GOMBAREZISZTENS SZŐLŐ GENOTÍPUSOK MOLEKULÁRIS AZONOSÍTÁSA

Doktori értekezés tézisei

Katuláné Debreceni Diána

Gödöllő
2011

Doktori iskola: Növénytudományi Doktori Iskola

Vezetője: Dr. Heszky László
egyetemi tanár, az MTA rendes tagja
SZIE Genetika és Biotechnológiai Intézet

Tudományterület: 4. Agrártudományok

Tudományága: 4.1. Növénytermesztési és kertészeti tudományok

Témavezető: Dr. Kiss Erzsébet
Intézetigazgató egyetemi tanár, a mezőgazdasági tudomány kandidátusa

Társtémavezető: Dr. Kozma Pál
Tudományos főmunkatárs, a mezőgazdasági tudomány kandidátusa
PTE Szőlészeti és Borászati Intézete, Pécs

…… ……
Dr. Kiss Erzsébet Dr. Kozma Pál
témavezető társtémavezető

…….
Dr. Heszky László
a Doktori Iskola vezetője

A MUNKA ELŐZMÉNYEI, KITŰZÖTT CÉLOK

A szőlő ültetvények termésbiztonságát biotikus (vírusok, baktériumok, gombák és kártevők) és abiotikus (pl. szárazság, fagy) tényezők egyaránt veszélyeztethetik. Ezek közül leginkább a gombás fertőzések csökkentik a terméshozamot, valamint a bogyók és a bor minőségét, ezért a szőlő termesztése megfelelő és hatékony növényvédelem nélkül ma nem oldható meg. A kijuttatott nagy mennyiségű fungicid terheli a környezetet, ártalmas az ember egészségére és nagyon költséges (Magyarországon 1 ha szőlőültetvény növényvédelmének költsége 100 000 Ft, amiben nincsen benne a gép és eszközhasználat üzemi költsége). Rezisztens és kiváló minőségű fajták előállításával ez a probléma kiküszöbölhető vagy legalábbis csökkenthető, aminek nemcsak gazdasági jelentősége kiemelkedő, hanem a környezetvédelem szempontjából is rendkívül fontos.

A szőlő gomba betegségei közül a lisztharmat veszélyezteti a termést a legnagyobb mértékben, ennek oka, hogy a fertőzéshez nem igényel specifikus időjárási körülményeket, pl. megfelelő páratartalmat és hőmérsékletet, mint például a peronoszpóra. A mai szőlőtermesztés számára nélkülözhetetlen a kéntartalmú vagy a szterol bioszintézis gátló fungicidek használata. A legtöbb szőlőtermesztő minimum 6-10 alkalommal permetezni kénytelen, hogy megvédje termését a lisztharmat kártételétől, ami akár 90% termésveszteséget is okozhat. Franciaországban évente 75 millió Euro-t költenek csak lisztharmat elleni gombaölőszerekre, amelyekkel szemben ráadásul ellenálló törzsek megjelenése is várható.

A nagy károkat okozó gombabetegségekkel szemben rezisztens új szőlőfajták előállítása azonban idő- és forrásigényes folyamat, mivel a keresztezéseket követően az utódnemzedék fenntartása nagy területet vagy üvegházat igényel, művelése és gondozása költséges, továbbá szigorú művelési technológiára és mesterséges fertőzésekre van szükség. A rezisztencia génekkel kapcsolt DNS alapú markerek alkalmazása jelentősen csökkentheti az üvegházi és a szabadföldi kísérletek volumenét, mivel korán, már a csírázást követően lehetővé teszi a kívánt gént hordozó magoncok kiválogatását, ezáltal az utódpopuláció méretének csökkentését. Az utóbbi években jelentős előrehaladás történt azoknak az eszközöknek a kifejlesztésében, amelyek lehetővé teszik a markerekre alapozott szelekciót (MAS) a szőlőben. A szőlő genom telítése molekuláris markerekkel, kapcsoltsági térképek szerkesztése, és a kívánt genotípusra történő direkt szelekció ma már mind megvalósítható. Végül a *Vitis vinifera* L. genom szekvenálása hozzájárulhat a gazdaságilag fontos gének, pl. rezisztencia gének fizikai térképezéséhez.

A szőlő két legfontosabb gombabetegségével (*Erysiphe necator* Schwein. Burr, *Plasmopara viticola* Berk. et Curtis) szembeni tartós rezisztencia kialakításának egyik módszere a rezisztencia gének halmozása (piramidálása) a legértékesebb genotípusokba, ami megbízható molekuláris markerek nélkül csak több évig tartó utódvizsgálattal valósítható meg.

A PTE Szőlészeti és Borászati Intézetében Kozma Pál és munkatársai a rezisztencia gének kombinálására különböző hibridpopulációkat állítottak elő.

A hibridcsaládok közül a következőket vizsgáltuk: BC_4 (VRH 3082-1-42) x *Vitis vinifera* 'Kismis vatkana', BC_4 x *Vitis vinifera* 'Kismis moldavszkij', *Vitis vinifera* 'Génuai zamatos' x *Vitis vinifera* 'Kismis vatkana', (*Vitis vinifera* 'Dzsandzsal kara' x 'Laszta') x (*Vitis vinifera* 'Katta kurgán' x *Vitis vinifera* 'Perlette').

A hagyományos európai *V. vinifera* fajták nem rezisztensek a lisztharmat és a peronoszpóra ellen, azonban a fajták fogékonysága között eltérések vannak. Az 1960-as évek közepéig nem azonosítottak ellenálló *V. vinifera* fajtákat, ezért vad *Vitis* fajokat alkalmaztak rezisztenciagén forrásként. Az egyik ilyen vad faj a *Muscadinia rotundifolia* Michx. Small, amely domináns lisztharmat (*Run1*) és peronoszpóra (*Rpv1*) rezisztencia génekkel rendelkezik. A Bouquet (1986) által előállított *M. rotundifolia* x *V. vinifera* BC_4 hibridet Kozma és munkatársai *V. vinifera* fajtákkal keresztezték rezisztens fajták előállítására.

A 'Dzsandzsal kara'-t írták le először lisztharmat ellenálló fajtaként, később azonban többet is azonosítottak, köztük a 'Kismis vatkana'-t, amelyben a domináns *Ren1* gén felelős a rezisztenciáért. A tartós rezisztencia elérése céljából kombinálták a rezisztencia géneket: a *M. rotundifolia* x *V. vinifera* BC_4 hibridcsaládot (*Run1 és Rpv1* gén) keresztezték a 'Kismis vatkana'-val (*Ren1*), melynek eredményeképpen az utódnemzedékben olyan egyedeket szelektálhatunk, amelyek mindhárom gént hordozzák (*Run1/Rpv1/Ren1* genotípusok).

Munkánk során különböző eredetű (*Muscadinia rotundifolia-Run1, Rpv1, V. vinifera-Ren1,* és 'Seyve-Villard' PM QTL-ek) lisztharmat és peronoszpóra rezisztencia géneket tartalmazó egyedeket szelektáltunk a hasadó hibridpopulációkban SSR, CB (BAC könyvtár alapján tervezett) és SCAR (RAPD marker alapú) markerekkel, illetve vad *Vitis* fajokat és fajtákat jellemeztünk a markerek alapján.

Célkitűzések:

1. BC_4 x ‘Kismis vatkana’ hibridpopuláció (BC_5) halmozott rezisztenciagéneket hordozó genotípusok szelekciójára alkalmas módszer kidolgozása; multiplex PCR alkalmazásával *Run1/Rpv1/Ren1* genotípusok szelekciója egy lépésben, majd az ellenálló és fogékony egyedek agaróz gélen történő rutinszerű elkülönítése;
2. Olyan marker alapú szelekciós módszer kidolgozása, amelyek más populációkban is alkalmazhatóak;
3. (*Vitis vinifera* ‘Dzsandzsal kara’ x *Vitis* hibrid ‘Laszta’) x (*Vitis vinifera* ‘Katta kurgán’ x *Vitis vinifera* ‘Perlette’) hibridpopuláció rezisztencia génjeinek követése molekuláris markerekkel; a lisztharmat rezisztens ‘Kismis vatkana’ és ‘Dzsandzsal kara’ rezisztencia génjeinek összehasonlítása;
4. Magyar nemesítésű rezisztens fajták jellemzése lisztharmat QTL-lel kapcsolt markerekkel;
5. A lisztharmat rezisztens fajták (‘Dzsandzsal kara’, ‘Kismis vatkana’) tiszta *V. vinifera* eredetének bizonyítására *V. vinifera* specifikus markerrendszer kidolgozása.

ANYAG ÉS MÓDSZER

A vizsgálatok növényanyaga

A PTE Szőlészeti és Borászati Kutató Intézetében Kozma és munkatársai különböző hibridpopulációkat állítottak elő abból a célból, hogy a lisztharmat és peronoszpóra rezisztencia géneket kombinálják. A vizsgált hibridcsaládok a következők: BC_4 (VRH 3082-1-42) x *Vitis vinifera* 'Kismis vatkana', (BC_4 x *Vitis vinifera* 'Kismis moldavszkij'), *V. vinifera* 'Génuai zamatos' x *V. vinifera* 'Kismis vatkana', (*V. vinifera* 'Dzsandzsal kara' x *Vitis* hibrid 'Laszta') x *(V. vinifera* 'Katta kurgán' x *V. vinifera* 'Perlette').

PM QTL analízishez, az ázsiai származású fajták genetikai távolságának meghatározásához, valamint a *V. vinifera* specifikus markerrendszer kidolgozásához alkalmazott növényanyag: interspecifikus hibridek, magyar nemesítésű rezisztens fajták, ázsiai eredetű lisztharmat ellenálló és érzékeny fajták, szenzitív *V. vinifera* fajták (referencia fajták), vad *Vitis* fajok, alanyfajták.

DNS izolálás

A növények fiatal leveleiből a DNS-t DNeasy Plant Mini Kit-tel izoláltuk (Qiagen), a gyártó leírása szerint. A DNS koncentrációját NanoDrop spektrofotométerrel mértük, majd a törzsoldatokból 10 ng/µl koncentrációjú hígításokat készítettünk, amelyeket templátként használtunk fel a PCR reakciók során.

PCR körülmények és a vizsgálatokban szereplő markerek

A polimeráz láncreakciókat iCycler készülékben (Bio-Rad) végeztük, 10 µl végtérfogatban. A reakcióelegy összetevői: 20 ng templát DNS, 0,6 egység WTB-*Taq* polimeráz (West Team Biotech, Pécs), 0,1 mM dNTP mix (dATP, dCTP, dGTP, dTTP), 0,75 µM forward, ill. reverse primer, 1,25 mM $MgCl_2$, 1X PCR puffer.

SSR analízis és CB markerek alkalmazása:

Run1/Rpv1 rezisztencia génekkel kapcsolt markerek:

VMC8g9 és VMC4f3.1 markereket alkalmaztunk a *Run1* gén öröklődésének követésére, Barker et al. szerint (2005) és VMC1g3.2 markert az *Rpv1* gén követésére Wiedemann-Merdinoglu et al. szerint (2006). Az *Rpv1* gén követésére teszteltük a VMC1g3.2 közvetlen közelében található VVim11 és VVib32 markereket (Doligez et al. 2006). A CB markereket, CB69.70, CB137.138, CB191.192, Barker et al. (2005) fejlesztették ki BAC könyvtár alapján (Dry személyes közlés).

Ren1 rezisztencia génnel kapcsolt markerek:

A VMC9h4.2, UDV20a és VMCNg4e10.1 SSR markereket használtuk, melyeket Hoffmann et al. (2008) térképeztek a *Ren1* lisztharmat rezisztencia gén közvetlen közelébe (0,9 cM). Ezeket az SSR markereket mi használtuk először marker alapú szelekcióra (Katula-Debreceni et al. 2010).

Lisztharmat QTL-lel kapcsolt markerek:

Három SSR markert, a VMC4d9.2, UDV15b és a VViV67 markereket használtuk Eibach et al. (2007) szerint, és a ScORA7-760 SCAR markert Akkurt et al. (2007) szerint.

Dendrogram szerkesztéséhez alkalmazott SSR markerek:

A GrapeGen06 (http://www.montpellier.inra.fr/grapegen06) programban javasolt 9 SSR marker, melyek alapján az egyes fajták mikroszatellit ujjlenyomatát elkészítettük:

VVMD5, VVMD7, VVMD25, VVMD27, VVMD28, VVMD32, VVS2, ssrVrZag62, ssrVrZag79 (Thomas és Scott 1993, Bowers et al. 1996, 1999, Sefc et al. 1999).

Fajspecifikus markerrendszer kidolgozásához alkalmazott markerek:

A *V. vinifera* specifikus markerek azonosításához a következő markereket alkalmaztuk: kloroplasztiszban kódolt *rbcL* génekre (Soltis et al. 2000), sejtmagban kódolt gibberellinsav gén szekvenciákra (*GAI1*) (Wen et al. 2007) és *Vine-1* retrotranszpozonra tervezett primerek (Verriés et al. 2000), az antocián bioszintézisben szerepet játszó *Vvmyb* génnel kapcsolt marker: 20D18CB9 (Walker et al. 2006). A 20D18CB9 markert BAC könyvtár alapján tervezték (‘Cabernet Sauvignon’ Barker et al. 2005).

PCR körülmények

A CB primerek felszaporításához a reakció körülmények a következők: 2 perces 94°C-os előciklus, denaturálás 94°C-on 10 mp-ig, primerkapcsolódás 57°C-on 30 mp-ig, DNS-szintézis 72°C-on 1 percig – 40 cikluson keresztül, majd végül 5 perces 72°C-on történő utópolimerizáció.

Az SSR primerek felszaporításához a reakció körülmények a következők: A 65°C-os touch down PCR lépései: 2 perces 94°C-os előciklus; 10 ciklus 94°C-on 30 mp-ig – denaturálás, 62°C-on 30 mp-ig – primerkapcsolódás, 72°C-on 1 percig - DNS-szintézis. A kapcsolódási hőmérséklet ciklusonként 1°C-kal csökken. 24 ciklus 94°C-on 30 mp-ig, 56°C-on 30 mp-ig, 72°C-on 1 percig. Majd 5 perces 72°C-on történő utópolimerizáció.

A mikroszatellit allélméretek meghatározása, detektálás

A mintákat 1,2%-os, etídium-bromiddal festett agaróz gélen futtattuk, majd a mintázatokat 313 nm-es UV fényben digitális kamerával fényképeztük és értékeltük. Azokat a

reakciótermékeket, amelyekben a mikroszatellit régiókat sikeresen felszaporítottuk, ALF-Express II. készülékben 8%-os poliakrilamid gélen (ReproGel™ High Resolution, GE Healthcare BioSciences, AP Hungary Kft, Budapest) választottuk el a pontos allélösszetételük és méretük meghatározása céljából. Ehhez a forward primereket Cy-5 fluoreszcens festékkel jelöltük.

Az eredmény kiértékelését és dokumentálását a Fragment Analyser 1.0 számítógépes szoftver (GE Healthcare BioSciences) segítségével végeztük. Az ismert nukleotidhosszúságú külső és belső standardek segítségével, majd a számítógépes programmal meghatároztuk az egyes allélok pontos bázisméretét.

A CB markerekkel felszaporított termékeket 1,2%-os, etídium-bromiddal festett agaróz gélen értékeltük ki.

A multiplex PCR során kapott termékeket mind ALF-Express II. készülékkel, mind 4%-os Metaphor® (Cambrex Bioproducts, Biocenter Kft, Szeged) agaróz gélen is elválasztottuk.

Mikroszatellit allélméretek statisztikai értékelése és dendrogram szerkesztése

Az analízishez az UPGMA ('Unweighted Pair Group Method with Arithmetic mean') módszert alkalmaztuk, mely a hierarchikus klaszterezési eljárások közé tartozik. Hasonlósági koefficiensek segítségével összeállított mátrix alapján csoportosítja az objektumokat, és kapcsolatukat dendrogram formájában ábrázolja. Ezzel szemléletesen bemutatható az objektumok közötti hasonlóság vagy távolság (Hajósné Novák 1999).

A mikroszatellitekkel kapott allélméreteket binárisan kódoltuk, az adott méretű fragmentum meglétét 1-gyel, míg hiányát 0-val jelöltük. Az adatokat bevittük az SPSS 11.0 (IBM) statisztikai programba, ahol Jaccard index (1908) alapján klaszter analízist készítettünk. A klaszter analízis sok változó alapján csoportokat alakít ki, ami alapján összehasonlíthatjuk a fajtákat. Az eredmények szemléltetésére dendrogramot szerkesztettünk, melyet a program hasonlósági mátrix alapján készít el.

EREDMÉNYEK

Marker alapú szelekció alkalmazása különböző hibridpopulációkban

06-1-es populáció: VRH 3082-1-42 BC_4 x 'Kismis vatkana'

A VRH 3082-1-42 BC_4 hibridet (Bouquet, 1986) Kozma és munkatársai keresztezték a 'Kismis vatkana'-val abból a célból, hogy a *Run1*/*Rpv1* és a *Ren1* gének kombinálásával multi-rezisztens szőlő genotípusokat nyerjenek. Az azonos fenotípust mutató, tünetmentes *Run1+*, *Ren1+* vagy *Run1+/Ren1+* genotípusokat molekuláris markerek segítségével azonosítottuk. A marker alapú szelekcióhoz (MAS) a hasadó populáció 440 egyedét vizsgáltuk, ebből 410 lisztharmat tünetmentes és 30 fogékony.

Ren1-gyel kapcsolt markerként a VMC9h4.2, UDV20a, és a VMCNg4e10.1 markereket használtunk, amelyeket Hoffmann et al. (2008) 0,9 cM távolságra térképeztek a *Ren1* lókusztól. Mindhárom marker egyértelmű diagnosztikus értékű eredményeket adott **(1. táblázat**). A három *Ren1*-gyel kapcsolt marker allél minden esetben együtt öröklődött, megerősítve a szoros kapcsoltságot (Hoffmann et al. 2008). Az összes növény, amely hordozza a *Ren1* génnel kapcsolt markerallélt, PM rezisztens, míg a 30 szenzitív minta egyike sem tartalmazza ezt az allélt.

1. táblázat: A rezisztencia génekhez kapcsolt, a vizsgálataink során alkalmazott SSR markerekkel felszaporított pontos allélméretek a 06-1-es populációban

	Ren1			*Run1*		*Rpv1*
	VMC 9h4.2	UDV20a	VMC Ng4e10.1	VMC 8g9	VMC 4f3.1	VMC 1g3.2
'Kismis vatkana'	262:**286**	138:**164**	240:**260**	167:174	160:186	122:140
BC_4	282:298	148:148	260:260	**160**:167	184:**186**	**122**:140
'Cardinal'	289:307	140:160	265:286	179:179	162:162	135:140
BC_4 x 'Kismis vatkana'						
Rezisztens genotípusok	282:**286** **286**:298	148:**164**	260:**260**	**160**:167 **160**:174	160:**186** 186:**186**	**122**:140 **122**:122
Szenzitív genotípusok	262:282 262:298	138:148	240:260	167:167 167:174	160:184 184:186	122:140 140:140

A rezisztencia génnel kapcsolt allélt aláhúzással és vastag betűvel jelöltük.

Run1 génnel kapcsolt markerként a VMC8g9 és a VMC4f3.1 SSR primereket és 3 BAC könyvtár alapján tervezett primert (CB191.192, CB69.70, CB137.138) használtuk Barker et al. (2005) szerint.

A VMC8g9-cel kapott allélok **(1. táblázat**) egymástól jól és egyértelműen elkülöníthetőek voltak. A VMC8g9 alkalmas a *Run1* rezisztencia gént hordozó egyedek szelektálására. A VMC4f3.1 markert detektálási nehézségek miatt kizártuk a vizsgálatokból. Adataink bizonyítják a VMC8g9 és a CB markerek szoros kapcsoltságát. Azok a növények, amelyek nem tartalmazzák a *Run1* gént és mégis tünetmentesek a lisztharmatfertőzésre, a 'Kismis vatkana'-tól örökölték az ugyancsak PM rezisztenciáért felelős *Ren1* gént. Azok az egyedek, amelyek mindkét rezisztencia gént tartalmazzák értékes alapanyagul szolgálnak a növénynemesítés számára, mivel két, különböző genetikai forrásból származó, és különböző kromoszómán lévő domináns PM rezisztencia gént hordoznak.

Az *Rpv1* gén jelenlétének kimutatására alkalmazott VMC1g3.2 marker (Merdinoglu et al. 2003) a BC_4 és a 'Kismis vatkana' szülőkben azonos méretű allélokat eredményezett (122:140 bp), ezért *Rpv1+* genotípusként csak azokat a növényeket azonosíthattuk, amelyek homozigóták a 122 bp méretű allélre. Azok az egyedek, amelyek homozigóták a 122-es allélre, tehát *Rpv1+*-ak, egyben mind *Run1+*-ak is. Megerősítettük a Merdinoglu et al. (2003) által más anyagon megfigyelt jelenséget, miszerint a *Run1* és *Rpv1* gének szorosan kapcsoltan öröklődnek. A heterozigóták elemzése újabb marker bevonását tette szükségessé. A VMC1g3.2 marker lókusz közvetlen közelében található két újabb markerrel (VVIm11 és VVIb32) kezdtük el a vizsgálatokat (Doligez et al. 2006). Eredményeink alapján a VVim11 SSR marker alkalmasnak bizonyult (a BC_4 x 'Kismis moldavszkij' hibridcsalád vizsgálata alapján) az *Rpv1* peronoszpóra rezisztencia gén követésére. A VVIm11-et korábban még nem használták MAS-ra, mi alkalmaztuk először a szenzitív és rezisztens genotípusok elkülönítésére.

A szelekciós folyamat továbbfejlesztésének céljából, kidolgoztunk egy multiplex PCR-en és agaróz alapú gélelektroforézisen alapuló módszert. A kiválasztott primerek alkalmasak multiplex PCR reakcióban a *Run1* és *Ren1* gén együttes vizsgálatára. Az eredményeket mind 8%-os poliakrilamid gélen, mind pedig 4%-os Metaphor gélen értékeltük, így lehetővé vált a lisztharmat ellenálló és fogékony egyedek agaróz gélen történő rutinszerű elkülönítése. A BAC könyvtár alapján tervezett primerek az 1,2%-os agaróz gélen történő elválasztást és értékelést is lehetővé teszik.

A lisztharmat fertőzés bonitálási eredményei alapján fogékony egyedekben a molekuláris vizsgálatok a vizsgált rezisztencia gének hiányát bizonyították. A tünetmentes egyedek 36%-ában mindkét lisztharmat rezisztencia gén, 28%-ában csak a *Run1*, 36%-ában pedig csak a *Ren1* rezisztencia gén jelenléte volt kimutatható. Eredményeink alapján a kidolgozott módszer alkalmas mind a génhalmozott (*Run1* és *Ren1* gén), mind pedig az egyes

rezisztencia géneket külön hordozó egyedek elkülönítésére. A multiplex PCR alkalmazásával gyorsan és költségtakarékosan szelektálhatjuk ki a mindkét lisztharmat rezisztencia gént hordozó értékes egyedeket, amelyek a molekuláris vizsgálatok nélkül, hagyományos módszerekkel nem azonosíthatóak.

06-3-as populáció: Vitis vinifera ‘Génuai zamatos’ x *Vitis vinifera* ‘Kismis vatkana’

Az egyes rezisztencia gének térképezéséhez használt SSR markerek jól és megbízhatóan alkalmazhatóak marker alapú szelekcióra. A *Ren1* génnel szorosan kapcsolt markerek más, a ‘Kismis vatkana’-t szülői partnerként tartalmazó hibridpopulációk szelekciójára is alkalmasak. Mivel a szőlő rezisztencianemesítés során a vad fajokból számos poligénikusan öröklődő kedvezőtlen tulajdonságot is átvisznek az interspecifikus hibridekbe, fontos előrelépést jelent *V. vinifera* eredetű rezisztencia gének alkalmazása.

A ‘Génuai zamatos’ x ‘Kismis vatkana’ keresztezés analízise, 78 tünetmentes és 68 fertőzési tüneteket hordozó mintán a *Ren1*-gyel kapcsolt VMC9h4.2 SSR markerrel történt. A tünetmentes egyedekben megtalálható volt a rezisztenciával kapcsolt allél. Azért a VMC9h4.2 markert alkalmaztuk ennél a keresztezésnél, mert a kapott allélméretek lehetővé teszik a rutin agarózon való detektálást is. Így korán, már pár lombleves állapotú utódpopulációnál lehetővé válik a szelekció, nem szükséges a hosszadalmas és költséges mesterséges fertőzést, majd bonitálást elvégezni, illetve a nagyméretű hasadó populációt fenntartani. Gyorsan, hatékonyan és az agaróz alapú gélelektroforézisnek köszönhetően költségtakarékosan szelektálhatók a rezisztens egyedek.

07-12-es populáció: (Vitis vinifera ‘Dzsandzsal kara’ x ‘Laszta’*) x* (Vitis vinifera ‘Katta kurgán’ x *Vitis vinifera* ‘Perlette’*)*

A (*Vitis vinifera* ‘Dzsandzsal kara’ x ‘Laszta’) x (*Vitis vinifera* ‘Katta kurgán’ x *Vitis vinifera* ‘Perlette’) hibridpopuláció 126 egyedét (ebből tünetmentes volt 96 és 30 fertőzési tüneteket mutatott) ismert rezisztencia génekkel (*Ren1, Run1, Rpv1)* és PM QTL-ekkel kapcsolt markerekkel (3 SSR-VMC4d9.2, UDV15b, VViV67 és 1 SCAR-ScORA760) teszteltük. A populáció alkalmas volt arra is, hogy összehasonlítsuk a két közép-ázsiai csemegeszőlő fajta, a ‘Kismis vatkana’ és a ‘Dzsandzsal kara’ rezisztencia génjeit molekuláris markerek alapján.

A szenzitív és a rezisztens fenotípusú egyedek nem válogathatóak szét a *Run1/Rpv1* kapcsolt markerekkel, ez arra utal, hogy a hibridpopuláció nem tartalmazza ezeket a géneket

(**2. táblázat)**. Mind a ‘Kismis vatkana’, mind pedig a ‘Dzsandzsal kara’ *Ren1*-gyel kapcsolt alléljei pontosan megegyeznek, és mind a hibridpopulációt létrehozó rezisztens szülő (‘Dzsandzsal kara’ x ‘Laszta’), mind pedig a hasadó utódpopuláció lisztharmat rezisztens egyedeinek *Ren1*-gyel kapcsolt allélméretei is. Eredményeink azt mutatták, hogy csak a *Ren1*-gyel kapcsolt allélméretek hasadnak együtt a lisztharmat rezisztens fenotípussal, ez alapján megállapíthatjuk, hogy a két közép-ázsiai fajta, a ‘Kismis vatkana’ és a ‘Dzsandzsal kara’ azonos lisztharmat rezisztencia gént, allélt hordoz. Eredményeinket irodalmi adatok is alátámasztják (Coleman et al. 2009).

2. táblázat: A (‘Dzsandzsal kara’ x ‘Laszta’) x (‘Katta kurgán’ x ‘Perlette’) hibridpopuláció allélméretei a *Ren1*-gyel és a *Run1/Rpv1*-gyel kapcsolt SSR markerekkel

	Ren1			*Run1/Rpv1*	
	VMC9h4.2	UDV20a	VMCNg4e10.1	VMC8g9	VMC1g3.2
‘Kismis vatkana’	262:**286**	138:**164**	240:**260**	167:174	122:142
‘Dzsandzsal kara’	280:**286**	150:**164**	255:**260**	167:174	124:128
‘Laszta’	252:290	150:150	230:268	162:178	128:134
‘Dzsandzsal kara’ x ‘Laszta’	**286:**290	150:**164**	**260:**268	162:174	124:128
‘Katta kurgán’ x ‘Perlette’	262:286	138:150	238:260	178:178	122:128
Szenzitív egyedek	262:290 286:290	138:150 150:150	238:268 260:268	162:178 174:178	124:128 122:128 122:124 128:128
Rezisztens egyedek	262:**286** 286:**286**	138:**164** 150:**164**	238:**260** 260:**260**	162:178 174.178	124:128 122:128 122:124 128:128

PM QTL analízis

Lisztharmat QTL-lel kapcsolt SSR markerek alkalmazása

A ‘Laszta’ lisztharmat és peronoszpóra rezisztens fajta, a pedigréjében megtalálható ‘Seyve Villard’ szülőktől örökölte a lisztharmat, és peronoszpóra QTL-eket. Eibach et al. (2007) szerint alkalmaztuk a VMC4d9.2, UDV15b és a VViV67 SSR markereket a 15-ös kapcsoltsági csoporton lévő lisztharmat QTL követésére a 07-12-es populációban. Az UDV15b marker, amit Di Gaspero et al. (2005) fejlesztettek ki, multilókuszos marker, ezért

előfordul, hogy egyes genotípusoknál több allélt kapunk, ami nehézkessé teszi az eredmények kiértékelését, nehezen követhetőek az allélok, így ezt a markert kizártuk a későbbi vizsgálatokból. A másik két markerrel (VMC4d9.2 és VViV67) kapott allélméretek szórtak a rezisztens és a szenzitív fenotípusú utódok között, illetve a rezisztens szülő, a 'Dzsandzsal kara' x 'Laszta' mindkét markerre nézve homozigóta (**3. táblázat)**. Az irodalomban 'Regent' fajtára leírt PM QTL-lel kapcsolt markerek nem alkalmasak a 'Laszta' és a hasadó populáció vizsgálatára, ezért olyan új térképezési populációt volna célszerű létrehozni ('Laszta'-t egy szenzitív fajtával keresztezve), ami alapja lehet annak, hogy a 'Laszta' PM QTL-jeivel kapcsolt markereket azonosítsunk.

3. táblázat: A 15-ös kapcsoltsági csoporton lévő PM QTL-lel kapcsolt SSR markerekkel kapott allélméretek

	VMC4D9.2	VViV67
'Regent'	235:240	334:352:364
'S 7053'	230:235	334:352
'Laszta'	235:240	352:364
'SV 20365'	235:240	334:352:364
'SV 12375'	230:235	334:352:364
BC_4	244:244	352:364
V. labrusca	230:240	344:352:358
V. rupestris	235:240	358:358
V. berlandieri	235:235	330:352
V. lincecumii	235:235	330:338:352
Rezisztens szülő: 'Dzsandzsal kara' x 'Laszta'	240:240	352:352
Szenzitív szülő: 'Katta kurgán' x 'Perlette'	226:240	352:364

Lisztharmat QTL-lel kapcsolt SCAR marker alkalmazása; magyar nemesítésű rezisztens fajták jellemzése a ScORA7-760 markerrel

Lisztharmat QTL-lel kapcsolt SCAR marker (ScORA7-760) tesztelésével jellemeztünk különböző vad *Vitis* fajokat, lisztharmat rezisztens ázsiai fajtákat ('Kismis vatkana', 'Dzsandzsal kara', 'Tagobi', 'Gordin', 'Alexandrouli', 'Tsitska', 'Bazaletouri tsolikouri', 'Kabarcik', 'Rezisztens magvatlan'), interspecifikus hibrideket, 'Seibel', 'Seyve Villard' fajtákat, illetve 'Seibel'/'Seyve Villard' eredetű, magyar nemesítésű rezisztens fajtákat ('Duna gyöngye', 'Viktória gyöngye', 'Csillám', 'Nero', 'Zala gyöngye', 'Palatina', 'Bianca',

‘Göcseji zamatos’ és ‘Medina’). Arra a kérdésre kerestük a választ, hogy mely fajtákban, fajokban követhető a 15-ös kapcsoltsági csoporton lévő lisztharmat QTL, amit a PCR során felszaporodó 760 bp méretű fragmentum jelez.

A következő fajtákban nyomon követhető a lisztharmat rezisztencia a SCAR markerrel: ‘Regent’, ‘Seibel 7053’, ‘SV 20365’, ‘Villard blanc’, ‘Seibel 4986’, ‘Viktória gyöngye’, ‘Nero’, ‘Zala gyöngye’, ‘Bianca’, ‘SV 12286’. Eredményeink alapján azokat a rezisztens fajtákat javasoljuk további nemesítési programokban felhasználni, illetve rezisztencia gének halmozásának céljából keresztezési partnerként alkalmazni, amelyekben a lisztharmat QTL követhető a ScORA7-760 markerrel, így esetükben alkalmazható a MAS. A ‘Viktória gyöngye’, a ‘Nero’ és a ‘Zala gyöngye’ nemcsak rezisztens fajták, hanem kiváló tulajdonságokkal rendelkező csemegeszőlő fajtáink, érésüket tekintve koraiak, amit a méltán világhírű ‘Csaba gyöngyétől’ örököltek. Ezeket a fajtákat keresztezve a ‘Dzsandzsal kara’-val, vagy a ‘Kismis vatkana’-val, génhalmozással tartós rezisztenciát érhetünk el. Marker alapú szelekcióval ki tudjuk válogatni a keresztezést követően azokat az egyedeket, amelyek tartalmazzák mind a domináns lisztharmat rezisztencia gént (*Ren1*), mind a ‘Seibel’/’Seyve Villard’ eredetű PM QTL-t. Továbbá a 06-1-es populáció azon egyedeit, amelyek mind a *Run1*, mind a *Ren1* géneket tartalmazzák, tehát *Run1+*/*Ren1+* genotípusúak, keresztezve a PM QTL-t tartalmazó, és a rezisztenciát markerekkel követhető fajtákkal, olyan új, rezisztens fajták állíthatók elő, melyeknek rezisztenciája szinte áttörhetetlen.

Különböző fajták jellemzése rezisztencia génekkel kapcsolt markerekkel

Különböző szőlő fajtákat jellemeztünk a *Run1/Rpv1* és *Ren1* rezisztencia génekkel kapcsolt SSR markerekkel. A célunk az volt, hogy ellenőrizzük, hogy a szenzitív fajták allélméretei megegyeznek-e a rezisztenciát jelző allélokkal (BC_4, ‘Kismis vatkana’), illetve hogy a különböző eredetű rezisztens fajták rezisztencia génjeit összehasonlítsuk a már ismert (*Run1/Rpv1, Ren1*) rezisztencia génekkel.

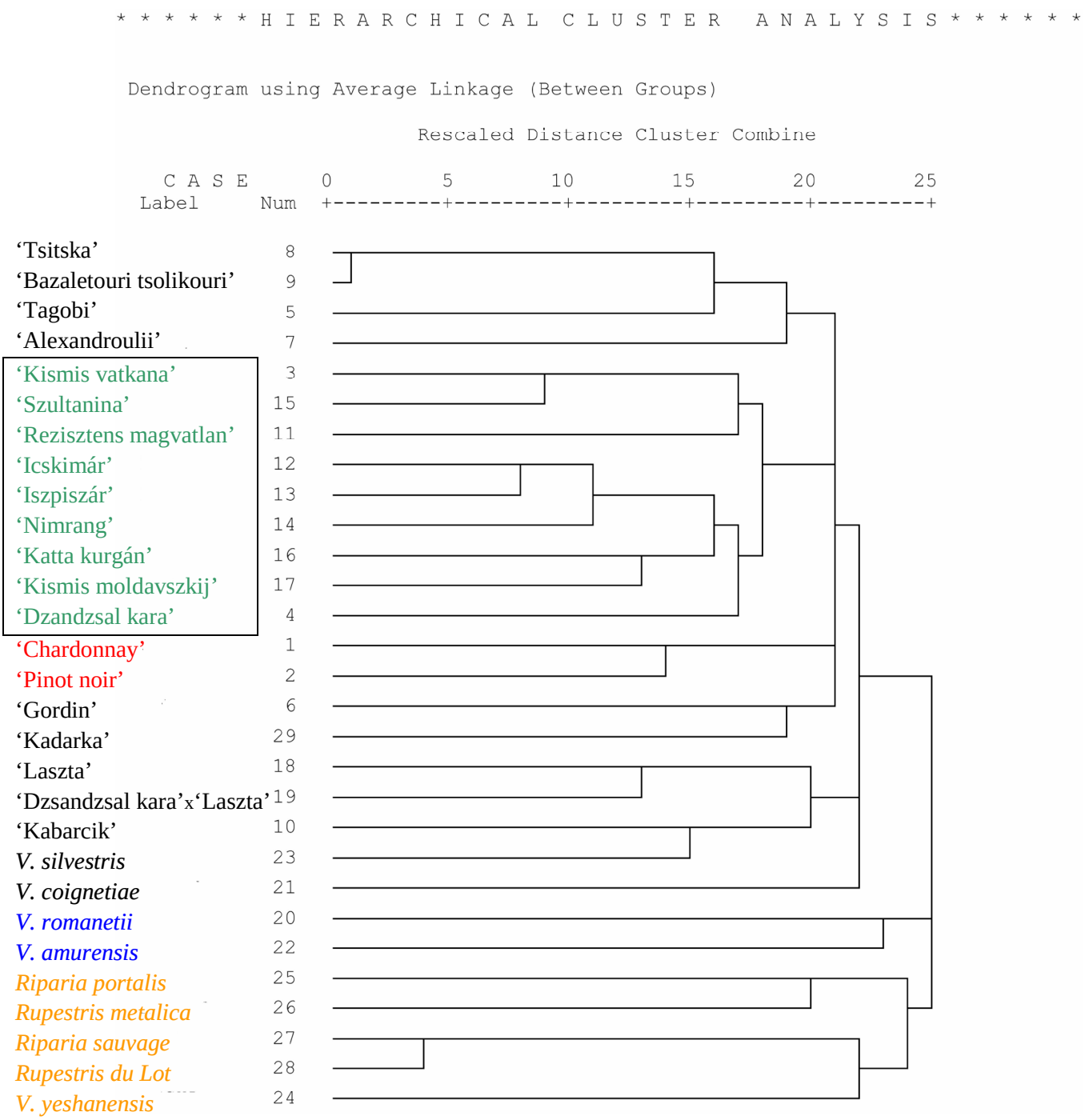
A szenzitív szőlő fajták egyike sem hordozta a rezisztenciával kapcsolt allélokat. A *M. rotundifoliából* a BC_4 hibridbe introgresszálódott *Run1/Rpv1* gént egyik rezisztens *V. vinifera* fajta sem tartalmazza, illetve a ‘Seibel’, ‘Seyve Villard’ eredetű fajták (‘Regent’, ‘Laszta’) sem. Az azonos helyről származó ‘Kismis vatkana’ és ‘Dzsandzsal kara’ rezisztenciával kapcsolt alléljai viszont megegyeztek (Coleman et al. 2009). A ‘Rezisztens magvatlan’ *Ren1*-gyel kapcsolt allélméretei szintén megegyeznek a ‘Kismis vatkana’-éval. A ‘Rezisztens magvatlan’ eredetére nézve nincs adatunk, de eredményeink alapján Közép-Ázsiából

származhat, mint az ugyancsak magvatlan és lisztharmat rezisztens ‘Kismis vatkana’. A többi ázsiai eredetű *V. vinifera* lisztharmat rezisztens fajta nem tartalmazza a már ismert rezisztencia géneket (*Run1/Rpv1, Ren1*), tehát új rezisztencia-forrásnak tekinthetők a nemesítés szempontjából. Jövőbeli terveink között szerepel a ‘Kabarcik’ fajta rezisztencia génjének vizsgálata, illetve egy szenzitív fajtával keresztezve a rezisztenciára nézve hasadó populáció létrehozásával a rezisztencia gének térképezhetők (A különböző fajták rezisztenciagénekkel kapcsolt SSR markerekkel kapott allélméreteit a **Mellékletek 1., 2. táblázata** tartalmazza).

Ázsiai származású fajták mikroszatellit analízise

A GrapeGene06 Európai Uniós program által javasolt 9 mikroszatellit markerrel (VVMD5, VVMD7, VVMD25, VVMD27, VVMD28, VVMD32, VVS2, ssrVrZag62, ssrVrZag79) SSR analízist végeztünk az ázsiai fajtákkal, 2 referencia fajtával, vad *Vitis* fajokkal és amerikai alanyfajtákkal (az allélméreteket a **Mellékletek 3. táblázata** tartalmazza). Célunk az volt, hogy a kapott allélméretek alapján dendrogramon szemléltessük a referencia fajták (‘Chardonnay’, ‘Pinot noir’), a különböző ázsiai lisztharmat rezisztens és fogékony fajták, a vad *Vitis* fajok és az amerikai alanyfajták genetikai távolságát (**1. ábra**). Eredményeink alapján az üzbég fajták külön (köztük a lisztharmat rezisztens fajták is) alcsoportba tömörültek, az összes ázsiai fajta, és a *V. vinifera* referencia fajták egy főcsoportba tartoztak. Külön főcsoportokat alkottak a vad *Vitis* fajok és az amerikai alanyfajták.

Eredményeink nem támasztják alá azt a feltételezést (Wan et al. 2007), miszerint a ‘Kismis vatkana’ és ‘Dzsandzsal kara’ *Ren1* rezisztencia génje, egy véletlenszerű interspecifikus hibridizáció útján került a fajtákba amerikai alanyfajtákból vagy vad *Vitis* fajokból megerősítik viszont Coleman et al. (2009) megállapításait. A dendrogram jól szemlélteti, hogy az üzbég fajták (*V. vinifera* convar. *orientalis*) és a többi *V. vinifera* fajta (*V. vinifera* convar. *occidentalis* és convar. *pontica*) között kisebb a genetikai távolság, mint akármelyik vad *Vitis* fajhoz, illetve az amerikai alanyfajtákhoz képest.



1. ábra: 9 SSR lókusz klaszteranalízisével összeállított dendrogram.
A fonosabb blokkokat színessel jelöltük.

V. vinifera specifikus markerrendszer kidolgozása

A *V. vinifera* szőlőfajták eredetileg fogékonyak a lisztharmat és a peronoszpóra-fertőzésekre. A rezisztencianemesítési munkákban különböző vad *Vitis* fajokat használnak fel, amelyek hátránya, hogy más agronómiailag kedvezőtlen tulajdonságot is átviszünk a hibridekbe. A múlt század közepén Közép-Ázsiában olyan csemegeszőlő fajtákat találtak, amelyek ellenállóak a lisztharmatra. Ezekről a fajtákról DNS szinten még nem bizonyították, hogy *V. vinifera* vagy más vad *Vitis* faj termesztett fajtáik-e. Célunk egy olyan PCR alapú markerrendszer kifejlesztése, illetve adaptálása volt, mely ampelográfiai ismeretek és szekvenálás nélkül is rutinszerűen alkalmazható a bortermő szőlőfajták vad *Vitis* fajoktól történő elkülönítésére.

A *Vitis* fajok filogenetikai kapcsolatait leggyakrabban a kloroplasztisz kódoló és nem kódoló szakaszainak szekvenciaszintű összehasonlításával végezték el (Soltis et al. 2000). Ezekben azonban a szekvenciakülönbségek kicsik és nehezen detektálhatóak.

A vizsgálatokba három referencia fajtát, 6 lisztharmat ellenálló Közép-Ázsiai fajtát, 21 vad *Vitis* fajt, a *M. rotundifolia*, a *Parthenocissus quinquefolia* fajokat és 3 alanyfajtát vontunk be.

A kloroplasztisz génekre (*rbcL, atpB*)(Soltis et al. 2000), illetve a sejtmagi gibberellinsav génekre (*GAI1*)(Wen et al. 2007) tervezett PCR primerek agaróz gélelektroforetikus mintázata teljesen azonosnak bizonyult, nem tették lehetővé a fajok megkülönböztetését. Az esetleges különbségek csak szekvencia szinten detektálhatóak.

Sikerült azonban találnunk egy olyan BAC (bakteriális mesterséges kromoszóma) könyvtárból származó, a bogyó antocián bioszintézisben szerepet játszó *Vvmyb* génnel kapcsolt markert (20D18CB9) (Walker et al. 2006), amely kismértékű hossz polimorfizmust mutatott a *V. vinifera* és vad *Vitis* fajok között. A PCR termékek pontos méretének meghatározását az agaróz gélelektroforézis nem tette lehetővé, ezért azokat az SSR analízisekben alkalmazott automata lézer fluorométerrel (ALFexpress II. készülék) végeztük el, nagyobb méretű belső és külső standardeket készítve és alkalmazva, mint a mikroszatellit elemzéseknél szoktunk (**4. táblázat**).

A referencia *V. vinifera* fajtákban (1-3 minták) a 20D18CB9 markerek egy 582 bázispár hosszúságú DNS szakaszt amplifikáltak, ugyanúgy, mint a lisztharmat ellenálló közép-ázsiai fajtákban (4-9 minták). A vizsgált vad fajok közül csak a *V. coignetiae* fajban kaptuk ugyanezt a fragmentum méretet. A többi vad fajban eltérő méretű és/vagy számú PCR terméket kaptunk. Az összes ázsiai eredetű vad *Vitis* fajban (*V. romanetii, V. coignetiae, V.*

amurensis) felszaporodott az 582 bp méretű fragmentum, míg az amerikai vad *Vitis* fajokban nem kaptunk ilyen méretű fragmentumot. A *V. silvestris* őshazája Közép-Ázsia és a Kaukázus környékén található, illetve a lisztharmat rezisztens *V. vinifera* fajták szintén ázsiai eredetűek (Üzbegisztán, Grúzia).

4. táblázat: Különböző *V. vinifera* fajták, vad fajok és alanyfajták allélméretei a 20D18CB9 markerrel

Fajta/Faj	DNS fragmentum méret (bp)	Faj	DNS fragmentum méret (bp)
'Barbera'	582	*Vitis cordifolia*	540
'Chardonnay'	582	*Vitis titanica*	540
'Pinot noir'	582	*Vitis arizonica*	540:575
'Kismis vatkana'	582	*Vitis labrusca*	540:575
'Tagobi'	582	*Vitis lincecumii*	535:540
'Gordin'	582	*Vitis yeshanensis*	575
'Alexandrouli'	582	*Vitis solonis (syn. V. acerifolia)*	575
'Tsitska'	582	*Vitis vulpina*	535:540
'Bazaletouri tsolikouri'	582	*Vitis longii puncee*	540:575
'Dzsandzsal kara'	582	*Vitis pagnucci*	550
'Kabarcik'	582	*Vitis riparia*	535:540
Vitis romanetii	571:582	*Vitis slarini*	538
Vitis coignetiae	582	*Vitis dalniana*	540:575
Vitis amurensis	582:602	*Muscadinia rotundifolia*	570:575
Vitis silvestris	582:590	*Riparia portalis*	540
Vitis aestivalis	550	*Rupestris metallica*	570:575
Vitis candicans	550:560	*Riparia sauvage*	540:575
Vitis cinerea	550	*Parthenocissus quinquefolia*	440
Vitis monticola	550		

Kék színnel jelöltük az *ázsiai Vitis* fajokat, lila színnel az *észak-amerikai Vitis* fajokat, zölddel a *Muscadinia* nemzetség tagját és a *Parthenocissust,* feketével a *V. vinifera* fajtákat, ill. a *V. silvestrist*, narancssárgával az *alany fajtákat*.

A BAC könyvtárból származó 20D18CB9 marker tehát alkalmas a *V. vinifera* fajták vad szőlőfajoktól való elkülönítésére szekvenálás nélkül, egy PCR-t, és poliakrilamid gélelektroforézist követően. Bizonyítottuk, hogy a Közép-Ázsiából származó, lisztharmat ellenálló fajták a *V. vinifera* fajhoz tartoznak.

A *Ren1* lisztharmat rezisztencia gént tartalmazó 'Kismis vatkana' és 'Dzsandzsal kara' fajták különösen értékesek a szőlő rezisztencianemesítés számára, hiszen a *V. vinifera*-n belül nyújtanak lehetőséget a rezisztencia és a kiváló minőség kombinálására.

Új tudományos eredmények

1. A BC_4 x ‘Kismis vatkana’ 06-1 hibridpopuláció halmozott rezisztencia géneket (*Run1, Rpv1, Ren1*) hordozó genotípusainak kiválogatására alkalmas módszert dolgoztunk ki.
2. Elsőként bizonyítottuk, hogy a *Ren1* lisztharmat rezisztencia gén térképezéséhez használt SSR markerek alkalmasak marker alapú szelekcióra.
3. Olyan multiplex PCR módszert dolgoztunk ki, mely alkalmas a *Run1/Rpv1/Ren1* genotípusok elkülönítésére egy lépésben, továbbá agaróz alapú, rutinszerűen kivitelezhető szelekciós eljárást dolgoztunk ki az egyes rezisztencia géneket együttesen vagy külön-külön hordozó egyedek kiválogatására.
4. Bizonyítottuk, hogy a VVim11 SSR marker alkalmas a peronoszpóra rezisztencia gén (*Rpv1*) követésére (BC_4 x *Vitis vinifera* ‘Kismis moldavszkij’ populáció alapján).
5. Igazoltuk, hogy a rezisztencia génekkel kapcsolt SSR markerek a rezisztencia donort szülői partnerként tartalmazó, más hibridpopulációkba is átvihetőek.
6. A 07-12 hibridpopuláció (*V. vinifera* ‘Dzsandzsal kara’ x *Vitis* hibrid ‘Laszta’) x *(V. vinifera* ‘Katta kurgán’ x *V. vinifera* ‘Perlette’) vizsgálatával megerősítettük, hogy a lisztharmat rezisztens ‘Kismis vatkana’ és ‘Dzsandzsal kara’ fajták ugyanazt a rezisztencia gént (*Ren1*) hordozzák.
7. Igazoltuk, hogy a 07-12 hibridpopuláció vizsgálatára az irodalomban (‘Regent’) leírt lisztharmat QTL-ekkel kapcsolt markerek MAS-ra nem alkalmazhatóak. Javasoljuk a ‘Laszta’ interspecifikus hibrid rezisztencia QTL-jeinek térképezését.
8. Elsőként igazoltuk, hogy a magyar nemesítésű ‘Viktória gyöngye’, a ‘Nero’, a ‘Zala gyöngye’ és a ‘Bianca’ fajták 15-ös kapcsoltsági csoportban található lisztharmat QTL-je molekuláris markerekkel követhető, így MAS-sal, rezisztencia génhalmozási programokban használhatóak keresztezési partnerként.
9. A GrapeGen06 program által javasolt mikroszatellit markerekkel végzett analízis alapján igazoltuk, hogy a lisztharmat rezisztens közép-ázsiai fajták genetikailag közelebb állnak a *V. vinifera* fajtákhoz, mint a vad *Vitis* fajokhoz vagy az amerikai alanyfajtákhoz.
10. *V. vinifera* specifikus markerrendszert dolgoztunk ki, amellyel bizonyítottuk, hogy a lisztharmat rezisztens ázsiai származású fajták a *V. vinifera*-hoz tartoznak.

KÖVETKEZTETÉSEK ÉS JAVASLATOK

Eredményeinkkel bizonyítottuk, hogy az azonos fenotípusú, de különböző lisztharmat rezisztencia géneket hordozó egyedek a rezisztencia génekkel szorosan kapcsolt markerekkel szétválogathatóak. Módszerünkkel rutinszerűn, költségtakarékosan szelektálhatjuk a hasadó hibridpopulációkból az értékes egyedeket, már pár lombleveles állapotban. Ezzel elkerülhető a hatalmas utódpopuláció fenntartása, folyamatos bonitálása, ismételt szelekciója. Az egyedekről DNS izolálást és egy PCR-t követően biztonsággal meg tudjuk állapítani, hogy hordoznak-e PM rezisztencia gént, és ha igen melyiket. Bár a BC_4 x 'Kismis vatkana' 06-1 populáció létrehozásánál és molekuláris vizsgálatánál a lisztharmat rezisztencia gének halmozása egy genotípusba volt a cél, javasoljuk a populáció peronoszpóra ellenállóságának felvételezését is, hogy a VVim11 SSR marker alkalmazhatóságát ezen a populáción is bizonyítani tudjuk.

A 'Génuai zamatos' x 'Kismis vatkana' keresztezés létrehozásával és a populáció *Ren1* génnel kapcsolt markerekkel történő vizsgálatával sikerült megvalósítani a kitűzött célt, a lisztharmat ellenállóság és a kiváló minőség kombinálását intraspecifikus keresztezéssel, majd a rezisztenciagén követését MAS-sal.

A (*V. vinifera* 'Dzsandzsal kara' x *Vitis* hibrid 'Laszta') x *(V. vinifera* 'Katta kurgán' x *V. vinifera* 'Perlette') 07-12-es hibridpopuláció molekuláris vizsgálata igazolta, hogy az azonos származású, PM rezisztens fajták, a 'Kismis vatkana' és a 'Dzsandzsal kara' azonos lisztharmat rezisztencia gént hordoznak. A populáció másik, rezisztenciát hordozó szülőpartnere, a 'Laszta' QTL-jei az irodalomban 'Regent' fajtára leírt PM QTL-lel kapcsolt SSR és SCAR markerekkel nem követhetőek. A 'Laszta' interspecifikus hibrid QTL-jeit még nem térképezték, ezért javasoljuk olyan térképezési populáció létrehozását, amellyel a fajta rezisztencia QTL-jeivel kapcsolt markerek azonosíthatóak.

Eredményeink alapján javasoljuk a magyar nemesítésű, rezisztens 'Seibel' és 'Seyve Villard' eredetű fajtákban, amelyek PM QTL-jei a ScORA7-760 markerrel nem követhetők ('Duna gyöngye', 'Csillám', 'Palatina', 'Göcseji zamatos', 'Medina'), további markerek azonosítását.

SSR analízis (VVMD5, VVMD7, VVMD25, VVMD27, VVMD28, VVMD32, VVS2, VrZAG62, VrZAG79) alapján szerkesztett dendrogramon mutattuk be a vizsgált ázsiai származású, *V. vinifera* convar. *orientalis* változatcsoportba tartozó fajták genetikai közelségét, illetve távolságát a többi *V. vinifera* (convar. *occidentalis* és *pontica*) fajtákhoz, vad *Vitis* fajokhoz és amerikai alanyfajtákhoz. Eredményeink megbízhatóságát referencia

fajták bevonásával igazoltuk. Bizonyítottuk, hogy a többi *V. vinifera* fajtától morfológiailag eltérő és lisztharmat rezisztens ‘Kismis vatkana’ és ‘Dzsandzsal kara’ a *V. vinifera*-hoz tartozik. Olyan marker alapú rendszert dolgoztunk ki, amellyel szekvenálás nélkül, PCR-t és poliakrilamid gélelektroforézist követően a *V. vinifera* fajták a vad *Vitis* fajoktól elkülöníthetőek.

Az ismert rezisztencia génekkel kapcsolt markerekkel különböző, ázsiai eredetű, lisztharmat ellenálló fajtákat jellemeztünk. Vizsgálataink alapján a ‘Rezisztens magvatlan’ fajta ugyanazt a lisztharmat rezisztencia gént hordozza, mint a ‘Kismis vatkana’, és megállapítható a közeli rokonság is. A többi fajta esetében nem találtunk allél-egyezőséget, így megállapíthatjuk, hogy ezek a fajták eddig még nem azonosított rezisztencia géneket hordoznak. Szenzitív fajtákkal keresztezve, térképezési populáció létrehozásával a rezisztencia gének térképezhetők, ezzel lehetőség nyílik a jövőben új rezisztencia források azonosítására és bevonására a rezisztencianemesítésbe. A törökországi ‘Kabarcik’ fajta ígéretes lehet ebben a tekintetben.

Eredményeink alapján olyan MAS alapú rezisztencia génhalmozási nemesítési programot állíthatunk össze, melyben a *Ren1, Run1, Rpv1,* PM QTL-ek megbízhatóan követhetőek molekuláris markerekkel. Példaként említhetjük: a 06-1 populáció mindkét lisztharmat rezisztencia gént (*Ren1+/Run1+* genotípusok) hordozó egyedeit keresztezve például a ‘Bianca’ fajtával, melynek mind a PM QTL-je (jelen disszertáció), mind a DM QTL-jei (*Rpv3* és *Rpv7*, Bellin et al. 2009) molekuláris markerekkel követhető, az utódpopulációból olyan egyedeket szelektálhatunk, amelyek *Ren1+/Run1+/Ren3+/Rpv1+/Rpv3+/Rpv7+* genotípusúak.

IRODALOMJEGYZÉK

Akkurt, M., Welter, L., Maul, E., Töpfer, R., Zyprian, E. 2007. Development of SCAR markers linked to powdery mildew (*Uncinula necator*) resistance in grapevine (*Vitis vinifera* L. and *Vitis* sp.). Mol. Breeding 19: 103-111.

Barker, C.L., Donald, T., Adam-Blondon, A.F., Pauquet, J., Ratnaparkhe, M.B., Bouquet, A., Adam-Blondon, A.-F., Thomas, M., Dry, I. 2005. Genetic and physical mapping of the grapevine powdery mildew resistance gene, *Run1*, using a bacterial artificial chromosome library. Theor. Appl. Genet. 111: 370-377.

Bouquet, A. 1986. Introduction dans l'espèce *Vitis vinifera* L. d'un caractère de resistance a l'oïdium (*Uncinula necator* Schw. Burr) issu l'espèce *Muscadinia rotundifolia* (Michx.) Small. Vignevini 12 (suppl): 141-146.

Bowers, J.E., Dangl, G.S., Vignani, R., Meredith, C.P. 1996. Isolation and characterization of new polymorphic simple sequence repeat loci in grape. Genome 39: 628-633.

Bowers, J.E., Boursiquot, J.M., This, P., Chu, K., Johanssen, H., Meredith, C. 1999. Historical genetics: The parentage of Chardonnay, Gamay and other wine grapes of Northeastern France. Science 285: 1562-1565.

Coleman, C., Copetti, D., Cipriani, G., Hoffmann, S., Kozma, P., Kovács, L., Morgante, M., Testolin, R., Di Gaspero, G. 2009. The powdery mildew resistance gene *REN1* co-segregates with an NBS-LRR gene cluster in two Central Asian grapevines. BMC Genetics 10: 89. doi:10.1186/1471-2156-10-89

Di Gaspero, G., Cipriani, G., Marazzo, M.T., Andreetta, D., Prado Castro, M.J., Peterlunger, E., Testolin, R. 2005. Isolation of (AC)n-microsatellites in *V. vinifera* L. and analysis of genetic background in grapevines under marker assisted selection. Mol. Breeding 15: 11-20.

Doligez, A., Adam-Blondon, A.F., Cipriani, G., Di Gaspero, G., Laucou, V., Merdinoglu, D., Meredith, C.P., Riaz, S., Roux, C., This, P. 2006. An integrated SSR map of grapevine based on five mapping populations. Theor. Appl. Genet 113: 369-382.

Eibach, R., Zyprian, E., Welter, L., Töpfer, R. 2007. The use of molecular markers for pyramiding resistance gene in grapevine breeding. Vitis 46: 120-124.

Hajósné Novák, M. 1999. Genetikai variabilitás a növénynemesítésben. Mezőgazda Kiadó, Budapest.

Hoffmann, S., Di Gaspero, G., Kovács, L., Howard, S., Kiss, E., Galbács, Zs., Testolin, R., Kozma P. 2008. Resistance to *Erysiphe necator* in the grapevine 'Kishmish vatkana' is controlled by a single locus through restriction of hyphal growth. Theor. Appl. Genet. 116: 427-438.

Jaccard, P. 1908. Nouvelles recherches sur la distribution florale. Bull. Soc. Vaud. Sci. Nat. 44: 223-270.

Katula-Debreceni, D., Lencsés, A.K., Szőke, A., Veres, A., Hoffmann, S., Kozma, P., Kovács, L.G., Heszky, L. Kiss E. 2010. Marker-assisted selection for two dominant powdery mildew resistance genes introgressed into a hybrid grape family. Sci. Horticult. 126: 448-453.

Merdinoglu, D., Wiedeman-Merdinoglu, S., Coste, P., Dumas, V., Haetty, S., Butterlin, G., Greif, C., Adam-Blondon, A.F., Bouquet, A., Pauquet, J. 2003. Genetic analysis of downy mildew resistance derived from *Muscadinia rotundifolia*. Acta Horticult. 603: 451-456.

Sefc, K.M., Regner, F., Turetschek, E., Glossl, J., Steinkellner, H. 1999. Identification of microsatellite sequences in *Vitis riparia* and their applicability for genotyping of different *Vitis* species. Genome 42: 367-373.

Soltis, D.E., Soltis, P.S., Chase, M.W., Mort, M.E., Albach, D.C., Zanis, M., Savolainen, V., Hahn, W.H., Hoot, S.B., Fay, M.F., Axtell, M., Swensen, S.M., Prince, L.M., Kress, W.J., Nixon, K.C., Farris, J.S. 2000. Angiosperm phylogeny inferred from 18S rDNA, *rbcL*, and *atpB* sequences. Bot. J. Linn. Soc. 133: 381-461. doi:10.1006/bojl.2000.0380.

Thomas, M.R., Scott, N.S. 1993. Microsatellite repeats in grapevine reveal DNA polymorphisms when analysed as sequence-tagged sites (STSs). Theor. Appl. Genet. 86: 985-990.

Walker, A.R., Lee, E., Robinson, S.P. 2006. Two new grape cultivars, bud sports of Cabernet Sauvignon bearing pale-coloured berries, are the result of deletion of two regulatory genes of the berry color locus. Plant Mol. Biol. 62: 623-635.

Wen, J., Nie, Z-L., Soejima, A., Meng, Y. 2007. Phylogeny of *Vitaceae* based on the nuclear *GAI1* gene sequences. Can. J. Bot. 85: 731-745. doi:10.1139/B07-071

Verriès, C., Bès, C., This, P., C. Tesnière, C. 2000. Cloning and characterization of *Vine-1*, a LTRretrotransposon-like element in *Vitis vinifera* L., and other *Vitis* species. Genome 43: 366-376.

Wan, Y., Schwaniniger, H., He, P., Wang, Y. 2007. Comparison of resistance to powdery mildew and downy mildew in Chinese wild grapes. Vitis 46: 132-136.

Wiedemann-Merdinoglu, S., Prado, E., Coste,P., Dumas, V., Buttarelin, G., Bouquet, A., Merdinoglu, D. 2006. Genetic analysis of resistance to downy mildew from *Muscadinia rotundifolia*. 9th Int. Conf. Grape Genet. Breed., Udine, Italy.

http://www.montpellier.inra.fr/grapegen06

MELLÉKLETEK

M/1. táblázat: Szenzitív szőlő fajták SSR profilja rezisztenciával kapcsolt markerekkel

	Ren1		*Run1/Rpv1*	
Fajta neve	VMC9h4.2	UDV20a	VMC8g9	VMC1g3.2
BC_4	282:298	148:148	**160**:167	**122**:140
'Kismis vatkana'	262:**286**	138:**164**	167:174	122:140
'Cardinal'	289:307	138:148:152:158	179:179	135:140
'Csaba gyöngye'	264:289	138:152:162	179:179	118:135
'Irsai Olivér'	289:312	138:152	179:202	118:140
'Madeleine angevine'	289:289	138:152	176.179	118:128
'Muscat Fleur d'Oranger'	264:312	138:162	179:205	128:135
'Kadarka'	289:307	135:148:158	179:179	140:140
'Pozsonyi'	282:312	138:148:162	167:202	128:140
'Kossuth szőlő'	289:289	138:152	176:179	118:128
'Duchess of Buccleugh'	264:282	138:148:162	164:205	128:128
'Izsáki'	262:262	128:152:162	167:174	118:128
'Kövérszőlő'	276:276	138:160	174:179	128:135
'Leányka'	282:282	128:138:152	167:172	128:128
'Királyleányka'	289:289	128:135:152:158	172:176	128:128

Referencia fajtaként a BC_4-et és a 'Kismis vatkana'-t alkalmaztuk.
A rezisztencia génnel kapcsolt allélt aláhúzással és vastag betűvel jelöltük.

M/2. táblázat: Ázsiai származású szőlő fajták és két interspecifikus rezisztens hibrid ('Laszta' és 'Regent') SSR profilja rezisztenciával kapcsolt markerekkel

	Ren1		*Run1/Rpv1*	
Fajta neve	VMC9h4.2	UDV20a	VMC8g9	VMC1g3.2
BC_4	282:298	148:148	**160**:167	**122**:140
'Kismis vatkana'	262:**286**	138:**164**	167:174	122:140
'Kabarcik'	262:276	138:148	167:176	135:140
'Dzsandzsal kara'	280:**286**	148:**164**	167:174	124-128
'Laszta'	252:290	148:148	162:178	128-135
'Regent'	262:282	142:148	174:174	128:140
'Tagobi'	266:298	148:162	176:176	124:128
'Gordin'	282:308	148:158	167:176	118:128
'Alexandrouli'	282:290	138:148:166	167:167	128:135
'Tsitska'	298:302	148:148	176:176	118:118
'Bazaletouri tsolikouri'	282:298	138:148	167:176	118:135
'Rezisztens magvatlan'	254:**286**	148:**164**	172:174	124:124
'Iszpiszár'	276:276	138:156:166	174:174	124:144
'Icskimár'	262:276	138:148:166	167:174	128:144

Referencia fajtaként a BC_4-et és a 'Kismis vatkana'-t alkalmaztuk.
A rezisztencia génnel kapcsolt allélt aláhúzással és vastag betűvel jelöltük.

MELLÉKLETEK

M/3. táblázat: Az ázsiai fajták genetikai távolságának vizsgálatához alkalmazott fajták, fajok, alanyfajták 9 SSR markerrel kapott allélméretei

	VVMD5	VVMD7	VVMD25	VVMD27	VVMD28	VVMD32	VVS2	Vrzag62	Vrzag79
‘Chardonnay’	236:240	243:247	242:258	182:190	220:230	241:273	138:144	192:200	246:248
‘Pinot noir’	230:240	243:247	242:252	186:190	220:238	241:273	138:152	192:198	242:248
‘Kismis vatkana’	236:242	243:253	242:242	180:196	220:236	251:273	138:146	192:206	250:262
‘Dzandzsal kara’	236:242	247:253	244:248	180:196	236:260	251:273	126:156	192:200	250:250
‘Tagobi’	230:236	249:257	244:258	180:186	246:246	259:259	126:144	192:200	250:254
‘Gordin’	228:248	243:243	242:258	180:180	230:238	265:273	134:134	192:200	240:262
‘Alexandroulii’	238:242	251:251	242:258	180:186	236:246	263:263	144:154	194:208	240:254
‘Tsitska’	228:236	243:257	242:258	186:186	238:260	263:273	144:144	200:200	254:254
‘Bazaletouri tsolikouri’	228:236	253:257	242:258	180:186	238:260	251:263	144:144	200:200	242:254
‘Kabarcik’	238:242	251:251	242:252	186:186	238:250	251:273	138:138	192:192	254:260
‘Rezisztens magvatlan’	236:240	239:257	252:252	186:196	220:228	251:251	126:152	192:206	254:270
‘Icskimár’	236:242	247:257	252:260	186:196	236:246	251:257	142:152	192:200	252:260
‘Iszpiszár’	226:242	247:257	250:260	186:196	246:246	251:257	142:156	192:192	254:260
‘Nimrang’	230:236	247:251	252:260	186:196	238:246	251:273	144:152	192:200	254:260
‘Szultanina’	236:236	243:257	242:252	182:196	220:246	251:251	146:152	192:192	250:262
‘Katta kurgán’	236:242	251:257	242:250	182:196	236:246	257:273	134:156	192:192	250:260
‘Kismis moldavszkij’	236:242	251:257	242:250	186:193	238:246	251:273	136:152	192:192	244:250
‘Laszta’	240:240	253:255	242:252	180:190	238:238	257:257	134:150	190:198	258:264
‘Dzsandzsal kara’ x ‘Laszta’	240:242	247:255	250:252	180:190	238:260	251:257	150:156	192:198	250:264
V. romanetii	248:248	247:249	254:258	186:186	222:240	249:249	130:130	220:220	250:250
V. coignetiae	236:242	243:255	243:246	184:188	236:236	239:239	134:140	192:198	242:242
V. amurensis	236:236	245:245	250:264	192:212	230:246	249:249	130:142	192:204	260:260
V. silvestris	238:238	243:251	242:252	184:190	238:242	251:273	134:134	194:198	254:254
V. yeshanensis	238:240	235:251	244:258	180:198	238:238	231:273	136:144	196:196	258:258
Riparia portalis	268:268	255:269	240:240	200:212	218:246	237:237	142:146	196:204	258:262
Rupestris metalica	254:254	255:265	240:246	186:206	218:248	241:241	142:142	202:208	262:264
Riparia sauvage	228:232	235:251	244:254	196:208	218:250	241:259	132:146	178:208	252:258
Rupestris du Lot	228:262	235:251	244:254	186:196:208	218:250	241:259	136:146	178:194:208	240:258
‘Kadarka’	228:228	251:259	242:258	186:196	230:262	273:273	136:136	192:208	252:252

AZ ÉRTEKEZÉS TÉMAKÖRÉHEZ KAPCSOLÓDÓ PUBLIKÁCIÓK

Tudományos cikkek (angol nyelvű)

Katula-Debreceni D., Lencsés A.K., Szőke A., Veres A., Hoffmann S., Kozma P., Kovács L.G., Heszky L., Kiss E. 2010. Marker-assisted selection for two dominant powdery mildew resistance genes introgressed into a hybrid grape family. **Scientia Horticulturae,** 126: 448–453. ISSN: 0304-4238 (IF: 1,197)

Katuláné Debreceni D., Szőke A., Veres A., Heszky L., Kiss E. 2010. Management and conservation of grapevine genetic resources and the GrapeGen06 project. **Hungarian Agricultural Research**, 19 (3): 9-12. HU ISSN 1216-4526

Tudományos cikkek (magyar nyelvű)

Lencsés A.K., Szőke A., Kozma P., Halász G., **Katuláné Debreceni D.**, Veres A., Győrffyné Jahnke G., Kiss E. 2010. Mikroszatellit markerek alkalmazása a magyarországi szőlő génforrások megőrzésére. **Kertgazdaság**, 42 (1): 58-67.

Katuláné Debreceni D., Lencsés A.K., Szőke A., Veres A., Hoffmann S., Erdélyi Sz., Heszky L., Kiss E., Kozma P. 2009. *Muscadinia rotundifolia* Mich. Small és *Vitis vinifera* L. eredetű lisztharmat rezisztencia felhasználása a szőlő nemesítésben markerekre alapozott szelekcióval. **Kertgazdaság**, 41 (2) 82-91.

Proceedings /Konferenciakiadványok

Angol nyelvű:

Katula-Debreceni D., Veres A., Szőke A., Lencsés A.K., Kozma P., Hoffmann S., Kiss E. 2010. Marker-based selection for powdery mildew resistance genes in different grape hybrid families. **Proceedings of the 6th International Workshop on Grapevine Downy and Powdery Mildew**. July 4-9, 2010 Bordeaux, France. pp. 42-45. INRA ISBN: 978-2-7380-1279-1

Magyar nyelvű:

Katuláné Debreceni D., Lencsés A.K., Szőke A., Veres A., Hoffmann S., Kozma P., Heszky L., Kiss E. 2009. Piramidált rezisztenciagének molekuláris szelekciója szőlőben. **XV. Növénynemesítési Tudományos Napok,** 2009. Hagyomány és haladás a növénynemesítésben. pp. 228-232. CD:// ISBN: 978-963-8351-34-0.

Lencsés A.K., **Katuláné Debreceni D.**, Galbács Zs., Molnár S., Halász G., Hoffmann S., Veres A., Szőke A., Heszky L., Kozma P., Kiss E**.** 2009. Molekuláris módszerek alkalmazása kárpát-medencei szőlő génforrások megőrzésére. **XV. Növénynemesítési Tudományos**

Napok, 2009. Hagyomány és haladás a növénynemesítésben. pp. 302-306. CD:// ISBN: 978-963-8351-34-0.

Szakmai előadások

Kiss E., **Katuláné Debreceni D.**, Lencsés A.K., Szőke A., Veres A., Hoffmann S., Kozma P., Heszky L. 2009. Lisztharmat-rezisztenciagéneket hordozó szőlő genotípusok azonosítása molekuláris markerekkel. 2009. márc. 20. Magyar Professzorok Világtanácsa, Veszprém.

Konferencia és előadás összefoglalók (Abstracts)

Angol nyelvű:

Katula-Debreceni D., Szőke A., Kozma P., Kiss E., Veres A. 2011. Analysis of powdery mildew QTL in grape for gene pyramiding purposes. **21st International Geisenheim Conference on Grapevine Propagation,** Geisenheim, Germany 21-23. July 2011.

Katula-Debreceni D., Veres A., Lencsés A.K., Szőke A., Kozma P., Kovács L.G., Kiss E. 2011. Marker-based selection for powdery mildew resistance genes in different grape hybrid families. **Agrisafe Final Conference: Climate change: Challenges and opportunities in agriculture.** Budapest, Hungary 21-23. March 2011.

Katula-Debreceni D., Veres A., Lencsés A.K., Szőke A., Kozma P., Kovács L.G., Kiss E. 2010. Screening grape hybrid families with molecular markers linked to resistance genes. **10th International Conference on Grapevine Breeding and Genetic**. Geneva, USA, NY 1-5. August 2010. p. 188.

Katula-Debreceni D., Veres A., Lencsés A.K., Szőke A., Kozma P., Hoffmann S., Heszky L., Kiss E. 2009. Durable Resistance in Grapevine: MAS- Based Gene Pyramiding of *Vitis vinifera* Origin. **Plant Genomics European Meeting.** Lisbon, Portugal 7-10. October 2009. p. 115.

Katula-Debreceni D., Kiss E., Lencsés A.K., Szőke A., Veres A., Hoffmann S., Kozma P, Heszky L. 2009. Marker assisted selection for powdery and downy mildew resistance genes of different origin in grapevine (*Vitis vinifera L.*). **Workshop on the role of Marker Assisted Selection in breeding varieties for organic agriculture. Proceedings Bioexploit, EUCARPIA,** Wageningen, The Netherlands 25-27. February 2009. Proceedings p. 57.

Lencsés A.K., Kiss E., **Katula-Debreceni D.,** Galbács Zs., Molnár S., Halász G., Hoffmann S., Veres A., Szőke A., Heszky L., Kozma P. 2009. SSR based study of grapevine varieties of Carpathian basin and Hungarian origin. **Workshop ont he role of Marker Assisted Selection in breeding varieties for organic agriculture. Proceedings Bioexploit, EUCARPIA,** Wageningen, The Netherlands 25-27. February 2009. Proceedings p. 52.

Katula-Debreceni D., Kiss E., Lencsés A. K., Szőke A., Veres A., Hoffmann S., Kozma P., Galli Zs., Heszky L. 2008. Simultaneous selection for powdery mildew resistance genes of different origin in grapevine (*Vitis vinifera* L.). **Modern Variety Breeding for Present and Future Needs. Proceedings of 18th EUCARPIA General Congress.** Valencia, Spain 9-12 September 2008. Proceedings pp. 127-128.

Debreceni-Katula D., Lencsés A.K., Szőke A., Veres A., Hoffmann S., Kozma P., Galli Zs., Kiss E., Heszky L. 2008. Powdery and Downy Mildew Resistance in Grapevine: MAS- Based Gene Pyramiding in *Vitis vinifera L.* **International Conference; Molecular Mapping and Marker Assisted Selection in Plants;** February 3-6, 2008 Wien, Austria, Abstract of Poster Presentation, p. 75.

Molnár S., Galbács Zs., **Debreceni-Katula D.**, Szőke A., Veres A., Hoffmann S, Kozma P., Galli Zs., Kiss E., Heszky L. 2008. Application of Molecular Markers Linked to *Run1* Powdery Mildew Resistance Gene. **International Conference; Molecular Mapping and Marker Assisted Selection in Plants;** February 3-6, 2008 Wien, Austria, Abstract of Poster Presentation, p. 67.

Magyar nyelvű:

Katuláné Debreceni D., Szőke A., Kiss E., Kozma P., Veres A. 2011. Lisztharmat QTL-lel kapcsolt SCAR markerek alkalmazása lisztharmat rezisztens szőlő fajták jellemzésére. **XVII. Növénynemesítési Tudományos Napok,** Budapesti Corvinus Egyetem, Kertészettudományi Kar, Budapest, április 27. p. 80.

Katula-Debreceni D., Veres A., Szőke A., Lencsés A.K., Kozma P., Heszky L., Kiss E. 2010. Molekuláris markerek alkalmazása rezisztenciagének követésére különböző szőlő hibrid-családokban. **XVI. Növénynemesítési Tudományos Napok,** MTA, Budapest, március 11. p. 83.

Szőke A., Bodor P., **Katula-Debreceni D.**, Bisztray Gy., Kiss E. 2010. Kárpát-medencei őshonos szőlő bogyószín variánsok genetikai elkülönítése. **XVI. Növénynemesítési Tudományos Napok**, MTA, Budapest, március 11. p. 131.

Katula-Debreceni D., Veress A., Szőke A., Lencsés A.K., Kozma P., Heszky L., Kiss E. 2009. Rezisztencia gének követése molekuláris markerekkel különböző hibrid családokban. **Lippay János - Ormos Imre – Vas Károly Tudományos Ülésszak**, Budapest, október 28-30. Szőlészettudomány pp. 284-285. ISBN: 978-963-503-397-3

Kiss E., Sicz Gy., Szőke A., Veress A., **Katula-Debreceni D.**, Lencsés A.K., Kozma P., Heszky L. 2009. DNS elemzéssel Stark Adolf békéscsabai szőlőfajtáinak nyomában. **Lippay János - Ormos Imre – Vas Károly Tudományos Ülésszak**, Budapest, október 28-30. Szőlészettudomány pp. 286-287. ISBN: 978-963-503-397-3

Katuláné Debreceni D., Lencsés A.K., Szőke A., Veres A., Hoffmann S., Kozma P., Galli Zs., Kiss E., Heszky L. 2009. Hogyan segíti a molekuláris markerek alkalmazása a szőlő rezisztencia-nemesítés hatékonyságát? **FVM Tudomány Ünnepe: Fiatal agrárkutatók az élhető Földért** Összefoglalók, p. 47.

Lencsés A.K., **Katuláné Debreceni D.**, Galbács Zs., Molnár S., Halász G., Hoffmann S, Veres A., Szőke A., Heszky L., Kozma P., Kiss E. 2009. Molekuláris módszerek alkalmazása a kárpát-medencei szőlő génforrások megőrzésére. **FVM Tudomány Ünnepe: Fiatal agrárkutatók az élhető Földért** Összefoglalók, p. 30.

Katuláné Debreceni D., Lencsés A.K., Szőke A., Veres A., Hoffmann S., Kozma P., Galli Zs., Kiss E., Heszky L. 2008. MAS alkalmazása rezisztencia gének piramidálásának

bizonyítására szőlőben. **XIV. Növénynemesítési Tudományos Napok** Budapest MTA 2008. március 12. Összefoglalók, p. 23.

Molnár S., Galbács Zs., Halász G., Hoffmann S., Veres A., Galli Zs., Szőke A., **Katuláné Debreceni D.**, Kozma P., Kiss E., Heszky L. 2008. *Run1* génnel kapcsolt SSR markerek alkalmazása lisztharmattal szemben rezisztens szőlő genotipusok szelekciójára. **XIV. Növénynemesítési Tudományos Napok** Budapest MTA 2008. március 12. Összefoglalók, p. 65.

Galbács Zs., Molnár S**.,** Halász G., Veres A., Galli Zs., Szőke A., Koncz T., **Debreceni D.**, Wichmann B., Pilinszky K., Tóth Zs., Szádeczky-Kardoss B., Kiss E., Heszky L. 2007. Szőlőfajták genotípusának meghatározása DNS markerekkel, **VII. Magyar Genetikai Kongresszus, XIV. Sejt - és Fejlődésbiológiai Napok** Balatonfüred 2007. április15-17 Összefoglalók, p. 107.

Galbács Zs., Molnár S**.,** Halász G., Veres A., Galli Zs., Szőke A., Koncz T., **Debreceni D.**, Wichmann B., Pilinszky K., Tóth Zs., Szádeczky-Kardoss B., Kiss E., Heszky L. 2007. Szőlőfajták genotipizálása mikroszatellit, kloroplasztisz-specifikus, retrotranszpozon eredetű és génspecifikus markerekkel, **XIII. Növénynemesítési Tudományos Napok**, Budapest MTA 2007. március 12. Összefoglalók, p. 89.