

DIPLOMADOLGOZAT TARTALMI KIVONATA

Evaluation of genetic relationship between bamboo species

Szabó Eszter

Mezőgazdasági biotechnológus Msc., Levelező munkarend

Genetika és Biotechnológia Intézet, Genetika és Genomika Tanszék

Belső témavezető: Dr. Veres Anikó, egyetemi docens

Társkonzulens: Khin Nyein Chan, doktorandusz

A bambusz, ezen belül a *Phyllostachys* nemzetség termesztése, kereskedelme és hasznosítása világszerte nagy jelentőséggel bír. Legfőbb pozitív tulajdonsága, hogy a hagyományos fakitermeléssel szemben környezetbarát alternatívának számít, gyors növekedése, magas terméshozama, és kiváló regenerációs képessége miatt. Felhasználása nagyon sokoldalú, alkalmazzák bútorkészítésben, papírgyártásban, építkezéseken, illetve a bambuszrügy fontos élelmiszerként szolgál több Ázsiai országban is. Ezen sajátosságainak köszönhetően a bambusz termesztése, és kutatása kiemelkedően fontos.

A bambusz morfológiai bélyegekre épülő taxonómiája nem elég jól meghatározott ahhoz, hogy a fajok, illetve formák között egyértelmű különbségtételre alkalmas legyen. Ezt nehezíti, hogy a különböző fejlődési szakaszokban és a környezeti hatások következtében eltérés mutatkozhat a bambusz szárában, levelében vagy rizómájában. A probléma megoldásában nagy előrelépést jelentenek a molekuláris markerek, ezen belül is az SSR markerek használata. A mikroszatellit régiókra tervezett molekuláris markerek a fajok, illetve formák elkülönítésére remekül használhatóak, mivel az ismétlődések hossza genotípusra jellemző lehet. Ezen kívül vannak olyan SSR markerek, melyek gazdaságilag jelentős tulajdonságokkal is összefüggésbe hozhatók, például faképződés. Az ilyen mikroszatellit régiók a marker-asszisztált nemesítésben fontos szerepet játszanak.

Kutatásom célja olyan molekuláris markerek keresése, melyek segítségével a bambuszok azon belül a *Phyllostachys* nemzetség- fajtái és változatai DNS szinten könnyen elkülöníthetők egymástól. A vizsgálatok során SSR markerekkel dolgoztam, melyeket korábban már publikáltak (Tang, et al., 2009., Jiang, et al., 2013.), és eredményesen használtak a *Phyllostachys* fajainak DNS szintű elkülönítésére.

A kutatási eredmények alapján, a használt SSR primerek alkalmazhatóak az általunk vizsgált genotípusokra is, illetve egyezést mutatnak az irodalomban (Tang, et al., 2009., Jiang, et al., 2013.) rokon *Phyllostachys* fajoknál leírt mikroszatellit régiókkal. A PBM017, Phe100, Phe141 primerek a fajok között polimorfizmust mutattak, alkalmazásukkal az egyedek DNS szinten elkülöníthetőek. Az alkalmazott SSR markerek tehát a *Phyllostachys* nemzetség kutatásában hasznosnak bizonyultak, érdemes velük a MATE gyűjteményében található többi *Phyllostachys* genotípust is megvizsgálni. Valamint a markerek és egyes tulajdonságok közötti esetleges kapcsoltságokat is keresni.