttGA ggggtgAaat Gaccttacgt

....|....||....||....||....||....|
210 220 230 240 250
14 ITS_Pre ccggcccGCt cgtCacAATa ctaAcgGctg cAggGtGcga gtttcgAGaC

....|....||....||....||....||....|
260 270 280 290 300
14 ITS_Pre acTgattCAC GgatGtcccc cgttctcatt acgatatcca ggtgccTgCg

....|....||....||....||....||....|
310 320 330 340 350
14 ITS_Pre ttCATcctct gAgcCactga cttcAGatcc tctgtgaaa gtttaAtTT

....|....||....||....||....||....|
360 370 380 390 400
14 ITS_Pre attTgCtTgt gtcactcata agAtActtca tAaAtcCaat atttagggtt

....|....||....||....||....||....|
410 420 430 440 450
14 ITS_Pre ttattatgtt attaatGggT tcagggtCga aagagccggG ttgacccaa

....|....||....||....||....||....|
460 470 480 490 500
14 ITS_Pre atgatcacCt GgacGggtgt tCccgggggt gtGgaActtg gaAactcgGT

....|....|....|....|....|....|....|....|
510 520 530 540 550
14 ITS_Pre atggatccgg cgactgggtc gagcggtcAa accttggtac cacttTtact

....|....|....|....|....|....|....|....|
560 570 580 590 600
14 ITS_Pre TCctcaagtg acttGAcAgG TTCACCTACG GAAACCTTGT TACgACTTTT

....|....|....|....|....|....|....|....|
610 620 630 640 650
14 ITS_Pre ACTTCctcta atggACCAAG AaaACCCCGAAtAAATTTCA CTAATGATCC

....|....|....|....|....|....|....|....|
660 670 680 690 700
14 ITS_Pre TTCCGCAGGT TCACCTACGG AAACCTTGTT ACGACTTTTA CTTCTCTAA

....|....|....|....|....|....|....|....|
710 720 730 740 750
14 ITS_Pre ATGACCaAGA agggCccgtc tttaggggcg ctTggcctcc tctaccacg

....|....|....|....|....|....|....|....|
760 770 780 790 800
14 ITS_Pre tactGcccaa taaatgatcg aaaccgag gaagtaaact ccttagtatg

....|....|....|....|....|....|....|....|
810 820 830 840 850
14 ITS_Pre agttcgcgcg gaaaagtcga cgacagagta gtcttatggt gtgctctaca

....|....|....|....|....|....|....|....|
860 870 880 890 900
14 ITS_Pre tcatcgtcga gaaagaagaa aaagAgaaga atattacacA ccgcctcaca

....|....|
910
14 TS_Pre caacaatAta

9.3. 3. Melléklet. A 12-es minta szekvenciájának lefuttatása után kapott eredmény az NCBI adatbázisában

An official website of the United States government [Here's how you know](#)

NIH National Library of Medicine
National Center for Biotechnology Information Log in

BLAST® » blastn suite » results for RID-G1KHYB0P016 Home Recent Results Saved Strategies Help

Important update
The core nucleotide database (**core_nt**) is now the default nucleotide BLAST database. [Learn more about core_nt.](#)

[← Edit Search](#) Save Search Search Summary ▾ How to read this report? BLAST Help Videos Back to Traditional Results Page

Job Title 12 ITS_Premixed

RID G1KHYB0P016 [Search expires on 10-06 13:27 pm](#) [Download All](#) ▾

Program BLASTN [Citation](#) ▾

Database core_nt [See details](#) ▾

Query ID lclQuery_3889559

Description 12 ITS_Premixed

Molecule type dna

Query Length 718

Other reports [Distance tree of results](#) [MSA viewer](#) [?](#)

Filter Results

Organism only top 20 will appear exclude

Type common name, binomial, taxid or group name

[+ Add organism](#)

Percent Identity to **E value** to **Query Coverage** to

[Filter](#) [Reset](#)

select all 100 sequences selected GenBank Graphics Distance tree of results MSA Viewer

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	Tausonia pullulans culture CBS:2538 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spac...	Tausonia pullulans	979	1058	89%	0.0	96.47%	620	KY105589.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Tausonia pullulans strain MKOTU38 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1 and 5...	Tausonia pullulans	974	1093	92%	0.0	96.45%	601	KP714631.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Fungal sp. APA-2013 clone LJ246MstSS10w 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer...	fungal sp. APA-2...	1003	1110	93%	0.0	96.40%	637	KF212214.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Fungal sp. APA-2013 clone LJ122MstSS10w 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer...	fungal sp. APA-2...	1002	1119	94%	0.0	96.39%	663	KF212207.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Uncultured Trichosporon genomic DNA containing 18S rRNA gene ITS1, 5.8S rRNA gene ITS2 and 28S rRNA gene...	uncultured Tricho...	1002	1121	95%	0.0	96.39%	888	HG935349.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Fungal sp. APA-2013 clone LJ131MstSS10w 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer...	fungal sp. APA-2...	1002	1121	95%	0.0	96.39%	658	KF212205.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Uncultured Trichosporon genomic DNA containing 18S rRNA gene ITS1, 5.8S rRNA gene ITS2 and 28S rRNA gene...	uncultured Tricho...	1002	1121	95%	0.0	96.39%	888	HG935351.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Fungal sp. APA-2013 clone LJ201PstC10w 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer...	fungal sp. APA-2...	1002	1115	93%	0.0	96.39%	641	KF212212.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Fungal sp. APA-2013 clone LJ243MstSS10w 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer...	fungal sp. APA-2...	1002	1110	93%	0.0	96.39%	638	KF212213.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Fungal sp. APA-2013 clone LJ119MstSS10w 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer...	fungal sp. APA-2...	1002	1117	94%	0.0	96.39%	649	KF212206.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Fungal sp. APA-2013 clone LJ176MstSS10w 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer...	fungal sp. APA-2...	1002	1123	95%	0.0	96.39%	660	KF212208.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Uncultured Trichosporon genomic DNA containing 18S rRNA gene ITS1, 5.8S rRNA gene ITS2 and 28S rRNA gene...	uncultured Tricho...	1002	1121	95%	0.0	96.39%	888	HG935381.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Uncultured Trichosporon genomic DNA containing 18S rRNA gene ITS1, 5.8S rRNA gene ITS2 and 28S rRNA gene...	uncultured Tricho...	1002	1121	95%	0.0	96.39%	888	HG935346.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Fungal sp. APA-2013 clone LJ178MstSS10w 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer...	fungal sp. APA-2...	1002	1123	95%	0.0	96.39%	651	KF212209.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Fungal sp. APA-2013 clone LJ199PstC10w 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer...	fungal sp. APA-2...	1002	1123	95%	0.0	96.39%	649	KF212204.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Fungal sp. APA-2013 clone LJ116MstSS10w 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer...	fungal sp. APA-2...	1002	1123	95%	0.0	96.39%	651	KF212203.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Uncultured fungus clone DXYITS07 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer...	uncultured fungus	998	1100	92%	0.0	96.38%	643	KT758075.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Uncultured Trichosporon genomic DNA containing 18S rRNA gene ITS1, 5.8S rRNA gene ITS2 and 28S rRNA gene...	uncultured Tricho...	998	1100	92%	0.0	96.38%	858	HG935323.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Uncultured eukaryote clone N302T_238 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1 c...	uncultured eukar...	989	1082	91%	0.0	96.35%	625	GU941381.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Uncultured eukaryote clone N302T_207 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1 c...	uncultured eukar...	985	1075	90%	0.0	96.34%	628	GU941377.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Uncultured Trichosporon genomic DNA containing 18S rRNA gene ITS1, 5.8S rRNA gene ITS2 and 28S rRNA gene...	uncultured Tricho...	983	1071	90%	0.0	96.33%	846	HG935387.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Uncultured Trichosporon genomic DNA containing 18S rRNA gene ITS1, 5.8S rRNA gene ITS2 and 28S rRNA gene...	uncultured Tricho...	983	1071	90%	0.0	96.33%	846	HG935386.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Penicillium commune isolate AK07KG1_102_R2-3_Sp1 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence: interna...	Penicillium comm...	983	1071	90%	0.0	96.33%	638	KY623480.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Uncultured fungus clone 4248_803 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer...	uncultured fungus	983	1071	90%	0.0	96.33%	623	MT236707.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Uncultured eukaryote clone N302T_257 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1 c...	uncultured eukar...	981	1067	90%	0.0	96.33%	626	GU941383.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Tausonia pullulans culture CBS:2536 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spac...	Tausonia pullulans	977	1060	89%	0.0	96.31%	622	KY105596.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Tausonia pullulans genomic DNA sequence contains 18S rRNA gene ITS1, 5.8S rRNA gene ITS2, 28S rRNA gene	Tausonia pullulans	977	1060	89%	0.0	96.31%	732	OW984276.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Tausonia pullulans culture CBS:9213 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spac...	Tausonia pullulans	976	1056	89%	0.0	96.31%	621	KY105587.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Tausonia pullulans culture CBS:2532 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spac...	Tausonia pullulans	976	1056	89%	0.0	96.31%	629	KY105585.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Tausonia pullulans culture CBS:2534 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spac...	Tausonia pullulans	976	1056	89%	0.0	96.31%	623	KY105586.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Tausonia pullulans culture CBS:2543 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spac...	Tausonia pullulans	974	1052	89%	0.0	96.30%	620	KY105591.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Uncultured Guehomyces clone HR3-14 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1.5...	uncultured Gueh...	998	1117	95%	0.0	96.24%	659	KU141218.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Tausonia pullulans culture CBS:9458 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spac...	Tausonia pullulans	996	1115	95%	0.0	96.23%	708	KY105593.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Tausonia pullulans strain 34E small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1.5.8...	Tausonia pullulans	996	1115	95%	0.0	96.23%	658	MT232901.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Uncultured Trichosporon genomic DNA containing 18S rRNA gene ITS1, 5.8S rRNA gene ITS2 and 28S rRNA gene...	uncultured Tricho...	996	1115	95%	0.0	96.23%	888	HG935317.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Uncultured Trichosporon genomic DNA containing 18S rRNA gene ITS1, 5.8S rRNA gene ITS2 and 28S rRNA gene...	uncultured Tricho...	996	1115	95%	0.0	96.23%	888	HG935324.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Uncultured Trichosporon genomic DNA containing 18S rRNA gene ITS1, 5.8S rRNA gene ITS2 and 28S rRNA gene...	uncultured Tricho...	996	1115	95%	0.0	96.23%	888	HG935376.1

9.4. 4. Melléklet. A 14-es minta szekvenciájának lefuttatása után kapott eredmény az NCBI adatbázisában

National Library of Medicine
National Center for Biotechnology Information
Log in

BLAST® » blastn suite » results for RID-FUHS63X9013
Home Recent Results Saved Strategies Help

Important update
 The core nucleotide database (*core_nt*) is now the default nucleotide BLAST database. [Learn more about core_nt.](#)

[← Edit Search](#)
[Save Search](#)
[Search Summary ▾](#)
[How to read this report?](#)
[BLAST Help Videos](#)
[Back to Traditional Results Page](#)

Job Title	14 ITS_Premixed
RID	FUHS63X9013 Search expires on 10-03 21:13 pm Download All ▾
Program	BLASTN Citation ▾
Database	core_nt See details ▾
Query ID	lcl Query_1305513
Description	14 ITS_Premixed
Molecule type	dna
Query Length	910
Other reports	Distance tree of results MSA viewer ?

Filter Results

Organism only top 20 will appear exclude

[+ Add organism](#)

Percent Identity to

E value to

Query Coverage to

[Filter](#) [Reset](#)

Descriptions

Graphic Summary

Alignments

Taxonomy

Sequences producing significant alignments Download ▾ Select columns ▾ Show 100 ▾ [?](#)

select all 100 sequences selected

Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession	
<input checked="" type="checkbox"/> Phaffia rhodozyma culture CBS:11316 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed s...	Phaffia rhodozyma	161	251	15%	1e-34	100.00%	801	KY104501.1	
<input checked="" type="checkbox"/> Phaffia rhodozyma culture CBS:7919 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed sp...	Phaffia rhodozyma	161	251	15%	1e-34	100.00%	760	KY104500.1	
<input checked="" type="checkbox"/> Uncultured fungus clone ab514 small subunit ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 1, partial sequ...	uncultured fungus	145	234	14%	1e-29	100.00%	232	MH655523.1	
<input checked="" type="checkbox"/> Uncultured fungus clone MOTU_652_GYUGVSB04JW64R 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal tr...	uncultured fungus	145	234	14%	1e-29	100.00%	287	JN906716.1	
<input checked="" type="checkbox"/> Uncultured Auriculariales isolate DPLg50E_SoilNP small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence: internal tr...	uncultured Auricu...	143	236	14%	5e-29	100.00%	468	MZ383154.1	
<input checked="" type="checkbox"/> Uncultured Auriculariales isolate TS1.2 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed s...	uncultured Auricu...	143	236	14%	5e-29	100.00%	446	MZ383184.1	
<input checked="" type="checkbox"/> Uncultured fungus clone ab778 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1...	uncultured fungus	143	233	14%	5e-29	100.00%	236	MH655787.1	
<input checked="" type="checkbox"/> Helicogloea dryina voucher Pennanen 4081 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcri...	Helicogloea dryina	143	234	14%	5e-29	100.00%	656	MK880147.1	
<input checked="" type="checkbox"/> Uncultured Auriculariales isolate FP10E_SoilNP small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence: internal tra...	uncultured Auricu...	141	233	14%	2e-28	100.00%	413	MZ383158.1	
<input checked="" type="checkbox"/> Basidioidendron trachysporum voucher VS 12528 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence: internal tra...	Basidioidendron t...	141	233	14%	2e-28	100.00%	603	MW136067	
<input checked="" type="checkbox"/> Uncultured Basidiomycota clone 239 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5...	uncultured Basidi...	141	231	14%	2e-28	100.00%	688	HM240184...	
<input checked="" type="checkbox"/> Uncultured fungus clone ab1103 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer...	uncultured fungus	141	231	14%	2e-28	100.00%	230	MH656112...	
<input checked="" type="checkbox"/> Helicogloea aseptata H Spirin 12172 ITS region: from TYPE material	Helicogloea asep...	141	233	14%	2e-28	100.00%	668	NR_171842...	
<input checked="" type="checkbox"/> Uncultured fungus clone 1A1 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1 a...	uncultured fungus	141	234	14%	2e-28	100.00%	622	MN059898.1	
<input checked="" type="checkbox"/> Uncultured fungus clone Unsequence#64-3726_1456 internal transcribed spacer 2, partial sequence	uncultured fungus	141	231	14%	2e-28	100.00%	261	GQ523211.1	
<input checked="" type="checkbox"/> Uncultured fungus clone SG017_F05 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5...	uncultured fungus	139	229	14%	6e-28	100.00%	1193	KP889834.1	
<input checked="" type="checkbox"/> Uncultured fungus isolate FICUS 200 internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA gene a...	uncultured fungus	139	233	14%	6e-28	100.00%	988	JX174928.1	
<input checked="" type="checkbox"/> Pluteus nanus voucher SM732 (B459) small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed s...	Pluteus nanus	139	233	14%	6e-28	100.00%	684	OR589128.1	
<input checked="" type="checkbox"/> Uncultured fungus isolate FICUS 056 internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA gene a...	uncultured fungus	139	233	14%	6e-28	100.00%	996	JX174784.1	
<input checked="" type="checkbox"/> Saccharomycotina sp. Y1028-SICYAM1 gene for 18S rRNA, ITS1_5.8S rRNA, ITS2_26S rRNA, partial and compl...	Saccharomycotin...	145	234	14%	1e-29	98.77%	2882	LC119082.1	
<input checked="" type="checkbox"/> Uncultured fungus clone OTU70 internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA gene, compl...	uncultured fungus	145	238	15%	1e-29	98.77%	618	KM504431.1	
<input checked="" type="checkbox"/> Uncultured fungus clone IN_f35 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S rib...	uncultured fungus	143	236	14%	5e-29	98.75%	890	KR535547.1	
<input checked="" type="checkbox"/> Amanita arenaria voucher VPI 364 clone 26 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spac...	Amanita arenaria	143	236	14%	5e-29	98.75%	715	GQ925388.1	
<input checked="" type="checkbox"/> Microbotryum floscolorum voucher BRIP-HUV20230 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence: internal...	Microbotryum flo...	141	233	14%	2e-28	98.75%	585	MN657195.1	
<input checked="" type="checkbox"/> Microbotryum bardanense voucher KRAM F54962 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribe...	Microbotryum ba...	141	233	14%	2e-28	98.75%	696	DQ366856.1	
<input checked="" type="checkbox"/> Microbotryum silenes-acaulis voucher TUB 012515 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribe...	Microbotryum sil...	141	233	14%	2e-28	98.75%	725	DQ366849.1	
<input checked="" type="checkbox"/> Microbotryum anomalum voucher GLM 47018 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed sp...	Microbotryum an...	141	233	14%	2e-28	98.75%	734	EF621920.1	
<input checked="" type="checkbox"/> Basidiomycota sp. D14 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal...	Basidiomycota s...	141	231	14%	2e-28	98.73%	674	GU566226.1	
<input checked="" type="checkbox"/> Uncultured fungus isolate FICUS 015 internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA gene a...	uncultured fungus	141	234	14%	2e-28	98.73%	987	JX174743.1	
<input checked="" type="checkbox"/> Uncultured fungus clone AC47A 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ri...	uncultured fungus	141	234	14%	2e-28	98.73%	882	KM594985...	
<input checked="" type="checkbox"/> Uncultured fungus isolate FICUS 012 internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA gene a...	uncultured fungus	141	234	14%	2e-28	98.73%	988	JX174740.1	
<input checked="" type="checkbox"/> Uncultured fungus clone MOTU_2241_GYUGVSB04IDAAH 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal tr...	uncultured fungus	141	231	14%	2e-28	98.73%	317	JN905044.1	
<input checked="" type="checkbox"/> Glaciozyma sp. isolate yuk12 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1...	Glaciozyma sp.	141	233	14%	2e-28	98.73%	1226	MW248437.1	
<input checked="" type="checkbox"/> Stereum sp. strain ICMP 16953 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1...	Stereum sp.	141	231	14%	2e-28	98.73%	687	MZ325961.1	

<input checked="" type="checkbox"/>	Stereum sp. strain FCWV-10265 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1...	Stereum sp.	141	231	14%	2e-28	98.73%	687	GQ253931.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Uncultured fungus clone 2_131 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1 and 5.8...	uncultured fungus	141	231	14%	2e-28	98.73%	524	KF274313.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Amanita pseudoinculta voucher VPI 411 clone 20 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed...	Amanita pseudoi...	141	234	14%	2e-28	98.73%	683	GQ925392.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Stereum rugosum small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1 and 5.8S rib...	Stereum rugosum	141	231	14%	2e-28	98.73%	1069	KX218390.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Stereum vellereum strain HHB-19031 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed sp...	Stereum vellereum	141	231	14%	2e-28	98.73%	687	MW740260.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Uncultured fungus clone MOTU_2611_GOKCVWY06G1HMG 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal...	uncultured fungus	141	231	14%	2e-28	98.73%	305	JN905300.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Uncultured fungus clone SG022_C06 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1_5...	uncultured fungus	141	231	14%	2e-28	98.73%	1203	KP889562.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Uncultured fungus clone L049548F02 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1_c...	uncultured fungus	141	231	14%	2e-28	98.73%	502	JX136150.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Stereum sanguinolentum strain FBCC1146 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed space...	Stereum sanguin...	141	231	14%	2e-28	98.73%	822	EU673084.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Squamanita aff. umbonata voucher H_E_Bigelow17431 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence: inter...	Squamanita aff. ...	141	234	14%	2e-28	98.73%	821	MW258854.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Stereum hirsutum 18S rRNA gene (partial), 5.8S rRNA gene, 28S rRNA gene (partial), ITS1 and ITS2, isolate oak16	Stereum hirsutum	141	231	14%	2e-28	98.73%	674	FN539063.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Clavulina sp. PMI_390 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1_5.8S rib...	Clavulina sp. PM...	141	231	14%	2e-28	98.73%	1762	OM337549.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Stereum hirsutum strain BS7 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1_5.8S ribos...	Stereum hirsutum	141	231	14%	2e-28	98.73%	674	KP985742.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Stereum sanguinolentum strain FBCC1148 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed space...	Stereum sanguin...	141	231	14%	2e-28	98.73%	820	EU673086.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Uncultured fungus isolate FICUS 009 internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA gene a...	uncultured fungus	141	234	14%	2e-28	98.73%	987	JX174737.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Amanita pseudoinculta voucher VPI 411 clone 13 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed...	Amanita pseudoi...	141	234	14%	2e-28	98.73%	702	GQ925389.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Stereum sanguinolentum strain FBCC1147 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed space...	Stereum sanguin...	141	231	14%	2e-28	98.73%	826	EU673085.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Stereum hirsutum strain FBCC1149 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1_5.8...	Stereum hirsutum	141	231	14%	2e-28	98.73%	809	EU673087.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Uncultured Stereum 18S rRNA gene (partial), 5.8S rRNA gene, ITS1 and ITS2, isolate oak11	uncultured Stereum	141	231	14%	2e-28	98.73%	567	FN539062.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Fungal sp. small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, complete sequence...	fungal sp.	141	231	14%	2e-28	98.73%	301	KY115088.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Stereum vellereum voucher FUNN22108/2302C small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence: internal tran...	Stereum vellereum	141	231	14%	2e-28	98.73%	688	OM321667.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Uncultured fungus isolate FICUS 013 internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA gene a...	uncultured fungus	141	234	14%	2e-28	98.73%	987	JX174741.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Microspalliota globocystis voucher HKAS 131120 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence: internal tra...	Microspalliota glo...	141	234	14%	2e-28	98.73%	682	OR799892.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Uncultured fungus clone IN_f03 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1_5.8S rib...	uncultured fungus	141	233	14%	2e-28	98.73%	885	KR535515.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Microbotryum stellariae isolate DM1165 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed...	Microbotryum ste...	139	229	14%	6e-28	98.73%	6275	MT644870.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Uncultured fungus clone OTU_104 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spac...	uncultured fungus	139	229	14%	6e-28	98.72%	277	MT527293.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Chrysozyma flava strain CGMCC2.5611 18S small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcri...	Chrysozyma flava	139	229	14%	6e-28	98.72%	3011	MK050440.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Uncultured ectomycorrhizal fungus clone 12BC18 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed...	uncultured fungus	139	233	14%	6e-28	98.72%	399	KJ195358.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Fellozyma cerberi DSM 102961 ITS region, from TYPE material	Fellozyma cerberi	139	229	14%	6e-28	98.72%	660	NR_173420
<input checked="" type="checkbox"/>	Hamamotoa lignophila 18S ribosomal RNA gene, partial sequence	Hamamotoa lign...	139	229	14%	6e-28	98.72%	1963	KJ708372.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Bannozyma arctica culture CBS 9278 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed sp...	Bannozyma arctica	139	229	14%	6e-28	98.72%	659	KY101705.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Yurkovia nerthusi ITS region, from TYPE material	Yurkovia nerthusi	139	229	14%	6e-28	98.72%	703	NR_173424
<input checked="" type="checkbox"/>	Slooffia pilatii culture CBS:7039 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1...	Slooffia pilatii	139	229	14%	6e-28	98.72%	737	KY105428.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Cortinarius alboviolaceus voucher NAMA 2015-027 Mushroom Observer # 247419 small subunit ribosomal RNA g...	Cortinarius albovi...	139	233	15%	6e-28	98.72%	642	MH910586.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Pseudohyphozyma hydrangeae strain CGMCC2.2796 18S small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence: i...	Pseudohyphozy...	139	229	14%	6e-28	98.72%	2960	MK050443.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Chrysozyma cylindrica CGMCC 2.3455 ITS region, from TYPE material	Chrysozyma cyli...	139	229	14%	6e-28	98.72%	776	NR_174797
<input checked="" type="checkbox"/>	Uncultured fungus genomic DNA sequence contains 18S rRNA gene, ITS1_5.8S rRNA gene, ITS2, isolate SJ-F-60	uncultured fungus	139	231	14%	6e-28	98.72%	264	LN681060.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Rhizoctonia solani culture CBS:203.97 strain CBS 203.97 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence: int...	Rhizoctonia solani	139	229	14%	6e-28	98.72%	738	MH862640
<input checked="" type="checkbox"/>	Chrysozyma pseudogriseoflava strain GPS20.6D2 18S small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence: inter...	Chrysozyma pse...	139	229	14%	6e-28	98.72%	3039	MK050429
<input checked="" type="checkbox"/>	Fungal sp. isolate OTU_684_44 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer...	fungal sp.	139	229	14%	6e-28	98.72%	344	MH624646
<input checked="" type="checkbox"/>	Uncultured fungus clone MOTU_1799_GYUGVSB04H3LB3 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal tr...	uncultured fungus	150	238	15%	3e-31	97.73%	274	JN904729.1

<input checked="" type="checkbox"/>	Chrysozyma pseudogriseoflava strain GPS20.6D2 18S small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, inter...	Chrysozyma pse...	139	229	14%	6e-28	98.72%	3039	MK050429.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Fungal sp. isolate OTU_684_44 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer...	fungal sp.	139	229	14%	6e-28	98.72%	344	MH624646.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Uncultured fungus clone MOTU_1799_GYUGVSB04H3LB3 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal tr...	uncultured fungus	150	238	15%	3e-31	97.73%	274	JN904729.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Uncultured fungus isolate FICUS_031 internal transcribed spacer 1, partial sequence, 5.8S ribosomal RNA gene a...	uncultured fungus	145	238	15%	1e-29	97.62%	1515	JX174759.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Uncultured Neocallimastigales clone 3colon_seq243 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal...	uncultured Neoc...	141	234	15%	2e-28	97.59%	402	MH038393.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Pouzarella ferreri voucher 3486214 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spac...	Pouzarella ferreri	141	234	15%	2e-28	97.56%	1152	MH644109.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Uncultured fungus clone 1_42 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1 and 5.8S...	uncultured fungus	139	229	14%	6e-28	97.53%	507	KF274098.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Uncultured fungus clone 1_106 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1 and 5.8...	uncultured fungus	139	229	14%	6e-28	97.53%	540	KF274164.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Phaffia aurantiaca strain CGMCC2.5601 18S small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcr...	Phaffia aurantiaca	141	231	15%	2e-28	96.51%	3104	MK050350.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Phaffia aurantiaca CGMCC.2.5601 ITS region, from TYPE material	Phaffia aurantiaca	141	231	15%	2e-28	96.51%	813	NR_174763
<input checked="" type="checkbox"/>	Uncultured Basidiomycota clone 4S1_H09 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer...	uncultured Basidi...	141	231	15%	2e-28	95.51%	1745	EU490016.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Clavulina sp. voucher SL2119 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1,...	Clavulina sp.	141	233	15%	2e-28	95.51%	697	OR527385.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Uncultured Basidiomycota clone 4S1_G01 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer...	uncultured Basidi...	141	231	15%	2e-28	95.51%	1681	EU490003.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Aschersonia tamurai strain AL274 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S...	Aschersonia tam...	206	420	16%	6e-48	93.06%	670	DQ347965.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Peziza sp. voucher FLAS-F-68397 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spac...	Peziza sp.	182	376	16%	1e-40	90.71%	696	OM672762.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Pichia sp. strain BA20 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1 and 5.8...	Pichia sp.	185	391	15%	8e-42	89.47%	625	MG757429
<input checked="" type="checkbox"/>	Fusarium sp. isolate F4 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1 and 5.8...	Fusarium sp.	176	374	15%	5e-39	88.97%	505	OQ402426
<input checked="" type="checkbox"/>	Uncultured fungus isolate DGGE gel band 283_3 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed...	uncultured fungus	169	385	15%	8e-37	88.89%	352	HQ441897
<input checked="" type="checkbox"/>	Cenococcum geophilum isolate Ecu265 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1...	Cenococcum ge...	161	374	15%	1e-34	88.81%	729	KF472151.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Aschersonia tamurai strain AL274 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S...	Aschersonia tam...	206	420	16%	6e-48	93.06%	670	DQ347965.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Peziza sp. voucher FLAS-F-68397 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spac...	Peziza sp.	182	376	16%	1e-40	90.71%	696	OM672762.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Pichia sp. strain BA20 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1 and 5.8...	Pichia sp.	185	391	15%	8e-42	89.47%	625	MG757429.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Fusarium sp. isolate F4 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1 and 5.8...	Fusarium sp.	176	374	15%	5e-39	88.97%	505	OQ402426.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Uncultured fungus isolate DGGE gel band 283_3 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed...	uncultured fungus	169	385	15%	8e-37	88.89%	352	HQ441897.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Cenococcum geophilum isolate Ecu265 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1...	Cenococcum ge...	161	374	15%	1e-34	88.81%	729	KF472151.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Didymella sp. YH-2018c isolate LT16 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed sp...	Didymella sp. YH...	148	346	15%	1e-30	88.15%	649	MH257396.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Massarina sp. JP-2013 strain WA0000019126 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed sp...	Massarina sp. JP...	167	376	15%	3e-36	87.76%	761	JX981477.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Uncultured Pyrenomataceae clone FB_S2_5_35 18S ribosomal RNA, partial sequence, internal transcribed space...	uncultured Pyron...	156	356	15%	6e-33	87.59%	685	JX630372.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Uncultured fungus clone L46_M 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, comple...	uncultured fungus	163	255	15%	4e-35	87.50%	351	KF027463.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Uncultured Amphinema clone MT6 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1 and...	uncultured Amphi...	171	380	15%	2e-37	87.42%	640	KF305820.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Mycena austera voucher O-F-72674 sequence	Mycena austera	147	207	13%	4e-30	87.40%	845	MT216239.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Wilcoxina rehmii isolate 25 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8...	Wilcoxina rehmii	167	389	15%	3e-36	87.10%	834	MF926518.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Uncultured ectomycorrhizal fungus clone PR-30 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed s...	uncultured fungus	150	357	15%	3e-31	86.90%	676	FJ013071.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Uncultured fungus genes for 18S rRNA, ITS1, 5.8S rRNA, ITS2, partial and complete sequence, clone, KT-72	uncultured fungus	152	240	15%	8e-32	85.91%	651	LC271347.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Aureobasidium sp. AmEc2 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S riboso...	Aureobasidium s...	143	266	16%	5e-29	84.93%	738	KJ690089.1

9.5. 5. Melléklet. A 12-es minta Unite-PlutoF adatbázisban történő ellenőrzésének eredménye

Citation



These are the finalized results of your BLAST run.
You can click here for a very condensed summary of the results

3LASTN 2.15.0+

Mode: regular

Additional UNITE taxon name in gray colour.

Query 1 of 1: NO TITLE (718 bp.)

Reference	SH:0.5%	1.0%	1.5%	Taxon name	Score	E-value	Prcnt	MisM	Qstart	Qend	Rstart	Rend
KF212214	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	937.2	0.0	96.40	22	2	612	608	1
KT965043	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	935.5	0.0	96.39	22	2	611	619	13
KF212213	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	935.5	0.0	96.39	22	2	611	608	2
KF212212	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	935.5	0.0	96.39	22	2	611	611	5
KF212209	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	935.5	0.0	96.39	22	2	611	621	15
KF212208	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	935.5	0.0	96.39	22	2	611	621	15
KF212207	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	935.5	0.0	96.39	22	2	611	621	15
KF212206	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	935.5	0.0	96.39	22	2	611	619	13
KF212205	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	935.5	0.0	96.39	22	2	611	619	13

Query 1 of 1: NO TITLE (718 bp.)

Reference	SH:0.5%	1.0%	1.5%	Taxon name	Score	E-value	Prcnt	MisM	Qstart	Qend	Rstart	Rend
KF212214	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	937.2	0.0	96.40	22	2	612	608	1
KT965043	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	935.5	0.0	96.39	22	2	611	619	13
KF212213	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	935.5	0.0	96.39	22	2	611	608	2
KF212212	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	935.5	0.0	96.39	22	2	611	611	5
KF212209	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	935.5	0.0	96.39	22	2	611	621	15
KF212208	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	935.5	0.0	96.39	22	2	611	621	15
KF212207	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	935.5	0.0	96.39	22	2	611	619	13
KF212206	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	935.5	0.0	96.39	22	2	611	619	13
KF212205	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	935.5	0.0	96.39	22	2	611	619	13
KF212204	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	935.5	0.0	96.39	22	2	611	620	14
KF212203	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	935.5	0.0	96.39	22	2	611	620	14
HG935381	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	935.5	0.0	96.39	22	2	611	619	13
HG935351	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	935.5	0.0	96.39	22	2	611	619	13
HG935349	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	935.5	0.0	96.39	22	2	611	619	13
HG935346	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	935.5	0.0	96.39	22	2	611	619	13
KU141218	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	932.1	0.0	96.24	23	2	611	620	13
KT758075	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	932.1	0.0	96.38	22	2	609	605	1
HG935323	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	932.1	0.0	96.38	22	2	609	605	1
MT732901	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	930.3	0.0	96.23	23	2	611	619	13
KY105593	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	930.3	0.0	96.23	23	2	611	684	78
HG935376	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	930.3	0.0	96.23	23	2	611	619	13
HG935365	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	930.3	0.0	96.23	23	2	611	619	13
HG935353	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	930.3	0.0	96.23	23	2	611	619	13
HG935349	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	930.3	0.0	96.23	23	2	611	619	13
HG935317	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	930.3	0.0	96.23	23	2	611	619	13
HG935369	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	926.9	0.0	96.07	24	2	611	619	13
KJ180739	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia	923.5	0.0	96.35	22	2	604	600	1
GU941381	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia	923.5	0.0	96.35	22	2	604	600	1
KJ180710	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia	920.0	0.0	96.34	22	2	602	598	1

HG935381	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	935.5	0.0	96.39	22	2	611	619	13
HG935351	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	935.5	0.0	96.39	22	2	611	619	13
HG935349	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	935.5	0.0	96.39	22	2	611	619	13
HG935346	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	935.5	0.0	96.39	22	2	611	619	13
KU141218	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	932.1	0.0	96.24	23	2	611	620	13
KT758075	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	932.1	0.0	96.38	22	2	609	605	1
HG935323	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	932.1	0.0	96.38	22	2	609	605	1
MT732901	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	930.3	0.0	96.23	23	2	611	619	13
KY105593	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	930.3	0.0	96.23	23	2	611	684	78
HG935376	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	930.3	0.0	96.23	23	2	611	619	13
HG935365	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	930.3	0.0	96.23	23	2	611	619	13
HG935353	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	930.3	0.0	96.23	23	2	611	619	13
HG935349	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	930.3	0.0	96.23	23	2	611	619	13
HG935317	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	930.3	0.0	96.23	23	2	611	619	13
HG935369	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia pullulans	926.9	0.0	96.07	24	2	611	619	13
KJ180739	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia	923.5	0.0	96.35	22	2	604	600	1
GU941381	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia	923.5	0.0	96.35	22	2	604	600	1
KJ180710	SH1481404.10FU	SH1076932.10FU	SH0753078.10FU	Tausonia	920.0	0.0	96.34	22	2	602	598	1

One-line-per-query summary of the BLAST results

Note: meant only to give a quick overview of the results obtained.

Query	Reference sequence	Score	E-value	Prcnt	MisM	Qstart	Qend	Rstart	Rend
NO TITLE	KF212214 SH0753078.10FU Tausonia pullulans	937.2	0.0	96.40	22	2	612	608	1

Tally of the taxonomic affiliation of the best reference sequence.

Note: meant for overview purposes only. Please note that environmental sequences can be more diverse than their annotation suggests.

1 Tausonia pullulans

unite.utee/sh/SH1481404.10FU

10. Konzulensi nyilatkozat

NYILATKOZAT

Dredor Dominik Természetvédelmi mérnöki alapszakos (BSc) hallgató (Neptun azonosítója: DNLZH1) konzulenseként nyilatkozom arról, hogy a szakdolgozatot áttekintettem, a hallgatót a szakirodalmi források korrekt kezelésének követelményeiről, jogi és etikai szabályairól tájékoztattam.

A szakdolgozatot a záróvizsgán történő védésre javaslom / nem javaslom.

A dolgozat állam- vagy szolgálati titkot tartalmaz: igen nem

Kelt: 2025. év október hó 07. nap



belső konzulens

11. Hallgatói nyilatkozat

NYILATKOZAT

a záródolgozat/szakdolgozat/diplomadolgozat/portfólió¹ nyilvános hozzáféréséről és eredetiségéről

A hallgató neve: Dredor Dominik
A Hallgató Neptun kódja: DLNZH1 _____
A dolgozat címe: Gyertyánon élő élesztőgombás nyálkafolyások vizsgálata a Mátrában
A megjelenés éve: 2025 _____
A konzulens intézetének neve: MATE Vadgazdálkodási és Természetvédelmi Intézet _____
A konzulens tanszékének a neve: Természetvédelmi Biológia Tanszék _____

Kijelentem, hogy az általam benyújtott záródolgozat/szakdolgozat/diplomadolgozat/portfólió² egyéni, eredeti jellegű, saját szellemi alkotásom. Azon részeket, melyeket más szerzők munkájából vettem át, egyértelműen megjelöltem, és az irodalomjegyzékben szerepeltettem.

Ha a fenti nyilatkozattal valótlanul állítottam, tudomásul veszem, hogy a záróvizsga-bizottság a záróvizsgából kizár és a záróvizsgát csak új dolgozat készítése után tehetek.

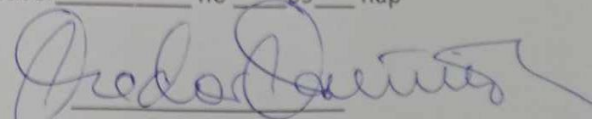
A leadott dolgozat, mely PDF dokumentum, szerkesztését nem, megtekintését és nyomtatását engedélyezem.

Tudomásul veszem, hogy az általam készített dolgozatra, mint szellemi alkotás felhasználására, hasznosítására a Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem mindenkori szellemi tulajdon-kezelési szabályzatában megfogalmazottak érvényesek.

Tudomásul veszem, hogy dolgozatom elektronikus változata feltöltésre kerül a Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem MATER Hallgatói Dolgozatok repozitóriumába. Tudomásul veszem, hogy a megvédett és

- nem titkosított dolgozat a védést követően
- titkosításra engedélyezett dolgozat a benyújtásától számított 5 év eltelte után nyilvánosan elérhető és kereshető lesz az Egyetem MATER Hallgatói Dolgozatok repozitóriumában.

Kelt: _____ Kismán, 2025 _____ év _____ október _____ hó _____ 09 _____ nap


Hallgató aláírása

¹ A megfelelő dolgozattípus meghagyása mellett a többi típus törlendő.

² A megfelelő dolgozattípus meghagyása mellett a többi típus törlendő.