



Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem

Budai Campus

Kertészettudományi Intézet

Kertészmérnök alapképzési szak

Kajszfajtajelöltek öntermékenyülésének és PPV-rezisztenciájának molekuláris
tesztelése

Témavezető: Dr. Halász Júlia DSc, egyetemi tanár

Genetika és Biotechnológia Intézet
Növénybiotechnológia Tanszék
Kertészeti Növénygenetika Csoport

Készítette: Cziger Dániel

Budapest

2025

Tartalomjegyzék

1. Bevezetés és célkitűzés	2
2. Szakirodalmi áttekintés	4
2.1. A kajszi (<i>Prunus armeniaca</i> L.) elterjedése	4
2.2. A kajszi botanikai bemutatása	4
2.3. A kajszi termesztése	5
2.4. Kajszifajták nemesítése	7
2.5. A kajszi termékenyülési rendszere	9
2.6. A PPV rezisztencia jelentősége, molekuláris háttere	11
2.6.1. A vírus bemutatása	11
2.6.2. Védekezés	13
2.6.3. A vírus kimutatása	13
2.6.4. Rezisztencia molekuláris háttere és annak felhasználása a diagnosztikában	14
3. Anyag és módszer	17
3.1. Növényanyag	17
3.2. Molekuláris diagnosztika	18
4. Eredmények és értékelésük	20
4.1. Kajszifajták és fajtajelöltek <i>S</i> -genotipizálása	20
4.2. A PPV rezisztencia kimutatása	25
5. Következtetések és javaslatok	26
6. Összefoglalás	27
7. Irodalomjegyzék	28
8. Táblázatok és ábrák jegyzéke	34
9. Melléklet	36
10. Köszönetnyilvánítás	38

1. Bevezetés és célkitűzés

A kajszli (*Prunus armeniaca* L.) Magyarország egyik legjelentősebb gyümölcse. Eredetileg Ázsiából származik, Kína és környékén helyezkednek el gécenrumai. Hamar természetbe vonták és számos tényező segítségével Ázsián keresztül eljutott a Közel-Keletre és onnan Európa többi részére, a mediterrán régiótól kezdve a Duna vonalán át Nyugat-Európába is. Később szinte egész Európában elterjedt. Sikeres térhódítását az itteni körülmények tették lehetővé. A mérsékelt éghajlat, a kontinentális és mediterrán klíma kedvező a természetéhez, mivel megfelelő mennyiségű napsütéses órával, csapadékmennyiséggel, átlaghőmérséklettel és hideghatással jár. A gyümölcs eredményes természetési területe a 30. és 50. szélességi fokok között található, ennek északi határán helyezkedik el Magyarország.

Magas cukortartalma, édes íze és élénk sárga színe miatt több téren is jelentős értéket képvisel. A kultúrának és a gasztronómiának is egyik ikonikus eleme, a hagyományos lekvárral, és a hungarikummá vált barackpáinkával. Nemcsak kulturális szerepet tölt be hazánkban, hiszen a 7-8. legnagyobb mennyiségben természetett gyümölcs. A hazai termelés főként a belföldi fogyasztásra irányul, a megtermelt mennyiség nagyjából 20-30%-a kerül csak exportra. Az utóbbi időben a kajszli-termelés lassú csökkenésnek indult és az éves termésmennyiség bizonytalanná vált a klímaváltozás miatt. A tavaszi fagyok jelentős károkat okoznak, amelyek ellen a magasabb tűrőképességű fajták természetése, nemesítése lehet megoldás.

A nemesítési programok fókuszában a természetési tulajdonságok szempontjából leginkább az abiotikus és biotikus tényezőkkel szembeni rezisztencia, valamint az öntermékenyülési jelleg áll. E tulajdonságok genetikai meghatározottsága összetett, ugyanakkor számos gén és génszabályozási útvonal ismert már, amely megadja a lehetőséget a molekuláris markerek fejlesztésére. A markerekkel támogatott szelekció idő- és költséghatékony, hiszen nem szükséges megvárni a fajtajelölt növények termőre fordulását, mert a magoncokból izolált DNS-sel az adott tulajdonság kimutatható.

A MATE Növénybiotechnológia Tanszék soroksári génbankja közel 200 különböző kajszlitélt tartalmaz. A Tanszék felmérést végez a génbanki növényanyagon, hogy mennyi olyan genotípus vagy fajta található, amelyek a súlyos kártételt okozó plum pox vírus ellen rezisztenciával rendelkeznek. Emellett az öntermékenyülő típusok felkutatása is folyamatban van. Ezen tételek keresztezési partnerként a későbbiekben felhasználhatóak lesznek mint donor szülő. Szakirányos hallgatóként ebbe a munkába kapcsolódhattam be. A génbanki

növényanyagon elsajátított módszert alkalmazva, dolgozatom további célkitűzése volt Dr. Gutermuth Ádám kajszinemesítő fajtajelöltjeinek vizsgálata is, szintén a PPV-rezisztencia és a termékenyülési fenotípus tekintetében. Mindkét tulajdonság fontos gazdasági jelentőséggel bír, így a nemesítő munkáját nagymértékben segíti a molekuláris markerek által nyert információ.

2. Szakirodalmi áttekintés

2.1. A kajszi (*Prunus armeniaca* L.) elterjedése

Eredete Ázsiába vezethető vissza, legfőképp Közép- és Nyugat-Kína területeire, ez a faj elsődleges géncentruma, emellett Üzbegisztán, Tádzsikisztán és egyes típusai India északnyugati részén is előfordulnak. Másodlagos géncentruma Örményországban található. A kutatási eredmények arra utalnak, hogy legkorábban Kr.e. 3. évezredben kezdhették termesztésbe vonni a kajszit őshazájában. A növény termesztése később Közép-Ázsiában terjedhetett el a Kr.e. 1-2. évezredben (Hussain és mts., 2021). Elterjedéséhez nagyban hozzájárult a Selyemút kereskedelmi úthálózat létrejötte, amely segítségével eljuthatott a Közel-Kelet és Európa különböző részeire. Először a mediterrán régiókban terjedt el, nagyjából Kr.e 1. században már ismerhették a gyümölcsöt, az ezt követő pár száz évben egyes területeken pl. Szíria, Törökország, Görögország és Olaszországban már elterjedt növénynek számított (Hormaza és mts., 2007). Európa további régiókban is megjelent a római katonák segítségével, mert magjait a Duna vonalán haladva egészen a mai Németország területére elvitték. Északra az oroszokhoz már nyugat felől érkezett a 17. században, viszont Ukrajnába már előtte, feltehetően Perzsiából kerülhetett be. Magyarország területein már a római időkben (Kr. e. 1. század) is jelen lehetett. Később világszerte elterjedté vált, Észak- Amerikába több hullámban telepítették be (Hormaza és mts., 1998).

2.2. A kajszi botanikai bemutatása

A kajszi a Rosaceae családba tartozik, azon belül a *Prunus* nemzetségbe. Négy faja ismert: *P. armeniaca* L., *P. mume* Sieb. et Zucc., *P. sibirica* L. és *P. mandschurica* Koehne, ezek közül a *P. armeniaca* terjedt el kedvező gyümölcstulajdonságai miatt.

Általában a kajszi kicsi és közepes méretű fa, amelynek vadon élő metszettlen egyede kb. 8-12 méteresre is képes megnőni. Az egy éves csemete vékony és törékeny. Fiatalabb ágai vöröses színűek, enyhén csillogók. Levele családon belül nagynak tekinthető, levéllemez alakja tojásdad esetleg gömbölyded, a levélcúcs fele enyhén elkeskenyedik és vége hegyes. A levélszéle karéjosan fűrészkes. A levélnyél erős, közepesen hosszú és azok is vöröses színűek. Virágai rózsaszín vagy fehér színűek lehetnek, perigin típusú öt szirmlelvéllel és öt csészelelvéllel rendelkezik. Egy termője van és akár harminc porzója is lehet. A virágok hamarabb nyílnak, mint a levelek rügyeznek. A kajszi csonthéjas termései fajtától és fajtól függően különböznek egymástól, de mindegyiknél megtalálhatók a közös tulajdonságok.

Enyhén lapított gömb formájú, vége csúcsosodhat, színe sárga vagy fehéres, emellett vöröses fedőszínnel rendelkezhet. A vad fajok/fajták tömege 3-20g, a nemesített fajták 40-50g-osak is lehetnek, némelyik akár a 100 g-ot is eléri. Magja lapos, ovális, a külső kemény réteg, amely körbeöleli a magot az az endokarpium, azon túl található a gyümölcs húsa a mezokarpium, és végül az exokarpium, a gyümölcs bőre (Hussain és mts. 2021; Hormaza és mts., 1998).

2.3. A kajszi termesztése

A kajszit számos országban termesztik (1. táblázat). Legjelentősebb kajszi termesző országok az USA, Afganisztán, Irán, Üzbegisztán, Ausztrália és a mediterrán régióban levő országok, Spanyolország, Olaszország és Törökország. Ezek közül kiemelkedik Törökország. A világszerte termelt összes kajszi 2020-ban 3 719 974 tonna volt és ezt a mennyiséget 562 475 hektáron termelték meg. Ennek 22,4%-át Törökország állította elő utána következett Üzbegisztán 14,22%-kal majd Irán 8,99%-kal (Stobdan és mts., 2021).

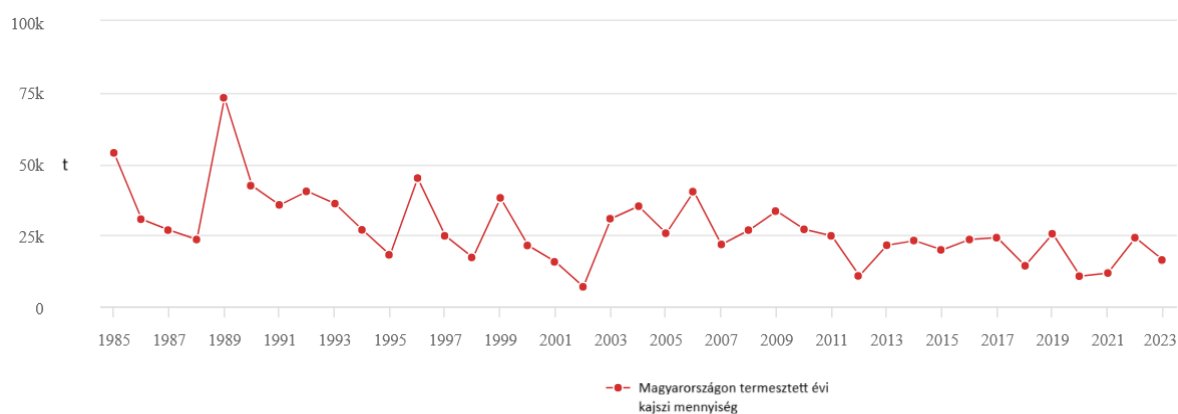
A világtermelésben a friss és feldolgozott kajszi exportok száma között látványos a különbség. 2010-2019 között 92,8%-kal nőtt a friss kajszi exportálása, viszont ennek ellenére így is csak 12% volt összesen világviszonylatban 2019-ben. Emellett fontos megjegyezni, hogy bár Törökország a világelső kajszitermelő, ennek ellenére a friss gyümölcs exportban csak harmadik lett 14,4%-os termeléssel, lemaradva Spanyolországtól (21,1%) és Suriname-tól (17,0%). Az aszalt kajszi 2018-2019 közötti átlaga 162 635 tonna volt. Törökország a legnagyobb aszaltvány exportőr a világon, 2018-19 átlagával számítva 97 033 tonnát exportált, ami a világon termelt mennyiségnek az 59,7%-a. Emellett más országok kisebb arányban exportáltak kajszit, például Afganisztán (14,9%), Tádzsikisztán (6,7%) és Üzbegisztán (5,1%) (Poyraz és Gül., 2022).

1. táblázat: Kajszitermelés mennyisége 2017-19 között országokénti bontásban (forrás: Poyraz és Gül, 2022)

Ország	Termesztés (tonna)			
	2017	2018	2019	átlag (%)
Világszerte	479620	3901256	4083860	4260466
Törökország	98500	750000	846606	860535
Üzbegisztán	532565	493842	536544	520984
Irán	330553	314012	329638	324734
Franciaország	654938	112890	134800	300876
Olaszország	2663728	229020	272990	256127
Algéria	256890	242243	209204	236112
Spanyolország	162872	176289	145830	161664
Afganisztán	131816	109086	129363	123422
Pakisztán	141721	107986	104743	118150

Magyarországon a betakarított termésmennyiség mindig változik, hiszen az egyre gyakrabban előforduló tavaszi fagyok erősen befolyásolják a termesztés eredményét. A kajszit minden vármegyében termesztik, viszont az össztermés 70%-át csak négy vármegyében takarítják be: Borsod-Abaúj-Zemplén, Bács-Kiskun, Fejér és Pest (Radócné 2012). Az utóbbi negyven évre visszatekintve (1. ábra) 1989-ben tapasztalhattunk utoljára rendkívüli mennyiséget, amely 73 090 tonna volt. Az elmúlt 25 évben az éves betakarított kajszi mennyiség fokozatosan lecsökkent. Az utolsó jelentősebb mennyiség 2006-ban volt, amikor 40 281 tonna gyümölcsöt tudtak leszedni. Azóta a termésmennyiség stagnáló, enyhén csökkenő tendenciát mutat.

1. ábra Magyarország termésingadozása 1985 és 2023 között (forrás: FAOSTAT 2023)



Az elmúlt öt évben ez a stagnáló állapot ugyanúgy megmaradt. 2024-ben a betakarított termés kimagasló 28 329 tonna volt, ehhez képest idén, 2025-ben, el se érte a tavalyi eredményt, a jelentés időpontjában 5,8 ezer tonna volt, ez az eredmény nem teljes, mert akkor a termőterület 83 %-án fejeződött be a betakarítás (AKI, 2025).

2.4. Kajszfajták nemesítése

A vad növények termesztésbe vonása kb. 12 000 évvel ezelőtt megkezdődött. A kajszi nemesítése legkorábban Kínába tehető Kr.e. 3000- Kr.u.1000 környékére, ahol már tudatosan válogatták ki a jobb tulajdonságokkal rendelkező növényeket. Nem csak a gyümölcs nagysága és az íz volt a fő irány, de megfigyelték az ellenállóság típusait is, mint például a fagyokkal és gombabetegségekkel szembeni rezisztencia. Európában a kajszinemesítés nem volt jelentős a 16-17. századig, nagy részük minőségben elhanyagolható volt és leginkább csak szelekciós nemesítés útján jöttek létre. Magyarországon ebben az időszakban a török hódoltság alatt, több kajszfajtát importáltak, amelyeknek sokkal kedvezőbb tulajdonságaik voltak minden szempontból (Lee és mts., 2015).

Amerikában már az 1920-as évek elején történtek kajszinemesítési kísérletek, mint például New York államban a Mezőgazdasági Kísérleti Állomáson, ahol az első fajtát 'Geneva'-nak nevezték el (Department of Agriculture, 1937). 1924-ben az észak-dakotai állomáson új ellenállóbb fajták létrehozását célozták meg. Az 1950-es években a Rutgers Egyetemen indított nemesítési program célja szintén a hidegtűrés volt, ezért Ázsiából származó pollen mintákat importáltak. A program végére hat új fajtát hoztak létre, közülük az 'Orange Red' vált népszerűvé, amelyet a mai napig szülőpartnerként használnak (Zaurov és mts., 2013).

Európában a legelső nemesítési programot 1925-ben Ukrajnában a yaltai Nikita Botanikus Kertben indították el. Ehhez képest a többi európai program az 1960-as években kezdődött csak meg Csehországban. A Lednice-i Kertészettudományi Karon olyan hibridek létrehozásával foglalkoztak, amelyek elnyújtott érési idővel és fagyálló virágrügyekkel rendelkeznek, mellette vonzóbb és nagyobb termést hoznak (Krška és Vachun, 2016).

Romániában az 1986-2006 közötti nemesítési program célja a minőségi és mennyiségi tulajdonságok genetikai feltérképezése volt. Keresztezéssel és fizikai mutagenézissel a fa növekedési erélyét gyengítették, hogy a termőrügyei többnyire rövid termővesszőkön (nyársakon) helyezkedjenek el, valamint elérték, hogy ellenállóságot mutattak a vizsgált hibridek a sztigminás levélfoltossággal szemben. Emellett még javították gyümölcscukor és C-vitamin tartalmát, valamint kései virágzású és korai érésű növényeket hoztak létre. A nemesítési

a tél folyamán, akkor gyenge lesz a terméshozása) is meg lehet oldani (Bassi és Audergon 2006; Szalay, 2004).

A virágzási idő késleltetésével a termesztési időszakot is meg tudjuk nyújtani, viszont ezek a fajták általában rossz pomológiai jellemzőkkel rendelkeznek. Az olasz fajták közül a 'Reale di Imola' az, amely eddig kitűnt a későn érő fajták közül. Ennél ígéretesebb fajta a 'Pisana' a jó minőségű és nagy terméseivel, egyetlen probléma vele, hogy gyenge növekedésű és rosszul alkalmazkodik más környezetben. A nem egyenletes csapadékeloszlás komoly probléma, amely szintén egyre gyakrabban fordul elő hazánkban. Legtöbb kárt az érett állapothoz közeli termésekben teszi, mivel a termés felhasad. Általában hosszú száraz idő után nagy mennyiségű csapadék idézi elő ezt az elváltozást, de genetikailag hajlamos is lehet rá a gyümölcs. Erre toleráns fajták pl. 'Boreale' és a 'Goldrich'. (Zhebentyayeva és mts., 2011)

Az abiotikus stresszek mellett a biotikus stresszekkel szemben fejlesztett fajták szerepe mindig is fontos volt. Bár a kajszi nem rendelkezik sok kórokozóval, viszont amelyek képesek megfertőzni, azok rendkívül károsak a növényre. A legtöbb kártételt a *Monilia* spp. gombás, baktériumos, legfőképp a *Pseudomonas* és a *Xanthomonas* és a vírusos betegségek, leginkább a Sharka vírus okozzák.

További kiemelt jelentőségű még a termés minősége és a termékenyülési típus. A termés legfőbb tulajdonságai a méret, keménység, hasadáshoz való hajlam, egyenletes érés és a belső összetétel, ilyen a cukortartalom, savtartalom, aromaanyagok és polifenolok (Pénzes és Szalay, 2003; Bassi és Audergon 2006).

2.5. A kajszi termékenyülési rendszere

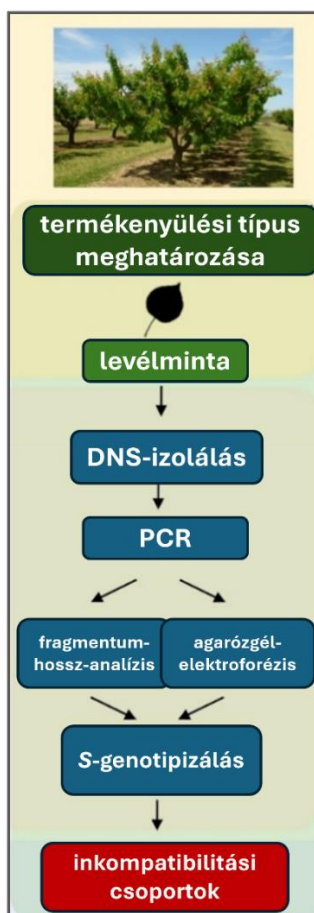
A kajszira, csakúgy, mint a Rosaceae család minden tagjára, a gametofitikus inkompatibilitás jellemző. Ez azt jelenti, hogy ugyanarról vagy genetikailag azonos típusú növényről származó pollenszemek a bibeszájon megtapadnak, csírázásra képesek, de a pollentömlő csak a bibeszál első harmadáig képes nőni, így nem tud bekövetkezni a kettős megtermékenyülés. Ezt egy multiallélikus lókus, az *S*-lókus irányítja (*S*= sterility). Az *S*-lókus egyszerre kódolja a bibében kifejeződő ribonukleáz (*S*-RN-áz) enzimet és az F-box fehérjét, mert ezen molekulák közötti reakció dönti el a saját-idegen felismerést. Az *S*-RN-áz gén bibe-expresszált, amely a pollen elutasítását akkor hajtja végre, ha annak *S*-allélja megegyezik a bibe *S*-alléljének valamelyikével (Hegedűs. és mts. 2005). Az *SFB* gén, amely az F-box fehérjét kódolja, specifikusan a pollenben fejeződik ki és az allélspecifikus felismerési rendszer másik fő komponense (Herrera és mts. 2018).

Ha két különböző fajta azonos *S*-allélokkal rendelkezik, akkor kölcsönösen inkompatibilisek, a keresztporozás közöttük eredménytelen. Ez a rendszer az evolúció során hasznosnak bizonyult, mert így elkerülhető a genetikai variabilitás leromlása, nem történik öntermékenyülés, a genetikai diverzitásnak köszönhetően a növények jobban tudnak alkalmazkodni a környezethez (Igic és mts., 2008). Ugyanakkor a természetben hátrányos tulajdonság, hiszen pollenadó partnerfajtaról gondoskodni kell az ültetvényben. A termesztett gyümölcsfajok körében mesterséges vagy természetes mutációs eseményeknek köszönhetően több esetben is kialakult az öntermékenyülő fenotípus. Kajsziiban az öntermékenyülésért felelős allél (*S_C*) kialakulása annak köszönhető, hogy az *SFB* génbe egy 358 bp hosszú inszerció beékelődött, amely hatására egy funkcióképtelen fehérje jön létre, így a rendszer működése hiányos (Halász és mts., 2007, Halász 2007).

Az önmeddő fajták leginkább a közép-ázsiai és Irán-kaukázusi eredetű típusoknál fordulnak elő. Az Európában, Észak-Amerikában, Dél-Afrikában, és Ausztráliában termesztett fajták, amelyek az Európai körbe tartoznak, általában öntermékenyülőknek mondhatók, emellett ez a kör az, amely a legfiatalabb és legkevésbé változékony. Az elmúlt két évtizedben az önmeddő típusok egyre gyakrabban fordulnak elő, mert az ázsiai és észak-amerikai fajták fagyűrő és PPV rezisztencia donorként széleskörben elterjedtek (Milatović és mts., 2013).

Hagyományosan a termékenyülési típust a mesterségesen beporzott virágok terméskötődési arányának megfigyelésével határozták meg. Ez a módszer ma is alkalmazott, de a környezeti tényezők erőteljes befolyásolása miatt a diagnosztika a molekuláris szintet jelenti (Murathan és mts., 2017). Az *S-RN-áz* gén intronpolimorfizmusa alapján az egyes allélok PCR alapján diagnosztizálhatók (2. ábra), az öntermékenyülésért felelős allél kimutatása allélspecifikus módon történik. Jelenleg több, mint 30 *S*-allél ismert, közel 300 kajsziifajta *S*-genotípusát határozták meg. Az európai kutatók nevezéktanát a kínai kutatók figyelmen kívül hagyták, emiatt több azonos allél név alatt különböző *S*-allélról van szó (Herrera és mts. 2018; Halász, 2023).

2. ábra A kajszi termékenyülési típus meghatározásának munkamenete (Herrera és mts., 2020 alapján saját szerkesztés)



2.6. A PPV rezisztencia jelentősége, molekuláris háttere

2.6.1. A vírus bemutatása

A *Potyvirus plumipoxi*, röviden PPV, egy növénypatogén vírus, amely a Potyviridae családba tartozik, azon belül a Potyvirus nemzetsége. A Potyviridae család kb. 200 fajt foglal magába, emellett a növényi vírusok 30%-át teszi ki. Hét nemzetsége van: Ipomovirus, Potyvirus, Macluravirus, Rymovirus, Tritimovirus, Brambyvirus, Potyvirus. A Bymovirus nemzetségbe tartozó vírusok két RNS-molekulával rendelkeznek, hosszuk 250-300 nm és 500-600 nm, a többi nemzetségbe tartozó vírusok csak egy szállal rendelkeznek, azoknak hosszuk 650-900 nm (Ádám, 2019). A PPV-t molekuláris jellegzetességei alapján tíz törzsbe/csoportba lehet sorolni (PPV-M, -D, -Rec, -EA, -C, -T, -An, -W, -CR és PPV-CV) (Edris és Gürcan., 2022).

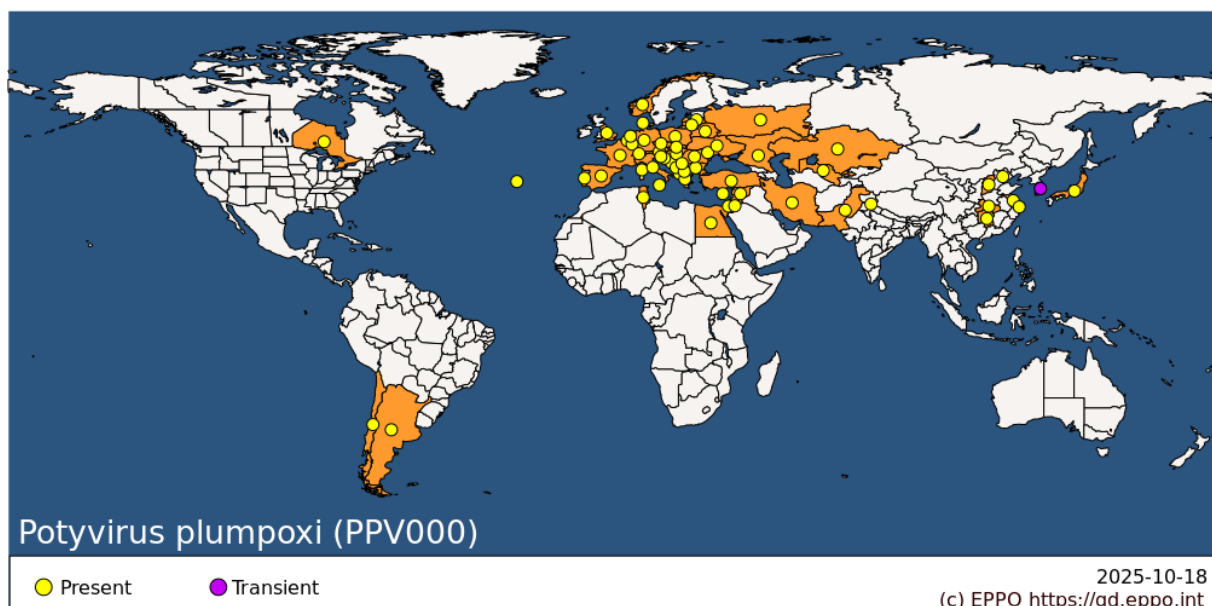
A PPV tünetei megjelenhetnek a leveleken, csonthéjon, szirmokon, terméshúson, hajtásokon és a fa kérgén is. A leveleken általában már korán a növekedési fázisban észlelhetőek

a sárgás-fehéres gyűrű formájú elszíneződések és deformációk. Virágok esetében a szirmokon jelenhet meg elszíneződés vagy színelváltozás. A megfertőzött terméseken klorotikus foltok, a levelekhez hasonló gyűrűs mintában, található világos színben. Kajszinál korai termés elhagyás következhet be (Pénzes és Szalay, 2003).

A termés beltartalmára is hatással van a fertőzés és minősége fogékony fajtáknál jelentős károkat okozhat. Mivel a termés a fertőzés hatására gyorsabban kezd érni, így a gyümölcsben kevesebb cukor termelődik és jóval több szerves savval rendelkezik, ami rossz ízt eredményez, valamint összességében kevesebb antioxidáns tartalom mérhető (Gracia és mts., 2024).

A betegséget legelőször 1918-ban fedezték fel Bulgáriában, viszont már jóval régebben, 2000 évvel ezelőtt elterjedhetett Európán belül is, csak akkoriban az egyedeken a fertőzés jele nem volt látható és gazdasági hatását lényegtelennek tartották. Miután Bulgáriában feljegyezték a vírust, hamarosan elterjedt Európa többi területén, megfertőzve a legtöbb csonthéjas termést az országokban. Eljutott a mediterrán régiókba, Közel- és Közép-Keletre. A 21. században eljutott más kontinensekre, Észak-Amerikába, Dél-Amerikába és Ázsiába is (3. ábra) (Garcia és mts., 2024). A sharka vírus az elmúlt 30 évben feltehetően több mint 10 milliárd eurónyi kártételt okozott, beleértve a gazdasági veszteségeket, a fa egészségügyi vizsgálatokat és a világszerte alkalmazott felszámolási programokat (Pedrelli és mts., 2024).

3. ábra Az egész világon bejelentett PPV vírus fertőzések jelölése térképen (forrás: EPPO), a sárga körök egy ország jelenlegi fertőzöttségét mutatják, a lila kör az ország átmeneti fertőzöttségét



2.6.2. Védekezés

Mivel a jelenlegi ismereteink alapján még nincs hatékony megoldás a vírusfertőzött növények kezelésére, így sajnos csak drasztikus módszereket lehet alkalmazni. A terjedését a fertőzött fák elpusztításával lehet jelenleg csak megakadályozni. A fertőzést csak prevencióval, PPV-mentes növényanyag alkalmazásával, a PPV vektorok elleni eljárásokkal lehet elkerülni. Mivel a PPV tünetei sokszor hónapokkal vagy akár évekkel később is megjelenhetnek, ez idő alatt sok más vírus is megfertőzheti a fát és felerősítheti az alaptüneteket. Ahhoz, hogy mihamarabb megbizonyosodjunk a fertőzésről, szövetminták laboratóriumi vizsgálata vagy fogékony fajták oltása és megfigyelése lehet hatékony eszköz (Pedrelli és mts., 2024).

A hatékony védekezés egyik alappilléret a rezisztens vagy legalább toleráns fajták nemesítése adja. A toleráns fajták pontos biológiai háttere még nem tisztázott, de egyes adatok szerint a vírus bejutása és szaporodása miatt a növény anyagcseréje megváltozik. A vírusrészecskék elkezdenek idővel felhalmozódni a növényi sejtekben, felhasználva a gazdasejt erőforrásait, így a sejt normál működése gátlódik. Ezt a fertőzött növény észreveszi és számos védekezési mechanizmust aktivál, melynek hatására a vírus terjedése korlátozottá válik. A növény nem károsodik nagymértékben a fertőzés során és a vírus szaporodása is megáll (Batukaev és mts., 2018).

Amikor a növény rezisztens a kórokozóra, akkor ellenáll a fertőzésnek, melynek szabályozását ún. rezisztenciagének kódolják. A vírus egyes rasszaival szemben eltérő mértékű a válaszreakció és a hatékonyság (Huszár, 2023).

2.6.3. A vírus kimutatása

PPV detektálásának technológiája rendkívül sokat fejlődött az elmúlt néhány évtizedben. Eleinte biológiai tesztekkel, indikátor növények alkalmazásával vizsgálták a vírusgyanús növényt, később szerológiai módszerekkel, mára pedig a molekuláris alapú technológiák alkalmazása is elérhetővé vált. Gyakran alkalmazzák a szerológiai vizsgálatokat, mivel egyszerű az alkalmazása, viszonylag olcsó és pontos eredményt ad (Guo és mts., 2023). A szerológiai vizsgálat során specifikusan állatokban termeltetett antitestet alkalmaznak, az antigének detektálásához (Jeong és mts., 2014). Az ELISA módszer a vírus molekuláris jelenlétét mutatja ki. Polyclonal antitesttel (5B-IVIA) és monoclonal antitestekkel több fajta PPV típust azonosítani lehet (Edris és Gürcan, 2022).

Az RT-PCR technika áttörést hozott a PPV diagnosztikájában, mivel lehetővé teszi a vírus RNS-ének specifikus és érzékeny kimutatását akár nyugalmi állapotban lévő növényi szövetekből is. A módszer megbízhatósága és reprodukálhatósága miatt széles körben

alkalmazzák nemzetközi kereskedelemben és karanténvizsgálatok során is (Olmos és mts., 2008). A legújabb fejlesztések közé tartozik az egy lépéses reverz transzkripció droplet digitális PCR (RT-ddPCR), amely lehetővé teszi a vírus pontos kvantifikálását akár nyers növényi kivonatokból is. Ez a módszer érzékenyebb, mint a hagyományos RT-qPCR, és különösen hasznos lehet terepi minták vizsgálatakor, mivel idő- és költséghatékony, valamint nagyfokú reprodukálhatóságot biztosít (Bertinelli és mts., 2024).

2.6.4. Rezisztencia molekuláris háttere és annak felhasználása a diagnosztikában

A PPV-rezisztencia teljes molekuláris háttere jelenleg még nem teljesen tisztázott, mivel több lókusztól kódolt összetett tulajdonságról van szó. Az egyik fő rezisztenciáért felelős gén a *PPVres* gén, amely az 1-es kapcsolódási csoport (LG1) szubtelomerikus régiójában helyezkedik el és a rezisztencia 70%-ért felelős. A *PPVres* gén egy 196 kb méretű régióban található, amelyben egy 5 bp-os deléció funkcióvesztést okoz, ami a fogékonyság kialakulásának egyik fő tényezője (Gürčan és mts., 2019).

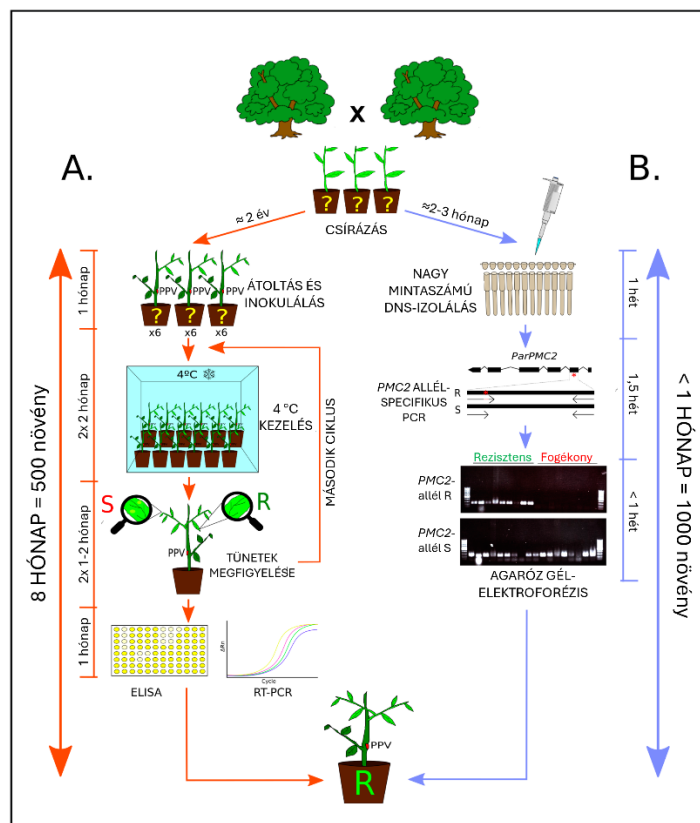
A lókuszt több gént is tartalmaz, melyek közül két fogékonyságáért felelős gént azonosítottak (*ParPMC1* és *ParPMC2*). A két gén expressziójának csökkenése egyértelműen a rezisztencia kialakulását eredményezte. A MATH domén, más néven TRAF (TNF-receptorhoz társult faktor), hét antiparallel β -hélixből álló hajtogatott szerkezet, amely fehérje-fehérje kölcsönhatásokban vesz részt. A más fehérje-doménekkal való kapcsolódásuk alapján a MATHd-t tartalmazó fehérjéket különböző családokba vagy osztályokba sorolták. Ezek közül a csak MATHd-t tartalmazó fehérjék – amelyek egytől négy MATH domént tartalmaznak, más kísérő domén nélkül – alkotják a legnagyobb csoportot. A kajszi *ParPMC1* és *ParPMC2* fehérjék ehhez a csak MATHd-t tartalmazó családhoz tartoznak, és mindkettő két MATH domént hordoz. A csak MATHd-t tartalmazó fehérjékről ismert, hogy adapterként működnek, és különböző élettani folyamatok jelátviteli útvonaláiban vesznek részt (Zuriaga és mts., 2018).

Az egyes kajszi fajták rezisztenciájának diagnosztizálására a lókuszt adatait felhasználva több stratégiát is kidolgoztak. A *PPVres* génnel három kapcsolt mikroszatellit (SSR) markert fejlesztettek ki (PGS 1.21, 1.23 és 1.24), amelyeket kajszi fajták vizsgálatára használtak. Később egy ZP002 nevű egyszerű szekvenciahossz-polimorfizmus (SSLP) alapú markert is fejlesztettek az 5 bp-os deléció detektálására. Ezután két egyszeres nukleotid-polimorfizmust (SNP) is azonosítottak, amelyek a *PPVres*-hez kapcsolódnak (Decroocq és mts., 2014). Továbbá nagy felbontású olvadási görbe (HRM) vizsgálatokat is teszteltek a PGS 1.21, ZP002 és PGS 1.24 lókusztokra (Gürčan és mts., 2019).

A PPV elleni rezisztencia kimutatásához a Zuriaga és mts. (2018) által azonosított *ParPMC1* és *ParPMC2* gének közül a *ParPMC2* 5 bázispáros delécióját használják fel. Ez a deléció a második exonban frameshift mutációt okoz, így a mutáció a rezisztens allél molekuláris markereként szolgál. Összesen 24 kajszifajtát (10 rezisztens, 14 fogékony) és 2 vad rokon fajt vizsgáltak teljes genomszekvenálással, amely felderítette, hogy a *ParPMC2* mutációt szenvedett allélja erősen korrelál a PPV-rezisztenciával. A markerek (ParP-4_FalleleS, ParP-4_FalleleR és ParP-4_R) segítségével allél-specifikus PCR-reakciókat végeztek, így megkülönböztethető volt a fogékony és rezisztens allél jelenléte.

A módszert továbbfejlesztették Polo-Oltra és mts. (2020), akik 384 mintát dolgoztak fel, és az agaróz gél elektroforézissel végzett genotipizálás során a *ParPMC2*-del allél jelenlétét vizsgálták (4. ábra). A vizsgálat spanyol fajtákra és szelekciókra terjedt ki, és a genotípus-fenotípus adatok alapján a módszer nagy hatékonyságúnak bizonyult a PPV-rezisztens egyedek azonosításában.

4. ábra Összehasonlítás a hagyományos PPV rezisztenciafenotipizálás (A) és a *PMC2* allél-specifikus PCR-en alapuló nagy átvesztőképességű markerekkel támogatott szelekció (MAS) között (B). A becült időtartam az Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA) laboratóriumi kapacitása alapján került meghatározásra (Polo-Oltra és mts., 2020 alapján saját szerkesztés)



A Mendel Egyetem (Csehország) kutatói, Zezulová és mts. (2025) ugyanezt a módszert alkalmazták új cseh kajszai hibridek vizsgálatára is. A ParPMC2 allélspecifikus PCR-t SSR markerekkel kombinálták, és kimutatták, hogy a rezisztens allél jelenléte szignifikánsan összefügg a PPV-negatív fenotípussal.

A marker használata nagy jelentőségűvé vált a kajszinemesítés során, hiszen a markerekkel támogatott szelekció (MAS) hatékonysága mind a költségek, mind pedig az idő ráfordításában jelentős előnyt ad.

3. Anyag és módszer

3.1. Növényanyag

Munkánk során összesen 22 fajtaival, fajtajelölttel vagy génbanki anyaggal dolgoztunk. A MATE GBI Növénybiotechnológia Tanszék soroksári génbanki ültetvényéből 12 tételt (Alex Nr 2, Beauty Gold, Daryala hajev, Hatif Colomer, Henderson, Kostinskij, Luizet, Manitoba, Olimp, Pécsi óriás, Tardiff, Vivagold), míg dr. Gutermuth Ádám kajszinemesítő fajtajelöltjeiből 10 hibridet (2. táblázat) vontunk a vizsgálatba a Gyúron található ültetvényből (47.382944, 18.743098). A fákról fiatal, egészséges leveleket gyűjtöttünk, melyeket a DNS-izolálásig -20 °C-on tároltunk.

2. táblázat Hazai nemesítési program fajtajelöltjeinek főbb tulajdonságai (forrás: Dr. Gutermuth Ádám szóbeli közlés). A növények fotói a Mellékletben találhatóak (1-10.)

Hibrid-név	Tulajdonságok						
	méret	szín	gyümölcsbőr	héj	termőképesség	fagyűrész	érés
03/53	nagy	világos sárga alap, kevés mosott fedőn	savanykás íz, kemény hús	vastag, sima, hamvas	nagy	kiemelkedő	07.10.- 07.20.
16/01	közepesen nagy-nagy	világosnarancs alap, nincs fedő	narancs hússzín, kemény, jó íz	-	-	kiemelkedő	07.25.- 08.05.
23/10	kicsi-közepes	szép küllem, 20-30% mosott fedőszín	jó állag, kajszizamat	-	-	jó	06.15.- 06.25.
23/23	nagy	szép küllem	kemény, kajszizamat, magas brix	-	nagy	jó	06.10.- 06.20.
30/04	kicsi	szép küllem, 20-30% pontozott mosott fedőszín	magas brix, korán puhul, kiváló zamát	fényes	-	közepes	05.25.- 06.05.
32/06	közepes	sötét alapszín 30-40% mosott fedőszín	-	fényes	-	közepes	06.10.- 06.20.
34/61	közepesen nagy-nagy	15-25% mosott fedőszín	jó íz, kemény	-	-	közepes	06.20.- 06.30.
50/51	közepesen nagy-nagy	gyönyörű küllem narancs alap 30-50% fedőszín	közepes íz	-	-	közepes	jún. közepe
69/22	közepesen nagy	gyönyörű küllem, narancs alapszín 30-50% kárpiniros fedőszín	kiváló zamát, kemény magas brix	fényes	-	közepes	06.25.- 07.05.
Zauron	kicsi	világossárga néha 5% pontozott fedőszín	kiváló íz, korán puhul, nyomódik magas brix	-	-	kiváló	06.10.-

3.2. Molekuláris diagnosztika

DNS-izolálás, PCR

A DNS kivonásához a DNeasy Plant Mini Kitet (Qiagen) alkalmaztuk a gyártó által megadott protokoll alapján. Későbbiekben az izolált DNS-mintákat -20 °C-on tároltuk.

A PCR vizsgálatokat Swift MaxPro thermocycler (ESCO Healthcare, Singapore) készülékben végeztük. A PCR-elegy összeállítása folyamán ugyanazt az összetételt alkalmaztuk, amelyet 12,5 µl végtérfogatban mértünk össze: 45-90 ng izolált DNS-minta, 10× DreamTaq™ Green puffer; hozzáadva 1,2 mM MgCl₂, 0,2 mM dNTP-mix, 0,3 µM mindkét primerből (F és R), 0,6 U DreamTaq™ DNS polimeráz (Thermo Fisher Scientific).

S-genotipizálás

Az első intronrégió amplifikálásához az SRc-F forward és SRc-R reverz primereket (3. táblázat) alkalmaztuk, az F primer fluoreszcens jelölése JOE festék volt (Vilanova és mts, 2005). A PCR-ciklusait a következő program szerint indítottuk: először denaturálás 95 °C-on 3 percre, ezután 35 cikusból álló szakasz, amely 95 °C-on 30 másodperces denaturálásból, 54 °C-on 45 másodperces primer tapadásból és 72 °C-on 1 perc 15 másodperces lánchosszabbításból állt, majd végső hosszabbító szakaszból 72 °C-on 10 percre. Az amplifikáció sikerességét agaróz gélelektroforézissel ellenőriztük, 1 %-os TBE gélen (0,1 µg/mL), etídium-bromidos festéssel. A fragmentumhossz-analízist a Biomi Kft. végezte (Gödöllő), az eredmények kiértékelése pedig a Thermo Fisher Scientific Peak Scanner v1.0 szoftverével történt.

A 2. intronrégió amplifikálása EM-PC2consFD forward és EM-PC3consRD reverz primerekkel (3. táblázat) történt (Sutherland és mts. 2004). A primerekhez egy 2 perces 94 °C-os denaturáció, majd 35 darabos 94 °C-os 10 másodperces ciklusos, utána 58 °C-on 2 perces és 68 °C-on szintén 2 perces PCR programot használtunk.

Az öntermékenyülésért felelős F-box-ban kialakult mutáció azonosításához a AprFCB8-F és AprFCB8-R primerpárt (3. táblázat) alkalmaztuk (Halász és mts 2010). A PCR programban a primerhez szükséges feltételek szerint végeztük el az amplifikációt: kezdeti denaturálás 94 °C-on 2 percre, majd 35 ciklus, 94 °C-on 30 másodpercen keresztül, utána 55 °C-on 1,5 perces szakasz és 72 °C-on 5 perces elongációból állt. Végül 1%-os TBE agaróz gélen 0,1 µg/mL etídium-bromiddal festve és a GeneRuler 1 kb létrát használva (Thermo Fisher Scientific) különítettük el a PCR-termékeket, 90 V-on, 60 percre futtatva. A fragmentumok mintázatát UV fényel világítottuk meg és fotóztuk le a kiértékeléshez.

PPV- rezisztencia

A vírusrezisztencia kimutatásához a ParP-4 FalleleS fogékony allélt amplifikáló forward primert, a ParP-4 FalleleR rezisztens allélt amplifikáló forward primert és a ParP-4 R reverz primert (3.táblázat) alkalmaztuk (Zuriaga és mts. 2018). A PCR ciklusokhoz a következő programot használtuk: először 5 perc 95 °C-on; majd 35 ciklus 30 másodpercen keresztül 95 °C-on, utána 45 másodpercig 55 °C-on, végül 45 másodpercig 72 °C-on és a legvégén 10 perc 72 °C-on. A gélelektroforézist az *S*-genotipizálásnál használt módon végeztük. Az eredményeket a gélekről készített fotók alapján értékeltük. A munka során használt összes primer szekvenciáját a 3. táblázat mutatja be.

3. táblázat A dolgozat során felhasznált primerek szekvenciája és a célzott régió megjelölése (forrás: Huszár, 2023)

Primerek neve	Szekvencia (5'-3')	Amplifikált szakasz	forrás
SRc-F	CTCGCTTTCCTTGTTCTTGC	<i>S-RN-áz</i> gén 1. intronrégió (forward)	Vilanova és mts. 2005
SRc-R	GGCCATTGTTGCACAAATTG	<i>S-RN-áz</i> gén 1. intronrégió (reverz)	
EM-PC2consFD	TCACMATYCATGGCCTATGG	<i>S-RN-áz</i> gén 2. intronrégió (forward)	Sutherlands és mts 2004
EM-PC3consRD	AWSTRCCRTGYTTGTTCCATTC	<i>S-RN-áz</i> gén 2. intronrégió (reverz)	
AprFCB8-F	CATGGAAAAAGCTGACTTATGG	<i>F-box</i> gén (forward)	Halász és mts 2010
AprFCB8-R	GCCTCTAATGTCATCTACTCTTAG	<i>F-box</i> gén (reverz)	
ParP-4 FalleleS	GTCGTTTTTCATTGATGTCCAAAC	<i>ParP-4</i> gén fogékony (forward)	Zuriaga és mts, 2018
ParP-4 FalleleR	GTCATTTTCATTGATGTCATTCA	<i>ParP-4</i> gén rezisztens (forward)	
ParP-4 R	GTGCTCTTTCACATTCTTGCTC	<i>ParP-4</i> gén (reverz)	

4. Eredmények és értékelésük

4.1. Kajszi fajták és fajtajelöltek *S*-genotipizálása

Először a fajták és a fajtajelöltek *S*-alléljait vizsgáltuk, ehhez az *S*-*RN*-áz gén két intronrégióját amplifikáltuk. Az *S*-*RN*-áz mindkét intronja allélspecifikus méretvariabilitást mutat, így a diagnosztika fő alapját képezi (Sutherland és mts. 2004) Az első intronrégió méretbeli eltérése agarózgélben nem minden esetben detektálható, így az SRC-F forward és SRC-R reverz primereket alkalmazva fluorescens festékkel jelölt ampliconokkal fragmentumhossz-analízist végeztünk (Vilanova és mts, 2005). Az első intronrégió amplifikációja során kb. 200-500 bázispár közötti fragmentumokat figyelhettünk meg (5., 6. és 7. ábra). A pontos fragmentumhossz meghatározását egy külső labor végezte, az eredményeket a Thermo Fisher Scientific V1.0 szoftverén tudtuk kiértékelni.

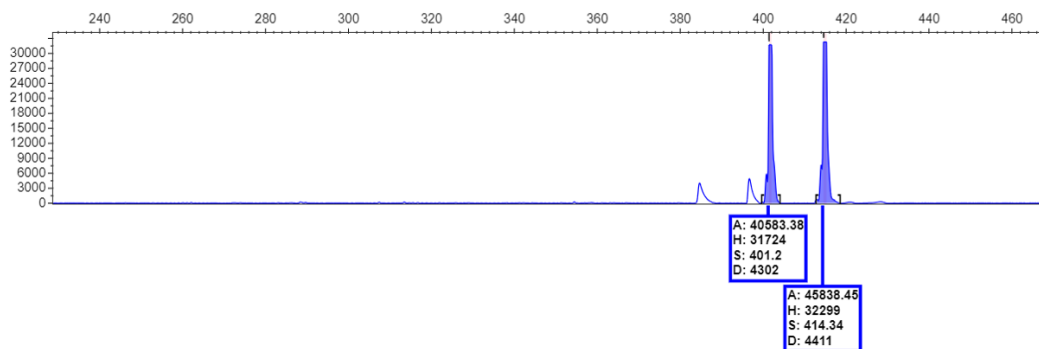
5. ábra ábra Génbanki fajták *S*-*RN*-áz gén 1. intronrégiójának azonosítása az SRC-F forward és SRC-R reverz primerekkel, agaróz gélelektroforézissel ellenőrizve (forrás: saját kép, UVIDOC HD6)



A vizsgálatok során a legtöbb mintában két allélt detektáltunk, viszont a génbanki fajták közül a ‘Luizet’, ‘Pécsi óriás’, ‘Tardiff’ csak egy allélt mutatott (5. ábra). A fajtajelöltek közül a 23/10, 69/22 és Zauron szintén egy allél jelenlétét igazolta. Ennek a jelenségnek több oka is lehet. Diploid növényeknél, mint amilyen a kajszi, csak az öntermékenyülő egyedek lehetnek homozigóták. Ha mégsem öntermékenyülő genotípusról van szó, akkor a preferenciális vagy szelektív amplifikáció miatt a primerek különböző mértékben illeszkednek a konzervatív célrégiókhoz, így előfordulhat, hogy csak az egyik amplifikálódik (Halász, 2023).

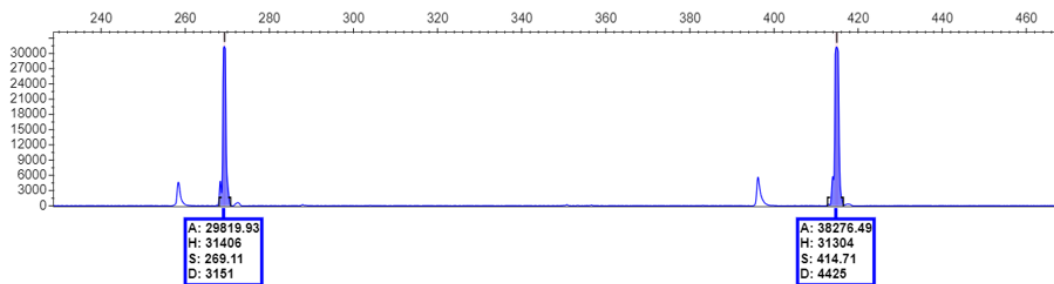
6. ábra A génbanki fajták közül a 'Beauty Gold' első intronrégió méretének megjelenítése. A két nagyobb csúcs jelenti azt a DNS-szakaszt, amelyek megfeleltethetőek egy-egy S-allélnak. A négyzetben látható „S” mutatja a kijelölt fragmentum bázispárban mért hosszát (forrás: Thermo Fisher Scientific PeakScanner, saját szerkesztés).

Beauty Gold

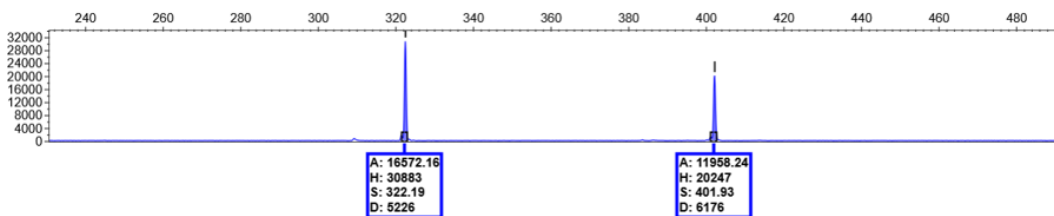


7. ábra. 'Henderson', 16/01, 30/04 és 34/61 önmeddő egyedek első intronrégió méretének a meghatározása (forrás: Thermo Fisher Scientific PeakScanner, saját szerkesztés).

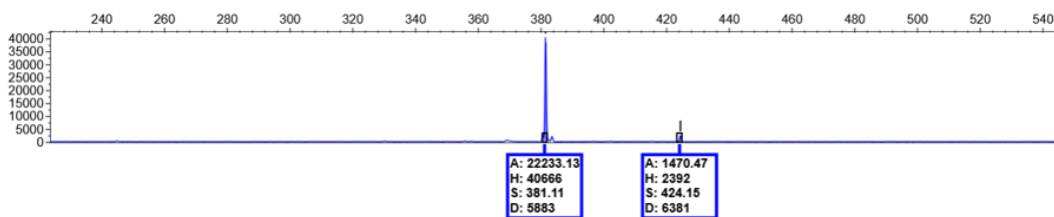
Henderson



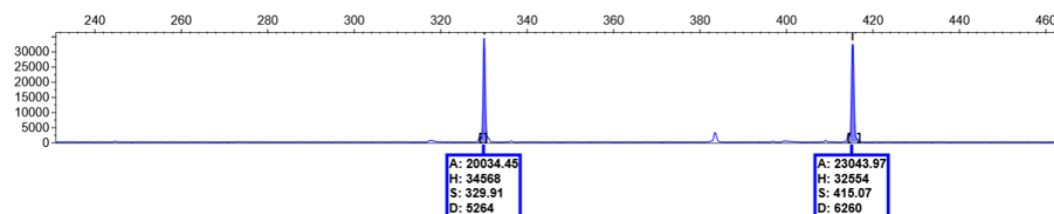
16/01



30/04

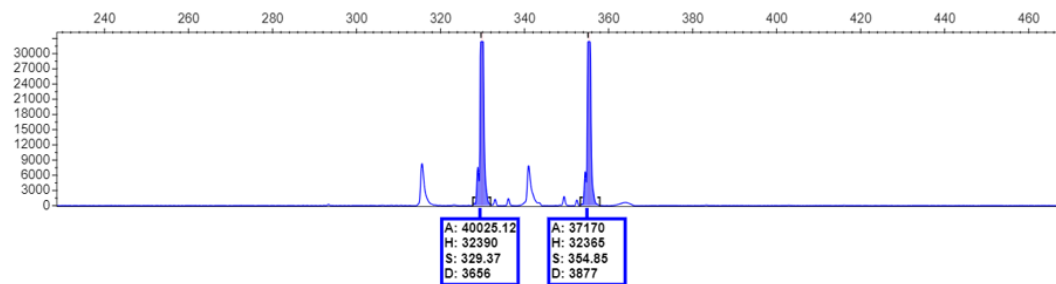


34/61

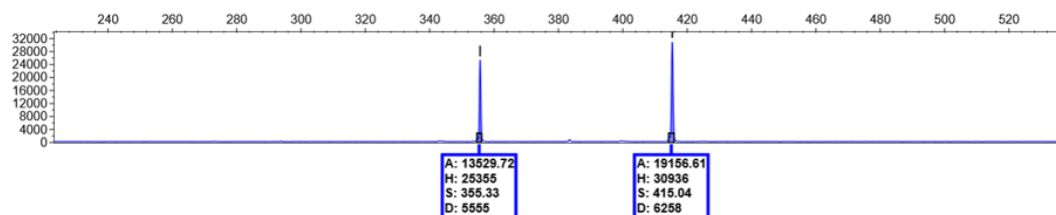


7. ábra (folytatás) ‘Daryala hajev’ és 23/23 öntermékenyülő egyedek intronrégió méretének a meghatározása, az öntermékenyülésért felelős allél a 355 bp mérettel jellemzett DNS-szakasz (forrás: *Thermo Fisher Scientific PeakScanner*; saját szerkesztés).

Daryala hajev

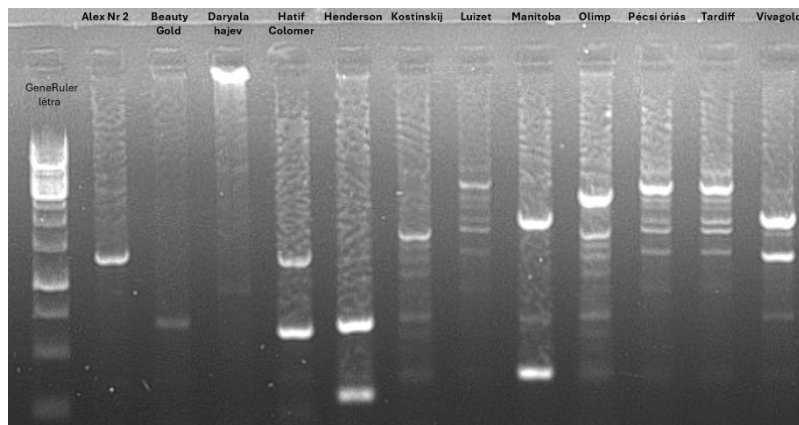


23/23



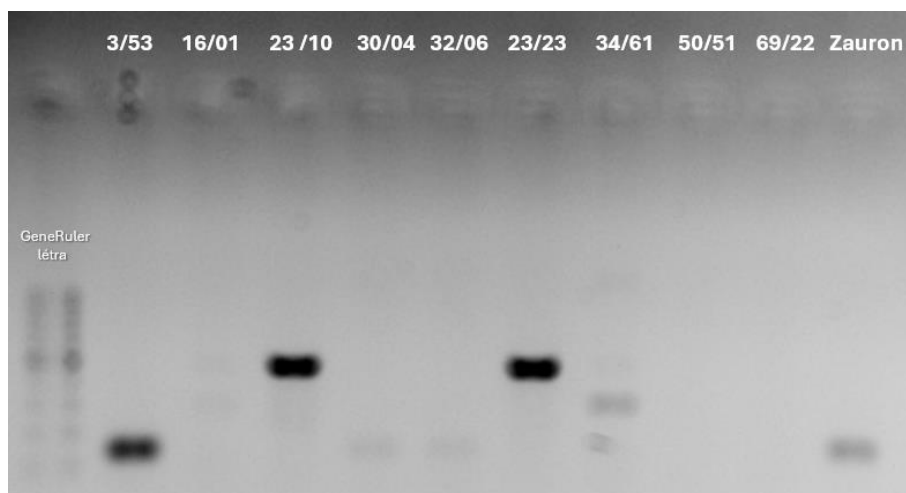
A munka során a fajták és hibridek S -allél méreteit összehasonlítottuk az irodalomban fellelhető méretekkel. Az S_1 -allél összesen 3 egyedben volt megtalálható és mérete 401 bázispár hosszúságúnak bizonyult (Burgos és mts., 1998). Az S_2 -allélt 4 mintában detektáltuk, ennek hosszúsága 329-332 bp körüli, a fluoreszcens festék típusától függően (Alberquerque és mts. 2002). S_3 -allélt csak a ‘Henderson’ fajtában találtunk 269 bp hosszúsággal (Alberquerque és mts. 2002). S_4 -alléllal 244 bp hosszúsággal a ‘Manitoba’ fajta rendelkezett (Vilanova és mts. 2005). S_6 -allél, amely az irodalom szerint 423/424 bp hosszúságú, egy fajtában és két hibridben fordult elő (Burgos és mts. 1998). S_{11} -allélt két fajtában (‘Kostinskij’ és ‘Olimp’) találtunk, 304 bp hosszúsággal (Halász és mts., 2013). S_{14} -allél 381 bázispárral a 30/04 hibridben, de máshol nem szerepelt (Halász és mts. 2005). 7 mintában találtunk 415 bp hosszúságú fragmentumot, ami legközelebb az irodalom szerint az S_{17} (414/412 bp) allélra hasonlít (Halász 2007). Az S_{20} 222/223 bp mérettel jellemezhető, ilyet az ‘Olimp’ fajtában találtunk (Halász, 2007) (4. táblázat).

8. ábra Génbanki fajták *S-RN-áz* gén 2. intronrégiójának azonosítása EM-PC2consFD forward és EM-PC3consRD reverz primerek alkalmazásával, majd gélelektroforézis szétválasztással (forrás: saját kép, UVIDOC HD6).



Az *S-RN-áz* 2. intronrégiójának meghatározásához EM-PC2consFD forward és EM-PC3consRD reverz primereket alkalmaztunk (Sutherland és mts. 2004), melynek kiértékelése agaróz gélelektroforézissel történt. Az irodalmi adatok alapján az így nyert allélméreték megerősítik az első intronrégió alapján következtetett allélok típusát. Ezen génrégió sokkal nagyobb, így nem minden esetben sikeres két allétermék amplifikálása. A fragmentumok méretei általában 600-1300 közötti bázispár nagyságúak voltak (8. ábra), de találtunk kisebb méretűeket is pl. a ‘Henderson’ fajtában (310 bp) és a 16/01 hibridben (300 bp).

9. ábra Az öntermékenyülésért felelős allélt hordozó fajtajelöltek kiválasztása AprFCB8-F és AprFCB8-R primerpár alkalmazásával. Az agaróz gélelektroforézis során a 23/10 és 23/23 jelű hibridekben amplifikált kb. 500 bp hosszú szakasz mutatja az S_C -allél jelenlétét (forrás: saját kép, UVIDOC HD6).



Az öntermékenyülésért felelős allélt (S_C) 6 mintában azonosítottuk, az eredeti, vad típusú S_8 -allélt 5 egyednél (9. ábra). Az S_C/S_8 *S-RN-áz* allélok azonos mérettel rendelkeznek, ezért a köztük levő különbséget az *SFB* génre tervezett primerrel lehet kimutatni. Az SFB_C gén

mutációját egy 358 bp hosszú *Prunus*-specifikus, *Mutator* szupercsaládba tartozó, nem-autonóm DNS-transzpozon inszerció (*FaSt*) okozza, ami egy funkcióképtelen fehérje kialakulásához vezet, és ez okozza az önmeddő fenotípus áttörését (Halász és mts., 2014). Az öntermékenyülésért felelős mutáció azonosításához a AprFCB8-F és AprFCB8-R primerpárt alkalmaztuk (Halász és mts 2010).

Két mintában egy 357 bp hosszú fragmentumot találtunk, amelyet nem tudtunk azonosítani a szakirodalom alapján, feltehetően egy ismeretlen új allélról van szó, amelynek azonosításához szekvenálásra lesz szükség.

4. táblázat A vizsgált növényanyag *S*-genotípusa az *S*-RN-áz gén 1. és 2. intronrégióinak méretével (forrás: saját táblázat).

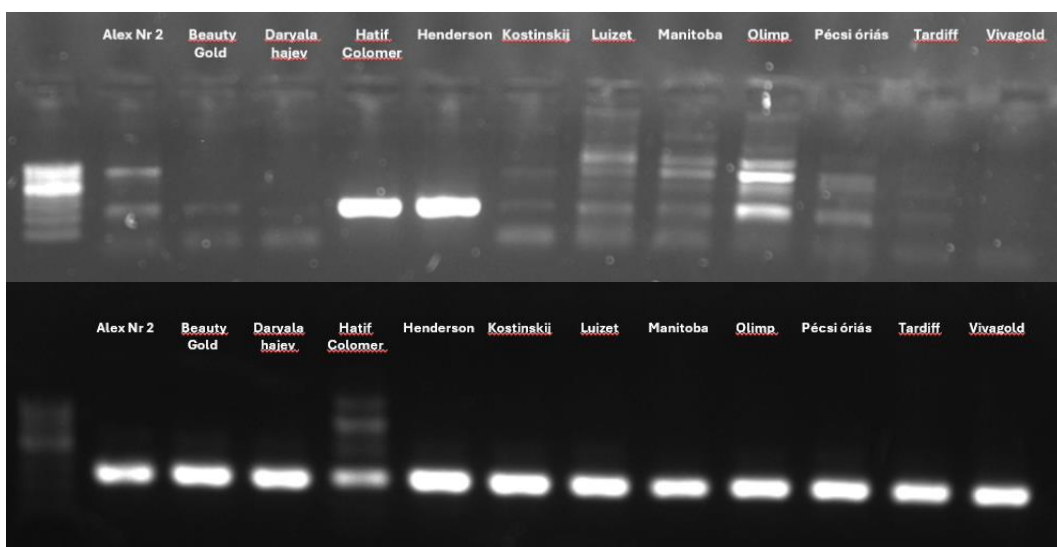
Név	1. intronrégió mérete (bp)		2. intronrégió mérete (bp)		<i>S</i> -genotípus	
Alex Nr 2	355	423	1300	-	<i>S</i> _c	<i>S</i> ₆
Beauty Gold	401	414	700	-	<i>S</i> ₁	<i>S</i> ₁₇
Daryala hajev	329	355	950	-	<i>S</i> _C	<i>S</i> ₂
Hatif Colomer	357	423	680,	1300	<i>S</i> ?	<i>S</i> ₆
Henderson	269	415	310	700	<i>S</i> ₃	<i>S</i> ₁₇
Kostinskij	304	355	1500	-	<i>S</i> _C	<i>S</i> ₁₁
Luizet	355	-	2800	-	<i>S</i> _C	<i>S</i> ₈
Manitoba	244	423	350	1300	<i>S</i> ₄	<i>S</i> ₆
Olimp	220	304	1500	-	<i>S</i> ₁₁	<i>S</i> ₂₀
Pécsi óriás	355	-	2800	-	<i>S</i> ₈	<i>S</i> ?
Tardiff	355	-	2800	-	<i>S</i> ₈	<i>S</i> ?
Vivagold	355	423	1300	2800	<i>S</i> ₆	<i>S</i> ₈
3/53	330	355	950	-	<i>S</i> ₂	<i>S</i> ₈
16/01	322	401	300	-	<i>S</i> ₁	<i>S</i> ₁₈
23/10	355	424	-	-	<i>S</i> _C	<i>S</i> ₆
30/04	381	424	1400	-	<i>S</i> ₆	<i>S</i> ₁₄
32/06	330	415	700	950	<i>S</i> ₂	<i>S</i> ₁₇
23/23	355	415	700		<i>S</i> _C	<i>S</i> ₁₇
34/61	330	415	700	950	<i>S</i> ₂	<i>S</i> ₁₇
50/51	401	415	700	-	<i>S</i> ₁	<i>S</i> ₁₇
69/22	357	-	680	-	<i>S</i> ?	<i>S</i> ?
Zauron	415	-	700	2800	<i>S</i> ₁₇	<i>S</i> ?

4.2. A PPV rezisztencia kimutatása

A kajszinál a rezisztenciáért felelős *PPVres* gén az 1-es kapcsolódási csoport (LG1) szubtelomerikus régiójában helyezkedik el. A lókuszt több gént is tartalmaz, amelyek a fogékonyt kódolják. A *ParpPMC2* második exonjában bekövetkezett 5 bázispáros deléciója frameshift mutációt okoz, ezért a mutáció a rezisztens allél molekuláris markereként szolgál (Gürcan és mts., 2019). A vírusrezisztencia kimutatásához a ParP-4 F_{alleleS} fogékony allélt amplifikáló forward primert, a ParP-4 F_{alleleR} rezisztens allélt amplifikáló forward primert és a ParP-4 R reverz primert alkalmaztuk. A gélelektroforézis során a fragmentumok csak akkor jelentek meg, ha a minta tartalmazta a két allél valamelyikét (Zuriaga és mts. 2018).

A fajtajelöltek közül mindegyik rezisztensnek bizonyult, míg a génbanki fajtákból csak a 'Hatif Colomer' és a 'Henderson' fajta hordozza a rezisztencia allélt. (10. ábra) A fajtajelöltek közül 9 hibrid heterozigóta rezisztens, míg a Zauron homozigóta rezisztens. A homozigóta egyedek szülőpartnerként megbízható források, hiszen utódjaik minden esetben a keresztezési partnertől függetlenül örökölni fogják a rezisztenciát kialakító allélt. Az összes hibrid esetben megjelenő rezisztenciával kapcsolt allél nem volt teljesen váratlan, mert a nemesítő folyamatosan végzett fenotípusos szelekciót, a tüneteket mutató egyedekkel nem dolgozott tovább. A szelekciós eljárás sikeresnek bizonyult, melyet molekulárisan is bizonyítottunk.

10. ábra Génbanki kajszitípusok felül a ParP-4 F_{alleleR} primerral felszaporított rezisztens fragmentumai találhatók, alul Parp-4 F_{alleleS} primerrel felszaporított allélok fragmentumai láthatók agaróz gélelektroforézis után külön géleken UV fény alatt (forrás: saját kép, UVIDOC HD6).



5. Következtetések és javaslatok

Munkánk során a génbanki fajtákat és a gyúrói ültetvényből származó fajtajelölteket is az öntermékenyülésre és a PPV-vel szembeni rezisztenciára vizsgáltuk molekuláris markerek segítségével. Az S_C -allélt a génbanki tételekből négy esetben azonosítottuk, az ‘Alex Nr 2’, a ‘Daryala hajev’, a ‘Kostinskij’ és a ‘Luizet’ fajtáknál. Ezek mindegyike öntermékenyülő. Közülük egyik sem mutatkozott PPV-rezisztensnek, mert azzal kapcsolt DNS-régiót a ‘Hatif Colomer’ és a ‘Henderson’ fajtákban találtunk, heterozigóta formában.

A rezisztens fajtajelöltek közül két hibrid öntermékenyülő, a 23/10 és a 23/23. Mindkét hibrid szülője a homozigóta Pannónia volt. A 10 fajtajelölt mindegyike rendelkezik olyan értékes tulajdonsággal, amely alapján fajtává válása indokolt. A 23/10 termése tetszetős, szép küllemével és fedőszínével, a gyümöcshús jó állagával és az igazi kajszi zamattal a fogyasztói teszteken jól szerepelt, emellett még kiemelendő a fagytűrése. A 23/23 gyümölcse nagy méretű szép a külleme, húsa kemény, érezhető benne a kajszi zamat, magas cukortartalom jellemzi, fagytűrése kifejezetten jó. A Zauron kiváló ízű, magas brix értékkel rendelkezik és fagytűrése is kimagasló. A fajtajelölteket bemutató fotók a Mellékletben találhatóak.

6. Összefoglalás

A kajszi (*Prunus armeniaca* L.) Európában és Magyarországon egyaránt tekinthető a mérsékelt égöv egyik legfontosabb gyümölcsének. Ugyanakkor sikeres termesztését erősen korlátozzák az egyre gyakrabban pusztító tavaszi fagyok és a különböző fertőzések, legsúlyosabb közülük a sharka vírus. Intenzív korszerű nemesítését a 19. század végén kezdték el és a 20. században vált teljessé. Új fajták létrehozásának ütemét felgyorsította a molekuláris alapú vizsgálatok alkalmazása. A kajszinemesítés legfontosabb céltulajdonságai közé tartozik a PPV-vel szembeni rezisztencia és az öntermékenyülő képesség. A PPV világszerte súlyos károkat okoz, amellyel szemben védekezni kémiai úton nem lehet, ezért indult számos rezisztencianemesítési program. A kajszi öntermékenyülő fenotípusa egy *S*-lókuszban bekövetkezett mutációnak köszönhető. Az inszerció molekuláris technikával kimutatható, így a markerekkel támogatott szelekció során jól alkalmazható.

Munkám során 12 génbanki fajta és 10 fajtabejelentés előtt álló hibrid termékenyülési viszonyát és PPV rezisztenciáját vizsgáltuk molekuláris módszerekkel. A vizsgálat során specifikus markerek segítségével az *S*₁-*S*₄, *S*₆, *S*_C/*S*₈, *S*₁₁, *S*₁₄, *S*₁₇, *S*₁₈ és *S*₂₀-allélokot azonosítottunk. Az öntermékenyülésért felelős *S*_C-allélt hat genotípusban, az 'Alex Nr 2', a 'Daryala hajev', a 'Kostinskij', a 'Luizet', a 23/10 és a 23/23-ban, míg az eredeti, vad típusú *S*₈-allélt öt egyednél azonosítottuk. Az önmeddő fajták és fajtajelöltek teljes *S*-genotípusát 17 esetben meghatároztuk. A részleges genotípusmeghatározás egyik oka egy korábban nem ismert allél jelenléte, melynek további vizsgálata a jövőben szükséges.

A génbanki fajták közül a 'Hatif Colomer' és a 'Henderson' fajta rendelkezik a PPV-rezisztenciáért felelős alléllal. A fajtajelöltek közül mindegyik rezisztensnek bizonyult. Közülük kilenc hibrid heterozigóta, míg a Zauron homozigóta rezisztens.

Munkám nagy segítséget nyújt a fajtajelöltek jellemzéséhez és hatékonyan kiegészíti a nemesítő által végzett hagyományos szelekciós munkát.

7. Irodalomjegyzék

1. Ádám, J. (2020). *Csonthéjasok PPV fertőzöttségének vizsgálata*. [PhD-értekezés] Gödöllő: Kertészettudományi Doktori Iskola. https://real-phd.mtak.hu/1631/2/adam_janos_tezis.pdf
2. Bălan, V., Tudor, V., & Topor, E. (2007). Apricot genetics and breeding in Romania. *Acta Horti*. 760, pp. 483–489. DOI: 10.17660/ActaHortic.2007.760.68
3. Bassi, D., & Audergon, J. M. (2006). Apricot breeding: update and perspectives. *Acta Horti* 701, pp. 279–294. DOI: 10.17660/ActaHortic.2006.701.43
4. Batukaev, A. A., Bamatov, I. M., & Vinter, M. A. (2018). Studying tolerance of prune (*Prunus domestica*) to the plum pox virus (PPV) by criterion "Efficiency of microshoots' regeneration" in controlled *in vitro* conditions. *Journal of Pharmaceutical Sciences and Research*, 10(1), pp. 59-64.
5. Bertinelli, G., Tizzani, L., Luigi, M., Monticelli, S., & Ilardi, V. (2024). Development and Validation of One-Step Reverse Transcription-Droplet Digital PCR for Plum Pox Virus Detection and Quantification from Plant Purified RNA and Crude Extract. *Plants*, 13(23), Paper 3276. <https://doi.org/10.3390/plants13233276>
6. Decroocq S, Chague A, Lambert P, Roch G, Audergon J-M, Geuna F, Chiozzotto R, Bassi D, Dondini L, Tartarini S, Salava J, Krska B, Palmisano F, Karayiannis I, Decroocq V. (2014). Selecting with markers linked to the PPVres major QTL is not sufficient to predict resistance to Plum Pox Virus (PPV) in *Apricot*. *Tree Genetics and Genomes*.; 10(5), p. 1161–1170., <https://doi.org/10.1007/s11295-014-0750-0>
7. Dicenta, F., Martínez-Gómez, P., Burgos, L., & Egea, J. (2000). Inheritance of resistance to plum pox potyvirus (PPV) in apricot, *Prunus armeniaca*. *Plant Breeding*, 119(2), pp. 161-164. <https://doi.org/10.1046/j.1439-0523.2000.00458.x>
8. Edris, A., & Gürcan, K. (2022). *Plum pox virus resistance of hybrid F1 apricots produced by hybridizing Zard and Hacihaliloğlu varieties*. [mesterdiploma-munka] Kayseri: Erciyes University Graduate School of Natural and Applied Science Department of Agricultural Biotechnology. DOI:10.13140/RG.2.2.34709.13289
9. FAOSTAT (Food and Agriculture Organization of the United Nations) (2025). Letöltés dátuma: 2025.09.26. forrás: <https://www.fao.org/faostat>
10. Faust, M., Surányi, D., & Nyujtó, F. (1998). Origin and Dissemination of Apricot. *Horticultural Reviews*, 22, pp. 225–267.

11. García, J. A., Rodamilans, B., Martínez-Turiño, S., Valli, A. A., Simón-Mateo, C., & Cambra, M. (2024). Plum pox virus: An overview of the potyvirus behind sharka, a harmful stone fruit disease. *Annals of Applied Biology*, 186(1), pp. 49-75. <https://doi.org/10.1111/aab.12958>
12. Graetz, D. K. (2006). Breeding apricot cultivars for drying in Australia. *Acta Horti*, 717, pp. 197-198. DOI: 10.17660/ActaHortic.2006.717.41
13. Guo, M., Qi, D., Dong, J., Dong, S., Yang, X., Qian, Y., Zhou, X., & Wu, J. (2023). Development of Dot-ELISA and colloidal gold immunochromatographic strip for rapid and super-sensitive detection of plum pox virus in apricot trees. *Viruses*, 15(1), 169. DOI: 10.3390/v15010169
14. Gürcan, K., Çetinsay, N., Pinar, H., & Macit, T. (2019). Molecular and biological assessment reveals sources of resistance to Plum pox virus-Turkey strain in Turkish apricot (*Prunus armeniaca*) germplasm. *Scientia horticultrae*, 252, pp. 348-353. DOI: 10.1016/j.scienta.2019.04.003
15. Halász, J. (2007). *A kajsi önmeddőségét meghatározó S-allél-rendszer molekuláris háttere* [PhD-értekezés] Budapest: Budapesti Corvinus Egyetem, Kertészettudományi Doktori Iskola. Letöltés dátuma: 2025-11.03. Forrás: https://phd.lib.uni-corvinus.hu/32/1/halasz_julia.pdf
16. Halász, Júlia (2007) *A kajsi önmeddőségét meghatározó S-allél-rendszer molekuláris háttere*. [Doktori (PhD) értekezés], Budapesti Corvinus Egyetem, Kertészettudományi Doktori Iskola.
17. Halász, J. (2023). *Csonthéjas gyümölcsfajok termékenyülési viszonyainak genetikai háttere*. [akadémiai nagydoktori értekezés] Budapest: Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem. Letöltés dátuma: 2025-11.03. Forrás: <https://real-d.mtak.hu/1602/>
18. Halász, J., Hegedűs, A., Szikriszt, B., Ercisli, S., Orhan, E., & Ünlü, H. M. (2013). The S-genotyping of wild-grown apricots reveals only self-incompatible accessions in the Erzincan region of Turkey. *Turkish Journal of Biology*, 37(6), 733-740. DOI: 10.3906/bjy-1306-27
19. Halász, J., Pedryc, A., & Hegedűs, A. (2007). Origin and dissemination of the pollen-part mutated S_C haplotype which confers self-compatibility in apricot (*Prunus armeniaca*). *New Phytologist*, 176(4), pp. 792-803. DOI: 10.1111/j.1469-8137.2007.02220.x
20. Halász, J., Pedryc, A., Ercisli, S., Yilmaz, K. U., Hegedűs, A. (2010). S-genotyping Supports the Genetic Relationships between Turkish and Hungarian Apricot

- Germplasm. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 135(5), p. 410–417. DOI: 10.21273/JASHS.135.5.410
21. Hegedűs, A., Halász, J., Szabó, Z., Nyéki, J., & Pedryc, A. (2005). Hogyan működik a csonthéjas gyümölcsök önmeddőségét meghatározó S-lókuszt az öntermékeny őszibarackban? *Agrártudományi Közlemények*, 17, pp. 93-100.
 22. Herrera, S., Lora, J., Hormaza, J. I., & Rodrigo, J. (2020). Determination of Self- and Inter-(in)compatibility Relationships in Apricot Combining Hand-Pollination, Microscopy and Genetic Analyses. *Journal of visualized experiments*, 160, DOI: 10.3791/60241.
 23. Herrera, S., Lora, J., Hormaza, J. I., Herrero, M., & Rodrigo, J. (2018). Optimizing production in the new generation of apricot cultivars: self-incompatibility, S-RNase allele identification, and incompatibility group assignment. *Frontiers in Plant Science*, 9, Paper 527. DOI: 10.3389/fpls.2018.00527
 24. Herrera, S.; Lora, J.; Hormaza, J.I.; Rodrigo, J. (2022). Self-Incompatibility in Apricot: Identifying Pollination Requirements to Optimize Fruit Production. *Plants*, 11(15), 2019. <https://doi.org/10.3390/plants11152019>
 25. Hormaza, J.I., Yamane, H., Rodrigo, J. (2007). *Apricot*. In: Kole, C. (szerk.) *Fruits and Nuts. Genome Mapping and Molecular Breeding in Plants*. Berlin, Heidelberg: Springer. https://doi.org/10.1007/978-3-540-34533-6_7
 26. Hussain, S. Z., Naseer, B., Qadri, T., Fatima, T., & Bhat, T. A. (2021). Apricots (*Prunus armeniaca*) —Morphology, taxonomy, composition and health benefits. *Fruits Grown in Highland Regions of the Himalayas*, pp. 91–102. DOI: 10.1007/978-3-030-75502-7_7
 27. Hussain, S. Z., Naseer, B., Qadri, T., Fatima, T., & Bhat, T. A. (2021). *Fruits grown in highland regions of the Himalayas*. Cham: Springer International Publishing, pp. 305-315.
 28. Huszár, B. P. (2023). *Kajszi fajtajelöltek molekuláris vizsgálata a termékenyülési fenotípus és kajszihimlő-rezisztencia tekintetében* [Diplomamunka] Budapest: Magyar Agrár-és Élettudományi Egyetem
 29. Iqbal, B., Lande, R., & Kohn, J. R. (2008). Loss of self-incompatibility and its evolutionary consequences. *International Journal of Plant Sciences*, 169(1), p. 93-104.
 30. Jeong, J. J., Ju, H. J., & Noh, J. (2014). A review of detection methods for the plant viruses. *Research in Plant Disease*, 20(3), p. 173-181., <http://dx.doi.org/10.5423/RPD.2014.20.3.173>

31. Karayiannis, I., Thomidis, T., & Tsaftaris, A. (2008). Inheritance of resistance to Plum pox virus in apricot (*Prunus armeniaca* L.). *Tree Genetics & Genomes*, 4(2), p. 143-148., <https://doi.org/10.1007/s11295-007-0095-z>
32. Kohn, J. R. (2008). What genealogies of S-alleles tell us. In *Self-incompatibility in flowering plants: evolution, diversity, and mechanisms*, pp. 103-121. Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg., DOI: [10.1007/978-3-540-68486-2](https://doi.org/10.1007/978-3-540-68486-2)
33. Krška, B., & Vachůn, Z. (2016). Apricot breeding at the Faculty of Horticulture in Lednice. *Agronomy*, 6(2), p. 27., <https://doi.org/10.3390/agronomy6020027>
34. Lee, J., Chin, J.H., Ahn, S.N., Koh, HJ. (2015). Brief History and Perspectives on Plant Breeding. In: Koh, HJ., Kwon, SY., Thomson, M. (eds) *Current Technologies in Plant Molecular Breeding*. Springer, Dordrecht., pp. 1-14, https://doi.org/10.1007/978-94-017-9996-6_1
35. Llácer, G. (2007). Fruit breeding in Spain. In *XII EUCARPIA Symposium on Fruit Breeding and Genetics 814*, pp. 43-56., DOI: [10.17660/ActaHortic.2009.814.1](https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2009.814.1)
36. Milatović, D., Nikolić, D., Fotirić-Akšić, M., & Radović, A. (2013). Testing of self-(in) compatibility in apricot cultivars using fluorescence microscopy. *Acta Scientiarum Polonorum. Hortorum Cultus*, 12(6), p. 103-113.
37. Milatović, D., Nikolić, D., Rakonjac, V., & Fotirić-Akšić, M. (2010). Cross-(in) compatibility in apricot (*Prunus armeniaca* L.). *The Journal of Horticultural Science and Biotechnology*, 85(5), p. 394-398. <https://doi.org/10.1080/14620316.2010.11512686>
38. Mir, M. M., Iqbal, U., & Mir, S. A. (Eds.). (2021). *Production technology of stone fruits*. Springer Singapore., <https://doi.org/10.1007/978-981-15-8920-1>
39. Molnár, P. (szerk.). (2025). *Tájékoztató jelentés a nyári mezőgazdasági munkákról (2025. július 16-i operatív jelentések alapján)* (XXX. évf. 3. szám). AKI, Agrárközgazdasági Intézet. Letöltés dátuma: 2025.09.26., forrás: <https://www.aki.gov.hu/termek/tajekoztato-jelentes-a-nyari-mezogazdasagi-munkakrol-2025-julius-16-i-operativ-jelentesek-alapjan/>
40. Murathan, Z. T., Kafkas, S., Asma, B. M., & Topçu, H. (2017). S_allele identification and genetic diversity analysis of apricot cultivars. *The Journal of Horticultural Science and Biotechnology*, 92(3), p. 251–260. <https://doi.org/10.1080/14620316.2016.1255568>

41. Nemzeti Agrárkutatási és Innovációs Központ Gyümölcsstermesztési Kutatóintézet Ceglédi Kutató Állomás honlapja: *Aktuális kutatások*. Letöltés dátuma: 2025. szeptember 20. forrás: <http://www.cefrucht.hu/index.php?t=kutatasok>
42. Olmos, A., Bertolini, E., Capote, N., & Cambra, M. (2008). An Evidence-Based Approach to Plum Pox Virus Detection by DASI-ELISA and RT-PCR in Dormant Period. *Virology: Research and Treatment.*, DOI:[10.4137/VRT.S495](https://doi.org/10.4137/VRT.S495)
43. Pedrelli, A., Panattoni, A. & Cotrozzi, L. (2024). The sharka disease on stone fruits in Italy: a review, with a focus on Tuscany. *Eur J Plant Pathol*, 169, p. 287–300., <https://doi.org/10.1007/s10658-024-02827-y>
44. Péntes B., Szalay L. (2003). *Kajszki*. Mezőgazda Kiadó, Budapest.
45. Polo-Oltra, Á., Romero, C., López, I., Badenes, M. L., & Zuriaga, E. (2020): Cost-Effective and Time-Efficient Molecular Assisted Selection for PPV Resistance in Apricot Based on *ParPMC2* Allele-Specific PCR. *Agronomy*, 10(9), 1292. <https://doi.org/10.3390/agronomy10091292>
46. Poyraz, S., & Gül, M. (2022). The development of apricot production and foreign trade in the world and in Turkey. *Development*, 22(2), p. 601-616.
47. Radócné Kocsis, T. (2012). *Egyes perspektivikus gyümölcsfajok piaci helyzete (dió, kajszki, körte, cseresznye)*. Agrárgazdasági Tanulmányok ISSN 1418-2122. Agrárgazdasági Kutató Intézet, Budapest. p. 19-32.
48. Ruthner, S. (2010). *Kajszifajták genetikai analízise DNS-alapú markerekkel* [Doktori értekezés], Budapest: Budapesti Corvinus Egyetem.
49. Sawada, H., Morita, M., & Iwano, M. (2014). Self/non-self recognition mechanisms in sexual reproduction: new insight into the self-incompatibility system shared by flowering plants and hermaphroditic animals. *Biochemical and biophysical research communications*, 450(3), p. 1142-1148., <https://doi.org/10.1016/j.bbrc.2014.05.099>
50. Stobdan, T., Namgial, D., Chaurasia, O. P., Wani, M., Phunchok, T., & Zaffar, M. (2021). Apricot (*Prunus armeniaca* L.) in trans-Himalayan Ladakh, India: Current status and future directions. *Journal of Food and Agriculture Research*, 1(1), pp. 86-105
51. Sutherland, B. G., Robbins, T. P., Tobutt, K. R., Weber, W. E. (2004). Primers amplifying a range of *Prunus S*-alleles. *Plant Breeding*, 123(6), p. 582–584. DOI: 10.1111/j.1439-0523.2004.01016.x
52. United States Department of Agriculture. (1937). *Yearbook of agriculture 1937*. pp. 738–748 “Apricots” chapter. U.S. Government Printing Office.

53. Vilanova, S., Romero, C., Llácer, G., Badenes, M. L., & Burgos, L. (2005). Identification of self-(in) compatibility alleles in apricot by PCR and sequence analysis. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 130(6), p. 893-898.
54. Vilanova, S., Romero, C., Llácer, G., Badenes, M. L., Burgos, L. (2005). Identification of Self-(in)compatibility Alleles in Apricot by PCR and Sequence Analysis. *Journal of the American Society for Horticultural Science* Jashs, 130(6), p. 893–898. DOI: 10.21273/JASHS.130.6.893
55. Zaurov, D. E., Molnar, T. J., Eisenman, S. W., Ford, T. M., Mavlyanova, R. F., Capik, J. M., & Goffreda, J. C. (2013). Genetic resources of apricots (*Prunus armeniaca* L.) in Central Asia. *HortScience*, 48(6), p. 681-691., DOI: [10.21273/HORTSCI.48.6.681](https://doi.org/10.21273/HORTSCI.48.6.681)
56. Zezulová, E., Kiss, T., Baránková, K., & Nečas, T. (2025). Study of Phenotypic and Molecular Approaches of Potyvirus plumponxi Resistance Evaluation in New Czech Apricot Hybrids. *HortScience*, 60(2), p. 261–266., DOI: [10.21273/HORTSCI18348-24](https://doi.org/10.21273/HORTSCI18348-24)
57. Zhebentyayeva, T., Ledbetter, C., Burgos, L., Llácer, G. (2012). Apricot. In: Badenes, M., Byrne, D., *Fruit Breeding. Handbook of Plant Breeding*. Springer, Boston, MA. pp.415-458., https://doi.org/10.1007/978-1-4419-0763-9_12
58. Zuriaga, E., Romero, C., Blanca, J.M. & Badenes, M. L. (2018). Resistance to *Plum Pox Virus* (PPV) in apricot (*Prunus armeniaca* L.) is associated with down-regulation of two *MATHd* genes. *BMC Plant Biol* 18(1), p. 25 (2018). <https://doi.org/10.1186/s12870-018-1237-1>

8. Táblázatok és ábrák jegyzéke

Ábrák:

1. ábra Magyarország termésingadozása 1985 és 2023 között (forrás: FAOSTAT 2023).....6
2. ábra A kajszi termékenyülési típus meghatározásának munkamenete (Herrera és mts., 2020 alapján saját szerkesztés) 11
3. ábra Az egész világon bejelentett PPV vírus fertőzések jelölése térképen (forrás: EPPO), a sárga körök egy ország jelenlegi fertőzöttségét mutatják, a lila kör az ország átmeneti fertőzöttségét.....12
4. ábra Összehasonlítás a hagyományos PPV rezisztenciafenotipizálás (A) és a PMC2 allél-specifikus PCR-en alapuló nagy áteresztőképességű markerekkel támogatott szelekció (MAS) között (B). A becsült időtartam az Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA) laboratóriumi kapacitása alapján került meghatározásra (Polo-Oltra és mts., 2020 alapján saját szerkesztés) 15
5. ábra Génbanki fajták *S-RN-áz* gén 1. intronrégiójának azonosítása az SRc-F forward és SRc-R reverz primerekkel, agaróz gélelektroforézissel ellenőrizve (forrás: saját kép, UVIDOC HD6)20
6. ábra A génbanki fajták közül a ‘Beauty Gold’ első intron méretének megjelenítése. A két nagyobb csúcs jelenti azt a DNS szakaszt, amelyek meg feleltethetőek egy-egy *S*-allélnak a részei. A négyzetben látható „S” mutatja a kijelölt fragmentum bázispárban mért hosszát. (forrás: Thermo Fisher Scientific PeakScanner, saját szerkesztés)21
7. ábra. ‘Henderson’, 16/01, 30/04, és 34/61 önmeddő egyedek első intron méretének a meghatározása (forrás: Thermo Fisher Scientific PeakScanner, saját szerkesztés)21
8. ábra Génbanki fajták *S-RN-áz* gén 2. intronrégiójának azonosítása EM-PC2consFD forward és EM-PC3consRD reverz primerek alkalmazásával majd gél elektroforézis szétválasztással (forrás: saját kép, UVIDOC HD6)23
9. ábra Az öntermékenyülésért felelős allélt hordozó fajtajelöltek kiválasztása AprFCB8-F és AprFCB8-R primerpár alkalmazásával. Az agaróz gélelektroforézis során a 23/10 és 23/23 jelű hibridekben amplifikált kb. 500 bp hosszú szakasz mutatja az *S_C*-allél jelenlétét (Forrás: saját kép, UVIDOC HD6).....23

Táblázatok

1. táblázat: Kajszitermelés mennyisége 2017-19 között országonkénti bontásban (forrás: Poyraz és Gül, 2022).....6

2. táblázat Hazai nemesítési program fajtajelöltjeinek főbb tulajdonságai (forrás: Dr. Gutermuth Ádám szóbeli közlés), a tulajdonságok fényképen az 1.-, 2.-, 3.-, 4.-, 5.-, 6.-, 7.-, 8.-, 9.-, 10. mellékletben található.....	17
3. táblázat A dolgozat során felhasznált primerek szekvenciája és a célzott régió megjelölése (forrás: Huszár, 2023).....	19
4. táblázat A vizsgált növényanyag <i>S</i> -genotípusa az <i>S-RN</i> -áz gén 1. és 2. intronrégióinak méretével (forrás: saját táblázat)	24

9. Melléklet

1. melléklet: 34/61



2. melléklet: 16/1



3. melléklet: 69/22



4. melléklet: 50/51



5. melléklet: 23/10



6. melléklet: 30/04



7. melléklet: Zauron



8. melléklet: 03/53



9. melléklet: 23/23



10. melléklet: 32/6



10. Köszönetnyilvánítás

Köszönetemet szeretném kifejezni dr. Halász Júlia tanárnőnek, aki konzulensemként észrevételeivel, javaslataival segítette munkámat, és akinek –a szavak birodalmában kevésbé járatos emberként- végtelenül hálás vagyok, mert gondolataim dzsungelében türelmesen ösvényt vágott, és segített végső formába önteni szakdolgozatomat.

Köszönöm dr. Gutermuth Ádám nemesítőnek a vizsgálatokhoz rendelkezésemre bocsátott növényanyagot, illetve Szendy Gergő PhD hallgatónak a labormunkám során nyújtott segítségét.

Szeretném megköszönni a MATE Növénybiotechnológia Tanszék munkatársainak szakértő segítségüket.

Munkám *„A gyümölcsfák nemesítését segítő molekuláris genetikai kutatások”* MATE Kiemelt Kutatócsoport részét képezte.

NYILATKOZAT

a szakdolgozat nyilvános hozzáféréséről és eredetiségéről

A hallgató neve: Cziger Dániel
A Hallgató Neptun kódja: FKKQP5
A dolgozat címe: Kajszi fajtajelöltek öntermékenyülésének és PPV-rezisztenciájának molekuláris tesztelése
A megjelenés éve: 2025
A konzulens intézetének neve: Genetika és Biotechnológia Intézet
A konzulens tanszékének a neve: Növénybiotechnológia Tanszék

Kijelentem, hogy az általam benyújtott szakdolgozat egyéni, eredeti jellegű, saját szellemi alkotásom. Azon részeket, melyeket más szerzők munkájából vettem át, egyértelműen megjelöltem, és az irodalomjegyzékben szerepeltettem. Továbbá kijelentem, hogy a dolgozat elkészítése során alkalmazott mesterséges intelligencia-eszközök (pl. szöveggenerálás, nyelvi javítás, fordítás, adatelemzés) használata nem helyettesítette a saját kutatási és alkotói munkámat, azok alkalmazását a források között vagy a módszertani részben feltüntettem, és a szakmai-etikai elvárásoknak megfelelően jártam el.

Ha a fenti nyilatkozattal valótlan állítottam, tudomásul veszem, hogy a záróvizsga-bizottság a záróvizsgából kizár és a záróvizsgát csak új dolgozat készítése után tehetek.

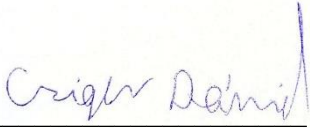
A leadott dolgozat, mely PDF dokumentum, szerkesztését nem, megtekintését és nyomtatását engedélyezem.

Tudomásul veszem, hogy az általam készített dolgozatra, mint szellemi alkotás felhasználására, hasznosítására a Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem mindenkor szellemi tulajdon kezelési szabályzatában megfogalmazottak érvényesek.

Tudomásul veszem, hogy dolgozatom elektronikus változata feltöltésre kerül a Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem könyvtári repozitori rendszerébe. Tudomásul veszem, hogy a megvédett és

- nem titkosított dolgozat a védést követően
- titkosításra engedélyezett dolgozat a benyújtásától számított 5 év eltelté után nyilvánosan elérhető és kereshető lesz az Egyetem könyvtári repozitori rendszerében.

Kelt: 2025.11.10.


Hallgató aláírása

NYILATKOZAT

Cziger Dániel (Neptun azonosítója: FKKQP5) konzulenseként nyilatkozom arról, hogy a szakdolgozatot áttekintettem, a hallgatót az irodalmi források korrekt kezelésének követelményeiről, jogi és etikai szabályairól tájékoztattam.

A záródolgozatot/szakdolgozatot/diplomadolgozatot/portfóliót a záróvizsgán történő védésre javaslom / nem javaslom¹.

A dolgozat állam- vagy szolgálati titkot tartalmaz: igen nem^{*2}

Kelt: 2025. 11. 10.



belső konzulens

¹ A megfelelő aláhúzendó.

² A megfelelő aláhúzendó.

Hallgatók, doktoranduszok nyilatkozata mesterséges intelligencia (MI) alkalmazásáról

1. Általános adatok

Hallgató neve:	Cziger Dániel
Neptun-kódja:	FKKQP5
Képzési szint (a megfelelőt jelölje X-szel):	<input checked="" type="checkbox"/> BSc/BA <input type="checkbox"/> MSc/MA <input type="checkbox"/> Doktori (PhD) <input type="checkbox"/> Egyéb:
Tantárgy neve/kódja*:	Szakedolgozat készítés, KERTU073N
A munka címe:	Kajszfajtajelöltek öntermékenyülésének és PPV-rezisztenciájának molekuláris tesztelése

* doktori értekezés esetén nem kitöltendő

2. Nyilatkozat az MI használatáról

Alulírott, etikai felelősségem teljes tudatában az alábbi nyilatkozatot teszem:

(Kérjük, válasszon egyet az alábbi lehetőségek közül!)

A) Nem alkalmaztam mesterséges intelligencia rendszert vagy szolgáltatást.

(Amennyiben ezt jelölte, a további táblázatok kitöltése nem szükséges.)

B) Alkalmaztam mesterséges intelligencia rendszert vagy szolgáltatást.

(Kérjük, töltsse ki a vonatkozó táblázatokat!)

3. A mesterséges intelligencia használatának részletezése

I. TÁBLÁZAT: Asszisztensi vagy kisebb mértékű felhasználás (pl. fordítás, nyelvi korrekció, ötletelés stb.)

(Ezen felhasználások esetében a konkrét promptok és válaszok csatolása nem szükséges.)

A felhasználás célja	Alkalmazott MI-eszköz neve és verziója	Érintett rész (ha nem a szöveg egészére vonatkozik)
fordítás, fogalmazási tippek	ChatGPT, GPT-5 modell	

II. TÁBLÁZAT: Jelentős tartalmi hozzájárulás (pl. egy teljes ábra vagy egy hosszabb szövegrész generálása)

(Ezekben az esetekben a felhasznált kulcsfontosságú promptok és az MI által adott nyers válaszok dokumentálása és a munka mellékletében való csatolása szükséges.)

A felhasználás célja	Alkalmazott MI-eszköz neve, verziója, elérhetősége	Az érintett fejezet / ábra / táblázat pontos sorszáma	A prompt-naplót tartalmazó melléklet bejegyzésének sorszáma

3/A. Oktató által előírt kiegészítő szabályok (ha vannak)

Amennyiben az adott tantárgy oktatója vagy témavezetője az MI-eszközök használatára vonatkozóan külön szabályokat vagy elvárásokat határozott meg, kérjük, az alábbi mezőben foglalja össze ezeket:

-

4. Minden hallgatóra vonatkozó nyilatkozat:

Kijelentem, hogy az MI által esetlegesen generált tartalmakat minden esetben kritikailag felülvizsgáltam, szerkesztettem és a munkába illesztettem. A leadott munka minden eleméért, annak eredetiségéért és tudományos helyállóságáért teljes körű felelősséget vállalok. Tudomásul veszem, hogy a Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem a benyújtott munkát mesterséges intelligencia detektorral ellenőrizheti, és eljárást kezdeményezhet, amennyiben a nyilatkozatom valótlan vagy hiányos.

Kelt: Budapest, 2025. november 10.

Hallgató aláírása

Konzulens/Témavezető aláírása