

SZENT ISTVÁN EGYETEM

**SZŐLŐFAJTÁK, VÁLTOZATOK, NEMESÍTÉSI ALAPANYAGOK
JELLEMZÉSE ÉS SZÁRMAZÁSÁNAK VIZSGÁLATA MOLEKULÁRIS
MARKEREKKEL**

Doktori értekezés tézisei

Tóth-Lencsés Andrea Kitti

Gödöllő

2016

A doktori iskola

- megnevezése:** **Növénytudományi Doktori Iskola**
- tudományága:** **Növénytermesztési és kertészeti tudományok**
- vezetője:** **Dr. Helyes Lajos**
Egyetemi tanár, az MTA doktora
SZIE, Mezőgazdaság- és Környezettudományi Kar
Kertészeti Technológiai Intézet
- Témavezető:** **Dr. Kiss Erzsébet**
Egyetemi tanár, a mezőgazdasági tudomány kandidátusa
- Társtémavezető:** **Dr. Kozma Pál**
Tudományos főmunkatárs, a mezőgazdasági tudomány kandidátusa
PTE Szőlészeti és Borászati Kutatóintézete, Pécs

.....
Dr. Kiss Erzsébet
Témavezető

.....
Dr. Kozma Pál
Társtémavezető

.....
Dr. Helyes Lajos
A Doktori Iskola vezetője

TARTALOM

1	A MUNKA ELŐZMÉNYEI, KITŰZÖTT CÉLOK	4
2	ANYAG ÉS MÓDSZER.....	7
2.1	A vizsgálatok növényanyaga.....	7
2.2	DNS izolálás.....	7
2.3	A vizsgálatokban szereplő markerek és PCR körülmények.....	7
2.4	Emésztés, szekvenálás, SNaPshot analízis.....	8
2.5	A mikroszatellit allélek pontos méretének meghatározása	8
2.6	A mikroszetellit adatok statisztikai értékelése	8
3	EREDMÉNYEK	9
3.1	SSR alapú genotipizálás	9
3.1.1	‘Kadarka’ változatok, ‘Kadarka’ elnevezésű fajták, a ‘Kadarká’-val együtt termesztett kísérő fajták és a ‘Bíbor kadarka’ molekuláris genetikai jellemzése	9
3.1.2	<i>V. vinifera</i> L. fajták pedigréjének vizsgálata.....	12
3.1.3	’Seibel’ és ’Seyve-Villard’ eredetű lisztharmat rezisztenciát hordozó hibridek pedigré vizsgálata.....	14
3.1.4	Az ‘Eger 2’ fajta származása.....	15
3.1.5	A ‘Csillám’ származása.....	16
3.1.6	Észak-amerikai eredetű <i>Vitis</i> fajok (<i>V. berlandieri</i> PLANCH., <i>V. riparia</i> MICHX. és <i>V. rupestris</i> SCHEELE) magoncainak SSR alapú elemzése	17
3.2	<i>VvMybA1</i> gén allélpolimorfizmusának meghatározása génspecifikus és kapcsolt markerekkel.....	18
3.2.1	Bogyószín szelekció molekuláris markerekkel a ‘Nektár’ x ‘Jacquez’ szőlő utódnemzedékben	18
3.2.2	A ‘Csillám’ fajta származásának bizonyítása.....	18
3.2.3	A ‘Kék kadarka’ és a ‘Szürke kadarka’ bogyószínének genetikai vizsgálata....	19
3.3	Új tudományos eredmények.....	20
4	ÖSSZEFOGLALÁS.....	21
5	IRODALOMJEGYZÉK.....	23
6	AZ ÉRTEKEZÉS TÉMAKÖRÉHEZ KAPCSOLÓDÓ PUBLIKÁCIÓK	25

1 A MUNKA ELŐZMÉNYEI, KITŰZÖTT CÉLOK

A szőlő termesztése és gyümölcsként, vagy borként való fogyasztása szorosan kapcsolódott az emberi kultúrákhoz a történelem folyamán. Az eurázsiai *Vitis vinifera* L. faj a világ bortermelésének több mint 80%-át adja, fajtáit közel 10 ezer néven tartják nyilván. A szőlőnemesítésben elengedhetetlen a keresztezésre kijelölt fajták pontos jellemzése, rokonsági és szülő-utód kapcsolatainak ismerete. Ebben nyújthat segítséget a nemzetközi összefogással megvalósult VIVC (Vitis International Variety Catalogue) (nemzetközi szőlőfajta katalógus) (<http://www.vivc.de/>) adatbázis, amely a regisztrált tételeket (*Vitis* spp.) nyilvántartja, és hozzáférhetővé teszi azok morfológiai bélyegeinek megfigyelése alapján elkészített egyedi leírásukat. A fejlődési stádium és a környezeti tényezők azonban befolyásolják az ampelográfiai tulajdonságokat, így DNS alapú azonosítási rendszer vált szükségessé. A DNS polimorfizmusok az evolúció során különböző molekuláris mechanizmusokkal pl. szubsztitúcióval, inszercióval, delécióval, szegmentális duplikációval keletkeztek. A létrejött DNS szekvencia-variációknak köszönhető genotípus-különbségek kimutatására a szekvenálás a direkt módszer, de a növénynemesítésben nincsen arra szükség, hogy minden polimorfizmust egyszerre lássunk. Gyorsabb, olcsóbb, kevésbé eszközigenyes lehetőséget jelentenek a csak bizonyos genomi régiókat célzó molekuláris markerek (pl. SSR, STS, AFLP). A Genres 081 és a GrapeGen 06 projektek keretében megvalósult EU-VITIS adatbázisban (<http://www.eu-vitis.de/index.php>) a kutatók már nemcsak ampelográfiai adatokat gyűjtöttek össze, hanem a szőlő fajták mikroszatellit ujjlenyomatát jelentő allél méreteket is a meghatározott kilenc polimorf SSR lokuszban (VV52, VVMD5, VVMD7, VVMD25, VVMD27, VVMD28, VVMD32, VrZag62 és VrZag79). A hatékony és eredményes mikrosatellit alapú genotipizálás nemzetközi szintű adatcserét tesz lehetővé, ezáltal sikeresen azonosíthatóak szinonimák, homonimák, és egyértelműen tisztázható a fajták rokoni kapcsolata. Mára az EU-VITIS adatbázis beépítésre került a VIVC adatbázisba, amely így már molekuláris és morfológiai alapú jellemzéssel tartja nyilván a fajtákat.

Munkánk során a szőlő fajtákat, változatokat, *Vitis* fajok magoncait először ebben a 9 mikrosatellit lokuszban elemeztük. A mikrosatellit marker kodominanciája szülő-utód kapcsolatok meghatározására is lehetőséget ad. Amennyiben azonban SSR alapú szülő-utód kapcsolat rekonstrukciót végzünk, a vizsgált lokuszok számát 20-ra, illetve 30-ra indokolt növelni.

A magyarországi vörösbor-kultúrát a 'Kadarka' szőlőfajta hazánkban való meghonosodása és termesztése teremtette meg. Nem tartozik a Kárpát-medencében őshonos fajták közé, ennek ellenére a több száz éves múltra visszatekintő termesztése fontos magyar fajtává lépteti elő.

Molekuláris alapú vizsgálatát indokolta a pécsi génbankban (PTE SzBKI) fenntartott, ültetvényekben megtalálható több ‘Kadarka’ változat és a vele együtt termesztett, vagy ‘Kadarka’ nevet viselő fajta rendszerezésének igénye.

Számos szőlőfajtának mikroszatellit elemzésekkel rekonstruálták a származását, igazolták vagy cáfolták az irodalomban közölt pedigréjét. Az SSR markereken alapuló családfa-elemzés számos hibás dokumentációt tárt fel, nagyobb százalékban a pollenadó növény, míg kisebb százalékban mindkét megjelölt szülő kizárható volt. Munkánk során magyar nemesítésű *V. vinifera* L., valamint lisztharmat és peronoszpóra rezisztenciát hordozó ‘Seibel’ / ‘Seyve-Villard’ fajták SSR ujjlenyomatát készítettük el. A dokumentált szülőfajták, illetve 19 francia nemesítésű ‘Seibel’ / ‘Seyve-Villard’ hibrid allélméret adatait a magyar nemesítésű fajtákéval együtt elemezve szülő-utód kapcsolatokat vizsgáltunk, amit összehasonlítottunk a dokumentált pedigrével.

Az észak-amerikai eredetű szőlőfajok kiemelkedő fontosságúak a hazai szőlőnemesítésben. Három észak-amerikai eredetű *Vitis* faj (*V. rupestris* SCHEELE, *V. riparia* MICHX. és *V. berlandieri* PLANCH.) magoncpopulációjának készítettük el SSR ujjlenyomatát az ajánlott 9 lokuszban.

A dolgozat keretében markerekre alapozott szelekcióval is foglalkoztunk, ehhez génspecifikus markereket alkalmaztunk: a bogyószín meghatározásban szerepet játszó *VvMybA1* és *VvMybA2* transzkripciós faktor gének alléljeit tanulmányoztuk.

A szőlő bogyóhéjszíne fontos tulajdonság, amely meghatározza a végtermékként való felhasználást mind csemege-, mind borszőlő esetén. A sötét bogyóhéjszín a szintetizálódó antociánok mennyisége és összetétele határozza meg. Az antocián bioszintézisében az utolsó kulcsenzimet kódoló UFGT gén bizonyíthatóan két transzkripciós faktor szabályozása alatt áll (*VvMybA1* és *VvMybA2*). Mindkét gén esetén meghatározták azt a mutációt (*VvMybA1* gén promóterében retrotranszpozon inszerció / *VvMybA2* génben 2 SNP), amely funkcióvesztéssel, azaz homozigóta formában fehér bogyóhéjszínrel jár. Az értekezésben a fehér ‘Nektár’ és a sötét bogyóhéjszínű ‘Jacques’ magoncpopulációban jeleztük előre a várható bogyóhéjszín molekularis alapon.

CÉLKITŰZÉSEK:

1. A PTE SzBKI génbankjában fellelhető ‘Kadarka’ változatok, ‘Kadarka’ elnevezésű, ‘Kadarká’-val együtt termesztett fajták és hibridjeik (összesen 28 genotípus), illetve MÉSZÁROS PÁL 2 fajtájának (‘Mészi kadarka’ és ‘Virághegyi kadarka’) SSR alapú molekuláris vizsgálata, homonímák, szinonímák és szülő-utód kapcsolatok azonosítása;
2. Hús magyar és 4 külföldi nemesítésű *V. vinifera* L. fajta jellemzése 9 SSR lokuszban, a pedigréjében megadott szőlőfajtákkal, a szülő-utód kapcsolatok tisztázása céljából;
3. ‘Seibel’ és ‘Seyve-Villard’ eredetű, 23 francia és 22 magyar nemesítésű, ténylegesen vagy feltehetően lisztharmat és peronoszpóra rezisztenciát hordozó fajta és *V. vinifera* L. szülőfajtáik SSR ujjlenyomatának elkészítése 9 lokuszban és az adatok felhasználása származásuk vizsgálatára;
4. Az ‘Eger 2’ fajta származásának meghatározása 8 utódjának SSR ujjlenyomata alapján;
5. *V. rupestris* SCHEELE, *V. riparia* MICHX. és *V. berlandieri* PLANCH. genotípusok szabad beporzású magoncainak mikroszatellit alapú jellemzése;
6. Bogyóhéjszín szelekció molekuláris markerekkel a ‘Nektár’ x ‘Jacquez’ szőlő magoncpopulációjában.

2 ANYAG ÉS MÓDSZER

2.1 A vizsgálatok növényanyaga

- ‘Kadarka’ változatok, ‘Kadarka’ elnevezésű fajták, ‘Kadarká’-val együtt termesztett kíséző fajták, ‘Kadarka’ hibridek, valamint másik szülőfajtájuk (30 genotípus)
- Pedigré vizsgálat céljából elemzett 42 magyar és 4 külföldi nemesítésű fajta, valamint a rendelkezésünkre álló dokumentált pedigré vizsgálatához tartozó 29 fajta és további 19 ‘Seibel’ és ‘Seyve-Villard’ hibrid
- *V. berlandieri* PLANCH., *V. riparia* MICHX. és *V. rupestris* SCHEELE magszülő genotípusok szabad levirágzású magoncai (56, 112, 92 genotípus)
- ‘Nektár’ x ‘Jacquez’ keresztezéséből származó 49 hibrid és szülei

2.2 DNS izolálás

A fiatal levélmintákat a DNS izolálásig -70°C -on tároltuk, majd dörzsmozsárban folyékony nitrogénnel elporítottuk. A ‘Kadarka’ fajtakörbe tartozó minták, a ‘Seibel’, ‘Seyve-Villard’ hibridek, valamint a keresztezéssel előállított fajták és vizsgált szülőpartnereik esetén DNeasy Plant Mini Kit (Qiagen) segítségével 100 mg levélmintából a gyártó előírásait követve vontuk ki és tisztítottuk meg a DNS-t. A ‘Nektár’ x ‘Jacquez’ magoncpopuláció, valamint a *V. berlandieri*, a *V. riparia* és a *V. rupestris* minták esetén cetiltrimetilammónium bromidos (CTAB), módszerrel végeztük az extrakciót 1 g levélmintából. A DNS törzsoladat koncentrációját NanoDrop spektrofotométerrel mértük, majd 15 ng/ μl töménységre hígításokat készítettünk 100 μl végtérfogatban, amelyeket a PCR-ben templátként használtunk fel.

2.3 A vizsgálatokban szereplő markerek és PCR körülmények

A szőlő minták mikroszatellit analízise során a Genes 081, majd a GrapeGen 06 programban javasolt 9 SSR markert alkalmaztuk (VVS2, VVMD5, VVMD7, VVMD25, VVMD27, VVMD28, VVMD32, VrZag62, VrZag79 (THOMAS és SCOTT 1993, BOWERS et al. 1996, 1999a, SEFC et al. 1999). A ‘Kadarka’ fajtaival kapcsolatos kutatásunk során további 11 SSR lokuszt vontunk vizsgálat alá (VrZag25, VrZag47, VrZag64, VrZag67, VrZag83, VrZag112, VVMD6, VVMD21, VVMD31, VVMD36, VVIb32 (SEFC et al. 1999, BOWERS et al. 1999a, MERDINOGLU et al. 2005). A ‘Csillám’ fajta pedigré elemzésére még további 11 SSR, tehát összesen 31 primerpárt (scu08, scu10, VVS4, VVS5, VVIp60, VVIi51, VVIv37, VVIp31, VMC6d12, VMC4h6, VMC2h4 (SCOTT et al. 2000 THOMAS és SCOTT 1993, MERDINOGLU et al. 2005, ARRAYO-GARCIA és MARTINEZ-ZAPATER 2004) alkalmaztunk.

A *VvMybA1* gén nyomon követését allélspecifikus primereivel (KOBAYASHI et al., 2004) és a génnel kapcsolt 20D18CB9 CAPS markerrel (WALKER et al. 2006) végeztük.

A polimeráz lánreakciókat SSR primerek esetében TÓTH-LENCSES és munkatársai alapján (2015b), míg CAPS primer esetében TÓTH-LENCSES és munkatársai (2015a) szerint hajtottuk végre.

2.4 Emésztés, szekvenálás, SNaPshot analízis

A CAPS primerekkel amplifikált fragmentumok emésztését és szekvenálását TÓTH-LENCSES és munkatársai (2015a) alapján végeztük.

A *VvMybA2* génben található két SNP (*VvMybA2R44/K980*, *VvMybA2C22*) (WALKER et al. 2007, CARRASCO et al. 2015) polimorfizmust SNaPshot módszerrel vizsgáltuk (ABI PRISM SNaPshot Multiplex kit). A *VvMybA2* primerpárral amplifikált megtisztított PCR elegy 3 µl-ét használtuk a SNaPshot reakcióban, amit a gyártó utasításai szerint végeztünk (Applied Biosystems Protocol P/N 4323357) ABI PRISM SNaPshot ddNTP Primer Extension Kit (Applied Biosystems) alkalmazásával.

2.5 A mikroszatellit allélek pontos méretének meghatározása

ALF-Express II. készülék alkalmazásával, 8%-os poliakrilamid gélen (ReproGel™ High Resolution, GE Healthcare BioSciences) végeztük az SSR allélok pontos bázispár méretének meghatározását TÓTH-LENCSES és munkatársai (2015b) szerint.

2.6 A mikroszatellit adatok statisztikai értékelése

A rokonsági kapcsolatok elemzését TÓTH-LENCSES és munkatársai (2016) alapján hajtottuk végre, míg a dokumentált pedigriek vizsgálatát TÓTH-LENCSES és munkatársai (2015b) szerint végeztük.

3 EREDMÉNYEK

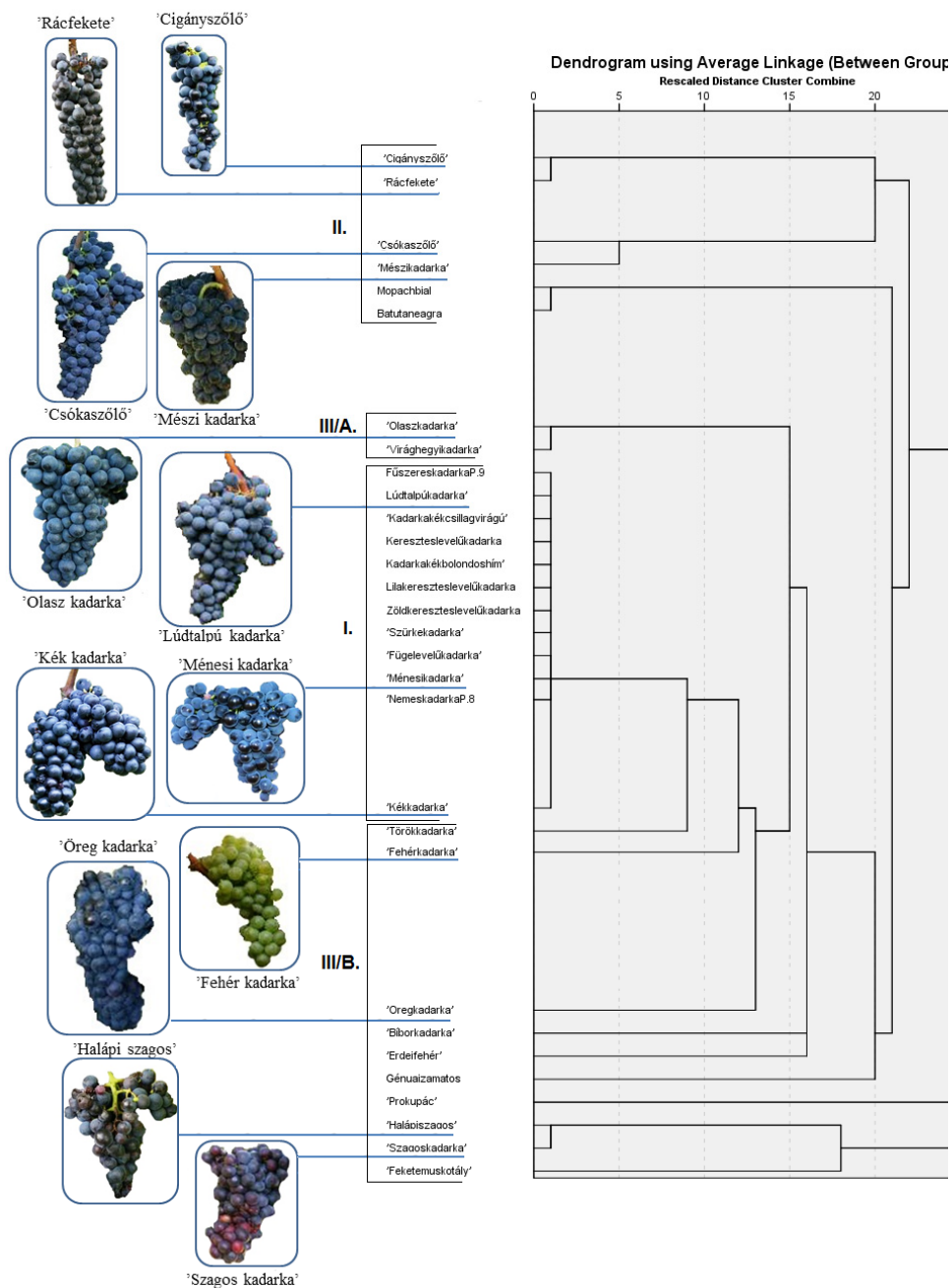
3.1 SSR alapú genotipizálás

3.1.1 ‘Kadarka’ változatok, ‘Kadarka’ elnevezésű fajták, a ‘Kadarká’-val együtt termesztett kísérő fajták és a ‘Bíbor kadarka’ molekuláris genetikai jellemzése

A ‘Kadarká’-val összefüggésbe hozható összesen 30 tétel (fajta, változat, ‘Kadarká’-val keresztezéses nemesítéssel előállított fajta) 20 SSR lokuszon meghatározott allélméret adatait dendrogram szerkesztésre használtuk azok genetikai távolságának szemléltetésére (1. ábra). A mikroszatellit eredményeket és a dendrogramot csoportokban értékeljük.

Az I. csoportba kerültek a ‘Kadarka’ változatok. A korábban 9 mikroszatellit lokuszban megegyező ‘Lúdtalpú kadarka’, ‘Ménesi kadarka’, ‘Kék kadarka’ és ‘Szürke kadarka’ (WERNER et al. 2013) a további 11 mikroszatellit lokuszban is azonos DNS ujjlenyomatot adott. Az újonnan bevont ‘Kadarka’ változatok: a ‘Fügelevelű kadarka’, a ‘Kadarka kék bolondoshím’, a ‘Kadarka kék csillagvirágú’, a ‘Keresztes levelű kadarka’, a ‘Lila keresztes levelű kadarka’, a ‘Zöld keresztes levelű kadarka’ és a két klón (‘Fűszeres kadarka’ P.9, ‘Nemes kadarka’ P.8) húsz SSR lokusz eredménye alapján a ‘Kék kadarká’-val megegyező genotípusként jellemezhetőek. Így a DNS alapú vizsgálat bizonyítja a korabeli irodalom megállapítását, miszerint a különböző termőtájakra jellemző idős ‘Kadarka’ ültetvények változatos morfológiájú egyedei ugyanahhoz a fajtához tartoznak (ENTZ et al. 1869, TERSÁNCZKY 1869, MOLNÁR 1888, DRUCKER 1906, KOZMA 1963, NÉMETH 1967).

A II. csoportba azok a nem ‘Kadarka’ eredetű fajták kerültek, amelyeket korábban a ‘Kadarká’-val együtt termesztettek. Egyedüli ‘Kadarka’ nevű fajta, amelyik ebbe a csoportba rendeződött a ‘Mészi kadarka’. A mikroszatellit DNS elemzések már 9 lokuszban is jelezték, hogy a ‘Csókaszóló’ és a ‘Cigányszóló’ nem szinonimák, viszont a ‘Rácfekete’ és a ‘Cigányszóló’ azonos genotípusok (WERNER et al. 2013). A további 11 SSR marker eredménye ezt megerősítette. Az 1. ábrán megfigyelhető, hogy a ‘Csókaszóló’ és a ‘Cigányszóló’ fajták távol esnek egymástól és a ‘Kadarka’ változatoktól. Feltétlenül meg kell jegyeznünk, hogy a ‘Csókaszóló’, ‘Cigányszóló’, ‘Rácfekete’, ‘Vad fekete’ fajtákat a korábbi irodalom gyakran szinonimaként használja. A ‘Mészi kadarka’ (a 2016-os Nemzeti Fajtajegyzékben ‘Mészi kádár’ néven nyilvántartott fajta) elkülönült mind a ‘Kadarka’ változatoktól, mind az ‘Olasz kadarka’ csoporttól; ugyanakkor a pécsi intézet génbankjában őrzött ‘Csókaszóló’-vel mutatja a legközelebbi rokonságot (1. ábra).



1. ábra: A vizsgált 30 minta genetikai távolsága 20 mikroszatellit lokusz alapján. A fénykép <http://www.borigo.hu/dunabor/index.php?cmd=cikk&id=00048>, WERNER (2013).

tekinti (MOLNÁR 1888, DRUCKER 1906, KOZMA 1963, NÉMETH 1966), amit genotipizálással is megerősítettünk. Az ‘Olasz kadarka’ és a Mészáros Pál által szelektált ‘Virághegyi kadarka’ (a 2016-os Nemzeti Fajtajegyzékben ‘Virághegyi’ néven nyilvántartott fajta) allélméretei már 9 lokuszban is teljesen azonosak voltak (WERNER et al. 2013), a további 11 lokuszban is megegyeztek, tehát bizonyítottuk, hogy azonos genotípusok (1. ábra). Az SSR adatok alátámasztják a ‘Török kadarka’ és ‘Kadarka’ eltérő genotípusát, ami megerősíti MOLNÁR (1888) és DRUCKER (1906) megállapítását. Az ‘Öreg kadarkát’ még a filoxéravészt megelőző időszakban ENTZ és munkatársai (1869) a ‘Kadarka’ jól színeződő, értékes változatának tartották. Későbbi tanulmányok azonban már külön fajtaként említették (DRUCKER 1906, KOZMA 1963, NÉMETH 1966), amit a korábbi (WERNER et al. 2013) és a jelenlegi kiterjesztett mikroszatellit vizsgálataink eredményei is igazolnak.

A hasonló fajtanév ellenére nem találtunk a ‘Kadarká’-val megegyező genotípusokat ebben a csoportban. A 20 SSR lokusz polimorf mintázata azonban lehetővé tette szülő-utód kapcsolatok meghatározását. Ennek alapján bizonyítottuk, hogy nemcsak az ‘Olasz kadarka’ és ‘Öreg kadarka’, valamint a ‘Kadarka’ között van szülő-utód kapcsolat (LACOMBE et al. 2013), hanem a ‘Török kadarka’ is a ‘Kadarka’ fajtából származik. A hosszú múltra visszatekintő magyarországi ‘Kadarka’ szőlőkultúra megadta az esélyt mind a spontán hibridizációra, mind pedig arra, hogy ezek a magoncok később önálló fajtvá váljanak. A ‘Csókaszőlő’ és a ‘Mészi kadarka’ fajták is hordoznak 20 lokuszban egy-egy közös allélt, ami bizonyítja a szülő-utód kapcsolatot. Az azonosított származás a ‘Mészi kadarka’ esetében azért nagy jelentőségű, mert így egy régi, már a középkorban is ismert magyar vörösbort adó fajta származéka (a ‘Csókaszőlő’ ismeretlen származású, régi magyar fajta). MÉSZÁROS PÁL (a fajta szelektálója és fenntartója) a ‘Mészi kadarkát’ „kisszemű, kisleveles vadszőlő”-ként jellemzi (TOMPA és BÁNYAI 2008); ez a leírás a ‘Csókaszőlőre’ is illik.

A 20 SSR lokuszban meghatározott allélek a ‘Kadarka’ hibridek esetében is bizonyítják, vagy cáfolják a dokumentált szülő-utód kapcsolatokat. Húsz mikroszatellit lokusz vizsgálata alapján a pécsi gyűjteményből származó ‘Fehér kadarka’ egyik szülője bizonyíthatóan a ‘Kadarka’, az ‘Erdei fehér’ fajtát azonban az SSR adatok kizárják. Ez azt is jelenti, hogy a pécsi fajtagyűjteményben lévő és a tanulmányunkban szereplő ‘Fehér kadarka’ a délről érkezett régi fajta, amely nem azonos a KOCSIS PÁL által ‘Kadarka’ x ‘Erdei fehér’ keresztezéssel előállított ‘Fehér kadarká’-val (‘Bakarka’). Kilenc SSR lokuszban a ‘Szagos kadarka’ azonosnak bizonyult a gyűjteményekben megtalálható ‘Halápi szagos’ fajtával, és az irodalomban leírt szülők közül (NÉMETH 1966) a ‘Kadarkát’ az adatok nem támasztják alá (WERNER et al. 2013).

A mostani kiterjesztett molekuláris genetikai vizsgálat szerint a ‘Szagos kadarka’ pedigrijében szereplő ‘Fekete muskotály’ fajtát 20 lokuszban 3 kizárja mint lehetséges szülőt,

tehát megállapítottuk, hogy egyik feltételezett szülő sem vett részt a ‘Szagos kadarka’ kialakításában. A ‘Szagos kadarka’ és a ‘Halápi szagos’ fajták a további 11 lokusz vizsgálata alapján is azonos genotípusok.

A keresztezéses nemesítésből származó ‘Bíbor kadarká’-nál a vizsgálatok megerősítették az irodalomban közölt ‘Kadarka’ szülőtől való eredetét. A másik szülőre vonatkozóan további vizsgálatok szükségesek.

3.1.2 *V. vinifera* L. fajták pedigréjének vizsgálata

20 magyar és 4 külföldi *V. vinifera* fajon belüli keresztezéssel előállított hibridet vizsgáltunk. Az összesen 44 genotípus 9 mikroszatellit lokuszban detektált allélméret adatát Identity 1.0 statisztikai programmal elemezve az 1. táblázatban látható csoportokat kaptuk. Az első, a harmadik és az ötödik csoportba került hibridek esetén mindkét szülőfajta DNS-e rendelkezésünkre állt, míg a 2. és a 4. csoport esetén csak az egyik szülőt vizsgáltuk.

Az első csoportban található a magyar nemesítésű ‘Attila’, ‘Boglárka’, ‘Generosa’, ‘Kármin’, ‘Kozma Pálné muskotály’, ‘Nektár’, ‘Pannónia kincse’, ‘Rozália’, ‘Zenit’, ‘Zengő’ valamint a külföldi eredetű ‘Hamburgi muskotály’, ‘Itália’ és ‘Kerner’ fajták azok, amelyeknek a dokumentált pedigréjét az SSR adatok megerősítik (1. táblázat). A ‘Zenit’ és ‘Zengő’ fajtákra GYÖRFFYNÉ et al. (2011) is hasonló eredményeket közölt. Az általa választott 6 SSR primer közül 3 azonos volt a miénkkel, így összesen 12 mikroszatellit lokusz adata támasztja alá a ‘Zenit’ és a ‘Zengő’ fajta pedigréjét.

A második csoportba került a ‘Bíbor kadarka’, a ‘Cegléd szépe’, a ‘Favorit’, és a ‘Mathiasz Jánosné muskotály’, amelyek esetében a rendelkezésünkre álló szülőt megerősítettük (1. táblázat). Az EU-VITIS adatbázis SSR adatai szerint a ‘Bíbor kadarka’ másik szülőjét, a ‘Muscat Bouschet’ fajtát 9 lokusból 5 kizárja.

A harmadik csoportba került a magyar nemesítésű ‘Cserszegi fűszeres’, ‘Korona’ és ‘Pátria’, valamint a külföldi eredetű ‘Müller-Thurgau’ (1. táblázat). Ebben a csoportban minden esetben kizártuk a pollenadó szülőket, így a kontrollként alkalmazott ‘Müller-Thurgau’ fajtánál megerősítettük Thomas és munkatársai (1994), Sefc és munkatársai (1997) valamint Dettweiler és munkatársai (2000) ‘Rajnai rizling’ szülőre vonatkozó származáselemzését.

1. táblázat: A 24 *V. vinifera* fajta irodalomban leírt pedigréje, és SSR alapú származás-elemzése. (A kiemelés az igazolt szülő-utód kapcsolatot szemlélteti)

Csoport	Pedigré			SSR alapú származás-elemzés	
	Utód	Szülő 1	Szülő 2	Egyező allélek száma: Szülő 1	Egyező allélek száma :Szülő 2
1.	‘Attila’	‘Rosa menna’	‘Mathias Jánosné muskotály’	9/9	9/9
	‘Boglárka’	‘Génuai zamatos’	‘Pannónia kincse’	9/9	9/9
	‘Generosa’	‘Ezerjő’	‘Piros tramini’	9/9	9/9
	‘Hamburgi muskotály’	‘Alexandriai muskotály’	‘Kék trollinger’	9/9	9/9
	‘Italia’	‘Bicane’	‘Hamburgi muskotály’	9/9	9/9
	‘Kármin’	‘Kadarka’	‘Petit boushet’	9/9	9/9
	‘Kerner’	‘Kék trollinger’	‘Rajnai rizling’	9/9	9/9
	‘Kozma Pálné muskotály’	‘Itália’	‘Irsai olivér’	9/9	9/9
	‘Nektár’	‘Judit’	‘Cserszegi fűszeres’	9/9	9/9
	‘Pannónia kincse’	‘Szőlőskertek királynője muskotály’	‘Cegléd szépe’	9/9	9/9
	‘Rozália’	‘Olaszrizling’	‘Tramini’	9/9	9/9
	‘Zenit’	‘Ezerjő’	‘Bouvier’	9/9	9/9
	‘Zengő’	‘Ezerjő’	‘Bouvier’	9/9	9/9
	2.	‘Bíbor kadarka’	‘Kadarka’	‘Muscat Bouschet’**	9/9
‘Cegléd szépe’		‘Chasselas blanc croquant’*	‘Chasselas rouge royal’	na.	9/9
‘Favorit’		‘Chasselas Queen Victoria white’*	‘Szőlőskertek királynője muskotály’	na.	9/9
‘Mathiasz Jánosné muskotály’		‘Chasselas rouge de foncee’*	‘Otonel muskotály’	na.	9/9
3.	‘Müller-Thurgau’	‘Rajnai rizling’	‘Zöld szilváni’	9/9	9/2
	‘Cserszegi fűszeres’	‘Irsai olivér’	‘Tramini’	9/9	9/6
	‘Korona’	‘Juhfark’	‘Irsai olivér’	9/9	9/5
	‘Pátria’	‘Olaszrizling’	‘Tramini’	9/8	9/9
4.	‘Narancsízű’	‘Chasselas Queen Victoria white’*	‘Szőlőskertek királynője muskotály’	na.	9/8
	‘Szőlőskertek királynője muskotály’	‘Erzsébet királyné emléke’*	‘Csabagyöngye’	na.	9/7
5.	‘Zefír’	‘Hárslevelű’	‘Leányka’	9/5	9/5

A *-al jelzett fajta DNS-e nem állt rendelkezésünkre. A**-al jelzett fajta 9 SSR lokusz allélméret adatait az EU-VITIS adatbázis tartalmazza.
na.:nincs adat

A negyedik csoportba került ‘Narancsízű’ és ‘Szőlőskertek királynője muskotály’ esetén az anyai szülőt nem vizsgáltuk, viszont az apait cáfoltuk. A pollenadó szülő kizárása sokszor a megfelelő izoláció hiányából fakadó megporzási hibából adódhat (Lacombe et al. 2013).

Az ötödik csoportban a ‘Zefír’ magyar nemesítésű fehérborszőlő-fajta van, amelynek az allélméret adatai mindkét szülőt kizárják mint lehetséges keresztezési partnert. Ennek oka valószínűleg adminisztrációs hiba lehet.

3.1.3 'Seibel' és 'Seyve-Villard' eredetű lizstharman rezisztenciát hordozó hibridek pedigré vizsgálata

A magyar rezisztencia-nemesítés keretében létrehozott hibridek közül 22 'Seibel', 'Seyve-Villard' eredetű fajtát vontunk vizsgálat alá. Kilenc mikroszatellit lokuszban határoztuk meg a pontos allélméreteket a 22 fajta és a *V. vinifera* szülők esetében. Az így kapott allélméreteket Identity 1.0 programmal együtt elemeztük a 23 francia nemesítésű 'Seibel', 'Seyve-Villard' fajta ugyanezen 9 SSR lokuszban detektált allélméret adatával. A 22 magyar nemesítésű fajta 4 csoportba rendeződött a pedigré vizsgálat során, amit a 2. táblázat mutat be.

Az első csoportba került a 'Chardonnay', amely pedigréjét SSR alapú tanulmány során igazolták (BOWERS et al. 1999b). Ide rendeződött továbbá a 'Bianca', a 'Göcseji zamatos', a 'Medina', a 'Nero', a 'Palatina', a 'Reflex', a 'Reform', a 'Refrén', a 'Suzy', a 'Teréz' és a 'Vértés csillaga' fajták, amelyek esetében a 9 SSR lokuszban a HAJDU és ÉSIK (2001) által leírt szülő-utód kapcsolatok nem zárhatóak ki (2. táblázat).

A második csoportot alkotó 'Eszter', 'Flóra' és 'Lidi' pedigréjének meghatározásához az apai szülő nem állt rendelkezésünkre, viszont az allélek alapján az anyai szülők megfelelnek az irodalomban leírtaknak.

A harmadik csoport tagjai a 'Dunagyöngye', a 'Fanny', a 'Viktor', és a 'Zalagyöngye' fajták, amelyeknél 9 SSR marker adata kizárja az egyik szülőt, mely a pedigréjében részt vesz.

A negyedik csoportba került a 'Csillám', a 'Pölöskei muskotály', a 'Sarolta', és a 'Viktória gyöngye'. Ezekben a fajtákban egyik szülő sem felel meg a dokumentált keresztezéseknek. Szülő-utód kapcsolatok analizálásával foglalkozó kutatók hasonló, a feljegyzésekkel nem megegyező molekuláris vizsgálati eredményeket már publikáltak a 'Csabagyöngye' esetén (HILLEBRAND et al. 1972, BAUER et al. 2002, KOZMA et al. 2003, KISS et al. 2006, LACOMBE et al. 2013). LACOMBE és munkatársai (2013) véleménye szerint a fajták publikált, ugyanakkor DNS elemzéssel nem igazolható pedigréje országtól és századtól független visszatérő probléma, vagy azért, mert a megporzás nem megfelelően történt, vagy pedig a homonimák miatt más genotípus a pollenadó, mint amelyet a nemesítő megad. Előfordulhat az is, hogy a nemesítők egyszerűen titkolják kiváló fajtájuk pedigréjét.

2. táblázat: A 22 magyar nemesítésű fajta pedigréje (HAJDU és ÉSIK 2001), valamint 9 SSR primerpárral a szülő-utód allélszám egyezés, amely alapján a csoportok kialakultak. (A kiemelés az igazolt szülő-utód kapcsolatot szemlélteti)

Csoport	Pedigré			SSR alapú származás-elemzés	
	Utód	Szülő 1	Szülő 2	Egyező allélek száma: Szülő 1	Egyező allélek száma: Szülő 2
1.	'Chardonnay'	'Pinot noir'	'Heunisch weiss'	9/9	9/9
	'Bianca'	'Seyve-Villard 12375'/'Eger2'	'Bouvier'	9/9	9/9
	'Göcseji zamatos'	'Seyve-Villard 12286'/'Eger1'	'Medoc noir'	9/9	9/9
	'Medina'	'Seyve-Villard 12286'/'Eger1'	'Medoc noir'	9/9	9/9
	'Nero'	'Seyve-Villard12375'/'Eger2'	'Medoc noir' x 'Csabagyöngye'	9/9	9/9
	'Palatina'	'Seyve-Villard 12375'	'Szőlőskertek királynője'	9/9	9/9
	'Reflex'	'Pannónia kincse'	'Seibel 5279'	9/9	9/9
	'Refrén'	'Glória Hungariae'	'Seibel 5279'	9/9	9/9
	'Reform'	'Csabagyöngye'	'Seibel 5279'	9/9	9/9
	'Suzy'	'Seyve-Villard 12375'/'Eger2'	'Pannónia kincse'	9/9	9/9
	'Teréz'	'Seyve-Villard 12375'/'Eger2'	Olimpia'	9/9	9/9
'Vértes csillaga'	'Seyve-Villard 12286'/'Eger1'	'Medoc noir'	9/9	9/9	
2.	'Eszter'	'Seyve-Villard 12375'/'Eger2'	'Magaracsi csemege I.'	9/9	na.
	'Lidi'	'Seyve-Villard 12375'/'Eger2'	'Magaracsi csemege III.'	9/9	na.
	'Flóra'	'Seyve-Villard 12375'/'Eger2'	'Magaracsi csemege III.'	9/9	na.
3.	'Dunagyöngye'	'Seibel 4986'	'Csabagyöngye'	9/9	9/4
	'Fanny'	'Seyve-Villard 12375'/'Eger2'	Téli muskotály x Olimpia	9/9	9/7
	'Viktor'	'Zalagyöngye'	'Kadarka'	9/9	9/1
	'Zalagyöngye'	'Seyve-Villard 12375'/'Eger2'	'Csabagyöngye'	9/7	9/9
4.	'Csillám'	'Seyve-Villard 12375'	'Csabagyöngye'	9/4	9/2
	'Pölöskei muskotály'	'Zalagyöngye'	'Gloria Hungaria' x 'Erzsébet királyné'	9/3	9/2-na.
	'Sarolta'	'Zalagyöngye'	('Gloriae Hungariae' x 'Szőlőskertek királynője') x 'Téli muskotály'	9/6	9/8
	'Viktória gyöngye'	'Seyve-Villard 12375'	'Csabagyöngye'	9/1	9/5
na.:nincs adat					

3.1.4 Az 'Eger 2' fajta származása

Több olyan magyar nemesítésű észak-amerikai eredetű rezisztenciát hordozó hibrid is van, amelyet az 'Seyve-Villard 12-375' vagy 'Eger 2' és valamilyen *V. vinifera* fajta keresztezésével állítottak elő. Az 'Eger 2' származásával kapcsolatban ellentmondásos adatok találhatóak az irodalomban. Nevezik az 'Eger 2'-t a 'Seyve-Villard 12-375' magutódjának (CSEPREGI és ZILAI 1988) és szelektált klónjának (CSEPREGI és ZILAI 1988, HAJDU és ÉSIK 2001). Megadják „'Seyve-Villard 12-375' x szelektív = 'Eger 2' /5375/' pedigret (BÁNYAI 2012) vagy 'Seyve-Villard 12-375' x ismeretlen *V. vinifera* hibridnek is tartják (PHYTOWELT 2002). KOZMA PÁL (PTE SzBKI, tudományos főmunkatárs) arról tájékoztatott minket, hogy az 'Eger 2' fajta azonos a 'Seyve-Villard 12-375' hibriddel.

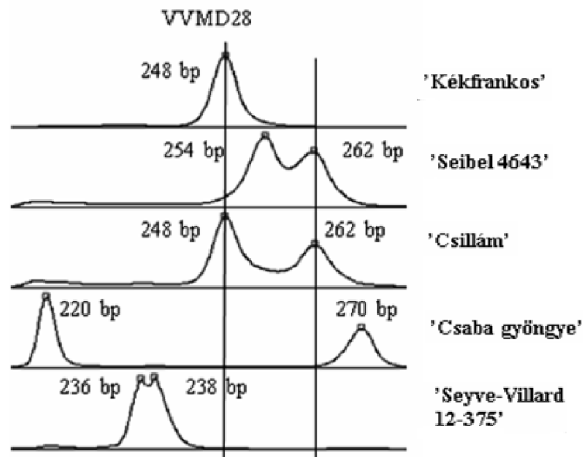
Mivel korábbi vizsgálatainkban magyar nemesítésű fajhibridek SSR alapú szülő-utód kapcsolatának elemzéséről számoltunk be, amelyek közül 9 ‘Seyve-Villard 12-375’ / ‘Eger 2’ eredetű [‘Bianca’, ‘Eszter’, ‘Fanny’, ‘Flóra’, ‘Lidi’, ‘Nero’, ‘Suzy’, ‘Teréz’, ‘Zalagyöngye’ (TÓTH-LENCSES et al. 2015b)], célul tűztük ki az ‘Eger 2’ pedigréjének ellenőrzését a hibridek alapján (a ‘Seyve-Villard 12-375’-t és nem az ‘Eger 2’ nevű fajtát elemezve). A kilenc hibrid közül a ‘Zalagyöngye’ fajtát kizártuk mint lehetséges ‘Seyve-Villard 12-375’ / ‘Eger 2’ utódot (TÓTH-LENCSES et al. 2015b), így az elemzést 8 utódra alapoztuk.

Az ‘Eger 2’ eredetének vizsgálatában abból indultunk ki, hogy a ‘Seyve-Villard 12-375’ 9 SSR lokuszban heterozigóta, ami alkalmassá teszi arra, hogy 8 utódjának allél összetétele alapján is bizonyítsuk származását. Az ‘Eger 2’ három esetben lehet ‘Seyve-Villard 12-375’ alléleket hordozó heterozigóta: vagy (1) klónja a ‘Seyve-Villard 12-375’-nek vagy (2) olyan ‘Seyve-Villard 12-375’ x ‘Seyve-Villard 12-375’ utód, amelynél az ‘Seyve-Villard 12-375’ apai és anyai gaméta eltérő genotípusú volt, vagy (3) azonos fajták.

Megállapítottuk, hogy az ‘Eger 2’ nem a ‘Seyve-Villard 12-375’ szabad levirágzású magonca (PHYTOWELT 2002), vagyis nem ismeretlen *V. vinifera* L. fajtával alkotott hibrid, mert akkor a 8 utódban a ‘Seyve-Villard 12-375’ alléljei mellett más allélek is előfordulnának.

3.1.5 A ‘Csillám’ származása

Irodalmi adatok szerint a ‘Csillámot’ a ‘Seyve-Villard 12-375’ x ‘Csabagyöngye’ keresztezéssel állították elő, ami már 9 SSR lokusz alléljei alapján is cáfolható (2. ábra). A dolgozatban szereplő 383 genotípus 9 lokuszban meghatározott adatait Identity 1.0 szoftverre alkalmaztuk szülő-utód kombinációk feltárására. A ‘Csillám’ = ‘Kékfrankos’ x ‘Seibel 4643’ kombinációt kaptuk. A ‘Csillám’ származásának tisztázására és megerősítésére további 11 SSR markerrel vizsgáltuk a ‘Csillám’ fajtát és a dokumentált, valamint az általunk feltételezett szülőpárjait. Ezeket az adatokat összevontuk 20 ‘Kadarka’ nevű és ‘Kadarka’-hoz köthető fajta adatával. Az így összeállt 25 genotípus SSR adatait Identity 1.0 szoftverre alkalmazva azt eredményezte, hogy annak a valószínűsége, hogy a ‘Csillám’ a ‘Kékfrankos’ x ‘Seibel 4643’ szülőpár hibride $7,03 \times 10^{23}$ -szer nagyobb, mint annak a valószínűsége, hogy a populációból bármely két véletlenszerűen kiválasztott fajtáé. Szőlő esetén a szülő-utód kapcsolat bizonyítása SSR allélméretekre támaszkodva 20 lokusz vizsgálatát követeli meg (Sefc et al. 1999), de egyes nézetek szerint a vélt, vagy feltételezett szülő-utód kapcsolatok bizonyításához még ennél is több SSR lokusz bevonására van szükség (Vouillamoz et al. 2003). Ezért újabb 11 tehát összesen 31 (9+11+11) SSR lokusz eredményére támaszkodva bizonyítottuk, hogy a ‘Csillám’ a ‘Kékfrankos’ és a ‘Seibel 4643’ keresztezéséből származik.



2. ábra: A 'Csillám' fajta, a pedigréjében közölt ('Csabagyöngye', 'Seyve-Villard 12-375' általunk meghatározott „új” szülőfajtáinak ('Kékfrankos', 'Seibel 4643') VVMD28 lokuszban megállapított pontos allélméretei (ALFexpress II. készülék).

3.1.6 Észak-amerikai eredetű *Vitis* fajok (*V. berlandieri* PLANCH., *V. riparia* MICHX. és *V. rupestris* SCHEELE) magoncainak SSR alapú elemzése

Az észak-amerikai eredetű *Vitis* fajok szabad levirágzású magoncainak esetén lokuszban detektált allélméretei alapján megállapítottuk, hogy a *V. berlandieri* PLANCH., *V. riparia* MICHX., és *V. rupestris* SCHEELE magoncok milyen alléleket hordoznak az egy lokuszokban, ami abból a szempontból jelentős, hogy ha ezek közül bármelyiket be nemeseítési programokba, akkor már rendelkezni fognak velük kapcsolatban genot adatokkal.

3.2 *VvMybA1* gén allélpolimorfizmusának meghatározása génspecifikus és kapcsolt markerekkel

3.2.1 Bogyószín szelekció molekuláris markerekkel a ‘Nektár’ x ‘Jacquez’ szőlő utódnemzedékben

A vizsgálatok célja a kék bogyójú ‘Jacquez’ (*V. Bourquina* = *V. aestivalis* MICHX. x *V. vinifera* L.) és fehér bogyójú ‘Nektár’ (*V. vinifera*) keresztezéséből származó 49 hibrid egyed bogyószínének előrejelzése volt *VvMybA1* génnel kapcsolt 20D18CB9 CAPS markerrel. A referenciaként alkalmazott *V. vinifera* L. mintákban, a ‘Nektár’ és 17 hibrid esetén 20D18CB9 CAPS markerrel egy 577 bp méretű fragmentum jelent meg. A *V. aestivalis* MICHX. mintában a *V. vinifera* L. fajtákban amplifikálódott 577 bp fragmentumnál kisebb, 543 bp méretű terméket kaptunk. A ‘Jacquez’ és 24 hibrid esetében mindkét allélméret detektálható volt. Tehát már restriktív emésztés nélkül is el tudtuk különíteni a *V. aestivalis* MICHX. -t, illetve a feltételezhetően kék bogyójú hibrideket a ‘Jacquez’ is beleértve, az utóbbit kivéve azonban fenotípusos adat nem áll rendelkezésünkre. A *VvMybA1* génnel kapcsolt 20B18CB9 CAPS primerrel a *V. aestivalis* MICHX. eredetű 34 bp méretű deléciót a ‘Jacquez’-ban és a feltételezhetően piros bogyóhéj színű utódokban már emésztés nélkül is ki tudtuk mutatni.

A *VvMybA1* génnel kapcsolt CAPS markerrel végzett munkánk a ‘Nektár’ x ‘Jacquez’ hibridek esetén azt bizonyítja, hogy ez a marker alkalmas a *V. aestivalis* MICHX. komponens jelenlétének kimutatására a ‘Jacquez’ szülőfajtában, ezáltal úgy használható, mint egy egyszerű lokusz specifikus PCR marker.

3.2.2 A ‘Csillám’ fajta származásának bizonyítása

A szülőként azonosított két fajta bogyószíne kék, a ‘Csillám’-é viszont fehér, ezért mind a szülőket, mind a hibridet megvizsgáltuk az antociánok bioszintézisét szabályozó *VvMybA* transzkripció faktorokat kódoló allélekre. A fehér bogyószín kialakulásának genetikai okai a legtöbb szőlő fajtában a *Gret1* retrotranszpozon inszerciója a *VvMybA1* gén promoterében (Kobayashi et al. 2004) vagy a *VvMybA2*-ben létrejött pontmutációk (Walker et al. 2007, Carrasco et al. 2015).

A *Gret1* jelenlétének vagy hiányának kimutatására CAPS markert alkalmaztunk, amellyel a ‘Kékfrankos’ fajta heterozigóta színes, a kék bogyójú ‘Seibel 4643’ viszont homozigóta fehér genotípusúnak bizonyult a *Gret1*- inszercióra. *VvMybA2* transzkripció faktor gén alléllösszetételét SNaPshot módszerrel elemezve megállapítottuk a referencia fajta alapján, hogy a ‘Seibel 4643’ funkcióképes SNP-t hordoz heterozigóta formában mindkét vizsgált SNP pozícióban, ezért a bogyóhéjban akkor is van antocián szintézis, ha a *VvMybA1* mindkét allélje

funkcióképtelen a *Gret1* inszerció miatt. Az eredmények azt bizonyítják, hogy a 'Csillám' fajta mindkét szülőtől a *VvMybA1+Gret1* és a *VvMybA2* SNP mutációt hordozó „fehér” alléleket örökölte.

3.2.3 A 'Kék kadarka' és a 'Szürke kadarka' bogyószínének genetikai vizsgálata

A kibővített, 20 SSR markerrel végzett vizsgálatok eredményei megerősítették, hogy a 'Szürke kadarka' a 'Kadarka' színváltozata. Az azonos genotípusú 'Kék kadarka' és 'Szürke kadarka' elkülönítésére az antocián bioszintézisét szabályozó *VvMybA1* transzkripció faktor kódoló gén polimorfizmusát is vizsgáltuk.

Míg előző két esetben sikerre vezetett a *VvMybA1* gén allélpolimorfizmusának elemzése, addig ugyanezzel a módszerrel nem lehetett megkülönböztetni a 'Kék kadarka' és a 'Szürke kadarka' fajtákat. A további vizsgálatokat ebben az irányban folytatjuk, a *VvMybA2* génben már azonosított pontmutációkra alapozva.

3.3 Új tudományos eredmények

1. Húsíz lokusz alapján 30 'Kadarka' változat, 'Kadarka' nevet viselő fajta és 'Kadarká'-hoz köthető genotípus SSR ujjlenyomatátának elkészítése. 9 lokusz alapján további 93 fajta, változat és hibrid, valamint 260 szabad beporzásból származó *V. berlandieri* PLANCH. (56), *V. riparia* MICHX. (112) és *V. rupestris* SCHEELE (92) eredetű magonc SSR ujjlenyomatának meghatározása.
2. Az allélméreték alapján szinonímák bizonyítása (20 lokuszban): 'Halápi szagos' - 'Szagos kadarka', 'Cigányszőlő' - 'Rácfekete', 'Virághegyi kadarka' - 'Olasz kadarka', 'Batuta neagra' - 'Mopach bial'.
3. Igazoltuk, hogy a vizsgált nyolc 'Kadarka' változat ('Lúdtalpú kadarka', 'Ménesi kadarka', 'Fügelevelű kadarka', 'Kadarka kék bolondoshím', 'Kadarka kék csillagvirágú', 'Keresztes levelű kadarka', 'Lila keresztes levelű kadarka', 'Zöld keresztes levelű kadarka') a 'Kék kadarká'-val azonos genotípus (20 lokuszban).
4. Bizonyítottuk, hogy az 'Olasz kadarka', a 'Virághegyi kadarka', az 'Öreg kadarka', a 'Török kadarka' fajták egyik szülője a 'Kadarka' (20 lokuszban), míg a 'Mészi kadarka' a 'Csókaszőlő' leszármazottja (20 lokuszban).
5. További 44 fajta esetében erősítettük meg, illetve pontosítottuk a feltételezett származást mikroszatellit elemzéssel (9 lokuszban).
6. Az 'Eger 2' fajta származását vizsgálva megállapítottuk, hogy azonos a 'Seyve-Villard 12-375' hibriddel.
7. 31 mikroszatellit lokuszban határoztuk meg a 'Csillám', valamint a dokumentált és az általunk meghatározott „új” pedigrében résztvevő fajták SSR ujjlenyomatát. Elsőként bizonyítottuk, hogy a 'Csillám' fehérbor szőlőfajta a kék bogyójú 'Kékfrankos' x 'Seibel 4643' hibridje, amit a *VvMYBA1* és *VvMYBA2* gének allépolimorfizmusának vizsgálatával is alátámasztottunk.
8. A 'Nektár x 'Jacquez' magoncpopulációban a fehér és színes bogyóhéj színű genotípusok kiválogatására alkalmas módszert dolgoztunk ki.

4 ÖSSZEFOGLALÁS

Az értekezésben a molekuláris markerek különböző célú alkalmazásával kapott eredményeinket mutatjuk be. A szőlőfajták morfológiai jellemzését molekuláris elemzéssel is ki kell egészíteni ahhoz, hogy biztosan azonosítható legyen egy-egy fajta. Így mikroszatellit DNS ujjlenyomattal jellemeztünk szőlőfajtákat: (1) a 'Kadarka' fajtakört, illetve változatokat, (2) *Vitis vinifera* L. genotípusokat, (3) 'Seibel' illetve 'Seyve Villard' eredetű hibrideket, és (4) három észak-amerikai *Vitis* faj magoncait.

Az SSR lokuszok számát növelve szülő-utód kapcsolatokat határoztunk meg. Emellett bogyószint meghatározó génspecifikus primerek alkalmazásával markerekre alapozott szelekciót végeztünk egy szegregáló populációban, amelyet egy fehér bogyójú, aromaanyagokban gazdag borszőlőfajta ('Nektár') és egy liztharmat-rezisztens fajta ('Jacquez') keresztezésével állítottak elő. Ezt a markerrendszert alkalmaztuk a származás megerősítésére az általunk rekonstruált 'Csillám' pedigréje esetén.

Eredményeinkkel bizonyítottuk, hogy az ampelográfiai leírások szerinti különböző 'Kadarka' változatok ('Lúdtalpú kadarka', 'Ménesi kadarka', 'Fügelevelű kadarka', 'Kadarka kék bolondoshím', 'Kadarka kék csillagvirágú', 'Keresztes levelű kadarka', 'Lila keresztes levelű kadarka', 'Zöld keresztes levelű kadarka') a 'Kadarka' alapfajtaival 20 SSR lokuszban azonos genotípusúak. Nem azonos a 'Kék kadarká'-val, de a 'Kék kadarká'-ból származik és egymással megegyezik az 'Olasz kadarka' és a 'Virághegyi kadarka'. Ez is alátámasztja, hogy fontos a szőlőfajták meghatározását a morfológiai mellett, molekuláris elemzéssel kiegészíteni. Ezt a megállapítást erősíti az is, hogy további szinonimákat azonosítottunk az összesen 30 'Kadarka' fajtahoz köthető genotípus vizsgálata során: 'Halápi szagos' - 'Szagos kadarka'; 'Cigányszőlő' - 'Rácfekete'; 'Batuta neagra' - 'Mopach bial'. A pedigré-rekonstrukció feltárta, hogy az 'Olasz kadarka', a 'Virághegyi kadarka', az 'Öreg kadarka' és a 'Török kadarka' fajták egyik szülője a 'Kadarka', míg a 'Mészi kadarka' a 'Csókaszőlő' leszármazottja. A 'Szürke kadarka' és 'Kék kadarka' fajtákat 20 SSR lokusz alapján sem tudtuk megkülönböztetni.

A keresztezéses nemesítéssel előállított 46 szőlőfajta dokumentált pedigréjét mikrosatellit elemzéssel vizsgálva: (1) (abban az esetben, ha mindkét szülőt vizsgáltuk) 24 fajtánál megerősítettük, 8 fajtánál kizártuk az egyik, míg 5 fajtánál mindkét szülőt a pedigrében; (2) (abban az esetben, ha egyik szülőt vizsgáltuk) 7 esetben megerősítettük, két esetben kizártuk az elemzett fajtát a pedigrében. A mikrosatellit alapú dokumentált pedigré vizsgálatok esetén más szerzőkhöz hasonlóan mi is minimum 20 lokusz vizsgálatát javasoljuk. A 'Csillám' fajta esetén 31 SSR lokusz vizsgálatával nemcsak kizártuk a 'Seyve-Villard 12-375' x 'Csabagyöngye'

eredetet, hanem meghatároztuk, hogy ‘Kékfrankos’ x ‘Seiben 4643’ hibrid.

Az ‘Eger 2’ fajta eredetének vizsgálatát 8 hibridjének és feltételezett szülőjének (‘Seyve-Villard 12-375’) mikroszatellit eredményeire alapoztuk. Bizonyítani tudtuk, hogy az ‘Eger 2’ azonos a ‘Seyve-Villard 12-375’ fajtával.

Emellett a dolgozat keretében markerekre alapozott szelekcióval is foglalkoztunk, ehhez génspecifikus markereket alkalmaztunk: a bogyószín meghatározásban szerepet játszó *VvMybA1* és *VvMybA2* transzkripció faktor gének alléljeit tanulmányoztuk.

A bogyószínt meghatározó *VvMybA1* gén mutációjának vizsgálatára alkalmazott 20D18CB9 CAPS primerpár a *V. aestivalis* MICHX. faj egy genotípusa esetén egy 43 bp méretű deléciót (vagy ugyanekkora inszerciót a *V. vinifera* L. szekvenciába) mutatott, így a *V. aestivalis* MICHX. eredetű sötét bogyójú ‘Jacquez’ a fehér ‘Nektár’ fajtával alkotott utódpopulációjának vizsgálata esetén a CAPS primerpárral végzett egyszerű PCR-rel is előrejelezhető a magoncok bogyószíne.

A ‘Szürke kadarka’ és ‘Kék kadarka’ fajtákat sem SSR, sem *VvMybA1* gén vizsgálata alapján nem tudtuk megkülönböztetni, így további elkülönítésüket a *VvMybA2* gén mutációira alapozva javasoljuk.

A ‘Csillám’ pedigréjét SSR elemzés mellett (31 lokusz) *VvMybA1* és *VvMybA2* gének mutációinak vizsgálata alapján is megerősítettük. A bogyószín markerek bevonásával molekulárisan igazoltuk, hogy a két sötét bogyószínű fajta keresztezésével létrehozott ‘Csillám’ azért fehér szőlő, mert mindkét szülőtől a *VvMybA1+Gret1* és a *VvMybA2* SNP mutációt hordozó „fehér” alléleket örökölte.

5 IRODALOMJEGYZÉK

1. Arroyo-Garcia, R., Martinez-Zapater, J.M. (2004) Development and characterization of new microsatellite markers for grape. *Vitis* 43: 175-178.
2. Bauer, K. (2002) Weinbau. Wien Osterreichischer Agrarverlag. Druck und Verlagsges. Mbh. Nfg. KG.
3. Bányai, G.B. (2012) Szőlőbarát Duna Bor Magazin 5 (1): 18-24.
4. Bowers, J.E., Dangl, G.S., Vignani, R., Meredith, C.P. (1996) Isolation and characterization of new polymorphic simple sequence repeat loci in grape (*Vitis vinifera* L.). *Genome* 39: 628-633.
5. Bowers, J.E., Dangl, G.S., Meredith, C.P. (1999a) Development and characterization of additional microsatellite DNA markers for grape. *American Journal of Enology and Viticulture* 50: 243-246.
6. Bowers, J., Boursiquot, J.M., This, P., Chu, K., Johansson, H., Meredith, C.P. (1999b) Historical genetics: The parentage of Chardonnay, Gamay, and other wine grapes of northeastern France. *Science* 285: 1562-1565.
7. Carrasco, D., De Lorenzis, G., Maghradze, D., Revilla, E., Bellido, A., Failla, O., Arroyo-Garcia, R. (2015) Allelic variation in the *VvMybA1* and *VvMybA2* domestication genes in natural grapevine populations (*Vitis vinifera* subsp. *sylvestris*). *Plant Systematics and Evolution* 301: 1613-1624.
8. Csepregi, P., Zilai, J. (1988) Szőlőfajta-ismeret és használat. Mezőgazdasági Kiadó. Debrecen.
9. Dettweiler, E., Jung, A., Zyprian, E., Töpfer, R. (2000) Grapevine cultivar Müller-Thurgau and its to type descent. *Vitis* 39 (2): 63-65.
10. Drucker, J. (1906) A nemes kadarka. Borászati Lapok. „Pátria” Irodalmi Vállalat és Nyomdai Részvénytársaság. Budapest. 417-418.
11. Entz, F., Málnay, I., Tóth, I. (1869) Magyarország borászata. Athenaeum. Pest.
12. Györffyné Jahnke, G., Majer, J., Németh, Cs., Knolmajerné Szigeti, Gy. (2011) Kitől van a gyerek? Szőlőfajták származása a genetikai kutatások tükrében. LIII. Georgikon Napok. 317-325.
13. Hajdu, E., Ésik, A. (2001) Új magyar szőlőfajták. Mezőgazda Kiadó.
14. Halász, G., Veres, A., Kozma, P., Kiss, E., Balogh, A., Galli, Zs., Szőke, A., Hoffmann, S., Heszky, L. (2005) Microsatellite fingerprinting of grapevine (*Vitis vinifera* L.) varieties of Carpathian Basin. *Vitis* 44: 173-180.
15. Hillebrand, W. (1972) Taschenbuch der Rebsorten. Dr. Bilz & Dr. Fraund KG, Wiesbaden.
16. Kiss, E., Kozma, P., Halasz, G., Molnar, S., Galbacs, Zs., Hoffmann, S., Veres, A., Galli, Zs., Szőke, A., Heszky, L. (2006) Pedigree of Carpathian basin and Hungarian grapevine cultivars based on microsatellite analysis. In: Peterlunger, E., DiGasparo, G., Cipriani, G. (eds) Proceedings of the 9th International Conference on Grape Genetics and Breeding, Udine. *Acta Horticulturae* 221-224.
17. Kobayashi, S., Goto-Yamamoto, N., Hirochika, H. (2004) Retrotransposon-induced mutations in grape skin color. *Science* 304: 982.
18. Kozma, P. (1963) A szőlő termékenységének és szelektálásának virágbiológiai alapjai. Akadémiai Kiadó. Budapest
19. Kozma, P., Balogh, A., Kiss, E., Galli, Zs., Konecz, T., Heszky, L. (2003) Study of origin of cultivar ‘Csaba gyöngye’ (Pearl of Csaba). *Acta Horticulturae* 603: 585-591.
20. Lacombe, T., Boursiquot, J.M., Laucou, V., DiVecchi-Staraz, M., Péros, J.P., This, P. (2013) Large-scale parentage analysis in an extended set of grapevine cultivars. *Theoretical and Applied Genetics* 126 (2): 401-414.
21. Merdinoglu, D., Butterlin, G., Bevilacqua, L., Chiquet, V., Adam-Blondon, A.F., Decrooq, S. (2005) Development and characterisation of large set of microsatellite markers in grapevine (*Vitis vinifera* L.) suitable of multiplex PCR. *Molecular Breeding* 15: 349-366.
22. Molnár, I. (1888) A szőlőművelés és borászat kézikönyve. Atheneum R. Társulat. Budapest.
23. Németh, M. (1966) Borszőlőfajták határozókulcsa. Mezőgazdasági Kiadó. Budapest.
24. Németh, M. (1967) Ampelográfiai album. Termesztett borszőlőfajták I. Mezőgazdasági Kiadó. Budapest.

25. Phytowelt, (2002) Study on the use of the varieties of interspecific vines http://ec.europa.eu/agriculture/markets/wine/studies/vine_en.pdf
26. Scott, K.D., Egger, P., Seaton, G., Rosetto, E.M., Ablett, E.M., Lee, L.S., Henry, R.J. (2000) Analysis of SSRs derived from grape ESTs. *Theoretical and Applied Genetics* 100: 723-726.
27. Sefc, K.M., Regner, F., Turetschek, E., Glössl, J., Steinkellner, H. (1999) Identification of microsatellite sequences in *Vitis riparia* and their applicability for genotyping of different *Vitis* species. *Genome* 42: 367-373.
28. Sefc, K.M., Steinkellner, H., Wagner, H.W., Glössl, J., Regner, F. (1997) Application of microsatellite markers to parentage studies in grapevine. *Vitis* 36: 179-183.
29. Tersánczy, J. (1869) A jobb szőlőművelés, borkészítés és pinczegazdálkodás korszerű könyve. Fischel Fülöp nyomdájában és bizományában. Nagy-Kanizsa.
30. Thomas, M.R., Caon, P., Scott, N.S. (1994) DNA typing of grapevines: A universal methodology and database for describing cultivars and evaluating genetic relatedness. *Plant Molecular Biology* 25: 939-949.
31. Thomas, M.R., Scott, N.S. (1993) Microsatellite repeats in grapevine reveal DNA polymorphism when analysed as sequence-tagged sites (STSs). *Theoretical and Applied Genetics* 86: 985-990.
32. Tompa, I., Bányai, G.B. (2008) Kint a hegyen kadarkával. *Borigo* 10: 23.
33. Tóth-Lencsés A.K., Kerekes, A., Szőke, A., B. Lajter, F., Lönhard, T., Kiss, E., Kocsis, L. (2015a) Marker assisted selection for berry colour in a 'Nektár' x 'Jacquez' grape progeny. *Vitis* 54: 51-52.
34. Tóth-Lencsés A.K., Kozma, P., Szőke, A., Kerekes, A., Veres, A., Kiss, E. (2015b) Parentage analysis in Hungarian grapevine cultivars of 'Seibel'-'Seyve-Villard' origin. *Vitis* 54 (Special Issue): 27-29.
35. Tóth-Lencsés, A.K., Werner, J., Kerekes, A., Szőke, A., Veres, A., Kozma, P., Kiss, E. (2016) 'Kadarka' változatok, klónok, a 'Kadarkával' együtt termesztett kísérő fajták és a 'Bíbor kadarka' molekuláris genetikai jellemzése. *Kertgazdaság* 48 (1): 42-57.
36. Vouillamoz, J., Maigre, D., Meredith, C.P. (2003) Microsatellite analysis of ancient alpine grape cultivars: pedigree reconstruction of *Vitis vinifera* L. "Cornalin du Valais" *Theoretical and Applied Genetics* 107: 448-454.
37. Walker, A.R., Lee, E., Robinson, S.P. (2006) Two new grape cultivars, bud sports of Cabernet Sauvignon bearing pale-coloured berries, are the result of deletion of two regulatory genes of the berry colour locus. *Plant Molecular Biology* 62 (4-5): 623-635.
38. Walker, A.R., Lee, E., Bogs, J., McDavid, D.A.J., Thomas, M.R., Robinson, S.P. (2007) White grapes arose through the mutation of two similar and adjacent regulatory genes. *Plant Journal* 49: 772-785.
39. Werner, J., Tóth-Lencsés, A.K., Veres, A., Kiss, E., Kozma, P. (2013) Morphological and molecular characterization of varieties and selected clones of 'Kadarka' grape. *Mitteilungen Klosterneuburg* 63 (1): 38-50.
40. Werner, J. (2013) Az Olasz rizling P. 2 és a Kadarka szőlőfajta klónszelekciós nemesítése. http://konyvtar.unipannon.hu/doktori/2013/Werner_Janos_dissertation.pdf

6 AZ ÉRTEKEZÉS TÉMAKÖRÉHEZ KAPCSOLÓDÓ PUBLIKÁCIÓK

Tudományos publikációk:

Magyar nyelven:

Tóth-Lencsés, A.K., Werner, J., Kerekes, A., Szőke, A., Veres, A., Kozma, P., Kiss, E. (2016) 'Kadarka' változatok, klónok, a 'Kadarkával' együtt termesztett kísérő fajták és a 'Bíbor kadarka' molekuláris genetikai jellemzése. *Kertgazdaság* 48 (1): 42-57.

Tóth-Lencsés, A.K., Kerekes, A., Veres, A., Szőke, A., Kiss, E. (2015) Keresztezéses nemesítéssel előállított szőlőfajták származásának vizsgálata DNS elemzéssel. *Borászati füzetek Külön Kiadványa* 117-119.

Tóth-Lencsés, A.K., Kerekes, A., Veres, A., Szőke, A., ifj Kozma P., Kiss, E. (2015) Seibel és Seyve-Villard eredetű szőlőfajták SSR ujjenyomatának és az 'Eger2' származásának meghatározása. *Borászati füzetek Külön Kiadványa* 144-146.

Kerekes, A., **Tóth-Lencsés, A.K.**, Szőke, A., Veres, A., Kocsis L., Kozma P. Kiss, E. (2015) A bogyószín és a muskotályos íz genetikai háttere kárpát-medencei szőlőfajtákban. *Borászati füzetek Külön Kiadványa* 17-20.

Lencsés, A.K., Szőke, A., Kozma, P., Halász, G., Katuláné, Debreceni, D., Veres, A., Győrffyné, J.G., Kiss, E. (2010) Mikroszatellit markerek alkalmazása a magyarországi szőlő génforrások megőrzésére. *Kertgazdaság* 42 (1): 58-67.

Angol nyelven:

Tóth-Lencsés, A.K., Kerekes, A., Szőke, A., B. Lajter, F., Lönhard, T., Kiss, E., Kocsis, L. (2015a) Marker assisted selection for berry colour in a 'Nektár' x 'Jacquez' grape progeny. *Vitis* 54: 51-52. IF:0,985

Tóth-Lencsés, A.K., Kozma, P., Szőke, A., Kerekes, A., Veres, A., Kiss, E. (2015b) Parentage analysis in Hungarian grapevine cultivars of 'Seibel'-'Seyve-Villard' origin. *Vitis* 54: 27-29. IF:0,985

Bodor, P., Szőke, A., **Tóth-Lencsés, K.**, Veres, A., Deák, T., Kozma, P., Bisztray, Gy., Kiss, E. (2013) Differentiation of grapevine (*Vitis vinifera* L.) conculta members based on molecular tools. *Biotechnology Biotechnological Equipment* 28: 14-20. IF: 0,76

Werner, J., **Tóth-Lencsés K.**, Veres A., Kiss E., Kozma P. (2013) Morphological and molecular characterization of varieties and selected clones of 'Kadarka' grape. *Mitteilungen Klosterneuburg*, 63: 38-50 IF: 0,11

Harangozó, T., Pernes, Gy., Veres, A., **Tóth-Lencsés, K.**, Heszky, L., Kiss, E. (2013) Assessment of morphological and molecular similarity of Hungarian white grape varieties. *Acta Biologica Hungarica* 64 (2): 231-248. IF: 0.593

Szőke, A., **Tóth-Lencsés, K.**, Heszky, L., Kiss, E. (2012) Red or white? Genetic basis of grape berry colour. *Hungarian Agricultural Research*, 4: 4-6.

Konferencia kiadványok, összefoglalók angol nyelvű (Proceedings)

Tóth-Lencsés A.K., Kozma P., Kerekes A., Kiss E. (2015) Parentage analysis in Hungarian grapevine cultivars of seibel/seyve-villard origin. In: 11th International Conference on Grapevine Breeding and Genetics. Program & Abstracts Book. Konferencia helye, ideje: Beijing, Kína, 2014.07.29p. 173/314.

Tóth-Lencsés A.K., Kerekes A., Szőke A., Veres A., Kozma P., Kiss E. (2014) Parentage analysis in Hungarian grapevine cultivars of Seibel/Seyve-Villard origin. In: Gabriella De Lorenzis, Laura Rustioni, Osvaldo Failla (szerk.) Final Conference. Progress in Vitis vinifera diversity evaluation and use.: Full Program and Abstract Book. COST Action FA1003 GRAPENET. Konferencia helye, ideje: Lisbon, Portugália, 2014.10.07-2014.10.08. Portugal: p. 64.

Tóth-Lencsés A.K., Kerekes A., Szőke A., Lajterné Farkas B., Lönhardt T., Kocsis L., Kiss E. (2013) Preliminary results of marker assisted selection for berry colour in Nektár × Jacquez progeny. In: Gabriella De Lorenzis, Laura Rustioni, Osvaldo Failla (szerk.) Final Conference. Progress in Vitis vinifera diversity evaluation and use.: Full Program and Abstract Book. COST Action FA1003 GRAPENET. Konferencia helye, ideje: Lisbon, Portugália, 2014.10.07-2014.10.08. Portugal: p. 67.

Lencsés A.K., Kiss E., Katula-Debreceni D., Galbács Zs., Molnár S., Halász G., Hoffmann S., Veres A., Szőke A., Heszky L., Kozma P. (2009) SSR based study of grapevine varieties of Carpathian basin and Hungarian origin. Workshop on the role of Marker Assisted Selection in breeding varieties for organic agriculture. Proceedings Bioexploit, EUCARPIA, Wageningen, The Netherlands 25-27 February 2009. Proceedings p. 52.

Konferencia kiadványok, összefoglalók magyar nyelvű

Tóth-Lencsés A.K., Szőke A., Veres A., Kerekes A., Kozma P., Kiss E. (2015) A 'Csillám' szőlőfajta származásának és bogyószínének genetikai háttere. In: Veisz Ottó (szerk.) XXI. Növénynevelési Tudományos Napok: Összefoglalók. 155 p. Konferencia helye, ideje: Martonvásár, Magyarország, 2015.03.11-2015.03.12. Martonvásár: MTA ATK, 2015.p.130. (ISBN:978-963-8351-43-2)

Kiss E., Gyulai G., Veres A., Szőke A., **Tóth-Lencsés A.K.**, Kerekes A., Heszky L. (2015) Molekuláris markerek alkalmazása szántóföldi és kertészeti növények nevelésében. In: Veisz Ottó (szerk.) Növénynevelés a megújuló mezőgazdaságban : XX. Növénynevelési Tudományos Nap. 522 p. Konferencia helye, ideje: Budapest, Magyarország, 2014.03.18 Budapest: MTA Agrártudományok Osztályának Növénynevelési Tudományos Bizottsága, 2014. pp. 230-234. (ISBN:978-963-8351-42-5)

Tóth-Lencsés A.K., Kozma P., Kiss E. (2013) Szülő-utód kapcsolatok elemzése Seibel, Seyve-Villard eredetű magyar nevelésű szőlőfajtákban. In: „Környezettudatos gazdálkodás és menedzsment”: Gazdálkodás és menedzsment Tudományos Konferencia. Konferencia helye, ideje: Kecskemét, Magyarország, 2013.09.05 Kecskemét: Kecskeméti Főiskola, pp. 193-197.

Tóth-Lencsés A.K., Kerekes A., Szőke A., Lajterné Farkas B., Lönhardt T., Kiss E., Kocsis L. (2013) Bogyószín szelekció molekuláris markerekkel a 'Nektár' × 'Jacquez' szőlő utódnemzedékben. In: Veisz Ottó (szerk.) Növénynevelés a megújuló mezőgazdaságban : XX. Növénynevelési Tudományos Nap. 522 p. Konferencia helye, ideje: Budapest, Magyarország, 2014.03.18 Budapest: MTA Agrártudományok Osztályának Növénynevelési Tudományos Bizottsága, 2014. pp. 464-468. (ISBN:978-963-8351-42-5)

Tóth-Lencsés K., Kiss E. (2013) Szülő-utód kapcsolatok elemzése Seibel, Seyve-Villard eredetű magyar nemesítésű fajtákban. Gazdálkodás és Menedzsment Tudományos Konferencia, „Környezettudatos gazdálkodás és menedzsment”. Kecskeméti Főiskola, Kecskemét, 2013. szeptember 05. Előadás

Lencsés A.K., Kerekes A., Szőke A., Lajterné Farkas B., Lönhard T., Kiss E., Kocsis L. (2010) Bogyószín szelekció molekuláris markerekkel a ‘Nektár’ x ‘Jacquez’ szőlő utódnemzedékben. XX. Növénynevelési Tudományos Napok Budapest MTA 2014. március 18. 464-468

Lencsés A.K., Katuláné Debreceni D., Galbács Zs., Molnár S., Halász G., Hoffmann S., Veres A., Szőke A., Heszky L., Kozma P., Kiss E. (2009) Molekuláris módszerek alkalmazása a kárpát-medencei szőlő génforrások megőrzésére. Hagyomány és haladás a növénynevelésben. XV. *Növénynevelési Tudományos Napok*. 2009. március 17. Budapest. 302-306 ISBN: 978-953-508-575-0

Lencsés A.K., Katuláné Debreceni D., Galbács Zs., Molnár S., Halász G., Hoffmann S., Veres A., Szőke A., Heszky L., Kozma P., Kiss E. (2009) Molekuláris módszerek alkalmazása a kárpát-medencei szőlő génforrások megőrzésére. FVM Tudomány Ünnepe: Fiatal agrárkutatók az élhető Földért Összefoglalók, p. 30. Előadás