



SZENT ISTVÁN EGYETEM

IDEGEN FAJÚ KROMOSZÓMÁK AZONOSÍTÁSA A BÚZA  
(*TRITICUM AESTIVUM* L.) ÉS EGYES ROKON NEMZETSÉGEK  
(*HORDEUM*, *AGROPYRON*) KERESZTEZÉSÉBŐL SZÁRMAZÓ HIBRIDEK  
UTÓDAIBAN MOLEKULÁRIS CITOGENETIKAI MÓDSZEREKKEL

*Doktori (PhD) értekezés tézisei*

*KRUPPA KLAUDIA KATALIN*

*Gödöllő*

*2015*

**A doktori iskola**

**megnevezése:** Növénytudományi Doktori Iskola

**tudományága:** Növénytermesztési és Kertészeti Tudományok

**vezetője:** DR. HELYES LAJOS  
egyetemi tanár, az MTA doktora  
SZIE, Mezőgazdaság- és Környezettudományi Kar  
Kertészeti Technológiai Intézet

**Témavezető:** DR. SZAKÁCS ÉVA  
tudományos főmunkatárs,  
a mezőgazdasági tudomány kandidátusa  
MTA ATK Mezőgazdasági Intézet  
Génmegőrzési Osztály

.....  
Dr. Helyes Lajos  
iskolavezető

.....  
Dr. Szakács Éva  
témavezető

**Tudományos tanácsadó:** DR. LÁNGNÉ DR. MOLNÁR MÁRTA  
az MTA doktora  
MTA ATK Mezőgazdasági Intézet  
Génmegőrzési Osztály

## 1. A MUNKA ELŐZMÉNYEI, KITŰZÖTT CÉLOK

---

A kenyérbúza (*Triticum aestivum* L.) Magyarország legfontosabb gabonanövénye, azonban termésbiztonságának megvalósítása nagy kihívást jelent. A probléma megoldásának egyik lehetséges irányvonala a búzával rokon, jó adaptációs képességgel rendelkező termesztett vagy vad fajok hasznos agronómiai tulajdonságainak átvitele a búzába. A kromoszómaszakaszok búzába történő beépítésének hagyományos, keresztezésen alapuló módja a hibrid növények visszakeresztezésével és az utódok szelektálásával létrejövő részleges amfiploid, addíciós vagy szubsztitúciós vonalaktól stabilan öröklődő transzlokációs vonalak előállítására. Ezek létrejöhetnek spontán is, azonban a kromoszómatoréseket célszerűbb mesterségesen (ionizáló sugárzás, genetikai módszerek stb.) indukálni. A búza árpával való keresztezésének fő célja az árpa kedvező beltartalmi paramétereinek (élelmi rost, esszenciális aminosavak és B<sub>6</sub> vitamin) átvitele a termesztett búzába. A vad *Thinopyrum* nemzetségbe tartozó tarackbúzafajok a legszélsőségesebb klimatikus viszonyok között is megtalálhatók, genetikai diverzitásuk jelentős. A termesztett búzába sikeresen beépített számos levélrozsdá- (*Lr19*, *Lr24*, *Lr29*, *Lr38*) és szározsdá-rezisztenciagén (*Sr24*, *Sr25*, *Sr26*, *Sr43*, *Sr44*) ezekből a fajokból származik (Wang 2011). Az 1930-as években, Oroszországban előállított kiváló rezisztenciával rendelkező *Agropyron glael* (*Th. intermedium* × *Th. ponticum*) szintetikus fajhibridet bevontuk keresztezési programjainkba, öntermékenyített BC<sub>1</sub>, BC<sub>2</sub> és BC<sub>3</sub> nemzedékekkel rendelkezünk.

Az idegen genom (kromoszómák, kromoszómaszakaszok) búza genetikai háttérben történő kimutatása és azonosítása megfelelő molekuláris citogenetikai módszerekkel megvalósítható. A fluoreszcens *in situ* hibridizációs technikák fejlődésével egyre több búzával rokon fajban írták le a kromoszómák azonosításához szükséges egyedi mintázatokat, azonban a *Thinopyrum* nemzetségbe tartozó vad fajok többségének kromoszómaszinten történő azonosítása egyelőre megoldásra vár.

### Célkitűzések:

- háromszínű árpa FISH kariotípus kidolgozása különböző ökológiai eredetű árpafajtákon és genotípusokon, valamint a 4BS.7HL búza/árpa transzlokációs vonal molekuláris citogenetikai jellemzésére
- transzlokációk azonosítása kromoszómatorést indukáló ágensekkel (<sup>60</sup>Co izotóp, 'Chinese Spring' *ph1b* mutáns) kezelt 'Chinese Spring'/'Betzes' 4H(4D) búza/árpa szubsztitúciós vonalban
- az Mv9kr1/'Igri' keresztezésből származó 5HS-7DS.7DL búza-árpa transzlokációs vonal részletes citogenetikai elemzése és a 7D kromoszóma SSR markerekkel történő fizikai térképezése

- az *Agropyron glael* kromoszómáinak kimutatására szolgáló mcGISH technika fajspecifikus kidolgozása az *A. glael* szülőpartnerein (*Th. intermedium*, *Th. ponticum*), és azok genomösszetételének vizsgálata
- a búza (Mv9kr1)/*A. glael* hibrid búzával visszakeresztezett és öntermékenyített utódvonalaiából genetikailag stabil levélrozsdarezisztens vonalak kiválogatása és azonosítása molekuláris citogenetikai technikákkal
- a magas idegen kromoszómaszámú búza/*A. glael* BC<sub>1</sub> öntermékenyített utódok Mv9kr1 genotípussal és 'Mv Karizma' fajtával történő visszakeresztezése

## 2. ANYAG ÉS MÓDSZER

---

### 2.1. Felhasznált növényi genotípusok

Vizsgálataink során az alábbi fajokat és genotípusokat alkalmaztuk: *Hordeum vulgare* L. ('Manasz', 'Betzes', 'GK Sztáromega', 'Olte's', WI2291, AZ-8501, CNE-16, CNE-73, CNE-91, 'Golden Promise'); *Triticum aestivum* L. (Mv9kr1, 'Asakazekomugi', 'Chinese Spring', 'Chinese Spring' *ph1b* mutáns, 'MvKarizma'); búza/árpa 4H(4D) szubsztitúciós vonal (40 búza + 2 árpa); búza/árpa transzlokációs vonalak (4BS.7HL és 5HS-7DS.7DL); évelő tarackbúzafajok: *Thinopyrum bessarabicum*, *Th. intermedium* (2n=6x=42, JJ<sup>St</sup>St), *Th. ponticum* (2n=10x=70, JJJ<sup>St</sup>J<sup>St</sup>), *Pseudoroegneria spicata*; *Agropyron glael* (*Thinopyrum intermedium*/*Th. ponticum* szintetikus fajhibrid); Mv9kr1/*Agropyron glael* BC<sub>1</sub>-BC<sub>2</sub> öntermékenyített utódvonalak

### 2.2. Genomi *in situ* hibridizáció (GISH)

Magas koncentrációjú (>1000µg/mL) genomi DNS-t izoláltunk a kimutatni kívánt genomokat hordozó fajokból. A D (*Ae. tauschii*), H (*H. vulgare*), J (*Th. bessarabicum*) és St (*Ps. spicata*) genomi DNS-t biotin-11-dUTP vagy digoxigenin-11-dUTP molekulákkal jelöltük „random priming” vagy nick-transzlációs módszerrel. A próba (vagy próbák mcGISH esetén) mellett a hibridizációt elősegítő denaturáló ágensek és blokkoló DNS (a kimutatni nem kívánt genom) jelenlétében 42 °C-on történt az *in situ* hibridizáció. A biotinnal vagy digoxigeninnel jelölt szekvenciák detektálása Streptavidin-FITC (zöld, Roche) ill. Antidig-Rhodamin (piros, Roche) antitesttel történt. Az *Agropyron* kromoszómák detektálásához Sepsi et al. (2008) módszerét optimalizáltuk.

### 2.3. Fluoreszcens *in situ* hibridizáció (FISH)

A GISH vagy mcGISH jeleinek lemosása után több FISH próba egyidejű alkalmazásával történt a kromoszómák azonosítása. A FISH próbákat PCR reakcióval vagy nick-transzlációval állítottuk elő biotin-11-dUTP és digoxigenin-11-dUTP jelölőmolekulák jelenlétében. A

háromszínű FISH-hez a harmadik próbát a biotin és digoxigenin 1:1 arányú keverékével jelöltük, mely detektáláskor sárga színt eredményezett. Az árpakromoszómák azonosításához használt próbák a HvT01, (GAA)<sub>7</sub>, pTa71, Afa-family és a (AGGGAG)<sub>4</sub> repetitív szekvencia különböző kombinációi voltak. A búzakromoszómák azonosításához és a tarackbúza-kromoszómák jellemzéséhez alkalmazott próbakombináció a következő volt: Afa-family (piros), pSc119.2 (zöld), pTa71 (sárga). A hibridizáció 37 °C-on történt.

A hibridizációk eredményét Zeiss epifluoreszcens mikroszkóppal vizsgáltuk. A jelölt próbák hibridizációs mintázatát a FITC és a Rhodamine emissziós spektrumára egyaránt érzékeny kétsávós szűrőn (Zeiss filterset 24) keresztül fényképeztük és Image-Pro Plus 5.1 szoftverrel (Media Cybernetics, USA) elemeztük.

#### **2.4. SSR marker analízis**

A 7D kromoszóma fizikai térképezése összesen 45 db 7D-specifikus SSR primerpárral történt. Az Mv9kr1 búza genotípus, az 'Igr1' árpafajta és az Mv9kr1/'Igr1' keresztezésből származó 7D.5HS transzlokációs vonal leveleiből genomi DNS-t izoláltunk Doyle és Doyle (1990) módszere szerint. A polimeráz láncreakciókat és a PCR termékek futtatását Kruppa et al. (2013a) leírása alapján végeztük.

A búza/*A.glael* hibrid utódok rezisztanciagénjeinek kimutatásához négy *Thinopyrum* eredetű rezisztanciagén molekuláris markerét használtuk: *STSLr19<sub>130</sub>*, *J09-ST5 (Lr24)*, *Lr29F18-Lr29R18* primerpárok, és *Sr26#43*.

#### **2.5. Növénynevelés, keresztezések**

A molekuláris citogenetikai úton ellenőrzött növényeket vernalizálás után fitotroni növénynevelő szekrényben neveltük fel (Tischner et al. 1997). A búza/árpa ill búza/*Agropyron glael* introgressziós vonalakat a szülői genotípusokkal együtt tenyészkertben szaporítottuk és öntermékenyítettük. A búza/*Agropyron glael* BC<sub>1</sub> növények visszakeresztezésekor apai partnerként a szintén tenyészkertben nevelt Mv9kr1 és 'Mv Karizma' búzagenotípust használtuk. Az anyanövényeket 3-5 nappal a kasztrálás után pörgetéssel poroztuk. Az egyes utódvonalak valamint szülői genotípusaik összehasonlító elemzéséhez 10-10 kijelölt növényen fenotípusos paramétereket mértünk. A búza/*A. glael* utódok spontán levélrozsdá- és sárgarozsdá-fertőzöttségének mértékét tenyészkerti körülmények között, 0-4 skálán bonitáltuk (Stakman et al. 1962).

#### 3.1. Búza/árpa introgressziós vonalak

Árpa eredetű DNS szakaszok búzakromoszómára történő átépülésének előidézéséhez transzlokációt indukáló ágenseket alkalmaztunk. Ionizáló sugárzás (Co 60-as izotópja) hatására a 'Chinese Spring'/'Betzes' keresztezésből származó 4H(4D) szubsztitúciós vonalban számos búza-árpa kromoszóma-átrendeződést detektáltuk.

Az árpakromoszómák azonosításához három DNS-próba egyidejű hibridizációjával FISH kariotípust írtunk le, melynek segítségével eltérő geográfiai eredetű és növekedési típusú árpafajták között kromoszómaszinten megnyilvánuló polimorfizmust mutattunk ki (Szakács et al. 2013).

A 4H(4D) szubsztitúció 'Chinese Spring' *Ph1b* mutánsal történt keresztezésének eredményeként egy 4HL.5DL transzlokációként azonosított vonalat sikerült kiválogatnunk, mely a búzaszülőtől negatív irányban szignifikánsan eltérő morfológiai jellegekkel és terméskomponensekkel rendelkezett. Valószínűsíthető, hogy nem kompenzáló típusú transzlokációként keletkezése spontán eredetű (Kruppa et al. 2013b).

A szintén spontán létrejött 4BS.7HL 'Asakazekomugi'/'Manasz' búza/árpa transzlokációt *in situ* hibridizációs technikákkal részletesen jellemeztük és árpacentromérát azonosítottunk a centrikus fúziós kromoszómában (Cseh et al. 2011).

Az 5HS-7DS.7DL Mv9kr1/'Igri' transzlokációs vonal töréspontjának (mely a centromérától disztálisabban helyezkedik el, mint az eddig ismert deléciós vonalakban) meghatározása lehetővé tette egyes SSR markerek pontosabb fizikai térképezését. Az 5HS szegmens beépülésével lehetőség nyílt a búza/árpa hibridekből gyorsan eliminálódó 5H kromoszóma egy darabjának stabil fenntartására (Kruppa et al. 2013a).

#### 3.2. Búza/*Agropyron glael* introgressziós vonalak

Az Mv9kr1/*Agropyron glael* hibrid utódvonalakban az idegen kromoszómák kimutatásához az mcGISH technikát az *A. glael* szülőpartnerein (*Th. intermedium*:  $2n=6x=42$ , JJ<sup>St</sup>St; és *Th. ponticum*:  $2n=10x=70$ , JJJ<sup>St</sup>J<sup>St</sup>) optimalizáltuk. Eltérő származási helyű 42 kromoszómás *Th. intermedium* fajok genomjainak elemzésekor a JJ<sup>St</sup>St genomformulától eltérő kromoszómaszámokat találtunk: 19 J, 9 J<sup>St</sup>, 14 St; *Th. ponticum* esetén: 43 J + 27 J<sup>St</sup> (PI531737), 40 J + 30 J<sup>St</sup> (VIR-44486) and 38 J + 32 J<sup>St</sup> (D-3494).

A búza/*Agropyron glael* F<sub>1</sub> hibrid egyes kromoszómáin a tarackbúza szülőpartnerekre nem jellemző hibridizációs mintázatot detektáltunk (21 búza + 28 *A. glael*: 11J + 14J<sup>St</sup> + 3S).

Az F<sub>1</sub> hibrid búzával visszakeresztezett utódvonalában tenyészkerti körülmények között számos levélrozsda- és sárgarozsdarezisztens vonalat szelektáltunk. A BC<sub>1</sub> nemzedék öntermékenyített utódaiban eltérő kromoszómaszámú (51-62) és genomösszetételű (az St kromoszómák eliminálódtak, J-St transzlokációk jöttek létre) vonalakat figyeltünk meg, melyek között egy 56 és egy 58 kromoszómával rendelkező részleges amfiploidot azonosítottunk. Ezekben a rezisztens vonalakban a 3D kromoszóma kivételével csaknem teljes búzagenom mellett 7, illetve 9 pár *Agropyron* (J, J<sup>St</sup> és St) kromoszóma található. Az 56 kromoszómával rendelkező 4D tetra- 3D nulliszómás részleges amfiploidban molekuláris markerekkel az *Lr24* rezisztenciagén jelenlétét azonosítottuk.

A 2005-ben előállított BC<sub>2</sub> növények öntermékenyített utódaiban az idegen kromoszómaszám 2-7-re redukálódott, de ezzel együtt a betegségrezisztencia is elveszett. Az értékes BC<sub>1</sub> többszörösen öntermékenyített nemzedékéből új keresztezési programot indítottunk az Mv9kr1 és az 'Mv Karizma' búzagenotípus felhasználásával, és az újonnan előállított BC<sub>2</sub> növények között levél- és sárgarozsda-rezisztens növényeket is megfigyeltünk.

### 3.3. Új tudományos eredmények:

1. Elkészítettük a *Hordeum vulgare* 10 természetett fajtájának fluoreszcens *in situ* hibridizációs kariotípusát a (GAA)<sub>7</sub>, a HvT01 és a pTa71 repetitív DNS-szekvenciával, melynek segítségével az összes árpakromoszóma egyértelműen azonosítható, és fajták közötti polimorfizmus is kimutatható.
2. Azonosítottunk egy új búza/árpa transzlokációs vonalat (4HL.5DL).
3. Az 'Asakazekomugi'/'Manasz' 4BS.7HL centrikus fúziós kromoszómában *in situ* hibridizációs technikákkal árpacentromérát azonosítottunk, ezzel igazoltuk a búza  $\beta$ -glükán tartalmának megnövekedéséért felelős, a 7H kromoszóma centroméra-régiójában elhelyezkedő gének jelenlétét.
4. A 7D kromoszóma rövid karjának disztális régiójára térképezett molekuláris markerek helyzetét pontosítottuk. A transzlokációs töréspont meghatározásával (FL 0,76 +/- 0,04) az eddig ismert deléciós vonalak töréspontjától távolabb elhelyezkedő töréspontot azonosítottunk a 5HS-7DS.7DL búza/árpa transzlokációs vonal felhasználásával.
5. Optimalizáltuk a *Thinopyrum intermedium* és a *Thinopyrum ponticum* faj genomjainak egyidejű detektálására alkalmas multicolour GISH technikát és meghatároztuk a két faj genomösszetételét.
6. Búza/*Agropyron glael* keresztezésből származó levél- és sárgarozsdarezisztens BC<sub>1</sub> öntermékenyített utódvonalakat válogattunk ki, és közülük egy 56 és egy 58 kromoszómás részleges amfiploidot azonosítottunk.
7. A búza/*Agropyron glael* BC<sub>1</sub> öntermékenyített utódvonalak Mv Karizma búzafajtaival végzett visszakeresztezésével elkezdjük a levél- és sárgarozsdarezisztencia modern fajtákba történő átvitelét.



### 4.1. Búza/árpa introgressziós vonalak

1. Agronómiailag előnyös búza/árpa transzlokációs vonalak előállítására a 'Chinese Spring' *ph1b* mutánsal végzett keresztezés a leggyorsabb módszer, mivel kompenzáló típusú kromoszómaátépüléseket indukál, melyek nem befolyásolják hátrányosan a búza morfológiai és minőségi tulajdonságait. A meglévő nem kompenzáló transzlokációk, mint pl. a 4BS.7HL transzlokációs vonal, viszont olyan egyéb tulajdonságokkal rendelkeznek, melyek által értékes genetikai alapanyagoknak tekinthetők. Ezeket érdemes további, pl. monoszómás vonalakkal történő keresztezésekkel kompenzáló típusú transzlokációkká alakítani.

2. A búza/árpa transzlokációk előállítása elsősorban valamilyen előnyös agronómiai tulajdonság átvitele céljából történik. A gyenge agronómiai paraméterekkel rendelkező 4BS.7HL introgressziós vonal ugyan nem hasznosul közvetlenül a növénynevelésben, azonban nagy jelentőségű lehet az alap kutatásban vagy minőségi paraméterek vizsgálatában. Felhasználhatók fizikai térképezésre vagy mint pl. az 5HS-7DS.7DL transzlokációs vonal, gyorsan eliminálódó kromoszómák megőrzésére, ezért fenntartása mindenképpen ajánlott. A 4H(4D) szubsztitúció × 'Chinese Spring' *Ph1b* mutáns keresztezésének utódnemzedékeiből kiválogatott és azonosított 4HL.5DL transzlokációs vonalban nem homeológ kromoszómák között történt a rekombináció, így valószínűbb a spontán eredetű keletkezés, mint a *ph1b* mutáció hatása.

### 4.2. Búza/ tarackbúza introgressziós vonalak

3. A legtöbb *Thinopyrum* faj genomösszetétele nem tisztázott, a progenitorok csak részben vagy egyáltalán nem ismertek. A vizsgálatokat megnehezíti a fajok idegentermékenyülő természete, a nagyfokú heterogenitás és a természetben előforduló természetes hibridek nagy száma. Egy fajon belül eltérő ploidszintű formák is léteznek és a kromoszómák gyakran hordoznak ismeretlen eredetű DNS-szekvenciákat. A probléma megoldásában segítséget nyújtana, ha ezeknek a fajoknak a DNS-szekvenciaadatai bioinformatikai adatbázisokban rendelkezésünkre állnának, azonban szekvenálásuk még nem történt meg. Az Mv9kr1/A. *glael* keresztezésből származó amfiploidok búzával történő többszöri visszakeresztesésével stabil addíciós vagy szubsztitúciós vonalak állíthatók elő. Az idegen kromoszóma GISH-sel detektálható, fluoreszcenciája alapján áramlási citometriával a búzagenomtól elkülöníthető és szekvenálható. A szekvenciaadatok ezután összevethetők más búzával rokon fajok már ismert szekvenciájával és az esetleges homológiák alapján információkat kaphatunk az adott kromoszómára vonatkozóan. DNS-szekvenciák ismeretében kromoszóma-specifikus molekuláris markerek és/vagy *in situ* hibridizációs próbák tervezhetők.

4. Az Mv9kr1/A. *glael* hibridből származó utódnemzedékek egyedszáma exponenciális mértékben növekszik. A dolgozatban említett és elemzett vonalak csak egy kis hányadát jelentik a rendelkezésünkre álló összes utódnak. A vonalak nagy részét még nem azonosítottuk. A jövőben célunk a tenyészkerti megfigyelések alapján további, agronómiaileg előnyös tulajdonsággal rendelkező vonalak azonosítása. A biotikus és abiotikus stresszrezisztencia-vizsgálatok mellett az utódvonalak élelmiszeripari minőségi paramétereit is vizsgálni kellene a jövőben, elsősorban fehérje- és rosttartalom, valamint ásványianyag-összetétel tekintetében.

5. Az *Agropyron glael* hibrid egyedi genetikai alapanyag, a két szülő faj (*Th. intermedium* és *Th. ponticum*) előnyös tulajdonságainak kombinációját ötvözi. A martonvásári génbankban található szemekből általunk felnevelt *A. glael* növény genetikailag eltérhet az eredetitől. Szabadon virágzott kalász szemeiből csíráztattuk, így előfordulhat, hogy valamilyen idegen fajjal kereszteződött hibridnövényt rendelkezők. Amennyiben hozzáférhető, tervezzük az Oroszországban fenntartott eredeti *A. glael* klónból is felszaporítani ezt a szintetikus hibridet.

6. Az idegen fajú rezisztenciagének búzába történő beépítésére irányuló előnemesítés sikerességének érdekében célszerű további, ismert eredetű és citológiai úton ellenőrzött, jó rezisztenciával rendelkező harmadlagos génforrások begyűjtése, fenntartása és génbanki megőrzése.

#### Irodalomjegyzék

- Cseh A, Kruppa K, Rakszegi M, Doležel J, Molnár-Láng M (2011): Characterization of a new 4BS.7HL wheat–barley translocation line using GISH, FISH, and SSR markers and its effect on the  $\beta$ -glucan content of wheat. *Genome*, 54: 1-10. p.
- Doyle JJ, Doyle JL (1990): Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus*, 12: 13-15. p.
- Kruppa K, Sepsi A, Szakács É, Röder MS, Molnár-Láng M (2013a): Characterization of a 5HS-7DS.7DL wheat/barley translocation line using mcGISH and FISH and physical mapping of the 7D chromosome using SSR markers. *J Appl Genet*, 54: 251-258. p.
- Kruppa K, Türkösi E, Szakács É, Cseh A, Molnár-Láng M (2013b): Development and Identification of a 4HL.5DL Wheat/Barley Centric Fusion Using GISH, FISH and SSR Markers. *Cereal Res Commun*, 41: 221-229. p.
- Sepsi A, Molnár I, Szalay D, Molnár-Láng M (2008): Characterization of a leaf rust-resistant wheat–*Thinopyrum ponticum* partial amphiploid BE-1, using sequential multicolor GISH and FISH. *Theor Appl Genet*, 116: 825-834. p.
- Stakman EC, Stewart DM, Loegering WQ (1962): Identification of physiologic races of *Puccinia graminis* var. *tritici*. Agric Res Ser E6/7. US Department of Agriculture, Washington, DC, USA. 53. p.
- Tischner T, Kőszegi B, Veisz O (1997): Climatic programmes used in the Martonvásár phytotron most frequently in recent years. *Acta Agron Hung*, 45: 85-104. p.
- Wang RRC (2011): *Agropyron* and *Psathyrostachys*. 77-108. p. In: KOLE C (Szerk.): *Wild Crop Relatives: Genomic and Breeding Resources, Cereals*. Berlin: Springer-Berlin-Heidelberg, 497. p.

Tudományos publikációk

***Impakt faktoral rendelkező nemzetközi tudományos lapokban megjelent publikációk***

GEORGIEVA M, KRUPPA K, TYANKOVA N, MOLNÁR-LÁNG M (2015): Molecular cytogenetic identification of a novel hexaploid wheat- *Thinopyrum intermedium* partial amphiploid having high protein content. Turkish Journal of Biology doi: 10.3906/biy-1503-30 (IF<sub>2014</sub>: 1.343)

FARKAS A, MOLNÁR I, DULAI S, RAPI S, OLDAL V, CSEH A, KRUPPA K, MOLNÁR-LÁNG M. (2014): Increased micronutrient content (Zn, Mn) of wheat in the 3Mb(4B) wheat-*Aegilops biuncialis* substitution and 3Mb.4BS translocation identified by GISH and FISH. Genome 57: 61-67. (IF: 1.424)

SZAKÁCS É, KRUPPA K, MOLNÁR-LÁNG M. (2013): Analysis of chromosomal polymorphism in barley (*Hordeum vulgare* L. ssp. *vulgare*) and between *H. vulgare* and *H. chilense* using three-color fluorescence *in situ* hybridization (FISH). Journal of Applied Genetics 54: 427-433. (IF: 1.902)

KRUPPA K, SEPSI A, SZAKÁCS É, RÖDER MS, MOLNÁR-LÁNG M (2013): Characterization of a 5HS-7DS.7DL wheat/barley translocation line using mcGISH and FISH and physical mapping of the 7D chromosome using SSR markers. Journal of Applied Genetics 54: 251-258. (IF: 1.902)

KRUPPA K, TÜRKÖSI E, SZAKÁCS É, CSEH A, MOLNÁR-LÁNG M (2013): Development and identification of a 4HL.5DL wheat/barley centric fusion using GISH, FISH and SSR markers. Cereal Research Communications 41: 221-229. (IF: 0.624)

MOLNÁR-LÁNG M, KRUPPA K, CSEH A, BUCSI J, LINC G (2012): Identification and phenotypic description of new wheat/six-rowed winter barley disomic additions. Genome 55: 302-311. (IF:1.668)

CSEH A, KRUPPA K, MOLNÁR I, RAKSZEGI M, DOLEŽEL J, MOLNÁR-LÁNG M (2011): Characterization of a new 4BS.7HL wheat–barley translocation line using GISH, FISH, and SSR markers and its effect on the  $\beta$ -glucan content of wheat. Genome 54: 1-10. (IF: 1.653)

***Impakt faktoral nem rendelkező hazai tudományos lapokban megjelent publikációk***

SZAKÁCS É, KRUPPA K, MOLNÁR I, MOLNÁR-LÁNG M (2010): Induction of wheat/barley translocations by irradiation and their detection by *in situ* hybridization. Acta Agronomica Hungarica 58: 203-209.

## Egyéb tudományos művek

### **Konferencia kiadványok magyarul**

- KRUPPA K**, SZAKÁCS É, MOLNÁR-LÁNG M (2014): J, S és Js genomokhoz tartozó kromoszómák kimutatása búza × *Agropyron glael* hibrid utódokban. XX. Növénynevelési tudományos nap 2014. március 18. Budapest, pp 269-273.
- KRUPPA K**, SZAKÁCS É, SEPSI A, LÁNGNÉ MOLNÁR M (2013): A 7D.5HS búza/árpa transzlokációs vonal elemzése molekuláris citogenetikai elemzése és a 7D kromoszóma fizikai térképezése. „Jövőnk” Program és Összefoglalók. 2013. május 15. Keszthely pp 4-5.
- KRUPPA K**, CSEH A, LÁNGNÉ-MOLNÁR M (2009): Árpa kromoszómák azonosítása új búza x árpa hibridek utódvonaláiban *in situ* hibridizáció és SSR- markerek segítségével. XV. Növénynevelési Tudományos Napok. Budapest 2009. március 17. pp 277-281.
- KRUPPA K**, SZAKÁCS É, CSEH A, LÁNGNÉ-MOLNÁR M (2009): Új őszi búza/őszi árpa diszómás addíciós vonalak azonosítása fluoreszcens *in situ* hibridizációval és molekuláris markerekkel. VIII. Magyar Genetikai Kongresszus- XV. Sejt- és Fejlődésbiológiai Napok, Nyíregyháza 2009. április 17-19. pp 114-115.

### **Konferencia kiadványok angolul**

- NIKOLOVA I, GEORGIEVA M, **KRUPPA K**, MOLNÁR-LÁNG M, LIU L, MANOVA V, STOILOV L (2015): Cytogenetic effects in barley root apical meristem after exposure of dry seeds to Lithium ion beams. Genetics and Plant Physiology –Special issue 5: 3-9.
- KRUPPA K**, SZAKÁCS É, MOLNÁR-LÁNG M (2014): Utilization of diploid wheatgrasses for alien chromosome discrimination in wheat × *Agropyron glael* hybrid progenies. Advances in plant breeding and biotechnology techniques. 27-29 April, 2014, Mosonmagyaróvár, pp. 56-58.
- KRUPPA K**, SZAKÁCS É, SEPSI A, MOLNÁR-LÁNG M (2013): Molecular cytogenetic characterization and physical mapping of a 7D.5HS wheat/barley translocation line. Pannonian Plant Biology Conference for PhD students in Plant Biology in Connection to the EPSO Fascination of Plants Day. 15 May 2013, Keszthely, pp. 13-15.
- MOLNÁR-LÁNG M, LINC G, SZAKÁCS É, MOLNÁR I, CSEH A, SCHNEIDER A, **KRUPPA K** (2012): Molecular cytogenetic techniques in prebreeding. 19th EUCARPIA General Congress. 21-24 May, 2012, Budapest, pp. 81-86.
- MOLNÁR-LÁNG M, SZAKÁCS É, **KRUPPA K**, LINC G, CSEH A, MOLNÁR I, FARKAS A, DULAI S, DARKÓ É, HOFFMANN B (2011): Production and characterization of wheat-barley introgression lines. AGRISAFE final conference March 21-23, 2011, Budapest, pp. 94-98.

- SZAKÁCS É, KRUPPA K, TÜRKÖSI E, CSEH A, MOLNÁR I, MOLNÁR-LÁNG M (2011): Development of new wheat/barley translocation lines from cytogenetic material produced in Martonvásár. AGRISAFE final conference March 21-23, 2011, Budapest, pp. 114-118.
- MOLNÁR-LÁNG M, SZAKÁCS É, SEPSI A, CSEH A, KRUPPA K, LINC G, MOLNÁR I (2010): Molecular cytogenetic characterisation and physical mapping of wheat/barley introgression lines. 8<sup>th</sup> International Wheat Conference. 1-4 June 2010, St. Petersburg, Russia, pp. 458-459.
- CSEH A, KRUPPA K, MOLNÁR I (2009): Incorporation of a winter barley chromosome segment into cultivated wheat and its characterization with GISH, FISH and SSR markers. Cereal Res. Commun. Suppl. 37. VIII. Alps-Adria Scientific Workshop, April 27- May 2 2009, Neum, Bosnia-Herzegovina, pp. 320-324.
- MOLNÁR-LÁNG M, SZAKÁCS É, MOLNÁR I, KRUPPA K, SEPSI A, CSEH A, DULAI S, ARANYI N, HOFFMANN B (2009): Molecular cytogenetic identification, physical mapping and phenotyping of wheat- barley introgression lines. "New development in green gene technology", Szeged, September 1-4. 2009, pp 62-63.

#### ***Konferencia absztraktok magyarul***

- KRUPPA K, SZAKÁCS É, LÁNGNÉ MOLNÁR M (2015): Búza × *Agropyron glael* keresztezésből származó részleges amphiploid vonal azonosítása és jellemzése. XXI. Növénynevelési Tudományos Napok, 2015. március 11-12. Martonvásár, p. 98.
- KRUPPA K, SZAKÁCS É, LÁNGNÉ MOLNÁR M (2013): Levélrozda rezisztens búza × *Agropyron glael* utódok kromoszóma-összetételének vizsgálata. XIX. Növénynevelési Tudományos Napok, 2013. március 7. Keszthely, p. 111.
- KRUPPA K, SZAKÁCS É, SEPSI A, LÁNGNÉ MOLNÁR M (2012): Az *Agropyron glael* és búza × *A. glael* hibrid utódvonalak genom összetételének vizsgálata mcGISH technikával. XVIII. Növénynevelési Tudományos Napok, 2012. március 6. Budapest, p. 41.
- LÁNGNÉ MOLNÁR M, SZAKÁCS É, CSEH A, KRUPPA K, FARKAS A, RAKSZEGI M, LINC G. (2012): Búza/árpa introgressziós vonalak azonosítása és agronómiai tulajdonságaik értékelése. I. ATK tudományos Nap 2012. november 14. Martonvásár, p. 52.
- CSEH A, KRUPPA K, MOLNÁR I, RAKSZEGI M, DOLEZEL J, LÁNGNÉ MOLNÁR M (2011): A 4BS.7HL búza/árpa transzlokáció hatása a búza (1,3; 1,4)-β-D-glukán tartalmára. XVII. Növénynevelési Tudományos Napok Összefoglalók 2011. április 27. Budapest, p. 132.
- SZAKÁCS É, KRUPPA K, TÜRKÖSI E, CSEH A, MOLNÁR I, LÁNGNÉ MOLNÁR M (2011): Új búza/árpa transzlokációs vonalak előállítása martonvásári citogenetikai alapanyagokból. XVII. Növénynevelési Tudományos Napok 2011. április 27. Budapest, p. 146.

SZAKÁCS É, KRUPPA K, MOLNÁR I, LÁNGNÉ MOLNÁR M (2010): Búza/árpa transzlokációk indukálása besugárzással és kimutatása genomi *in situ* hibridizációval. XVI. Növénynevelési Tudományos Napok 2010 március 11., Budapest, p. 28.

KRUPPA K, SEPSI A, LÁNGNÉ MOLNÁR M (2010): Búza × *Agropyron glael* utódok molekuláris citogenetikai vizsgálata. XVI. Növénynevelési tudományos Napok, 2010. március 11., Budapest, p. 91.

### **Konferencia absztraktok angolul**

KRUPPA K, SZAKÁCS É, MOLNÁR-LÁNG M (2014): J and St genomes for wheatgrass chromosome discrimination in wheat × *Agropyron glael* hybrid progenies using mcGISH. Plant Molecular cytogenetics in genomic and postgenomic era. 23-24 September 2014, Katowice, Poland p. 109.

KRUPPA K, SZAKÁCS É, MOLNÁR-LÁNG M. (2014): Detection of J, S and Js chromosomes in wheat × *Agropyron glael* hybrid progenies. Fiatal Biotechnológusok országos konferenciája 2014. március 7. Szeged, p. 69.

MOLNÁR-LÁNG M, TÜRKÖSI E, FARKAS A, CSEH A, KRUPPA K, ICSÓ D, RAKSZEGI M, SZAKÁCS É, HOFFMANN B, LINC G (2014): Evaluation of flowering time, β-glucan content and tillering of wheat/barley introgression lines. Cereals for Food, Feed and Fuel, Challenge for Global Improvement: Eucarpia Cereals Section - ITMI Joint Conference, 2014.06.29-2014.07.04. Wernigerode, Germany, p. 60.

MOLNÁR-LÁNG M, FARKAS A, CSEH A, SZAKÁCS É, MOLNÁR I, KRUPPA K, RAKSZEGI M, LINC G (2013): Agronomic traits (flowering time, β-glucan content) of new wheat/barley introgression lines produced with winter barley cultivars 'Manas' and 'Igri'. XXI International Plant and Animal Genome Conference, 12-16 January 2013, San Diego, USA.

MOLNÁR-LÁNG M, LINC G, SZAKÁCS É, CSEH A, KRUPPA K, FARKAS A, DARKÓ É, RAKSZEGI M, DULAI S, HOFFMANN B, MOLNÁR I, TÜRKÖSI E. (2013): Development and characterization of new wheat/winter barley introgression lines. The 12th International Wheat Genetic Symposium. 8-14 September 2013, Yokohama, Japan. p. 120.

KRUPPA K, SZAKÁCS É, SEPSI A, MOLNÁR-LÁNG M (2012): Detection of J, Js and S chromosomes in *Agropyron glael*, and wheat × *A. glael* hybrid progenies using multicolour genomic *in situ* hybridization. 19th EUCARPIA General Congress. 21-24 May, 2012, Budapest. p. 255.

MOLNÁR-LÁNG M, SZAKÁCS É, KRUPPA K, CSEH A, LINC G, RAKSZEGI M, FARKAS A, HOFFMANN B, DARKÓ É, DULAI S (2011): Evaluation of morphological and agronomic

traits of wheat/barley introgression lines developed in Martonvásár. EWAC – The European Cereals Genetics Co-operative, EUCARPIA Cereals Section, Novi-Sad, Serbia 7-11 November, p. 14.

MOLNÁR-LÁNG M, SZAKÁCS É, SEPSI A, CSEH A, **KRUPPA K**, LINC G, MOLNÁR I (2010): Development, molecular cytogenetic characterisation, physical mapping and phenotyping of wheat/barley introgression lines. EUCARPIA Cereals Section Meeting, 6-8 April, 2010, Cambridge, National Institute of Agricultural Botany (NIAB), Cambridge, UK, p. 5.

MOLNÁR-LÁNG M, SZAKÁCS É, MOLNÁR I, CSEH A, SEPSI A, **KRUPPA K**, DULAI S, HOFFMAN B, JING R. (2009): Molecular cytogenetic identification, physical mapping and drought tolerance of wheat-barley introgression lines. Generation Challenge Programme, Annual Research Meeting, 20-23. September 2009, Bamako, Mali, p. 49.

### ***Egyéb tudományos publikációk***

**KRUPPA K**, SCHNEIDER A, MEGYERI M, FARKAS A, LÁNGNÉ MOLNÁR M (2013): A búzával rokon fajok kedvező tulajdonságainak kiaknázása. *MartonVásár* 2013/2, 26-27.

MOLNÁR-LÁNG M, KOVÁCS G, SZAKÁCS É, LINC G, MOLNÁR I, SCHNEIDER A, SEPSI A, CSEH A, MEGYERI M, **KRUPPA K**, FARKAS A, MIKÓ P, ICSÓ D (2013) Department of Plant Genetic Resources and Organic Breeding. *Annual Wheat Newsletter* 59: 18-20.

MOLNÁR-LÁNG M, KOVÁCS G, SZAKÁCS É, LINC G, MOLNÁR I, SCHNEIDER A, SEPSI A, CSEH A, MEGYERI M, **KRUPPA K**, FARKAS A, MIKÓ P (2012): Department of Plant Genetic Resources and Organic Breeding. *Annual Wheat Newsletter* 58: 77-79.

MOLNÁR-LÁNG M, KOVÁCS G, SZAKÁCS É, LINC G, MOLNÁR I, SCHNEIDER A, SEPSI A, CSEH A, MEGYERI M, **KRUPPA K**, FARKAS A, MIKÓ P (2011): Department of Plant Genetic Resources and Organic Breeding. *Annual Wheat Newsletter* 57: 19-20.

MOLNÁR-LÁNG M, KOVÁCS G, SZAKÁCS É, LINC G, MOLNÁR I, SCHNEIDER A, SEPSI A, CSEH A, MEGYERI M, **KRUPPA K** (2010): Department of Plant Genetic Resources and Organic Breeding. *Annual Wheat Newsletter* 56: 55-56.