

DIPLOMADOLGOZAT

Eperjesi Sándor

2024



Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem
Szent István Campus
Genetika És Biotechnológia
Mezőgazdasági biotechnológus mesterképzési szak

Kajszi genotípusok hidegtűrésének molekuláris genetikai vizsgálata

Belső konzulens:	Bedő Janka egyetemi tanársegéd
Belső konzulens intézete/tanszéke:	
Külső konzulens:	Dr. Mendel Ákos tudományos munkatárs
Készítette:	Eperjesi Sándor

Gödöllő
2024

Tartalomjegyzék

Tartalomjegyzék	3
1. Bevezetés	5
2. Irodalmi áttekintés.....	6
2.1 A kajszi rendszertani besorolása	6
2.2 A kajszi származása	6
2.3 A kajszi ökológiai, termőhelyi igénye	7
2.4. Alanyhasználat.....	10
2.4.1. Alanyok talajigénye	11
2.5. A kajszi fagy- és télállósága, hidegtűrése	12
2.5.1 A kajszi nyugalmi állapota	12
2.5.2 A fák fagyállósága, fagykár kialakulása.....	16
2.5.3. A kajszi fagyűrészével és hidegigényével kapcsolatos hazai és külföldi kutatások	17
2.6. A kajszi beltartalmi értéke.....	18
2.7. Molekuláris markerek.....	19
2.7.1 RFLP	20
2.7.2. AFLP	23
2.7.3. RAPD	23
2.7.4. CDDP	26
2.7.5 SSR	27
3. Anyag és módszer	31
3.1. Növényanyag	31
3.2. A DNS kivonás lépései.....	31
3.3. DNS koncentráció mérés	33
3.4 Agaróz gélelektroforézis.....	33
3.5. DNS amplifikáció.....	34
3.5.1 SSR markertechnika.....	34
3.5.2 CDDP markertechnika	35
3.6 ALF (Automated Laser Fluorometer) technika	36
3.6.1 Poliakrilamid készítés	36
3.6.2 A kazetta összeállítása.....	37
3.6.3 Standardkészítés.....	37
3.6.4 Minta előkészítés.....	39
3.7 Statisztikai vizsgálatok.....	39
4. Eredmények	40
4.1 DNS kivonás eredménye.....	40
4.2 SSR markertechnikával végzett kísérlet eredményei	40

4.3 CDDP markertechnikával végzett kísérlet eredményei.....	43
4.3.1 WRKY-R1 primerrel végzett vizsgálat eredményei.....	43
4.3.2 MADS-4 primerrel végzett vizsgálat eredményei.....	45
4.3.3 WRKY-F1 primerrel végzett vizsgálat eredményei	46
4.3.4 CDDP-6 primerrel végzett vizsgálat eredményei.....	48
4.3.5 WRKY-R3 primerrel végzett vizsgálat eredményei	50
4.6 A CDDP markertechnikával elvégzett kísérletek összegzése.....	54
5. Következtetések	55
6. Összefoglalás.....	57
Köszönetnyilvánítás	59
7. Felhasznált irodalom.....	60
8. Mellékletek.....	70
8.1 A kísérletünkben használt 18 kajszfajta rövid jellemzése	70
8.1.1. Bergeval	70
8.1.2. Rózsakajsi C. 1406	70
8.1.3. Bergeron	70
8.1.4. Gönci 83	71
8.1.5. Ceglédi szilárd	71
8.1.6. Ceglédi zamatos	71
8.1.7. Magyar kajsi C. 256.....	72
8.1.8. Ceglédi bájos	72
8.1.9. Ceglédi C. 307.....	73
8.1.10. Ceglédi bíborkajsi	73
8.1.11. Farclo.....	74
8.1.12. Harcot.....	74
8.1.13. Harval	74
8.1.14. H-IV.2/14.....	75
8.1.15. H-III.10/21	75
8.1.16. H-II.45/58 és 8.1.17. H-II.50/58.....	75
8.1.18. Tsunami.....	75

1. Bevezetés

A kajszibarack a csonthéjasok között a harmadik gazdaságilag legfontosabb gyümölcsféle a cseresznye és az őszibarack után és világszerte egy év alatt kb. 4 millió tonna gyümölcs terem. A legnagyobb kajszitermesztő ország bolygónkon Törökország és Európában a Földközi-tenger térsége (Olaszország, Franciaország, Görögország és Spanyolország) járnak az élen. Magyarországon évi 22 ezer tonna kajszit terem, de cél a mennyiség növelése.

Napjainkban az új kihívások (klímaváltozás, népességnövekedés, gazdasági versengés, új igények kielégítése) hatékony növénytermesztésre és új fajták előállítására kényszeríti az országokat. A sikeres növénynemesítés kulcsa a hagyományos technikák mellett a genetikai vizsgálatokban rejlik. Az utóbbi években a marker segítette szelekció (Marker-assisted selection - MAS) kapott nagy szerepet.

A fásszárú növényeknél, gyümölcsfáknál hagyományos növénynemesítési eljárások igénybevételével hosszú időbe (akár 5-10 évbe) telik egy új fajta vizsgálata és forgalomba hozatala. Ez marker segítette szelekcióval lényegesen lerövidíthető, mert nem kell megvárni, míg a növényünk felnő és termőre fordul, hanem fiatal szövetből nyert DNS szakaszait tudjuk vizsgálni és ez független a környezeti tényezőktől is.

Hazánkban a kajszibarack közkedvelt gyümölcsféle, ugyanakkor a a termésbiztonságot évről-évre a téli és kora tavaszi fagyok erősen veszélyeztetik. A klímaváltozásból fakadó kiszámíthatatlan időjárás próbára teszi a régi bevált fajták gyümölcsképződését sőt a fák egészségi állapotát is.

Ezen tényezők miatt előfordul, hogy 3-4 évből mindössze egyszer tudnak teljesértékű termést szüretelni a gazdák.

Vizsgálatunkban *Prunus* fajokban kifejlesztett mikroszatellit (Short Sequence Repeat – SSR), valamint kajszibarackon még nem alkalmazott CDDP (Conserved DNA-derived polymorphism) markereket tesztelünk 18 genotípusra. A vizsgálat célja, hogy megállapítsuk, alkalmasak-e a markerek kajszit genotípusok polimorfizmus vizsgálatára, illetve az esetlegesen felbukkanó polimorf mintázatok összefüggésbe hozhatók-e morfológiai tulajdonságokkal, akár a fagytűréssel is. Az ilyen vizsgálatok elősegíthetik a növénynemesítést, hogy a gazdák munkáját gyümölcsözővé tegyük, hiszen a környezeti és éghajlati tényezőkhöz jobban adaptálódott fajták a termelékenységet fokozhatják.

2. Irodalmi áttekintés

2.1 A kajszi rendszertani besorolása

A hazánkban ismert kajszibarack (*Prunus armeniaca* L.) az **Armeniaca** fajcsoportba tartozik. A fajcsoport rendszertani helye:

A *Prunus armeniaca* L. közismert magyar nevén kajszibarack vagy sárgabarack a *Rosaceae* (Rózsafélék) családjába tartozik. Ezen rendszertani egység négy alcsaládot foglal magába: a *Spiraeoideae* (Bajnócafélék), a *Pomoideae* (Almafélék), a *Rosoideae* (Rózsaképzűek) és a *Prunoideae* (Szilvafélék). A vizsgált növényünk az utóbbi alcsaládba tartozik. Ezen alcsaládon belül öt alnemzetséget különítünk el: A *Padus* (Zselnicemeggy), a *Cerasus* (Meggy), a *Microcerasus* (Apró meggy), az *Amygdalus* (Mandula) és a *Prunus* (Kökényfélék) alnemzetségeket. Az *Armeniaca* fajcsoportot az utóbbi alnemzetséghez soroljuk. Az *Armeniaca* fajcsoporthoz 1-2 m magascserjék, vagy kistermetű, 10-15 m magas fák tartoznak (Nyujtó és Surányi, 1981). A szekcióhoz nyolc faj tartozik: *P. ansu Maxima* (Ansu kajszi); *P. brigantiaca* Vill. (Francia szilvakajszi); *P. x dasycarpa* Ehrh. (Fekete kajszi); *P. holosericea (Batal) Kost.* (Tibeti kajszi); *P. mandshurica (Maxima.) Koehne* (Mandzsúriai kajszi); *P. mume (Sieb.) Sieb. et Zucc.* (Japán kajszi); *P. siberica* L. (Szibériai kajszi) és *P. armeniaca* L., (Közönséges kajszi), aminek a szinonim latin neve *Armeniaca vulgaris* L. (Erdogan-Orhan és Kartal, 2011; Nyujtó és Surányi, 1981).

A *Prunoideae* alcsalád virágképlete $K_5 C_5 A_{10+10+10} v. 10+5+5 G_{\underline{I}}$, tehát a csészelevelek és a szirmlevelek száma 5-5, amik szabadok, a porzók száma összesen 20 vagy 30, három körben elhelyezkedve. Termője egyetlen középső állású termőlevélből áll (Bartha, 2012).

2.2 A kajszi származása

A legtöbb termesztett kaszifajtát a *Prunus armeniaca* L. faj adja (Pedryc, 2008). A sárgabarack feltehetően Közép-Ázsiából és Kínából származik (Aydin Uzun et al., 2010), a természetes elterjedési területe Türkmenisztántól Kína nyugati részéig nyúlik. A világ ezen táján évezredek óta termesztik a fajt és innen terjedt el keleti és nyugati irányba egyaránt (Hormaza et al, 2007). Kis-Ázsiába és Európába a „Selyemút” révén jutott el. Így Törökország területén található a faj egyik génközpontja (Erdogan-Orhan és Kartal, 2010). Nyikolaj Ivanovics Vavilov, szovjet-orosz botanikus és genetikus (URL1) (1926; 1951) három származási központot különített el:

1. **Kínai központ** (az északkeleti, és középső hegyek és Nyugat-Kína)
2. **Közép-Ázsiai Központ** (Tien-Shan hegyei, Hindukustól Kasmírig)

3. **Közel-Keleti központ** (hegyek a Kaszpi-tengertől nyugatra, beleértve a Kaukázust és Grúzia hegyeit, Azerbajdzsán, Örményország, Törökország és Észak-Irán) - ez Vavilov szerint a diverzifikáció másodlagos központja.

Baily és Hough (1975) egy Észak-kínai (szibériai és mandzsúriai sárgabarack) - és egy Kelet-kínai (Ansu sárgabarack) csoportot határolt le (Hormaza et al, 2007). A **termesztett kajszi** hat fő ökoгеográfiai csoportba sorolható:

1. Közép-ázsiai
2. Dzsungar zailij,
3. Iráni-kaukázusi,
4. Európai,
5. Kelet-kínai és
6. Észak-kínai.

A közép-ázsiai csoport a legősibb és genetikailag a legváltozatosabb csoport, hidegigénye a legerősebb. Többnyire idegentermékenyülő és kis gyümölcsű genotípusokat foglal magába. Az iráni-kaukázusi csoport nagyméretű gyümölcsöket hoz és a legtöbbjük idegentermékenyülő, a hidegigénye mérsékeltebb. Az európai csoport, amelybe európai, észak-amerikai, dél-afrikai és ausztráliai fajták tartoznak, a legfiatalabb csoport. Valószínűleg szűk genetikai sokféleséggel rendelkeznek, mindössze néhány ázsiai őstől származhatnak. Ezen csoport fajtái általában öntermékenyülők, koránérőek és alacsonyabb hidegigényt mutatnak (Donoso, 2008).

Magyarország az európai kajszi termesztés őshazájának tekinthető, hiszen több értékes fajtakör is innen származtatható (pl. Magyar kajszi, Rózsabarack). Feltételezések szerint hazánk egy közbeeső állomása volt a kajszi Nyugat-Európába irányuló terjesztésének (Pedryc, 2008).

2.3 A kajszi ökológiai, termőhelyi igénye

A legtöbb kajszi fajta a kínai és közép-ázsiai hegységekben, 1500-2000 méter tengerszint feletti magasságokban fellelhető *Prunus armeniaca*, természetes, vad formáiból fejlődött ki. A Szibériai kajszi (*P. sibirica*) és a Mandzsúriai kajszi (*P. mandschurica*) erős fagyűrőssel bír, míg a Japán kajszi (*P. mume*) és a Ansu kajszi (*P. ansu*) meleg- és vízigényesek (Surányi, 2016).

A kajszit főleg a mediterrán éghajlatú régiókban termesztik (Mendelné Pászti et al, 2022).

A mediterrán területek klímájára jellemző, hogy a leghűvösebb hónap átlaghőmérséklete is 0° Celsius fölött van (Deitch et al, 2016). Télen ritkán megy 5 ° Celsius alá a hőmérők

higanyszála, ezen évszak középhőmérséklete 12-13 ° Celsius. A nyári középhőmérséklet 27° Celsius körül alakul (Evelpidou és de Figueiredo, 2009). Az éves átlagcsapadék a 300 mm-t meghaladja, és ennek kevesebb, mint 20%-a hullik a nyáron, a nyarak szárazak, a telek csapadékosak. A téli csapadék főleg eső formájában hullik (Deitch et al, 2016).

A kajszi legfőbb termőterülete ott van, ahol az éves átlaghőmérséklet a 9 ° Celsiust eléri és az évi átlagcsapadék meghaladja a 400 mm-et. Azonban előfordulnak szélsőséges termőterületek is, ilyen például Dzsungária, Mandzsúria, Tibet és a Hunza-völgy. Bizonyos fajták elviselik a sós és a sivatagi körülményeket, ahol az éves középhőmérséklet 12-13 ° Celsius, és évente mindössze 50 mm csapadék hullik (Surányi, 2016).

A gyümölcs termesztetőségében északi és déli irányban is a hőmérséklet a korlátozó tényező: az északi féltekén észak felé haladva fokozódik a fagyveszély és a növény nem kapja meg a megfelelő tenyészidőszaki hőösszeget, a szubtrópusi területeken pedig a fák nem részesülnek a nyugalmi időszakhoz nélkülözhetetlen hidegmennyiségben. Ez a tény a déli féltekén is érvényesül, csak fordított irányban. Mindkét féltekére igaz, hogy az alkalmas termőterületek a 30. és 48. szélességi fokok között vannak (Nagy et al, 2008; Péntes és Szalay, 2003).

A gyümölcs igazi értéke, ízvilága, zamata azokon a területeken fejlődik ki, ahol a júniusi középhőmérséklet eléri a 19, a júliusi pedig a 21 ° Celsius-ot, a tenyészidőszak hőösszege a 3200 ° Celsius-ot, míg az évi napsütéses órák száma az 1900-at is meghaladja. Azon években, amelyekben a napsütéses órák száma alacsonyabb, az érés ideje eltolódik napokkal vagy 1-2 héttel (Nyujtó és Surányi, 1981; Nagy et al, 2008).

Magyarország a kajszi termesztés északi határmezsgyéjén helyezkedik el (Petres, 2016; Péntes és Szalay, 2003). A tenyészidőszak hő- és fény mennyisége elegendő a kajszi fajtáink számára (Nyujtó és Surányi, 1981).

A kajszi termesztésben kardinális kérdés a termőhely megválasztása (Molnár és Vágó, 1999). Ezen belül a termésbiztonság szempontjából fontos szempont a kitétttség. Magyarországon a legjobb termőhelyeket a 200 m-nél magasabban elhelyezkedő területek biztosítják, de a 150 és 200 m között is találunk kedvező termésbiztonságot nyújtó területeket (Péntes és Szalay, 2003). A síkvidék kevésbé előnyös a kajszi termesztés számára (Molnár és Vágó, 1999): egyes feljegyzések alapján a termésingadozás közepes a Duna-Tisza köze felső részén és nagy Bács-Kiskun vármegyében és a Dél-Dunántúlon (Nyujtó és Surányi, 1981). A dombságok vonatkozásában a (dél)keleti és a (dél)nyugati oldalak mutatnak jó adottságokat. (Molnár és Vágó, 1999). A déli oldal ugyan fény és hő szempontjából

kedvezőek, de a tél végén hamar meginduló vegetáció miatt veszélyt hordoznak. A fennsíkok előnyösek, mert nem érkezik olyan erős a besugárzás, amely miatt korán megindulna a rügyek fejlődése kora tavasszal, másrészt a hideg levegő minden irányban lehet folyni, így kisebb lehet a tavaszi fagykár (Pénzes és Szalay, 2003). A fekvésből adódó normális légmozgás elősegíti a levelek gyors száradását, ezáltal megakadályozza a monília terjedését és széthordja a hideg levegőt, így mérsékli a fagy kártételét (Molnár és Vágó, 1999).

A vízigénye nem magas, a hazánkban termesztett gyümölcsfajták közül az egyik legszárazságtűrőbb (Pénzes és Szalay, 2003). A magyarországi hőmérsékleti viszonyok mellett minden termőhelyen elegendő lenne számára az évi 510-600 mm csapadék, ha annak eloszlása egyenletes lenne (Nyujtó és Surányi, 1981). A téli csapadékmennyiség elégséges szokott lenni ahhoz, hogy a vegetáció megindulhasson és a kora tavaszi aszály sem jelent nagy problémát a fák számára. A csapadékszegény március és április esetén a fagyveszély kisebb. A virágzáskor történő esőzések hátráltatják a rovarokat a megporzásban és kimoshatják a virágból a pollent. A virágzáskori és a májusi-júniusi esőzések a gombafertőzéseknek (pl. monília) adhatnak teret (Pénzes és Szalay, 2003; Nyujtó és Surányi, 1981).

A tenyészdíj során három kritikus, vízigényes időszakot állapítottak meg:

1. Május végén, június elején a csonthéjképződés – a vízhiány relatív tápanyagínséget okozhat a fákban
2. Június elején a gyümölcs inenzív növekedésének, hízásának időszaka
3. Augusztus - szeptember, a virágrügyek kialakulásának az időszaka (Pénzes és Szalay, 2003; Nyujtó és Surányi, 1981).

Magyarországon a kajszi gyümölcsöskertek 60%-át öntözik (Mendelné et al, 2022).

Csapadékformák, amik károsak lehetnek a kajszi nézve:

- A jégeső,
- a köd - virágzáskor a monília fertőzéseknek nyit kaput, illetve
- az ónos eső, aminek következtében az fák kialakuló jégréteg súlya letörheti az ágakat, illetve elzárja a rügyeket a levegőtől (Pénzes és Szalay, 2003).

A kajszi leginkább alkalmasak a mély termőréteggel rendelkező, kellően levegőzőtt, karbonátos nem túl humuszos talajok. Legkedvezőbb genetikai talajtípusok a kovárányos barna erdőtalajok, mészlepedékes csernozjomok, humuszos homokok (Molnár és Vágó, 1999).

A homoktalajok esetében döntő fontosságú, hogy az lepelhomok - a homok alatt van-e egy humuszos, ásványi anyagokban gazdag, jó víztartó képességű altalaj - vagy feneketlen homok; amennyiben van víztartó, humuszos réteg, az milyen mélységben van (Pénzes és Szalay, 2003; Molnár és Vágó, 1999). Az a kedvező, ha ez a gyökerek alsó része számára elérhető mélységben (1-1,5 m) szerepel a talajban. Ha túl mélyen van, vagy feneketlen a homoktalaj, az alkalmatlanná teszi a kajszi számára, mert a fák gyengén fognak fejlődni és hamar elpusztulnak. Dombvidéken a gyökerek által hasznosítható termőréteg vastagság jelenthet korlátot. Ha ez nem éri el a 80 cm-t, szintén alkalmatlan kajszi ültetvény létesítésére (Pénzes és Szalay, 2003).

A kajsziarack gyökérzete nagyon levegőigényes, még átmeneti levegőhiányt sem visel el. Az 1960-as években több csapadékos év is volt, ami miatt belvizes területek alakultak ki és a kajsziarack fák voltak az első gyümölcsfák, amik kipusztultak, gyökérfulladás következett be (Pénzes és Szalay, 2003; Nyujtó és Surányi, 1981).

A nagyon kötött, tömör, hideg, nedves, valamint a szikes talajok nem megfelelőek kajszi termesztésre (Pénzes és Szalay, 2003; Nyujtó és Surányi, 1981). Az olyan szerkezetű talajok az optimálisak, ahol a talaj összterfogatának kb. a 60%-a szilárd anyag, 40% pedig a hézagterfogat és a hézagterben megfelelő víz-levegő aránynak kell lennie. Ez akkor kedvező, ha kb. 70:30, tehát 70% víz és 30% levegő (Nyujtó és Surányi, 1981). A talajvíz mélysége is döntő fontosságú, ha 180 cm-nél közelebb van a felszínhez, nagy mértékű fapusztulás tapasztalható (Pénzes és Szalay, 2003). Manapság a lesüllyedt talajvízszint is problémát jelent a vízellátásban (Molnár és Vágó, 1999).

A kajszi a semleges, enyhén lúgos pH-jú (6,5-8,3) talajokat szereti. Az 5,5 alatti és a 8,7 feletti pH érték kizárja a telepítés lehetőségét. A fák tápanyagfelvétele szempontjából előnyös, ha a talajban található aktív mész. Jelentősége a 0,02 mm-nél kisebb leiszapolható részek mésztartalmának van. A 3-14%-os mésztartalom az optimális. A 30% feletti mésztartalommal rendelkező talajra nem szabad kajszi telepíteni (Pénzes és Szalay, 2003). A magas mésztartalom gátolja egyes tápanyagok felvételét. A kajszi tápanyagigénye nem túl magas, de káliumigényes (Molnár és Vágó, 1999).

2.4. Alanyhasználat

A kajszi magról is szaporítható, de a kiemelkedő termesztési értékű genotípusokat alanyra szokták oltani a fenntartás és szaporítás céljából. Az alanyok jelentősége nagyban megnőtt az oltványok terjedésével (Mendelné Pászti et al, 2023).

Az alanyhasználat technológiai és ökológiai tényezői lehetnek: a talajigény, szárazság-, hideg- és téltűrőképesség, de az alany kiválasztásnál szempont lehet az alany hatása a nemes fajták növekedésére, érzékenység kártevőkre, kórokozókra és kompatibilitás a nemes fajtákkal (Kajtár-Czinege, 2018).

Az alany számos kedvező tulajdonsága (pl. rovarok- vagy betegségek elleni rezisztencia, a talaj magas mésztartalmának tűrése) lehetővé teszi, hogy a nemest az igényeihez képest más helyekre is telepíthessék. Az alanyok befolyásolják a növekedési erélyt, a talajok biotikus és abiotikus tényezőivel szembeni ellenállóságot, a virágzás fenológiai tulajdonságait, a gyümölcsök mennyiségét és minőségét. Jó példa erre, hogy Nyujtó és Kovács (1968) felfedezése, hogy néhány alany és oltóvessző kombináció magasabb rezisztenciát mutatott bakteriális rák ellen (Mendelné Pásztai et al, 2022).

A kajszifajtákhoz használható alanyok körét az alany-nemes kompatibilitás szabja meg és minden új, kereskedelembe hozott alany esetében szükséges az összeférhetetlenséget vizsgálni. Az új kajszialanyoknak nematóda, betegség- és rovarrezisztenciát kell mutatniuk és jó szaporítási hatékonysággal és megfelelő gyökeresedéssel kell rendelkezniük (Mendelné Pásztai et al, 2023).

Használhatóak őszibarack, barackmandula, tengeri barack, myrobalán és szilva típusú (pl. Besztercei, Bódi, Fehér, Duránci, Potyó, Vörös, kökény és Tarka szilva, stb.) alanyok (Surányi, 2008; Mendelné Pásztai et al, 2023).

Magyarországon a kajszii oltványok 73%-ánál myrobalán magoncot használnak alanyként és 10%-nál kajszii magoncot használnak (Mendelné Pásztai et al, 2022).

Ritkán lehet kajszit minden szempontból optimális környezeti feltételeket biztosító területre ültetni, ezért fontos a megfelelő alanyválasztás (Mendelné Pásztai et al, 2022).

2.4.1. Alanyok talajigénye

Szárazabb alföldi területeken a vadkajszii magoncot preferálják. Kötött hideg, nyirkos talajokon a gyökérfulladásra való érzékenység jelent kardinális kérdést. Ezen termőhelyeket a kajszii magonc nem viseli el, közepesen érzékeny a myrobalán és a szilva típusú (pl. kökényszilva, Marianna szilva) alanyok tűrik el a legtovább az ilyen viszonyokat. A mésztűrése a kajszii típusú alanyok a legjobb, őszibarack alany használata esetén klorózis léphet fel a nemesek levelén. A myrobalán mésztűrése gyengébb a kajszii típusúaknál és egyes szilvaalanyok (pl. 'Pollizio') jól alkalmazkodnak a meszes talajokhoz (Mendelné Pásztai et al, 2023).

2.5. A kajszi fagy- és télállósága, hidegtűrése

Hazánkban a kajszi az egyik legfagyérzékenyebb gyümölcsfaj (Pénzes és Szalay, 2003; Szalay et al, 2021). A hidegsérülés a kajszitermesztés legfőbb kockázati tényezője a mérsékelt égövön, így Magyarországon is (Mendelné Pásztai et al, 2022), mert a kajszi nem tolerálja a fagy okozta sérüléseket a késő téli és kora tavaszi időszakban.

Az érzékenység a fajták, és akár a fák között a gyümölcsösön belül is változhat (Pakkish és Tabatabaenia, 2015). A fagyűrést öröklött tulajdonságok kölcsönhatása határozza meg (Pénzes és Szalay, 2003).

Manapság Európában rengeteg fajta közül választhatunk és a z előállítás magas kockázata miatt egyre szorongatóbb témakör, hogy melyik fajtákat lehet sikeresen termesztani és értékesíteni (Mendelné Pásztai et al, 2022).

A fajták többségének rossz az ökológiai adaptációs képessége, ami korlátozza azok elterjedését. Emiatt mindenütt főként saját fajtákra hagyatkoznak, a külföldi fajták honosítása nehézségekbe ütközik. Ebből adódóan a mediterrán és a mérsékelt régió fajtahasználata élesen elválik. A mediterrán területeken rövid mélynyugalmú, alacsony hidegigényű, meleg- és napfényigényes, míg a mérsékelt égövi területeken nagyobb hidegigényű, hosszabb mélynyugalmú, jobb fagyállóképességgel rendelkező fajták nyertek teret. Akadnak az átlagosnál jobb ökológiai alkalmazkodóképességű fajták, ilyen pl. a 'Bergeron' (Hajnal, 2015).

Hazánkban a téli- és tavaszi fagykár veszélyezteti a termésbiztonságot, ami évről évre nehéz helyzetbe hozhatja a gazdákat (Mendelné Pásztai et al, 2022; Szalay et al, 2021). Egyes területeken 3-4 évből csak egyszer lehet teljes értékű kajszitermésre számítani. Így fontos célkitűzés a jobb abiotikus stressztoleranciájú alanyok és nemesek előállítása, a fajták folyamatos fejlesztése (Mendelné Pásztai et al, 2022).

2.5.1 A kajszi nyugalmi állapota

A mérsékelt égövi lombhullató gyümölcsfák téli nyugalmi állapota (dormancia) lehetővé teszi a fák számára, hogy átvészeljék a kedvezőtlen körülményeket (Ruiz ez al, 2007) és a következő évi tenyészciklus kibontkozását elősegíti (Nyujtó és Surányi, 1981).

Ilyenkor alkalmazkodva a hideghez, a fák lombtalan állapotba kerülnek (Szalay, 2001). A kutatók három nyugalmi formát különítenek el:

- előnyugalom: a növényi részek korrelációján, kölcsönhatásán alapszik (Szalay, 2001; Németh, 2012).

- mélynyugalom: belső szabályozás váltja ki, a növényi struktúrán belül szabályozott (Szalay, 2001; Németh, 2012).
- kényszernyugalom (utónyugalom) (Nyujtó és Surányi, 1981): a környezeti hatások a szabályozó tényezők (Szalay, 2001; Németh, 2012).

2.5.1.1. Előnyugalom:

A mélynyugalom felé vezető átmeneti állapot, hozzávetőlegesen a lombszíneződés időszaka (Nyujtó és Surányi, 1981).

Hossza 1,5-2,5 hónap. Július vége és szeptember közepe között keletkeznek a virágrügy kezdemények és a keményebb hidegekig fokozatosan fejlődnek (Németh, 2012). Elmanov (1961) a kajszi virágrügy fejlődését vizsgálva leírta, hogy a virágszervek a hőmérsékleti maximum után, augusztusban kezdenek kialakulni (Szalay, 2001).

A rügy-pikkelylevelek folyamatosan fejlődnek, amik a mélynyugalmi időszakban fontos szerepet töltenek be a hideg elleni védelemben. Késő ősszel már elkülöníthetők a csésze- és szíromlevelek, a porzó- és termőkezdemények. A portokban és a termőben az előnyugalom idején még nem indul meg a szöveti differenciálódás, mert a portokkezdeményben egynemű sporogén szövetállomány, archespórium figyelhető meg, míg a termőkezdeményben az embriózsák nem alakul ki.

A megfelelő rügyfejlődés szempontjából fontos az optimális hőmérséklet és a vízellátottság (Németh, 2012).

2.5.1.2. Mélynyugalom:

A téli nyugalom az eredeti élőhely környezeti feltételeihez való adaptálódás folyamán alakult ki (Németh, 2012).

A mélynyugalomba való átmenet egy belsőleg szabályozott folyamat, amit hosszabb felkészülési időszak előz meg, amikor tápanyagok halmozódnak fel és növekszik a fagy- és télállóság (Németh, 2012). A mélynyugalom kialakulásában valószínűleg nagy szerepe van a nappalhossz rövidülésének (fotoperiodizmus) és a csökkenő hőmérsékletnek (Szalay, 2001). Időtartamát különböző kutatók fajtától függően 37 és 75 nap közé teszik (Nyujtó és Surányi, 1981).

A mélynyugalom a természetes lombhullás után veszi kezdetét, a fejlődés ekkor szinte teljesen megáll és az anyagcsere folyamatok minimálisra csökkennek a szövetekben (Nyujtó és Surányi, 1981; Németh, 2012). A rügyek gyenge légzésaktivitása és minimális nukleinsavtartalma árulkodó jel a nyugalom idejének, az energiatermelés lecsökken, a szintetizáló tevékenység megszűnik (Nyujtó és Surányi, 1981).

A termőrügyek növekedése erőteljesen lecsökken, ennek időpontja fajtánként és évjáratonként változó (Nyujtó és Surányi, 1981).

A mérsékelt égövön a lombhullató gyümölcsfák a növekedési szakasz végén hideghatás nélkül is nyugalmi állapotba kerülnének, de ősszel a korrelatív gátlási szakaszban a hideg felgyorsítja a nyugalmi állapot bekövetkeztét (Ruiz et al, 2007).

A mérsékelt égövi lombhullató fák igényelnek egy bizonyos mennyiségű hideghatást, hogy a mélynyugalom megszűnhessen. Ez a hidegmennyiség fajtánként eltér, de befolyásolja még a földrajzi elhelyezkedés, a klíma, sőt még az alany is (Németh, 2012).

A virágrügyek mélynyugalom idején is fejlődnek, ekkor 0 és +10 ° C közötti hőmérséklet szükséges és ez nem helyettesíthető fagypont alatti hőmérséklettel. Az alacsony hőmérséklet azért szükséges, hogy a rügyek alapszövetébe elegendő keményítő halmozódhasson fel. Minél hosszabb ideig tart a mélynyugalom, annál magasabb fagy-és télállóság alakul ki az adott fajtában (Nyujtó és Surányi, 1981).

Ha a hidegigény nem teljesül, tavasszal rendellenes virágok képződnek, késői rügypattanás és rügyhullás következik be (Szalay, 2001, Németh, 2012). A virágrügyek mélynyugalmának megszűnéséhez szükséges hidegmennyiséget a mérsékelt égövön 0 és +10 ° C között eltelt órák számának összegzésével szokták megadni. Westwood (1993) 300 és 1000 közötti intervallumban adta meg a szükséges órák számát. A mediterrán fajták hidegigénye 500-600 óra, de az északabbi területeken magasabb hidegigényű fajtákra van szükség (Szalay, 2001). Az eredetileg őszibarackra kifejlesztett Utah modell szerint a 1,5 ° C alatti és 12,4 ° C feletti hőmérséklet hatástalan a mélynyugalom feloldására, a két érték között van a hatékony hőmérsékleti tartomány, mely periódusban eltelt órák számának összege adja meg a chill unit (CU) értéket. Kajszinál, fajtától függően Ruiz et al. (2007) szerint 800–1200 CU érték szükséges a mélynyugalom kielégítéséhez (Németh, 2012).

A virágrügyfejlődés tanulmányozására a mikrosporogenezis vizsgálatát gyakran alkalmazzák (Szalay, 2001, 2019). Németh hat fejlődési stádiumot különített el: archesporidális, füzér, pollenanyasejt, tetrád, mikrospóra és pollen állapotot. Az archesporidális állapot egybeesik a hőmérséklet csökkenésével, ekkor a portokokban még csak differenciálatlan szövetállomány, archesporódium található (Németh, 2012). Ez az alapszövet felelős a virágpor létrehozásáért (Nyujtó és Surányi, 1981; Szalay, 2019).

A portokban történő szövetdifferenciálódás első lépése a füzérállapot (Németh, 2012). Ekkor a kialakuló pollen anyasejtek összetapadva füzérszerű képződményt alkotnak (Szalay, 2001;

Hajnal et al, 2013). Ez az állapot jelzi a mélynyugalom végét és a rügyek kényszernyugalmi állapotba kerülnek.

A mikrosporogenezis legérzékenyebb szakasza a meiosis első főfázisa, a korai mikrospóra fejlődési állapotba való átmenet. Ekkor egy lehűlés miatt a portok- és tapétumsejtek kisebbek lesznek, amik kevesebb tápanyaggal tudják ellátni a mikrospórákat, így a pollenek elhalnak. A mikrosporogenezis ütemének megfelelően különböző mélynyugalmi idejű fajták különíthetők el (Németh, 2012).

Több magyar kutató (Nyujtó és Banainé, 1975; Sebők, 1993) is vizsgálta a kajszi mikrosporogenezisét, akik az évjáratok és fajták között jelentős eltéréseket tapasztaltak. Nyujtó és Banainé (1975) szerint a mikrosporogenezis ütemének megfeleltethetően alakulnak a fajták virágzási idejei.

Solohov (1970) megállapította, hogy a kajszi virágrügyeinek fagytűrő képességének csökkenése szoros összefüggésben van a mikrosporogenezis ütemével. Szalay és munkatársai (1999) bizonyították, hogy a téli hőmérséklet befolyásolja a mikrosporogenezist és a fagytűrést (Németh, 2012).

A januárban-februárban gyakran előforduló enyhe időjárás, majd a hirtelen bekövetkező erőteljes lehűlés, illetve a nagy napi hőingás (napközben akár +10–15, majd éjszaka -10 – -15 °C) miatt fagykárak következhetnek be (Pénzes és Szalay, 2003). Az abnormális felmelegedések mélynyugalom idején zavarokat okozhatnak a porzók képződésében: kevesebb porzó és pollen, gyengébb tömlőfejlesztő képesség állhat elő. Ugyanakkor a magház és a bibe fejlődése is akadályokba ütközik, csökevényes termőből termés nem várható (Nyujtó és Surányi, 1981).

2.5.1.3. Kényszernyugalom

A mélynyugalom idején bekövetkező nagy hidegek miatt a mélynyugalom megszakad, az anyagcsere nagyon lecsökken, ekkor kényszernyugalom áll be. Ahányszor 0 °C alá esik a hőmérséklet, annyszor áll be a kényszernyugvás. A hideg elmúlása után folytatódik a mélynyugalmi fejlődés.

A kényszernyugalom alatt fagyállóság alakulhat ki. Ezt edződési fázis eredményezi, ami tartósan -10 – -15° C-os lehűlést jelent. A megedződés következtében a plazmakolloidok nem veszítenek olyan mértékben vizet, ami a kiszáradásukat eredményezné, a keményítő hidrolizálódik, cukorrá alakul, a hemicellulóz lebomlik, így az összes szénhidráttartalom emelkedik. Csökken a szabad amino- és nukleinsav tartalom is.

Származási helyén a kajszi tartós kényszernyugalma kellő fagyállóságot biztosít, ami egybeesik a zord téli időjárással. Ilyenkor akár -35°C -ot is elvisel (Nyujtó és Surányi, 1981).

2.5.2 A fák fagyállósága, fagykár kialakulása

A fagyállóságot alapvetően a fajta örökletes tulajdonságai szabják meg, de befolyást gyakorolnak a télre való felkészülés, az év időjárásának alakulása (a fagy jelentkezésének időpontja és a hőmérsékletváltozás üteme), a gyümölcsfák anatómiai felépítése és a talajviszonyok is (Szalay, 2001).

A fagy károsító hatása a sejtekből történő vízelvonáson alapszik. Lassú lehűlés esetén jégképződés történik a sejtek felületén, és a megváltozott nyomásviszonyok miatt a sejtben lévő víz diffundál a sejtfelszíni jégréteg felé, így a sejt vizet veszít, plazmolízis történik. Ha a plazmolízis gyenge, akkor felmelegedés után a sejt visszanyeri az elvesztett vizet, helyreáll a turgorállapota, viszont erős plazmolízis esetén a sejt elpusztul. A sejtben lévő víz képes túlhűlni, de nagyon erős fagy esetén a szabad víz megfagy (a kötött víz nem) ami a sejt szerkezetének tönkremenetelével jár. Gyakran bekövetkezik fagykár akkor is, amikor a lehűlés lassú, viszont a felmelegedés gyors, mert nincs idő arra, hogy a víz visszaáramoljon a plazmába (Szalay, 2001).

2.5.2.1. Alanyok hidegtűrése

A hazai viszonyok között a jól kiválasztott kajszi típusú alany gyökerének és törzsének hidegtűrése megfelelő lehet. Szilva törzset is szoktak nevelni, hogy magasan a koronába szemezzék a kajszifajtát, hogy a törzsek elfagyását kiküszöböljék (Mendelné et al, 2023).

2.5.2.2. Virágrügyek hidegtűrése

A virágrügyek sokféle szövetből épülnek fel, amiknek a fagyállósága eltér, károsodásuk mechanizmusa még nem teljesen tisztázott (Szalay, 2001).

A virágrügyeknél a legmagasabb fagyállósági érték decemberben mérhető, majd ez januárban folyamatosan csökken. A csökkenés mértéke függ az évjárat hőmérsékleti viszonyaitól, illetve a fajtától (Pénzes és Szalay, 2003).

A fenológiai folyamatok előrehaladtával a reprodukív szervek egyre fagyérzékenyebbek (Németh, 2012).

A mélynyugalom során $-12 - -14^{\circ}\text{C}$ -tól károsodnak a virágrügyek, ekkor a rügyek elfagyása, rügypergés és virágrügyrendellenességek következhetnek be. A szíromlevelek kibújásakor $-4 - -6^{\circ}\text{C}$ hőmérsékletig nem következik be károsodás, viszont a kinyílt virágok már -2°C alatti lehűlést sem viselnek el. A kajszi éppen kötődött gyümölcsei a legfagyérzékenyebbek, $0 - -1^{\circ}\text{C}$ lehűlés is már komoly veszteséget eredményezhet (Nyujtó és Surányi, 1981).

2.5.3. A kajszi fagyútírésével és hidegigényével kapcsolatos hazai és külföldi kutatások

Számos kutatás vizsgálja a kajszi virágrügyeinek fagyérzékenységét, hazánkban a vizsgálati módszereket Szalay László és munkatársai készítették elő, akik leírták, hogy az egyes fajták fagyútírésének mértéke változik a nyugalmi időszak során és a téli, tél végi hőmérsékletek befolyásolják a dormancia alakulását és a virágzás idejét is. Ennek megfelelően a különböző kajszi fajták eltérő mértékben tolerálják a tavaszi fagyokat (Mendelné et al, 2022).

Az áttelelő szervek fagyállóságát mesterséges fagyasztással szokták elemezni. A genotípusokra jellemző fagyútírási középértéket (LT_{50}) határozzák meg, amely azt a hőmérsékletet jelenti, amely az adott időpontban 50%-os fagykárosodást okoz (Hajnal, 2015; Szalay et al, 2021).

Mendelné és munkatársai 7 kajszi fajta hidegtútírását vizsgálta 2021-22-ben ('Belgarouge', 'Farbaly', 'Goldrich', 'Harogem', 'Magyar kajszi C. 235', 'Pink Cot', 'Rózsakajszi C. 1406') szabadföldi felvételezésekkel és mesterséges fagyasztásos megfigyelésekkel). Szabadföldi vizsgálatnál minden fajtából égtájaknak megfelelően 100-100 rügyet elemezve megkapták a megtermékenyítésre alkalmatlan virágok százalékos arányát. A mesterséges fagyasztásos kísérlet 2021. októberétől 2022. februárjáig tartott, havonta egyszer végezték el (5 különböző időpont) klímakamrában és minden alkalommal 4 különböző fagyasztási hőmérsékletet alkalmaztak 2°C különbséggel. A cél az volt, hogy minden fajtára megállapítsák az LT_{50} értéket, ezzel jellemezve a fagyállóságát. A szabadföldi kísérlet eredménye alapján a különböző fajták a várakozásoknak megfelelően eltérő mértékben tolerálták a virágzást megelőző erőteljesebb lehűléseket. A legkisebb mértékű fagykárt a 'Harogem' és a 'Rózsakajszi C. 1406' mutatta, a 'Magyar kajszi C. 235' átlaghoz közeli értéket mutatott. Az olasz 'Farbaly' fajta produkálta a leggyengébb eredményeket.

A mesterséges fagyasztásos kísérlet alapján bizonyították, hogy a fagyútírás időben változó tulajdonság, az 5 különböző időpontban mindig eltérő értéket mutatott. December végéig növekszik, - abban az időpontban a legfagyútíróbb a virágrügy -, majd a virágzásig folyamatosan csökken - a kinyílt virágok a legfagyérzékenyebbek. A különböző fajták fagyútírása is változik a tél folyamán (pl. a 'Magyar kajszi C. 235' decemberben még csak az 5. a ragsorban, addig februárban előlép az első helyre).

A különböző fajták fagyútírása is változik a tél folyamán (pl. a 'Magyar kajszi C. 235' decemberben a hét vizsgált fajtából mindössze az 5. helyet foglalja el a fagyútírási „versenyben”, de februárra előlép a dobogó legfelső fokára.

A két kísérlet alapján elmondható, hogy a 'Rózsakajsi C.1406' kiválóan bírja a hideget, illetve a 'Magyar kajsi C. 235' fagyűrése is jó, ha a virágzás előtt hűvös az időjárás. Meleg hőmérsékletű február-március esetén fejlődésnek indulnak virágszervek, ezáltal fokozottan érzékenyvé válnak a fagyokkal szemben. A hasonló klimatikus adottságokkal rendelkező országokból származó fajták egy része jó fagyűrésű, viszont a mediterrán fajták magyarországi termesztésre kevésbé alkalmasak, hiszen (pl. a 'Farbaly' olasz fajta is, ami a legrosszabb eredményeket produkálta) alacsony hidegigényűek és hamar kilépnek a kényszernyugalmi fázisból. Így nappali felmelegedés után érkező kisebb erélyű fagy is kárt okozhat (Mendelné et al, 2022).

Egy spanyol kísérletben három éven keresztül 10 olyan fajta ('Currot', 'Búlida', 'Bergeron', 'Orange red' - nemzetközileg ismert fajták és ezek hidegigényét különböző éghajlati feltételek mellett is vizsgálták már - és új fajtákat, mint a 'Rojo Pasió n', 'Selene', 'Murciana Dorada' és a CEBAS-CSIC sárgabaracknemesítési program két szelekcióját ('S 405/17' és 'Z 111/61')) hideg- és virágzási hőigényét vizsgálták, amelyek átfogták a kajsi virágzási idejének teljes tartományát.

A munka célja volt, hogy három egymást követő évben történő vizsgálat alapján kiszámolják az egyes kajszifajták csoportjának hidegmennyiség igényét és a virágzáshoz szükséges hőigényt.

A hidegigény becslésére szolgáló különböző módszerekkel összefüggéseket állapítottak meg az igényelt hidegmennyiség, hőigény és a virágzási idők között.

A kajszifajták jelentős eltérést mutattak a virágzási idő tekintetében; az eredmények alapján erős pozitív korreláció látszott a hidegigény és a virágzás időpontja között, valamint negatív a nyugalmi időszak megszakításához szükséges hidegmennyiség és a virágzás hőigénye között.

A hidegigény a legtöbb fajtánál 800 és 1200 közötti hidegegység (CU) volt. Az eredmények azt mutatták, hogy a nagyon enyhe telű területeken a kajszibarack kisebb eséllyel termesztethető (Ruiz et al, 2007).

2.6. A kajsi beltartalmi értéke

A gyümölcs rostokban, olajban, fehérjében, oldható cukrokban, zsírsavban és karotinoidokban gazdag, értékes fenol, pektin és ásványi anyag forrás.

Mono- és poliszacharidokból a gyümölcshúsban fajtától és földrajzi elhelyezkedéstől függően különböző arányban szacharózt, glükózt és fruktózt, esetenként szorbitot, fruktóz-inozitot és maltózt találtak. A magban mannózt, glükózt, glükuronsavat és szacharózt, a sejtfalban

pektint, arabinózt és galaktózt azonosítottak. A hámozatlan minták gazdagabbak voltak cukorkomponensekben, ramnózt, fukózt és xilózt is tartalmaztak.

Különböző fajtáknál a mag olajában a legfőbb zsírsav komponensek az olajsav, linolsav, palmitinsav és esetenként a sztearinsav (Erdogan-Orhan és Kartal, 2010).

Ásványi anyagok közül főleg káliumot, kalciumot, vasat, magnéziumot, cinket, foszfort és szelént tartalmaz (Leccese, 2007).

A karotinoidok közül a β -karotin volt a legfőbb komponens, a teljes karotinoid tartalom több mint 50%-át tette ki. Ezen kívül kisebb mennyiségben tartalmaz még α -karotint, γ -karotint, zeaxantint és luteint is (Dragovic-Uzelac, 2006).

Fenolos vegyületek közül a klorogénsav, katechin, epikatechin és rutin a legjelentősebb, de sok más ugyanebbe a csoportba tartozó vegyületet is tartalmaz (Göttingerová et al, 2021).

2.7. Molekuláris markerek

A molekuláris marker olyan DNS szekvencia, amely a kromoszóma egy ismert lókusza közelében található, vagy egy gén, amelynek fenotípusos kifejeződése gyakran könnyen felismerhető és egy egyed azonosítására vagy próbaként használják kromoszómák sejtmagok és lókuszok jelölésére.

A markerek polimorfizmust mutatnak, amik a genom lókuszaiban a nukleotidok kicserélődéséből vagy a mutációiból eredhetnek és genetikai különbségek azonosítását teszi lehetővé az egyedek és fajok között. A molekuláris markereket sok területen felhasználják, például a genetikai térképezésnél, apai vizsgálatoknál, örökletes betegségekhez köthető mutáns gének azonosításánál, fajtaazonosításnál, marker aszisztált nemesítésnél, epidemiológiában, népességtanulmányokban (Idrees, 2014).

A molekuláris markerek fejlődése jelentős hatást váltott ki a növény-nemesítésben és bőségük miatt széles körben használtak, például kapcsoltsági térképek készítésére, fajtákon és csíraplasmákon belüli genetikai variációk elkülönítésére (Kondrostami és Rahimi, 2015). A genetikai variációk kimutatása és elemzése segíthet megérteni a növényekben előforduló jelenségek alapját. A molekuláris markerek a fenotípusokkal való összefüggésük a szükséges mérőföldköveket adják a genetikai variációk tisztázásához (Agarwal et al, 2007). A DNS alapú markerekből több van, mint fenotípusos karakterekből és általában függetlenek a környezeti tényezőktől (Amom és Nongdam, 2017) és polimorfaknak és minden szövetben és szervben a különböző fejlődési állapotokban is kimutathatónak kell lenniük (Kondrostami és Rahimi, 2015).

A DNS alapú markereknek két kategóriája van: az egyik hibridizáción alapszik (RFLP), a másik a PCR alapú markerek (pl. RAPD, AFLP, SSR, SNP, EST stb.). Az ideális markerek az alábbi tulajdonságokkal bírnak:

- erős polimorf természettel kell rendelkezniük, mert a genetikai diverzitás vizsgálatok a polimorfizmust mérik;
- kodomináns öröklődés: a diploid szervezetek homozigóta vagy heterozigóta állapotának meghatározása;
- Gyakori előfordulás a genomban: a markereknek egyenletesen és gyakran kell eloszlaniuk a teljes genetikai állományban
- Szelektív semleges viselkedés: bármely organizmus DNS szekvenciája a környezeti feltételekre és kezelési gyakorlatokra nézve semleges;
- Könnyű hozzáférés: könnyen és olcsón felismerhető;
- Egyszerű és gyors vizsgálat;
- Magas reprodukálhatóság;
- A laboratóriumok között könnyű adatcsere;
- Elégséges felbontást biztosít a genetikai különbözőségről;
- Kis mennyiségű szövet- és DNS mintát igényel;
- Különböző fenotípusokhoz kapcsoltak
- Nincs szükség előzetes információra az organizmus genomjáról.

Sajnos egy molekuláris marker sem felel meg az összes feltételnek. A markertechnikák eltérnek egymástól fontos tulajdonságokban, mint genomi gyakorisági előfordulás, polimorfizmus szintek reprodukálhatóság és technikai költségek (Kundan et al, 2014; Agarwal et al, 2007).

A következőkben népszerű molekuláris markerekről, illetve azok kajsziában való alkalmazásáról készítettem áttekintést.

2.7.1 RFLP

Az RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism) a legszélesebb körben használt hibridizáción alapuló molekuláris marker. 1975-től használják és eleinte a humán genom térképezéséhez vették igénybe, később kezdték el alkalmazni a növényi genomok vizsgálatában (Semagn et al, 2006).

Az RFLP technika a DNS minták specifikus restrikciós endonuklázal való emésztésével feltárja a DNS szekvenciák közötti eltéréseket a különböző bázispár méretű/hosszúságú fragmentumok jelenlétének vagy hiányának megállapításával (Amiteye, 2021). A restrikciós

emésztéssel keletkezett fragmentumok száma és mérete egyed, populáció és faj szintjén eltéréseket mutathatnak (Semagn et al, 2006).

A restrikciós endonukleázok baktériumokból izolált enzimek (Amiteye, 2021; Semagn et al, 2006). Mindegyik restrikciós enzim egy specifikus és jellegzetes DNS szekvenciát ismer fel (Jones et al, 1997), ezek 4, 6 vagy 8 bázispár hosszúságúak és valahányszor találkozik az enzim ezekkel a szekvenciákkal, a dupla szálú DNS-t elhasítja (Semagn et al, 2006).

Az RFLP módszerrel nemcsak a restrikciós enzimmel történő emésztés után kapott DNS-fragmentumok méretbeli különbségét lehet kimutatni, hanem az inszerciót, deléciót és bázisváltást is (Hajósne Novák, 1999). Akár egyetlen nukleotidnyi változás is kialakíthat vagy tönkretelhet restrikciós helyeket, így a mutációk eltéréseket okozhatnak a restrikciós helyek számában (Jones et al, 1997).

Az eljárás lépései az alábbiak:

1. Sejtmagi DNS izolálása lehetőleg osztódó növényi szövetből, leggyakrabban fiatal csíranövények friss leveléből (Hajósne Novák, 1999; Amiteye, 2021).
2. a DNS emésztése egy vagy több restrikciós enzimmel
3. a restrikciós fragmentumok elválasztása agaróz gélelektroforézissel
4. az elválasztott fragmentumok agaróz gélről filterre való átvitele Southern blotolással
5. Egyedi fragmentumok érzékelése jelölt próbákkal történő nukleinsav hibridizációval
6. Autoradiográfia (Semagn et al, 2006).

Az RFLP analízis magas DNS igénye miatt **elegendő mennyiségű DNS kinyerésére van szükség**. Emiatt **egyes esetekben PCR-t** alkalmaznak, a kérdéses DNS-szakaszt amplifikálják, hogy megfelelő mennyiségű DNS-t nyerjenek, amely szükséges a hatékony RFLP-elemzéshez (Amiteye, 2021).

A DNS-t általában olyan restrikciós endonukleázzal emésztetik meg, ami 6 bázispár hosszúságú, jellegzetes DNS molekulát ismer fel, mert az 200 - 20000 bp méretű fragmentumokat produkál, amiket egyszerű agaróz gélelektroforézissel el tudnak választani egymástól. Ha 4 bázispárt felismerő enzimet választanak, az túl kis méretű fragmentumokat eredményezne, ahhoz, hogy azokat agaróz gélen szeparálhassák el egymástól, ekkor a körülményesebben előállítható poliakrilamid gélelektroforézist kellene alkalmazni az elválasztási folyamathoz (Semagn et al, 2006).

Az elektroforézis után a DNS fragmentumokat egyszálúsítjuk és a gélről nitrocellulóz membránra visszük át, ezt hívjuk Southern blottnak. A denaturált DNS a membránhoz tapad, ahol azok hibridizálnak egy jelölt, egyfonalas DNS-próbával (Hajósné Novák, 1999). Általában a próbákat radioaktív izotópokkal jelölik (Amiteye, 2021), jellemzően ^{32}P izotópot vagy biotint használnak a jelölésre. Ezzel a lépéssel tesszük a DNS szakaszt láthatóvá (Pedryc, 2008). A próbák állhatnak cDNS-ből és gDNS-ből. A gDNS-t az összes kromoszómális DNS restrikciós emésztével és a kapott fragmentumok vektorba klónozásával állítjuk elő (Hajósné Novák, 1999).

Radiotív próbák használata során a megjelenítéshez röntgen vagy fényképezési filmet használnak, amelyen a próbákból származó radioaktív bomlástermék látható sávokat eredményez. A próbával komplementer fragmentumokat sávok formájában látjuk a filmen. Ha két egyed olyan restrikciós fragmentumban különbözik, amely homológ a próbával, akkor a megfelelő sávok különböző helyen lesznek az autoradiogramon és ezáltal polimorfizmust tapasztalható. Viszont a próbával homológ restrikciós fragmentumban a két egyed között nincs különbség, akkor a sávok azonos helyen lesznek, így monomorf mintázatot kapunk (Hajósné Novák, 1999; Semagn et al, 2006).

Előnye a technikának, hogy az RFLP markerek nagy mennyiségben vannak jelen és véletlenszerűen oszlanak el a genomban és nagymértékben reprodukálhatóak (Amiteye, 2021). Kodomináns öröklődést mutatnak (Hajósné Novák, 1999; Semagn et al, 2006, Amiteye, 2021; Pedryc, 2008; Velich, 2001). Függetlenek a génexpressziótól és a környezettől, elvben valamennyi mutációs eseményt képesek jelezni (Hajósné Novák, 1999) és a laboratóriumok között egyszerűen kivitelezhető az adatcsere (Semagn et al, 2006).

Hátránya a technikának, hogy mára elavultnak minősül (Amiteye, 2021). Idő-, munka és költségigényes (Pedryc, 2008; Amiteye, 2021; Semagn et al, 2006; Hajósné Novák, 1999). Nem automatizálható és magas a DNS anyagigénye (Amiteye, 2021; Semagn et al, 2006) és nem utolsó sorban emberi egészségre káros radioaktív anyagok használatát feltételezi az eljárás (Pedryc, 2008; Hajósné Novák, 1999).

2.7.1.1. Az RFLP technika alkalmazása kajsziban

Egy spanyol kísérletben 33 mandula genomiális és cDNS próbával vizsgálták 52 európai (spanyol, francia, olasz, görög) és észak-amerikai kajszibarack fajta RFLP polimorfizmus szintjét. A kapott értékekkel tisztázták a kajszifajták genetikai terjedelmét és megoszlását és azok nemesítésbe történő vonásukat (de Vicente et al, 1997).

2.7.2. AFLP

Amplified fragment length polymorphism (AFLP), egy hatékony DNS ujjlenyomat technika, ami bármely organizmushoz használható bármilyen szekvencia előismeret nélkül. A genomi DNS-t 2 különböző restrikciós enzimmel emésztik, melyek közül az egyik általában egy ritkán vágó, a másik egy gyakran vágó enzim (Vuylsteke et al, 2007). A szekvencia töredékekhez adaptereket kapcsolunk és az adapternek megfelelő, de random végződésű primerek segítségével PCR-rel amplifikáljuk azokat. (Málnás et al, 2006). A primerek a 3' végükön szelektív nukleotidokat hordoznak, a restrikciós fragmentumok egy specifikus részhalmozainak amplifikációját lehetővé téve (Ajmone-Marsan et al, 1997). A fragmentumok méret szerinti elválasztásához és vizsgálatához poliakrilamid gélelektroforézist és kapilláris elektroforézist használhatunk (Liu, 2007; Málnás et al, 2006). Előnye ennek a technikának, hogy lókuszok százait tudjuk egyidejűleg elemezni egyetlen primer kombinációval. A markerek öröklődése mendeli törvényeknek felel meg. Nem igényelnek előzetes genetikai információkat, és bármely fajban használhatóak genetikai elemzésre. Multi-lókusz, akár teljes genom szélességű lefedettséget biztosít a genetikai variációk tesztelésére (Liu, 2007).

Hátránya, hogy vannak korlátai, pl.: amennyiben alacsony (90% alatti) a minták közötti átfogó szekvencia homológia, az AFLP ujjlenyomat technika kevés közös fragmentumot képes produkálni. Baktériumokban alacsony szinten a rokonságot az AFLP technika képtelen kimutatni, így összehasonlító genom analízisre alkalmatlan. A kevés szekvencia variációt eredményező marker felderítés a genomi DNS-ben, a polimorfizmusra tesztelhető nagy fragmentumszám ellenére kedvezőtlen technikának nevezhető. Ezekre az esetekre azon markerrendszereket ajánlják, amelyek az AFLP-t kombinálják mikroszatellittekkel (Vuylsteke, 2007).

2.7.2.1. Az AFLP technika alkalmazása kajsziban

Egy francia kísérletben genetikai diverzitást vizsgáltak AFLP markerrel kajsziban. Negyvenhét kajszifajtát vizsgáltak világszerte 5 *EcoRI-MseI* AFLP primer kombinációval.

A vizsgálat másik részében alfajokat és közeli rokon fajokat hasonlítottak (*P. armeniaca* var. *ansu*, *P. mume*, *P. brigantiaca*, *P. dasycarpa* and *P. holosericea*) össze a közönséges kajszival (*P. armeniaca*). A Neighbor Joining dendrogramot a hasonlósági mátrix segítségével készítették el (Hagen et al, 2002).

2.7.3. RAPD

A RAPD (Random Amplification of Polymorphic DNA) egy általánosan használt molekuláris marker technika, amit a genetikai diverzitás vizsgálatoknál használnak. Williams és

munkatársai írták le 1990-ben (Hadrýs et al, 1992) ezt a módszert. Nem igényel előzetes szekvenciaismeretet (Kumar és Gurusubramanian, 2011).

Egy primert használ, tetszőleges nukleotid szekvenciával. A reakcióban két különböző helyhez kapcsolódnak a primerek az ellentétes DNS templát szálakon. Ha a primer kapcsolódási helyek egymástól amplifikálható távolságon belül vannak, termociklikus amplifikációval különálló, egyedi DNS termékek keletkeznek (Tingey et al, 1994).

A szintetikus primerek rövid, 10 nukleotid hosszúságú, véletlenszerű szekvenciák és alacsony annealing hőmérsékleten szaporítja fel a nanogram mennyiségű teljes DNS-t (Bardakci, 2000).

Amikor a primer rövid, nagy a valószínűsége annak, hogy a genom tartalmaz olyan helyeket, amik fordított orientációjúak, egymáshoz közel vannak és ahová a primer be tud kötődni. Így a technika lényegében ezeket a kis, ellentétes irányú ismétlődéseket tapogatja le a genomban és amplifikálja a közbeeső, változó hosszúságú DNS szakaszokat (Hadrýs et al, 1992), előre nem prognosztizálható fragmentum fog felszaporodni (Velich, 2001).

Ahhoz, hogy mindkét DNS szálát felszaporíthassuk, a primerrel komplementer szekvenciáknak mindkét szálon 2 kilobázispárnyi távolságon belül kell lenniük, mert a PCR-rel általában ekkora fragmentumot lehet felszaporítani (Hajósné Novák, 1999).

Etídium-bromiddal festett agaróz gélelektroforézissel választják el a PCR termékeket. A dekamer primereket kereskedelmi forgalomban sok forrásból beszerezhetőek. Az AP-PCR (Arbitrary Primed Polymerase Chain Reaction) és a DAF (DNA Amplification Fingerprinting) technika több szempontból is hasonlít a RAPD technikához. Mindkettő egyetlen véletlenszerű oligonukleotidot használ primerként és nem igényelnek előzetes szekvenciaismeretet az elemzésekhez. Különbséget a primerek hossza az amplifikációs körülmények és a megjelenítési módszerek jelentenek.

Az AP-PCR-t Welsh és McClelland (1990) egymástól függetlenül fejlesztették ki. Tizenöt nukleotid hosszúságú primereket használtak és a RAPD-tól különböző amplifikáció és elektroforetikus körülményeket biztosítottak a technikához.

A DAF technikánál 10 nukleotidnál rövidebb primereket használnak, és a komplexebb DNS ujjlenyomat profilokat állítanak vele elő (Bardakci, 2000).

A RAPD technikával a genetikai ujjlenyomat és polimorfizmus mellett vizsgálható a genotípus gyűjtemény rokonsági kapcsolatai is. Előnye a technikának amellet, hogy nem igényel előzetes szekvenciaismeretet, hogy egyszerű és aránylag kis genetikai eltérések is

vizsgálhatók vele. A technika alkalmazásával sikeresen becsültek genetikai kapcsolatokat kajsziiban, eperben és fügében (Ercils et al, 2009).

Hátránya a technikának az alacsony reprodukálhatóság, ami az reakciókörülményekre való érzékenységnél és a különböző DNS fragmentumok közötti versengésből adódnak. Ezen felül a dekameres primerekben történő egyetlen bázispárnyi változás az amplifikált fragmentumok teljes megváltozását okozhatják, különösen, ha a változás a 3' végen történik, de a templát oldalán bekövetkező változás is hasonló következményekkel jár (Lessels és Mateman, 1997). Továbbá a RAPD-ok domináns markerek, ezért heterozigóta genotípusok kimutatására nem alkalmasak (Hajósne Novák, 1999; De Wolf et al, 2003). Mindemellett a RAPD nem olyan véletlenszerűen szűri a genomot, mint ahogy az várható volna. A legtöbb RAPD primer magas GC tartalmú, amely az alacsony hőmérsékleten történő sikeres tapadáshoz, szükséges. Ez azt eredményezi, hogy a primerek hajlamosak a GC-ben gazdag régiókhoz kötődni, amelyek a genomban nem egyenletesen oszlanak el. Végül az amplifikáció véletlen természetének köszönhetően sejtmagi és organelumi DNS is felszaporítható a PCR során (De Wolf et al, 2003).

2.7.3.1 A RAPD technika alkalmazása kajsziiban

A RAPD markereket több kajsziibarackhoz kötődő kísérletben is használták:

- Egy japán kísérletben kajszi fajták és hozzájuk kapcsolható fajok, mint a *P. sibirica* és *P. brigantina* osztályozására és a polimorfizmus megállapítására RAPD elemzést hajtottak végre. Harminchárom fajtát és a két kapcsolódó fajt teszteltek RAPD markerekkel, valamint klaszteranalízissel és harmadik típusú kvantifikációs módszerrel osztályozták őket. Kétszázhuszonöt Operon primerből választották ki a 18 legalkalmasabb primert, amik többszörös polimorfizmust tudtak felmutatni (Toshihide et al, 1998).
- Egy amerikai kísérletben egy projekt részeként számos 10 bázispár hosszú primert szűrték, hogy félvad pakisztáni kajszi populációkban RAPD-okat azonosítsanak. Továbbá a reakciókörülményeket úgy alakították, hogy következetes eredményeket kaphassanak és 7 primert azonosítottak, ami következetesen polimorfizmust tudott produkálni (Gogorcena és Parfitt, 1994).
- Egy törökországi kísérletben 23 kajszi fajta közötti genetikai kapcsolatok vizsgálatára RAPD technikát alkalmaztak, 40féle primert használtak. A közeli kapcsolatban álló genotípusok közötti feltárt eltérések jelzik, hogy a RAPD markerek hatékonyabbak a

morfológiai és az izozim markereknél a genetikai kapcsoltsági térképek előállítását illetően (Ercisli et al, 2009).

2.7.4. CDDP

Collard és Mackill, a technika kifejlesztői rizs genotípusok polimorfizmusának meghatározására használták először a módszert 2009-ben és a primer szekvenciákat különböző növényfajok jól ismert génjének protein szekvenciái alapján állították elő (Collard és Mackill, 2009; Liu, 2020).

Hosszabb, 15-19 bázispár méretű primereket, illetve magasabb annealing hőmérsékletet (50 °C) használ, mint a RAPD módszer, továbbá a primerekben 60%-nál nagyobb GC tartalmaznak, amellyel növeli a technika reprodukálhatóságát (Hajibarat et al, 2015; Collard és Mackill, 2009). Ez a módszer gén régióra fókuszál, ami QTL-térképezésnél előnyösebb, mint a random markerek. Rövid konzervált szekvenciákat céloz meg, amelyek több helyen szerepelnek a növényi genomban, ezek sok primerkötő helyet biztosítanak (Collard és Mackill, 2009). Általában olyan funkcionális géneket keresnek, amely a növények fejlődéséért és az abiotikus vagy biotikus stresszre adott válaszáért felelősek (pl. olyan feltételezett doménekhez, mint auxin kötő fehérjék, a fejlődésért felelős transzkripciós faktorok, gyümölcsérésért, másodlagos anyagcseréért, sejt morfogeneziséért felelős régiók). Olyan markerek fejleszthetők, amelyek fenotípusosan tulajdonságokhoz kötődnek (Igwe et al, 2021). Egyetlen primerrel dolgozik, amely forward és reverz primerként is szolgál (Saidi et al, 2018), ezenkívül a funkcionális gének konzervatív régióihoz kötődve, akár a teljes genomot is amplifikálhat (Liu, 2020). Genetikai diverzitás (GD) vizsgálatára és populáció értékelésre használják és nagyon hatékony, költséghatékony módszer. Agaróz gélt használnak a kiértékeléshez (Igwe et al, 2021). Univerzális (sok fajnál használható) módszer, magas polimorfizmus, sokoldalúság és stabilitás jellemzi (Golian et al, 2022; Liu, 2020; Igwe et al, 2021). Ismert génekhez köthető funkcionális domének esetében informatív sáv mintázatot képes nyújtani, ami genetikai térképezésnél, genotípus gyűjtemény genetikai diverzitás vizsgálatoknál jól használható. A CDDP markertechnika képességeinek köszönhetően funkcionális markerek (FM-ek) generálhatóak, amik adott növényi fenotípusos expresszióval társíthatóak (Igwe et al, 2021). Különböző növények, gombák genetikai vizsgálatához, tulajdonságainak és terméseinek javítására is használták már ezt a technikát pl., *Rosa rugosa*, *Chrysanthemum* és pünkösdi rózsa fajták, datolyapálma, csicseriborsó (Hajibarat et al, 2015), rizs, áfonya, (Igwe et al, 2021; Liu, 2020, Jiang és Zang, 2017), késői laskagomba (Golian et al, 2022), stb. esetében.

Használatuk egyszerű domináns markerek helyettesítésére, vagy éppen azokkal együttesen javasolt, illetve olyan laborok számára lehet kedvező az alkalmazásuk, amik az agaróz gélelektroforézist preferálják a kiértékeléshez (Collard és Mackill, 2009).

2.7.5 SSR

Mikroszatellitek vagy SSR-ek (Simple Sequence Repeats – egyszerű szekvencia ismétlések) a növényi funkcionális genomika egyik leginformatívabb és többcélú genetikai markere (Taheri et al, 2018).

Ezek DNS szakaszok, amik rövid, egymás után elhelyezkedő (tandem) ismétlődéseket – mono-, di-, tri-, penta-, és hexanukleotidokat – tartalmaznak. Az SSR-ek a prokarióta és eukarióta genomokban is fellelhetők, és azok teljes terjedelmében eloszlának (Duran et al, 2009, Zalapa et al, 2012; Kalia et al, 2010). Előfordulnak a kódoló és nem kódoló genomi régiókban is és a sejtmagi genomon kívül a mitokondriális és kloroplasztisz genomban is megtalálhatóak (Kalia et al, 2010; Taheri et al, 2018). A növények AT, illetve AA/TT (Hajósné Novák, 1999), míg az állatok AC ismétlődésekben gazdagok (Kalia et al, 2010). Vannak tökéletes ismétlődések (perfect repeats), amik megszakítás nélküliek, és tökéletlen ismétlődések (imperfect repeats), amiket nem ismétlődő nukleotidok szakítanak meg, és összetett ismétlődések (compound repeats), ahol kettő vagy több SSR határos egymással. Ezek kombinációi is előfordulhatnak, pl. tökéletlen ismétlődések kombinációja (Duran et al, 2009).

A tandem ismétlődő SSR tömböknek magas a mutációs rátája (10^{-7} – 10^{-3} mutáció/lókuszt/generáció). Ezért az ismétlődő egységek száma eltérő lehet a genotípusokban, ami miatt az SSR-ek magas polimorfizmust mutatnak és emiatt ezen markerek genetikai elemzésre alkalmasak. Általában az ismétlődő egységek magasabb száma nagyobb genotípusos változatossággal társul és a rövidebb (pl. dinukleotidos) motívumok több ismétlődést tartalmaznak, mint a hosszabb (pl. tetranukleotidos) motívumok (Zalapa et al, 2012; Taheri et al, 2018).

Bármilyen változás az SSR-ben az ismétlődés számban növekedést vagy csökkenést eredményezve a mutációs rátával összefüggésbe hozható. A mikrosatellit genézis egy evolúciósan dinamikus folyamat, ami bizonyítottan rendkívül komplex. A mikrosatellit keletkezés lehetséges magyarázatai pl.: egyszálú DNS megcsúszása, a dupla szálú DNS rekombinációja (egyenlőtlen crossing over és gén konverzió), mismatch (rossz párosodás) /kettős szál szakadás javítása (Kalia et al, 2010).

A rövidebb ismétlődő motívumok nagyobb valószínűséggel rossz párosodást idézhetnek elő a szálmegcsúszással (ezt dadogásnak is nevezik) és ez a PCR alkalmazása során genotípezési hibához vezethet (Zalapa et al, 2012), ugyanakkor a hosszabb és tökéletes SSR lokuszok feltűnő allélikus változást, fluktuációt mutat (Taheri et al, 2018).

A mikroszatelliteket határoló régiók egy fajon belül általában konzervatívak, és ezen konzervatív szakaszokkal komplementer szállal megegyező primerekkel a közbeeső mikrosatelliteket PCR-rel amplifikálni tudjuk az adott faj összes genotípusában. A fragmentumokat agaróz gélen elválaszthatjuk és etídium-bromiddal tehetjük láthatóvá. A mikrosatellit primerekkel való amplifikációt jelölt PCR-nek vagy STS-PCR-nek (Sequence-Tagged-Site) nevezzük. Ezzel a módszerrel a nukleotid ismétlődések számában lévő eltéréseket lehet vizsgálni (Hajósné Novák, 1999).

Az SSR-ekről kezdetben azt gondolták, hogy evolúciósan semlegesek, de az új bizonyítékok alapján elképzelhető, hogy fontos szerepet játszanak a genomiális fejlődésben és a rekombináció alkalmával hotspotokat biztosíthatnak. Néhány SSR-nek funkcionális szerepet is tulajdonítanak, ezekről úgy gondolják, hogy részt vesznek gének kifejeződésében, szabályozásában és funkciójában és azt találták, hogy a nukleáris fehérjékhez hozzákötődnek és transzkripcionális aktiváló elemként működnek. Mára az SSR nem-kódoló régióinak funkcionális jelentőségét bizonyítékokkal támasztották alá (Duran et al, 2009).

A mikrosatellit markereket marker segítette szelekcióra (MAS) (Weising et al, 1998; Legesse et al, 2006; Kaila et al, 2010; Taheri et al, 2018), kapcsoltsági-, vagy QTL (quantitative trait loci) térképezésre, filogenetikai vizsgálatokra, pozicionális klónozásra, genetikai divergencia becslésére, genotípus profilozásra és haplotípusok meghatározására is alkalmazzák (Zangar et al, 2015; Taheri et al, 2018), betegséggel asszociált allélek kimutatása, törvényszéki és népeségtörténeti vizsgálatokra (Duran et al, 2009). Genetikai változatok populáción belüli és populációk közötti felmérésére is igénybe veszik és sok vizsgálatot indítottak fajok széles körére kiterjedően a genetikai diverzitás leírására (Duran et al, 2009). Szoros kapcsolatban álló növényfajok, vagy akár egyetlen faj alpopulációinak rokonsági fokának elemzésére is jól használhatóak (Kuleung et al, 2003).

Mikrosatellitek fejleszthetők közvetlenül genomi DNS könyvtárakból, de alternatív megoldásként publikus adatbázisokból (pl. Genbank, EMBL) és fajok közötti átvihetőségen keresztül is mikrosatellit markerekhez juthatunk. Nagyszámú SSR marker elérhető a teljesen megszekvenált növényi genomokból (Kaila et al, 2010).

Előnyei a markertechnikának, hogy:

- bőségesen előfordul a genomban (Legesse et al, 2006; Kuleung et al, 2003)
- Egyenletes eloszlás a genomban (Legesse et al, 2006)
- kodomináns öröklődésűek (Kuleung et al, 2003; Taheri et al, 2018; Duran et al, 2009)
- erős polimorfizmust mutathat (Legesse et al, 2006; Duran et al, 2009)
- multiallélikus (Legesse et al, 2006; Zalapa et al, 2012)
- magas reprodukálhatóság (Duran et al, 2009; Taheri et al, 2018)
- könnyű vizsgálni PCR-rel (Kuleung et al, 2003)
- kis mennyiségű DNS-t igényel (elég akár 1 ng/reakció) (Zalapa et al, 2012; Taheri et al, 2018; Duran et al, 2009)
- fajok között átvihető, vizsgálható (Taheri et al, 2018; Zalapa et al, 2012; Duran et al, 2009)
- automatizálható a folyamat (Duran et al, 2009).
- laboratóriumok között jó átvihetőség (Zalapa et al, 2012)

Hátrányai a markerek fejlesztésének:

- költséges és nagy kutatói tapasztalatot igényel (Kuleung et al, 2003; Taheri et al, 2018).
- a szekvenciák előzetes jellemzésére van szükség (Zalapa et al, 2012)
- időigényes (Taheri et al, 2018).

Manapság a nagyteljesítményű szekvenálotechnikák elérhetősége lehetővé tette a kutatók számára, hogy alacsonyabb költségen és erőfeszítéssel jelentős számú mikroszatelliteket azonosítsanak (Taheri et al, 2018).

2.7.5.1. Az SSR technika alkalmazása kajsziban:

1. Egy amerikai-ukrán kísérletben harminc őszibarack SSR-rel dúsított genom könyvtárból és őszibarack BAC könyvtárjából fejlesztett SSR primer kombinációt teszteltek kajszira. Az őszibarack primerekkel amplifikálták a kajszi DNS-ét, hogy:

- Megvizsgálják a fajták SSR polimorfizmus mintázatát, hogy megállapítsák, hogy a fajtáknak egyedi SSR profilja van-e
- A különböző ökológiai tényezők és etnikai termesztési hagyományok hatására létrejött őshonos kajszibarack genetikai kapcsolatait vizsgálhassák
- Megbecsülhessék a sárgabarack genotípus gyűjteményben az ökogeográfiai csoportok és alcsoportok közötti és azokon belüli eltérések mértékét (Zhebentyayeva et al, 2003).

2. Nyolc spanyolországi, észak-amerikai, franciaországi és görögországi kajszibarack fajta és az INRA (Avignin, Franciaország) kajszis nemesítési program nemesítési vonalának és a CEBAS-CSIS (Murcia, Spanyolország) nemesítési programjának 13 nemesítési vonalának és 3 új, köztermesztésbe hozott fajtájának molekuláris jellemzésére tizenhét őszibarack SSR markert használtak. DNS ujjlenyomatot fejlesztettek ki, hogy megállapíthassák a 8 fajta, a 3 új genotípus és a nemesítési vonalak közötti genetikai rokonságot. Az SSR markerek eredményeit összehasonlították az ismert származással, pedigrével (Sanchez-Perez et al, 2004).

3. Egy tunéziai kísérletben 47 helyi kajszis fajta genomját 32 polimorf mikroszatellit markerrel elemezték. A vizsgálat céljai az alábbiak voltak:

- felmérni az egyéb *Prunus* fajokból nyert primerek alkalmazhatóságát és polimorfizmusát a tunéziai kajszis fajták esetében
- feltárni a tunéziai fajták genetikai diverzitásának és kapcsolatának molekuláris alapjait
- megbecsülni a feltérképezett SSR markerek használatának hatását a tunéziai kajszis genotípus gyűjtemény diverzitás mintázatára, összehasonlítva az előző tanulmányokban használt véletlenszerű markereivel (Bourguiba et al, 2010)

4. Egy kínai tanulmányban a Hszincsiang-Ujgur Autonóm Területen található Ili-völgy három vad kajszis populációját (Xinyuan, Gongliu and Daxigou) vizsgálták SSR markerekkel. Ezen markereknek a *Prunus* fajok közötti jó átvihetősége és magas polimorfizmusa miatt hatékonyan használhatóak a vad kajszis fajok genetikai diverzitás vizsgálatára. Más *Prunus* fajokra kifejlesztett SSR primerekkel 81, az Ili-völgy különböző pontjairól származó vad kajszis genotípus DNS-ét felszaporították, hogy a genetikai szerkezetüket elemezhessek. A munka célkitűzései az alábbiak voltak:

- A más *Prunus* fajokból származó SSR primerek polimorfizmusának és vad kajszikra való átvihetőségeinek a felmérése
- vad kajszis három vad populációinak genetikai változatainak terjedelmét és a köztük lévő genetikai távolságok megbecsülése.
- a 3 populáció kötötti génáramlás megbecsülése és a génáramlás fő vektorának tisztázása.
- az eredmények elősegítsék az értékes természeti erőforrások megőrzését
- felfedezzék az értékes tulajdonságokat és géneket (He et al, 2006).

3. Anyag és módszer

3.1. Növényanyag

A Mellékletek 8.1.6 alfejezetében részletezett 18 kajszi genotípus fiatal leveleit kaptuk vizsgálati anyagul a Magyar Agrár-és Élettudományi Egyetem Kertészettudományi Intézet Ceglédi Kutatóállomásától. Ezen növényi részekből történt a DNS kivonása és további vizsgálata. A folyamat minden lépése során az alábbi sorrendben alkalmaztuk a genotípusokat, melyet 1.táblázat mutatja be.

1. táblázat: A kísérletben használt 18 genotípus neve

A genotípus sorszáma a vizsgálatunk során	Genotípus neve
1.	Bergeval
2.	Rózsakajszi C. 1406
3.	Bergeron
4.	Gönci 83
5.	Ceglédi szilárd
6.	Ceglédi zamatos
7.	Magyar kajszi C. 256
8.	Ceglédi bájos
9.	Ceglédi C. 307
10.	Ceglédi bíborkajszi
11.	Farclo
12.	Harcot
13.	Harval
14.	H-IV.2/14.
15.	H-III.10/21
16.	H-II.45/58
17.	H-II.50/58
18.	Tsunami

3.2. A DNS kivonás lépései

A DNS kivonást a NucleoSpin® Plant II DNS kivonó kit protokollja alapján végeztük. Lépései az alábbiak:

1. Tizenhét mintaszámnak megfelelő csövet készítünk elő. A csövekbe egyenként 400 µl PL1 puffert pipetázunk.

2. Tiszta mozsárba kimérünk analitikai mérlegen 100 miligramm fagyasztott levélmintát.
3. Spatulával PVP-t teszünk a levélhez, rámérünk egy kanálka folyékony nitrogént és porrá morzsoljuk a leveleket. Oda kell figyelni arra, hogy a mintánk ne olvadjon ki, ezért a folyékony nitrogén adagolását annyiszor ismételjük, amennyiszer szükséges. Célunk, hogy minél finomabb porrá zúzzuk a levelet, hogy minél több mennyiségű DNS-t vonjunk ki.
4. Tiszta spatulával a kimért PL1 pufferba belekaparjuk a porrá zúzott levelet.
5. Négy µl RNÁzt teszünk hozzá és vortexeljük a mintát.
6. Vízfürdőbe tesszük a mintát tartalmazó csövet, 30 percen keresztül 65 °C-on inkubáljuk.
7. A vízfürdő végeztével centrifugáljuk a mintát 5 percig 11 000-es fordulatszámon (g).
8. Új csövet készítünk elő, lila színű szűrővel. A folyadékot átpipettázzuk ebbe és 2 percig centrifugáljuk 11 000-es fordulatszámon (g).
9. A szűrőn átfolyt folyadékra van a továbbiakban szükségünk, így a szűrőt a maradékkal eltávolítjuk.
10. Új csövet készítünk elő, amibe 450 µl PC puffert pipettázunk. Ebbe átpipettázzuk a szűrőn átfolyt mintát.
11. Ismét új csövet készítünk elő, amelyekbe zöld, silica membránnal ellátott oszlopot helyezünk. Ezekre az oszlopokra a mintából 650 µl -t átpipettázunk és centrifugáljuk 1 percig. A DNS a silica membránra rákötődik. A cső aljára átfolyt folyadékot kiöntöm. A maradék mintával megismétlem ezt a lépést.
12. A membránt átmoszuk, megtisztítjuk a DNS-t:
 1. PW1 pufferből 400 µl-t mérünk ki, majd centrifugálunk 1 percig 11 000-es fordulatszámon (g). t. Az alulra lefolyt folyadékot kiöntjük.
 2. 700 µl PW2 puffert pipettázunk a csőbe, ezt is 1 percig centrifugáljuk. Az alulúszót ismét kiöntöm
 3. 200 µl PW2 puffert pipettázunk a csőbe, ismét centrifugálunk 2 percig 11 000-es fordulatszámon (g) és az alulra lefolyt anyagtól szintén megszabadulunk. Az utóbbi 2 lépéssel a sókat és a fehérjéket távolítjuk el.
13. A csövet a membránnal 2 percig üresen centrifugáljuk, hogy az alkohol elillanjon.
14. Új csövet veszünk elő, a szűrőt ebbe áthelyezzük, a régi csövet eltávolítjuk, hogy az esetlegesen visszamaradó alkoholtól megszabaduljunk. Az új csőbe 65 °C-ra

előmelegített PE pufferből 50 µl-t pipettázunk és inkubáljuk 65 °-on 5 percen keresztül.

15. A vízfürdő végeztével centrifugálunk 1 percig.

A 14-15. lépést megismételjük még egyszer. Az így leoldott folyadékban található a kivont DNS, amellyel a későbbiekben végezzük a kísérleteket.

3.3. DNS koncentráció mérés

A kivont DNS koncentrációját és tisztaságát NanoDrop ND1000 spektrofotométer (Thermo Fisher) készülék segítségével állapítjuk meg. A spektrofotometria egy népszerű anyagvizsgálati módszer. A folyamat során az anyagot egy adott hullámhosszon átvilágítjuk, és az átbocsájtott/elnyelt/abszorbált fényt elemezzük.

A nukleinsavak mennyiségi meghatározásához a 260 nanométeren mért elnyelési értéket használják, hiszen a fényelnyelésük ezen az értéken a legmagasabb. A NanoDrop készülékkel összekötött számítógépes program ng/µl mértékegységben adja meg a DNS koncentrációt, illetve az abszorbancia/hullámhossz arányról egy görbét is megoszt velünk, aminek alakzatából, valamint egyéb számértékekből tudunk következtetni a DNS tisztaságára.

3.4 Agaróz gélelektroforézis

A DNS koncentráció mérése után a DNS kivonás, valamint a PCR-rel történő amplifikáció sikerességét gélelektroforézissel ellenőrizzük le. Egy százalékos agaróz gél használunk. A futtatást 90 V-on végezzük időtartama kb. 30 perc. A gél komponensei az alábbiak:

- Agaróz: 1,2 g
- 0,5x TBE 120 ml
- Etídium-bromid 5 µl

A gél, megszilárdulása után, futtatókádba helyeztük és a kialakított zsebekbe a DNS mintákból 5 µl-t, illetve az első zsebbe Thermo Scientific Gene Ruler 100 bp Plus DNS létrából 2 µl-t pipettáltunk. A minták felvitele előtt azokat loading dye-al megfestettük, hogy jól láthatóak legyenek a gélen. A futás után Multimage Light Cabinet (Alpha Innotech Corporation) gépbe helyeztük a gél és UV fénnel megvilágítottuk. Az etídium bromid interkalálódik a DNS két szála közé és az UV fény hatására fluoreszkál, majd az így kapott eredményt fotodokumentáltuk.

Amennyiben sikeres a DNS kivonás és ezt a gélelektroforézis is megerősíti, a kivont DNS-t további vizsgálatok céljából amplifikációnak, polimeráz láncrakciónak (PCR) vetjük alá.

3.5. DNS amplifikáció

A PCR *in vitro* nukleinsav sokszorozó eljárás, a DNS lánc egy szakaszát szaporítják fel vele. A PCR-nek sokféle technikája elérhető manapság.

A vizsgálatunkban kétféle markertechnikát alkalmazunk, a mikroszatellit (Simple Sequence Repeats -SSR) és a CDDP (Conserved DNA-derived Polymorphism) technikát.

3.5.1 SSR markertechnika

A mikroszatellit markereknél Touchdown PCR-t alkalmazunk. Az SSR markerekre az alábbi 2. táblázatba (saját szerkesztés) foglalt primereket használtuk.

2. táblázat: a kísérlet során használt SSR primerek összefoglaló táblázata (saját szerkesztés)

Lókusz	Irányultság (forward v. reverz)	Szekvencia	Referencia
AMPPG178	forward	GGG CTC ACC TTG GTG TTA AA	Shen et al., 2013
	revers	GAA GCA GAC GCA GAA ACA CA	
Ma39a	forward	AGA AAG GCACTT TAT CTA GG	Yamamoto et al., 2002
	revers	TTG TTT TGG GGA TGG TAG T	
AMPA105	forward	CTG CTC TCA CTC AAC TCA ATG C	Hagen et al., 2004
	revers	CTC CCC TAC CCC TCT GTA TCT C	
UDP98410	forward	AAT TTA CCT ATC AGC CTC AAA	Testolin et al., 2000
	revers	TTT ATG CAG TTT ACA GAC CG	
BPPCT030	forward	AAT TGT ACT TGC CAA TGC TAT GA	Dirlewanger et al., 2002
	revers	CGT CCT TCT GCT CAC ACC	
PCeGA025	forward	GCA ATT CGA GCT GTA TTT CAG ATG	Cantini et al., 2001
	revers	CAG TTG GCG GCT ATC ATG TCT TAC	
BPPCT007	forward	TCA TTG CTC GTC ATC AGC	Dirlewanger et al., 2002
	revers	CAG ATT TCT GAA GTT AGC GGT A	

Az SSR markertechnika esetében egy módosított DreamTaq protokollt alkalmaztunk a polimeráz láncreakció során. A reakcióelegyet 15 µl-re mérjük ki, amiből 3 µl a templát, a maradék mennyiséget pedig a PCR MasterMix teszi ki. Ennek összetevői és azok mennyisége egy mintára vetítve az alábbiak:

- 7,5 µl MQ víz
- 1,5 µl 10x DreamTaq (Thermo Scientific) puffer
- 1,125 µl CY-5-tel jelölt forward primer
- 1,125 µl revers primer
- 0,3 µl 25 mM MgCl₂
- 0,375 µl 2 mM dNTP
- 0,075 µl DreamTaq DNS polimeráz (5 U/µl) (Thermo Scientific)

3.5.1.1. A Touchdown PCR lépései

Az első, előkészítő lépésnél denaturációt alkalmazunk 95 ° C-on 3 perc erejéig – erre azért van szükség, hogy a teljes DNS láncot egyszálúsíthassuk.

A második lépés 10 cikluson keresztül zajlik. Ekkor az alábbi folyamatok mennek végbe:

- Denaturáció: 30 másodpercen keresztül 95 ° C-on;
- Primer tapadás: 30 másodperc erejéig 10 cikluson keresztül, kezdetben 65 ° C-ot állítunk be, majd ciklusonként 1° C-kal csökken ez a hőmérséklet;
- Lánchosszabbítás: 30 másodpercen keresztül 72 ° C-on

A harmadik lépés 25 cikluson keresztül történik. Ekkor az alábbi folyamatok mennek végbe:

- Denaturáció: 30 másodpercen keresztül 95 ° C-on;
- Primer tapadás: 30 másodperc erejéig 25 cikluson keresztül 56 ° C-on;
- Lánchosszabbítás: 30 másodpercen keresztül 72 ° C-on.

A ciklusok után a csövek még 5 percig maradnak a gépben 72 ° C-on, ezután véget ér az eljárás.

A PCR-hez Thermal Cycler Bioer GeneExplorer™ gépet (Bioer Technology) használtunk.

Az így készült termékeket 3.4. fejezetben leírtak szerint ellenőrizzük, majd poliakrilamid gélen szétválasztott mintákat ALF gép segítségével elemezzük ki.

3.5.2 CDDP markertechnika

Fontos különbség az SSR markertechnikához képest, hogy a CDDP markertechnikánál csak egy primerrel dolgozunk. A CDDP markerekre az alábbi 3. táblázatba (saját szerkesztés) foglalt primereket használtuk.

3. táblázat: A kísérlet során használt CDDP primerek összefoglaló táblázata (saját szerkesztés)

Lókusz	Szekvencia	Referencia
WRKY-R1	GTGGTTGTGCTTGCC	Kysel et al., 2018
WRKY-R2	GCCCTCGTASGTSGT	Kysel et al., 2018
MADS-4	CTSTGCGACCGSGAGGTG	Guo et al., 2016
WRKY-F1	TGGCGSAAGTACGGCCAG	Bilčíková et al., 2020
CDDP-6	CCGCTCGTGTGSACG	Aly et al., 2021
WRKY-R3	GCASGTGTGCTCGCC	Kysel et al., 2018

A CDDP markertechnika esetében Phusion (ThermoFisher) protokollt alkalmaztunk a polimeráz láncreakció során. A reakcióelegyet 10 µl-re mérjük ki, amelyből 1 µl a templát, a

maradék mennyiséget pedig a PCR MasterMix teszi ki. Ennek összetevői és azok mennyisége egy mintára vetítve az alábbiak:

- 5,2 µl MQ víz
- 2,0 µl GC puffer
- 1,5 µl primer
- 0,2 µl 10 mM dNTP
- 0,1 µl Phusion DNS polimeráz (2 U/µl) (Thermo Scientific)

3.5.2.1. A PCR lépései:

Az első, előkészítő lépésnél az SSR technikánál alkalmazott Touchdown PCR-hez hasonlóan, elődenaturációt alkalmazunk 98 ° C-on 3 perc erejéig.

Utána 32 cikluson keresztül az alábbi folyamatok mennek végbe:

- Denaturáció: 10 másodpercen keresztül 98 ° C-on;
- Primer tapadás (annealing): 15 másodperc erejéig 50 ° C-on;
- Lánchosszabbítás (extension): 45 másodpercen keresztül 72 ° C-on történik

Az utolsó lépésben 5 percen keresztül történik a final extension 72 ° C-on, majd 4 ° C-on tartjuk a termékünket.

Amint a gép végzett az amplifikálással, a PCR terméket agaróz gélen megfuttatjuk, hogy megbizonyosodjunk róla, hogy sikeres volt a fragmentumok felszaporítása.

A művelet végeztével az amplifikáció eredményességét agaróz gélelektroforézissel vizsgáljuk.

3.6 ALF (Automated Laser Fluorometer) technika

Az SSR technikánál a PCR termékünket és az amplifikáció sikerességét agaróz gélelektroforézissel ellenőrizzük. Azon mintákat, amelyekben sikeres volt az amplifikáció, poliakrilamid gélelektroforézissel szeparáltuk el, amelyhez az Automated Laser Fluorometer (ALF) technikát alkalmaztuk. Ezen eljárással a PCR termék mérete 1-2 bázispárra pontosan meghatározható és az esetleges polimorfizmus kimutatható.

3.6.1 Poliakrilamid készítés

A PCR termékeket 6%-os poliakrilamid gélen választottuk szét. Az ehhez szükséges törzsoldat összetevői a következők:

- 63 g urea ((NH₂)₂CO)
- 15 ml 10xTBE puffer
- 22,5 ml akrilamid:bisz-akrilamid (19:1)(BioRad)
- Milli-Q (MQ) víz

A törzsoldatnak összesen 150 ml-nek kell lennie. Mivel az urea térfogatnövelő anyag, ezért a vizet fokozatosan, folyamatos keverés mellett adjuk az oldathoz, hogy az előre meghatározott mennyiség pontosan kijöjjön.

Lépései:

1. Lombikba kevés vizet (kb. 10 ml-t) öntünk, amibe apránként belemérjük a 63 g ureát és a lombikot mágneses fűthető keverőre tesszük. A keverő hőmérsékletét először 60, majd fokozatosan 80 ° C-ra emeljük, hogy az összes urea feloldódhasson.
2. Hozzámérjük a 15 ml 10xTBE puffert, ekkor a keverőről már kikapcsoljuk a fűtést.
3. Elszívó fülke alatt az akrilamidnak kijelölt eszközökkel hozzámérjük a 19:1 arányú akrilamid:bisz-akrilamid keveréket és ezt a mennyiséget kiegészítjük 150 ml-re MQ vízzel.
4. Az oldatot 0,22 µm pórusátmérőjű szűrő segítségével szűrjük, majd vákuummal légtelenítjük
5. Az így előállt törzsoldatot 4 ° C-on tároljuk felhasználásig.

A gél összetevői:

- 30 ml akrilamid törzsoldat
- 30 µl TEMED (tetrametilén diamin)
- 30 µl 25%-os APS (ammónium peroxidil szulfát)

3.6.2 A kazetta összeállítása

Elszívó alatt milliQ vízzel megtisztítjuk a thermoplatet, az üveglapot és a spacer-t és szárazra töröljük papírtörülővel. A thermoplate jobb és baloldalára egy-egy spacer kerül (0,5 mm), ami a gél vastagságot határozza meg. Erre tesszük az üveglapot és clip-ek segítségével rögzítjük.

A törzsoldatot elővesszük és az elszívó berendezés alatt 30 ml oldathoz hozzáadunk 30 µl TEMED-et és 30 µl APS-t. Az így elkészült folyékony állapotban lévő gél a kapilláris erő segítségével a thermoplate és az üveglap közé juttatjuk és felülre beleillesztük a fésűt. Amennyiben a gélben buborék keletkezik, azt egy kampó segítségével eltávolítjuk. Ezután az UV lámpa tetejét lehajtjuk és hagyjuk, hogy az UV fény hatására a gél polimerizálódjon.

3.6.3 Standardkészítés

Amíg polimerizálódik a gél, addig előkészítjük a mintákat és elkészítjük a standardekét, amiknek a funkciója hasonlít az agaróz gélelektrozisnál használatos DNS létráéhoz, azaz viszonyítási alapot fragmentumok hosszának meghatározásához.

Kétféle standardet használunk: külső és belső standardet. A külső standard 70, 95, 150, 275 és 300 bp-os DNS szekvenciákat tartalmaz, míg a belső 70 és 300 bp-os szakaszokat. Ezen

pontos bázispár hosszúságú fragmentumokat a pBI 426 plazmid gyűrű alakú DNS-ének ntpII rezisztencia génszakaszának amplifikálásával kapjuk. Ez egy körülbelül 600 bp hosszúságú DNS szakasz, amit megszekvenáltak. Az ismertté vált szakaszokra primereket terveztek. A 70, 95, 150, 275 és 300 bp-os DNS szakaszok amplifikálásához használt reverz primer ugyanaz, a forward primer határozza meg a szekvencia hosszakat.

A standardekhez a fragmentumokat PCR-rel szaporítjuk fel. A forward primerek fragmentumhosszanként eltérőek, viszont a többi PCR-hez szükséges komponens megegyezik, így PCR Master mixet állítunk elő a következőképpen:

A reakcióelegyet 15 µl-re mérjük ki, amiből 1,5 µl a templát, a maradék mennyiséget pedig a PCR MasterMix teszi ki. Ennek összetevői és azok mennyisége egy mintára vetítve az alábbiak:

- 9 µl MQ víz
- 1,5 µl 10x DreamTaq puffer
- 1,125 µl CY-5-tel jelölt reverz primer
- 0,3 µl 25mM-os MgCl₂
- 0,375 µl 2 mM dNTP
- 0,075 µl DreamTaq DNS polimeráz (5 U/µl)

A PCR során elődenaturációt alkalmazunk 95 ° C-on 3 perc erejéig. Utána 35 cikluson keresztül az alábbi folyamatok mennek végbe:

- Denaturáció: 15 másodpercen keresztül 95 ° C-on;
- Primer tapadás (annealing): 15 másodperc erejéig 60 ° C-on;
- Lánchosszabbítás (extension): 30 másodpercen keresztül 72 ° C-on történik.

Az utolsó lépésben 5 percen keresztül történik a final extension 72 ° C-on, majd 4 ° C-on tartjuk a termékünket.

Amint a gép végzett az amplifikálással, a PCR terméket agaróz gélen megfuttatjuk, hogy megbizonyosodjunk róla, hogy sikeres volt a fragmentumok felszaporítása.

Ezután előkészülünk a poliakarilamid gélelektroforézishez. Az előre elkészített 10x TBE puffert 1x-esre hígítjuk, 100 ml 10x-es TBE-hez 900 ml MQ vizet adunk.

A gél polimerizációja után az ALF Express II gépbe beillesztjük a tartályokat és thermoplatet a géllal a megfelelő helyekre és feltöltjük a tartályokat 1x-es TBE pufferrel a jelölt szintig. A fésűt óvatosan kihúzzuk a gélből és a zsebeket megtisztítjuk pufferrel fecskendő segítségével. Ezután az elektródákat rögzítjük. Az ALF Express II készülékhez (Amersham Pharmacia Biotech) egy számítógépet társítunk, amin megnyitjuk az ALF Win programot. Az ALF Express

II készülék elejét lehajtjuk, és a technika alapját szolgáltató lézer megkeresi az optimális működési pozícióját. Ilyenkor a számítógép hangjelzéssel jelez nekünk.

Ezután 20 perc előfuttatás történik, amire azért van szükség, hogy a gél 55° C-ra felmelegítse és az esetlegesen előforduló apró szennyeződés távozzon.

6.3.4 Minta előkészítés

A belső standard előállításához: a 70 és 300 bp PCR termékből 7,5-7,5 µl-t és hozzá 285 µl MQ vizet (végtérfogat 300 µl), a külső standardhez: a 70, 95, 150, 275 és 300 bp PCR termékekből 7,5-7,5 µl-t, míg vízből 262,5 µl-t mérünk ki (végtérfogat itt is 300 µl) külön Eppendorf csőbe.

Poliakrilamid gélelektroforézisnek megfelelő platet készítünk elő. A plate felső sorában található első három helyre a külső standard fog kerülni. Előtte ezekbe a helyekbe 5 µl MQ vizet pipettázunk. A második sortól indulnak a minták helyei. A mintáknak kijelölt helyekre 4 µl MQ vizet és a DNS mintákból 1 µl-t pipettázunk. A mintákhoz 3 µl belső standard, míg a külső standardnek kijelölt 3 helyre 5 µl-t pipettázunk az előkészített külső standardeből.

Amint ezekkel készen vagyunk, denaturáljuk, azaz egyszálúsítjuk a mintáinkat, 4 percre 95 ° C-ra előmelegített PCR gépbe tesszük. Amint lejárt a 4 perc, a mintákat jégre tesszük, az ALF Express II gépbe betett gél zsebeit ismét megtisztítjuk pufferrel és felvisszük a mintákat. Az első, a 20. és a 39. zsebbe a külső standardet pipettázzuk, míg a többi zsebbe a mintákat a megfelelő sorrendben. Az akrilamid gél elektroforézis magas feszültségen (600-700V-on) megy végbe, a feszültség értéke a futásidőt megszabja, aminek körülbelül 80 perc az időtartama. A futtatás során hasonlóan az agaróz gélelektroforézishez, a legkisebb fragmentum fog a leggyorsabban haladni a gél pórusai között és a legnagyobbak a leglassabban. A lézer folyamatosan világít és a PCR termék a CY5 kék festékkel jelölt forward primerekkel reagál a lézer hullámhosszára – az ALF Expressz II készülék a zsebek szenzorainak köszönhetően érzékeli a jelet, amiknek megfelelően az ALF Win program a képernyőn hullámokat jelenít meg.

3.7 Statisztikai vizsgálatok

A kapott eredményekből, mind a mikroszatelliteknél, mind a CDDP-nél először bináris táblázatot készítünk, majd IBM SPSS 23 statisztikai programmal egy hierarchia klaszter analízissel dendrogrammot rajzolunk, továbbá genetikai hasonlóságot vizsgáló Jaccard-indexet is készítünk. Mindemellett a genotípusos adatokat összevetjük a növények fagyűrési képességeikkel, melyhez főkomponens-analízist használunk.

4. Eredmények

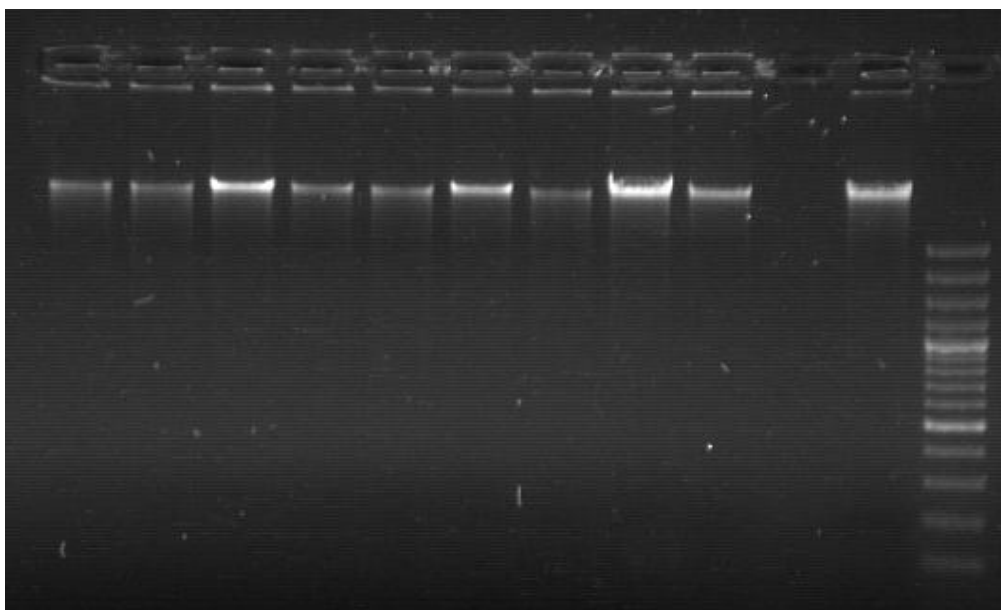
Vizsgálatunkban *Prunus* fajokban kifejlesztett SSR, valamint kajszibarackon még nem alkalmazott CDDP markereket tesztelünk az 1. táblázatban bemutatott 18 kajszi genotípusra. A vizsgálat célja, hogy megállapítsuk, alkalmasak-e a markerek kajszi genotípusok polimorfizmus vizsgálatára, illetve az esetlegesen felbukkanó polimorf mintázatok összefüggésbe hozhatók-e morfológiai tulajdonságokkal, akár a fagyűrőréssel is.

A kísérletünkben használt kajszifajták rövid ismertetése a Mellékletek 8.1 alfejezetében megtalálható.

4.1 DNS kivonás eredménye

A növényi DNS-t a 3.2 pontban kifejtett protokoll alapján végeztük, az összes genotípusból sikerült intakt, jó minőségű DNS-t kivonni, amivel a további vizsgálatokat tudtunk folytatni, melynek sikerességét az 1. ábra mutatja be.

1. ábra- DNS kivonás eredménye az első 10 mintából (saját szerkesztés)



4.2 SSR markertechnikával végzett kísérlet eredményei

Az SSR markertechnika során alkalmazott Touchdown PCR sikerességét szintén először agaróz gélelektrodorézissel ellenőriztük.

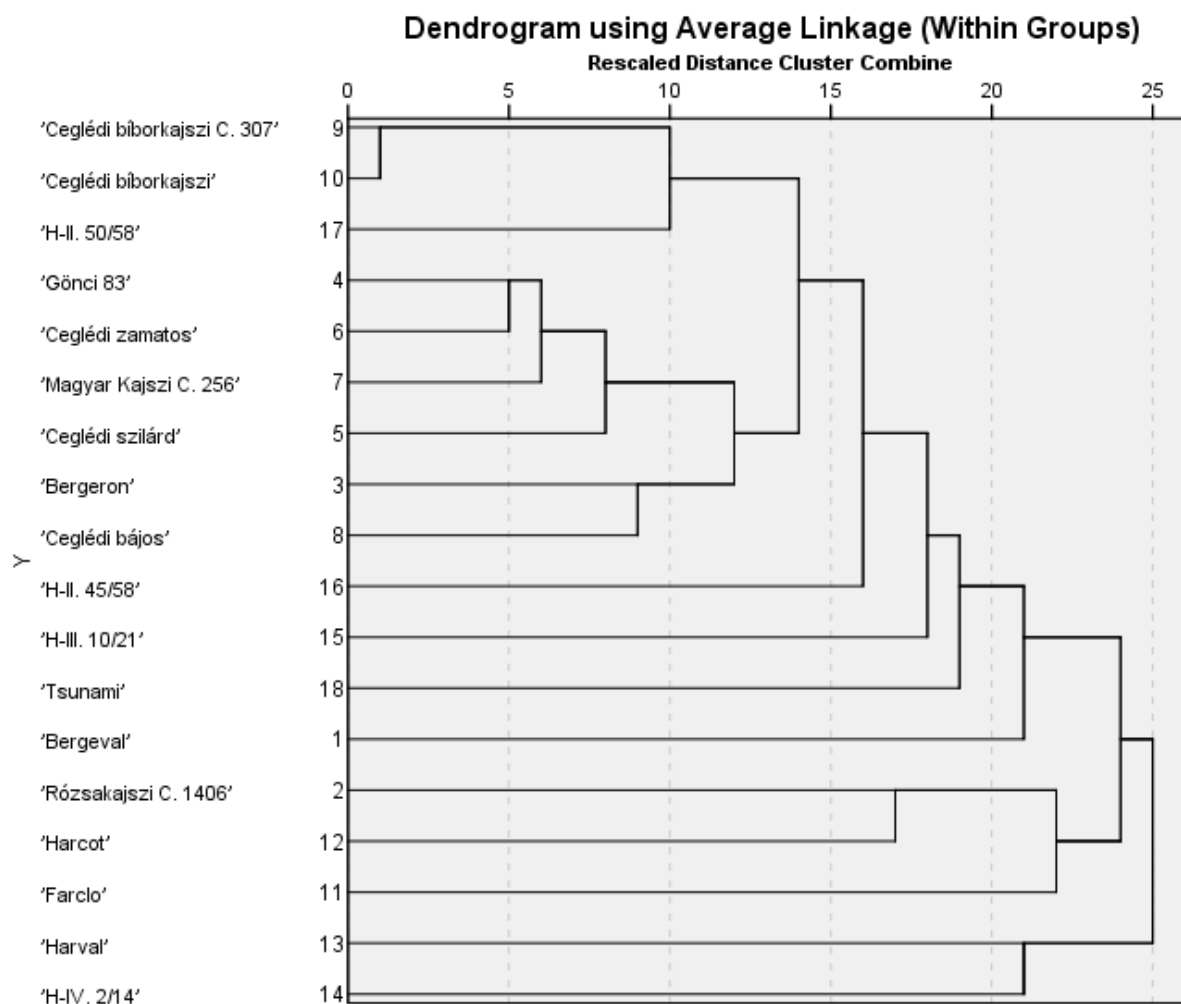
Azon mintákat, amelyekben sikeres volt az amplifikáció, poliakrilamid gélen szeparáltuk el Automated Laser Fluorometer (ALF) segítségével. Ezzel az eljárással 1-2 bázispáros pontossággal határoztuk meg a PCR termék méretét. A kapott eredményeket a 3. táblázatban foglaltuk össze.

4. táblázat –A 18 kajszi genotípus a 7 lókuszon felhozott allélméretei (bp) (saját szerkesztés)

	BPPCT007		AMPA-105		Ma39a		AMPPG-178		BPPCT030		PceGA025		UDP 98 410	
'Bergeval'	154	160	198	214	183	189	223	223	138	144	170	184	119	119
'Rózsakajsi C. 1406'	136	168	190	190	177	177	223	223	146	146	188	188	123	123
'Bergeron'	128	148	180	190	181	181	223	229	138	138	184	184	123	123
'Gönci 83'	128	154	180	180	181	199	229	229	138	148	184	184	123	123
'Ceglédi szilárd'	128	154	190	198	183	199	229	229	148	148	184	184	123	123
'Ceglédi zamatos'	128	154	180	180	199	199	229	229	148	148	184	184	123	123
'Magyar Kajszi C. 256'	128	154	180	180	183	183	229	229	138	148	184	184	123	123
'Ceglédi bájos'	128	148	180	190	183	183	223	229	138	148	184	184	123	131
'Ceglédi bíborkajsi C. 307'	136	154	180	180	199	199	223	229	138	146	184	184	123	123
'Ceglédi bíborkajsi'	136	154	180	180	199	199	223	229	138	146	184	184	123	123
'Farclo'	136	148	190	200	177	183	223	229	146	146	178	184	109	117
'Harcot'	138	138	190	190	189	189	223	223	138	146	188	188	109	109
'Harval'	136	168	190	190	177	177	221	221	148	148	178	184	119	141
'H-IV. 2/14'	128	128	190	198	177	177	221	221	138	146	178	190	119	119
'H-III. 10/21'	154	154	180	198	189	189	223	229	144	150	184	184	109	109
'H-II. 45/58'	128	154	180	214	177	183	223	229	138	138	170	188	141	141
'H-II. 50/58'	154	154	180	180	183	183	223	229	138	148	188	188	123	123
'Tsunami'	154	154	190	200	189	189	223	223	148	148	170	180	113	123

A kapott SSR eredményekből dendrogramot is készítettünk, melyet a 2. ábra mutat be. A dendrogram alapján 3 nagyobb csoport van. Az egyik csoportot csak 2 genotípus alkotja, a 'Harval', valamint a 'H-IV. 2/14'. A másik csoportot szintén csak 3 genotípus alkotja, a 'Rózsakajsi C. 1406', a 'Harcot', illetve a 'Farclo'. Mindezek mellett az is jól látszik az ábrán, hogy a bíborkajsi klónokat nem sikerült elkülöníteni egymástól.

2. ábra- A *Prunus* specifikus 7 SSR primer párokkal készített dendrogram a 18 kajsi genotípus esetében



Továbbá az így kapott allélméreteket összevetettük a genotípusok fagytűrésével. Az eredmények alapján PceGA025-ös marker 184 bp hosszúságú allélja és a 188-as allélja mutatott szignifikáns összefüggést ezzel a tulajdonsággal, továbbá az AMPA-105-ös primer 190-es allélmérete.

5. táblázat – SSR markerek összefüggésének valószínűsége a kajszi morfológiai jegyeivel (saját készítés)

Tulajdonság	SSR marker (allélok)	r	R ²	Standardizált beta koefficiens	t-érték	P érték
Fagyűrész	PceGA025 ₁₈₄	0,764	0,584	0,764	4,882	0,000
	PceGA025 ₁₈₈	0,909	0,826	0,492	4,722	0,000
	AMPA-105 ₁₉₀	0,951	0,905	0,346	3,519	0,003

4.3 CDDP markertechnikával végzett kísérlet eredményei

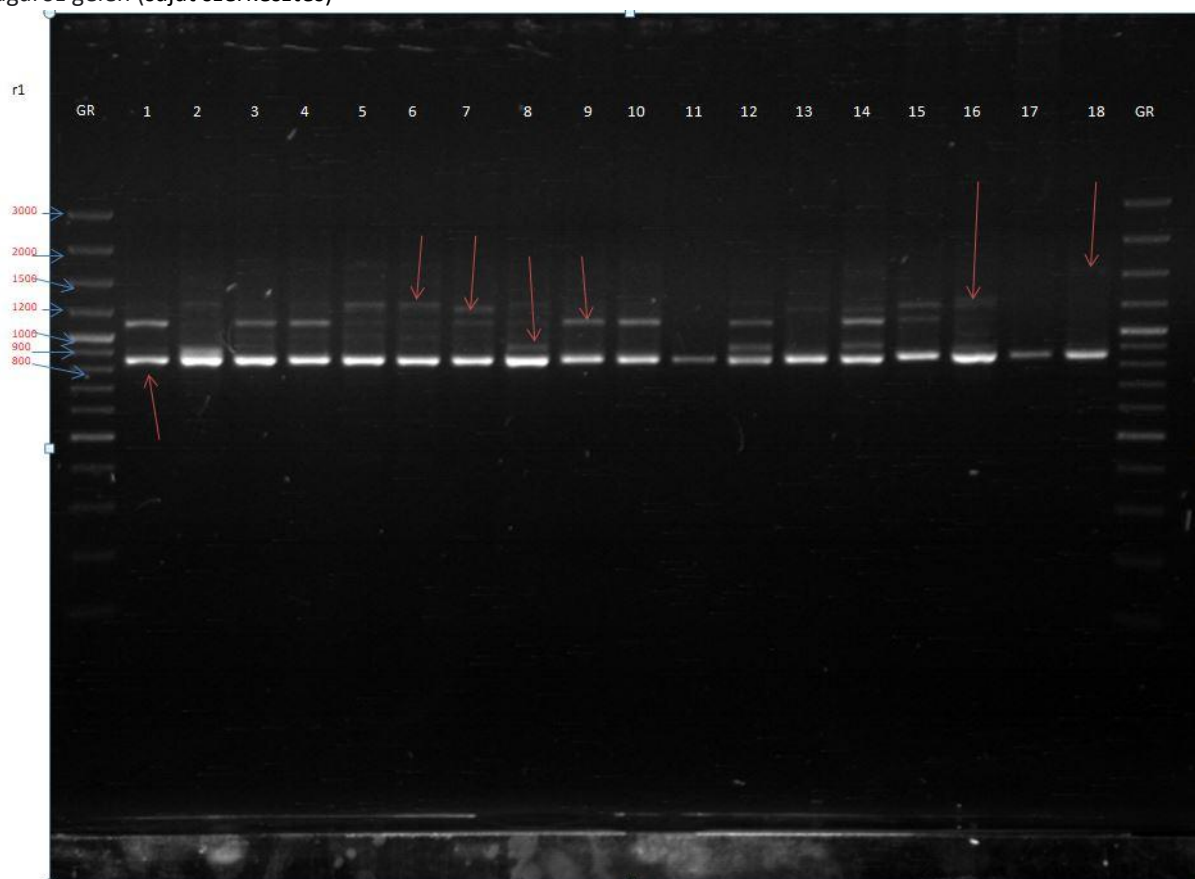
A PCR termékeket 1%-os agaróz gélelektroforézissel vizsgáltuk, a 3.4 pontban leírt protokoll szerint jártunk el. Az eredményeket fotódokumentációban örökítettük meg. A genotípusok sorrendje a 3.1 pontban meghatározottak szerint alakul.

A 6 CDDP primerből egy (WRKY-R2) nem amplikált egyetlen fragmentumot sem kajsziarackban, a maradék 5 db marker 87 eltérő méretű fragmentumot produkált összesen, és a különböző genotípusok együttesen 1246 fragmentumot mutattak. Az amplifikált fragmentumok méreteinek szélső értékei 170 és 2800 bp hosszúság közé esnek (170 bp hosszúságot a MADS-4, míg 2800 bp hosszúságú fragmentumot a CDDP-6 és WRKY-R3 produkált).

4.3.1 WRKY-R1 primerrel végzett vizsgálat eredményei

A kapott eredmények (3. ábra) alapján ez a primer produkálta a legkevesebb eltérő hosszúságú fragmentumot, mindössze hetet és szintén ezzel a primerrel keletkezett a legkevesebb fragmentum, a különböző genotípusok összesen mindössze 92 fragmentumot alkottak.

3. ábra - A WRKY-R1 primerrel kapott eredmény fotódokumentációja - kajsi genotípusok DNS-e 1%-os TBE agaróz gélen (saját szerkesztés)



GR: gene ruler (DNS létra), 1.- 'Bergeval', 2.- 'Rózsakajsi C. 1406', 3.- 'Bergeron', 4.- 'Gönci 83', 5.- 'Ceglédi szilárd', 6.- 'Ceglédi zamatos', 7.- 'Magyar kajsi C. 256', 8.- 'Ceglédi bájos', 9.- 'Ceglédi C. 307', 10.- 'Ceglédi bíborkajsi', 11.- 'Farclo', 12.- 'Harcot', 13.- 'Harval', 14.- 'H-IV.2/14', 15.- 'H-III.10/21', 16.- 'H-II.45/58', 17.- 'H-II.50/58', 18.- 'Tsunami'

A bázispár hosszúságok az alábbiak: 850, 900, 1130, 1220, 1230, 1240 és 1530 bázispár. Ismételten megjegyzendő, hogy agaróz gélelektroforézissel pontos bázispár hosszúságot nem tudunk megállapítani, annak precízebb meghatározásához poliakrilamid elektroforézist kell végezni.

850 bázispár hosszúságnál az összes genotípusnál láthatunk fragmentumot, viszont 900-nál már csak az 1., 2., 8., 12., 14., és 16. genotípusnál.

1130 bp-nál az 1., 3., 4., 7., 8., 9., 10., 12., 14., 15., viszont 1220-nál már csak a 7., 13. és 14. genotípus produkált fragmentumot.

1230 -nál az 5., 6., 8., 12., 15., és 16. genotípus, míg az 1240-nél mindössze a 16., és 1530-nál is csak egyetlen genotípus, a 18. mutat fragmentumot.

Legdiverzebb genotípusok ezzel a primerrel a 8. ('Ceglédi bájos'), a 14. ('H-IV.2/14.') és a 16. ('H-II.45/58') genotípusok, ezek mindannyian 4-4 különböző méretű fragmentumot, de eltérő mintázatot mutatnak.

Legkevésbé diverz genotípusok ezzel a primerrel a 11. ('Farclo') és a 17. ('H-II.50/58') mutatkoztak, ezek mindössze egy, a 850 bázispárnál mutattak fragmentumot.

Ezzel a primerrel ugyanazt a mintázatot mutatták:

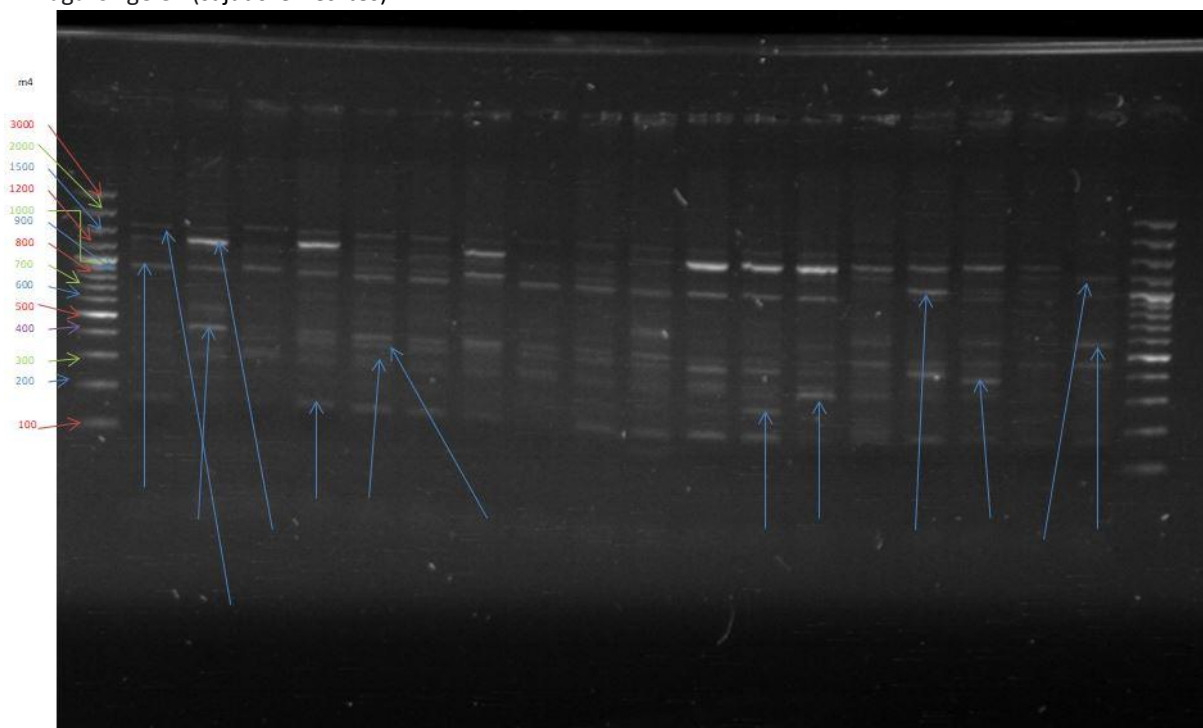
- a 11. ('Farclo') és a 17. ('H-II.50/58');
- a 3. ('Bergeron'), a 4. ('Gönci 83'), a 9. ('Ceglédi C. 307') és a 10. ('Ceglédi bíborkajsi');
- az 5. ('Ceglédi szilárd') és a 6. ('Ceglédi zamatos'); és
- a 8. ('Ceglédi bájos') és a 12. ('Harcot') genotípusok.

A 16. genotípus ('H-II.45/58') eltér a többtől abban, hogy két közel egyforma méretű (1230, 1240 bp hosszúságú) fragmentumot is produkál. A 18. genotípus ('Tsunami') egyedülként mutat egy 1500-nál hosszabb fragmentumot (1530). Bár kétszer megismételtük a PCR-t javaslom még egy PCR folyamat elvégzését és ha ezen kísérlet is kimutatják ezt a fragmentumméretet, akkor annak kivágását és visszatisztítását.

4.3.2 MADS-4 primerrel végzett vizsgálat eredményei

A kapott eredmények (4. ábra) alapján ez a primer 13 eltérő hosszúságú fragmentumot mutatott és a különböző genotípusok összesen 224 fragmentumot alkottak. A bp hosszúságok az alábbiak: 170, 240, 300, 320, 380, 400, 440, 560, 910, 1000, 1200, 1350 és 1650 bp. 170 bp hosszúságnál az 1., 4., 5., 6., 7., 9., 10., 11., 12., 14., 15., 16., 17., és 18. genotípusnál láthatunk fragmentumot, viszont 240-nél már csak az 12. genotípusnál.

4. ábra - A MADS-4 primerrel kapott eredmény fotódokumentációja - kajsi genotípusok DNS-e 1%-os TBE agaróz gélen (saját szerkesztés)



GR: gene ruler (DNS létra), 1.- 'Bergeron', 2.- 'Rózsakajsi C. 1406', 3.- 'Bergeron', 4.- 'Gönci 83', 5.- 'Ceglédi

szilárd', 6.- 'Ceglédi zamatos', 7.- 'Magyar kajszi C. 256', 8.- 'Ceglédi bájos', 9.- 'Ceglédi C. 307', 10.- 'Ceglédi bíborkajszi', 11.- 'Farclo', 12.- 'Harcot', 13.- 'Harval', 14.- 'H-IV.2/14', '15.- H-III.10/21', 16.- 'H-II.45/58', 17.- 'H-II.50/58, 18'.- 'Tsunami'

A 300 bp-nál a 2., 4., 5., 6., 7., 8., 11., 13., 14., 16., viszont 320-nál már csak a 3., 5., 6. és 14., míg 380-nál mindössze a 16. genotípus produkált fragmentumot.

400-nál a 4., 5., 6., 7., 8., 9., 10., 11., 12., 13., 14. és 15. genotípus, illetve 440-nél a 2., 4., 5., 6., 7., 8., 9., 10., 11., 12., 14., 15., 16., 17. és 18. genotípus mutat fragmentumot.

560-nál mindössze a 2., 10., 14., 16. és 18. genotípus, míg a 910-nél már az 1., 2., 3., 4., 5., 6., 8., 9., 10., 11., 12., 13., 15 és 16. genotípus is produkál fragmentumot.

1000-nél az 5., 6., 7., 9., 15 és 16. genotípusnál, míg 1200-nál mindössze a 14., 17. és 18. genotípusnál látható fragmentum.

1350-nél az 1., 2., 4., 7., 11., 12., 13., 14., 15., 16. és 17., míg 1650-nél a 17. és 18. genotípuson kívül az összes mutat fragmentumot.

Legdiverzebb genotípus ezzel a primerrel a 16. ('H-II.45/58'), ami 9 db, míg a legkevésbé változatos genotípusnak 3. ('Bergeron') mutatkozik, ami mindössze 3db fragmentumot produkál.

Ezzel a primerrel ugyanazt a mintázatot egyedül az 5. ('Ceglédi szilárd') és 6. ('Ceglédi zamatos') mutatja. Érdekes, hogy az előző, 4.1.1 pontban foglalt vizsgálatnál is ugyanez a két genotípus mutatott megegyező mintázatot.

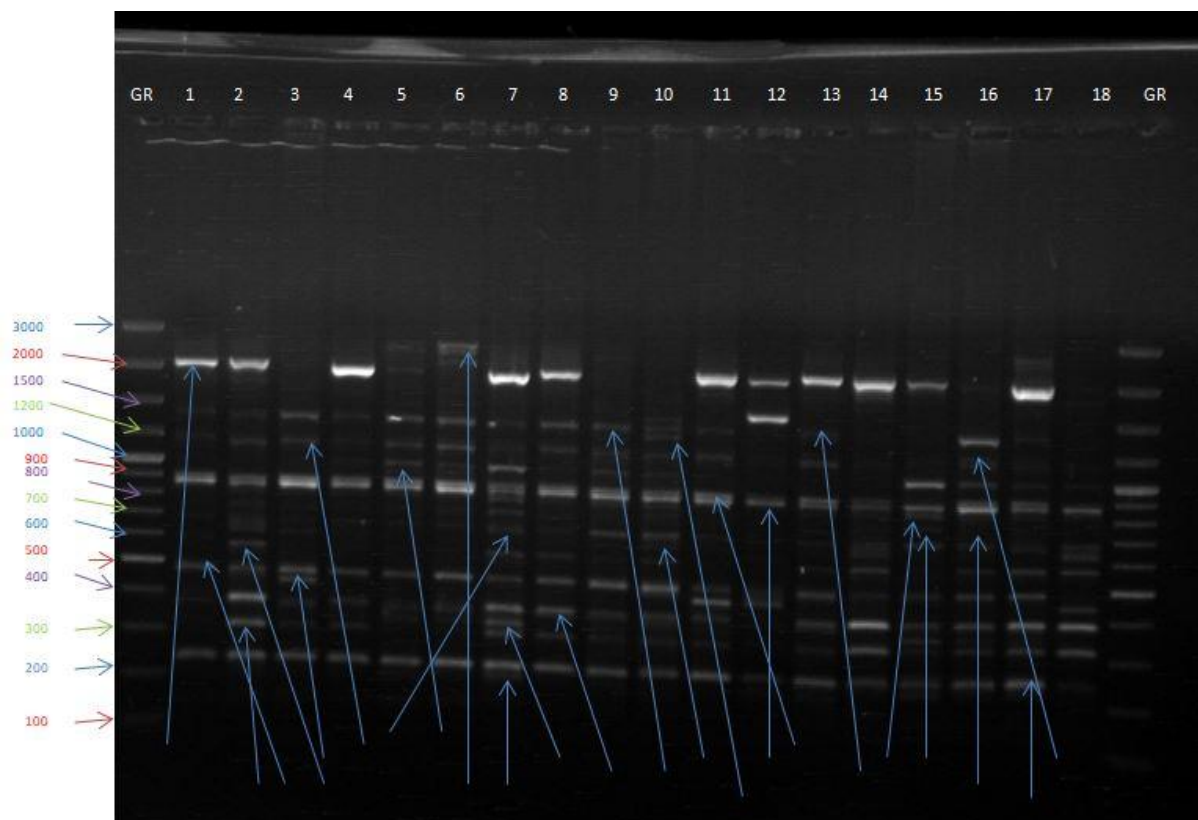
Két darab bázispár hosszúság van, ahol mindössze egy-egy genotípus produkál fragmentumot: 240-nél a 12. ('Harcot'), illetve 380-nál a legdiverzebbnek mutatkozó 16. ('H-II.45/58') genotípus. Ugyanazt javaslom, mint az előző, 4.1.1 pontban foglalt, WRKY-R1 primerrel végzett vizsgálatnál: további PCR kísérletek elvégzését, és ha ugyanezen polimorfizmus felbukkan, akkor a fragmentum kivágását, visszatisztítását és további elemzését.

Érdekesség, hogy az átlagosnál jobb ökológiai alkalmazkodóképességű 'Bergeron' mutatta a legkevesebb fragmentumot, illetve, hogy ennél a primernél nem volt olyan méretű fragmentum, amit az összes genotípus mutatott volna.

4.3.3 WRKY-F1 primerrel végzett vizsgálat eredményei

A kapott eredmények (5. ábra) alapján ez a primer 23 eltérő hosszúságú fragmentumot mutatott és a különböző genotípusok összesen mindössze 336 fragmentumot alkottak. A bázispár hosszúságok az alábbiak: 220, 240, 320, 340, 380, 440, 480, 580, 630, 680, 750, 800, 880, 900, 1000, 1180, 1200, 1350, 1400, 1500, 2000 és 2700 bp.

5. ábra - A WRKY-F1 primerrel kapott eredmény fotódokumentációja - kajszi genotípusok DNS-e 1%-os TBE agaróz gélen (saját szerkesztés)



GR: gene ruler (DNS létra), 1.- 'Bergeval', 2.- 'Rózsakajszi C. 1406', 3.- 'Bergeron', 4.- 'Gönci 83', 5.- 'Ceglédi szilárd', 6.- 'Ceglédi zamatos', 7.- 'Magyar kajszi C. 256', 8.- 'Ceglédi bájos', 9.- 'Ceglédi C. 307', 10.- 'Ceglédi bíborkajszi', 11.- 'Farclo', 12.- 'Harcot', 13.- 'Harval', 14.- 'H-IV.2/14', 15.- 'H-III.10/21', 16.- 'H-II.45/58', 17.- 'H-II.50/58', 18.- 'Tsunami'

220 bázispárhosszúság hosszúságnál mindössze 2 darab, a 7. és 15. míg 240-nél már az összes genotípus mutat fragmentumot.

Háromszázthúsz bázispárnál a 2., 7., 8., 9., 10., 13., 14., 16., 17. és 18., viszont 340-nél már szintén a 7 és 15 genotípus produkált fragmentumot.

Háromszáznyolcvannál a 2., 3., 4., 5., 6., 7., 8., 9., 10., 11., 13., 14., 16., 17. és 18. genotípus, illetve 440-nél a 3., 11., 12. és 18. genotípusnál láthatunk fragmentumot.

Négyszáznyolcvannál a 18. genotípus kivételével mindegyiknél látunk fragmentumot, míg 580-nál a 2., 7., 8., 10., 13., 14., 16., 17. és 18. genotípus produkál fragmentumot.

Hatszázharmincnál a 2., 10., 14. és 18. genotípusnál, míg 680-nál a 2., 6., 7., 9., 10., 11., 13., 14., 15., 16., 17. és 18. genotípusnál látható fragmentum.

Hétszázötvennél mindössze a 7., 10. és 15., míg 800-nál a 7., 9., 10., 14. és 15. genotípus mutat fragmentumot.

Nyolcszáznyolcvannál az összes genotípusnál, míg 900-nál a 12., 15. és 18. fragmentum kivételével szintén mindenhol látható fragmentum.

1000-nél az 5., 6., 7., 9., 10., 15., 16. és 17., 1180-nál az 1., 2., 3., 5., 6., 8., 9., 10., 11., 13. és 16., míg 1200-nál csak a 16. genotípusnál található fragmentum.

1350-nél szintén csak egy, a 10., míg 1400-nél az 1., 2., 3., 4., 5., 6., 7., 8., 9., 10., 11., 13., 16- és 17. genotípusnál is látható fragmentum.

1500-nél, szintén csak egy, a 12., 2000-nél az 1., 2., 4., 7., 8., 11., 12., 13., 14., 15. és 17., 2700-nél pedig a 6. és a 17. genotípus produkál fragmentumot.

Legdiverzebb genotípusok ezzel a primerrel a 7. ('Magyar kajsz C. 256') és a 10. ('Ceglédi bíborkajsz') genotípusok, mindkettő 15-15 különböző méretű fragmentumot mutattak, de eltérő a mintázatuk.

Legkevésbé diverz genotípus ezzel a primerrel a 12. ('Harcot') ami mindössze 6 különböző méretű fragmentumot mutat.

Ennél a primernél nincs két genotípus, amely ugyanazt a mintázatot hordozná.

Három nukleotid hosszúság is előfordul, ahol csak egy-egy genotípus produkál fragmentumot: 1200-nál a 16. ('H-II.45/58'), 1350-nél a 10. ('Ceglédi bíborkajsz') és 1500-nál érdekességképpen a legkevesebb fragmentumot mutató 12. ('Harcot'). Két bázispár hosszúságnál (240; 880) viszont az összes genotípusnál tapasztalunk fragmentumot.

A másik érdekesség ennél a primernél, hogy 220 és a 340 bázispárhossznál is a 7. ('Magyar kajsz C. 256') és a 15. ('H-III.10/21') genotípus produkál fragmentumot és 750-nél is ez a kettő, illetve a 10.-nél ('Ceglédi bíborkajsz') láthatunk fragmentumot.

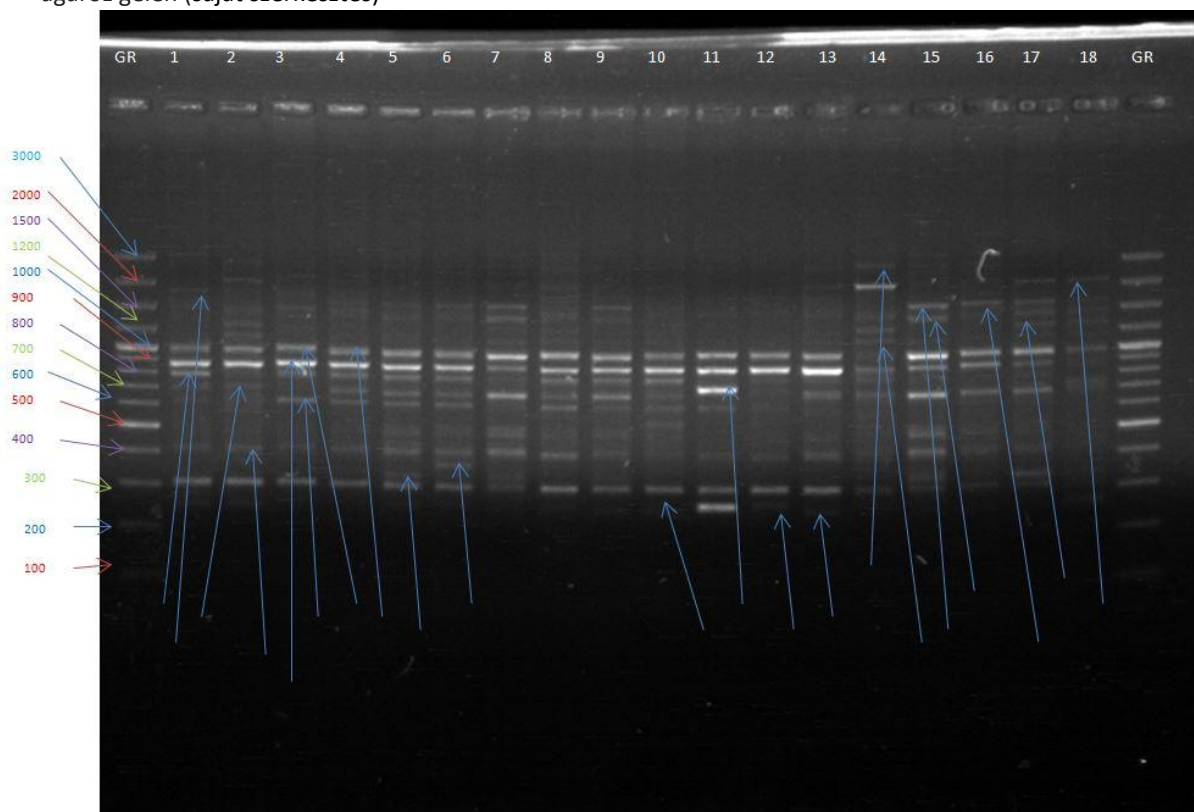
Ennél a primernél nagy terjedelemben tapasztalunk fragmentumokat (220 és 2700 között), de a szélsőértékeknél mindössze 2-2 genotípusnál (220 – 7. ('Magyar kajsz C. 256'), 15. ('H-III.10/21')); 2700 – 6. ('Ceglédi zamatos'), 17. ('H-II.50/58') fordulnak elő.

Változatos méretű és polimorf mintázatot értünk el a primer segítségével, további PCR kísérletet és vizsgálatot érdemes tervezni.

4.3.4 CDDP-6 primerrel végzett vizsgálat eredményei

A kapott eredmények (6. ábra) alapján ez a primer 21 eltérő hosszúságú fragmentumot mutatott és a különböző genotípusok összesen 268 fragmentumot alkottak. A bázispár hosszúságok az alábbiak: 270, 280, 310, 320, 370, 410, 620, 700, 720, 790, 870, 1000, 1030, 1120, 1260, 1450, 1560, 1600, 1800, 2200 és 2800 bp.

6. ábra - A CDDP-6 primerrel kapott eredmény fotódokumentációja - kajsi genotípusok DNS-e 1%-os TBE agaróz gélen (saját szerkesztés)



GR: gene ruler (DNS létra), 1.- 'Bergeval', 2.- 'Rózsakajsi C. 1406', 3.- 'Bergeron', 4.- 'Gönci 83', 5.- 'Ceglédi szilárd', 6.- 'Ceglédi zamatos', 7.- 'Magyar kajsi C. 256', 8.- 'Ceglédi bájos', 9.- 'Ceglédi C. 307', 10.- 'Ceglédi bíborkajsi', 11.- 'Farcló', 12.- 'Harcot', 13.- 'Harval', 14.- 'H-IV.2/14', 15.- 'H-III.10/21', 16.- 'H-II.45/58', 17.- 'H-II.50/58', 18.- 'Tsunami'

270 bp hosszúságnál mindössze egy, a 13., míg 280-nál is csak 3 genotípus, a 11., 12. és 18. mutat fragmentumot.

310-nél már az 1., 2., 3., 4., 5., 6., 8., 9., 10., 11., 12., 13. és 14. genotípus mutatott fragmentumot.

320 bp hosszúságnál az 5., 7., 15., 16. és 17., viszont 370-nél már szintén csak egy genotípus, a 6. produkált fragmentumot.

410-nél az 1., 2., 3., 4., 5., 6., 7., 8., 11., 12., 13., 14., 15., 16. és 17. genotípus, illetve 620-nál a 3., 4., 5., 6., 8., 10. és 11. genotípusnál láthatunk fragmentumot.

700-nál a 2., 4., 5., 6., 7., 8., 9., 13., 14., 15., 16 és 17., míg 720-nál mindössze csak a 11. és 18. genotípus produkál fragmentumot.

790-nél az 1., 3., 4., 5., 6., 8., 9. és 10. genotípusnál, míg 870-nél a 18., míg 1000-nél a 3. és a 14. genotípus kivételével mindenhol látunk fragmentumot.

Ezzel szemben 1030-nál csak a 3., 1120-nál mindössze a 2., 7. és 14., és 1260-nál is csak a 2., 14. 17. és 18. genotípusnál tapasztalható fragmentum.

1450-nél a 2., 3., 4., 5., 6., 7., 9., 14., 15., 17. és 18., míg 1560-nál a 4., 5., 6., 7., 9. és 15. genotípus mutat fragmentumot.

1600-nál a 16., a 17. és 18. genotípus, 1800-nál csak az 1., 2200-nál a 2., 14., 17. és 18., míg 2800-nál szintén csak egy genotípus, a 14.-nél látható fragmentum.

Legdiverzebb genotípusok ezzel a primerrel az 5. (Ceglédi szilárd), és a 6. (Ceglédi zamatos) genotípusok, mindkettő 10-10 különböző méretű fragmentumot, de eltérő mintázatot mutat.

Legkevesbé diverz genotípusoknak ezzel a primerrel a 10. (Ceglédi bíborkajszi) és a 12. (Harcot) mutatkoztak, ezek mindössze 5 különböző méretű fragmentumot produkáltak.

Érdekesség, hogy kis nukleotid hosszak között minimális a méretbeli különbség (pl. 270 – 280; 310-320)

Ezek az eredmények azt mutatják, hogy ezen primer esetében a különböző genotípusok között nincs olyan nagy különbség az eltérő méretű fragmentumok számában.

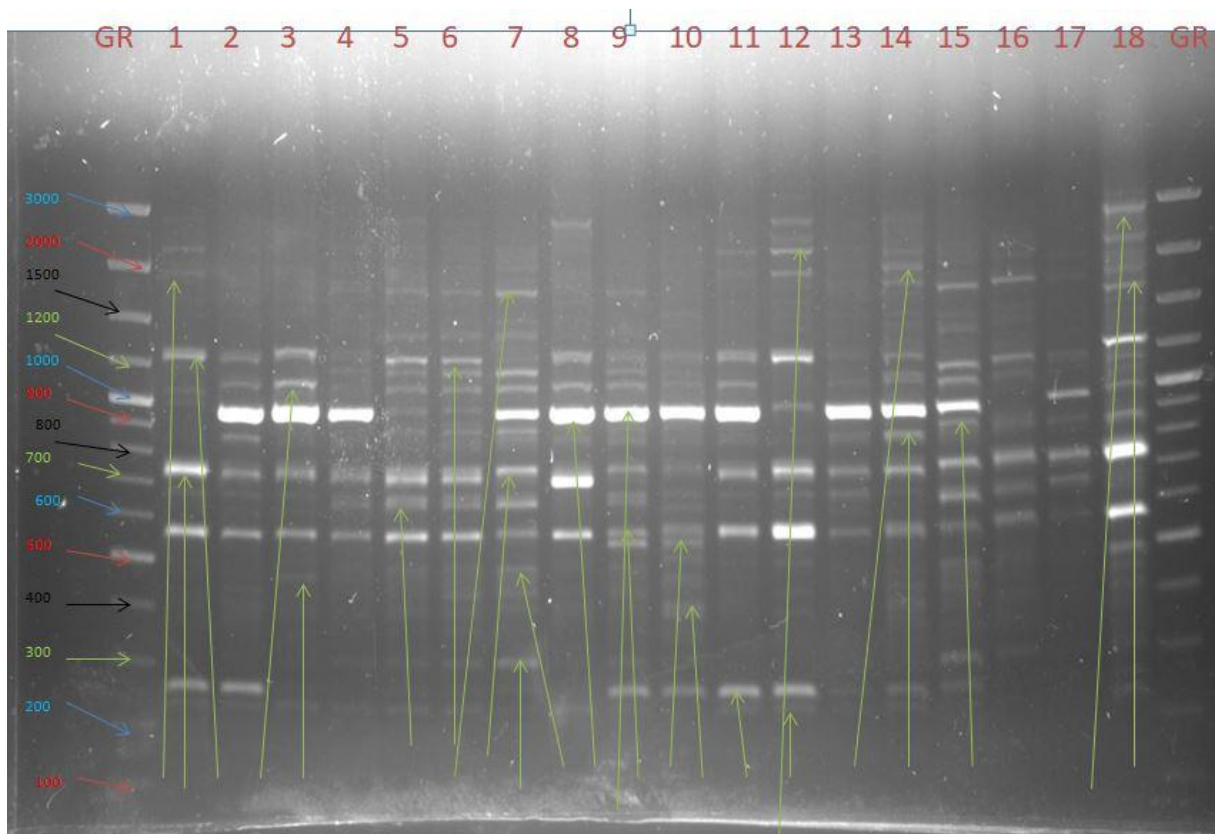
Ennél a primernél sincs két genotípus, amely ugyanazt a mintázatot hordozná, illetve nincs olyan bázispárhossz, amelynél az összes genotípus mutatna fragmentumot, 4.1.1-ben és 4.1.3 pontban elemzett primereknél. Viszont 870 nukleotidhossznál mindössze egy (a 18), míg 1000-nál kettő darab (a 3. és a 14.) genotípusnál hiányzott a fragmentum. Érdekes lehet újabb PCR vizsgálatokat elvégezni és ha ugyanez a hiányt kapjuk eredményként, összevetni a morfológiai tulajdonságokat, mi az, amiben különbözik ez az egy, illetve két genotípus a többitől. Továbbá ennél a primernél előfordul 5 nukleotidhossz is, ahol csak egy genotípusnál láthatunk fragmentumot: 270-nél a 14.; 370-nél a 6.; 1030-nál a 3.; 1800-nál az 1.; 1800-nál a 14. genotípusnál tapasztalunk fragmentumot.

Itt is érdemes lehet további PCR kísérleteket végezni, ha azoknál is tapasztaljuk ezt a fajta polimorfizmust, a fragmentumokat kivágni és megtisztítani a későbbi elemzésekhez.

4.3.5 WRKY-R3 primerrel végzett vizsgálat eredményei

A kapott eredmények (7. ábra) alapján ez a primer 24 eltérő hosszúságú fragmentumot mutatott és a különböző genotípusok összesen mindössze 296 fragmentumot alkottak. A bázispár hosszúságok az alábbiak: 240, 260, 310, 410, 460, 480, 550, 570, 680, 740, 760, 870, 900, 930, 950, 1120, 1200, 1250, 1650, 1850, 1920, 2000, 2200 és 2800 nukleotid.

7. ábra - A WRKY-R3 primerrel kapott eredmény fotódokumentációja - kajszi genotípusok DNS-e 1%-os TBE agaróz gélen (saját szerkesztés)



GR: gene ruler (DNS létra), 1.- 'Bergeval', 2.- 'Rózsakajsi C. 1406', 3.- 'Bergeron', 4.- 'Gönci 83', 5.- 'Ceglédi szilárd', 6.- 'Ceglédi zamatos', 7.- 'Magyar kajszi C. 256', 8.- 'Ceglédi bájos', 9.- 'Ceglédi C. 307', 10.- 'Ceglédi bíborkajsi', 11.- 'Farcló', 12.- 'Harcot', 13.- 'Harval', 14.- 'H-IV.2/14', 15.- 'H-III.10/21', 16.- 'H-II.45/58', 17.- 'H-II.50/58', 18.- 'Tsunami'

240 bp hosszúságnál az 1., 2., 3., 4., 5., 6., 8., 11., 12., 14., és 18. míg 260-nál az 1., 2., 9., 10., 11., 12., 14., 15. és 18. genotípus mutat fragmentumot.

310 bp-nál az 5., 6., 7., 9., 15., 16. és 18., viszont 340-nél már csak egyetlen genotípus produkált fragmentumot, a 10.

480-nál a 7., 12., 15. és 18. illetve 550-nél a 9. és 10. genotípusnál láthatunk fragmentumot.

570-nél a 17. genotípus kivételével mindegyiknél látunk fragmentumot, míg 680-nál az 1., 4., 5., 6., 7., 9., 13., 15., 16. és 17. genotípus produkál fragmentumot.

630-nál a 2., 10., 14. és 18. genotípusnál, míg 680-nál a 2., 6., 7., 9., 10., 11., 13., 14., 15., 16., 17. és 18. genotípusnál látható fragmentum.

740-nél az 1., 2., 3., 4., 5., 6., és 8., míg 760-nál a 7., 9., 11., 12., 13., 14. és 15., 16. és 17. genotípus mutat fragmentumot.

870-nél mindössze a 2., 7. és 14., míg 900-nál egyetlen genotípusnál, a 15.-nél látható fragmentum.

930-nál a 2., 3., 4., 7., 8., 9., 10., 11., 13., 14., 15., 16. és 18., az 1120-nál a 2., 3., 5., 6., 7., 8., 9., 10., 11., 14., 15. 16. és 18., míg 1200-nál az 5., 6., 7., 9., 15., 16. és 17. genotípusnál található fragmentum.

1250-nél az 1., 2., 3., 5., 6., 8., 11., 12., 14., 16. és 18., míg 1650-nél mindössze egy, a 18., míg 1850-nél az 5., 6., 7., 9. és a 15. genotípusnál is látható fragmentum.

1920-nál, mindössze három, az 1. a 12. és a 14., 2000-nél csupán egyetlen genotípus, a 14. produkál fragmentumot.

2200-nél az 1., 11., 12 és 18., 2800-nál a 8., 12. és 18. genotípus mutat fragmentumot.

Legdiverzebb genotípusok ezzel a primerrel a 9. (Ceglédi C.307). a 15. (H-III.10/21) és a 18. (Tsunami) genotípusok, mindhárom 11-11 különböző méretű fragmentumot mutattak, de eltérő a mintázatuk.

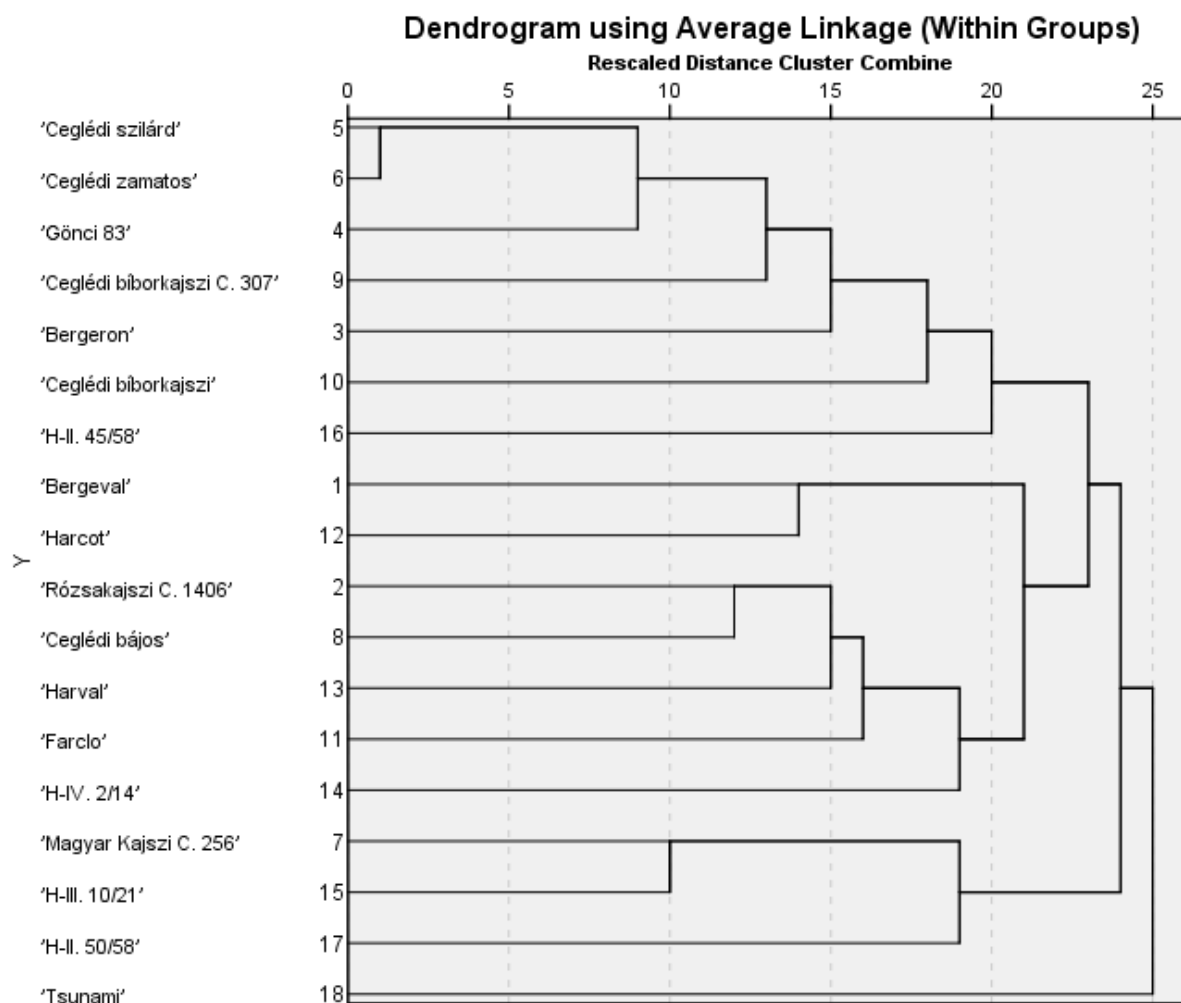
Legkevésbé diverz genotípus ezzel a primerrel a 13. (Harval) és a 17. (H-II.50/58), amik mindössze 4-4 különböző méretű fragmentumot mutattak, de szintén eltérő mintázattal.

Ezzel a primerrel ugyanazt a mintázatot egyedül az 5. (Ceglédi szilárd) és 6. (Ceglédi zamatos) mutatja. Érdekes, hogy az 4.1.1 és 4.1.2 pontban foglalt vizsgálatnál is ugyanez a két genotípus mutatott megegyező mintázatot.

Öt bp hosszúság is előfordul, ahol csak egy-egy genotípus produkál fragmentumot: 410-nél a 10. (Ceglédi bíborkajszi), 460-nál a 3. (Bergeron), 900-nél a 15. (H-III.10/21), 1650-nél a 18. (Tsunami) és 2000-nél a 14. (H-IV.2/14). Itt szintén érdemes lehet ismételt PCR vizsgálatokat végezni, és ha újból ugyanezt a polimorfizmust tapasztaljuk, akkor kivághatjuk a fragmentumot és megtisztíthatjuk további elemzések elvégzéséhez. Különösen érdekes lehet azért, mert az átlagosnál tágabb ökológiai tűrőképességgel rendelkező 'Bergeron' is produkál egyedi fragmentumot.

A kapott CDDP eredményekből is dendrogramot is készítettünk, melyet a 8. ábra mutat be. egymástól. A dendrogram alapján öt nagyobb csoport van. Az egyik csoportot csak 3 genotípus alkotja, a 'H-III. 10/21', a 'Magyar kajszi C. 256', valamint a 'H-II. 50/58'. A másik csoportot szintén három genotípus alkotja, a 'Rózsakajszi C. 1406', a 'Ceglédi Bájós', illetve a 'Harval'. A harmadik csoportot mindössze kettő genotípus, a 'Bergeval és a 'Harcot', míg a negyediket a 'Ceglédi szilárd', a 'Ceglédi zamatos', valamint a 'Gönci 83' alkotja. Mindezek mellett az is jól látszik az ábrán, hogy a 'Ceglédi szilárd' és a 'Ceglédi zamatos' klónokat nem sikerült elkülöníteni egymástól.

8. ábra- 5 CDDP primerrel készített dendrogram a 18 kajszi genotípus esetében9



Ezenfelül a 18 genotípust megvizsgáltuk abiotikus stresszel összefüggésben álló CDDP-markerekkel. Az így kapott polimorfizmus mintázatból bináris táblázatot készítettünk. Az értékek ebben az esetben egy körülbelüli értékeknek felelnek meg, melyet a molekula tömeg marker segítségével becsültük meg. Az így kapott eredmények szerint a fagyűrész és a genotípusos adatok szerint a CDDP-6-os marker 410 bp és a WRKY-R3-as marker 570 bp hosszúságú fragmentumával állhat összefüggésben.

6. táblázat – SSR markerek összefüggésének valószínűsége a kajszi morfológiai jegyeivel (saját készítés)

Tulajdonság	CDDP marker (allélok)	r	R ²	Standardized beta Koefficiens	t -érték	P -érték
Fagyűrész	C6 ₄₁₀	0,969	0,940	0,969	16,269	0,000
	R3 ₅₇₀	0,987	0,975	0,391	4,771	0,000
	R11 ₅₃₀	0,993	0,986	0,120	3,386	0,004
	M41 ₇₀	0,996	0,992	-0,150	-3,348	0,005

F1 ₆₈₀	0,997	0,995	0,085	2,494	0,027
M4 ₃₀₀	0,998	0,997	-0,082	-2,603	0,023
R3 ₁₁₂₀	0,999	0,998	-0,080	-2,330	0,040
C6 ₁₀₃₀	0,999	0,999	0,053	3,405	0,007

4.6 A CDDP markertechnikával elvégzett kísérletek összegzése

A kapott eredmények azt bizonyítják, hogy ez a markertechnika bőséges polimorfizmust képes kimutatni a fajták között így genetikai diverzitás vizsgálatára kifejezetten jól használható. Nagy bázispár hossz terjedelemben lehet a technikával vizsgálni a fragmentumokat.

A legnagyobb diverzitást nyújtó kipróbált primernek a WRKY-F1 és a WRKY-R3 bizonyult, mert ezek adták a legtöbb különböző hosszúságú fragmentumot (a WRKY-R3 24, a WRKY-F1 23 darabot). A WRKY-F1-el 366, míg a WRKY-R3-al 296 különböző fragmentumot produkáltak a genotípusok összesen, ami szintén bőségesnek bizonyul. Legkisebb diverzitást, polimorfizmust a WRKY-R1 primer produkálta, ugyanakkor ezzel állapítottuk meg a legtöbb azonos mintázatot a fajták között, amit még érdemes lehet vizsgálni, esetleg a morfológiai tulajdonságokkal összevetni, hiszen fajtakísérleteknél, a szülő egyedek szelektálásánál hasznos lehet.

Illetve azon bázispár hosszak, ahol a genotípusok nagy része mutat fragmentumot, azon genotípusok morfológiai jegyeit összevetni azokkal, amik nem tartalmazzák az adott bázispár hosszúságú fragmentumot.

5. Következtetések

A vizsgálatunk során 7 SSR és 6 CDDP markert teszteltünk összesen 18 hazai és külföldi kajszi genotípuson. Célunk volt, hogy megállapítsuk alkalmasak-e a felhasznált markerek kajszi genotípusok polimorfizmus vizsgálatára, illetve összefüggésbe hozhatók-e morfológiai tulajdonságokkal. Magyarországon a kajszi termésbiztonságát a késő téli és kora tavaszi lehúlések veszélyeztetik, ezért a morfológiai tulajdonságok közül kifejezetten a hidegtűrést tettük céltáblára. A két kérdésrészre határozottan **igen** a válasz, hiszen mind az SSR, mind a CDDP markerekkel jelentős polimorfizmus mintázatot sikerült feltárni, illetve mindkét fajta markertechnikával sikerült néhány primert azonosítani, ami összefüggésbe hozható a fagyűréssel. Az SSR markerek közül a PCeGA25 és az AMPA105 primer, míg a CDDP markerek esetében a CDDP-6 és WRKY-R3 volt ilyen.

A PCeGA25 markert már több kutatás tesztelte a *Rosaceae* család tagjain:

- A Magyar Agrár-és Élettudományi Egyetem Genetika és Biotechnológia Intézet egy 2023. évi kutatása meggy genotípusokon vizsgálta ezt a primert is és arra a következtetésre jutottak, hogy ez a marker szignifikánsan korrelál a virágzási és termésérési idővel (Bedő et al, 2023).
- Egy 2009-es kísérlet litván és svéd cseresznye fajták genetikai variabilitását vizsgálta és arra a megállapításra jutottak, hogy a marker magas polimorfizmust képes feltárni lókuszonként akár 4-10 allélt is (Lacis et al, 2009; Iordachescu és Badulescu, 2021).
- Ugyanezt a megállapítást erősítette meg egy török kísérlet, ami szintén cseresznyére tesztelte ezt a primert, ami magas polimorfizmust mutatott 56 lókuszra (Turet-Sayar et al, 2012).

Az AMPA 105 primert szintén több kutatásban felhasználták már a *Rosaceae* családban:

- Egy spanyol kísérlet szerint ez a marker kajsziban szoros kapcsolatban van a virágzási idővel, mint fontos agronómiai tulajdonsággal (Campoy et al, 2010).
- Korábbi kísérletek szerint őszibarackban a marker szoros kapcsolatban van egy oldható szilárd anyagokkal összefüggésbe hozható QTL-lel (G5 kapcsoltsági csoport (Dirlewanger et al, 1999, Salazar, 2013).

A vizsgálatunkban szereplő többi SSR markerről a Magyar Agrár-és Élettudományi Egyetem Genetika és Biotechnológia Intézet az említett kísérletében az alábbi megállapításokat tette:

- Az UDP98410 a gyümölcsúllyal, ugyanez a marker és a BPPCT030 magas polimorfizmust képes generálni és a BPPCT007 allélja az érési idővel korrelál (Bedő et al, 2023).

A CDDP markerek a *Rosaceae* családban történő teszteléséről kevés szakirodalmi anyag áll jelenleg rendelkezésünkre:

- Egy 2022-ben történt kutatás szerint a CDDP-6 marker paradicsomban polimorfizmust tárt fel (El Mogy et al, 2022).
- A WRKY F1-et, -R1-et és -R3-at egy szlovák kísérletben alkalmazták már almára, sőt primerkombinációit is használták ezen markereknek, amik polimorf mintázatot tártak fel. Egyes primer kombinációk azonos amplifikációs mintázatot mutattak néhány fajtánál. Összességében a vizsgálat bizonyította, hogy a markerek alkalmasak polimorf mintázat kimutatására alma genotípusokban (Bilčíková et al, 2021)

A CDDP markerekről arányaiban jóval kevesebb szakirodalmi anyag és kísérleti eredmény áll rendelkezésünkre, mégis polimorf mintázatot képes generálni, ezért érdemes lehet kiaknázni a marker lehetőségeit akár kajszipan is.

A vizsgálatot érdemes lehet kiterjeszteni több fajtára, illetve ugyanazon fajtán több alkalommal is végrehajtani, mert mutációk véletlenszerűen bármikor bekövetkezhetnek a DNS-ben, így kizárható a tévedés lehetősége, vagy épp új mutánsokat is felfedezhetünk. Továbbá ugyanezen markertechnikák más primereit is érdemes lehet tesztelni, illetve akár más markertechnikákat is be lehetne vezetni a vizsgálatba.

Korunk növénynemesítésénél elkerülhetetlen, hogy minél jobban megismerjük a fajták genetikai variabilitását, hogy új, gazdaságilag értékesebb vagy ellenálló fajtákat hozhassunk létre.

6. Összefoglalás

Hazánk tradicionális gyümölcse a kajszibarack, termesztése többszázéves múltra tekint vissza. Rengeteg fajta áll rendelkezésünkre, melyeknek tulajdonságait, illetve azok genetikai hátterét nem ismerjük még kellőképpen.

Hagyományos növénynemesítési eljárások alkalmazásával új gyümölcsfajták létrehozása és kereskedelmi forgalomba hozatala akár több évtized munkáját is felemésztetheti, ami jelentősen megrövidíthető molekuláris markerek igénybevételével, marker asszisztált szelekcióval.

A hazai kajszibarack termésbiztonságot évről évre a kora tavaszi fagyok és a klímaváltozás szeszélyes időjárása is veszélyeztetik, ezért a jövőben elkerülhetetlen lesz új, ellenálló fajták létrehozatala. Ezen tényezők miatt elengedhetetlen a már meglévő fajták genetikai diverzitásának megismerése.

Kísérletünkben hazai és külföldi, összesen 18 kajszibarack genotípus DNS-ét vizsgáltuk, mikroszatellit (SSR) és CDDP (Conserved DNA-derived polymorphism) markerekkel. CDDP markerek Rosaceae családban történő használatáról aránylag kevés szakirodalmi információ van, ezért is kicsit egyedi a vizsgálatunk. Hét SSR (AMPPG178, Ma39a, AMPA105, UDPD98410, BPPCT030, PCeGA025 és BPPCT007) és 6 db CDDP markert (WRKY-R1, MADS-4, WRKY-F1, CDDP-6, WRKY-R3 és WRKY-R2) alkalmaztunk.

A vizsgálat laboratóriumi részei a következők voltak: DNS kivonás és annak sikerességének ellenőrzése, PCR reakció, agaróz gélelektroforézis. SSR marker esetében poliakrilamid gélelektroforézist alkalmazunk és az alapján történik az eredmények kiértékelése, míg CDDP markertechnika esetében ehhez bináris táblázatot készítünk az agaróz gélelektroforézis után.

Vizsgálatunk célja, hogy megállapítsuk, alkalmasak-e a markerek kajszibarack genotípusok polimorfizmusának vizsgálatára és az esetlegesen felbukkanó polimorf mintázatok összefüggésbe hozhatók-e morfológiai tulajdonságokkal, akár a fagyűrővel is.

Mindkét kérdésre igen a válasz, a két markertechnika polimorf mintázatot mutatott. A CDDP markerek közül a legmagasabb szintű polimorfizmust a WRKY-F1 és a WRKY-R3 primer szolgáltatta. A fagyűrővel szignifikáns összefüggést az SSR markerek közül a PCeGA025-ös, marker 184-es és 188-as, illetve az AMPA105-ös marker 190 bp-os allélja, míg a CDDP markerek közül a CDDP-6-os marker 410-es és a WRKY-R3-as marker 570-es allélja mutatta.

A vizsgálatot érdemes kiterjeszteni több genotípusra és bevonni ugyanezen markertechnikák más markereit vagy akár új markertechnikákat is.

Az ilyen kísérletek hasznosak lehetnek diverzitásvizsgálatoknál, de akár új genotípusok létrehozásához is alapul szolgálhatnak a megfelelő szülő növények kiválasztása révén.

Köszönetnyilvánítás

Köszönettel tartozom a konzulenseimnek, Bedő Janának és Dr. Mendel Ákosnak akik időt és sok energiát nem sajnálva álltak a rendelkezésemre, szakmai tanácsokkal és ismeretekkel láttak el engem.

Köszönöm a Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem Genetika és Biotechnológia Intézetnek, hogy fogadtak a munkám során és az eszközöket biztosították számomra.

Szeretnék köszönetet mondani az oktatóinknak, akik a képzés során elméleti és gyakorlati tudást adtak át nekünk és a jövőre készítettek fel minket.

Köszönettel tartozom a családomnak, hogy folyamatosan mellettem álltak és támogattak, hogy egyengethessem életem útját.

7. Felhasznált irodalom

- Nyujtó, F. és Surányi, D. (szerk.) (1981): *Kajszibarack*. Mezőgazdasági Kiadó, Budapest.
- Erdogan-Orhan, I. és Kartal, I., (2011): *Insights into research on phytochemistry and biological activities of Prunus armeniaca L. (apricot)*. Food Research International 1238-1243.
- Bartha, D. (2012): Dendrológia. Nyugat-magyarországi Egyetem, Erdőmérnöki Kar, Sopron
- Uzun, A.; Gulsen, O.; Seday, U.; Bircan, M. és Yilmaz, K. U. (2010): *SRAP based genetic analysis of some apricot cultivars*. Romanian Biotechnological Letters Vol. 15, No. 4, 2010
- Hormaza, J. I.; Yamane, H. és Rodrogo, J. (2007): *Apricot*. Genome Mapping and Molecular Breeding in Plants, Volume 4 Fruits and Nuts ©Springer-Verlag Berlin Heidelberg 2007
- Donoso, J. M.; Aros, D.; Meneses, C.; Narváez, C. és Infante, R. (2008): *Genetic relationships in apricot (Prunus armeniaca L.) using SSR markers and their implications for breeding*. Department of Plant Science, University of Chile, Casilla 1.004, Santiago, Chile
- Pedryc, A. (2008): *Kajszifajták genetikai jellemzése mikroszatellit és S-lókusz polimorfizmus alapján*. Akadémiai Doktori Értekezés, BCE Genetika és Növénynevelés Tanszék
- Surányi, D. (2016): *Comparative analysis of apricot cultivars based on their ecological and biological indicators*. International Journal of Horticultural Science 2016, 22 (3–4): 35–50.
- Mendelné Pásztai, E.; Bakos, J. L. ; Szalay, L. és Mendel, Á. (2022): *Kajszifajták virágrügyeinek fagyűrész- és fagykár vizsgálati eredményei*. Kertgazdaság 54 (2022)4
- Evelpidou, N. és de Figueiredo, T. (szerk.) (2009): *Soil Protection in Sloping Mediterranean Agri-Environments: lectures and exercises*. Instituto Politécnico de Bragança Bragança, Portugal
- Deitch, M. J.; Sapundjieff, M. J. és Feirer, S. T. (2016): *Characterizing Precipitation Variability and Trends in the World's Mediterranean-Climate Areas*. Water 2017, 9, 259; doi:10.3390/w9040259
- Nagy, A; Riczu, P és Tamás, J. (2008): *A kajszibarack öntözéstervezése*. TECH_08-A3/2-2008-0373 és TECH_08-A4/2-2008-0138 pályázat
- Pénzes, B. és Szalay, L. (szerk.) (2003): *Kajszibarack*. Mezőgazda Kiadó, Budapest
- Petres, M. (2016): *Kajszibarack termesztés a gönci termőterületen*. Szent István Egyetem Mezőgazdaság- és Környezettudományi Kar Növényvédelmi Intézet, Gödöllő
- Molnár, L. és Vágó, E. (szerk.) (1999): *Kajszibarack termesztés kézikönyve*. Acrux Bt., Kecskemét

- Mendelné Pásztai, E.; Bujdosó, G. és Mendel, Á. (2022): *Early vegetative characteristics of three apricot cultivars grafted on six different rootstocks (preliminary results)*. Horticulturae 2022, 8, x FOR PEER REVIEW
- Mendelné Pásztai, E.; Balogh-Tóth, A.; Mendel, Á. és Hrotkó, K. (2023): *A kajsi (Prunus armeniaca L.) alanyhasználat és alanynemesítés helyzete és a fejlesztés lehetőségei*. Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Kertészettudományi Intézet, Gyümölcsstermesztési Kutatóközpont, Ceglédi Kutatóállomás, 2700, Cegléd, Szolnoki út 52.
- Kajtár-Czinege, A. (2018): *A világon elterjedt szilvaalanyok botanikai csoportosítása*. Kertgazdaság 2018. 50. (2)
- Mendelné Pásztai, E.; Bujdosó, G.; Ercsli, S.; Hrotkó, K. és Mendel, Á. (2022): *Apricot rootstocks with opportunities in Hungary*. Horticulturae 2022, 8, x FOR PEER REVIEW
- Szalay, L.; Bakos, J.; Tótsaki, Á. és Froemel-Hajnal, V. (2021): *Kajszifajták virágrügyeinek és virágainak fagyűrvése a természetes fagykárok felmérése alapján*. Kertgazdaság 53 (2021) 2
- Pakkish, Z. és Tabatabaieenia, M. S. (2015): *The use and mechanism of NO to prevent frost damage to flower of apricot*. Scientia Horticulturae 198 (2016) 318–325
- Hajnal, V. (2015): *Külföldi kajszifajták adaptációs értékelése a virágrügyfejlődés, a fagyérzékenység és a gyümölcsminőség vizsgálata alapján*. Doktori (PhD) értekezés, Budapesti Corvinus Egyetem Kertészettudományi Kar Gyümölcsstermő Növények Tanszék, Budapest
- Ruiz, D; Campoy, J. A. és Egea, J. (2007): *Chilling and heat requirements of apricot cultivars for flowering*. Environmental and Experimental Botany 61 (2007) 254–263
- Szalay, L. (2001): *Kajsi- és őszibarackfajták fagy- és téltűrése*. Doktori értekezés, Szent István Egyetem, Budapest
- Németh, Sz. (2012): *A virág- és gyümölcsfejlődés fenológiai, morfológiai és biokémiai jellemzése fontosabb kajszifajták esetében*. Doktori (PhD) értekezés, Budapesti Corvinus Egyetem, Budapest
- Szalay, L.; Froemel-Hajnal, V.; Bakos, J. és Ladányi, M. (2019): *Changes of the microsporogenesis process and blooming time of three apricot genotypes (Prunus armeniaca L.) in Central Hungary based on longterm observation (1994–2018.)*, Scientia Horticulturae 246 (2019) 279–288
- Hajnal, V.; Omid, Z.; Ladányi, M.; Tóth, M. és Szalay, L. (2013): *Microsporogenesis of apricot cultivars in Hungary*. Not Bot Agrobi, 2013, 41(2): 434–439

- Lecesse, A.; Bartilini, S. és Viti, R. (2007): *Total Antioxidant Capacity and Phenolics Content in Apricot Fruits*. International Journal of Fruit Science, 7:2, 3-16, DOI: 10.1300/J492v07n02_02
- Szalay, L.; Bakos, J.; Tószaki, Á.; Keleta, B. T.; Froemel-Hajnal, V. és Karsai, I. (2021): *A 15-year long assessment of cold hardiness of apricot flower buds and f lowers during the blooming period*. Scientia Horticulturae 290 (2021) 110520
- Dragovic-Uzelac, V.; Levaj, B.; Mrkic, V.; Burkac, D. és Boras, M. (2006): *The content of polyphenols and carotenoids in three apricot cultivars depending on stage of maturity and geographical region*. Food Chemistry 102 (2007) 966–975
- Göttingerová, M.; Kumsta, M.; Rampácková, E.; Kiss, T. és Necas, T. (2021): *Analysis of Phenolic Compounds and Some Important Analytical Properties in Selected Apricot Genotypes*. Hortscience 56(11):1446–1452. 2021. <https://doi.org/10.21273/HORTSCI16139-21>
- Mendel Á. (2024): Szóbeli közlés
- Brózik, S. és Kállay, T. (szerk.) (2000): *Csonthéjas gyümölcsfajták*. Mezőgazda kiadó, Budapest
- Mendelné Pásztai, E. és Mendel, Á. (2021): *Cegledi Bajos: The New Hungarian Bred Apricot Cultivar*. Hortscience 56(10):1297–1298. 2021. <https://doi.org/10.21273/HORTSCI16055-21>
- Bassi, D. és Foschi, S. (2013): *Trends in apricot and peach industries in Italy*. Proceedings of the 4th Conference „Innovation in fruit growing“, Belgrade, 2013.
- Layne, R. E. C. (1991): *‘Harval’ Apricot*. Hortscience 26(4):424-425. 1991.
- Burgos, L.; Albuquerque, N. és Egea, J. (2004): *Review. Flower biology in apricot and its implications for breeding*. Spanish Journal of Agricultural Research (2004) 2 (2), 227-241
- Milosevic, T.; Milosevic, N. és Glisic, I. (2021): *Early tree performances, precocity and fruit quality attributes of Early tree performances, precocity and fruit quality attributes of newly introducedapricot cultivars grown under western Serbian newly introducedapricot cultivars grown under western Serbian conditions*. Turkish Journal of Agriculture and Forestry Volume 45, Number 6
- Glišić, I.; Ilić, R.; Milošević, T.; Paunović, G.; Glišić, I. és Radičević, Z. (2023): *Flowering phenophase of some apricot (P. armeniaca L.) cultivars depending on air temperature*. “1st International Symposium on biotechnology” Proceedings, 2023 DOI: 10.46793/SBT28.125G
- Idrees, M. (2014): *Molecular Markers in Plants for Analysis of Genetic Diversity: A Review*. European Academic Research - Vol. II, Issue 1 / April 2014

- Kondrostami, M. és Rahimi, M. (2015): *Molecular Markers in Plants: Concepts and Applications*.
Department of Biotechnology, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Rasht, Iran
Department of Biotechnology, Institute of Science and High Technology and Environmental
Sciences, Graduate University of Advanced Technology, Kerman, Iran.
- Agarwal, M.; Shrivastava, N. és Padh, H. (2007): *Advances in molecular marker techniques and their applications in plant sciences*. Plant Cell Rep (2008) 27:617–631
- Amom, T. és Nongdam, P. (2017): *The Use of Molecular Marker Methods in Plants: A Review*.
International Journal of Current Research and Review Vol 9 Issue 17 September 2017
- Kundan, M.; Fougat, R.S.; Ballani, A.; Vinita, T; Yachana, J. és Madhumati, B. (2014): *Potential and application of molecular markers techniques for plant genome analysis*. International Journal of Pure & Applied Bioscience 2 (1): 169-188 (2014)
- Semagn, K.; Bjørnstad, Å. és Ndjondjop, M. N. (2006): *An overview of molecular marker methods for plants*. African Journal of Biotechnology Vol. 5 (25) pp. 2540-2568
- Amiteye, S. (2021): *Basic concepts and methodologies of DNA marker systems in plant molecular breeding*. Heliyon 7 (2021) e08093
- Jones, N.; Ougham, H. és Thomas, H. (1997): *Markers and mapping: we are all geneticists now*. New Phytologist (1997), 137, 165-177
- Hajósné Novák, M. (szerk.) (1999): *Genetikai variabilitás a növénynevelésben*. Mezőgazda Kiadó, Budapest
- Velich, I. (2001): *Növénygenetika*. Mezőgazda Kiadó, Budapest
- de Vicente, M. C.; Truco, M. J.; Egea, J.; Burgus, L. és Arus P. (1997): *RFLP variability in apricot (Prunus armeniaca L.)*. Plant Breeding 117, 153-158 (1998)
- Vuylsteke, M.; Peleman, J. D. és van Eijk, M. J. T. (2007): *AFLP technology for DNA fingerprinting*
Nature Protocols Vol. 2 no.6 (2007)
- Málnás, K.; Zubor, Á.; Lengyel Sz.; Prokisch J. és Dévai Gy. (2006): *A genetikai variabilitás generációk közti megoszlása a tiszavirágnál [Palingenia longicauda (Olivier, 1791)]* Hidrológiai Közlemény 2006. 86. évf. 6. sz.
- Ajmone-Marsan, P.; Valentini, A.; Cassandro, M.; Vecchiotti-Antaldi, G.; Bertoni, G. és Kuiper, M. (1997): *AFLP markers for DNA fingerprinting in cattle*. Animal Genetics, 1997, 28, 418-426

- Liu, Z. (2007): *Aquaculture Genome Technologies*. Blackwell Publishing Professional 2121 State Avenue, Ames, Iowa 50014, USA
- Hagen, L. S. ; Khadari, B.; Lambert P. és Audergon J. M. (2002): *Genetic diversity in apricot revealed by AFLP markers: species and cultivar comparisons*. Theor Appl Genet (2002) 105:298–305
- Hadrys, H.; Balick, M. és Schierwater, B. (1992): *Applications of random amplified polymorphic DNA (RAPD) in molecular ecology*. Molecular Ecology (1992) 1, 55-63
- Kumar, N. S. és Gurusubramanian, G. (2011): *Random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers and its applications*. Science Vision (3), 116-124 July-September, 2011
- Tingey, S. V.; Rafalski, A. J. és Hanafey, M. K. (1994): *Genetic Analysis with RAPD Markers*. NATO ASI Series. Vol. H 81 Plant Molecular Biology
- Bardakci, F. (2000): *Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) Markers*. Turkish Journal of Biology 25 (2001) 185-196
- Ercilsi, S.; Agar, G.; Yildirim, N.; Esitken, A. és Orhan, E. (2009): *Identification of apricot cultivars in Turkey (Prunus armeniaca L.) using RAPD markers*. Romanian Biotechnological Letters, Vol. 14, No.4, 2009, pp. 4582-4588
- Lessels, C. M. és Mateman, C. (1997): *Sexing birds using random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers*. Molecular Ecology (1998) 7, 187–195
- De Wolf, H.; Blust, R. és Backeljau, T. (2003): *The use of RAPD in ecotoxicology*. Mutation Research 566 (2004) 249–262
- Toshihide, T; Takehido, S.; Keiichi, N.; Takeshi, O.; Takashi, H.; Masami, Y és Masao, Y. (1998): *Classification of Apricot Varieties by RAPD Analysis*. Journal of the Japanese Society for Horticultural Science 67 (1): 21-27. 1998
- Gogorcena, Y. és Parfitt, D. E. (1994): *Evaluation of RAPD marker consistency for detection of polymorphism in apricot*. Scientia Horticulturae 59 (1994) 163-167
- Collard, B. C. Y. és Mackill, D. J. (2009): *Conserved DNA-Derived Polymorphism (CDDP): A Simple and Novel Method for Generating DNA Markers in Plants*. Plant Mol Biol Rep (2009) 27:558–562
- Liu, H.; Zang, F.; Wu, Q.; Ma, Y.; Zheng, Y. és Zang, D. (2020): *Genetic diversity and population structure of the endangered plant Salix taishanensis based on CDDP markers*. Global Ecology and Conservation 24 (2020) e01242
- Hajibarat, Z.; Saidi, A.; Hajibarat, Z. és Talebi, R. (2015): *Characterization of genetic diversity in chickpea using SSR markers, Start Codon Targeted Polymorphism (SCoT) and Conserved DNA-Derived Polymorphism (CDDP)*. Physiol Mol Biol Plants (July–September 2015) 21(3):365–373
- Igwe, D. O.; Iheahuru, O. C.; Osano, A. A.; Acquah, G. és Ude, G. N. (2021): *Genetic Diversity and Population Assessment of Musa L. (Musaceae) Employing CDDP Markers*. Plant Molecular Biology Reporter (2021) 39:801–820

- Saidi, A.; Jabalameli, Z. és Ghalamboran, M. (2018): *Evaluation of genetic diversity of carnation cultivars using CDDP and DAMD markers and morphological traits*. Nucleus <https://doi.org/10.1007/s13237-018-0238-7>
- Golian, M. ; Chlebová, Z.; Žiarovská, J.; Benzová, L.; Urbanová, L.; Hovanáková, L.; Chlebo, P. és Urmínská, D. (2022): *Analysis of Biochemical and Genetic Variability of *Pleurotus ostreatus* Based on the-Glucans and CDDP Markers*. Journal of Fungi 2022, 8, 563. <https://doi.org/10.3390/jof8060563>
- Jiang, L. és Zang, D. (2020): *Genetic diversity and population structure of the endangered plant *Salix taishanensis* based on CDDP markers*. Global Ecology and Conservation 24 (2020) e01242
- Taheri, S.; Abdullah, T. L.; Yusop, M. R.; Hanafi, M. M.; Sahedi, M.; Azizi, P. és Shamshiri, R. R. (2018): *Mining and Development of Novel SSR Markers Using Next Generation Sequencing (NGS) Data in Plants*. Molecules 2018, 23, 399; doi:10.3390/molecules23020399
- Duran, C.; Appleby, N.; Edwards, D. és Batley, J. (2009): *Molecular Genetic Markers: Discovery, Applications, Data Storage and Visualisation*. Current Bioinformatics, 2009, 4, 16-27
- Zalapa, J. E.; Cuevas, H.; Zhu, H.; Steffan, S.; Senalik, D.; Zeldin, E.; Mccown, B.; Harbut, R. és Simon, P. (2012): *Using Next-generation Sequencing approaches to isolate Simple Sequence Repeat (SSR) loci in the Plant Sciences*. American Journal of Botany 99(2): 193–208. 2012.
- Kalia, R. K.; Rai, M. K.; Kalia, S.; Singh, R. és Dhawan, A. K. (2010): *Microsatellite markers: an overview of the recent progress in plants*. Euphytica (2011) 177:309–334
- Kuleung, C.; Baenziger, P. S.; Dweika, I. (2003): *Transferability of SSR markers among wheat, rye, and triticale*. Theor Appl Genet (2004) 108:1147–1150 DOI 10.1007/s00122-003-1532-5
- Legesse, B. W.; Myburg, A. A.; Pixley, K. V. és Botha, A. M. (2006): *Genetic diversity of African maize inbred lines revealed by SSR markers*. Hereditas 144: 10 17 (2007)
- Zhebentyayeva, T. N.; Reighard, G. L.; Gorina, V. M.; Abbott, A. G. (2003): *Simple sequence repeat (SSR) analysis for assessment of genetic variability in apricot germplasm*. Theor Appl Genet (2003) 106:435–444 DOI 10.1007/s00122-002-1069-z
- Sanchez-Perez, R.; Ruiz, D.; Dicenta, F.; Egea, J.; Martinez-Gómez, P. (2004): *Application of simple sequence repeat (SSR) markers in apricot breeding: molecular characterization, protection, and genetic relationships*. Scientia Horticulturae 103 (2005) 305–315

- Bourguiba, H.; Krichen, L.; Audergon, J. M.; Khadari, B. és Trifi-Farah, N. (2010): *Impact of Mapped SSR Markers on the Genetic Diversity of Apricot (Prunus armeniaca L.) in Tunisia*. Plant Mol Biol Rep (2010) 28:578–587 DOI 10.1007/s11105-010-0189-x
- He, T. M.; Chen, X. S.; Xu, Z.; Gao, J. S.; Lin, P. J.; Liu, W.; Liang, Q. és Wu, Y. (2006): *Using SSR markers to determine the population genetic structure of wild apricot (Prunus armeniaca L.) in the Ily Valley of West China*. Genetic Resources and Crop Evolution (2007) 54:563–572 2006 DOI 10.1007/s10722-006-0013-5
- Aranzana, M. J.; Pineda, A.; Cosson, P.; Dirlewanger, E.; Ascasibar, J.; Cipriani, G.; Ryder, C. D.; Testolin, R.; Abbott, A.; King, G. J.; Lezzoni, A. F. és Arús, P. (2002): *A set of simple-sequence repeat (SSR) markers covering the Prunus genome*. Theor Appl Genet (2003) 106:819–825 DOI 10.1007/s00122-002-1094-y
- Testolin, R.; Marrazzo, T.; Cipriani, G.; Quarta, R.; Verde, I.; Dettori, M. T.; Pancaldi, M. és Sansavini, S. (2000): *Microsatellite DNA in peach (Prunus persica L. Batsch) and its use in fingerprinting and testing the genetic origin of cultivars*. Genome 43: 512–520 (2000)
- Dirlewanger, E.; Cosson, P.; Tavaud, M.; Aranzana, M. J.; Poizat, C.; Zanetto, A.; Arús, P. és Laigret, F. (2002): *Development of microsatellite markers in peach [Prunus persica (L.) Batsch] and their use in genetic diversity analysis in peach and sweet cherry (Prunus avium L.)*. Theor Appl Genet (2002) 105:127–138 DOI 10.1007/s00122-002-0867-7
- Hagen, L. S.; Chaib, J.; Fady, B.; Decroocq, V.; Bouchet, J. P.; Lambert, P. és Audergon, J. M. (2004): *Genomic and cDNA microsatellites from apricot (Prunus armeniaca L.)*. Molecular Ecology Notes (2004) 4 , 742–745
- Cantini, C.; lezzoni, A. F.; Lamboy, W. F.; Boritzki, M. és Struss, D. (2001): *DNA Fingerprinting of Tetraploid Cherry Germplasm Using Simple Sequence Repeats*. J. AMER. SOC. HORT. SCI. 126(2):205–209. 2001.
- Yamamoto, T.; Mochida, K.; Imai, T.; Shi, Y.; Ogiwara, I.; Hayashi, T. (2002): *Microsatellite markers in peach [Prunus persica (L.) Batsch] derived from an enriched genomic and cDNA libraries*. Mol. Ecol. Notes 2002, 2, 298–301.
- Shen, Z.; Confolent, C.; Lambert, p.; Poëssel, J. L.; Quilot-Turion, B.; Yu, M.; Ma, R. és Pascal, T. (2013): *Characterization and genetic mapping of a new blood-flesh trait controlled by the single dominant locus DBF in peach*. Tree Genetics & Genomes (2013) 9:1435–1446

- Nyujtó, F. és Kovács, G. (1968): *Artificial infection of apricot trees grafted on various root-stocks with Verticillium dahliae kleb.* In: IV International Symposium on Apricots and Apricot Culture 11: 415-416.
- Elmanov, S. I. (1961): *Dejsztvije ponizsennüh temperatur na razvitia cvetocsnüh pocsek perszika i abrikosza. Szelekcijsz plodovüh i jagodnüh kultur ezsegodnűj urozsajnoszty i zimosztojkoszty.* CCCP, Moszkva, 298 301 p.
- Westwood, M. N. (1993): *Temperate-zone pomology.* Timber Press. Portland, Oregon, USA, 515 p.
- Vavilov, N. I. (1926) *The mountainous districts as the home of agriculture.* Studies on the origin of cultivated plants. Bulletin of Applied Botany in: Plant Breeding, 16: 218 220.
- Vavilov, N. I. (1951) *Phytogeographic basis of plant breeding.* Chronica Botanica. pp. 13–54.
- Nyujtó, F., Banai, B.-né (1975): *Előzetes közlemény a kajszibarack fajták termőrügyei téli morfogenezisének vizsgálatáról.* Gyümölcstermesztés 2: 15-20.
- Sebők, Sz. (1993): *A mikroszporogenezis jelentősége a kajszibarack nemesítési alapanyagainak megítélésében.* Szakdolgozat. KÉE. Budapest.
- Solohov, A.M. (1970): *Anatomo-morfologicseszkije oszobennosztyi zimosztojkoszty cvetkovüh pocsek abrikosza.* Abrikosz. Jerevan: Ajasztan. 231-237.
- Szalay, L., Pedryc, A., Szabó, Z. (1999): *Dormancy and cold hardiness of flower buds of some Hungarian apricot varieties.* Acta Horticulturae. 488: 315-319.
- Welsh, J. és McClelland, M. (1990): *Fingerprint genomes using PCR with arbitrary primers.* Nucleic Acids Res., 18, 7213-7218.
- Aly, A. A.; Eliwa, N. E; Borik, Z. M. és Safwat, G. (2021): *Physiological variation of irradiated red radish plants and their phylogenic relationship using SCoT and CDDP markers.* Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca Volume 49, Issue 3, Article number 12396, DOI:10.15835/nbha49312396
- Kysel, M.; Žiarovská, J.; Štefúnová, V.; Ražná, K. és Švec, M. (2018): *Marker profiling of wheat with different drought tolerance by CDDP.* Journal of Microbiology Biotechnology and Food Science 8 (5) 1220-1222, doi: 10.15414/jmbfs.2019.8.5.1220-1222
- Guo, J.; Yu, X.; Yin, H.; Liu, G.; Li, A.; Wang, H. és Kong, L. (2016): *Phylogenetic relationships of Thinopyrum and Triticum species revealed by SCoT and CDDP markers.* Plant Syst Evol (2016) 302:1301–1309, doi: 10.1007/s00606-016-1332-4
- Bilčíková, J.; Farkasová, S. és Žiarovská, J. (2020): *Genetic variability of commercially important apple varieties (Malus × domestica Borkh.) assessed by CDDP markers.* Acta fytotechn zootechn, 24, 2021(Monothematic Issue: Actual Problems in Agrobiolgy): 21–26

- Bedő, J.; Tóth-Lencsés, A., K.; Pápai, B.; Szőke, A.; Kiss, E. és Veres, A. (2023): *Microsatellite-Based Molecular Diversity in Sour Cherry Genotypes (Prunus cerasus L.) Cultivated in Hungary*. Horticulturae 2023, 9, 892.
- Lâcis, G.; Rashal, I. és Trajkovski, V. (2009): *Comparative analysis of sweet cherry (P. avium) genetic diversity revealed by two methods of ssr marker*. PROCEEDINGS OF THE LATVIAN ACADEMY OF SCIENCES. Section B, Vol. 64 (2010), No. 3/4 (668/669), pp. 149–158
- Iordachescu, M. és Badulescu, L. (2021): *Use of SSR molecular markers for sweet cherry (Prunus avium L.)*. LUCRĂRI ȘTIINȚIFICE SERIA HORTICULTURĂ, 64 (1) / 2021, USV IAȘI
- Turet-Sayar, M.; Turkec, A. és Demir, T. (2012): *Identification of Sweet Cherry Cultivars (Prunus avium L.) and Analysis of Their Genetic Relationship Using Microsatellite DNA Fingerprinting*. Journal of Agricultural Science; Vol. 4, No. 8; 2012
- Campoy, J., A.; Ruiz, D.; Egea, J.; Rees, D., J., G.; Celton, J., M. és Martínez-Gómez, P. (2010): *Inheritance of Flowering Time in Apricot (Prunus armeniaca L.) and Analysis of Linked Quantitative Trait Loci (QTLs) using Simple Sequence Repeat (SSR) Markers*. Plant Mol Biol Rep (2011) 29:404–410
- Dirlewanger, E.; Moing, A.; Svanella, C., R., L.; Pronier, V.; Plomion, A., G., C. és Monet, R. (1999): *Mapping QTLs controlling fruit quality in peach (Prunus persica (L.) Batsch)*. Theor Appl Genet (1999) 98: 18—31
- Salazar, J., A.; Ruiz, D.; Egea, J. és Martínez-Gómez, P. (2013): *Transmission of Fruit Quality Traits in Apricot (Prunus armeniaca L.) and Analysis of Linked Quantitative Trait Loci (QTLs) Using Simple Sequence Repeat (SSR) Markers*. Plant Mol Biol Rep DOI 10.1007/s11105-013-0625-9
- El Mogy, M., M.; Atia, M., A., M.; Bendary, E., S., A.; Dhawi, F.; Khojan, E.; Samra, B., N.,; Fouad, A., S.; Abdelgawad, K., F.; Ibrahim, M., F., M. és Abdeldaym, E., A. (2022): *Towards Better Grafting: SCoT and CDDP Analyses for Prediction of the Tomato Rootstocks Performance under Drought Stress*. Agronomy 2022, 12, 153. <https://doi.org/10.3390/agronomy12010153>
- Weising, K.; Winter, P.; Huttel, P. B; és Kahl, G. (1998): *Microsatellite markers for molecular breeding*. J. Crop Prod. 1: 113 143.
- Zargar, S.M.; Raatz, B.; Sonah, H.; Bhat, J.A.; Dar, Z.A.; Agrawal, G.K.; Rakwal, R. (2015): *Recent advances in molecular marker techniques: Insight into QTL mapping, GWAS and genomic selection in plants*. J. Crop Sci. Biotechnol. 2015 18, 293–308.

Internetes hivatkozások:

URL1:

https://books.google.hu/books?hl=hu&lr=&id=BqNOAAAAIAAJ&oi=fnd&pg=PR11&dq=vavilov&ots=xsF8JKsBmp&sig=aMHe98I7_4X2GVes28NdMGiTnN8&redir_esc=y#v=onepage&q=vavilov&f=false

Elérhető: 2024. 03. 31.

URL2: <https://magyarmezogazdasag.hu/2023/10/17/a-kajszitermesztes-sikerenek-kulcsa-a-fajtavlasztas/>

Elérhető: 2024. 03.31.

URL 3: <https://magyarmezogazdasag.hu/2019/08/20/magyar-szuletesu-kajszik/>

Elérhető: 2024. 03.31.

8. Mellékletek

8.1 A kísérletünkben használt 18 kajszifajta rövid jellemzése

8.1.1. Bergeval

Új, Franciaországban nemesített fajta, későn virágzik, termése június második felében érik. Bőtermő, gyümölcse lédús, jó ízű.

Betegségeknek ellenálló. Sharka vírus rezisztens (Mendel Á. (2024): Szóbeli közlés).

8.1.2. Rózsakajsi C. 1406

Tájszelekció eredményeként a „rózsa” típusú fajtakörből 1955-ben gyűjtötték Nagykőrösön (Pénzes és Szalay, 2003, Brózik és Kállay, 2000). A fajta nemesítője Nyujtó Ferenc és munkatársai voltak és a fajta jogosultja a Ceglédi Gyümölcstermesztési Kutató-Fejlesztő Intézet Kht (Brózik és Kállay, 2000).

Fagy- és téltűrése nagyon jó (Pénzes és Szalay, 2003). Öntermékenyülő virágai középkésőn nyílnak. Jó termőképességű. Július végére, augusztus közepére várható a termésérés (Brózik és Kállay, 2000). Gyümölcse közepes méretű (kb. 35-40 g), oldalról lapított megnyúlt gömb alakú, aszimmetrikus. Héja narancssárga, a napos oldalon kárminpirosas. finoman molyhos. Húsa finom rostú, középkevény állományú, bőlevű, édes ízű, zamata kellemes, magvaváló (Pénzes és Szalay, 2003, Brózik és Kállay, 2000). Konzervipari felhasználásra ajánlott (Brózik és Kállay, 2000).

Sarka vírussal (himlővel) szemben nagyon érzékeny fajta, termesztésében ez okozza a legnagyobb problémát (Brózik és Kállay, 2000), erősen rontja a gyümölcs minőségét (Pénzes és Szalay 2003). Gutaütés és ágkárosodás kórokozóival szemben rezisztensnek mondható (Pénzes és Szalay 2003).

8.1.3. Bergeron

Franciaországból származik, a Lyon közelében található Saint-Cyr au Mont d'Orban Bergeron fedezte fel az első magoncot 1920-ban (Nyujtó és Surányi, 1981. Nyujtó Ferenc és munkatársai valamint Gyuró Ferenc és munkatársai honosították meg hazánkban, a fajta jogosultja a Ceglédi Gyümölcstermesztési Kutató-Fejlesztő Intézet Kht. és a MATE Kertészettudományi Intézet (Brózik és Kállay, 2000).

A téli és a tavaszi fagyokkal szemben rendkívül jó ellenálló képességet mutat (Molnár és Vágó 1999).

Öntermékeny fajta, késői virágzású, túlkötődésre, ebből adódóan alternanciára hajlamos (Brózik és Kállay, 2000).

A 'Magyar kajszí' után 7-10 nappal érik (július vége) és nagyon jó termőképességű (egyes fajtakísérletekben a termés mennyisége messze felülmúlt néhány hazai fajtát) (Nyujtó és Surányi, 1981).

Gyümölcse középnagy, kúpos gömb alakú (Brózik és Kállay, 2000). Héja sötétnarancssárga, a napos oldalon élénken pirosodik, ami tetszetőssé teszi megjelenését (Molnár és Vágó 1999, Brózik és Kállay, 2000). Húsa narancssárga, kemény állományú, kiváló ízű, túltermelés esetén lisztesedik, ilyenkor az ízvilága savasabb lesz. Magvaváló fajta, a magbél finom, édes. Friss fogyasztásra, gyümölcslé és befőtt készítésre ajánlják (Brózik és Kállay, 2000).

Sarka vírussal, monília hajtáshervadással és gnomóniás levélfoltossággal szemben érzékeny, a fák rendszeres metszést és termésritkítást igényelnek. Mivel későn érik, a termésbiztonsága jó és edzett fajtának nevezhető, ezért telepítését ajánlják (Brózik és Kállay, 2000).

8.1.4. Gönci 83

Nyujtó Ferenc szelektálta a fajtát Göncön (URL 2). Öntermékeny fajta, a virágzásának intenzitása közepesnek mondható (Mendelné és Mendel, 2021). Július elejére várható a termésérés (Mendelné és Mendel, 2021). Virágait nyáron és vesszőn hozza, színe fehér (Mendel Á. (2024): Szóbeli közlés). Gyümölcse gömb alakú (Mendelné és Mendel, 2021), vagy szögletes, kis méretű, lédús, kellemes ízű, közepesen aromás. Alapszíne világosnarancs, fedőszín nyomokban található rajta. Héja szőrözött, alapszíne világosnarancs, nyomokban fedőszínnel (URL2). Íze jó, közepesen aromás, lédús (Mendel Á. (2024): Szóbeli közlés). Repedésre nem hajlamos, a gyümölcshús nem maghoz kötött és nem barnul a mag körül. Magja édes ízű (URL2).

8.1.5. Ceglédi szilárd

Magyar kajszí és Bóborkajszí keresztezéséből származik. Öntermékenyülő fajta, a 'Magyar kajszí' után 12 nappal érik, termőképessége jó. Gyümölcse középnagy, húsa sötétnarancs, tömör állományú, kemény, de leves. Alapszíne narancssárga sötétkárminnal 40-60 %-ig belehelt, éretten sem hullik. Fája középhéví növekedésű. Sharka vírusra az átlagosnál érzékenyebb (Mendel Á. (2024): Szóbeli közlés).

8.1.6. Ceglédi zamatos

A 'Rózsakajszí' és a 'Mandulakajszí' keresztezéséből származik.

Fagyűrűzése közepes, virágzása középkései. Korán termőre fordul, termésérésének várható ideje a 'Magyar kajszíéval' egyezik meg (június 30-július 10). Termőképessége legfeljebb

közepes. Gyümölcse a 'Mandulakajszíéhoz' hasonlít, nagy méretű finom, a gyümölcshús állománya kemény, ami a szállíthatóságnak kedvez.

Fája erős növekedésű, a koronaalakításnál ügyelni kell arra, hogy a lehasadásra hajlamos meredek oldalágakat ne hagyjuk meg.

Eddig vírustüneteket nem találtak rajta a vizuális szemléken, vírusmentesítése megtörtént (URL 3).

8.1.7. Magyar kajszí C. 256

Nyujtó Ferenc és munkatársai szelektálták Cegléden, 1953- ban. Téli és tavaszi lehűlésre kevésbé érzékeny fajta.

Középidőben virágzik, öntermékenyülő, de pollenadónak is használják. Termése közepidőben érik egyenetlenül, nagy termőképességű fajta.

Fája középerős növekedésű, kusza szerkezetű, ívesen lehajló, laza ágrendszerű koronával.

Vesszője világos szürkésbarna színű, napos oldalán piros színárnyalattal, sűrű, világos paraszemölcsökkel.

Levele kerekded-tojásdad, szívalakú levélcsúcsa kissé kihegyesedik, széle finoman, kétszeresen fogazott.

Gyümölcse középnagy, gömbölyded, oldalról kissé lapított, tompa kúp alakú, héja finoman molyhos. Alapszíne narancssárga, kárminpirossal belehelt. A gyümölcshús narancssárga színű, szilárd, rostos, aromában gazdag, lédús.

Termését friss fogyasztásra és valamennyi konzervipari felhasználásra egyaránt alkalmas.

Sharka vírussal és moníliával szemben közepesen érzékeny (Mendel Á. (2024): Szóbeli közlés).

8.1.8. Ceglédi bájos

Új fajta, a Ceglédi Gyümölcstermesztési Kutató-Fejlesztő Intézet Kht. a 'Ceglédi hajnalpír' és 'Korai piros' tájfajták keresztezésével hozta létre.

A téltűrése nagyon jó, a késő tavaszi fagyok kisebb kockázatot jelentenek virágzáskor. Öntermékeny fajta, az első virágai a 'Gönci 83'-éval megegyező időben nyílnak, a virágzásának intenzitása közepesnek mondható. A korai évektől jó termést ad. A termésérés várható ideje július első dekádjának végén. Gyümölcse nagy súlyú, enyhén megnyúlt, kiváló ízű. Az érési időszak alatt a legjobb tulajdonságokkal bír a 'Magyar kajszí' választék közül.

Héja kb. felén fedőszinnel borított.

Moníliával szemben mérsékelten ellenálló (Mendelné Pásztai és Mendel, 2021).

8.1.9. Ceglédi C. 307

Izsákon szelektálták, öntermékenyülő fajta, de pollenadónak is használják. Korán termőre forduló, jó termőképességű. A 'Magyar kajszi' után 1-5 nappal érlik, de jóval előbb színeződik, egyenetlen érése ront a felhasználhatóságán.

Erős növekedésű, feltörő koronájú.

Gyümölcse nagy, alapszíne narancssárga, bíborpirossal 50-70 %-ban bemosott. A gyümölcshús sötét narancssárga színű, rostos, lédús. Húskeménysége egyenetlen. Nagyon mutatós, jellegzetes aromájú.

Lének, befőttnek és friss fogyasztásra is kiválóan alkalmas.

Sharka vírussal szemben viszonylag toleráns érzékeny (Mendel Á. (2024): Szóbeli közlés).

8.1.10. Ceglédi bíborkajszi

Az anyafát ismeretlen magoncként szelektálták 1953-ban Izsákon (Nyujtó és Surányi, 1981).

A fajta nemesítője Nyujtó Ferenc és munkatársai voltak és a fajta jogosultja a Ceglédi Gyümölcstermesztési Kutató-Fejlesztő Intézet Kht (Brózik és Kállay, 2000).

Fagyérzékeny fajta, ezért a legkevésbé fagyveszélyes termőhelyekre ajánlott (Molnár és Vágó, 1999).

Öntermékeny élénk rózsaszín virágai középidőben nyílnak (Pénzes és Szalay, 2003), jó pollenadó fajta (Brózik és Kállay, 2000). Korán termőre fordul és nagy mennyiségű termést képes hozni, termésbiztonsága azonban rossz, emiatt csak alacsony arányban termesztik, leggyakrabban pollenadónak szokták ültetni. Termésérésének ideje 'Magyar kajsziéval' egyszerre, vagy néhány nappal későbbre, július közepére esik (Brózik és Kállay, 2000), bár a termésterheléstől függően ez nagyon ingadozó lehet: kis terméshozam esetén megelőzheti a 'Magyar kajszi', de a túlterhelt fák esetében akár középkései időbe is átcsúszhat (Molnár és Vágó, 1999). Gyümölcse közepes méretű, alakja széles, kúpos, tojásdad, oldalról kissé lapított. Héja sötét narancssárga alapszínű, de a nap hatására sötétbordó fedőszín alakul ki a gyümölcs felületének jelentős részén (Pénzes és Szalay, 2003). Húsa narancssárga, rostos, középkevény, bőlevű, íze kiváló, zamata karakteres (Brózik és Kállay, 2000). A jól megérett gyümölcsből kiváló minőségű befőtt, dzsem, ivólé és pálinka is előállítható (Molnár és Vágó, 1999).

Sharka vírussal szemben nem érzékeny, de a rákosodás problémát jelent, illetve a gnomóniás levélfertőzéssel és a monília gyümölcsfertőzéssel szemben közepesen fogékony (Brózik és Kállay, 2000).

8.1.11. Farclo

Öntermékeny, bőtermő fajta (Bassi és Foschi, 2013). A legkésőbbi érésű kajszifajta, 50 nappal a 'Bergeron' után érik, hazánkban ennek várható ideje szeptember elejére tehető. A Carmingo sorozat utolsó érésű, védett tagja.

Termései nagyok, kiváló ízűek (Mendel Á. (2024): Szóbeli közlés).

8.1.12. Harcot

Kanadából származik, az Ontario tó melletti Harrow-i Mezőgazdasági Kutató Állomáson állították elő többszöri keresztezéssel, Layne szelektálta 1977-ben (Brózik és Kállay, 2000; Molnár és Vágó, 1999). A szülőfajták között hidegtűrő és kistermésű észak-amerikai fajták mellett a Perfection és a Phelps is fellelhetők (Molnár és Vágó, 1999).

Apostol János, Kerek Mária Magdolna és Nyujtó Ferenc honosították meg hazánkban, a fajta jogosultja az Érdi Gyümölcs-és Dísznövénytermesztési Kutató-Fejlesztő Kht. (Brózik és Kállay, 2000)

A téltűrése közepes, de egyes fajtakísérletek szerint némely magyarországi fajtánál (pl. Magyar kajsz, Ceglédi Piroska) fagyatűrőbb (Molnár és Vágó, 1999; Brózik és Kállay, 2000). A Duna-Tisza közti fagyveszélyes homokterületeken a fagykárt okozhat ennél a fajtánál is (Molnár és Vágó, 1999).

Önmeddő fajta, virágai korán nyílnak, a Ceglédi Piroskával és a Gönci magyar kajsz a javasolt pollenadói (Brózik és Kállay, 2000; Péntes és Szalay, 2003).

Jó termőképességű. A 'Magyar kajsz' előtt 2-3 nappal, július közepén érik meg a termése. Gyümölcse közepnagy, alakja kissé lapított kúp, a bibepontjánál hajlamos a repedésre, főleg esős időben (Brózik és Kállay; 2000, Péntes és Szalay, 2003).

Héja sötét narancssárga, kárminpirossal mosott, sűrűn piros pettyekkel. Húsa narancssárga, kemény állományú, rostos, lédús, kiváló ízű, magvaváló, de a túlterhelt fák termése gyengébb ízű lehet, ezért a termésritkítás ajánlott (Brózik és Kállay; 2000, Péntes és Szalay, 2003).

Friss fogyasztásra és befőtt készítésre ajánlják (Brózik és Kállay, 2000).

Sharka vírussal és gombafertőzésekkel szemben kevésbé érzékeny (Brózik és Kállay, 2000; Péntes és Szalay, 2003).

8.1.13. Harval

A kanadai Harrow-i Kutató Állomás a Veecot és a HW 435 keresztezésével hozta létre 1969-ben, a hidegtűrése jó (Layne, 1991).

Öntermékeny fajta (Burgos et al, 2004). A Harrow-i kísérletek szerint április végén nyílnak a virágai és augusztus elején érik a termése. A virágzása 1-2 nappal hamarabb, termésérése,

viszont néhány nappal később történik, mint a Harlayne és a Hargrande kanadai fajtáké. Gyümölcse középnagy, alakja közel gömb alakú vagy enyhén lapított, vonzó színezetű, élénk piros fedőszín borítja a narancssárga héj harmadát. A gyümölcshús kemény állományú, finom szerkezetű, közepesen lédús, nem tapad a maghoz. Gazdag ízvilág, savasságban és édességben kiegyensúlyozottság jellemzi.

Friss fogyasztásra és távolsági szállításra kiválóan alkalmas, mert betakarítás után megőrzi a szilárdságát, hűtőházakban 1-5 °C fokon magas (80% felett) relatív páratartalmon akár 2 hétig is tárolható.

Leucostoma ssp. és bakteriális levél- és gyümölcsfoltosság (*Xanthomonas campestris* pv. *pruni*) ellen rezisztenciát mutat és közepesen ellenáll barna rothadással (*Monilia fruticola*) szemben (Layne, 1991).

8.1.14. H-IV.2/14.

Új fajta, Mendel Ákos szelektálta Cegléden.

Fagytűrő hibrid, későn virágzik.

Nagy gyümölcsöket hoz, amik jó ízűek. További vizsgálatokat igényel (Mendel Á. (2024): Szóbeli közlés).

8.1.15. H-III.10/21

H – II. 45/46 szabadtermékenyüléséből származik, Kerek Mária szelektálta.

Gyümölcse igen nagy. Alapszíne okkersárga, kárminnal belehelt, finoman spriccelt. Jó ízű, lédús, olvadó. Állami elismerése idén várható (Mendel Á. (2024): Szóbeli közlés).

8.1.16. H-II.45/58 és 8.1.17. H-II.50/58

F2 hibridek, ('Rózsabarack' x 'Mandulakajsi') x 'Magyar kajsi' keresztezéséből származnak.

A 'Magyar kajsi' után 6-8 nappal érnek. Ígéretesnek tűnő fajták, vizsgálatuk jelenleg folyamatban van (Mendel Á. (2024): Szóbeli közlés).

8.1.18. Tsunami

Franciaországi fajta, az Escande csoport nemesítette (Milosevic et al, 2021). A nagyon korai virágzású fajták csoportjába sorolható a virágzás kezdetének átlagértékei szerint (Glisic et al, 2023). A virágzásának várható időtartalma március 18-26 (Milosevic, et al, 2021), bár ez évjárat- és környezetfüggő lehet, mert egy másik, három idényen keresztülívelő (2020-2022) szerbiai kísérlet szerint ezen fajta virágzása március 1 és 25 között történt (Glisic et al, 2023). Termésérése korán, június elején történik, bár ez az ökológiai körülményektől is függhet. Nagy termésátlagot képes produkálni (akár 15-20 kg/fa) (Milosevic et al, 2021).

Termései nagy méretűek, narancssárga alapszínűek, levesesen olvadóak, különösen édesek, kellemes zamatúak. Fája gyenge növekedésű (Mendel Á. (2024): Szóbeli közlés).