

SZENT ISTVÁN EGYETEM

**A dohánytripsz (*Thrips tabaci* Lindeman, 1889) molekuláris  
azonosítása és ökológiai paramétereinek vizsgálata**

Doktori (PhD) értekezés tézisei

FARKAS PÉTER  
BUDAPEST  
2020

## **A doktori iskola**

- Megnevezése:** Kertészettudományi Doktori Iskola
- Tudományága:** Agrártudományok, Növénytermesztési és kertészeti tudományok
- Vezetője:** Zámboriné Dr. Németh Éva  
tanszékvezető, egyetemi tanár, DSc  
SZIE, Kertészettudományi Kar  
Gyógy- és Aromanövények Tanszék
- Témavezetők:** Dr. Fail József  
egyetemi docens, PhD  
SZIE, Kertészettudományi Kar  
Rovartani Tanszék
- Dr. Pénzes Béla  
egyetemi tanár, CSc  
SZIE, Kertészettudományi Kar  
Rovartani Tanszék

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

.....  
.....  
Az iskolavezető jóváhagyása

.....  
.....  
A témavezetők jóváhagyása

## 1. A KUTATÁS ELŐZMÉNYEI, CÉLKITŰZÉSEK

A dohánytripsz (*Thrips tabaci* Lindeman, 1889) világszerte számos kultúrnövény természetét befolyásoló kártevő, azonban a hagymafélék, káposztafélék és a dohány gazdaságos előállítását alapjaiban meghatározza. Jelentősége széles tápnövénykörén kívül olyan diverz ökológiai tulajdonságokban rejlik, mint a nagy reprodukációs képesség, tigmotaktikus viselkedés, vírus-terjesztési képesség és a rovarölő hatóanyagokkal szemben kialakuló rezisztencia. Mindezen tulajdonságok megnehezítik a dohánytripsz elleni sikeres védekezést, ezért gyakran kétféleképpen, közvetlen és közvetett módon is képes jelentős gazdasági károkat okozni. A közvetlen kártétel révén kialakuló termésvesztéséget világszerte 1 milliárd dollárba becsülik évente (Balan és mtsai., 2018). A *T. tabaci* a tospovírusok névadó vírusának (TSWV) első ismert vektora (Smith, 1931) és egy másik gazdaságilag jelentős károkat okozó vírus terjesztéséért is felelős, mivel összefüggésbe hozták az IYSV terjedésével vöröshagyma állományokban (Poizzer és mtsai., 1999; Kritzman és mtsai., 2001; Gent és mtsai., 2006; Mandal és mtsai., 2012). Kizárólag az Amerikai Egyesült Államokban 90 millió dollár értékű veszteséget okoz a hagymatermesztésben az YVSV minden évben (Gent és mtsai., 2006). Későbbi kutatások során fény derült arra, hogy Kelet-Európa dohány ültetvényeiben kialakult paradicsom bronzfoltosság vírus (*Tomato spotted wilt virus*, TSWV) (*Tospovirus: Bunyaviridae*) járványos terjedését is a *T. tabaci* okozza (Chatzivassiliou és mtsai., 1999). A TSWV terjesztésével pedig világszerte több mint 1 milliárd dollár értékű kárt okoz évente (Goldbach és Peters, 1994).

Az utóbbi évtizedek nemzetközi és hazai kutatásai rámutattak arra, hogy különféle növényekről gyűjtött dohánytripsz populációk között eltérések mutatkoznak a szaporodásbiológiát, gazdanövénykört, vírus kompatibilitást, vírus-terjesztési képességet, illetve a rezisztenciát illetően (Zawirska, 1976; Chatzivassiliou és mtsai., 2002; Wu és mtsai., 2014). A fajkomplex kifejlett egyedeit morfológiai bélyegeik alapján megkülönböztethetetlennek tartják (Jenser és mtsai., 2001; Jenser és Szénási, 2004; Kobayashi és Hasegawa, 2012). A dohánytripsz taxonómiai helyzetével kapcsolatosan felmerült kérdések tisztázását akadályozta a populációgenetikai tanulmányok hiánya. Brunner és mtsai. (2004) kutatása nyomán azonban világossá vált, hogy a szaporodásbiológiája mentén kettéváló faj, populációgenetikai vizsgálatok alapján még tovább osztható. Így derült fény arra, hogy a fajt kettő arhenotok szaporodású biotípusra vagy alfajra, nevezetesen L1-biotípusra (azaz póréahagyma-specialista) és T-biotípusra (dohány-specialista), valamint a telitok szaporodású L2-biotípusra (szintén póréahagyma-specialista) különíthető el, amely így egy fajkomplexet alkot. A különféle kultúrnövényeken

előforduló populációk vizsgálatával kiderült az is, hogy az eltérő szaporodásmódú biotípusok egyazon növényen egyidőben előfordulva is okoznak kárt (Nault és mtsai., 2006; Kobayashi és Hasegawa, 2012; Kobayashi és mtsai., 2013). A fajkomplexet alkotó biotípusok ökológiai tulajdonságainak eltérései viszont kihatnak az ellenük használt növényvédelmi technológiák hatékonyságára. A gazdanövény és a *T. tabaci* populáció szerkezetének ismeretében lehetőség lenne a kártevő várható populációs dinamikájának és kártételének megbecsülésére. A szaporodásmódban, gazdanövénykörben, a növényvédőszerrel szemben mutatott rezisztenciában és vírusterjesztési képességben mutatkozó eltérések alapvetően meghatározzák a károsítás mértékét és a gazdasági kártétel kockázatát valamint a károk enyhítésére használt növényvédelmi eljárásokat.

A gazdasági jelentősége miatt egyébként több szempontból jól ismert fajról szóló szakirodalom alapján elmondható, hogy a fajkomplexre vonatkozó ismeretek hiányosak, kiváltéppen igaz ez a T-biotípusra. A kutatások szinte kizárólag az L1- és L2-biotípusokra összpontosítanak a tudomány különféle szakterületei felől közelítve. Ez részben annak tulajdonítható, hogy a póréhagyma-specialista típusok nagyobb gazdanövénykörrel és ezáltal szélesebb földrajzi elterjedtséggel jellemezhetők.

A fenntartható, hosszabb távon használható hatékony növényvédelmi stratégiák kidolgozásához fontos a fajkomplex ökológiai paramétereinek pontos meghatározása, ami kibővíti ismereteinket arra vonatkozóan, hogy melyik termesztett növénykultúrában a fajkomplex melyik biotípusa vagy biotípusai jelenhetnek meg számottevő kártevőként.

Ezért a kutatásaink során az alábbi célkitűzéseket fogalmaztuk meg:

- A *T. tabaci* fajkomplex biotípusainak gyors genetikai elkülönítését lehetővé tevő molekuláris marker azonosítása és a marker alapján egy egyszerű laboratóriumi azonosítási eljárás kidolgozása.
- A *T. tabaci* fajkomplex genetikai variabilitásának elemzése a mitokondriális citokró-m-c oxidáz I gén alapján, Magyarországon szabadföldről gyűjtött majd laboratóriumban szelektált tenyészeiteiből származó egyedek felhasználásával.
- A *T. tabaci* fajkomplex egyes ökológiai paramétereinek meghatározása és összehasonlítása különféle gazdaságilag jelentős gazdanövényeken laboratóriumi vizsgálatok során (elsősorban a biotípusok gazdanövény preferenciája alapján).

- A *T. tabaci* fajkomplex ivararány dinamikájának vizsgálata az arrhenotok szaporodásbiológiájú biotípusoknál a preferált és gazdaságilag is jelentős termesztett növényeken.

## 2. ANYAG ÉS MÓDSZER

### 2.1 *Thrips tabaci* fajkomplex laboratóriumi tenyészeinek létrehozása és fenntartása

#### 2.1.1. Tripszek gyűjtése

A tenyészetek létrehozásához szükséges L2-biotípusú telitok tripszek gyűjtését 2013. júliusában és az L1- és T-biotípusú egyedek gyűjtését 2014. tavaszán és nyarán végeztük el. A telitok kolóniák létrehozásához a Szent István Egyetem Budai Arborétumában található növényekről és Tordason található fejes káposztáról gyűjtöttünk tripsz egyedeket. Az L1-biotípusú tenyészetek létrehozásához Makóról származó vöröshagyma dughagymákról gyűjtöttünk egyedeket. A T-biotípust tartalmazó tenyészetek létrehozásához Apagy, Pócspetri és Encsencs községek dohány tábláiról gyűjtött levélmintákat bocsátott rendelkezésünkre dr. Jenser Gábor.

#### 2.1.2. Azonosítás és reprodukciós mód meghatározása

A szabadföldről begyűjtött nőtények egyaránt szaporodhatnak arrhenotokiával és telitokiával is és a kifejlett egyedek minden bizonnyal párosodtak, ezért szaporodásmódjuk teljes biztonsággal csak a lerakott tojásaikból kinevelt szűz egyedek utódainak vizsgálatával állapítható meg. Ezért a begyűjtött nőtény tripszeket egyesével 1,5 ml-es úrtartalmú műanyag mikrocentrifugacsövekbe izoláltuk. Amennyiben egy szűz nőtény utódai között kizárólag nőtényeket találtunk, úgy a vonalat telitoknak minősítettük. Ha a szűz nőtények utódaiból kizárólag hímek fejlődtek ki, akkor arrhenotok szaporodásának azonosítottuk a nőtényeket. Abban az esetben, ha szűz nőtények utódai között mindkét nem képviselőit megtaláltuk, akkor deuterotoknak nyilvánítottuk volna a nőtény egyedeket. Az alkoholban megőrzött szabadföldről begyűjtött nőtényeket Berlese-oldattal preparáltuk és a morfológiai bélyegek alapján faji szinten azonosítottuk Mound és Kibby (1998) valamint Moritz és mtsai. (2001) határozókulcsai alapján. A morfológiai vizsgálat és szaporodásmód meghatározása mellett az egyedek azonosítását nukleinsav alapú eljárással is megerősítettük.

### 2.1.3. Laboratóriumi tömegtenyészetek kialakítása és fenntartása

A *T. tabaci* fajkomplex biotípusainak laboratóriumi vizsgálatai megkövetelik a különböző biotípusokból létrehozott, szelektált és izolált tenyészetek révén biztosított folyamatos tripsz utánpótlását. Ezért a 2.1.2-es pontban leírt módon azonosított L1- L2- és T-biotípusokból tenyészeteket hoztunk létre 2013. őszén és 2014. nyarán. Az azonosított *T. tabaci* nőtények adott biotípusainak kevert utódaiból Steiner és Goodwin (1998) módosított módszere alapján alakítottunk ki tömegtenyészeteket. Az L2-es biotípusnál fejes káposzta levélszeletek szolgáltak táplálékforrásként és tojásrakási közegként, az L1-biotípusnál póréhagymalevéldarabokat, míg a T-biotípusnál dohányleveleket helyeztünk a tenyészetekbe. Mindegyik tömegtenyészetet hetente két alkalommal ellenőriztük, frissítettük. A tenyészeteket 23°C-os állandó hőmérsékleten, hosszúnappalos fényviszonyok (16F:8S) és 70 %-os relatív páratartalom biztosítása mellett tartottuk fent Sanyo MLR-352H (Panasonic Corporation, Osaka, Japán) fitotronban.

### 2.1.4. Növényanyag előállítása a tenyészetek fenntartásához és az ökológiai paraméterek vizsgálatához

Az L2-biotípusú tenyészetek folyamatos fenntartásához valamint az ökológiai életparaméterek vizsgálatára irányuló kezelésekhöz a fejes káposzta (*Brassica oleracea* L. convar. *capitata* var. *alba*) 'Hurricane' F1 fajtáját használtuk. Az L1-biotípusú tenyészetek fenntartásához piacon vásárolt póréhagyma növényeket használtunk. A vöröshagymán elvégzett életparaméteres vizsgálatokhoz *Allium cepa* L. 'Senshu Yellow' fajtákat használtunk. A T-biotípusú kolóniák fenntartásához és a dohányon elvégzett kísérletekhez *Nicotinia tabacum* L. 'Hevesi 9' F1 fajtájú Virginiai-fajtacsoportba tartozó dohánynövényeket használtunk. A babon elvégzett vizsgálatokhoz *Phaseolus vulgaris* L. 'Lingua Di Fuoco' Borlotto típusú növényeket neveltünk.

## 2.2. A vizsgálatok elvégzésének időpontjai

Az ökológiai életparaméterek laboratóriumi vizsgálatát folyamatosan végeztük 2015. július 13-tól 2017. január 1-ig az év minden napján kétszeri, 12 óránkénti ellenőrzéssel. Ez idő alatt a különböző kezelésekhöz a szelektált tenyészetekből véletlenszerűen kiválasztott nőtények molekuláris azonosítását is elvégeztük. A nukleinsav alapú azonosítási eljárást 2014-ben dolgoztuk ki. 2017–2018-ban folytattuk az életparaméteres vizsgálatok során összegyűjtött L1- L2- és T-biotípusok utódnemzedékeinél a tojások mortalitásának értékelését, az ivararány

vizsgálathoz összegyűjtött lárvák preparálását és szexálását, valamint folytattuk a kezelések során felhasznált nőtények molekuláris azonosítását is.

### **2.3. A *Thrips tabaci* fajkomplex azonosítása molekuláris biológiai módszerrel**

#### **2.3.1. DNS izolálás menete, polimeráz láncreakció specifikus indítószekvenciákkal és szekvencia meghatározás**

A molekuláris vizsgálatokhoz a különböző fejlődési stádiumú egyedekből egyesével végeztük a DNS kivonást De Barro és Driver (1997) módszere alapján. A nukleinsav alapú azonosításhoz a mitokondriális DNS COI régióját használtuk, amelyekhez primerpárt terveztünk (TTL-UNIF1 és TTL-UNIR1). A primerek egy 780 bp hosszúságú szakaszt szaporítottak fel 2x DreamTaq Green PCR Master Mix használatával (Thermo Fisher Scientific, Litvánia). A PCR eredményességét gélelektroforézissel ellenőriztük, amely során 2,5 %-os agaróz gélben (Lonza SeaKem® LE Agarose, Amerikai Egyesült Államok) futtattuk a PCR terméket. A PCR termékeket a PCR High Purification Kít (Merck KGaA, Darmstadt, Németország) gyártói utasítását követve tisztítottuk ki. A minták nukleotid sorrendjének meghatározását a BaseClear B.V. (Leiden, Hollandia) cég végezte mindkét irányból történő direkt szekvenálással.

#### **2.3.2. CAPS marker analízis**

A PCR reakció után pozitív eredményt mutató minták restriktív endonukleázok (PvuI és PstI) használatával váltak elkülöníthetővé egymástól a CAPS módszer (Konieczny és Ausubel, 1993) használatával. Az L1-biotípusba tartozó tripszek 780 bp hosszúságú szekvenciái két hasítási hellyel rendelkeznek, mivel mindkét enzim hasítja egyszer, így három különböző méretű amplicon keletkezik (345 bp / 274 bp / 161 bp). Az L2-biotípus felszaporított DNS szakaszait a PvuI enzim hasítja ketté, mivel a PstI enzimnek nincs hasítási helye, így az amplicon 619 bp és 161 bp hosszúságú. A T-biotípusba tartozó egyedek DNS szakaszait egyik enzim sem hasítja, így marad egy 780 bp nagyságú amplicon. A felszaporított PCR termékek emésztését a gyártó javaslata szerint 10 percig 37°C-on végeztük. Az emésztést követően a mintákat 2,5 %-os agaróz gélen választottuk szét.

#### **2.3.3. DNS szekvencia elemzés, genetikai analízis**

A szekvenciák szerkesztését, bázispozíciók ellenőrzését, a PCR termék szekvenálásából származó „forward” és „reverse” szekvenciák valamint a kromatogramok vizuális

ellenőrzésével végeztük a teljes nukleotid sorrenden keresztül Chromas V2.6.5. (<https://technelysium.com.au/>) és a CLC Sequence Viewer 7 (QIAGEN, Aarhus, Dánia) szoftverek használatával. A különböző *T. tabaci* biotípusokhoz tartozó szekvenciákból haplotípus-hálózati térképet készítettünk a DnaSP V.5.10 (DNA Sequence Polymorphism Software) (Librado és Rozas, 2009) DNS elemző és PoPART (<http://popart.otago.ac.nz>) (Bandelt és mtsai., 1999) vizualizáló programokkal. A *T. tabaci* fajkomplex genetikai variabilitását Mega 6 program (Tamura és mtsai., 2013), DnaSP V.5.10 (Librado és Rozas, 2009) és ARLEQUIN 3.5 szoftverrel számítottuk (Excoffer és Lischer, 2010). A törzsfák készítéséhez a szekvenciák illesztésénél a ClustalW algoritmust (Thompson és mtsai., 1994) használtuk, amely a MEGA 6 (Tamura és mtsai., 2013) programcsomagba van integrálva. A törzsfákat a Maximum Likelihood (ML), Maximum Parsimony (MP) és Neighbor-Joining (NJ) statisztikai becslésekkel készítettük a Mega 6 (Tamura és mtsai., 2013) programcsomag felhasználásával. A különféle statisztikai elemzésekhez a legjobban illeszkedő szubsztitúciós modell megállapítását a JModelTest 2 V2.1.10. (Darriba és mtsai., 2012) programcsomaggal határoztuk meg. Az előbb említett becslések mellett Bayes-alapú analízist is készítettünk, szintén a JModelTest 2 program által számított szubsztitúciós modell beállításával a BEAST V.2.4.8. Software (Bouckaert és mtsai., 2014) programcsomaggal.

## **2.4. Ökológiai paraméterek vizsgálatának módszere**

### **2.4.1. Ökológiai paraméterek vizsgálata juvenilis fejlődési stádiumokra vonatkozóan**

Az ökológiai paraméterek vizsgálata során minden kezelésnél a *T. tabaci* egyedeket egyesével izoláltuk 2 ml-es ürtartalmú átlátszó mikrocentrifugacsövekbe (VWR Collection, SuperClear termékcsalád) Li és mtsai. (2014) módszere alapján. A vizsgálatokat  $23\pm 1^\circ\text{C}$ -on, 70 %-os relatív páratartalom és hosszú nappalos fényviszonyok, 16 órás megvilágítás és 8 órás sötét periódus biztosítása mellett végeztük Sanyo MLR-352H (Panasonic Corporation, Osaka, Japán) típusú növénynevelő klímakamrában.

A kezelések indító lépéseként a tiszta tömegtenyészetekből véletlenszerűen kiválasztott nőstényeket helyeztünk bab, fejes káposzta, dohány vagy vöröshagyma levélkorongokat tartalmazó mikrocentrifugacsövekbe tojásrakás céljából. Az izolált nőstényeket ezt követően 12 óránként új mikrocentrifugacsöbe raktuk át és a levélszövetbe helyezett tojások számát ellenőriztük Alpha NSZ-606 (Ningbo Yongxin Optics Co., Ltd., Ningbo, Kína) illetve Zeiss Stemi 2000 (Carl Zeiss AG, Oberkochen, Németország) típusú sztereomikroszkópokkal. A



levélkorongokba rakott tojások kelését és a lárvák kikelését minden nap 12 óránként ellenőriztük. A frissen kelt lárvákat egyesével új mikrocentrifugacsövekbe helyeztük új levélkorongokra. A tojások kelési idejét és kelési arányát feljegyeztük. A tripsz lárvákat a fejlődésük során 12 óránként ellenőriztük. A fejlődési szakasz megállapítását a lárváknál a levedlett lárvabőr megkeresésével végeztük, az előnimfa, nimfa és imágó stádiumoknál pedig a jellegzetes morfológiai bélyegek alapján. A tojás lerakásának, kelésének valamint a lárvák vedlésének illetve mortalitásának és imágóvá alakulásának időpontjait pontosan feljegyeztük. Az imágókat kifejlődésüket követően új mikrocentrifugacsövekbe helyeztük egyesével. A nőtényeket 12 órára összezártuk egy hímmel megtermékenyítés céljából és az első tojás megjelenéséig 12 óránként ellenőriztük és helyeztük új mikrocentrifugacsöbe az egyedeket. Az első tojás megjelenését követően a nőtényeket a továbbiakban 24 óránként ellenőriztük. Feljegyeztük a nőtények által lerakott első tojás időpontját, a tojások számát a levélszövetben, a kikelt lárvák számát, az utolsó lerakott tojás időpontját és a nőtény elpusztulásának időpontját. A kifejlődött hímeket szintén egyesével izoláltuk és életük végéig 24 óránként ellenőriztük őket. Ezek alapján meghatároztuk az egyes tripszek fejlődési fázisainak időtartamát, a lárvák túlélési arányát, a kifejlett egyedek élettartamát nemenként, az érési táplálkozás időtartamát, a napi és teljes fekunditást, a tojásrakás időtartamát a vizsgált növényeken.

#### **2.4.2. Ivararány dinamikájának és a tojások mortalitásának vizsgálati módszere**

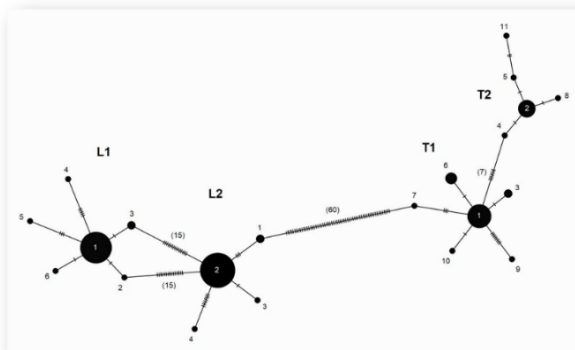
Az ökológiai paraméterek vizsgálata során a kifejlett és megtermékenyített nőtények által lerakott tojásokból kelő első vagy legfeljebb második stádiumú lárvákat 70 %-os alkoholban elöltük, hogy a napi ivararányt a nőtény imágók egész élettartama során meghatározhassuk. A ki nem kelt tojások, pedig a mortalitási vizsgálathoz szolgáltatták az adatot. Az alkoholban tárolt lárvákat később Berlese-oldatba ágyasztuk. A preparátumokat a határozhatóság érdekében legalább két hétig 56°C-on Ecocell MMM 55 (Medcenter Einrichtungen GmbH, Németország) szárítószekrényben szárítottuk. A szexálást Vierbergen és mtsai. (2010) által publikált lárvahatározó kulcs alapján végeztük. A preparátumokat Leica DM LB (Leica Microsystem, Németország) típusú fénymikroszkóppal identifikáltuk.

### 3. EREDMÉNYEK ÉS KÖVETKEZTETÉSEK

#### 3.1. A *Thrips tabaci* fajkomplex genetikai jellemzése és azonosítása CAPS módszerrel

A CAPS marker validálásához felhasznált egyedek (116 db) mtCOI szekvenciája között genetikai variabilitást figyeltünk meg. A tenyészetekből izolált egyedek nukleotid szekvenciájának összehasonlítása során 106 polimorf pozíciót azonosítottunk (14,32 %), amelyek 21 haplotípust eredményeztek. 4 haplotípus az L2-es, 6 haplotípus az L1-es és 11 a T-biotípushoz tartozik a biotípusonként közel azonos számú minta között (1. ábra). A haplotípus-hálózat szerkezete megerősítette a Brunner és mtsai. (2004) által azonosított három jól elkülönülő genetikai csoport létezését hazánkban is (L1, L2, T). A T-biotípuson belül a szekvenciák nagy nukleotid variabilitása kettő alcsoport vagy biotípus előfordulását igazolta hazánkban, melyeket T1- és T2-nek neveztünk el. A T2-es alcsoport szinte kizárólag hazai haplotípusokat tartalmaz, csak egyetlen görögországi mintával mutat közelebbi rokonsági kapcsolatot. Ez azt jelzi, hogy hazánkban több új haplotípust is találtunk a nemzetközi adatokhoz képest, amelyek nagyobb nukleotid eltérést jeleznek a T1-es alcsoportban lévő referencia mintákhoz képest. A haplotípus-hálózat (1. ábra) és a rokonsági kapcsolatokat ábrázoló törzsfá felépítése ugyanazt a genetikai szerkezetet mutatja, ami megerősíti a fajkomplex genetikai szerkezetét az elkülönülő monofiletikus kládokra (L1, L2, T) vonatkozóan (Brunner és mtsai., 2004; Toda és Murai, 2007; Kobayashi és Hasegawa, 2012; Kobayashi és mtsai., 2013; Jacobson és mtsai., 2013; Nault és mtsai., 2014; Fekrat és mtsai., 2014; Sogo és mtsai., 2015).

A genetikai elemzések eredményei azt mutatják, hogy a primer pár által felszaporított fragmentumok párosítása a restrikciós enzimek használatával (CAPS marker rendszer) alkalmas a biotípusok (L1, L2, T) egyszerű azonosítására. A szekvencia alapú elemzések megerősítik a restrikciós endonukleázos hasítás mintázatát, mivel az L1-es kládba tartozó haplotípusokat mindkét enzim hasítja, az L2-es kládba tartozó egyedeket csak az egyik enzim hasítja és a T kládba tartozó egyedeket nem hasítja egyik enzim sem.



**1. ábra** A *T. tabaci* fajkomplex 116 egyedének szekvenciája alapján készített haplotípus-hálózati térkép. A haplotípusokat jelző körök mérete a szekvenciák számával arányos. A fekete körökben illetve mellettük feltüntetett számok a biotípusonként előforduló haplotípusok számát jelölik. A haplotípusokat összekötő vonalakon feltüntetett merőleges vonalak a nukleotid szubsztitúciót (mutációt) mutatják.

### 3.2. A *Thrips tabaci* fajkomplex ökológiai paramétereinek vizsgálata

A laboratóriumi eredmények alapján a különböző gazdanövények eltérő felszaporodást tesznek lehetővé a fajkomplex biotípusai számára. A paraméterekben tapasztalható különbözőségeik az eltérő gazdanövény adaptációra utalnak. Korábbi tanulmányok szintén erős gazdanövény-specifikus (fiziológiai) adaptációról számoltak be laboratóriumi vizsgálatok során dohány, póréhagyma és káposzta esetén (Zawirska, 1976; Chatzivassiliou és mtsai, 2002; Chatzivassiliou, 2002; Li és mtsai., 2014). Ezért véleményünk szerint a gazdanövény kifejezés árnyaltabb használata tenné lehetővé a gazdanövény minőségének megítélését a kártevő szempontjából. Ez alapján a T-biotípus számára jó gazdanövénynek tekinthető a dohány és a bab a káposztához és a vörshagymához képest. Annak ellenére, hogy a vörshagyma és a káposzta is lehetővé teszi a juvenilis alakok kifejlődését – igaz hosszabb idő alatt – a kisebb fekunditási és nagyobb mortalitási értékek azt jelzik, hogy a populáció felszaporodása ezeken a növényeken sokkal vonatottabban megy végbe. Ezért a gazdanövény kifejezés használható az említett két növény esetében is, de nem tekinthetők jó gazdanövénynek a populáció felszaporodásának szempontjából. A póréhagyma-specialista L1- és L2-biotípus számára még gazdanövénynek sem tekinthető a dohány, mivel az imágók pár napon belül elpusztulnak dohányon táplálkozva, ami

nem teszi lehetővé a tojások létrehozását. Az L2-biotípus nőtényei ugyan képesek voltak kevés tojást lerakni dohány levélszövetébe, de feltehetően, mint rossz minőségű táplálékforrás már nem tette lehetővé, hogy a tojásokban lévő embriók kifejlődjenek. Az eredményeink a vizsgált növények alapján arra engednek következtetni, hogy a jelenleg természetben használt vöröshagyma és bab őse is lehetett a dohánytripsz taxon közös gazdanövénye. Ezért az Alliaceae (Hagymafélék) és Fabaceae (Pillangósvirágúak) közé tartozó növények is lehettek az ősi gazdanövények. A specializáció egy jelenleg nem ismert köztes gazdanövényen vagy gazdanövények egy bizonyos körén kezdődhetett el, mert a dohány növénnyel csak pár száz évvel ezelőtt kerülhetett kapcsolatba a taxon és ennyi idő alatt a mutációs ráta (2 % / évmillió) figyelembe vételével nem alakulhatott ki ilyen mértékű specializáció. Ez a növény lehetett Almási és mtsai. (2016) által feltételezett *Solanum nigrum* is akár, de a Burgonyafélék családjába tartozó egyéb növényfaj is. A dohánytripsz taxon közös ősi gazdanövénye a Káposztafélék (Brassicaceae) közé tartozó fejes káposzta egy ősi változata is lehetett, mivel ezen a növényen tapasztaltuk a fejlődő lárvák legkisebb mortalitását.

Li és mtsai.-nak (2014a) kutatása szerint az L1-biotípusnak a vöröshagyma a kedvezőbb gazdanövény, az L2-biotípus számára pedig a fejes káposzta biztosítja a populáció nagyobb felszaporodását. Az eredményeink megerősítik azt, hogy az L1-biotípusnak valóban a vöröshagyma biztosítja a populáció gyorsabb felszaporodását és túlélését, viszont káposztán ezt nem tudjuk elmondani az L2-biotípus esetében.

### 3.3. A *Thrips tabaci* ivararányának dinamikája

A dohánytripsz fajkomplex arrhenotok szaporodású biotípusaira – mint haplodiploid ivar-meghatározási rendszerrel rendelkező biotípusok – jellemző, hogy az utódok nemét a tojások szelektív megtermékenyítése határozza meg (Flanders, 1946; Cook, 1993). Az L1- és T-biotípusnál is azt tapasztaltuk, hogy az utódok ivararánya a nőtények korának függvényében egy „U”-alakú mintázatot eredményez a gazdanövényeken. A kirajzolódó „U”-mintázat annak függvényében változik, hogy milyen minőségű az adott gazdanövény, ami egyben a populáció felszaporodásának ütemét és a gazdanövény hatását is jelzi. Az L1-biotípus esetében vöröshagyma levelén 21 %-on (30 napig), káposztán 17 %-on (27 napig), babon 16 %-on (16 napig) állandósult az ivararány. Ez azt mutatja, hogy a bab jó gazdanövény és összetevői illetve tápanyagai lehetővé tették a legkisebb hím ivararány kialakulását a legrövidebb idő alatt (vagyis nagyobb arányban hoztak létre nőtény utódokat). A T-biotípusnál dohányon 25 %-on (25 napig) és babon 11 %-on (16 napig) állandósult a hímek ivararánya. Az L1-biotípushoz hasonlóan a bab

kedvezőbb feltételeket biztosított és így kisebb hím arány alakulhatott ki, rövidebb idő alatt. A biotípusok teljes élettartamára számított hím és nőstény ivararány eloszlás (L1-biotípusnál: hagymán 26,3% és 73,7 %, káposztán: 23,2 % és 76,8 %, babon: 20,1 % és 79,9 %-os; T-biotípusnál: dohányon: 29,6 % és 70,4 %, babon: 18,1 % és 81,9 %) megerősíti a tripszeknél megfigyelt 70 % : 30 %-os (Krueger és mtsai., 2015) és 77 % : 23 %-os (Li és mtsai., 2015a) nőstény hím ivararányt. Az az eredmény, hogy mindegyik vizsgált gazdanövényen kialakult a sikeres megtermékenyítést követően az „U”-alakú mintázat, az ivararány genetikai szabályozottságára utalhat. Az ivararány dinamika alakulását továbbá az elérhető táplálék minősége, a párosodás sikeressége és száma illetve az eltárolt hímivarsejtek hozzáférhetősége és mennyisége határozza meg.

#### 4. ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK

1. Azonosítottunk egy CAPS markert, amely lehetővé teszi a *Thrips tabaci* kriptikus fajkomplex három biotípusba sorolható egyedeinek egyszerű nukleinsav alapú azonosítását mtCOI gén alapján. A TTL-UNIF1 és TTL-UNIR1 primer pár által felszaporított 780 bp méretű ampikonjain a PvuI és PstI restriktív endonukleázok egyedi hasítási mintázatot eredményeznek. Az L1-biotípusba tartozó egyedek ampikonját mindkettő enzim hasítja egyszer, ezért három eltérő hosszúságú fragmentum (345 bp / 274 bp / 161 bp) keletkezik. Az L2-biotípusú egyedek ampikonját csak a PvuI restriktív enzim hasítja, így kettő eltérő hosszúságú (619 bp és 161 bp) fragmentumot kapunk. A T-biotípusú egyedek ampikonját egyik enzim sem hasítja, így marad a 780 bp hosszú DNS fragmentum.
2. A *Thrips tabaci* fajkomplex genetikai elemzése során hazai gyűjtésekből származó 116 db mtCOI szekvencia alapján elsőként igazoltuk a *Thrips tabaci* fajkomplex genetikai diverzitását, ezzel megerősítve a szakirodalmi adatokat a fajkomplex genetikai szerkezetéről. Új haplotípusokat azonosítottunk hazánkban, amelyek a T-biotípusú monofiletikus kládban egy újabb biotípus előfordulását igazolják, ezért a rokonsági kapcsolatok alapján a T-biotípust T1- és T2-biotípusra különítettük el.
3. Genetikai elemzéseink során megállapítottuk, hogy a fajkomplex biotípusai közül a T-biotípusba sorolható egyedekre nagyobb genetikai variabilitás jellemző, mint a póréhgyma-specialista L1- és L2-biotípus egyedeire. Elemzéseink során megállapítottuk, hogy az L1- és L2-biotípusok populációit a nukleotid variabilitás alapján palacknyak-hatás

vagy alapítói hatás érhető, a T-biotípus egyedei stabilabb populációval jellemezhetők nagy evolúciós történettel.

4. A *Thrips tabaci* fajkomplex molekulárisan azonosított biotípusainak ökológiai paramétereit elsőként hasonlítottuk össze a fajkomplex három gazdaságilag jelentős termesztett gazdanövényén a hím egyedek vizsgálatával együtt, amelynek alapján megállapítottuk, hogy az ökológiai paraméterekben eltérések vannak a biotípusok egyedei között. A T-biotípus számára a vizsgált növények köréből a dohány és a bab tekinthető jó gazdanövénynek, a fejes káposzta és a vöröshagyma csak gazdanövénynek tekinthető. Az L1- és L2-biotípusok számára a vöröshagyma, káposzta, bab tekinthető jó gazdanövénynek, a dohány viszont még tápnövénynek sem tekinthető. Megállapítottuk, hogy a biotípusok eltérő ökológiai paramétereit erős gazdanövény-hatást illetve adaptációt mutatnak.
5. Eredményeink részben támasztják alá Li és mtsai. (2014a) korábbi eredményeit az L1- és L2-biotípus gazdanövény-függő teljesítményével kapcsolatosan. Eredményeink alapján az L1-biotípus jobban adaptálódott a vöröshagymához, de az L2-biotípus nem adaptálódott jobban a fejes káposztához. Mindez arra utal, hogy az L2-biotípus diverzebb a gazdanövény adaptációját tekintve, mint azt korábban gondoltuk.
6. Elsőként vizsgáltuk meg a *Thrips tabaci* fajkomplex mtCOI alapján molekulárisan azonosított arrhenotok szaporodású L1- és T-biotípusainak teljes élettartama során létrehozott utódainak ivararányát. Az L1-biotípusnál vöröshagymán, babon és káposztán, míg a T-biotípus egyedeinél dohányon és babon. Megállapítottuk, hogy az L1-biotípusnál vöröshagymán 26,3 % és 73,7 %, káposztán: 23,2 % és 76,8 %, babon: 20,1 % és 79,9 %-os; a T-biotípusnál dohányon: 29,6 % és 70,4 %, babon: 18,1 % és 81,9 % a hím nőtény ivararány. Igazoltuk laboratóriumi körülmények között, hogy a nőtények élettartama során az ivararány a gazdanövény minőségétől függően 30 % és 70 % körüli hím nőtény arányon állandósul.
7. Megállapítottuk a Thysanoptera renden belül elsőként, hogy a megtermékenyített nőtény imágók utódainak ivararánya egy „U”-alakú mintázatot vesz fel gazdanövénytől függetlenül, amely az ivararány genetikai szabályozottságára utalhat. Eredményeink alapján, az L1-biotípusú dohánytripszeknél vöröshagymán 21 %, fejes káposztán 17 %, babon 16 %; T-biotípusúaknál dohányon 25 %, babon 11 %-os értéken állandósult a hímek

aránya. Az ivararány értékek a gazdanövény egyértelmű hatását mutatják a fajkomplex biotípusainak teljesítményére és ökológiai paramétereire.

## IDÉZETT IRODALMAK

1. Almási, A., Tobiás, I., Bujdos, L., Jenser, G. (2016): Molecular characterisation of *Thrips tabaci* Lindeman, 1889 (Thysanoptera: Thripidae) populations in Hungary based on the ITS2 sequences. *Acta Zoologica Academiae Scientiarum Hungaricae*, 62(2): 157–164. <http://dx.doi.org/10.17109/AZH.62.2.157.2016>
2. Balan, R.K., Ramasamy, A., Hande, R.H., Gawande, S.J., Krishna Kumar, N.K. (2018): Genome-wide identification, expression profiling, and target gene analysis of microRNAs in the Onion thrips, *Thrips tabaci* Lindeman (Thysanoptera: Thripidae), vectors of tospoviruses (Bunyaviridae). *Ecology and Evolution*, 8(13): 6399–6419. doi: 10.1002/ece3.3762. eCollection 2018 Jul.
3. Bandelt, H., Forster, P., Röhl, A. (1999) Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*, 16(1): 37–48. <https://doi:10.1093/oxfordjournals.molbev.a026036>
4. Barro, P.J., Driver, F. (1997) Use of RAPD PCR to distinguish the B biotype from other biotypes of *Bemisia tabaci* (Gennadius) (Hemiptera: Aleyrodidae). *Australian Journal of Entomology*, 36(2): 149–52. <https://doi:10.1111/j.1440-6055.1997.tb01447.x>.
5. Bouckaert, R., Heled, J., Kühnert, D., Vaughan, T., Wu, C-H., Xie, D., Suchard, M.A., Rambaut, A., Drummond, A. J. (2014): BEAST 2: A Software Platform for Bayesian Evolutionary Analysis. *PLoS Computational Biology*, 10(4): e1003537. doi:10.1371/journal.pcbi.1003537
6. Brunner, P.C., Chatzivassiliou, E.K., Katis, N.I., Frey, J.E. (2004): Host-associated genetic differentiation in *Thrips tabaci* (Insecta; Thysanoptera), as determined from mtDNA sequence data. *Heredity*, 93(4): 36–370. doi: 10.1038/sj.hdy.6800512
7. Chatzivassiliou, E.K. (2002): *Thrips tabaci*: an ambiguous vector of TSWV in perspective. In: Marullo, R., Mound, L. (eds) *Thrips and Tospoviruses: 7th International Symposium on Thysanoptera*. Australian National Insect Collection: Canberra, Australia, pp. 69–75.
8. Chatzivassiliou, E.K., Nagata, T., Katis, N.I., Peters, D. (1999): Transmission of tomato spotted wilt tospovirus by *Thrips tabaci* populations originating from leek. *Plant Pathology*, 48(6): 700–706. doi :10.1046/j.1365-3059.1999.00414.x
9. Chatzivassiliou, E.K., Peters, D., Katis, N.I. (2002): The efficiency by which *Thrips tabaci* populations transmit Tomato spotted wilt virus depends on their host preference and reproductive strategy. *Phytopathology*, 92(6): 603–609. <https://doi.org/10.1094/PHYTO.2002.92.6.603>
10. Cook, J.M. (1993): Sex determination in the Hymenoptera: a review of models and evidence. *Heredity*, 71: 421–435. <https://doi.org/10.1038/hdy.1993.157>
11. Darriba, D., Taboada, G.L., Doallo, R., Posada, D. (2012): JModelTest2: more models, new heuristics and high-performance computing. *Nature Methods*, 9(8): 772. doi:10.1038/nmeth.2109

12. Excoffier, L., Lischer Heidi, E.L. (2010): Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources*, 10(3): 564–567. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2010.02847.x>
13. Fekrat, L., Manzari, S., Shishehbor, P. (2014): Morphometric and molecular variation in *Thrips tabaci* Lindeman (Thysanoptera: Thripidae) populations on onion and tobacco in Iran. *Journal of Agricultural Science and Technology*, 16(7): 1505–1516.
14. Flanders, S.E. (1946): Control of fertilization and sex in Hymenoptera. *Journal of Economic Entomology*, 39: 379–380.
15. Gent, D.H., du Toit, L.J., Fichtner, S.F., Mohan, S.K., Pappu, H.R., Schwartz, H.F. (2006): Iris yellow spot virus: An emerging threat to onion bulb and seed production. *Plant Disease*, 90(12): 1468–1480. doi: 10.1094/PD-90-1468
16. Goldbach, R., Peters, D. (1994): Possible causes of the emergence of tospovirus diseases. *Seminars in virology*, (5): 113–120. <https://doi.org/10.1006/smvy.1994.1012>
17. Jacobson, A.L., Booth, W., Vargo, E.L., Kennedy, G.G. (2013): *Thrips tabaci* population genetic structure and polyploidy in relation to competency as a vector of Tomato spotted wilt virus. *PLoS One*, 8(1): e54484. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0054484>
18. Jenser, G., Szénási, Á. (2004): Review of the biology and vector capability of *Thrips tabaci* Lindeman (Thysanoptera: Thripidae) *Acta Phytopathologica et Entomologica Hungarica*, 39: 137–155.
19. Jenser, G., Szénási, A., Törjek, O., Gyulai, G., Kiss, E., Heszky, L., Fail, J. (2001): Molecular polymorphism between population of *Thrips tabaci* Lindeman (Thysanoptera: Thripidae) propagating on tobacco and onion. *Acta Phytopathologica et Entomologica Hungarica*, 36: 365–368.
20. Kobayashi, K., Hasegawa, E. (2012): Discrimination of reproductive forms of *Thrips tabaci* (Thysanoptera: Thripidae) by PCR with sequence specific primers. *Journal of Economic Entomology*, 105(2): 555–559. <https://doi.org/10.1603/EC11320>
21. Kobayashi, K., Yoshimura, J., Hasegawa, E. (2013): Coexistence of sexual individuals and genetically isolated asexual counter parts in a thrips. *Scientific Reports*, 3, 3286. doi: 10.1038/srep03286.
22. Konieczny, A., Ausubel, F.M. (1993): A procedure for mapping *Arabidopsis* mutations using co-dominant ecotype-specific PCR-based markers. *The Plant Journal*, 4(2): 403–10. doi:10.1046/j.1365-313x.1993.04020403.x
23. Kritzman, A., Lampel, M., Raccach, B., Gera, A. (2001): Distribution and transmission of Iris yellow spot virus. *Plant Disease*, 85(8): 838–842. doi: 10.1094/PDIS.2001.85.8.838.
24. Krueger, S., Mound, L.A., Moritz, G.B. (2015): Offspring sex ratio and development are determined by copulation activity in *Echinothrips americanus* MORGAN 1913 (Thysanoptera). *Journal of Applied Entomology*, 140(6): 462–473. <https://doi.org/10.1111/jen.12280>
25. Li, X.-W., Fail, J., Shelton, A.M. (2015a): Female multiple matings and male harassment and their effects on fitness of arrhenotokous *Thrips tabaci* (Thysanoptera: Thripidae). *Behavioral Ecology and Sociobiology*, 69(10): 1585–1595. doi:10.1007/s00265-015-1970-5



26. Li, X.-W., Fail, J., Wang, P., Feng, J.-N., Shelton, A.M. (2014a): Performance of arrhenotokous and thelytokous *Thrips tabaci* (Thysanoptera: Thripidae) on onion and cabbage and its implications on evolution and pest management. *Journal of Economic Entomology*, 107(4): 1526–1534. <https://doi.org/10.1603/EC14070>
27. Librado, P., Rozas, J. (2009) DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*, 25: 1451–1452. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btp187>
28. Mandal, B., Jain, R.K., Krishnareddy, M., Krishna Kumar, N.K., Ravi, K.S., Pappu, H.R. (2012): Emerging problems of tospoviruses (*Bunyaviridae*) and their management in the Indian subcontinent. *Plant Disease*, 96: 468–79. doi: 10.1094/PDIS-06-11-0520
29. Moritz, G., Morris, D., Mound, L.A. (2001): ThripsID – Pest thrips of the world. An interactive identification and information system. Cd-rom published by ACIAR, Australia.
30. Mound, L.A., Kibby, G. (1998): Thysanoptera. An identification guide. 2nd Edition. CAB International, Wallingford, UK.
31. Nault, B.A., Kain, W.C., Wang, P. (2014): Seasonal changes in *Thrips tabaci* population structure in two cultivated hosts. *PLoS One*, 2014; 9(7): e101791. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0101791>
32. Nault, B.A., Shelton, A.M., Gangloff-Kaufmann, J., Clark, M.E., Werren, J.L., Cabrera-La Rosa, J.C., Kennedy, G. (2006): Reproductive modes in onion thrips (Thysanoptera: Thripidae) populations from New York onion fields. *Environmentally Entomology*, 35(5): 1264–1271. <https://doi.org/10.1093/ee/35.5.1264>
33. Pozzer, L., Bezerra, I.C., Kormelink, R., Prins, M., Peters, D., de O. Resende, R., de Ávila, A.C. (1999): Characterization of a Tospovirus isolate of Iris yellow spot virus associated with a disease in onion fields in Brazil. *Plant Disease*, 83: 345–450. <https://doi.org/10.1094/PDIS.1999.83.4.345>
34. Smith, K. M. (1931): *Thrips tabaci* Lind. as a vector of plant virus disease. *Nature*, 127: 852–853.
35. Sogo, K., Miura, K., Aizawa, M., Watanabe, T., Stouthamer, R. (2015): Genetic structure in relation to reproduction mode in *Thrips tabaci* (Insecta: Thysanoptera). *Applied Entomology and Zoology*, 50(1): 73–77. doi: 10.1007/s13355-014-0306-7
36. Steiner, M. Y., Goodwin, S. (1998). Methods for collecting and rearing thrips (Thysanoptera) and their natural enemies. *Australian Journal of Entomology*, 37: 101–106.
37. Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipski, A., Kumar, S. (2013): MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0. *Molecular Biology and Evolution*, 30: 2725–2729. <https://doi.org/10.1093/molbev/mst197>
38. Thompson, J. D., Higgins, D.G., Gibson, T.J. (1994): CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic Acid Research*, 22(22): 4673–4680.
39. Toda, S., Murai, T. (2007): Phylogenetic analysis based on mitochondrial COI gene sequences in *Thrips tabaci* Lindeman (Thysanoptera: Thripidae) in relation to reproductive forms and geographic distribution. *Applied Entomology and Zoology*, 42(2): 309–316. <https://doi.org/10.1303/aez.2007.309>

40. Vierbergen, G., Kucharczyk, H., Kirk, W.D.J., (2010): A key the second instar larvae of the Thripidae of the Western Palaearctic region (Thysanoptera). *Tijdschrift voor Entomologie* 153: 99–160, Figs 1–285. [ISSN 0040–7496].
41. Wu, M., Gotoh, M., Waters, T., Walsh, D.B., Lavigne, L.C. (2014): Identification of an alternative knockdown resistance (kdr)-like mutation, M918L, and a novel mutation, V1010A, in the *Thrips tabaci* voltage-gated sodium channel gene. *Pest Management Science*, 70(6): 977–981. <https://doi.org/10.1002/ps.3638>
42. Zawirska, I. (1976): Untersuchungen über zwei biologische Typen von *Thrips tabaci* Lind. (Thysanoptera: Thripidae) in der VR Polen. *Archiv für Phytopathologie und Pflanzenschutz*, 12(6): 411–422. <https://doi.org/10.1080/03235407609431780>

## PUBLIKÁCIÓK JEGYZÉKE

### AZ ÉRTEKEZÉS TÉMAKÖRÉHEZ KAPCSOLÓDÓ PUBLIKÁCIÓK

#### Impakt faktoros folyóiratcikkek

**Farkas P.**, György Zs., Tóth A., Sojnóczki A., Fail J. (2019): A simple molecular identification method of the *Thrips tabaci* (Thysanoptera: Thripidae) cryptic species complex. Bulletin of Entomological Research, 110(3): 397–405. <https://doi.org/10.1017/S0007485319000762>. (IF:1,81 - Q1)

#### Egyéb tudományos publikációk

Király K.D., Reiter D., **Farkas P.**, Sojnóczki A., Fail J. (2017): Előzetes adatok a telitok dohánytripsz gazdanövényköréhez. Növényvédelem 53: 49–58.

Reiter D., **Farkas P.**, Sojnóczki A., Király K., Fail J. (2015): Laboratory rearing of *Thrips tabaci* LINDEMAN: a review. Die Bodenkultur (ISSN: 2299-9884) 66 (3-4): 33–40.

Sojnóczki A., Pájtli É., Reiter D., **Farkas P.**, Fail J. (2015): Comparative study of *Thrips tabaci* LINDEMAN cytochrome-c oxidase gene subunit I (COI) sequences data. Die Bodenkultur (ISSN: 0006-5471) 66 (3-4): 41–45.

Király K. D., Reiter D., **Farkas P.**, Sojnóczki A., Fail J. (2015): A dohánytripsz (*Thrips tabaci* LINDEMAN, 1889) fajkomplex. Növényvédelem, 51(7): 317–324.

#### Konferencia összefoglalók („abstract”)

**Farkas P.**, György Zs., Tóth A., Fail J. (2019): Development of CAPS marker for genetic differentiation of *Thrips tabaci* (Thysanoptera: Thripidae) lineages. In: Anonymus XIth International Symposium on Thysanoptera and Tospoviruses (ISTT). 21<sup>th</sup> – 25<sup>th</sup> September 2019, Kunming, China. Conference Handbook, p. 59.

**Farkas P.**; Tóth A., Woldemalek W. A., Péntes B., Fail, J. (2018): A dohánytripsz (*Thrips tabaci* Lindeman) fajkomplex versenyképessége vöröshagymán. In: Haltrich, A.; Varga, Á. (szerk.) 64. Növényvédelmi Tudományos Napok Budapest, 2018. február 20-21. Előadások összefoglalói, p. 25.

**Farkas, P.**, Gilbert, B; Sojnóczki, A.; Király, K.; Péntes, B; Fail, J (2018): A gazdanövény hatása a dohány specialista *Thrips tabaci* Lind. ivararányára In: Haltrich, A.; Varga, Á. (szerk.) 64. Növényvédelmi Tudományos Napok Budapest, 2018. február 20-21. Előadások összefoglalói, p. 24.

Berki Z., Sojnóczki A., **Farkas P.**; Fail J.(2017): A dohány specialista *Thrips tabaci* Lind. gazdanövényei. In: Horváth, J., Haltrich, A., Molnár J. (szerk.) 63. Növényvédelmi Tudományos Napok. Budapest, 2017. február 21–22. Előadások összefoglalói, p. 26.

Reiter D., **Farkas P.**, Sojnóczki A., Király K., Fail J. (2014): Laboratory rearing techniques of *Thrips tabaci* and their evaluation. 4<sup>th</sup> Symposium on Palaearctic Thysanoptera, 8<sup>th</sup> – 11<sup>th</sup> September 2014, Vienna, Austria. Book of abstracts, p. 27.

Sojnóczki A., Pájtli É., Reiter D., **Farkas P.**, Fail J. (2014): Review of *Thrips tabaci* Lindeman cytochrome c oxidase gene subunit I (COI) sequences data. 4<sup>th</sup> Symposium on Palaearctic Thysanoptera, 8<sup>th</sup> – 11<sup>th</sup> September 2014, Vienna, Austria. Book of abstracts, p. 39.

Király K. D., Reiter D., Sojnóczki A., **Farkas P.**, Fail J. (2015): A telitok dohánytripsz gazdanövénykörének vizsgálata. 61. Növényvédelmi Tudományos Napok. Budapest, 2015. február 17-18. Előadások összefoglalói, p. 24.

## **AZ ÉRTEKEZÉS TÉMAKÖRÉHEZ NEM, VAGY NEM KÖZVETLENÜL KAPCSOLÓDÓ PUBLIKÁCIÓK**

### **Impakt faktoros folyóiratcikkek**

Egri Á., **Farkas P.**, Bernáth B., Guerin M.P., Fail J. (2019): Spectral sensitivity of L2 biotype in the *Thrips tabaci* cryptic species complex. Journal of Insect Physiology, 121: 1–10. doi: 10.1016/j.jinsphys.2019.103999. (IF:2,862 - D1 (Q1))

### **Egyéb tudományos publikációk**

Király K.D., **Farkas P.**, Fail J. (2018): A nyugati virágotripsz (*Frankliniella occidentalis*/Pergande, 1985). Növényvédelem 79: (54): 377–398.

Király, K.D., **Farkas P.**; Fail J. (2017): A nyugati virágotripsz (*Frankliniella occidentalis*). Agrofórum, Inváziós kártevők sorozat (II./14) 28: 40–46.

**Farkas P.**, Bagi N., Szabó Á., Ladányi M., Kis K., Sojnóczki A., Reiter D., Péntes B., Fail J. (2016): Biological control of thrips pests (Thysanoptera: Thripidae) in a commercial greenhouse in Hungary. Polish Journal of Entomology 85(4): 437–451. doi: 10.1515/pjen-2016-0028.

**Farkas P.** (2015): Két ragadozó jobb, mint egy? Természetes ellenségek hatékonysága kártevő tripszek ellen növényházi paprika állományban. Agrofórum, 26 (6): 128–131.

**Farkas P.**, Szabó Á., Erdélyi É., Péntes B. (2011): Az *Amblyseius swirskii* hazai felhasználásának tapasztalatai a hajtított paprika biológiai növényvédelmében. Növényvédelem, 47 (11): 455–460.

**Farkas P.**, Szabó Á., Erdélyi É., Kis K. (2011): Ragadozó atkák szerepe a nyugati virágotripsz elleni védelemben növényházi paprika állományban. Agrofórum, 22 (7): 86–88.

### **Konferencia összefoglalók („abstract”)**

Fail, J.; **Farkas P.**; Egri, Á. (2019): Light perception of onion thrips (*Thrips tabaci* Lindeman) In: Anonymus XIth International Symposium on Thysanoptera and Tospoviruses (ISTT). 21<sup>th</sup> – 25<sup>th</sup> September 2019, Kunming, China. Conference Handbook, p. 58.

Woldemelak W.A., **Farkas P.**, Musa, S., Varela R.C.L., Fail, J. (2018): Do adult males inseminate female pupae of arrhenotokous onion thrips, *Thrips tabaci* (Thysanoptera: Thripidae)? 60. Georgikon Napok Keszthely, 2018 október 4–5. Conference abstracts, p 49.

Bognár Cs., Mahmoud R. M., Baklanov Sz., Sojnóczki A., Reiter D., **Farkas P.**, Péntes B., Fail J. (2015): Zsákmány vagy ragadozó? A *Frankliniella occidentalis* és a *Thrips tabaci* új szerepe a trofikus hálózatban. 61. Növényvédelmi Tudományos Napok. Budapest, 2015. február 17–18. Előadások összefoglalói, p. 25.

**Farkas P.**, Szabó Á., Reiter D., Sojnóczki A., Bagi N., Kis K., Péntes B., Fail J. (2014): Experience of biological control of thrips pests (Thysanoptera: Thripidae) in a commercial greenhouse in Hungary. 4<sup>th</sup> Symposium on Palaearctic Thysanoptera, 8<sup>th</sup> – 11<sup>th</sup> September 2014, Vienna, Austria. Book of abstracts, p. 19.

**Farkas P.**, Farkas Á., Slezák K., Péntes B. (2013): A hajtattott fűszerpaprikában is a fitofág *Thysanoptera* fajok lesznek a növényvédelmet meghatározó kártevők? XXIII. Keszthelyi Növényvédelmi Fórum, Pannon Egyetem Georgikon Kar Növényvédelmi Intézete, 2013. január 23–25. Konferencia kötet, p. 121–122.

**Farkas P.**, Bagi N., Szabó Á., Ladányi M., Péntes B. (2013): A fitofág tripszek elleni biológiai növényvédelem tapasztalatai hajtattott paprikán. 59. Növényvédelmi Tudományos Napok. Budapest, 2013. február 21–22. Előadások összefoglalói, p. 81.

**Farkas P.**, Bagi N., Kis K., Péntes B. (2012): A biológiai védekezés hatása a fitofág tripszekre hajtattott paprikaállományban. Integrált termesztés a kertészeti és szántóföldi kultúrákban (XXIX.), Budapest, 2012. november 27. Konferencia kötet, p. 13–15.

Sipos K., **Farkas P.**, Pásztor B., Véték G., és Péntes B. (2012): A dél-amerikai paradicsommoly (*Tuta absoluta*) imágók repülési aktivitása növényházban. 58. Növényvédelmi Tudományos Napok, Budapest, 2012. február 21–22. Előadások összefoglalói, p. 19.

**Farkas P.**, Szabó Á., Erdélyi É., Péntes B. (2012): Fitofág tripszek elleni biológiai védekezés *Amblyseius swirskii* felhasználásával hajtattott paprika állományban. XXII. Keszthelyi Növényvédelmi Fórum, Pannon Egyetem Georgikon Kar Növényvédelmi Intézete, 2012. január 25–27. Konferencia kötet, p. 57.

**Farkas P.**, Szabó Á., Erdélyi É., Péntes B. (2011): A hajtattott paprika biológiai növényvédelmének tapasztalatai Soroksáron. Hamos Zsolt Emlékkonferencia, IX. Magyar Biometriai, Biomatematikai és Bioinformatikai Konferencia, Budapest, 2011. június 30 - július 1. Konferencia kötet, p. 52.

**Farkas P.** (2011): Az *Amblyseius swirskii* felhasználása a hajatott paprika biológiai növényvédelmében. „Tudós diákok az életminőség javításáért”. Budapesti Corvinus Egyetem Élelmiszertudományi Kar, Kertészettudományi Kar, „Tehetségnap – Összefoglalók”. 2011. május 11., Budapest. ISBN:978-503-450-5

**Farkas P.,** Erdélyi É., Kohut I. (2009): Kristályvirágok különböző körülmények melletti fejlődésének több szempont szerinti összehasonlítása. Globális kihívások, lokális megoldások. Erdei Ferenc V. Tudományos Konferencia. 2009. szeptember 3-4., Kecskemét., Konferencia kötet, p. 1140–1144.