

# MEGHÍVÓ

A BUDAPESTI CORVINUS EGYETEM  
KERTÉSZETTUDOMÁNYI  
DOKTORI ISKOLÁJA  
meghívja Önt

## Györffyné Jahnke Gizella

**A szőlőnemesítés hatékonyságának növelése a faj genetikai hátterének  
vizsgálatával**

című PhD doktori értekezésének

**2006. december 7-én de. 10.00 órakor**  
tartandó nyilvános vitájára.

**Témavezető: Korbuly János, CSc**

**Helyszín: Budapesti Corvinus Egyetem,  
1118 Bp., Villányi út 35-43. „K” épület III. em., KLUBTEREM**

**A Bíráló Bizottság összetétele:**

**Elnöke: Kállay Miklós, CSc**

**Tagjai:**

**Stefanovitsné Bányai Éva, PhD**

**Bényei Ferenc, CSc**

**Báló Borbála, PhD**

**Kocsis László, CSc**

**Opponensek:**

**Kozma Pál, CSc**

**Szegedi Ernő, DSc**

**Titkár: Stefanovitsné Bányai Éva, 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*

## **A szőlőnemesítés hatékonyságának növelése a faj genetikai hátterének vizsgálatával**

### Doktori értekezés összefoglaló

A növénynemesítés sikerét minden faj esetén alapvetően meghatározza a kiindulási alapanyagban meglévő genetikai változatosság. Kezdetben a nemesítők az evolúció során kialakult természetes genetikai variabilitást használták új fajták előállítására. A genetikai variabilitás növelésére több lehetőség is kínálkozik, ezek közül a legrégebben és legszélesebb körben a keresztezést alkalmazták. A keresztezéses nemesítés során az utódpopuláció genetikai sokfélesége annál nagyobb, minél nagyobb a keresztezett szülőpartnerek közötti genetikai távolság.

A kerti szőlő (*Vitis vinifera L.*) esetében jelenleg a tudomány rendelkezésére álló eszközök megengedik, hogy a genetikai háttér nemcsak morfológiai bélyegek segítségével vizsgáljuk, hanem a molekuláris markerek segítségével e tevékenység hatékonysága jelentős mértékben növelhető legyen. Doktori disszertációm célja szőlőfajták genomjának vizsgálata molekuláris markerek (izoenzim, SSR) segítségével.

Céлом volt 48 fajtánál, 8 enzim (CO, GOT, AcP, PER, EST, LAP, GPI, PGM) izoenzimintát, és 7 primerpár segítségével SSR fragmenshosszokat vizsgálni.

Az említett enzimek közül a GPI és PGM esetén értékelhető mintázatot nem kaptam, a LAP esetén a mintázat a vizsgált fajtáknál azonos volt, EST esetén pedig a megismételhetőség hiánya, és a mintázat összetettsége miatt a kapott eredményeket értékelni nem tudtam.

A CO, GOT, AcP és PER enzimek esetén a szőlő nyugalmi időszakában a vessző hancs részéből nyert enzimmintákat vizsgálva megállapítottam, hogy a kapott mintázat megismételhető, a nyugalmi időszakon belül nem függ a mintavétel idejétől. Négy enzim (CO, GOT, AcP, PER) izoenzim-mintázata alapján a vizsgált 48 fajta többsége (40 fajta) az általam használt módszerrel azonosítható.

Összefüggést találtam a fajták származási csoportba (convarietas) való tartozása, és izoenzim-mintázatuk között. Megállapítottam, hogy míg a pontuszi fajták az orientalis és occidentalis csoporttól egyértelműen elkülönülnek, addig ez utóbbi két csoport nem válik el élesen egymástól. Olyan speciális savas foszfátáz izoenzim-mintázatot azonosítottam, amely jellemző a pontuszi fajtákra, ugyanakkor a másik két csoportban csak elvétve fordul elő.

Izoenzim és mikroszatellit vizsgálatokkal sikerült a 'Kéknyelű' és a 'Picolit' fajták különbözőségét igazolni.

Mikroszatellit vizsgálataim alapján az általam használt 6 primerpár segítségével a vizsgált 48 fajta közül 46-ot tudtam azonosítani. A VMC4A1-es primerrel a kapott eredmények alapján különbséget tudtam tenni a Pinot conculta két cultivarja a 'Pinot blanc' és a 'Szürkebarát' között.