



SZENT ISTVÁN EGYETEM

Új búza/árpa és búza/*Agropyron* introgressziós vonalak előállítása és azonosítása fluoreszcens *in situ* hibridizációval és molekuláris markerekkel

Doktori (PhD) értekezés tézisei

TÜRKÖSI EDINA

Gödöllő

2017

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. Lángné Dr. Molnár Márta
tudományos tanácsadó
az MTA doktora

.....
Dr. Helyes Lajos
iskolavezető

.....
Dr. Lángné Dr. Molnár Márta
témavezető

1. A MUNKA ELŐZMÉNYEI, KITŰZÖTT CÉLOK

A világ egyik legnagyobb területen termesztett gabonaféléje a kenyérbúza (*Triticum aestivum* L.), vetésterülete mintegy 245-250 millió hektár. Az egyre gyarapodó emberiség 2050-re elérheti a 9 milliárdot, ezért ahhoz, hogy az igényeit ki lehessen elégíteni, a termésmennyiség évenkénti 2%-os növekedését kellene biztosítani. Ez nagy kihívást jelent, mind a klímaváltozás negatív hatásai, mind pedig a termőterületek csökkenése miatt. A termésmennyiség növekedés megvalósításának kulcsa, a magas szintű agrotechnika és az aratás utáni termésvesztés csökkentése mellett, olyan fajták nemesítése, amelyek kiemelkedő betegség-ellenállósággal és abiotikus stressz-rezisztenciával, illetve magasabb terméshozammal rendelkeznek.

A kenyérbúza genetikai variabilitásának növelésére új értékes gének és allélok bevitelére lenne szükség a búzával rokon termesztett és/vagy vad fajokból, amelyek gazdag génforrásként szolgálnak a nemesítés számára. Ilyen jellegű törekvések már a XIX. században is voltak, kezdődően a búza-rozs és búza-*Agropyron* keresztezésekkel. Igazi áttörést jelentett az interspecifikus hibridizációban a kolchicin kezelés kidolgozása, amely lehetővé tette a kromoszómaszám megduplázásával a fertilis amfiploidok előállítását. Az *in vitro* embriómentés technikák bevezetése biztosította később a rokon fajok közötti keresztezések szélesebb körben történő elterjedését.

Másik fontos gabonafélének az árpa (*Hordeum vulgare* L.), amely igen jól alkalmazkodott az abiotikus stressz által kiváltott körülményekhez. A vetésterület nagysága szerint a gabonafélék között - a kukorica és a búza után - a harmadik helyet foglalja el. Az árpát hazánkban többféleképpen hasznosítjuk: takarmánynövény, fontos nyersanyaga a sör és a malátagyártásnak, de kásaként - árpagyöngy - emberi fogyasztásra is alkalmas. A búza × árpa keresztezések lehetővé teszik különböző hasznos agronómiai tulajdonságok, mint például a koraiság, kedvező aminosav-összetétel és élelmirost tartalom, só- és szárazságtűrés vagy jobb bokrosodási képesség átvitelét az árpából a termesztett búzába.

Számos búzával rokon vad faj agronómiai szempontból fontos géneket hordoz. A *Thinopyrum* (tarackbúza) nemzetségbe tartozó fajok számos abiotikus és biotikus stresszfaktorral szemben rendkívül ellenállóak. Ezen fajok természetes populációi sikeresen alkalmazkodtak a legszélsőségesebb klimatikus viszonyokhoz, így genetikai diverzitásuk fennmaradt. Több tarackbúzafajt már felhasználtak a kenyérbúza betegségekkel szembeni ellenállóságának javítására. A két legértékesebb génforrás a *Thinopyrum*

(korábbi néven *Agropyron*) nemzetségből a *Thinopyrum intermedium* és *Thinopyrum ponticum*, elsősorban mert értékes rezisztenciagéneket hordoznak (levélrozsda-, szárrozsda- és lisztharmat-rezisztenciagének) és ellenállóak különböző abiotikus sztresszfaktorokkal szemben (szárazság-, szikes talajok), másodsorban alapgenomjuk (J és St genom) közeli rokonságban áll a termesztett búza A és D genomjával. A *Thinopyrum* fajokban rejlő lehetőségek kiaknázása a búzanemesítés számára további keresztezésekkel és szelekcióval valósítható meg.

A faj- és nemzetség-kereszteзések végső célja olyan introgressziós vonalak előállítása, amelyek stabilan öröklődnek, és amelyekbe lehetőleg csak hasznos géneket építünk be a vad fajokból. A búza genomba beépült idegen fajú kromatin kimutatására és azonosítására molekuláris citogenetikai módszerek és molekuláris markerek állnak rendelkezésünkre. A fluoreszcens *in situ* hibridizációs technikával (FISH), repetitív DNS próbák alkalmazásával a búza és árpa kromoszómák egyedi mintázatuk alapján teljes bizonyossággal felismerhetők, míg a *Thinopyrum* nemzetségbe tartozó fajok többségénél a kromoszómák azonosítását célzó módszerek kidolgozása még folyamatban van.

Célkitűзések:

- Az 'Asakaze'/'Manasz' búza/árpa diteloszómás addíciós vonalak kiválogatása, melyek a búza genom mellett csak egy pár árpa-kromoszómakart hordoznak, majd ezek molekuláris citogenetikai módszerekkel történő elemzése, morfológiai és agronómiai tulajdonságainak jellemzése, a vonalak sötétítésének vizsgálata;

- A Martonvásáron korábban előállított búza/árpa hibridek utódvonalalaiból származó transzlokációs vonal (3HS.3BL) agronómiai tulajdonságainak javítása egy modern martonvásári búzafajtával történő kereszteзéssel, amely genetikai alapanyagként felhasználható az előnemesítésben;

- Az *Agropyron glael*-ből (a *Thinopyrum intermedium* × *Thinopyrum ponticum* hibridje) a biotikus rezisztenciájért felelős kromoszómák vagy kromoszóma-szegmentumok beépítése a búzába, majd főleg gombabetegségekkel szemben ellenálló transzlokációs vonalak előállítása.

2.1. Felhasznált növényi genotípusok:

Kísérleteinkben a következő növényi anyagokat vizsgáltuk: búzafajták ('Asakaze', 'Chinese Spring', 'Mv Bodri', 'Mv Karizma'), Mv9kr1 búzatörzs, Nannong 02Y23 búzavonal, árpa fajták: ('Manasz', 'Betzes'), tarackbúza-fajok: *Pseudoroegneria spicata* (St genom), *Thinopyrum bessarabicum*, (J^b genom), *Thinopyrum elongatum* (E) és *Thinopyrum intermedium* (JJ^sSt); genetikai anyagok: 'Asakaze'/'Manasz' búza/árpa diszómás addíciós vonalak (2H, 3H, 4H, 6H, 7H), (Molnár-Láng és mtsai, 2012), 'Chinese Spring'/'Betzes' búza /árpa 3HS.3BL spontán centrikus fúziót hordozó vonalak; búza/*Agropyron glael* hibridek utódvonalai.

2.2. Genomi *in situ* hibridizáció (GISH)

Magas koncentrációjú (>1000µg/mL) genomi DNS-t izoláltunk a kimutatni kívánt genomokat hordozó fajokból. A H (*H. vulgare*), J (*Th. bessarabicum*) és St (*Ps. spicata*) genomi DNS-t biotin-11-dUTP vagy digoxigenin-11-dUTP molekulákkal jelöltük random priming vagy nick-transzlációs módszerrel. A próba (vagy próbák mcGISH esetén) és blokkoló DNS (a kimutatni nem kívánt genom) jelenlétében az *in situ* hibridizációt 42 °C-on hajtottuk végre. A biotinnal vagy digoxigeninnel jelölt szekvenciák detektálása Streptavidin-FITC (Roche) ill. Antidig-Rhodamine (Roche) antitesttel történt. Az *Agropyron* kromoszómák detektálásához Kruppa és mtsai (2012) módszerét alkalmaztuk.

2.3. Fluoreszcens *in situ* hibridizáció (FISH)

A hibridizáció során alkalmazott próbakombinációk a következők voltak: Afa-family (piros), pSc119.2 (zöld), pTa71 (sárga) a búzakromoszómák azonosítására; (AGGGAG)₄ (piros), (GAA)₇ (zöld), HvT01 (sárga) az árpakromoszómák azonosítására; az előkezelések és a detektálási lépések kis módosításokkal megegyeztek a GISH-nél leírtakkal. A hibridizáció 37°C-on történt, a poszthibridizációs mosást 4xSSC-ben (37°C, 2×5 perc) végeztük. A biotinnal, digoxigeninnel vagy a kettő keverékével jelölt szekvenciákat TNB-ben oldott 10 µg/ml Streptavidin-FITC és 10 µg/ml Antidig-Rhodamine antitestekkel detektáltuk és biotin esetén zöld, digoxigenin esetén piros, kettős jelölés esetén sárga hibridizációs jeleket kaptunk. A hibridizációk eredményét Plan Neofluar 63x olajos objektívvel felszerelt Zeiss Axioscope 2

epifluoreszcens mikroszkóppal (Zeiss, Germany) vizsgáltuk és Spot CCD kamerával (Diagnostic Instruments, USA) fényképeztük.

2.4. Molekuláris marker analízis

Az 'Asakaze'/'Manasz' diteloszómás addíciós vonalakban az árpa kromatin azonosítására árpakromoszóma karspecifikus SSR és STS marker sorozatot használtunk.

A 3HS.3BL/Bodri búza/árpa transzlokációs vonalakban és az 'Mv Bodri' búzafajtában a DF2/WR2 és DF/MR2 primer párokat (Ellis és mtsai, 2002) használtuk az *RhtD1b* (*Rht 2*) törpeségi gén kimutatására.

A búza/*Agropyron* 6DL.6DS-?St terminális transzlokációs vonalakban a *Pm21* (Liu és mtsai, 1999), *PmL962* (Shen és mtsai, 2015) és *Lr38* (Mebrate és mtsai, 2008) génhez kapcsolt markerek jelenlétét követtük nyomon.

2.5. Növénynevelés, keresztezés

A genotípustól függő 6-8 hetes vernalizációt követően, a növénynevelés fitotroni növénynevelő kamrákban a Tischner és mtsai (1997) által kidolgozott módszer szerint történt. A learatott növényeket részletesen feldolgoztuk (növénymagasság, bokrosodás, főkalász hossza, kalásonkénti és növényenkénti szemszám), a szemeket 4 °C-os génbanki magtárolóban tároltuk. Genotípusonként 10 növény paramétereit jegyeztük fel.

A 3HS.3BL/CS/Mv9kr1 spontán keletkezett búza/árpa centrikus fúziót hordozó növények kalászait 2009 májusában martonvásári Tükrös tenyészkertünkben kasztráltuk, majd 3-5 nappal a kasztrálás után a martonvásári 'Mv Bodri' búzafajtával pörgetéssel beporoztuk. Az öntermékenyített növények szemei közül a centrikus fúziót homozigóta formában hordozókat szelektáltuk és fitotroni növénynevelő kamrában felneveltünk. A diszómás centrikus fúziós növények utódait kísérleti parcellánkon elvetettük és felneveltük, agronómiai tulajdonságaikat jellemeztük.

Az Mv9kr1/A. *glael* hibrid 'Chinese Spring' búzafajtával keresztezett utódait az 'Mv Karizma' martonvásári járó típusú búzafajtával kereszteztük (kombináció Mv9kr1/A. *glael*//CS/3/MvKarizma/4/Mv Karizma). A keresztezett növények F₂ utódaiban az *Agropyron* kromoszómákat, szegmentumokat molekuláris citogenetikai technikákkal (GISH) mutattuk ki a búza genom háttérben. Az utódok közül búza/*Agropyron* diszómás transzlokációt hordozó vonalakat szelektáltunk, amelyeket fitotroni növénynevelő kamrákban és szántóföldi kísérleti parcellákon neveltük fel.

2.6. Az 'Asakaze'/'Manasz' búza/árpa diteloszómás addíciós vonalak sóstressz-toleranciájának vizsgálata

A sóstressz vizsgálatát csíranövénykorban végeztük el az 'Asakaze'/'Manasz' diteloszómás addíciós vonalaknál, a búza és árpa ('Asakaze' és 'Manasz') szülői genotípusoknál. A kísérletekben 0, 100, 200 vagy 250 mM-os NaCl oldattal átitatott szűrőpapíron Petri csészékben csíráztattunk szemeket és megállapítottuk a csírázott szemek arányát, a gyökerek és hajtások hosszúságát és súlyát (Darkó és mtsai, 2015).

3. EREDMÉNYEK

3.1. Az 'Asakaze'/'Manasz' búza/árpa diteloszómás addíciós vonalak előállítása és jellemzése

Az 'Asakaze'/'Manasz' búza/árpa diteloszómás addíciós vonalak előállítása során az egyes árpa-kromoszómák jelenlétét GISH-sel mutattuk ki, majd pontos azonosításukra SSR és STS markeres vizsgálatokat végeztünk. Az 'Asakaze'/'Manasz' búza × árpa hibridek búzával keresztezett utódai közül 860 növényt vizsgáltunk GISH-sel. A következő diteloszómás addíciós vonalakat azonosítottuk: 2HS, 2HL, 3HS, 3HL, 4HS, 4HL, 6HS, 6HL, 7HS, 7HL. A vonalak felszaporítása után vizsgáltuk az egyes árpa kromoszómák jelenlétének hatását a genotípusokra (Türkösi és mtsai, 2016). Az újonnan előállított genetikai vonalak közül a 4HL vonal a legalacsonyabb és a legjobb fertilitással rendelkezik. A 7HL kromoszómakart hordozó genotípus hamarabb virágzik a búza kontrollnál, míg a 6H kromoszómát vagy egyik 6H kromoszómakart hordozó vonalak az összes vizsgált genotípus közül a legkésőbbben virágznak. A diteloszómás sorozat sóstressz vizsgálata kimutatta, hogy a 7HL addíció magasabb sóstressz-toleranciát mutatott mind csíranövénykorban, mind korai fejlődési szakaszban, mint a búzaszülők ('Asakaze' és 'Chinese Spring') (Darkó és mtsai, 2015). Az addíciós vonalak felszaporítása során vizsgáltuk stabilitásukat is. A diteloszómás növények utódaiban a telocentrikus kromoszómák jelenlétét követtük nyomon. Minden egyes előállított vonal stabilitása a telocentrikus kromoszómák jelenlétét tekintve 50% feletti volt.

3.2. A 3HS.3BL Robertsoni transzlokáció introgressziója egy modern martonvásári búzafajtába

Egy korábban előállított és kisparcellás tenyészkertben fenntartott 3HS.3BL búza/árpa spontán Robertsoni transzlokációt hordozó vonalat (CS/B//Mv9kr1/3/Mv9kr1) az agronómiai tulajdonságok javítása érdekében kereszteztük az 'Mv Bodri' őszi búzafajtával (CS/B//Mv9kr1/3/Mv9kr1/4/Bodri). A keresztezésből származó F₁ növényeket öntermékenyítettük és az F₂ utódokban a 3HS.3BL centrikus fúzió jelenlétét GISH-sel követtük nyomon. Az F₂ generáció centrikus fúzióra homozigóta növényeinek öntermékenyített utódait martonvásári tenyészkertünkben felneveltük, ezek kétféle fenotípust mutattak, egyiknek szálcacsonkos kalászaik voltak, a másik vonal tar kalászokkal rendelkezett. Az előállított genetikai anyagokban vizsgáltuk a növénymagasságot meghatározó *RhtD1b* - korábban az 'Mv' Bodri' 4D kromoszómájának rövid karján térképezett - allél jelenlétét. A 3HS.3BL/CS/Mv9kr1 vonal magasságának szignifikáns csökkenése az 'Mv Bodri'-val történő keresztezés után az *RhtD1b* törpeségi allél beépülésének eredménye. A tar kalásztípusú vonal főkalászáinak hossza hasonló volt az eredeti transzlokációs vonaléhoz és a 'Chinese Spring' búzafajtájához, miközben a szálcacsonkos vonal kalászaik az 'Mv Bodri' kalászhosszához hasonlíthatók. A két vonal fertilitása hasonló volt, a hosszúságbeli különbségek ellenére. A 3HS.3BL kompenzáló transzlokáció introgressziója az 'Mv Bodri' modern martonvásári búzafajtába kedvező hatással volt a produktív bokrosodásra és a növényenkénti szemszámra (Türkösi és mtsai, 2014).

3.3. Egy búza/*Agropyron* transzlokációs vonal (6DL.6DS-?St) vizsgálata

Az Mv9kr1/A. *glael* hibrid, búzával keresztezett és öntermékenyített utódnemzedékeiből tenyészkerti kísérletek során levélrozsdá-rezisztens vonalakat szelektáltunk. A *Thinopyrum* kromoszómák számának csökkentése céljából keresztezéseket végeztünk 'Mv Karizma' búzafajtával. A keresztezéseket követően a növényeket gombabetegségekre felvételeztük, és azoknak a növényeknek az utódait vittük tovább, amelyek a tenyészkerti spontán fertőzésekkel szemben ellenállóak voltak. A mcGISH alkalmazásával különböző búza/*Thinopyrum* (*Agropyron*) addíciós, szubsztitúciós vagy addíciós vonalat azonosítottunk. A vizsgált vonalak kromoszómaszáma 42 és 52 között volt. A Mv9kr1/A.*glael*//CS/3/Mv Karizma/4/Mv Karizma kombinációjú növények közül szelektáltunk egy búza/*Thinopyrum* terminális transzlokációt hordozó genotípust. A transzlokációs kromoszóma azonosítása céljából búza

specifikus repetitív próbákat alkalmaztunk (pSc 119.2, Afa family és pTa71) és az átrendeződött kromoszómát 6DL.6DS-?St terminális transzlokációként azonosítottuk. Az F₃ generációban két terminális transzlokációra diszómás növényt szelektáltunk mcGISH alkalmazásával. A növények öntermékenyítésével nyomon követtük a transzlokáció öröklődését, a 40 vizsgált növényből 19-ben azonosítottuk a transzlokációt homozigóta formában. A transzlokációs vonalban kimutattuk a *Thinopyrum*-ból származó *Lr38* génhez kapcsolt teloméra specifikus Y38SCAR₉₈₂ marker jelenlétét. A vonal levélrozsa-rezisztenciájának megerősítésére szükséges a növények mesterséges levélrozsa fertőzése. A transzlokációs vonalakat 2016/17-ben szántóföldi tenyészkertben felneveltük, ahol a növények nem fertőződtek levélrozsdával, azonban a fogékony szegélyen is csak kis mértékben jelent meg ebben az évben a levélrozsa, ezért további vizsgálatok szükségesek. A genotípusok spontán lisztharmat-fertőzéssel szembeni ellenállósága indokolta a lisztharmat-rezisztencia molekuláris hátterének elemzését. A két vizsgált lisztharmat-rezisztencia gén (*Pm21* és *PmL962*) jelenlétét markeres vizsgálatokkal kizártuk. A búza kontroll genotípusok fogékonysága mindenképpen *Thinopyrum* eredetű lisztharmat-rezisztenciára utal, amelynek bizonyítására további molekuláris és genomikai vizsgálatok szükségesek. Kísérleti eredményeink egyértelműen bizonyítják, hogy az Mv9kr1/A. *glael* hibridből származó genetikai anyagok értékes alapanyagként szolgálnak a rezisztencianemesítés számára.

3.4. Új tudományos eredmények

1. Az 'Asakaze'/'Manasz' búza/árpa addíciós vonalokból előállítottunk egy diteloszómás addíciós sorozatot, amely a következő árpa kromoszómakarokat tartalmazza: 2HS, 2HL, 3HS, 3HL, 4HS, 4HL, 6HS, 6HL, 7HS, 7HL.

2. Megfigyeltük, hogy a diteloszómás és diszómás vonalok közül a 7HL kromoszómakart hordozó vonal virágzik a legkorábban, míg a 6HS, 6HL és 6H kromoszómát vagy kromoszómakarokat tartalmazó vonalok a legkésőbb.

3. Sótűrési kísérletekben bebizonyítottuk a 7HL diteloszóma jobb sótűrését a búza szülői genotípusokhoz és a többi diteloszómás addíciós vonalhoz képest.

4. A 3HS.3BL spontán transzlokáció 'Mv Bodri' búzafajtával történő keresztezésével új genetikai variabilitást hoztunk létre, és így javítottuk a transzlokációs vonal agronómiai tulajdonságait a kiindulási vonalhoz képest. A növények közül olyan vonalakat szelektáltunk, amelyek egyidejűleg hordozzák az 'Mv Bodri' féltörpe fajtából származó *RhtD1b* törpeségi allélt és a 3HS.3BL centrikus fúziót. A 3HS kromoszómakar jelenléte pozitívan befolyásolta a produktív bokrosodást és jól kompenzálta a kieső 3BS búza kromoszómakar hiányát.

6. Az Mv9kr1/A.*glael* hibridből búzával történő keresztezésével csökkentettük a *Thinopyrum*-ból származó kromatin mennyiségét. Az Mv9kr1/A.*glael* hibrid búzával keresztezett 269 citológiai vizsgált utódai közül addíciókat, szubsztitúciókat és transzlokációs vonalakat szelektáltunk, közöttük egy 42 kromoszómás terminális transzlokációt hordozó vonalat válogattunk ki, amit 6DL.6DS-?St terminális transzlokációként azonosítottunk, és amely stabilan öröklődött a következő nemzedékben.

7. A 6DL.6DS-?St terminális transzlokáció molekuláris markeres vizsgálata során kimutattuk a *Lr38* génhez kapcsolt Y38SCAR₉₈₂ marker jelenlétét és bizonyítottuk a transzlokálódott *Thinopyrum* kromoszóma szegmentum teloméra eredetét.

4. KÖVETKEZTETÉSEK ÉS JAVASLATOK

4.1. Búza/árpa diteloszómás addíciós vonalak

A búza árpa diteloszómás addíciós vonalak fenntartása - aneuploidok lévén - állandó citogenetikai vizsgálatot igényel. Az árpa kromoszóma-szegmentumok hozzáadása a búza genomhoz lehetővé teszi egyes kromoszómakarokon lokalizált gének térképezését és funkciójuk meghatározását. Az ellenőrzött vonalak felhasználhatók további molekuláris biológiai és genomikai vizsgálatokra. A diteloszómás addíciós vonalak átmenetet képeznek a stabil, euploid 42 kromoszómával rendelkező transzlokációs vonalak előállításához, és ezek hatékonyan alkalmazhatók az előnemesítési programokban. Elsődleges cél a kompenzáló típusú transzlokációk előállítása, amelyeknél egy homeológ idegen fajú kromoszóma-szegmentum kompenzálja a búza kromoszóma szegmentumot. Az előállított genetikai anyagok a búzanesemesítésben felhasználhatók.

4.2. 3HS.3BL/Bodri búza/árpa transzlokációs vonalak

A búza × árpa keresztezések során rokon fajokkal jól keresztezhető búza genotípusokat alkalmazunk a keresztezés hatékonyságának növelése céljából. Az árpával jól keresztezhető búzafajták agronómiai tulajdonságai nem érik el a legjobb, modern búzafajtáékét. Kísérleti eredményeink azt igazolják, hogy a búza/idegen fajú transzlokációk agronómiai tulajdonságait jelentősen befolyásolja az introgressziós vonal búza genetikai háttere. Az introgressziós vonalakban a búza genom kicserélése egy jó termőképességű, betegségekkel szemben rezisztens modern fajtával nagymértékben javítja a genotípus agronómiai paramétereit. A 3HS árpa kromoszómakar jelenléte pozitívan befolyásolja a produktív bokrosodást és ez által nagyobb növényenkénti szemszámot eredményez. A 3HS árpa kromoszómakar jól kompenzálja a kieső 3BS búza kromoszómakar hiányát. Célszerű lenne a jövőben az előállított genotípusok minőségvizsgálata, mivel bizonyos létfontosságú aminosavak (pl. lizin) az árpában nagyobb arányban fordulnak elő. Többszörös visszakeresztesés, szelekció és felszaporítás után a vonalak felhasználhatók a nemesítési programokban.

4.3. Búza/*Agropyron glael* introgressziós vonalak

A búza és az *Agropyron glael* (*Th. intermedium* × *Th. ponticum*) szintetikus fajhibrid ivaros keresztezésével a tarackbúzából származó betegség-rezisztencia gének introgressziója válik lehetővé a termesztett búzába. A Martonvásáron előállított hibrid öntermékenyített és búzával keresztezett utódnövényeinek fenntartása tenyészkertünkben történt a növények ellenállóságának nyomonkövetésével. A rezisztens növények utódainak genotípusát citogenetikai vizsgálatokkal azonosítottuk (mcGISH, FISH), közülük addíciós, szubsztitúciós és transzlokációs vonalakat válogattunk ki. Az egyik *Thinopyrum* kromoszóma-szegmentumot hordozó vonalat GISH-sel 6DL.6DS-?St transzlokációként azonosítottuk. A transzlokáció pontos elemzésére további citogenetikai, molekuláris és genomikai vizsgálatok szükségesek. A 6D kromoszóma töréspontjának meghatározása céljából indokolt 6DS kromoszóma karspecifikus markerek keresése, tervezése. A transzlokációs vonal levélrozsdá-rezisztens szülőtől származik, ezért tenyészkerti spontán fertőzés felvételezése, illetve a vonal mesterséges levélrozsdá fertőzése javasolt. A rezisztencia jelenléte esetén molekuláris vizsgálatokkal meghatározható az ellenállóság molekuláris háttere. A fitotroni kísérletek során a kontroll növények spontán lisztharmat fertőzöttsége és a transzlokációs vonalak rezisztenciája felveti a lisztharmat-ellenállóság

vizsgálatát az előállított introgressziós vonalakban. Az elvégzett molekuláris vizsgálatok kizárták a *Pm21* és *PmL962* rezisztenciagének jelenlétét a genotípusokban. Célszerű lenne a növényeket mesterségesen fertőzni lisztharmattal és a rezisztencia molekuláris hátterének azonosítása. A többszöri Mv 'Karizma'-val történő visszakeresztezéssel a búza genetikai háttér egységesebb lenne. A tarackbúza fajok kiemelkedő abiotikus stresszrezisztenciája indokolja az introgressziós vonalak szárazságtűrésének, sótűrésének vizsgálatát. A tarackbúzafélék genetikai diverzitásának kiaknázása céljából hasznos lenne más *Thinopyrum* fajok begyűjtése, génbanki tárolása és keresztezési programokba történő hasznosítása.

Irodalomjegyzék

- DARKO, E., JANDA, T., MAJLÁTH, I., SZOPKÓ, D., DULAI, S., MOLNÁR, I., TÜRKÖSI, E., MOLNÁR-LÁNG, M. (2015): Salt stress response of wheat–barley addition lines carrying chromosomes from the winter barley “Manas”. *Euphytica*. 203: 491–504.
- DARKO, E., GIERCZIK, K., HUDÁK, O., FORGÓ, P., PÁL, M., TÜRKÖSI, E., KOVÁCS, V., DULAI, S., MAJLÁTH, I., MOLNÁR, I., JANDA, T., MOLNÁR-LÁNG, M. (2017): Differing metabolic responses to salt stress in wheat-barley addition lines containing different 7H chromosomal fragments. *PLOS ONE*.12(3): e0174170.
- ELLIS, M.H., SPIELMEYER, W., GALE, K.R., REBETZKE, G.J., RICHARDS, R.A. (2002): “Perfect” markers for the *Rht-B1b* and *Rht-D1b* dwarfing genes in wheat. *Theoretical and Applied Genetics*. 105: 1038–1042.
- KRUPPA K., SZAKÁCS É. SEPSI A., LÁNGNÉ MOLNÁR M. (2012): Az *Agropyron glael* és búza × *A. glael* hibrid utódvonalak genom-összetételének vizsgálata mcGISH technikával. XVIII. Növénynevelési Tudományos Napok. 2012. március 6. MTA Budapest. 133.
- LIU, Z., SUN, Q., N. Z., YANG, T. (1999): Development of SCAR markers linked to the *Pm21* gene conferring resistance to powdery mildew in common wheat. *Plant Breeding*.118: 215-219.
- MEBRATE. S.A., OERKE, E.C., DEHNE, H.W., PILLEN, K. (2008): Mapping of the leaf rust resistance gene *Lr38* on wheat chromosome arm 6DL using SSR markers. *Euphytica*. 162:457-466.
- MOLNÁR-LÁNG, M., KRUPPA, K., CSEH, A., BUCSI, J., LINC, G. (2012): Identification and phenotypic description of new wheat – six-rowed winter barley disomic additions. *Genome*. 55:302–11.

- SHEN, X.K., MA, L.X., ZHONG, S.F., LIU, N., ZHANG, M., CHEN, W.Q., ZHOU, YL., LI, H.J., CHANG, X., LI, Z. J., BAI, G.H., ZHANG, H.Y., TAN, F.Q., REN, Z.L., LUO, P.G., (2015): Identification and genetic mapping of the putative *Thinopyrum intermedium*-derived dominant powdery mildew resistance gene *PmL962* on wheat chromosome arm 2BS. *Theoretical and Applied Genetics*. 128: 517-528.
- TISCHNER, T., KŐSZEGI, B., VEISZ, O. (1997): Climatic programmes used in the Martonvásár phytotron most frequently in recent years. *Acta Agronomica Hungarica*. 45: 85-104.
- TÜRKÖSI, E., FARKAS, A., ARANYI, N.R., HOFFMANN, B., TÓTH, V., MOLNÁR-LÁNG, M. (2014): Improvement of the agronomic traits of a wheat–barley centric fusion by introgressing the 3HS.3BL translocation into a modern wheat cultivar. *Genome*.57:(11/12) 601-607.
- TÜRKÖSI, E., CSEH, A., DARKÓ, É., MOLNÁR-LÁNG, M. (2016): Addition of Manas barley chromosome arms to the hexaploid wheat genome. *BMC GENETICS*. 17(1):78.

PUBLIKÁCIÓS TEVÉKENYSÉG

Tudományos publikációk

Impakt faktorral rendelkező nemzetközi tudományos lapokban megjelent publikációk

1. Kruppa, K., **Türkösi, E.**, Szakács, É., Cseh, A., Molnár-Láng, M. (2013): Development and identification of a 4HL.5DL wheat/barley centric fusion using GISH, FISH and SSR markers. *Cereal Research Communication*. 41:(2) 121-129. (IF: 0,624)
2. Cseh, A., Soós, V., Rakszegi, M., **Türkösi, E.**, Balázs, E., Molnár-Láng, M. (2013): Expression of *HvCslF9* and *HvCslF6* barley genes in the genetic background of wheat and their influence on the wheat β -glucan content. *Annals of Applied Biology*. 163:(1) 142-150. (IF: 1,955)

3. **Türkösi, E.**, Farkas, A., Aranyi, N.R., Hoffmann, B., Tóth, V., Molnár-Láng, M. (2014): Improvement of the agronomic traits of a wheat–barley centric fusion by introgressing the 3HS.3BL translocation into a modern wheat cultivar. *Genome*. 57:(11/12) 601-607. (IF: 1,424)
4. Darkó, É., Janda, T., Majláth, I., Szopkó, D., Dulai, S., Molnár, I., **Türkösi, E.**, Molnár-Láng, M. (2015): Salt stress response of wheat-barley addition lines carrying chromosomes from the winter barley "Manas". *Euphytica*. 203:(3) 491-504. (IF:1,385)
5. Kruppa, K., **Türkösi, E.**, Mayer, M., Tóth, V., Vida, Gy., Szakács, É., Molnár-Láng, M. (2016): McGISH identification and phenotypic description of leaf rust and yellow rust resistant partial amphiploids originating from a wheat×*Thinopyrum* synthetic hybrid cross. *Journal of Applied Genetics*. 57 (4):427–437. (IF: 1,477)
6. **Türkösi, E.**, Cseh, A., Darkó, É., Molnár-Láng, M. (2016): Addition of Manas barley chromosome arms to the hexaploid wheat genome. *BMC GENETICS*. 17(1):78. (IF:2,152)
7. Darkó, É., Gierczik, K., Hudák, O., Forgó, P., Pál, M., **Türkösi, E.**, Kovács, V., Dulai, S., Majláth, I., Molnár, I., Janda, T., Molnár-Láng, M.(2017): Differing metabolic responses to salt stress in wheat-barley addition lines containing different 7H chromosomal fragments. *PLOS ONE*. 12(3): e0174170. (IF: 3,057)

Konferencia kiadvány

Idegen nyelvű

1. Szakács, É., Kruppa, K., **Türkösi, E.**, Cseh, A., Molnár, I., Molnár-Láng, M. (2011): Development of new wheat/barley translocation lines from cytogenetic material produced in Martonvásár. In: Climate change: challenges and opportunities in agriculture. Ed.: Ottó Veisz AGRISAFE final conference. March 21-23, 2011, Budapest, Hungary. pp 114-118. ISBN: 978-963-8351-37-1.

2. Cseh, A., Molnár, I., **Türkösi, E.**, Molnár-Láng, M. (2012): Introgression of rye resistance genes into wheat by combining classical and molecular genetic approaches. In: Zoltán Bedő, László Láng (ed.) Plant Breeding for Future Generations: Proceedings of the 19th EUCARPIA General Congress. 448 p. May 21-24, 2012, Budapest, Hungary Martonvásár: Agricultural Institute, Centre for Agricultural Research, Hungarian Academy of Sciences, 2012. p. 319. ISBN: 978-963-8351-39-5.

Magyar nyelvű

1. **Türkösi E.**, Cseh A., Lángné Molnár M. (2014): Új búza/ árpa diteloszómás addíciós vonalak előállítás és azonosítása fluoreszcens *in situ* hibridizációval és molekuláris markerekkel. 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. 488-492. ISBN:978-963-8351-42-5.

Előadás, poszter összefoglaló

Idegen nyelvű

1. Molnár-Láng, M., Linc, G., Szakács, É., Cseh, A., Kruppa, K., Farkas, A., Darkó, É., Rakszegi, M., Dulai, S., Hoffmann, B., Molnár, I., **Türkösi, E.** (2013): Development and characterization of new wheat/winter barley introgression lines In: The 12th International Wheat Genetics Symposium. September 8-14, 2013, Yokohama, Japan, p. 120.

2. Cseh, A., Soós, V., Rakszegi, M., **Türkösi, E.**, Balázs, E., Molnár-Láng, M. (2013): The transfer of barley *Cs1F* genes offers a new possibility to increase the β -glucan content of wheat In: The 12th International Wheat Genetics Symposium. September 8-14, 2013, Yokohama, Japan, p. 120.

3. Molnár-Láng, M., **Türkösi, E.**, Farkas, A., Cseh, A., Kruppa, K., Icsó, D., Rakszegi, M., Szakács, É., Hoffmann, B., Linc, G. (2014): Evaluation of flowering time, β -glucan content and tillering of wheat/barley introgression

lines. In: Lohwasser U., Börner A. (ed.) Cereals for Food, Feed and Fuel, Challenge for Global Improvement: Eucarpia Cereals Section - ITMI Joint Conference, Book of Abstract. 359 p. Wernigerode, Germany, 2014, June 29-July 4.,p. 60.

4. **Türkösi, E.,** Cseh, A., Molnár-Láng, M. (2014): Development and identification of new wheat-barley ditelosomic addition lines using fluorescence *in situ* hybridization and molecular markers. In: Kőszegi Izabella (ed.) Advances in Plant Breeding & Biotechnology Techniques: Book of Abstracts. 96 p. Mosonmagyaróvár, Hungary, April 28-29, 2014, Martonvásár: Pannonian Plant Biotechnology Association, 2014. pp. 62-63. (Pannonian Plant Biotechnology Association Conference for PhD Students in Plant Biology). ISBN:978-963-89129-5-4

5. **Türkösi E.,** Cseh A., Lángné Molnár M. (2014): Wheat/barley ditelosomic addition lines- new prebreeding material carrying barley telocentric chromosomes In: Maráz A., Pfeiffer I., Vágvölgyi Cs. (szerk.) Fialat Biotechnológusok Országos Konferenciája "FIBOK 2014": Program és összefoglalók. 100 p. Konferencia helye, ideje: Szeged, Magyarország, 2014.03.07 Szeged: JATE Press, 2014. p. 88. ISBN:978-963-315-167-9

6. **Türkösi, E.,** Cseh, A., Molnár-Láng, M. (2016): Addition of Manas barley chromosome arms to the hexaploid wheat genome. In: Gócza Elen, Kiss Erzsébet, Maráz Anna, Várallyay Éva (eds.) Fialat Biotechnológusok Országos Konferenciája „FIBOK 2016” Program és összefoglalók 109 p, Szent István Egyetem Mezőgazdaság- és Környezettudományi Kara, Gödöllő, Páter Károly u. 1, 2016. március 21-22. p.50.

7. **Türkösi, E.,** Cseh, A., Molnár-Láng, M. (2016): Addition of Manas chromosome arms to the hexaploid wheat genome. In: Albrechtova J, Santrucek J (szerk.) Plant Biology Europe EPSO/FESPB 2016 Congress: Abstracts. Konferencia helye, ideje: Prague, Csehország, 2016.06.26-2016.06.30. Prague: pp. 358-359.

8. Linc, G., Gaál, E., **Türkösi, E.,** Molnár, I., Molnár-Láng, M. (2017): Molecular cytogenetic tools in characterization of pre-breeding materials produced with *Thinopyrum* species In: H Buerstmayr, C Lang-Mladek, B Steiner, S Michel, M Buerstmayr, M Lemmens, J Vollmann, H Grausgruber

(szerk.) Proceedings of the 13 th Internatiuonal Wheat Genetics Symposium. Konferencia helye, ideje: Tulln, Ausztria, 2017.04.23-2017.04.28. Austin: BOKU, 2017. p. 126. ISBN:978-3-900932-48-0

Magyar nyelvű

1. Szakács É., Kruppa K., **Türkösi E.**, Cseh A., Molnár I., Lángné Molnár M. (2011): Új búza/árpa transzlokációs vonalak előállítása martonvásári citogenetikai alapanyagokból. Óvári Judit (szerk.) XVII. Növénynevelési Tudományos Napok Összefoglalók 2011. április 27. MTA Agrártudományok Osztályának Növénynevelési Bizottsága Budapest. p 146. ISBN:978-963-08-1235-1

2. **Türkösi E.**, Kruppa K., Cseh A., Lángné Molnár M. (2012): Búza/árpa ditelosómás addíciós vonalak azonosítása GISH technikával és SSR markerekkel. Veisz Ottó (szerk.) XVIII. Növénynevelési Tudományos Napok Összefoglalók 2012. március 6. MTA Agrártudományok Osztályának Növénynevelési Bizottsága Budapest. p 130. ISBN:978-963-8351-38-8

3. **Türkösi E.**, Cseh A., Lángné Molnár M. (2013): A 2H árpakromoszóma hosszú karjának beépítése a természetett búzába In: Hoffmann B., Kollaricsné Horváth M. (szerk.) XIX. Növénynevelési Tudományos Nap: Összefoglalók. 151 p. Konferencia helye, ideje: Keszthely, Magyarország, 2013.03.07 Budapest: MTA Agrártudományok Osztályának Növénynevelési Tudományos Bizottsága, 2013. p. 148. ISBN:978-963-9639-50-8

4. **Türkösi E.**, Farkas A., Tóth V., Lángné Molnár M. (2015): A 3HS.3BL búza/árpa centrikus fúzió introgressziója egy modern martonvásári búzafajtában 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. 134. ISBN:978-963-8351-43-2

5. **Türkösi E.**, Cseh A., Lángné Molnár Márta (2016): A Manasz árpa kromoszómakarak hozzáadása a hexaploid búzához és hatásuk a búza egyes agronómiai tulajdonságaira In: Veisz Ottó és Polgár Zsolt (szerk.) XXII. Tudományos Növénynevelési Nap: Összefoglalók 127 p. Konferencia helye,

ideje: Budapest, 2016.03.10. MTA Agrártudományok Osztályának Növénynevelési Tudományos Bizottsága és Magyar Növénynevelítők Egyesülete, 2016. p. 37. ISBN 978-963-396-085-1

6. **Türkösi E.**, Kruppa K., Linc G., Lángné Molnár M. (2016): Tarackbúza fajok betegség-ellenállóságának beépítése a termesztett búzába. In: Nagy Zita Barbara (szerk.) LVIII. Georgikon Napok: Felmelegedés, ökolábnyom, élelmiszerbiztonság. 462 p. Konferencia helye, ideje: Keszthely, Magyarország, 2016.09.29-2016.09.30. Keszthely: Pannon Egyetem Georgikon Kar, 2016. pp. 29-30. ISBN:978-963-9639-85-0

7. Darkó É., Gierczik K., Forgó P., Hudák O., Pál M., Kovács V., Dulai S., Majláth I., Cseh A., **Türkösi E.**, Molnár I., Janda T., Lángné-Molnár M. (2017): Hogyan növeli az árpa 7H kromoszóma a búza sótűrését? In: Veisz Ottó (szerk.) XXIII. Növénynevelési Tudományos Nap: összefoglalók. 161 p. Konferencia helye, ideje: Budapest, Magyarország, 2017.03.07 Budapest: Magyar Tudományos Akadémia, 2017. p. 45. ISBN:978-963-8351-44-9

8. Ivanizs L., Pázi K., Farkas A., Linc G., **Türkösi E.**, Makai Sz., Lángné Molnár M., Molnár I. (2017): Az árpa 6H kromoszómát hordozó búza-árpa transzlokációk kiválogatására alkalmas markerszelekciós rendszer létrehozása In: Veisz Ottó (szerk.) XXIII. Növénynevelési Tudományos Nap: összefoglalók. 161 p. Konferencia helye, ideje: Budapest, Magyarország, 2017.03.07 Budapest: Magyar Tudományos Akadémia, 2017. p. 107. ISBN:978-963-8351-44-9

9. **Türkösi E.**, Kruppa K., Lángné Molnár M., Linc G. (2017): Tarackbúza fajok betegség-ellenállóságának beépítése a termesztett búzába In: Veisz Ottó (szerk.) XXIII. Növénynevelési Tudományos Nap: összefoglalók. 161 p. Konferencia helye, ideje: Budapest, Magyarország, 2017.03.07 Budapest: Magyar Tudományos Akadémia, 2017. p. 157. ISBN:978-963-8351-44-9