

Extrém poliploid babérmeggyfajták genetikai jellemzése

Rieth Jázmin Anasztázia

Kertészmérnök szak, alapképzés, nappali munkarend

Kertészettudományi intézet/ Növénybiotechnológiai tanszék

Belső témavezető: Dr. Halász Júlia és Dr. Hegedűs Attila, Egyetemi tanárok, Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem Genetika és Biotechnológia Intézet Növénybiotechnológia Tanszék

A *Rosaceae* családba tartozó, fás szárú, poliploid babérmeggy nemesítésével sokan foglalkoznak, de a faj genetikai háttere extrém nagy ploid szintje miatt alig ismert. Hazánkban dísznövényként hasznosítjuk, de Törökországban gyümölcstermő változatait is termesztik. A nemesítési munkát jelentős mértékben segítheti a molekuláris markerekkel végzett elemzés.

Összesen 43 genotípust vizsgáltunk, melyből 33 dísznövényként termesztett fajta, 10 gyümölcstermő szelektált egyed volt. A más *Prunus* fajoknál jó eredményt adó kodomináns mikroszatellit (SSR) markereket használtuk, összesen 10 SSR lókuszt vizsgáltunk és az önmeddőséget meghatározó (S) lókuszból található *ribonukleáz* gén allélváltozatait azonosítottuk. A PCR-t követően a pontos fragmentumméretet ABI PRISM 3100 Genetic Analyzer készülékkel határoztattuk meg, majd az adatokat a Peak Scanner 3.0, Paleontological Statistics (PAST) v.4.03 és GenALEx6.5 szoftverekkel értékeltük ki.

A 11 lókuszból mindegyike polimorfnak bizonyult. A primerek segítségével összesen 499 SSR allélt mutattunk ki, a dísznövényként termesztett babérmeggyeknél 434 allélt, vagyis átlagosan 13,5, a gyümölcstermőknél 272 allélt, átlagosan 27,2 allélt detektáltunk. A lókuszonkénti átlagos allélszám 45,36 volt. A legtöbb allélt a CPDCT021-es és a BPPCT039-es és a CPDCT044-es lókuszekben találtuk (58-65-77), a legkisebb allélszámot a trinukleotidos ismétlődő motívumokat tartalmazó ASSR63 lókuszból adta (mindösszesen 5 allél). Egyedenként valamennyi lókuszból esetében 1-18 számú allélt figyeltünk meg. A 11 lókuszból összességében 99 - 283 bp közötti allélméret-tartományt adott, a legnagyobb tartományt a CPDCT044 lókuszból mutatta (105–283 bp) míg a legkisebbet az ASSR63 lókuszból detektáltuk (156-169 bp).

A genotípusok rokonsági kapcsolatait a PAST szoftver v.4.03 segítségével elkészített dendrogram és PCA (főkomponens-analízis) alapján értékeltük. Mindkét analízis három fő csoportba sorolta a vizsgált genotípusokat. A gyümölcstermő török minták teljesen elkülönülnek a dísznövényként termesztett babérmeggyektől, ami egyrészt annak a

következménye, hogy a török genotípusok a nagy variabilitást mutató géncentrum vadon növő állományából lettek kiemelve, másrészt a kétféle hasznosítási módra alkalmas változatok nemesítése során használt, merőben eltérő szelekciós szempontok következménye. A magyar nemesítésű dísznövények többsége közös csoportba rendeződött. A PCA vizsgálat rámutatott arra, hogy a bérmegegy vizsgált genotípusai széles genetikai háttérből származnak.

Az allélgyakoriságok analízise nagy genetikai variabilitást tárt fel mind a dísznövényként, mind a gyümölcsstermő egyedek esetében, ami összhangban áll a poliploid genommal és valószínűsíti a faj idegentermékenyülő fenotípusát.