

DIPLOMADOLGOZAT

Dobóvári Éva

2024.

A kajszi hidegtűrésének molekuláris genetikai vizsgálata

Dobóvári Éva

Mezőgazdasági biotechnológus MSc, levelező munkarend

Genetika és Biotechnológia Intézet, Genetika és Genomika Tanszék

Belső témavezető: Bedő Janka, egyetemi tanársegéd, MATE Genetika és Biotechnológia Intézet

Külső témavezető: Mendel Ákos, tudományos főmunkatárs, MATE Kertészettudományi Intézet

A sárgabarackot széles körben, világszerte termesztik, és a piacon már számos változat elérhető. Sajnos a hazánkban tapasztalható éghajlati körülmények között olyan termesztési nehézségekkel kell számolnunk, melytől a tőlünk délebbre jellemző mediterrán klímán a gazdáknak kevésbé kell tartaniuk. A virágzáskori tavaszi fagyok még a leggondosabb fagyvédelmi intézkedések ellenére is a termést sokszor megritkítják. A fagyok okozta termés kiesést a globális felmelegedés okozta klímaváltozás erősítheti, hiszen a korábban bekövetkező hőmérséklet-emelkedés korábbi virágzást eredményezhet. Ettől azonban az ilyenkor szokásos fagyokkal még ugyanúgy számolnunk kell. Az éghajlatkutatók szélsőséges időjárási viszonyokra is figyelmeztetnek, melyek az agroökoszisztéma megváltozását okozhatják és ez a növények stressztűrő képességét igencsak próbára teheti. A megoldást az abiotikus és biotikus stresszekkel szembeni jobb tolerancia kialakítása, rezisztencia nemesítés jelentheti. Tekintettel a sárgabarack hosszú fejlődési időszakára, a hagyományos nemesítési módszerek időigényesek (több év), azonban marker asszisztált szelekcióval (MAS) ez felgyorsítható, pontosabban az időtartam töredékére csökkenthető. A molekuláris markerek már a növény fejlődésének korai szakaszában, a DNS-minták elemzésével lehetővé teszik a nemesítők számára a nemesítési programban kívánt tulajdonságok kiválasztását. A molekuláris markerek segítségével a fajtamegőrzés szempontjából kulcsfontosságú DNS ujjlenyomatot is készíthetünk.

Kutatásunkban kétféle markertechnikát alkalmazva különböztettünk meg 18 sárgabarack fajtát, emellett a hidegtűréssel kapcsolatba hozható DNS szakaszokat kerestünk. A vizsgálatainkhoz Bioer - GeneExplorer Thermal Cyclor PCR készüléket használtunk.

Az amplikonokat agaróz gélelektroforézissel választottuk szét, és a fragmentumokat UV fény alatt detektáltuk, etídium-bromiddal tettük láthatóvá. A gélfotók kiértékelése bináris (0,1) táblázattal történt, melynek során csak a jól elkülöníthető, ismételhető fragmentumokat vettük figyelembe. A SCoT A markerek hatékonysági mutatóinak megállapításához iMEC online kalkulátort használtunk (Amiryousefi et al. 2018). A prezencia-abszencia táblázat alapján mindkét markertípusra külön klaszter analízist készítettünk, legvégül a bináris adatokat összességében is kiértékeljük.

Az eredményeink alapján látszik, hogy az általunk kiválasztott SCoT markerek magas polimorfizmus információtartalommal bírnak, és alkalmasak kajszi genotípusok, akár klónok megkülönböztetésére is.

A COR génre tervezett primerpárokkal néhány esetben mutattunk ki olyan fragmentumokat, amelyet Hallajian és munkatársai (2023) a hidegtűrővel hoztak kapcsolatba. A COR47X2 primerpár GoTaq G2 polimeráz használatával két különböző protokollal amplifikált fragmentumot a 'Magyar Kajszi C. 256' (1180bp) és 'Harval' (620 és 1180bp) fajtánál. A Phusion polimerázzal, touch-down beállításokkal elvégzett PCR eredményeként a 'Gönci 83' fajtánál tapasztaltunk 620bp magasságban fragmentumot a COR47X2 primerekkel. A COR47X1 ugyanilyen körülmények között 1180bp-nál amplifikált fragmentumot hat hidegtűrő fajtánál, melyet Hallajian és munkatársai (2023) a COR47X2 primerekkel tapasztaltak. Esetünkben is előfordult, hogy a CORX2 primerpár 1180bp magasságban amplifikált, de ez a fragmentum a 'Ceglédi bíborkajszi' kifejezetten fagyérzékeny fajtánál is megjelent.

Összességében elmondható az általunk kapott eredmények alapján, hogy mindkét COR47 primerpár alkalmas lehet a fajták közötti különbségtételre. A gélelektroforézis azt mutatta, hogy a Phusion polimeráz touch-down PCR protokollal párosítva adta a legpolimorfabb képet COR47X1 és COR47X2 esetén is. A vizsgált genotípusok közül hét hidegtűrő fajtánál tapasztaltunk a Hallajian és munkatársai (2023) által is megfigyelt hidegtűrővel összefüggésbe hozható fragmentumokat, valamint néhány esetben egyedi amplikonok is előfordultak. Ahhoz azonban, hogy biztosan állíthassuk, hogy az általunk is megfigyelt fragmentumok valóban a hidegtűrő fenotípusokat jellemzik, további vizsgálatokra, szekvenálásra van szükség.

Hallajian, M. - Pakdel, M. - Bouzari, N. - Mashayekhi, S. (2023). Molecular Analysis for Cold Hardiness by Using COR Primers in Some Apricot Mutant Clones. *Erwerbs-Obstbau*, 1375–1381. DOI: [10.1007/s10341-023-00907-7](https://doi.org/10.1007/s10341-023-00907-7)