

# MEGHÍVÓ

A BUDAPESTI CORVINUS EGYETEM

KERTÉSZETTUDOMÁNYI

DOKTORI ISKOLÁJA

meghívja Önt

## HALÁSZ JÚLIA

**A kajszi önmeddőségét meghatározó S-allél-rendszer molekuláris háttere**

című PhD doktori értekezésének

**2007. március 28-án de. 10.00 órakor**

tartandó nyilvános vitájára.

**Témavezető: Pedryc Andrzej, CSc**

**Helyszín: Budapesti Corvinus Egyetem,**

**1118 Bp., Villányi út 35-43. „K” épület III. em., KLUBTEREM**

A Bíráló Bizottság összetétele:

**Elnöke: Tóth Magdolna, CSc**

**Tagjai:**

**Jenes Barnabás, CSc**

**Szegedi Ernő, DSc**

**Palkovics László, DSc**

**Kocsisné Molnár Gitta, PhD**

**Opponensek:**

**Janda Tibor, CSc**

**Kiss Erzsébet, CSc**

**Titkár: Kocsisné Molnár Gitta, PhD**

**Az értekezés megtekinthető**

a Budapesti Corvinus Egyetem Budai Entz Ferenc Könyvtárában és Levéltárban

(Budapest, XI., Villányi út 35-43. K. ép. I. em.),

elektronikus változata a <http://www.lib.uni-corvinus.hu/content/view/46/117/>

címen

*A nyilvános vitában minden jelenlévő részt vehet  
és írásban előzetesen is észrevételt tehet*

**Dr. Papp János sk**  
**egyetemi tanár**  
**Doktori Iskola Vezetője**

## HALÁSZ JÚLIA, GENETIKA ÉS NÖVÉNYNEMESÍTÉS TANSZÉK

Dolgozatomban a kajsz ( *Prunus armeniaca* L.) termékenyülési viszonyait irányító *S*-lókusz átfogó molekuláris szintű vizsgálatát végeztem el. Eredményeim az alábbiakban foglalhatók össze:

Nem egyensúlyi izoelektromos fókuszálási protokollokat adaptáltunk és új protokollokat (NEpHGE I-III) dolgoztunk ki, melyekkel 12 kajszifajta teljes és 11 fajta részleges *S*-genotípusát tudtuk meghatározni. Meghatároztuk 16 különböző *S*-allél által kódolt ribonukleáz (*S*-RN-áz) enzim izoelektromos pontját.

Kimutattuk, hogy a cseresznye konzervatív régiókra tervezett, az 1. intronrégiót amplifikáló PCR-primerekkel 16 allél közül 10, a 2. intronrégiót amplifikálókkal 11 allél kimutatására van lehetőség. Ez a közel 70 %-os hatékonyság jól tükrözi, hogy a *Prunoideae* alcsalád fajainak *S*-RN-áz kódoló DNS-szekvenciái nagymértékben konzervatívak. Egy, 22 *Prunus* faj *S*-RN-áz szekvenciája alapján tervezett degenerált primerpárral a kilenc, NEpHGE és cseresznyeprimerek alapján azonosított allélon (*S*<sub>8</sub>–*S*<sub>16</sub>) kívül további 4 új allél (*S*<sub>17</sub>–*S*<sub>20</sub>) azonosítása vált lehetővé tizen négy országból, 4 öko földrajzi csoportból származó 74 kajszifajta genotípusban. A 13 korábban nem ismert *S*-ribonukleáz gén jellemző intronméreteit meghatároztuk. A vizsgált fajtákban az *S*<sub>8</sub>-allél 19, az *S*<sub>2</sub>-allél 12, az *S*<sub>1</sub>-allél 4, az *S*<sub>9</sub>-allél 4, az *S*<sub>13</sub>-allél 3, az *S*<sub>10</sub>, *S*<sub>11</sub>- és *S*<sub>20</sub>-allélok 2-2, az *S*<sub>12</sub>- és *S*<sub>14-19</sub>-allélok egy-egy fajtában fordultak elő.

Elsőként alkalmaztuk kajszifajta *S*-genotípusok meghatározására az 1. intronrégiót amplifikáló, fluoreszcens primerekkel kapott fragmentumok automata szekvenátorral végzett pontos méretmeghatározását. Hét *S*-RN-áz allél (*S*<sub>C</sub>; *S*<sub>8</sub>; *S*<sub>9</sub>; *S*<sub>11</sub>; *S*<sub>13</sub>; *S*<sub>15</sub>; *S*<sub>16</sub>) cDNS-ét, továbbá hat allél (*S*<sub>C</sub>; *S*<sub>8</sub>; *S*<sub>9</sub>; *S*<sub>11</sub>; *S*<sub>13</sub>; *S*<sub>20</sub>) első intronrégióját, illetve nyolc allél (*S*<sub>9</sub>; *S*<sub>10</sub>; *S*<sub>12</sub>; *S*<sub>13</sub>; *S*<sub>15</sub>; *S*<sub>17</sub>; *S*<sub>18</sub>; *S*<sub>20</sub>) második intronrégióját klónoztuk és DNS-szekvenciájukat meghatároztuk. A szekvenciákat benyújtottuk az NCBI nemzetközi adatbázisba. Más *Prunus* *S*-RN-áz, *Maloideae* *S*-RN-áz, ún. nem *S*-specifikus RN-áz és egy gomba T2-típusú RN-áz szekvenciák használatával filogenetikai analízist végeztünk, mely tovább igazolta a *Prunoideae* és *Maloideae* alcsaládok *S*-RN-ázainak különbözőségét és *Rosaceae* allélok transz-specifikus evolúcióját.

Meghatároztuk 51 gazdaságilag jelentős fajta és értékes nemesítési alapanyagként használt hibrid, ezen belül a Magyar kajszifajta (*S*<sub>C</sub>*S*<sub>8</sub>) és Óriás fajtacsoportok (*S*<sub>8</sub>*S*<sub>9</sub>) teljes *S*-genotípusát. Molekuláris és termékenyülési vizsgálatokkal tisztáztuk 21 ismeretlen vagy vitatott termékenyülési fenotípusú fajta öntermékenyülési képességét, továbbá 19 fajta teljes és 2 fajta részleges *S*-allél-összetételét.

Vizsgálataink eredményeit a szakirodalmi adatokkal összesítve elkészítettük a kajszifajta kölcsönös termékenyülési viszonyait szemléltető táblázatot, mely 67 fajtát sorol 3 inter-inkompatibilitási csoportba illetve az univerzális pollenadó csoportjába. Munkánk jelentős eredménye, hogy az első inkompatibilitási csoportot két fajtával bővítettük, továbbá a régebről ismert két inkompatibilitási csoport mellett meghatároztunk egy új (III.) inkompatibilitási csoportot, mely két fajtából áll. Ez a fajtátáblázat genetikai információs adatbázisaként közvetlen segítséget adhat önmeddő fajtákból létesítendő ültetvények tervezéséhez és a keresztezéses nemesítés szülővonalainak kiválasztásához.

Irányított tesztkereszteztést követő gyümölcskötődési és pollentömlő-növekedési vizsgálatokkal és molekuláris módszerekkel kétséget kizáróan igazoltuk, hogy a kajszifajta öntermékenyülését a pollenkomponensgénben bekövetkezett inszerciós mutáció okozza. A világon elsőként izoláltuk és jellemeztük az öntermékenyülésért felelős allél (*S*FB<sub>8</sub>) nem mutáns, funkcióképes változatát magyar fajtákból.

A kajszifajta pollenkomponensgénjét amplifikáló konszenzus primereket terveztünk (AprSFB-F1/R), melyek könnyen és gyorsan alkalmazható, ugyanakkor megbízható rutineljárást kínálnak a nemesítők számára az öntermékenyülő hibridek korai szelekciójára. Ráadásul a primerek a homo- és heterozigóta genotípusok kimutatását is lehetővé teszik. Az általunk tervezett primerek használhatóságát 35 fajta *S*-genotípus-vizsgálatával támasztottuk alá, melyek közül 32 fajta pontos genotípusának meghatározása csak e primerekkel volt lehetséges.

Számos, különböző eredetű kajszifajta vizsgálata révén azt a hipotézist fogalmaztuk meg, hogy a faj kultúrevolúciójának egyik legjelentősebb eseménye, az öntermékenyülési képesség kialakulása valahol a közép-ázsiai régió környékén következhetett be.

Vizsgálataink kimutatták, hogy Euráziában nyugatról keleti irányban haladva egyre növekvő alléldiverzitás tapasztalható, mely legnagyobb értékét a közép-ázsiai térségben, illetve Kínában, a kajszifajta géncentrumában éri el. Kimutatható volt továbbá, hogy a közép-ázsiai génforrásból merítő nemesítési programok (pl. Magyarország, USA) segíthetnek a korlátozott variabilitású európai kajszifajta kör változékonyságának növelésében. Az önmeddő genotípusok megjelenésére azonban számítani kell, így dolgozatom eredményei és a kidolgozott technikák a jövőben egyre fontosabbá válhatnak a termesztők és nemesítők számára.