

SZAKDOLGOZAT

Siteri Péter

2025



Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem

Budai Campus

Kertészettudományi Intézet

Kertészmérnök alapképzési szak

**Naspolyafajták termékenyülési rendszerének molekuláris
jellemzése**

Belső konzulens: Dr. Halász Júlia

MTA doktora, egyetemi tanár

Belső konzulens

intézete/tanszéke: Genetika és Biotechnológia Intézet

Növénybiotechnológia Tanszék

Kertészeti Növénygenetika Csoport

Készítette:

Siteri Péter

Budapest

2025

Tartalomjegyzék

1. BEVEZETÉS ÉS CÉLKITŰZÉS.....	4
2. SZAKIRODALMI ÁTTEKINTÉS	5
2.1. A naspolya botanikai bemutatása	5
2.2. A naspolya termesztése	7
2.3. A naspolyafajták nemesítése, ismert fajták bemutatása	8
2.4. A naspolya fajjal végzett genetikai vizsgálatok	10
2.5. A gametofitikus inkompatibilitási rendszer	11
2.6. Rokon fajok <i>S</i> -lókuszának jellemzői	12
2.6.1. Alma	12
2.6.2. Körte.....	14
3. ANYAG ÉS MÓDSZER.....	15
3.1. Vizsgált növényanyag	15
3.2. DNS-kivonás	16
3.3. PCR és agaróz gélelektroforézis	16
3.4. Fragmentumhossz-analízis	17
3.5. PCR-termékek klónozása T/A plazmiddal	17
3.5.1. Ligálás és transzformálás	17
3.5.3. Szélesztés és kolónia PCR.....	17
3.5.5. Plazmid DNS izolálása, szekvenálása, az adatok értékelése.....	18
4. EREDMÉNYEK ÉS MEGVITATÁSUK	19
4.1. A naspolyafajták <i>S-RN-áz</i> lókuszának variabilitása	19
4.2. Az izolált <i>S-RN-áz</i> szekvenciák jellemzése	22
5. KÖVETKEZTETÉSEK ÉS JAVASLATOK.....	26
6. ÖSSZEFOGLALÁS.....	27
7. KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS.....	28
8. IRODALOMJEGYZÉK.....	29

1. BEVEZETÉS ÉS CÉLKITŰZÉS

A naspolya valaha a legfontosabb gyümölcsök közé tartozott. Már 3000 évvel ezelőtt termesztésbe vonták, és a klasszikus antikvitás civilizációin keresztül, egészen a középkorig meghatározó szerepet töltött be. Erre utalhat, hogy mediterrán eredete ellenére egész Európában elterjedt, amit jórészt a Római Birodalom terjeszkedésének köszönhet. A 18. századra azonban a kevésbé megosztó, fogyaszthatóbb gyümölcsök elterjedése a háttérbe szorította.

Napjainkban ismét megnőtt iránta az érdeklődés, hogy kedvező beltartalmi és pomológiai tulajdonságai révén visszakerüljön a kereskedelembe, mint kínálat bővítő gyümölcs. Hosszú utóérlelése lehetővé teszi a kereslet kielégítését a betakarítást követő hónapokban, költséges tárolási eljárások nélkül. Manapság az egészséges étkezés egyre fontosabb életviteli szempont, aminek a naspolya, magas polifenol tartalma révén megfelel.

Termesztésével leginkább a géncentruma térségében (Törökország, Irán) foglalkoznak, azonban itt sem akkora mértékben, hogy nagyobb nemesítési programok foglalkoznának vele. Ennél fogva mivel még nincsenek kihasználva a kedvező genetikai adottságai, nagy nemesítési potenciállal rendelkezik. A legtöbb termesztett fajta tájfajta, vagy szelekciós nemesítés eredménye.

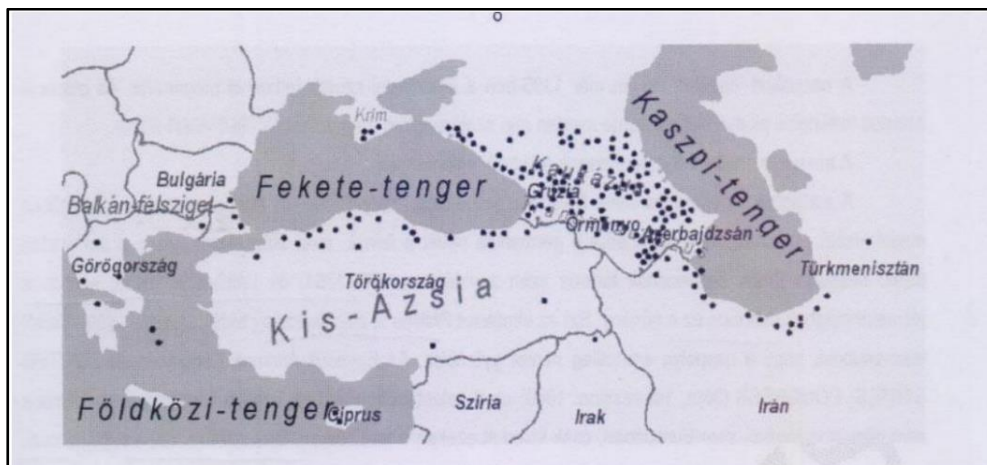
Eddig kevés kutatás foglalkozott vele, így a naspolya termékenyüléséről nem sokat tudunk. Mivel a rokonfajok jelentős részére jellemző, a naspolyánál is feltételezhetjük a genetikailag meghatározott önmeddőség jelenlétét. Ebben a munkában célul tűztük ki 21 naspolyafajta *S*-lókuszának jellemzését, egy korábbi munkában leírt almára kifejlesztett módszerrel. Eredményeinkkel hozzájárulunk a célzott nemesítési programok hatékonyságának növeléséhez, a tervszerű keresztezési partnerek kiválasztásához, hiszen az ivaros szaporodás részletes megismerése a nemesítés és termesztés során is egyaránt kulcsfontosságú.

2. SZAKIRODALMI ÁTTEKINTÉS

2.1. A naspolya botanikai bemutatása

A naspolya (*Mespilus germanica* L.) a *Rosaceae* családba, azon belül a *Mespilus* nemzetségbe tartozik. Lényegében a nemzetség egyedüli képviselője, leszámítva a Stern naspolyát (*Mespilus canescens* Phipps) melyet Jane Ellenbogen Stern irt le először 1990-ben Arkansasban, és ami a *M. germanica* L. és a *Crataegus brachyacantha* Sarg. & Engelm. hibridje (Surányi, 2022).

A *germanica* elnevezés nem a származására utal, mivel géncentruma a Kaukázus, valamint a Fekete-tenger és a Kaszpi-tenger partvidékének térségében található (1. ábra). A mediterrán területek, meleg száraz tölgyeseinek társulás alkotója. A Római Birodalom fennállása alatt annak lakói hurcolták be és terjesztették el Közép- és Nyugat-Európában (Pollmann et al. 2011; Voaides et al. 2021).



1. ábra: A naspolya géncentruma (Surányi, 2022)

Vadon és termesztésben egyaránt lassan növekednek, és kis fákká (*Microphanerophyta*) fejlődnek, amelyek akár 8 méter magasra is megnőhetnek (2/A ábra). A levelek hosszúkásak, lándzsás-tojásdad alakúak, ép vagy finoman fűrészes szélűek, mindkét oldalukon szőrösek, sötétzöldek, 6–15 cm hosszúak és 3–6 cm szélesek. Időskorban vörösre színeződnek. A növény tavasszal, későn virágzik, ötszirmú virágai fehéres-rózsaszínek, melyek a csúcsrügyből (ami vegyesrügy) képződnek. A virágrügyek május–júniusban nyílnak, minden rügyben egyetlen virág fejlődik. A naspolya élettartama 30–50 év, ami viszonylag rövidnek tekinthető, bár az

Egyesült Királyságban ismertek 100 éves példányok (Bibalani és Mosazadeh-Sayadmahaleh, 2012; Sutton, 2023).

A



B



2. ábra: A: A naspolya fa B: A naspolya termése utóérlelés előtt és után (http1)

Aszmagcsoport áltermése a hypanthium megvastagodásával jön létre. Éretten barna, túléretten sötétbarna színű. A szélesen szétálló, megmaradó csészelevelek üreges, kinézetet kölcsönöznek a gyümölcsnek. Néha a termések vöröses árnyalatúak, körte- vagy almaalakúak, 1,5–3 cm átmérőjűek, tömegük 10 g-tól több mint 80 g-ig terjed. Egy friss kutatás szerint, gyümölcsméret alapján az alábbi csoportokba sorolhatók: nagyon apró ('Apyrena'), kis gyümölcsű ('Nottingham'), közepes ('Monstruose d'Evreinoff'), és nagy gyümölcsűek ('Hollandi óriás'). A *M. germanica* L. termései éretlenül kemények és savanyúak. A gyümölcsök csak télen (kevés fajhoz hasonlóan) válnak fogyaszthatóvá. Klimakterikus gyümölcs révén, miután október–novemberben betakarították, hideg, sötét, jól szellőző helyen tárolják, amíg fogyaszthatóvá válik. Házikertekben akár leszedetlenül a fán hagyva is utóérlelhető. A puhulási fázistól kezdve a héj gyorsan ráncosodik, sötétbarna színt kap, míg a belseje teljesen elveszti eredeti konzisztenciáját és elpépesedik (2/B ábra). Az íze gazdag, aromás. A termesztett fajták gyümölcsei nagyobbak és édesebbek a vad formáknál. Jelentős mennyiségű fenolos vegyületet tartalmaz, melyek az érés előrehaladtával folyamatosan csökkennek a növekvő polifenol-oxidáz aktivitásnak köszönhetően. (Bibalani és Mosazadeh-Sayadmahaleh, 2012). Ezek a vegyületek ismertek antioxidáns és biológiailag aktív tulajdonságaikról, amelyek hozzájárulhatnak az emberi egészség védelméhez az oxidatív stressz csökkentése, és antidiabetikus hatásuk által. Utóbbit a keményítő lebontásának lassításával érik el, és ezáltal mérséklék a vércukorszint emelkedését. Emellett fontos még szót ejteni a magas kálium és kalcium tartalmáról, és a növény kérgében és leveleiben is jelen lévő

cseranyagokról, melyek szintén farmakológiai hatással bírnak (Żońnierczyk et al. 2021; Nistor és Marc, 2024; Mezhenskyj et al. 2025).

A naspolya napos, száraz, enyhén savanyú talajú élőhelyeken fordul elő. Ellenállóbb a kártevőkkel, kórokozókkal és az időjárási tényezőkkel szemben, mint a legtöbb gyümölcsfaj. Legjelentősebb és majdhogynem egyetlen fontos kórokozója a tüzelhalást okozó baktérium (*Erwinia amylovora* (Burrill) Winslow et al.). Fertőzése magas kockázattal jár, mivel a növény lassan heveri azt ki, illetve a fa pusztulásával járhat, mert a kórokozó olyan gyorsan terjed a szállítónyalábokban, hogy szinte lehetetlen megfékezni (Voaides et al. 2021).

2.2. A naspolya termesztése

A *M. germanica* L. 3000 évvel ezelőtt feltehetően már termesztés alatt állt Észak-Irán Kaszpi-tenger melletti térségében, valamint a mai Törökország Fekete-tenger menti partvidékén. Körülbelül Kr. e. 700-ban került be Görögországba, majd Kr. e. 200 körül Rómába. A római és a középkori időkben kifejezetten fontos gyümölcsnek számított, feltehetőleg azért, mert késő ősszel válik egyáltalán szedhetővé és ezután indul csak az utóérlelés szakasza, ami másfél-két hónapig is eltart. A hagyományos módokon talán legtovább eltartható gyümölcsök közé sorolható. Ellenben, ha már fogyaszthatóvá érett, gyorsan lecsökken az eltarthatósága. A 17–18. századra feledésbe merült, amikor a fogyasztás szempontjából kevésbé megosztó, későn érő gyümölcsök elterjedtek. Napjainkban ismét növekvőben van iránta a kereslet kimagaslóan jó beltartalmi értékei miatt.

Nagyüzemi termesztésének jelentősége elenyésző, kevés adat áll rendelkezésre, de elmondható, hogy legnagyobb volumenben a géncentruma környékén Törökországban, Örményországban, és Iránban termesztik.

Törökországban a naspolyatermelés megközelíti a 4134 tonnát, amelyből önmagában Tokat tartomány 51 tonnát tesz ki. A kereskedelmi termesztéssel rendelkező országokban, például Németországban és Hollandiában, a ‘Royal’, a ‘Nottingham’ és a ‘Dutch’ fajtákat termesztik, míg Törökországban az ‘Istanbul’, az ‘Italian’ és az ‘Akcakoca 77’ fajták terjedtek el (Voaides et al. 2021).

„Kertjeinkben többnyire a legrosszabb helyet adjuk neki és akkor is azt hisszük, hogy az egészen jó hely neki s azután is minden ápolást figyelem nélkül hagyjuk” (Trisak Sándor, 1900, A kert, 1. szám, Gyümölcsészet). Kevésbé csapadékos területeken is viszonylag jól termesztendő, fényigénye közepes, tágtűrűsű de a talaj mésztartalmára érzékeny. Fagyűrő, sem a téli, sem a – mivel későn virágzik – tavaszi fagyok nem károsítják. Farontó rovarok (*Zeuzera*

pyrina L.), (*Cossus cossus* L.), monília (*Monilinia fructigena* (Aderhold & Ruhland) Honey), ritkábban károsítják. Habár, már készültek tanulmányok a mikroszaporításáról, naspolya szaporítása többnyire xenovegetatíván oltással történik: 40-60 cm-es magasságban ágaztatják el, koronája 2-3 év alatt kinevelhető. A vesszők visszametszése erősen ellenjavallott mivel ezek csúcsrügye a vegyesrügy, melyből a virág kifejlődik. Talaj és más abiotikus tényezők függvényében jó alanyfajok lehetnek a naspolya sarjak vagy magoncok -főleg sarjak, mivel magja nagyon lassan csírázik, és kevés életképes embriót tartalmaz-, berkenye (*Sorbus* sp.), a galagonya (*Crataegus* sp.), a vadvirág (*Pyrus pyraster* (L.) Duroi), valamint a birs (*Cydonia oblonga* Miller), a legjobb eredményeket viszont a berkenye (*Sorbus* sp.) és a galagonya (*Crataegus* sp.) alany-nemes kombinációk mutatnak (Baladeh, 2021; Surányi, 2022).

2.3. A naspolyafajták nemesítése, ismert fajták bemutatása

A naspolya nem tartozik a gazdaságilag jelentősebb fajok közé, így nem folytatnak kiemelt nemesítési programokat a gazdasági értékének növelésére, így nagy a nemesítési potenciálja. A jelenleg használt fajták majdnem mindegyike szelekciós nemesítéssel jött létre vagy pedig tájfajta.

Főbb nemesítési célok közül a legalapvetőbb a terméshozam növelése. Mivel a naspolya csak a vesszők végén hoz virágot, ezért a tenyészidőszak alatt képződő virágok száma alapvetően kevés lesz, így, ha azok sérülnek, jelentősen csökken a termésmennyiség. Ennek elkerülése végett törekedni kell rá, hogy több virágot hozzon, illetve a létrejövő virágok legtöbbszörből termés fejlődjön. Habár még nem annyira jelentős, a termesztés volumenének növekedésével egyre fontosabb lehet a betegségekkel szembeni rezisztencia. Meszes talajon történő termesztése, mérszérzékenysége miatt gondot okozhat, ennek megoldása céljából donor lehet a Stern naspolya (*M. canescens* Phipps), mérszűrő képessége miatt (Surányi, 2022).

Törökország és Irán területén, ahol hagyományos élelmiszernek számít, jellemző, hogy feldolgozzák lekvárnak vagy zselének, azonban más országokban, mivel ritkaság és csak drágán kapható, a naspolyát elsősorban frissen fogyasztják. A piacosság érdekében kedvezőbb termésjellemzők, mint a termés mérete, a terméshús-mag-terméshéj arány, vagy a termés íze, fontos nemesítési célok. Forgalmazás céljából a polcontarthatósági idő lehet meghatározó (Glew et al. 2002). A terméshozammal végzett vizsgálatok során pozitív korrelációt találtak a fa növekedési erélyével, a lombkorona méretével és az elágazottság mértékével, míg negatív korrelációt mutatott a sarjadzással és a koraisággal (Khadivi et al. 2019).

A naspolya felhasználása funkcionális élelmiszerként a gyümölcs flavonoid és polifenol tartalma miatt indokolt, így ezen jellemző is figyelembe vehető a szelekció során (Żońnierczyk et al. 2021).

Nemesítés alapanyagként számos tájfajta áll a nemesítők rendelkezésére. Ezek leginkább Csongrád, Fejér, Bács-Kiskun, Békés, Somogy vármegyékben fordul elő. Ezen felül a legtöbb génbanki gyűjteményben megtalálhatóak genotípusok. Az Oregon-állam-beli Corvallis-ben található USDA National Clonal Germplasm Repository (NCGR), 60 mintának ad otthont a világ 10 országából (Schaefer et al. 2015). Magyarországon többek között az Érdi és Újfehértói Génbankok rendelkeznek naspolya tételekkel.

Magyarországon jelenleg 3 fajta található a meg a Nemzeti fajtajegyzékben.

‘Hollandi óriás’: Más néven, ‘Francia óriás’, történelmi fajta, valószínűleg holland eredetű. Igen nagy gyümölcsei nagy magvakat tartalmaznak, és nagy leveleket fejleszt. Gömbölyded gyümölcse kifejezetten lédús, közepesen aromás, héja világosbarna. Középnagy virágokat fejleszt, amik gyengén termékenyülnek. Magyarországon leginkább a Jászságban fordul elő.

‘Szentesi rózsavirágú’: A legkorábbi fajta. Pomáz és szentes környékén is leírták, de a szentesi került be a fajtajegyzékbe. Középnagy virágai igen jól termékenyülnek. Gyümölcse közepnagy, körte alakú, enyhén molyhos, jó aromájú, kissé savas. Magvai aprók, kis levelei enyhén spirálisak. Főleg Csongrád és Békés megyében jellemző.

‘Nottingham’: Angol fajta, kerekded gyümölcse korán ér, közepnagy, jól termékenyül, kevésbé savas. A gyümölcs az árnyékos oldalán zöldes marad, míg ahol nap éri jellegzetes rozsdabarnává színeződik (Surányi, 2018; <http2>).

Ezen felül Magyarországon még népszerű fajták a ‘Breda’, ‘Royal’, ‘Házi naspolya’, ‘Gödöllői óriás’, ‘Fehérvári’, ‘Lasponya’ (erősen lapított), ‘Somogyi’ (körtealakú), ‘Noszvaji’ (Surányi, 2018).

Külföldön a ‘Flandria óriás’, ‘Iráni’, ‘nagy orosz’, ‘Macrocarpa’, ‘Monstrueuse d'Evreinoff’, ‘Süssmispel’, ‘var. apyrena DC’., ‘Westerveld’ számítanak fontosabb fajtáknak (Surányi, 2024).

2.4. A naspolya fajjal végzett genetikai vizsgálatok

A naspolyával kapcsolatos kutatások száma nem túl nagy, ám az utóbbi időben egyre több kísérletbe vonják be egyéb fajok mellett összehasonlító vizsgálattal vagy válik maga önállóan a kutatás tárgyává.

2015-ben egy amerikai kutatócsoport az NCGR (National Center for Genome Resources) intézetben tárolt naspolya genotípusokon végzett vizsgálatokat (Schaefer et al. 2015). Céljuk a földrajzilag eltérő helyről származó, különböző nevű, fenotípusosan nem megkülönböztethető, de sejtetően azonos minták genetikai polimorfizmusának meghatározása volt. A kutatás során 21 SSR (Simple Sequence Repeat) markert próbáltak, ebből kettő körtéből származott a többi almából. Végeredményben 5 könnyen használható almából származó markerrel vizsgáltak 41 naspolyát és 1 Stern naspolyát. Hét igen nagy gyümölcsű minta, melyek öt különböző országból származtak, genetikailag megkülönböztethetetlennek bizonyult a 'Monstrueuse d'Evreinoff' fajtától. Öt másik hasonló fenotípussal rendelkező mintáról is megállapították, hogy azonosak, illetve további két mintáról is kiderült, hogy genotípusosan azonosak. Továbbá elkülönítették az angliai 'Nottingham' fajtától a 'Marron' és 'Macrocarpa' fajtákat. További citometriai vizsgálatokkal kiderült, hogy a *M. canescens* Phipps triploid, míg a *M. germanica* L. diploid. A kutatás végső soron segített hatékonyabbá tenni a génbanki működést, a feleslegesen duplán tárolt minták kiszűrésével (Schaefer et al. 2015).

Egy 2024-es kutatás során egy Törökországban található ültetvényben 20 levél és virágmintát teszteltek Hop stunt viroid (HSVd) jelenlétére. A HSVd egy szélsőségesen polifág növényi vírus, mely fertőzi többek között a szőlőt (*Vitis vinifera* L.), szilvát (*Prunus domestica* L.), őszibarackot (*Prunus persica* (L.) Batsch), mandulát (*Prunus dulcis* (Mill.) D.A. Webb) és körtét (*Pyrus communis* L.). A mintákat RT-PCR módszerrel vizsgálták, és a 20 minta közül 5-ben mutatták ki a HSVd jelenlétét. Az öt pozitív minta közül kettőt véletlenszerűen kiválasztva összehasonlítottak a GenBank adatbázisában szereplő szekvenciákkal. A két, mintegy 300 nukleotid hosszúságú genomszakasz 89,7–100%-os hasonlóságot mutatott a világ különböző részeiről származó növényekből izolált HSVd-szekvenciákkal. E tanulmányt megelőzően nem számoltak be arról, hogy a naspolya gazdanövényként szolgálhatna a HSVd számára. Bár a fertőzés jelenleg látensnek tűnik, a jövőben potenciális problémát jelenthet, ezért további vizsgálatok szükségesek. A fertőzött naspolya a vírusra érzékeny növényfajok számára fertőzési forrásként is szolgálhat (Oskal, 2024).

A kutatások közül viszonylag kevés foglalkozik genetikai vizsgálatokkal, pl.: morfológiai tulajdonságok genetikai háttere. A leggyakrabban tárgyalt témakör, a naspolya

termésének bioaktív vegyületei, és azok farmakológiai hatása. Gyakran szó esik továbbá a növény földrajzi elterjedéséről és a termesztésbevonás történelméről. A molekuláris biológián alapuló kutatások, közül több is foglalkozik a *Mespilus* és *Crataegus* nemzetségek közötti filogenetikai kapcsolattal (Eugenia et al. 2007). Meng et al. (2025) végeztek kutatást a *Crataegus* nemzetség kloroplasztisz DNS-ének vizsgálatával az egyes fajok rokonsági kapcsolatainak meghatározására, valamint a *Mespilus* nemzetség különállóságára. Morfológiai és kladsztikus bizonyítékok alapján megállapítható, hogy a két nemzetség különálló (Phipps, 2016).

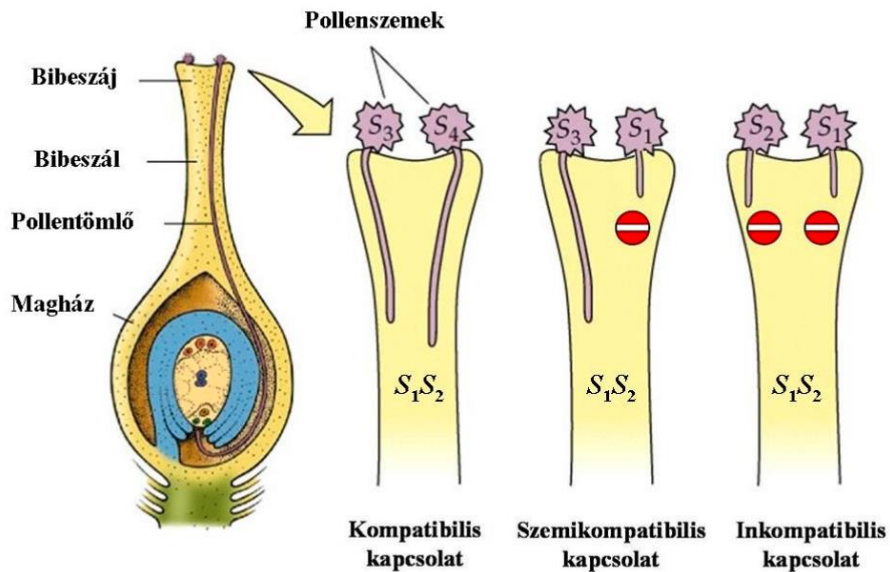
2.5. A gametofitikus inkompatibilitási rendszer

Az önmeddőség, (SI) a zárvatermő növények sajátossága, miszerint egy termőképes növény nem tud a saját pollenjével megtermékenyülni. Ennek eredményeként, csökken a beltenyésztés és növekszik a populáció genetikai változatossága, ezáltal az adott faj könnyebben tud alkalmazkodni a környezeti változásokhoz, illetve elkerüli a homozigóta gaméták esetében felmerülő betegségeket (McClure és Franklin-Tong, 2006).

Az önmeddőség leggyakrabban prezigotikus, de többféleképpen csoportosítható. A reakció helyszíne szerint történhet a bibeszájon, a bibében vagy a magházban. A virág morfológiája, vagy fenológiai állapotából adódó inkompatibilitás, a heteromorfikus típus. Ha az ivarszervek térben elkülönülnek, akkor nem tud a pollen a bibére kerülni, ilyen például a heterosztília. Amennyiben az ivarszervek nem egy időben válnak működőképessé, akkor két lehetőség fordulhat elő: protandriának nevezzük, amikor a porzók érnek be előbb, és mire a termő is alkalmassá válna a kötődésre a porzók már nem szolgáltatnak pollent, ellenkező esetben pedig protogineáról beszélünk (de Nettancourt, 1977).

Homomorfikus inkompatibilitási rendszer esetében genetikailag meghatározott önmeddőségről van szó, vagyis a pollen rákerül a bibére, ám különböző folyamatok miatt a termékenyülés nem tud végbemenni. Ebben az esetben is további két rendszert különböztetünk meg: gametofitikus és sporofitikus. Az esetek nagy részében egy lókuszt felel a tulajdonság kialakításáért, ennek *S*-lókuszt a neve („sterility”). A rendszer poliallélikus, akár 200 allél is közreműködhet benne. A jelenség alapvetően két pilléren nyugszik, ezek a bibekomponens és a pollenkomponens. A Rosaceae család esetében a bibekomponens az *S*-ribonukleáz enzimnek felel meg, mely a bibe szövetében fejeződik ki, míg a pollenkomponensnek egy *F*-box (SLF) gént nevezünk. A két komponens szorosan kapcsolódik a genomban. A gátlás során, a bibére

kerülve a pollen csak akkor tud megtermékenyítést okozni, ha az *S*-allélja nem egyezik meg a bibe diploid szövetének egyik *S*-alléljával sem (Sassa et al., 2010).



3. ábra: Zárva termő növények gametofitikus önmeddőségi rendszere (Halász, 2007)

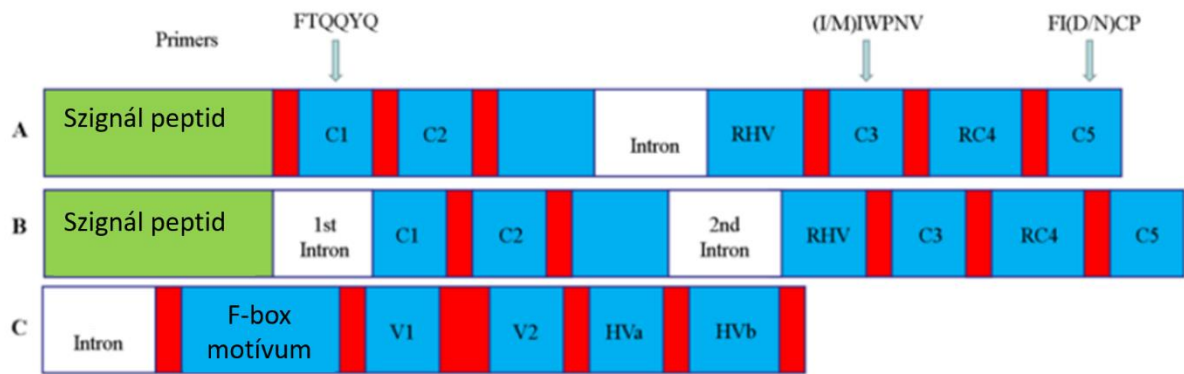
A gametofitikus inkompatibilitás esetén a pollenszem fenotípusát, saját genotípusa határozza meg. Ha a pollenszem *S*-allélja megegyezik a bibe bármely *S*-alléljával, be fog következni a gátlás. A pollentömlő elkezdi ugyan fejlődni, de a bibeszál első harmadában megáll, és nem jut el a petesejtig (3. ábra) (Halász, 2007).

2.6. Rokon fajok *S*-lókuszának jellemzői

A naspolya *S*-lókuszáról még nincsen elérhető adat. Közeli rokon fajok esetében a *Pyrus* és *Malus* nemzetség tagjairól közölték a legtöbb szakirodalmat.

2.6.1. Alma

A *Rosaceae* családba és *Maloideae* alcsaládba tartozó fajokra, így az almára (*Malus × domestica* Borkh.) is jellemző, hogy a bibekomponens az *S*-RN-ázt kódolja, a pollenkomponens pedig több F-box fehérje (Ramírez és Davenport, 2013; He et al. 2021).



4. ábra: Az *S-RN*-áz alapszerkezete

A: *Malus* és *Pyrus* fajokban

B: *S-RN*-áz alapszerkezete *Prunus* fajokban

C: *SFB* (*S*-haplotípus-specifikus F-box protein) kódoló gén alapszerkezete *Prunus* fajokban (Módosítva He et al. 2021 nyomán)

A *Malus* nemzetségben az *S-RN*-áz gén 5 konzervált régióból (C1, C2, C3, RC4, C5) valamint egy hipervariábilis régióból (RHV) áll. Az RHV a C2 és C3-as régiók között helyezkedik el, alapvetően ez a régió határozza meg az allél specifikitását (4. ábra). A gén egy intront tartalmaz, ami az RHV régió belül található (Gu et al. 2015) A konzervatív motívumokra olyan PCR-primerek tervezhetőek, amelyek minden allélt amplifikálnak.

Az alma *S*-allél rendszerének feltérképezésére irányuló első kísérlet Kobel nevéhez fűződik, aki szabadföldi keresztezéses módszerrel és a pollentömlő növekedésének vizsgálatával 11 *S*-allélt írt le és vezette be az S_1 - S_{11} jelölést. Az első molekuláris vizsgálatokat egy japán kutatócsoport végezte el, akik kétdimenziós gélelektroforézissel vizsgálták a bibekomponens minőségi jellegét, és további 6 allélt határoztak meg (Hegedűs, 2006; Sassa et al. 1994). Mivel gyakran előfordult, hogy azonos allélok különböző névvel kerültek leírásra, Broothaerts és Van Nerum 2003-ban összesítették az ezen a területen eddig leírt adatokat, újra elemezték és egységesítették az alma *S*-allél rendszerét (Hegedűs, 2006) (1. táblázat).

1. táblázat: Összefüggés az európai és japán *S*-allél nevezéktan között, ahol az *S*-genotipizálási módszerek a tesztkeresztezés (C), *S*-RN-áz detektálás (R), DNS szekvenálás (S) (Módosítva Hegedűs, 2006 nyomán)

Európai jelölés	Japán jelölés	<i>S</i> -genotipizálási módszer	Európai jelölés	Japán jelölés	<i>S</i> -genotipizálási módszer
<i>S</i> ₁	<i>S</i> _f	C, R, S	<i>S</i> ₁₅		R
<i>S</i> ₂	<i>S</i> _a	C, R, S	<i>S</i> ₁₆		R, S
<i>S</i> ₃	<i>S</i> _b	C, R, S	<i>S</i> ₁₇		R
<i>S</i> ₄		C, R, S	<i>S</i> ₁₈		R
<i>S</i> ₅		C, R, S	<i>S</i> ₁₉		R
<i>S</i> ₆		C, R	<i>S</i> ₂₀	<i>S</i> _g	C, R, S
<i>S</i> ₇	<i>S</i> _d	C, R, S	<i>S</i> ₂₁		R
<i>S</i> ₈		C, R	<i>S</i> ₂₂		R, S
<i>S</i> ₉	<i>S</i> _c	C, R, S	<i>S</i> ₂₃		S
<i>S</i> ₁₀	<i>S</i> _i	C, R, S	<i>S</i> ₂₄	<i>S</i> _h	C, R, S
<i>S</i> ₁₁		C, R	<i>S</i> ₂₅	<i>S</i> _z	C, R, S
<i>S</i> ₁₂		R	<i>S</i> ₂₆		S
<i>S</i> ₁₃		R	<i>S</i> ₂₇		
<i>S</i> ₁₄		R	<i>S</i> _{30/28}	<i>S</i>	C, R, S
<i>S</i> ₁₅		R	<i>S</i> ₂₉		S

A különböző *S*-RN-áz allélszekvenciák izolálása és jellemzése lehetővé tette, hogy a főbb almafajták *S*-allél összetétele elérhetővé váljon online adatbázisokban, például a Nagoya-adatbázisban, ahol jelenleg több mint 1100 almafajta *S*-allél kombinációira vonatkozó adatok találhatóak meg, a különböző *S*-allélok száma eléri az 50-et (<https://www.agr.nagoya-u.ac.jp/~hort/apple/it/>) (Alessandri et al., 2025).

2.6.2. Körte

A C2 és C3 régió között elhelyezkedő hipervariábilis régióban (RHV) található intron hosszpolimorfizmusa jó markernek bizonyul az egyes allélok megkülönböztetésére, csakúgy, mint a *Malus* fajoknál. Sanzol és Herrero (2002) egy PCR-alapú detektálási módszert fejlesztettek ki 20 különböző *S*-RN-áz allél azonosítására európai körtében. A módszer konszenzus primereket alkalmazott, amelyekkel egyidejűleg számos, különböző intronmérettel rendelkező allél amplifikálása vált lehetővé, valamint allél-specifikus primerek egy kiegészítő készletét is tartalmazta a pontosabb allélazonosítás érdekében. Az európai és ázsiai allélok nevezéktana körte esetében is harmonizációra szorult, ezért Goldway et al. (2009) úgy döntöttek, hogy az új számozás 101-től kezdődjön. Mindaddig *S*₁₂₇-ig ismertek allélszekvenciák, melyek mindegyikére az RHV régióba kötődő allélspecifikus primer elérhető a megbízható *S*-genotipizálás érdekében (Claessen et al., 2019).

3. ANYAG ÉS MÓDSZER

3.1 Vizsgált növényanyag

A növényanyag begyűjtése Schmidt Tamás gyümölcsstermesztő ültetvényéből történt (Biatorbágy), valamint a MATE Kertészettudományi Intézet Érd-Elvira major ültetvényéből Szilágyi Sámuel segítségével. A fajták adatait a 2. táblázat tartalmazza (Schmidt T. szóbeli közlés; Surányi, 2018; Surányi 2023; Sutton, 2023). A növényekről 2024. tavaszán fiatal, egészséges leveleket gyűjtöttünk, -20 °C-on tároltuk a DNS-izolálásig.

2. táblázat: A vizsgált növényanyag legfontosabb jellemzői (forrás: saját szerkesztés)

Fajta	Származás, eredet	Érés idő	Gyümölcs tulajdonság	Alany + növekedési erély	Megjegyzés, érdekesség
Bodai	Újfehértói génbank	Október vége-november eleje -	közepes méretű, körte alakú, és sárgásbarna héjú -	vadkörte	íze édes, zamatos
Cserszegi	Újfehértói génbank	-	kisebb vagy közepes méretű -	vadkörte	íze édes-fanyar
Dunabogdány	Újfehértói génbank	-	közepes méretű, körte vagy gömb alakú	vadkörte	-
Fehérvári	Újfehértói génbank	-	-	vadkörte	-
Hollandi óriás	Érdi génbank	November közepe-vége	lapított, 50-60 g	-	gyengén termékenyül
Ismeretlen 1	Dlusztus faiskola	-	-	-	-
Ismeretlen 2	Dlusztus faiskola	-	-	-	-
Késői nagy	Érdi génbank.	November közepe-vége	40-50 g	-	-
Király naspolya	Érdi génbank	-	-	Ba-29	-
Kis gyümölcsű	Érdi génbank	Október vége	20-23 g	Ba-29, felfelé törő	-
Korai nagy	Érdi génbank	Október eleje	nagy, 40-50 g	Ba-29	-
Korai spur	Érdi génbank	Október eleje-közepe	15-20 g	Ba-29, spur növekedésű	1-2 héttel korábban érik, mint bármelyik
Kúpos	Újfehértói génbank	Október közepe	kúpos, 20-30 g	vadkörte, széthajló ágrendszerű	-
Noszvaja	Érdi génbank	Október közepe	kúpos, 20-30 g	Ba-29, felfelé törő	-
Noszvaji spur	Újfehértói génbank	-	közepes	vadkörte, spur növekedésű	-

Nottingham	Érdi génbank	Október vége	gömb, 20-25 g, lényegesen savasabb	Felfelé törő	jól termékenyül
Szentesi rózsza	Érdi génbank	Október vége	kúpos, 20-30 g	Felfelé törő	érzékeny, feltehetőleg a mészre -
Szentgotthárdi	Újfehértói génbank	-	-	vadkörte	-
Szücsi	Újfehértói génbank	-	-	vadkörte	-
Téli felálló	Érdi génbank	November közepe-vége	40-50 g	Ba-29, felfelé törő	-
Tüskés	Újfehértói génbank	-	-	vadkörte	-
Lengyel	Érdi génbank	Október vége	40-50 g	Ba-29, felfelé törő	-

3.2. DNS-kivonás

A leveleket folyékony nitrogénnel lefagyasztottuk, majd dörzsmozsárban eldörzsöltük. Az így kapott anyagból a DNeasy Plant Mini Kit (Qiagen, Németország) gyárilag meghatározott lépéseit követve izoláltuk a DNS-t.

3.3. PCR és agaróz gélelektroforézis

Az *S*-allélok vizsgálatához az ASPF3-F CAATTTACGCAGCARTATCAG és az EIIWPN-R ACGTTYGGCCAAATAATWDCC primerpárt használtuk (Kim et al. 2006; Larsen et al. 2016). A PCR reakcióhoz a mixet 10 µl végtérfogatban készítettük el. Az összetételt Larsen et al. (2016) munkája alapján határoztuk meg: 10-30 ng DNS, 10x DreamTaq™ Green pufferrel (Thermo-Scientific, MA, USA), 1,25 mM MgCl₂, 0,25 µM dNTP, 0,5 µM F primer, 0,5 µM R primer, 0,5 U DreamTaq™ polimeráz (Thermo-Scientific). A PCR program a következők szerint épült fel: először 2 perc 94 °C-on, majd 18 „touchdown” ciklus, melyek mindegyike 1 perc 94 °C-on zajlott, az első ciklusban 30 másodperc 62 °C-on, (ez az érték ciklusonként 0,5 °C-kal csökkent), és 3 perc 72 °C-on. Ezt követte további 20 ciklus: 1 perc 94 °C-on, 1 perc 53 °C-on, 3 perc 72 °C-on. A program végén 10 perc 72 °C-on, majd tárolás 4 °C-on (Larsen et al. 2016).

Az agaróz gélelektroforézis során zsebenként 4 µl PCR-terméket futtattunk etídium-bromidos festésű, 1,0%-os TBE tartalmú agaróz gélen. Az allélméretek meghatározásához 100-bp és 1-kb DNS méretmarkereket (Thermo-Scientific) használtunk. A folyamat során UV fényel tettük láthatóvá az elválasztott fragmentumokat.

3.4. Fragmentumhossz-analízis

Ahhoz, hogy meghatározzuk PCR-amplikonok pontos méretét, fluoreszcensen jelölt forward primert használtunk (FAM) és a mintákat elküldtük kapilláris elektroforézis analízisre a Biomi Kft. laboratóriumába (Gödöllő). A fragmentumhossz-analízist egy ABI Prism 3100 Genetic Analyzer (Thermo Scientific) automata szekvenátor használatával végezték. Az adatok elemzése a Thermo Fisher Scientific Inc. Peak Scanner™ Software v2.0 programmal történt.

3.5. PCR-termékek klónozása T/A plazmiddal

3.5.1. Ligálás és transzformálás

A folyamat során a pTZ57R/T Easy Vector System (Fermentas) plazmidot, 20-50 ng PCR-terméket, 5x ligáló puffert, 3 U T4 DNS-ligázt és MilliQ vizet pipettáztunk PCR-csőbe, majd egy éjszakán keresztül ligáltuk 4°C-on.

JM109 kompetens sejteket használtunk a transzformációhoz, 50 µl kompetens sejthez jégen adtuk hozzá a ligációs terméket. Óvatosan összekevertük az elegyet majd 20 percre jégre tettük. Ezt követően 45-50 másodpercig 42°C-os melegehatásnak tettük ki, majd rögtön jégre helyeztük 2 percre. Hozzáadtunk 950 µl LB folyékony, ampicillinmentes táptalajt, majd 30 percig inkubáltuk 37°C-on 150 rpm fordulatszámmal rázatva.

3.5.3. Szélesztés és kolónia PCR

A transzformált sejt kultúrákból szélesztettünk 50 és 100 µl-nyi szuszpenziót LB/ampicillin/IPTG/X-gal szilárd táptalajon, aminek az összetétele az alábbi volt: 10 g/l Bactotripton, 5 g/l Bacto-élesztő kivonat, 10 g/l NaCl, 7 g/l agar, 100 µg/ml ampicillin pH=7. A plate felszínén 100 µl 100mM IPTG-t és 50 µl 50 mg/ml X-galt juttatunk szét és a plate-eket 37°C-on inkubáltuk egy éjszakán át.

A kék és fehér telepek közül a fehér színűekbe épült be az inszert PCR-termék, így ezeket egy pipettahegy segítségével egyenként hozzáadtuk a PCR-elegyhez, de ún. masterplate-re átooltottuk előtte a további felhasználás céljából.

A kolónia PCR a korábban bemutatott PCR elegy összetételével megegyezik, az univerzális M13 primer használatával.

3.5.5. Plazmid DNS izolálása, szekvenálása, az adatok értékelése

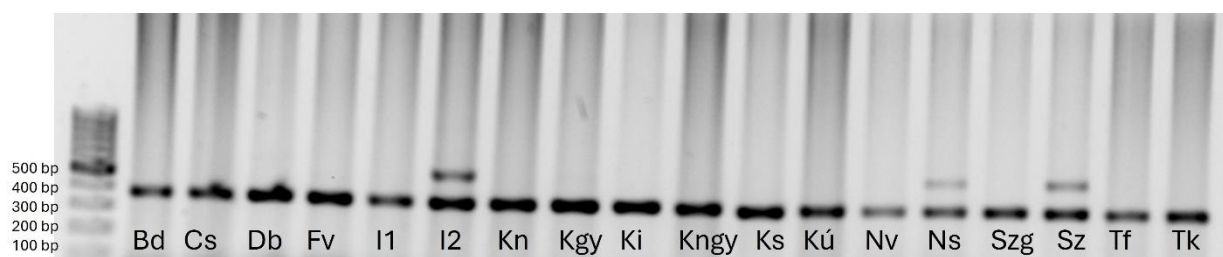
A transzformált sejtekből az EZ-10 Spin Column Plasmid DNA kit (Bio Basic Inc., Markham, Canada) használatával nyertük ki a DNS-t, melynek koncentrációját NanoDrop ND-1000 típusú spektrofotométerrel (Thermo Fisher Scientific, Waltham, Massachusetts, USA) ellenőriztük. Az izolált DNS-ek szekvenálását az ABI PRISM 3100 Genetic Analyzer automata DNS-szekvenátorral (gyártó: Applied Biosystems, Waltham, Massachusetts, USA) végezték (Gödöllő, Biomi Kft.).

Homológia keresésekhez az NCBI (National Center for Biotechnology Information) Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) programját használtuk (Altschul et al., 1990), az illesztéseket és a törzsfát a MEGA7 programmal készítettük (Kumar et al., 2016).

4. EREDMÉNYEK ÉS MEGVITATÁSUK

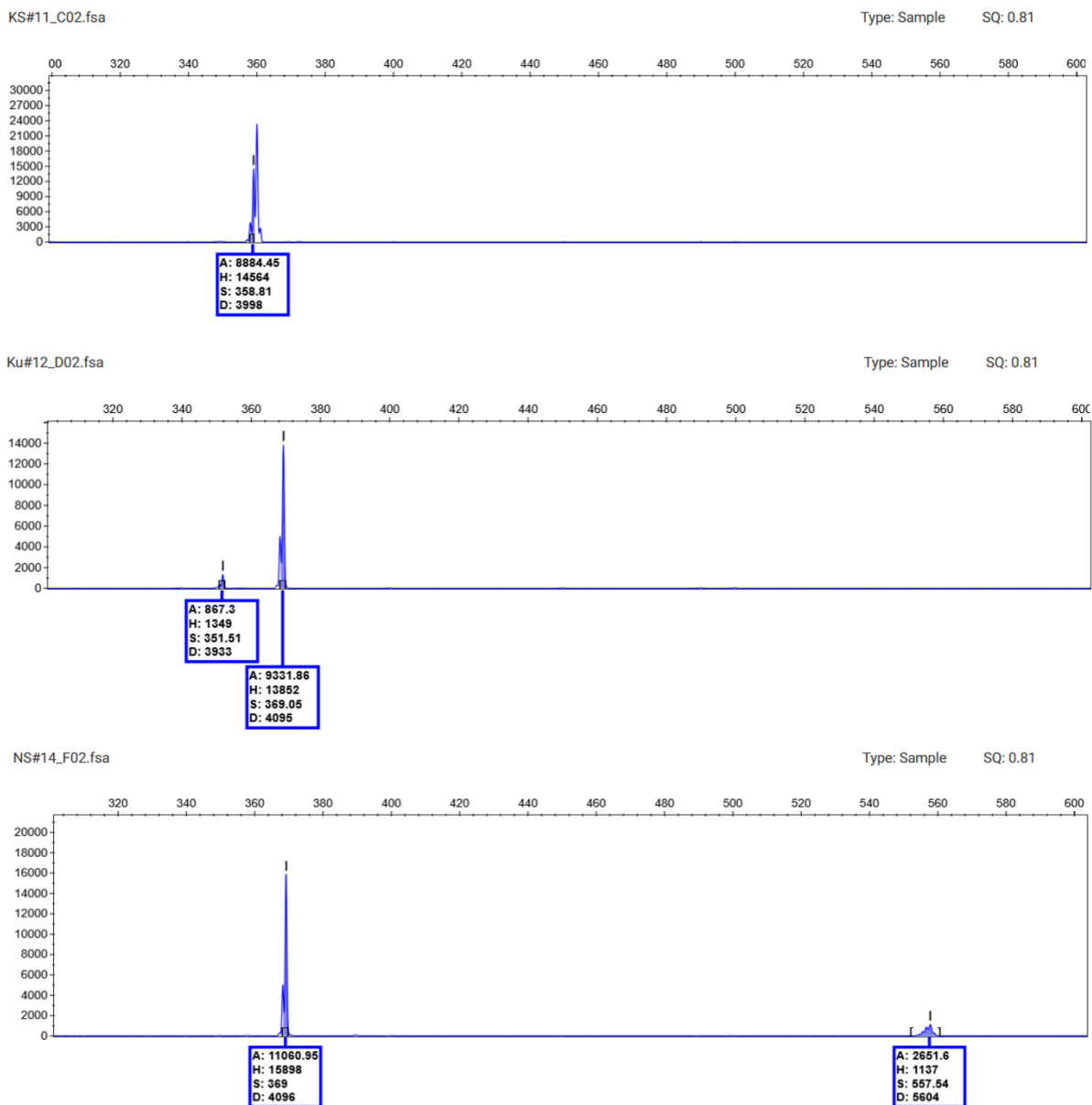
4.1. A naspolyafajták *S-RN-áz* lókuszáinak variabilitása

Naspolyafaj *S*-lókuszaról korábban nem állt rendelkezésre semmilyen molekuláris adat, így a közel rokonfaj, a *Malus × domestica* *S*-allélrendszerét leíró tanulmányok alapján kezdtük meg a vizsgálatot. Az alma esetében az *S*-genotipizáláshoz a bibekomponens gén, vagyis az *S-RN-áz* gén változatait határozzák meg, melynek alapja az ún. intronhossz-polimorfizmus (Larsen et al., 2016). A génben található intron mérete allélspecifikusan változik, így a pontos intronméret információt ad az allél típusáról (Kim et al., 2016). A 21 naspolyafajta és -genotípus *S*-lókuszáinak Larsen et al. (2016) által publikált univerzális primerrel való tesztelése után agaróz gélen láthatóvá tettük a PCR-termékeket (5. ábra).



5. ábra: Agaróz gélelektroforézis az *S-RN-áz* gén C1-C3 régióját amplifikáló primerpárral (Larsen et al., 2016). A minták neve és sorrendje: **Bd**: Bodai, **Cs**: Cserszegi, **Db**: Dunabogdány, **Fv**: Fehérvári, **I1**: Ismeretlen 1, **I2**: Ismeretlen 2, **Kn**: Késői nagy, **Kgy**: Kis gyümölcsű, **Ki**: Kirány naspolya, **Kngy**: Korai nagy, **Ks**: Korai spur, **Kú**: Kúpos, **Nv**: Noszvaja, **Ns**: Noszvaji spur, **Szg**: Szentgotthárdi, **Sz**: Szücsi, **Tf**: Téli felálló, **Tk**: Tüskés. A vizsgálat során Thermo Scientific™ GeneRuler 100 bp DNA Ladder-t használtunk.

Az alma esetében fluoreszcens forward primer használatával a PCR-termékek pontos méretmeghatározására is szükség volt, mert több alléltermék is csak néhány bázispárnyi különbséget mutatott, ami agarózgélen nem észlelhető (Larsen et al., 2016), ezért a keletkezett PCR-termékeket további vizsgálatba vontuk be. A pontos allélméret meghatározás céljából fragmentumhossz-analízist végeztünk, melynek során négyféle allélméret jelent meg: 351, 359, 369 és 558 bp méretűek.



6. ábra: Az ASPF3-F (FAM) és EIIWPN-R primerekkel végzett PCR-vizsgálat eredménye a négy különböző allél esetében (Larsen et al., 2016). A fragmentumhossz-analízis során nyert kromatogramokat Thermo Fisher Scientific Inc. Peak Scanner™ Software v2.0 segítségével elemeztük.

KS: Korai spur 359 bp

Ku: Kúpos 351 bp és 369 bp

NS: Noszvaji spur 369 bp és 558 bp

A leggyakoribb allél a 369 bp hosszúságú volt, mely 18 mintában fordult elő. Továbbá az 558 bp méretű allél 3 mintában (Ismeretlen 2, Noszvaji spur, Szücsi) fordult elő, a 351 bp

méretű szintén 3 mintában (Kúpos, Noszvaja, Tüskés) jelent meg, a 359 bp méretű allél azonban pusztán egy mintában (Korai spur) volt megfigyelhető (3. táblázat).

A négy allél összesen négy genotípust alkotott. A leggyakoribb allélkombinációnak a homozigóta 369/369 bizonyult, mely 14 minta esetében volt detektálható. Továbbá a 369/558 és a 351/369 genotípus három mintára jellemző, míg a 359/359 homozigóta kombináció egy mintában mutatkozott.

3. táblázat: A 21 vizsgált naspolyafajta és genotípus esetében detektált allélméreték fragmentumhossz-analízis során (forrás: saját szerkesztés)

Sorszám	Név	Allél méret (bp)	
1.	Bodai	369	
2.	Cserszegi	369	
3.	Dunabogdány	369	
4.	Fehérvári	369	
5.	Hollandi óriás	369	
6.	Ismeretlen 1	369	
7.	Ismeretlen 2	369	558
8.	Késői nagy	369	
9.	Király naspolya	369	
10.	Kis gyümölcsű	369	
11.	Korai nagy	369	
12.	Korai spur	359	
13.	Kúpos	351	369
14.	Noszvaja	351	369
15.	Noszvaji spur	369	558
16.	Nottingham	369	
17.	Szentesi rózsza	369	
18.	Szentgotthárdi	369	
19.	Szücsi	369	558
20.	Téli felálló	369	
21.	Tüskés	351	369

Közel rokonfajok *S*-allél variabilitásának felmérésére irányuló vizsgálatokat tekintve, alma (*M. domestica* Borkh.) esetében Larsen et al. (2016) 432 fajta esetében 25 különböző allélt azonosított. Alessandri et al. 2025-ben egy olasz génbank 67 tételét vizsgálta és 19 allélt azonosítottak. Abdallah et al. (2024) 18 tunéziai minta tesztelése során 14 allélt tudott azonosítani. Körtével (*P. communis* L.) végzett kísérletek során Bennici et al. (2020) 86 szicíliai mintából álló anyagból 24 allélt mutatott ki. Ezek az eredmények rámutatnak, hogy az alma (*M.*

domestica Borkh.) és a körte (*P. communis* L.) *S*-allél variabilitása igen jelentős; ehhez képest a naspolya (*M. germanica* L.) *S*-allél készlete jelentősen kisebb.

Ilyen kis allél készlet általában az öntermékenyülő fajokra jellemző. Naspolya esetében nincs konkrét tudományos szabadföldi gyümölcskötődési vizsgálat a termékenyülési fenotípusra. Főként termesztői tapasztalatok alapján írják a fajtakatalógusok a termékenyülési jelleget. Ráadásul a gyümölcskötődés kialakulhat megtermékenyítés nélkül is. Partenokarpia során nincs mag, viszont apomixis esetében az anyanövény testi sejtjeiből fertilis magvak alakulnak ki, amire sok példa van az almatermésű fajok között is (Liu et al., 2023). Vanwynsberghe et al. (2009) azt találták, hogy a keresztezési kísérletek során az utódpopulációkban nem volt kimutatható SSR-allélszegregáció, ami az ivaros szaporodásra jellemző Mendeli öröklődési mintázatok hiányát jelzi. Ez a megfigyelés az apomiktikus szaporodás lehetőségét mutatja, vagyis az utódok genetikai értelemben klónjai az anyanövénynek. Az apomixisnek két típusa van: A gametofita apomixis során a petesejt létrejöttét megelőző meiózist egy úgynevezett apomeiózis váltja fel, aminek következtében rekombináció és ploiditás csökkenés sem történik. Az így létrejövő spóra mitotikus osztódását követően jön létre a klonális gametofita, ami a klonális petesejtet is tartalmazza. A bekövetkező parthenogenezis klonális embriók és utódok létrejöttét eredményezi. A sporofita apomixis esetében az embrió közvetlenül egy szomatikus sejtől fejlődik ki. Ilyenkor a klonális embrió általában együtt fejlődik az ivaros úton létrejött embrióval (Wang és Underwood, 2023).

Az öntermékenyülési képesség a GSI rendszer esetében valamilyen mutációs eseményhez köthető (Hegedűs és Halász, 2021). Annak tisztázására, hogy naspolya esetében történt-e ilyen mutáció vagy az apomixis jelenség okozza az alacsony allélszámot, részletes szekvenciajellemezésre van szükség.

4.2. Az izolált *S-RN-áz* szekvenciák jellemzése

Az *S-RN-áz* allélok jellemzése

A négy *S-RN-áz* allél közül két allél szekvenciáját klónozást követően sikerült meghatározni. A 'Noszvaj spur' és 'Kúpos' fajtákból izoláltuk a 369 bp mérettel jellemzett allélszekvenciát, míg a 'Korai spur' fajtából a 359 bp mérettel jellemzett szekvenciát. Az így azonosított szekvenciákkal végzett NCBI MEGABLAST analízissel igazoltuk, hogy a kapott termékek valóban *S-RN-áz* szekvenciák.

A ‘Noszvaj spur’ és ‘Kúpos’ fajtákból nyert szekvencia pontos mérete 370 bp. A BLAST analízis során 100 %-os azonosságot mutattak az almából származó S_{17} -allél kódoló szakaszaival (*Malus domestica* *S*-RNase (*S*) gene, S_{17} allele, complete cds, Sequence ID: MG598499.1). Az exon/intron határ megállapításával nyert adatok alapján az intron pontos mérete 167 bp, a jellegzetes GT motívummal kezdődik és AG motívummal végződik (7. ábra). A ‘Korai spur’ fajtából izolált szekvencia BLAST analízise a legnagyobb hasonlóságot a *Malus sieversii* *S*-RNase protein (*S*) gene, S_7 allele, partial cds (Sequence ID: KX214337.1) szekvenciával mutatta. Az intronrégió mérete 157 bp. Mivel a *M. sieversii* a nemes alma vad őseinek tekinthető (Tegtmeier et al., 2025), ez a részleges hasonlóság filogenetikai szempontból különösen érdekes: a ‘Korai spur’ fajtában előforduló allél a faj evolúciós múltjára utalhat. Az, hogy a szekvencia nem egyezik teljes mértékben egyik ismert alléllal sem, új, eddig nem jellemzett *S*-RN-áz változat jelenlétére utal.

‘Kúpos’ részleges *S*-RN-áz szekvencia

CAATTTACGCAGCAATATCAGCCGGCCGTATGCAACTCTAATCCTACTCCTTGTAAACGATCCTACTGACAAGTTGTT
TACGGTTACGGTTTGTGGCCCTCAAACAAGAATGGACCTGACCCAGAAAAATGCAAGACTACAGCCCTGAATTC
TCAGAAGGTAATATTATAATAATGAGATAGTCAATATTGTTATTTTCATTATGCACTTGTATGTATATACATTACAATACTCCA
CATAGATTTTCATGCACGCCTGTGCAAATATTACAATTAATTTAAAAATTAATCATGAATTGTTGCTATTACATAATTATATTGT
CAGATAGGAAATATGACAGCCCAATTGGATATTATTTGGCCGAACGT

Számaztatott aminosavszekvencia:
QFTQQYQPAVCNSNPTPCNDPPDKLFTVHGLWPSNKNKNGPDPEKCKTALNSQKIGNMTAQLMIWPN

‘Korai spur’ részleges *S*-RN-áz szekvencia

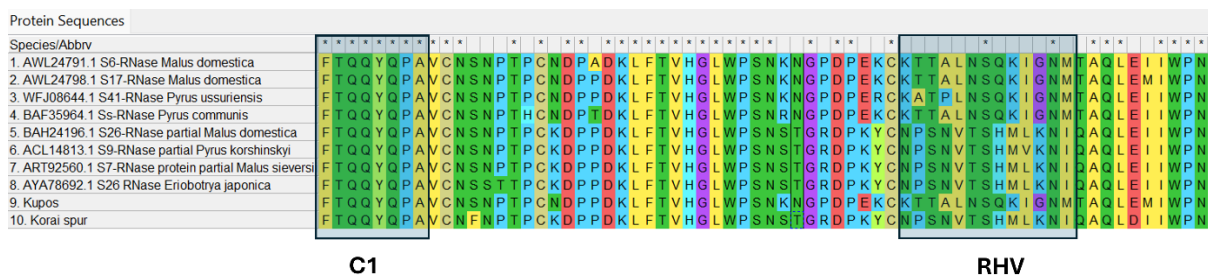
CAATTTACGCAGCAGTATCAGCCGGCTGTCTGCAACTTTAATCCTACGCCTTGTAAGATCCTCCTGACAAGTTGTT
TACGGTTACGGTTTGTGGCCCTCAAACCTCAACAGGACGTGACCCAAAATATTGCAATCCATCAAACGTGACTTCT
CATATGGTAAATATTATAATAATCAGATAGTCAGTATTGTTATTTTCATATATACATATACTGAACACGGATTTTCATACACGC
TTGTGCAAATATTACAATTAATTTAAAAATTAATCATAATTTCTTTTTTGTATTATAAATGTTATATTATATTGTCAGCTAAAAATA
TCCAAGCCCAGTTGGATATTATTTGGCCA

Számaztatott aminosavszekvencia:
QFTQQYQPAVCNFPNTPCKDPPDKLFTVHGLWPSNSTGRDPKYCNPSNVTSHMLKNIQAQLDIWIP

7. ábra: Két naspolyafajtából izolált részleges *S*-RN-áz szekvenciák: sárga színnel jelölve az exonrégiók, szürkével az intronrégiók, a számaztatott aminosavsorrend feltüntetésével (MEGA7).

Az újonnan izolált szekvenciák exonrégióiból számaztatott aminosavsorrend alapján szekvenciaillesztést végeztünk (8. ábra). Mivel a *Mespilus germanica* a *Malus*-hoz közeli rokonsági csoportot alkot a Maloideae alcsaládon belül (Campbell et al., 2007; Potter et al., 2007), így a közeli rokon fajok alléljaival történt a szekvenciaillesztés. Az alkalmazott primerek

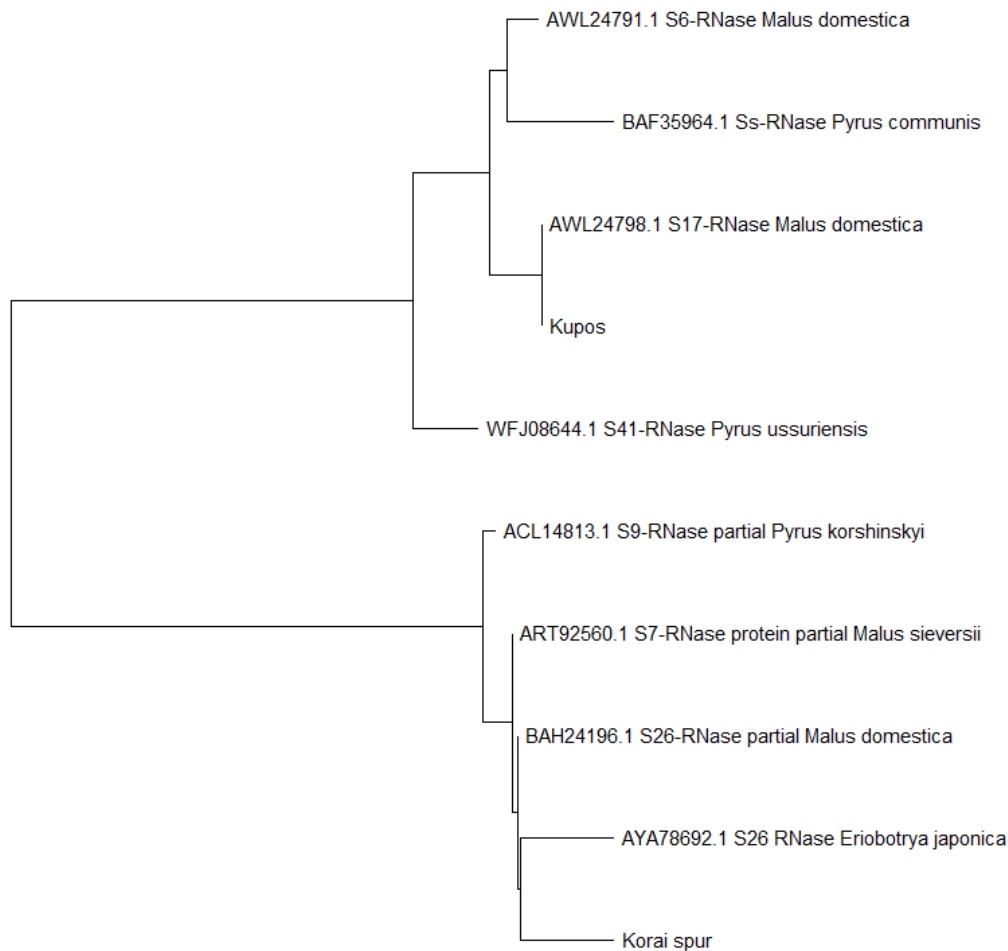
a C1 konzervatív motívumtól a C3 motívumtól downstream irányban elhelyezkedő régiót amplifikálják (De Franceschi et al., 2018), amely magába foglalja az allélspecifitásért felelős variábilis régiót (RHV). A két új szekvenciából származtatott aminosav-sorrend 67 aminosavat jelent. Ez nem a teljes fehérje, így abban az esetben, ha ez a szakasz azonosságot mutat egy ismert alléllal, akkor az még nem biztos, hogy teljes azonosságot jelent az egész fehérjét tekintve. Ugyanakkor a különbség, különös tekintettel az RHV régió esetében, biztosan eltérő allélra utal (Sheick et al., 2018). A ‘Korai spur’ fajtából izolált szekvencia nem egyezik meg semelyik ismert, NCBI-ban megtalálható *S-RN-áz* alléllal.



8. ábra: A naspolya *S-RN-áz*ok származtatott részleges aminosav-szekvenciájának illesztése, a C1 konzervatív régió és a hipervariábilis régió (RHV) megjelölésével (MEGA7).

Az illesztés alapján Neighbor-Joining algoritmus alkalmazásával filogenetikai törzsfát készítettünk (Saitou és Nei, 1987), az ágak hossza az evolúciós távolságokkal azonos egységekben van megadva, amelyek a fa szerkezetének meghatározásához szolgáltak alapul (9. ábra). Az evolúciós távolságokat a Poisson-korrekciós eljárással számítottuk, és azok az aminosavhelyenkénti aminosavcsere-események számát tükrözik (Tamura et al., 2021). A végső adatmátrix összesen 67 pozíciót tartalmazott. A ‘Kúpos’ fajtából nyert szekvencia az almából származó *S*₁₇-alléllal ebben a régióban teljesen azonos, ami a törzsfán is jól látható, nagy hasonlóságot mutat egy másik alma, valamint egy körte (*Pyrus communis*) alléllal is. A ‘Korai spur’ fajta aminosav-szekvenciája egy *Eriobotrya japonica* allélhoz hasonlít leginkább. Ez a rokonsági kapcsolat a Rosaceae családon belüli *S-RN-áz* gének konzerváltságát és ősi eredetét hangsúlyozza. A nagyfokú hasonlóság jól illeszkedik a korábbi megfigyelésekhez, melyek szerint az önkompatibilitási rendszerben szerepet játszó *S-RN-áz* fehérjék evolúciósan ősi, stabil szerkezeti motívumokkal rendelkeznek, miközben fajoként specifikus alléldiverzitást is megőriznek (Igic és Kohn, 2001; De Nettancourt, 2001). Az *Eriobotrya* (pl. japán naspolya, *Eriobotrya japonica* Lindl.) és a *Mespilus* (pl. európai naspolya, *Mespilus germanica*) taxonómiai és evolúciós viszonya a Rosaceae családon belül régóta vizsgált kérdés.

A *Mespilus* nemzetséget korábban különállónak tekintették, de molekuláris adatok alapján nem tekinthető monofiletikusnak, és több tanulmány szerint beolvasszandó az *Eriobotrya* nemzetségbe vagy legalábbis szoros rokonságban áll vele (Sun et al., 2024). A genetikai távolság a két nemzetség között kisebb, mint korábban gondolták, és a morfológiai különbségek (pl. levélméret, virágzási idő, termésforma) nem mindig tükrözik a genetikai rokonságot. Mindenképpen érdekes eredmény ennek tükrében, amit az *S-RN-áz* tekintetében találtunk.



9. ábra: Az újonnan izolált szekvenciák és rokon fajok hasonló szekvenciái alapján készült filogenetikai törzsfá Neighbor-Joining algoritmus alkalmazásával (MEGA7). A vizsgálathoz használt aminosavszekvenciák az NCBI adatbázisból származnak, az azonosítószámok feltüntetésével. Saját eredmény a Kupos és Korai spur szekvenciák.

5. KÖVETKEZTETÉSEK ÉS JAVASLATOK

A *Mespilus germanica* fajtól származó allélok további vizsgálata (a teljes allélszekvencia meghatározása, expressziós analízis, illetve keresztezési kísérletek) feltétlenül szükséges az inkompatibilitási mechanizmus feltárásához, mert a vizsgált régióban mutációs eseményre utaló változást nem találtunk. Ez alapján nem zárható ki az öntermékenyülési képesség sem, ugyanakkor az eddigi ismereteink valószínűsítik az apomixis jelenlétét. Egyre több közlemény foglalkozik az apomixis témakörével is, ezáltal a *Malus* nemzetségben már több gént is azonosítottak a tulajdonság kialakulásával összefüggésben. Ez a terület különösen nagy fejlődést mutat és még rengeteg a feltáratlan molekuláris adat, így a közeljövőben a naspolya is jó vizsgálati modell lehet a gyümölcsstermő fajok apomixis folyamatának tanulmányozására.

6. ÖSSZEFOGLALÁS

A naspolya a gyümölcsstermesztés és kutatás szempontjából is elhanyagolt növénynek számít. Kevés országban termesztik nagy mennyiségben, így korlátozott mértékű adat áll rendelkezésünkre. Napjainkban azonban egyre nagyobb érdeklődéssel tekintenek rá, kedvező tápértéke, és különlegesen hosszú utóérlelése miatt. Nemesítés tekintetében is elmaradott, ezért célzott, intenzívebb programok során ellenállóbb, jobb termőképességű fajták is előállíthatóak.

Termékenyülési rendszeréről szinte semmit nem tudunk, ezért munkám fő célkitűzése volt a faj *S*-lókuszának jellemzése és összehasonlítása az ismert rokon fajokkal. A magángyűjteményből származó, morfológiailag nagyon változatos, 21 tételből álló növényanyagot, egy korábban alma *S*-lókuszának vizsgálatára fejlesztett módszerrel elemeztük. A faj közel rokon taxonjaiban jelentős mértékű *S*-allél variabilitás tapasztalható, míg a naspolya esetében mindössze négy *S*-RN-áz allélt azonosítottunk. A négy allél összesen négy genotípust alkotott. A leggyakoribb allélkombinációnak a homozigóta 369/369 bizonyult, mely 14 minta esetében volt detektálható. Továbbá a 369/558 és a 351/369 genotípus három mintára jellemző, míg a 359/359 homozigóta kombináció egy mintában mutatkozott.

Ezek közül két *S*-allél részleges nukleotidszekvenciáját meghatároztuk. A 370 bp méretű szekvencia ('Kúpos') 100%-ban azonos az almából származó *S*₁₇-allél kódoló szakaszával. Ugyanakkor a 359 bp hosszal jellemzett szekvencia ('Korai spur') egyik ismert *S*-RN-áz szekvenciával sem azonos, ami egy új *S*-ribonukleáz leírását jelenti. Ráadásul az *Eriobotrya japonica* egy ismert *S*-RN-ázával mutatja a legnagyobb hasonlóságot, ami kifejezetten érdekes és értékes információ, mert a *Mespilus* nemzetség önálló elismerését már több tanulmány is kétségesnek tartja.

Eredményeink nagyon hasznos kiindulási alapot adnak a további vizsgálatokhoz. A meghatározott génrégióban nem találtunk öntermékenyülésre utaló mutációt. Mivel nem a teljes gént szekvenáltuk, így az öntermékenyülés lehetősége nem zárható ki, ugyanakkor más vizsgálatok az apomixis jelenlétét valószínűsítik, mellyel a dolgozatomban bemutatott eredmények, a rendkívül kis számú *S*-allél jelenléte, egybevág.

7. KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

Köszönöm konzulensemnek, **Dr. Halász Júliának** a sok figyelmet, hogy végig vezetett a kísérlet és írás folyamatán, és eloszlatta az aggályaimat.

Köszönöm **Szendy Gergőnek** a laboratóriumi munka során nyújtott segítséget és támogatást.

Köszönöm **Schmidt Tamásnak**, aki biztosította a növényanyagot és értékes információkkal szolgált a fajták jellemzésére.

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

8. IRODALOMJEGYZÉK

Abdallah, D., Ben Mustapha, S., Balti, I., Salhi-Hannachi, A., Baraket, G. (2024): Self-(in)compatibility in Tunisian apple accessions [*Malus domestica* Borkh]: *S*-genotypes identification and pollen tube growth analysis. *Planta*, 259(6), 137. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00425-024-04418-x>

Alessandri, S., De Franceschi, P., Alvisi, N., Dondini, L. (2025): Determination of *S*-Allele Combination in an Italian Apple (*Malus* × *domestica* Borkh.) Germplasm Core Collection. *Plant Breeding*, 144(2), 249–256. DOI: <https://doi.org/10.1111/pbr.13244>

Altschul, S. F., Gish, W., Miller, W., Myers, E. W., & Lipman, D. J. (1990). Basic local alignment search tool. *Journal of Molecular Biology*, 215(3), 403–410. DOI: [https://doi.org/10.1016/S0022-2836\(05\)80360-2](https://doi.org/10.1016/S0022-2836(05)80360-2)

Adibi Baladeh, D., Kaviani, B. (2021): Micropropagation of medlar (*Mespilus germanica* L.), a Mediterranean fruit tree. *International Journal of Fruit Science*, 21(1), 242–254. DOI: <https://doi.org/10.1080/15538362.2020.1871156>

Bennici, S., Di Guardo, M., Distefano, G., Las Casas, G., Ferlito, F., De Franceschi, P., Dondini, L., Gentile, A., La Malfa, S. (2020): Deciphering *S*-RNase allele patterns in cultivated and wild accessions of Italian pear germplasm. *Forests*, 11(11), 1228. DOI: <https://doi.org/10.3390/f11111228>

Bibalani, G. H., Mosazadeh-Sayadmahaleh, F. (2012): Medicinal benefits and usage of medlar (*Mespilus germanica*) in Gilan Province (Roudsar District), Iran. *Journal of Medicinal Plants Research*, 6(7), 1155-1159. DOI: <https://doi.org/10.5897/JMPR11.661>

Campbell, C. S., Evans, R. C., Morgan, D. R., Dickinson, T. A., Arsenault, M. P. (2007): Phylogeny of subtribe *Malinae* (*Rosaceae*): evidence from DNA sequences of nuclear ribosomal DNA internal transcribed spacer (ITS) region and morphology. *American Journal of Botany*, 94(12), 1830–1846. DOI: <https://doi.org/10.3732/ajb.94.12.1830>

Claessen, H., Keulemans, W., Van de Poel, B., De Storme, N. (2019): Finding a compatible partner: Self-incompatibility in European pear (*Pyrus communis*); molecular control, genetic determination, and impact on fertilization and fruit set. *Frontiers in Plant Science*, 10, 407. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.00407>

De Franceschi, P., Bianco, L., Cestaro, A., Dondini, L., Velasco, R. (2018): Characterization of 25 full-length *S*-RNase alleles, including flanking regions, from a pool of resequenced apple cultivars. *Plant Molecular Biology*, 97(3), 279–296. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11103-018-0741-x>

de Nettancourt, D. (1977): The basic features of self-incompatibility. In: de Nettancourt, D. (szerk.): *Incompatibility in Angiosperms*. Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg, pp. 1–27. DOI: https://doi.org/10.1007/978-3-662-12051-4_1

Glew, R. H., Ayaz, F. A., Vanderjagt, D. J., Millson, M., Dris, R., Niskanen, R. (2003): Mineral composition of medlar (*Mespilus germanica*) fruit at different stages of maturity. *Journal of Food Quality*, 26(5), 441–447. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1745-4557.2003.tb00258.x>

Goldway, M., Takasaki-Yasuda, T., Sanzol, J., Mota, M., Zisovich, A., Stern, R. A., Sansavini, S. (2009): Renumbering the *S*-RNase alleles of European pears (*Pyrus communis* L.) and cloning the *S*109 RNase allele. *Scientia Horticulturae*, 119(4), 417–422. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2008.08.027>

Gu, C., Wang, L., Korban, S. S., Han, Y. (2015): Identification and characterization of *S*-RNase genes and *S*-genotypes in *Prunus* and *Malus* species. *Canadian Journal of Plant Science*, 95(2), 213–225. DOI: <https://doi.org/10.4141/cjps-2014-254>

Halász, J. (2007): *A kajszi önmeddőségét meghatározó S-allél-rendszer molekuláris háttere*. Doktori (PhD) értekezés, Budapesti Corvinus Egyetem, Kertészettudományi Doktori Iskola. forrás: <https://phd.lib.uni-corvinus.hu/32/>

Hegedűs, A. (2006): Review of the self-incompatibility in apple (*Malus × domestica* Borkh., syn.: *Malus pumila* Mill.). *International Journal of Horticultural Science*, 12(2), 31–36. Letöltés dátuma: 2025. 10.10. forrás: <https://hdl.handle.net/2437/314369>

Hegedüs, A., Halász, J. (2021): Catch a match: new insights into the genetics of self-(in) compatibility in fruit tree species. *Acta Horticulturae*, 1342, 237-244. DOI: <https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2022.1342.34>

He, M., Gu, C., Wu, J., Zhang, S. (2021): Recent Advances on Self-incompatibility Mechanism in Fruit Trees. *Acta Horticulturae Sinica*, 48(4), 759–777. DOI: <http://www.ahs.ac.cn/EN/10.16420/j.issn.0513-353x.2020-0425>

http1: Neumann János Egyetem Könyvtár és Információs Központ (2024): Könyvtári Gyógynövénytar – 2024. november: Naspolya.

Letöltés dátuma: 2025. 11. 01.

forrás: <https://kik.nje.hu/faliujsag/2024-11-13-konyvtari-gyogynovenytar-2024-november-naspolya>

http2: Nemzeti fajtajegyzék (2024): NÉBIH honlapja.

Letöltés dátuma: 2025. 09. 20.

Forrás: https://portal.nebih.gov.hu/documents/10182/81819/NFJ_sz%C5%91%C5%91-gy%C3%BCm%C3%B6cs_2025_1.0.pdf/d8be6bfc-898a-87ee-a55b-6c33be3ebb9e?t=1747731756074

Igic, B., Kohn, J. R. (2001): Evolutionary relationships among self-incompatibility RNases. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 98(23), 13167-13171. DOI: <https://doi.org/10.1073/pnas.231386798>

Khadivi, A., Rezaei, M., Heidari, P., Safari-Khuzani, A., Sahebi, M. (2019): Morphological and fruit characterizations of common medlar (*Mespilus germanica* L.) germplasm. *Scientia Horticulturae*, 252, 38–47. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2019.03.014>

Kim, H. T., Hattori, G., Hirata, Y., Kim, D. I., Hwang, J. H., Shin, Y. U., Nou, I. S. (2006): Determination of self-incompatibility genotypes of Korean apple cultivars based on *S* RNase PCR. *Journal of Plant Biology*, 49(6), 448–454. DOI: <https://doi.org/10.1007/BF03031125>

Kim, H. T., Moriya, S., Okada, K., Abe, K., Park, J. I., Yamamoto, T., Nou, I. S. (2016): Identification and characterization of *S*-RNase genes in apple rootstock and the diversity of *S*-

RNases in *Malus* species. *Journal of Plant Biotechnology*, 43(1), 49-57. DOI: <https://doi.org/10.5010/JPB.2016.43.1.49>

Kumar, S., Stecher, G., & Tamura, K. (2016). MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 7.0 for Bigger Datasets. *Molecular Biology and Evolution*, 33(7), 1870–1874. DOI: <https://doi.org/10.1093/molbev/msw054>

Larsen, B., Ørgaard, M., Toldam-Andersen, T. B., Pedersen, C. (2016): A high-throughput method for genotyping *S*-RNase alleles in apple. *Molecular Breeding: New Strategies in Plant Improvement*, 36, 24. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11032-016-0448-0>

Liu, B. B., Campbell, C. S., Hong, D. Y., Wen, J. (2020): Phylogenetic relationships and chloroplast capture in the *Amelanchier-Malacomeles-Peraphyllum* clade (*Maleae, Rosaceae*): Evidence from chloroplast genome and nuclear ribosomal DNA data using genome skimming. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 147, 106784. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2020.106784>

Liu, D. D., Wang, D. R., Yang, X. Y., Zhao, C. H., Li, S. H., Sha, G. L., Zhang, R. F., Ge, H. J., Tong, X. S., You, C. X. (2023): Apomictic *Malus* plants exhibit abnormal pollen development. *Frontiers in plant science*, 14, 1065032. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1065032>

Eugenia, Y. Y., Stefanović, S., Dickinson, T. A. (2007): Molecular reappraisal of relationships between *Crataegus* and *Mespilus* (*Rosaceae, Pyreae*)—Two genera or one?. *Systematic Botany*, 32(3), 596–616. DOI: <https://doi.org/10.1600/036364407782250562>

McClure, B. A., Franklin-Tong, V. (2006): Gametophytic self-incompatibility: understanding the cellular mechanisms involved in “self” pollen tube inhibition. *Planta*, 224(2), 233–245. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00425-006-0284-2>

Meng, J., Wang, Y., Song, H., Dong, W., Dong, N. (2025): Insights into Phylogeny, Taxonomy, Origins and Evolution of *Crataegus* and *Mespilus*, Based on Comparative Chloroplast Genome Analysis. *Genes*, 16(2), 204. DOI: <https://doi.org/10.3390/genes16020204>

Mezhenskyj, V. M., Mezhenska, L. O., Mazur, B. M., Marchuk, Y. M., Topchii, O. V., Ivanytska, A. P. (2025): Morphological and biochemical characteristics of medlar (*Crataegus germanica*) fruits in the Forest-Steppe of Ukraine. *Biosystems Diversity*, 33(2), e2519–e2519. DOI: <https://doi.org/10.15421/012519>

Nistor, D. I., Marc, R. A., Mureşan, C. C. (2024): Phytochemistry, nutritional composition, health benefits and future prospects of *Mespilus germanica* L. (Medlar): A review. *Food Chemistry: X*, 22, 101334. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.fochx.2024.101334>

Oksal, H. D. (2024): Medlar (*Mespilus germanica*), a novel natural host for Hop stunt viroid (HSVd). *Plant Protection Science*, 60(1), 31–40. DOI: <https://doi.org/10.17221/93/2023-PPS>

Phipps, J. B. (2016): Studies in *Mespilus*, *Crataegus*, and× *Crataemespilus* (*Rosaceae*), I. Differentiation of *Mespilus* and *Crataegus*, expansion of× *Crataemespilus*, with supplementary observations on differences between the *Crataegus* and *Amelanchier* clades. *Phytotaxa*, 257(3), 201–229. DOI: <https://doi.org/10.11646/phytotaxa.257.3.1>

Pollmann, B., & Jacomet, S. (2012): First evidence of *Mespilus germanica* L.(medlar) in Roman Switzerland. *Vegetation history and archaeobotany*, 21(1), 61–68. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00334-011-0317-z>

Potter, D., Eriksson, T., Evans, R. C., Oh, S., Smedmark, J. E. E., Morgan, D. R., Kerr, M., Robertson, K. R., Arsenault, M., Dickinson, T. A., Campbell, C. S. (2007): Phylogeny and classification of Rosaceae. *Plant Systematics and Evolution*, 266(1), 5–43. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00606-007-0539-9>

Ramírez, F., Davenport, T. L. (2013): Apple pollination: A review. *Scientia horticultrae*, 162, 188–203. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2013.08.007>

Saitou, N., Nei, M. (1987): The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular biology and evolution*, 4(4), 406–425. DOI: <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a040454>

Sanzol, J., Herrero, M. (2002): Identification of self-incompatibility alleles in pear cultivars (*Pyrus communis* L.). *Euphytica*, 128(3), 325-331. DOI: <https://doi.org/10.1023/A:1021213905461>

Sanzol, J., Sutherland, B. G., Robbins, T. P. (2006): Identification and characterization of genomic DNA sequences of the *S*-ribonuclease gene associated with self-incompatibility alleles *S*1 to *S*5 in European pear. *Plant Breeding*, 125(5), 513-518. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1439-0523.2006.01269.x>

Sassa, H., Hirano, H., Ikehashi, H. (1992): Self-incompatibility-related RNases in styles of Japanese pear (*Pyrus serotina* Rehd.). *Plant and cell physiology*, 33(6), 811-814. DOI: <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.pcp.a078322>

Sassa, H., Kakui, H., Minamikawa, M. (2010): Pollen-expressed F-box gene family and mechanism of *S*-RNase-based gametophytic self-incompatibility (GSI) in *Rosaceae*. *Sexual plant reproduction*, 23(1), 39-43. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00497-009-0111-6>

Sassa, H., Mase, N., Hirano, H., Ikehashi, H. (1994): Identification of self-incompatibility-related glycoproteins in styles of apple (*Malus x domestica*). *Theoretical and Applied Genetics*, 89(2), 201-205. DOI: <https://doi.org/10.1007/BF00225142>

Schaefer, K., Nyberg, A., Postman, J., Bassil, N. (2015): Genetic diversity of medlar (*Mespilus germanica*) germplasm using microsatellite markers. *Acta Horticulturae*, 1904, 47-56. DOI: <https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2015.1094.3>

Sheick, R., Serra, S., De Franceschi, P., Dondini, L., Musacchi, S. (2018): Characterization of a novel self-incompatibility allele in *Malus* and *S*-genotyping of select crabapple cultivars. *Scientia Horticulturae*, 240, 186-195. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2018.05.050>

Sun, J., Zhao, D., Qiao, P., Wang, Y., Wu, P., Wang, K., Zhou, S. (2024): Phylogeny of genera in *Maleae* (*Rosaceae*) based on chloroplast genome analysis. *Frontiers in Plant Science*, 15, 1367645. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1367645>

Surányi, D. (2018): Elfelejtett finomság: a naspolya. Agrárágazat. Letöltés dátuma: 2025. 10. 01. forrás: <https://agraragazat.hu/hir/elfelejtett-finomsag-a-naspolya/>

Surányi, D. (2023): A naspolya hibridizációs korlátai és fontosabb fajtái. *GRADUS*, 10(1). DOI: <https://doi.org/10.47833/2023.1.AGR.001>

Surányi, D. (2024): A naspolya. Magyar Mezőgazdaság.

Letöltés dátuma: 2025. 11. 01.

forrás: <https://magyarmezogazdasag.hu/2024/01/03/a-naspolya/>

Sutton, J. (2023): *Mespilus germanica*. International Dendrology Society – Trees and Shrubs Online.

Letöltés dátuma: 2025. 10. 05.

forrás: <https://www.treesandshrubsonline.org/articles/mespilus/mespilus-germanica/>

Tamura, K., Stecher, G., Kumar, S. (2021): MEGA11: molecular evolutionary genetics analysis version 11. *Molecular biology and evolution*, 38(7), 3022-3027. DOI: <https://doi.org/10.1093/molbev/msab120>

Tegtmeier, R., Švara, A., Gritsenko, D., Khan, A. (2025): *Malus sieversii*: a historical, genetic, and conservational perspective of the primary progenitor species of domesticated apples. *Horticulture Research*, 12(1), 244. DOI: <https://doi.org/10.1093/hr/uhae244>

Trisak, S. (1900): *A kert*. 1. szám. Gyümölcsészet. n. a.

Voaides, C., Radu, N., Birza, E., Babeanu, N. (2021): Medlar—A comprehensive and integrative review. *Plants*, 10(11), 2344. DOI: <https://doi.org/10.3390/plants10112344>

Vanwynsberghe, L., Decq, L., Keulemans, J. (2009): Transferability of *Malus* × *domestica* microsatellite markers to other species and genera of the maloideae subfamily. *Acta Horticulturae*, 839, 567–574, DOI: <https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2009.839.78>

Wang, Y., Underwood, C. J. (2023): Apomixis. *Current Biology*, 33(8), R293-R295. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cub.2023.01.051>

Zarei, A., Erfani-Moghadam, J., Mozaffari, M. (2017): Phylogenetic analysis among some pome fruit trees of *Rosaceae* family using RAPD markers. *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, 31(2), 289-298. DOI: <https://doi.org/10.1080/13102818.2016.1276414>

Żołnierczyk, A. K., Ciałek, S., Styczyńska, M., Oziembłowski, M. (2021): Functional properties of fruits of common medlar (*Mespilus germanica* L.) extract. *Applied Sciences*, 11(16), 7528. DOI: <https://doi.org/10.3390/app11167528>

MATE Szervezeti és Működési Szabályzat

III. Hallgatói Követelményrendszer

III.1. Tanulmányi és Vizsgaszabályzat

6.13. sz. függelék: A MATE egységes szakdolgozat /
diplomadolgozat / záródolgozat / portfólió készítési útmutatója

4.2. sz. melléklete: Nyilatkozat a záródolgozat/szakdolgozat/diplomadolgozat/portfólió nyilvános
hozzáféréseiről és eredetiségéről (módosítva: 2025. október 16.)

NYILATKOZAT

a szakdolgozat nyilvános hozzáféréseiről és
eredetiségéről

A hallgató neve: SITERI PÉTER
A Hallgató Neptun kódja: ZEP3EA
A dolgozat címe: NÁSPOLYA FAJTÁK TERMÉKENYÜLÉSI RENDSZERÉ-
2025 NEK MOLEKULÁRIS JELLEMZÉSE
A megjelenés éve: 2025
A konzulens intézetének neve: GENETIKA ÉS BIOTECHNOLÓGIA INTÉZET
A konzulens tanszékének a neve: NÖVENYBIOTECHNOLÓGIA 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 mindenkori 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 eltelte után nyilvánosan elérhető és kereshető lesz az Egyetem könyvtári repozitori rendszerében.

Kelt: 2025 év 11 hó 1 nap


Hallgató aláírása

MATE Szervezeti és Működési Szabályzat
III. Hallgatói Követelményrendszer
III.1. Tanulmányi és Vizsgaszabályzat
6.13. sz. függelék: A MATE egységes szakdolgozat /
diplomadolgozat / záródolgozat / portfólió készítési útmutatója
4.1. sz. melléklete: Konzulensi nyilatkozat

NYILATKOZAT

Siteri Péter (név) (hallgató Neptun azonosítója: ZEP3EA) konzulenseként nyilatkozom arról, hogy a szakdolgozatot áttekintettem, a hallgatót az irodalmi források korrekt kezelésének követelményeiről, jogi és etikai szabályairól tájékoztattam.

A szakdolgozatot a záróvizsgán történő védésre **javaslom** / **nem javaslom**¹.

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

Kelt: 2025. november 1.



Dr. Halász Júlia
belső konzulens

¹ A megfelelő aláhúzendő.

² A megfelelő aláhúzendő.

Hallgatók, doktoranduszok nyilatkozata mesterséges intelligencia (MI) alkalmazásáról

1. Általános adatok

Hallgató neve:	Siteri Péter
Neptun-kódja:	ZEP3EA
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:	Naspolyafajták termékenyülési rendszerének molekuláris jellemzése

* 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, nyelvi korrekció	ChatGPT (GPT-5)	

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 eszköz	MI-neve,	Az érintett fejezet / ábra / táblázat pontos sorszáma	A prompt-naplót tartalmazó melléklet

	verziója, elérhetősége		bejegyzésének sorszama

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:

Pl. az MI használatának tilalma bizonyos feladattípusokra; csak konkrét eszköz használata engedélyezett; eltérő hivatkozási elvárások; dokumentációs forma stb.

Oktató vagy témavezető által előírt szabályok:

.....

.....

.....

.....

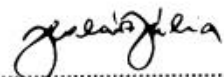
4. Minden hallgatóra vonatkozó nyilatkozat:

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 helytállóságáért 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....., 2025.11..... hó ...1.... nap



Hallgató aláírása



Konzulens/Témavezető aláírása