

**Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem**  
**Genetika és Biotechnológia Intézet**  
**Növénybiotechnológia Tanszék**

**Siteri Péter**

**Naspolyafajták termékenyülési rendszerének molekuláris jellemzése**

Kertészmérnök, BSc, nappali  
Genetika és Biotechnológia Intézet  
Növénybiotechnológia Tanszék

*Belső témavezető:* Dr. Halász Júlia  
MTA doktora, egyetemi tanár  
Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem  
Genetika és Biotechnológia Intézet  
Növénybiotechnológia Tanszék  
Kertészeti Növénygenetika Csoport

A naspolya a gyümölcstermesztés 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 az almából származó *S*<sub>17</sub>-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.