

GENETIKAI MARKEREK HASZNÁLATA A SZŐLŐNEMESÍTÉS HATÉKONYSÁGÁNAK NÖVELÉSÉRE

Készítette: Marton Mirjam

AHZMSG

Mezőgazdasági biotechnológus levelező tagozat

Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem

Gödöllői Campus

MATE Genetika és Biotechnológiai Intézet, Genetika és Genomika Tanszék

2024

Belső témavezető: Dr. Szőke Antal

egyetemi docens

Belső témavezető : Dr. Tóth-Lencsés Andrea Kitti

egyetemi adjunktus

Diploma kivonat

A szőlő az egyik legjelentősebb kultúrnövény, amely gazdasági és kulturális szerepet is betölt világszerte. A szőlőtermesztés alapját adja a borászatnak, amely nemcsak gazdasági értéket képvisel, hanem mély történelmi és kulturális kötődéssel is bír. Azonban a szőlőnövényvédelme komoly kihívás elé állítja a termelőket, hiszen számos károsító fenyegeti, például a lisztharmat és a peronoszpóra, amelyek jelentős termésveszteséget okozhatnak.

A lisztharmat (*Erysiphe necator*) és a peronoszpóra (*Plasmopara viticola*) különösen nagy károkat okoznak a szőlőültetvényekben világszerte, így fontos, hogy a nemesítési programokban olyan fajtákat fejlesszenek ki, amelyek ellenállóak ezekkel a betegségekkel szemben. A rezisztenciát biztosító gének és a szorosan kapcsolódó genetikai markerek felfedezése és alkalmazása lehetővé teszi, hogy ezek a kártevőkkel szemben védett fajták gyorsabban és pontosabban kerüljenek a termelésbe.

A szőlő bogyószíne szintén lényeges tulajdonság, amelyet genetikai markerek segítségével tanulmányoznak. A bogyószín nemcsak esztétikai szempontból fontos, hanem befolyásolja a bor minőségét és jellemzőit is.

A bogyószín genetikai vizsgálatának keretében 19 pécsi csemegeszőlő nemesítési mintát választottam ki, hogy megvizsgáljam a fehér bogyószín genetikai alapját. Ennek érdekében első lépésként a fehér bogyószínt meghatározó VvMybA1a allélvariáns jelenlétét kerestem. Minden mintában megfigyelhető volt az 1560 bp hosszúságú DNS fragmentum. Ez a fragmentum jelzi, hogy az összes minta tartalmazta a VvMybA1a allélt. Tehát minden egyes mintában kimutatható volt a VvMybA1a allél jelenléte, arra lehet következtetni, hogy a vizsgált pécsi csemegeszőlő minták mindegyike hordozza a fehér bogyószínért felelős allélt. Ez azt jelenti, hogy a fehér bogyószín jelen van ezekben a genotípusokban, azaz a DNS állományukban megtalálható a fehér színt meghatározó gén.

Ezután a szőlő bogyószínét meghatározó VvMybA1 gének különböző alléltípusait vizsgáltam, hogy pontosan meghatározzam, mely genotípusok felelnek a színes vagy fehér bogyószínért. A PCR során kétféle DNS fragmentum amplifikálódhatott, attól függően, hogy melyik allél van jelen: a 851 bp méretű fragmentum a vad típusú VvMybA1c allélt, míg a 1657 bp méretű fragmentum a Gret1 transzpozon kivágódásával kialakult funkcionális VvMybA1b allélt jelzi. Voltak olyan minták, amelyben a PCR során nem a várt méretű allélok

amplifikálódtak, ami azt jelenti, hogy valószínűleg új allélvariánsokat találtunk. Ezek pontos meghatározása érdekében további szekvenálási elemzések szükségesek.

A liztharmat és peronoszpóra rezisztencia gének vizsgálata a következő összefüggésekre adott választ. Az Rpv10 génnel kapcsolt GF0944 marker nem volt alkalmas a hibrid családokban a rezisztencia gén követésére, mert olyan esetekben is megkaptuk a rezisztenciával kapcsolt allélméreteket, amelyek szülői genotípusai nem tartalmazták ezt. Ebben az esetben egy szorosabban kapcsolt markert kell kiválasztanunk a következő vizsgálatokra. Markeres vizsgálataink alapján megállapíthatjuk, hogy a Csillám fajta nem hordozza a Ren3 liztharmat rezisztencia gént, viszont az Rpv3 peronoszpóra rezisztencia gént igen.

A molekuláris genetika markerek használata elengedhetetlen a rezisztencia nemesítési programokban. A szorosan kapcsolt markerek használatával elhagyható a sokszor körülményes mesterséges fertőzés és az azt követő fenotípusos értékelés. A hasznos gének piramidálását és a tartós rezisztencia kialakítását célzó nemesítési programok sem nélkülözhetik ezen genetikai markerek használatát. Csak fenotipizálással nem állapítható meg, hogy a rezisztens genotípusok milyen rezisztencia géneket tartalmaznak.

Összességében a molekuláris genetikai markerek alkalmazása nélkülözhetetlen a rezisztencia nemesítési programokban. A genetikai markerek használatával lehetőség nyílik a tartós rezisztenciát biztosító gének piramidálására, így a szőlőültetvények hatékonyabb védelme érhető el.