



**SZENT ISTVÁN EGYETEM**

**Búza szárazságtűrési térképezési populáció feno- és  
genotipizálási eredményei**

Doktori (PhD) értekezés tézisei

Nagy Éva

Szeged  
2019

**A doktori iskola  
megnevezése:** Növénytudományi Doktori Iskola

**Tudományága:** Növénytermesztési és Kertészeti Tudományok

**Vezetője:** **Dr. Helyes Lajos**  
MTA doktora, egyetemi tanár  
SZIE Mezőgazdaság-és Környezettudományi Kar  
Kertészeti technológiai tanszék, Gödöllő

**Program:** Növénygenetika, növénynevelés és növénybiotechnológia

**Témavezető:** **Dr. Pauk János**  
MTA doktora, egyetemi magántanár  
Gabonakutató Non-profit Kft, Szeged

**Dr. Kiss Erzsébet**  
Professor emeritus  
SZIE Genetikai, Mikrobiológiai és  
Biotechnológiai Intézet, Gödöllő

.....  
**Dr. Helyes Lajos**  
Iskolavezető jóváhagyása

.....  
**Dr. Pauk János**  
A témavezető jóváhagyása

.....  
**Dr. Kiss Erzsébet**  
A témavezető jóváhagyása

## 1. MUNKA ELŐZMÉNYEI, A KITŰZÖTT CÉLOK

A növénynemesítés feladata, stabilan nagy termőképességű fajták, hibridek előállítását, melyek biotikus- és abiotikus stressztűrő képessége kiemelkedő. A népesség-növekedés és a klímaváltozás kapcsán, ennek jelentősége egyre jelentősebbé vált.

Az abiotikus tényezők közül a szárazságstressz az egyik legaktuálisabb, a vele szembeni ellenállóság növelése rendkívül fontos. A szárazságtűrés kvantitatív jellegű, amely a környezeti tényezők és több gén együttes hatására nyilvánul meg, ezért kialakítása komplex megközelítést igényel, melyben a biológiai, genetikai és nemesítési ismeretek együttes alkalmazása lehet célravezető. Olyan növények nemesítése a cél, amelyek bármely életszakaszban jól tűrik a csapadékhiányt, és száraz körülmények között is jól teljesítenek.

A szárazságtűrés, hazai viszonyok között is, a gabonafélék termésbiztonságának egyik meghatározó eleme. Számos alap és alkalmazott kutatásban elért eredmény ellenére, a szárazságstressz élettani és genetikai háttere még nincsen teljesen feltárva. A meghatározó gének felkutatása a modern genetika egyik kihívása. Egy genotípus vízhiányra adott válasza számos tényezőtől függ, ezért megbízhatóan toleráns genotípusok kialakítása nagy körültekintést és komplex megközelítést igényel. A genotípusok szárazságtűrésének megismerésére üvegházi és szántóföldi kísérletek együttes alkalmazása ad lehetőséget. Napjainkban a fenotípusos ismereteken túl genetikai megközelítések segítik a nemesítőket a probléma megoldásában. Mennyiségi tulajdonságokért felelős kromoszóma régiók azonosítása, a szárazságtűrés genetikai hátterének bővebb ismeretét teszik lehetővé.

A szegedi Gabonakutató Non-profit Kft-ben a szárazságtűrés kutatásoknak több évtizedes múltja van. PhD képzésem alatt, ebbe a kutatómunkába kapcsolódtam be. A hároméves kísérleti időszakban (2014 - 2016) 135 DH genotípus és 29 fajta vízmegvonásra adott válaszát teszteltük, üvegházi, tenyészedényes kísérletben. Emellett a térképező populációt tenyészkeri szárazságtűrés kísérletben vizsgáltuk. Célunk - a fenotipizálás mellett - toleráns és érzékeny genotípusok kiválogatása és a szárazságtűréssel kapcsolt QTL régiók azonosítása volt. Ezek alapján, öt célkitűzési pontot fogalmaztunk meg.

## 1.1. Célkitűzések

Munkánk kezdetén az alábbi célokat fogalmaztuk meg:

- A Plainsman V/Cappelle Desprez DH térképező populáció üvegházi fenotipizálása vízmegvonás hatására és optimális körülmények között, az utódtörzsek szárazságtűrésének meghatározására.
- Szárazságot tűrő és érzékeny genotípusok kiválogatása a populációból, a vízmegvonás hatására bekövetkező terméseszkénés alapján. A szárazságot jól toleráló genotípusok azonosítása.
- Szegedi nemesítésű és külföldi eredetű, búza genotípusok üvegházi szárazságtűrési tesztjének elvégzése. A köztermesztésben elterjedt búzafajták és rezisztenciaforrások szárazsággal szembeni ellenállóságának felmérésére.
- A Plainsman V/Cappelle Desprez DH térképezési populáció természetes- és csökkentett vízellátás melletti tenyészkerti tesztje, az üvegházi tesztek eredményeinek megerősítéséhez.

QTL-régiók azonosítása, a felvételezett fenotípusos és genotípusos tulajdonságok alapján, a szárazságtűrési térképezési populációban.

## 2. ANYAG ÉS MÓDSZER

### 2.1. A Plainsman V/Cappelle Desprez DH térképezési populáció előállítás

A vizsgált térképezési populáció az amerikai származású Plainsman V (♀) szárazság toleráns, valamint a Cappelle Desprez (♂) francia nemesítésű szárazságra érzékeny nagy termőképességű őszi búzafajta keresztezését követően, az F<sub>1</sub> populációból létrehozott DH genotípusokból állt. A növényeket a Gabonakutató Kft Biotechnológia Laboratóriumában hozták létre (több mint 400 törzs) kollégáim, portoktenyésztés módszerével. A fenotipizálási kísérletekhez a populáció 135 DH genotípusból és a két szülőből állt.

### 2.2. Az üvegházi szárazságtűrési kísérletben vizsgált fajták

A szárazságtűrési vizsgálatokra beállított kísérletek második részét huszonkilenc fajtával végeztük, amelyből huszonegy szegedi nemesítésű, valamint nyolc külföldi eredetű fajta volt. A kísérletben kontrollként, a Plainsman V valamint a Cappelle Desprez fajták szerepeltek.

### 2.3. Az üvegházi fenotipizálási kísérletek körülményei

Az üvegházi fenotipizálási kísérleteket a Gabonakutató Kft szegedi üvegházában állítottuk be mind a három évben. Minden kísérletet a 2010-ben, a Gabonakutató Kft és SZBK közös projectben (GVOP) létrehozott fél-automata fenotipizálási berendezéssel végeztünk.

A genotípusokat és fajtákat Marosi homok és Terra kereskedelmi forgalomban kapható tőzeg 1:1 arányú keverékével töltött 2 cm átmérőjű műanyag Bergman csövekbe vetettük. A csíranövényeket 6 hétig vernalizáltuk, 4 °C-on 24 órás alacsony intenzitású megvilágítás mellett. Ezt követően a növényeket cserepekbe ültettük, melyekbe egyedileg mértük a földkeveréket és a tápanyagot: 526 g Terra tőzeget, 1340 g száraz homokot és 4 g lassú tápanyagleadású műtrágyát (Osmocote Exact, Scotts Company, N16+P9+K12+2,5gMgO), elektronikus mérleg segítségével.

A 2014-es évben két-két növényt ültettünk genotípusonként a cserepekbe, 2015-ben és 2016-ban pedig három-három növényt. A növényeket ismétlésként fogtuk fel és ennek megfelelően kezeltük. Genotípusonként és kezelésként 2-2 cseréppel dolgoztunk. A növényeket zárt rendszerű fél-automata (Henssler GmbH & Co Kg., Beilstein, Germany) üvegházban, búzára kidolgozott növénynevelési protokoll alapján neveltük. Körülményei: hőmérséklet 20°C nappali és 15°C éjszakai megvilágítás, a természetes fény kiegészítéseként 3 h/nap (reggel) volt. A tápanyagutánpótlást – a már említett - Osmocote lassú feltáródású műtrágya biztosította. A növényvédelmet a

gombabetegségek és rovarkártevők ellen heti rendszerességgel végeztük, a GK üvegházi növénynevelési protokoll szerint.

A kísérleteket minden évben február-június hónapban végeztük, annak érdekében, hogy minél inkább a természetes körülményeket (megvilágítás, hőmérséklet) biztosítsuk kísérleti anyagunknak.

#### **2.4. Térképezési populációval végzett fenotipizálási kísérletek kezelése**

A kísérletet a talaj vízkapacitásának meghatározásával kezdtük. A kísérletek során két víznormával dolgoztunk, amelyeket szárítószekrényben tömegállandóságig szárított talaj tömegének, valamint a víztelített talaj tömegének különbségéből számítottuk ki. Az optimálisan öntözött növényeket a talaj vízkapacitás 60%-ára öntöztük tömegmérés alapján. A vízmegvonás a talaj vízkapacitás 20% -ára történő öntözést jelentett. Az öntözést akkor kezdtük meg, amikor a talaj vízkapacitása 20%-ra csökkent, így a stressz a kiültetést követően kezdődött. Az öntözést hetente két alkalommal végeztük, a cserepek tömegmérése alapján. A napi öntözési norma megállapításához öt Plainsman V és öt Cappelle Desprez cserepet mértünk és átlagoltunk, így minden növény ugyan annyi vizet kapott, amit egyedileg szabályozottan juttattunk ki.

2014-es kísérletben az optimálisan öntözött növények 1575 ml vizet, a vízmegvonásos növények 575 ml vizet kaptak a teljes tenyészidőszak alatt.

A 2015-ös évben a DH genotípusok, a kísérlet során 1125 ml vizet kaptak az optimálisan öntözött növények, illetve 275 ml-et a vízmegvonásos kezelésben részesülők. Emellett 2015-ben teszteltük a populáció vízigényét, melyet 'öntözött2' kezelésnek neveztünk. Ebben a kísérletben genotípusonként 5 cseréppel dolgoztunk, minden cserépbe egy növényt ültettünk, és egyedi tömegmérés alapján öntöztük őket, a talaj vízkapacitás 60%-ára. A Komplex Stressz Diagnosztikai Rendszer, öntözést végző eleme alkalmas arra, hogy a fejlődő növények számára a teljes tenyészidőszak alatt állandó talajnedvességet biztosítson, illetve folyamatosan regisztrálja a növények vízfelhasználásának mértékét is. A növények a kiültetést követően számítógéphez kapcsolt automata öntöző berendezéshez tartozó mérleg (GSE modell 350, 6000±1 g) segítségével hetente kétszer tömeg alapján kerültek öntözésre. Így meghatároztuk, a növényegyed által felhasznált vízmennyiséget, melyet számítógép vezérelt perisztaltikus pumpával (Gilson Minipuls 3) pótolunk. A növények azonosítása szintén automatikusan, a cserépre helyezett egyedi rádiófrekvenciás azonosító elemekkel (RF 44 proximity TAG) történt. Az egyes növényekhez tartozó

vízfelhasználási adatokat a rendszer automatikusan tárolta. Ebben a kísérletben, a pótolta vízmennyiség cserepenként 899 -1870 ml értékek közé esett.

A 2016-os évben az optimálisan öntözött növények a kísérlet végén történt összegzés alapján 1070 ml vizet kaptak, a vízmegvonásnak kitett növények pedig 259 ml-t.

## **2.5. A fajtákkal végzett fenotipizálási kísérlet**

A fajtákkal végzett kísérlet a 2015-ös üvegházi fenotipizálási kísérlet része volt, így a térképezési populációval megegyezett a vetési, kiültetési eljárás.

A kísérletben két víznormával dolgoztunk. Az optimálisan öntözött növényeket a talaj vízkapacitás 60%-ára öntöztük tömegmérés alapján. A vízmegvonás a talaj vízkapacitás 20% -ára történő öntözést jelentett. Az öntözést akkor kezdtük meg, amikor a talaj vízkapacitása 20%-ra csökkent, így a stressz a kiültetést követően kezdődött. Az öntözést hetente két alkalommal végeztük, a cserepek tömegmérése alapján. A napi öntözési norma megállapításához öt Plainsman V és öt Cappelle Desprez cserepet mértünk és átlagoltunk, így minden növény ugyan annyi vizet kapott, melyet egyedileg szabályozottan juttattunk ki. A kísérlet során 1125 ml vizet kaptak az optimálisan öntözött növények, illetve 275 ml-et a vízmegvonásos kezelésben részesülők.

A kísérlet során a cserepekbe 3-3 növényt ültettünk (összesen 6 növény). A növényeket ismétlésként fogtuk fel és ennek megfelelően kezeltük (6 ismétlés). Fajtánként és kezelésenként 2-2 cseréppel dolgoztunk. A kísérletben felvételezett tulajdonságok megegyeztek a térképezési populáción mért jellemzőkkel.

## **2.6. A kísérletek során vizsgált tulajdonságok**

A kalászoslasi időt minden kísérletben feljegyeztük, azon a napon, amikor genotípusok főkalásza teljes egészében elhagyta a levélhüvelyt.

A növénymagasságot betakarításkor mértük, a talajtól a kalászcúcsig, szálkás genotípusok esetében a száлка hosszát nem mértük bele a magasságba.

Betakarításkor a növény talaj feletti részét feldarabolva, papírtasakban szárítószekrénybe helyeztük, majd 40°C-on tömegállandóságig szárítottuk. Ezt követően növényenként megmértük a talajfeletti biomassza tömegét.

Feldolgozáskor - miután a szalma részt eltávolítottuk - megmértük a főkalász tömegét, majd a főkalász hosszát és megszámloltuk a kalászkák számát.

A kézi cséplést követően a főkalászban lévő szemeket megszámloltuk, majd a tömegüket megmértük analitikai mérleggel.

A kalászkák számából és a szemszámból termékenyülési százalékot számoltunk.

2015 évben a teljes populáció gyökértömegét meghatároztuk. Betakarítást követően néhány hétig száradni hagytuk a cserepeket, majd egyesével kiöntöttük belőle a földkeveréket, vigyázva, hogy a gyökérrendszer egyben maradjon. Ezt az igényt jól szolgálta a földkeverék minősége. Ezt követően a gyökereket folyóvíz alatt többször és nagyon óvatosan kimostuk. Majd 40°C-on tömegállandóságig papírtasakban szárítottuk, és analitikai mérlegben megmértük. Ugyanezt 2016-ban a kiválogatott toleráns- és érzékeny genotípus csoporttal, valamint a fajtákkal végzett kísérlet esetében is elvégeztük.

Meghatároztuk a genotípusok harvest indexét (HI), a termés mennyiség és a biomassza hányadosát, valamint a stressz tolerancia indexet, az alábbi képlet szerint:

$$STI = (Y_{Si} \times Y_{Pi}) / (\bar{Y}_p)^2$$

A 2015-ben mért vízigény értékeket felhasználva meghatároztuk a DH genotípusok vízhasznosítási együtthatóját (WUE) a következő módon:  $WUE (kg m^{-3}) = \text{termés} / \text{tenyészedőszak során felhasznált víz}$ .

## **2.7. Tenyészkerti szárazságtűrési kísérlet 2015-ben**

A térképezési populációt, a Gabonakutató Kft tenyészkertjében (Szeged, Kecskés-telep) működő esőárnyékoló sátor alatt vetettük el, 2014 őszén.

A kontroll kísérlet a tenyészedőszak során 274 mm csapadékot kapott eső formájában. Az esőárnyékoló sátor március hónaptól működött (a természetes csapadékot kizárta), így a szárazságstressznek kitett kísérlet 141 mm csapadékhoz jutott eső formájában októbertől februárig. A genotípusokat ősszel, október közepén kézzel vetettük 1,2 m-es parcellákba, genotípusonként 60 szemet vetve, három ismétlésben. A kísérletekben felvételeztük a növénymagasságot, kalászolási időt, majd betakarítást követően a termésmennyiséget és az ezerszemtömeget.

## **2.8. Statisztikai értékelés**

Az összegyűjtött adatokat az IBM SPSS Statistics 22 szoftverrel elemeztük. A 'Descriptive statistics' funkcióval számoltuk ki az átlagokat, a minimum, maximum értékeket, a percentilist és a szórást, a fenotípusos adatainkon. Minden kísérlet és tulajdonság esetében teszteltük az adatok normál eloszlását Kolmogorov-Smirnov teszttel. Melyet az IBM SPSS Statistics 22 szoftver 'Descriptive statistics, Explore, Normality plots with tests' funkcióval számoltuk. A 'General Linear Model' (GLM) funkciót a kéttényezős ANOVA elvégzéséhez használtuk, mellyel a genotípuskezelés, valamint a kettő interakciójának hatását vizsgáltuk. A 'General Linear Model'



(GLM) funkcióval a kezelést, genotípust fix tényezőnek véve az évet random tényezőnek véve vizsgáltuk a kísérletek esetében az év hatását. Az összes tényezőt randomnak véve a variancia komponenseket számoltuk ki. Az IBM SPSS Statistics 22 szoftver 'Univariate' parancsát a 2015-ben alkalmazott három kezelés egymáshoz való viszonyát vizsgáltuk. A genotípust fix, a kezelést random faktornak véve Tukey-tesztet végeztünk.

A korreláció analízist kezelésenként végeztük (optimális öntözés-vízmegevonás adatpárokat használva) a különböző mért paraméterek esetében (az összes növény átlagával dolgoztunk) a Microsoft Excel 2016 szoftvert alkalmazva. Az üvegházi kísérletek közötti összefüggés vizsgálathoz a három év átlagával is elvégeztük a korreláció analízist.

A fő komponens analízist a Minitab18 statisztikai szoftver 'Multivariate', 'Principal Components1' funkcióval végeztük.

Az örökölhetőségi értéket a következő módon számoltuk kísérleteinkben:  $h^2 = \sigma_g^2 / \sigma_p^2$ , ahol  $\sigma_g^2$  = genetikai variancia,  $\sigma_p^2$  = fenotípusos variancia,  $h^2$  = örökölhetőség.

## **2.9. Szárazságtűrés genetikai térképezése**

A genomi DNS-t fiatal levelekből vontuk ki CTAB módszerrel. A DNS mennyiségét és minőségét NanoDrop 1000 Spectrophotometerrel (Thermo Scientific Company, Waltham, Massachusetts, USA) mértük és ellenőriztük. A DArT analízis eredménye a Diversity Arrays Technology Pty Limited ausztrál cégtől származik. Az Excel eredményfájl tartalmazta a marker neveket, statisztikai információkat, valamint azt, hogy egy adott marker egy adott genotípus DNS-ével hibridizált (jelölése: 1), vagy sem (jelölése: 0). A statisztikai információk közül a „Reproducibility” (a marker adatok reprodukálhatósága), a „Call Rate” (hiányzó adatok aránya), és a „PIC” (Polymorphism Information Content = polimorfizmus információ tartalom, ami megmutatja a 0 és 1 értékek arányát) voltak a legfontosabbak.

A QTL analízishez 897 olyan polimorf markert választottunk ki a DArT markeres adatbázisunkból, melyeknek a PIC értéke magas volt, valamint a reprodukálhatóság és a hiányzó adatok aránya szerint megbízhatóak voltak. A kapcsoltsági csoportok meghatározásához a JoinMap® 3.0, térképezéshez a MapQTL® 5 szoftvereket használtuk. A DArT markerek sorrendjének meghatározásánál a Diversity Arrays Technology Pty Ltd honlapján fellelhető Triticarte adatbázis volt segítségünkre. Intervallum térképezést (IM: Interval Mapping) alkalmaztunk minden kezelés átlagával. A kapcsoltság meghatározásához a megadott minimum LOD érték 2,0 volt.

### 3. EREDMÉNYEK

#### 3.1. Üvegházi szárazságtűrési fenotipizálási kísérletek

A növénynemesítők egyik legnagyobb kihívása napjainkban a szárazsággal szembeni ellenállóság növelése. A kontrollált körülmények között végzett kísérletek számos információt biztosítanak a genotípusok, valamint fajták válaszreakcióiról, ideális feltételeket teremtenek a szárazságtűréshez kapcsolódó molekuláris vizsgálatok elvégzéséhez. Cserepekben végzett üvegházi vízmegvonásos kísérleteink a későbbi QTL analízis elvégzéséhez szolgáltatottak információt. A normál eloszlást mutató adatsorokat a későbbiekben megfelelőnek tartottuk a QTL térképezési munkákhoz. Minden kísérlet kiértékelését a normális eloszlás ellenőrzésével kezdtük.

A vízmegvonás kezelés a tulajdonságok többségénél szignifikáns csökkenést eredményezett az optimális öntözéshez képest mindhárom kísérletben.

A termés a búzanemesítés/termesztés szempontjából a legfontosabb tulajdonság, ezért vizsgálata a szárazságstressz alatt nagy jelentőségű volt. A Plainsman V a legkevesebb termésvesztést mutató genotípusok egyike 35% termésnövekedéssel az optimális öntözéshez képest, míg a Cappelle Desprez a legnagyobb 78%-os termésvesztéssel reagált a vízmegvonásra.

A 2015-ös üvegházi kísérletben a genotípusok egységes vízmennyiséggel történő öntözése mellett meghatároztuk a populáció genotípusainak vízigényét. Az optimális öntözés<sup>2</sup> kezelés alkalmazása a genotípusok minden öntözési időpontban történő egyedi tömegmérés alapján kijuttatott vízmennyiségeket jelentette. A DH törzsek vízigényében nagy eltérés mutatkozott (899-1870 ml). Kalászoláskor minden esetben megnövekedett vízigényt tapasztaltunk. A populáció DH genotípusainak a vízhasznosítási hatékonysági mutatója  $0,27 \text{ kg/m}^{-3}$ - $1,41 \text{ kg/m}^{-3}$  közé esett. A populáció átlaga  $0,77 \text{ kg/m}^{-3}$  volt az optimális öntözés<sup>2</sup> kezelés esetében.

A vízigény statisztikailag igazolhatóan pozitívan összefüggött a szemszámmal, terméssel és földfeletti biomasszával 1%-os hibaszinten. A kalásztömeg, kalászkák száma, gyökérhosszúság, és a gyökérszáraztömeg a vízigénnyel összefüggést mutatott 5%-os hibaszinten. A biomassa és a vízigény között számolt korrelációs koefficiens 0,12-al nagyobb, mint a termés és vízigény közötti. A gyökérszáraztömeg a vízigényen kívül a terméssel és a biomasszával korrelált. A vízhasznosító képesség negatív összefüggést mutatott a vízigénnyel. A WUE ezenkívül pozitívan korrelált a földfeletti biomassa, szemszám és a gyökértulajdonságokon kívül az összes vizsgált tulajdonsággal.

Az üvegházi kísérletek átlagával végzett korreláció analízis eredményeképpen a vízigény statisztikailag igazolhatóan összefügg a kalászolási idővel, földfeletti száraztömeggel, kalász hosszúsággal és gyökérszáraztömeggel, mind optimális öntözés, mind vízmegvonás körülményei között. Az ezerszemtömeg és a vízigény között számolt korrelációs koefficiens csak vízmegvonás kezelés esetében volt szignifikáns.

Optimális öntözés körülményei között a termés összefüggött a biomasszával, kalász hosszúsággal, kalásztömeggel, szemszámmal, valamint a vízmegvonásos terméssel. A három év átlagát véve a termés mennyisége vízhiányos környezetben (vízmegvonás kezelés) a vízmegvonás növény magassággal, kalászolási idővel, biomasszával, kalásztömeggel és szemszámmal korrelált. A vízmegvonás hatására mért termés, összefüggött az optimális öntözés során regisztrált kalászolási idővel, és szemszámmal.

### **3.2. Tenyészkerti szárazságtűrési kísérlet**

A tenyészkerti kísérletben az esőárnyékoló sátor alatt nevelt növények (továbbiakban vízmegvonás) minden felvételezett tulajdonság esetében csökkenést mutattak az optimális öntözéshez képest.

A tenyészkerti kísérletben a populáció átlagos termésvesztesége 38,4% volt a szárazságstressz hatására. A populációban a termésveszteség 20-60% között alakult. A Plainsman V és a Cappelle Desprez ebben a kísérletben a szárazságtűrési képességüknek megfelelő helyet foglalták el a termésveszteséget tekintve.

Tenyészkerti kísérletünkben pozitív összefüggést mutattunk ki a termés és a kalászolási idő között optimális és vízmegvonásos körülmények között. A Stressz Tolerancia Index a kalászolási időn kívül minden tulajdonsággal pozitívan korrelált.

### **3.3. Ellenálló és érzékeny genotípusok jellemzése**

A szárazságtűrés komplexitása miatt, egy genotípus adott évben valamely tulajdonság esetében mutatott jó teljesítménye, nem jelent ellenállóságot. Kísérleteinkben igyekeztünk megtalálni azokat a genotípusokat a populációban, melyek több évben, több tulajdonságra nézve kisebb veszteséget szenvedtek el vízhiányos környezetben, a populáció átlagához képest. Az ilyen genotípusokat ellenállónak tekintettük vízmegvonással (szárazság) szemben.

Az ellenálló genotípusok optimális körülmények között kisebb terméspotenciállal rendelkeznek, mint az érzékenyek. Vízhiányos körülmények között hasonló a két csoport termésmennyisége. Az ellenálló genotípusok korábban kalászoltak, kisebb volt a biomassza tömegük, és alacsonyabbak voltak. Valamint

kevesebb volt a vízigényük, illetve a gyökértömegük optimális körülmények között. Az ellenálló genotípusok átlagos vízigénye kísérletünkben 400 ml-el kevesebb volt, mint az érzékeny genotípusoké.

Az érzékeny genotípusok optimális körülmények között nagyobb gyökértömeget fejlesztenek, amely vízmegvonás hatására nagymértékben lecsökken. Az ellenálló genotípusok viszonylag kis gyökértömeget fejlesztenek mind két kezelés hatására

Ellenálló genotípusok esetében pozitív összefüggést számoltunk az öntözött termés és a biomassza között. A vízmegvonásos kísérletből származó termés adatok pozitívan korreláltak mindkét kezelésben mért biomasszával és a vízigénnyel. A vízigény pozitív összefüggést mutatott az optimális öntözés alatt kapott biomasszával.

A vízigény az érzékeny genotípus csoportban negatívan korrelált a terméssel. Mindkét kezelés esetében a földfeletti biomassza és a vízigény pozitív összefüggést mutatott.

#### **3.4. Fajtákkal végzett üvegházi fenotipizálási kísérlet**

Az üvegházi szárazságtűrési kísérletet 29 fajtaival végeztük el, melyben kezelésként a térképezési populációhoz hasonlóan két víznormát alkalmaztunk, melyek az optimális öntözés (optimális öntözés) és a vízmegvonás (vízmegvonás) voltak. A kezelés és a genotípus minden tulajdonság esetében szignifikáns különbséget eredményezett. A termés kivételével a többi tulajdonság esetében a genotípus és kezelés interakciója is szignifikáns volt (szignifikancia $<0,05$ ).

A kísérletben optimális öntözés mellett a fajták átlagosan 1,48 g szemtermést produkáltak növényenként, míg vízmegvonás hatására ez 0,41g-ra csökkent. A vízmegvonás a legnagyobb hatással azokra a fajtákra volt, melyek a teljes termésüket elvesztették. A kísérletben a legjobban a GK Berény fajta szerepelt, mely 59,4%-os termésveszteséggel reagált a vízmegvonás hatására.

Pozitív korrelációt számítottunk a termés depresszió, valamint a szemszám/főkalász és az ezerszemtömeg depressziója között, továbbá az ezerszemtömeg és a szemszám/főkalász csökkenés között. Szignifikáns összefüggést mutattunk ki az optimális öntözés kezelésben a növénymagasság és a kalászolási idő között, illetve az földfeletti biomassza és a kalászolási idő között. A termés a kalászolási idővel mindkét víznorma esetében közepes erősséggel korrelált. A vízmegvonás kezelésben a gyökér-száraztömeg a növénymagasság és a földfeletti biomassza kivételével minden tulajdonsággal összefüggött.

Fő komponens analízist a fajták két víznorma hatására mutatott termés, stressz tolerancia index, harvest index és ezerszemtömeg adatai alapján végeztük el. Az első fő komponens az összes összefüggés 67,67 %-át magyarázta, a második fő komponens pedig a 13,46 %-ot. A stabilabb termésszinttel rendelkező fajták jól reagáltak a vízmegvonásra, melyek a GK Vitorlás, GK Piacos, GK Verecke, Plainsman V, GK Berény, GK Körös, GK Garaboly, GK Csillag, GK Petur, GK Angéla, GK Aranka, Sumai3 fajták. A szárazkörülmények között nagy termésvesztéssel reagáló fajták a következők voltak, Cappelle Desprez, Midas, GK Szala.

### **3.5. QTL-ek azonosítása optimális öntözés és vízmegvonás körülményei között**

A kapcsoltsági térkép elkészítéséhez 897 polimorf molekuláris marker állt rendelkezésünkre. Az analízis során 36 kapcsoltsági csoportba 810 markert térképeztünk, majd a kapcsoltsági csoportokat kromoszómánként azonosítottuk.

A QTL analízist minden évben, minden kezelés és tulajdonság esetében átlagadatokkal végeztük el, az optimális öntözés- (kontroll) és a vízmegvonás fenotípusos eredményeit külön kezelve.

Optimális vízellátású körülmények között az 1A, 1B, 2A, 3A, 3B, 4B, 5B, 6A, 6B, 7A kromoszómákon 33 QTL-t azonosítottunk, melyek a következő fenotípusos tulajdonságokkal kapcsolatosak; termés, szemszám, növénymagasság, kalásztömeg, kalászolási idő, harvest index, gyökér-száraztömeg, földfeletti száraztömeg, ezerszemtömeg. Az optimális körülmények között növénymagassággal kapcsolatos 4B és 6B kromoszómára térképezett QTL-t minden évben azonosítottuk, melyek a fenotípusos variancia 9,3-23,9 %-át magyarázták.

A másik tulajdonság, amellyel minden évben sikeresen detektáltunk a 3B és a 6A kromoszómán QTL-t, a kalász hosszúság volt. Az 1A kromoszómán elhelyezkedő, harvest index-szel kapcsolt régió is kimutatható volt valamennyi évben. A kalász hosszúsággal kapcsolt QTL-ek a fenotípusos variancia 7,5-8,5%-át magyarázták.

Termésmennyiséggel kapcsolt QTL-ek közül az 1A kromoszómára térképezett QTL-t 2015-2016-ban azonosítottuk üvegházi körülmények között, mely a fenotípusos variancia 8%-át magyarázta. A 3A kromoszómán lévő QTL-t 2014-ben üvegházban térképeztük, mely a fenotípusos variancia 10,6%-át határozta meg. A 2014, 2016-os kísérletben a 3B kromoszómára térképeztünk terméssel kapcsolatos QTL-t, mely a fenotípusos variancia 8,8%-át, az 5B kromoszómán 2014-ben pedig olyan QTL-t azonosítottunk, mely a fenotípusos variancia 12,4%-át magyarázta. A 6B

kromoszómára 2014-ben és 2015-ben tenyészkerti kísérletünkben térképezett QTL a fenotípusos variancia 12,2%-ért volt felelős.

Vízmegvonásos (szárazságstressz) kísérleteinkben 35 QTL régiót detektáltunk 12 agronómiai tulajdonsággal kapcsolatban. Melyek a termés, szemszám, stressz tolerancia index, növénymagasság, kalásztömeg, kalász hosszúság, harvest index, gyökér-száraztömeg, földfeletti száraztömeg, ezerszemtömeg. A QTL-eket a következő kromoszómákra térképeztük, 1A, 1B, 2A, 2B, 3A, 3B, 4B, 5B, 6A, 6B, 7A, 7D.

A növénymagassággal kapcsolt 6B, és 4B kromoszómán azonosított QTL-ek minden kísérletben megtalálhatóak. Szárazságstressz hatására a fenotípusos variancia 7,6-13,2 %-át magyarázták.

Az ezerszemtömeggel kapcsolt 4B kromoszómán található QTL-t minden kísérletben azonosítottuk, mely a fenotípusos variancia 10,1%-áért volt felelős.

Termésmennyiséggel kapcsolt QTL-t az 1A kromoszómára 2015-ös üvegházi kísérletünkben térképeztünk, mely a fenotípusos variancia 24%-át magyarázta. A 6B kromoszómán azonosított QTL a fenotípusos variancia 9,1%-át határozta meg, a 2015-ben végzett üvegházi szárazságtűrési kísérletben.

### 3.6. Új tudományos eredmények

1. A vízigény, mint szelekciós paraméter gyakorlati hasznosságát ismertük fel, mellyel azok a genotípusok, amelyek a vizet a generatív részek növelésére fordítják kiválogathatók. A DH populációból kiválogatott érzékeny genotípusok esetében ideális öntözési körülmények között negatív korrelációt mutattunk ki a vízigény és a termés között. Az ellenálló genotípusok esetében pozitív összefüggést kaptunk. Az adatok rámutatnak arra, hogy a szelektált genotípusok, bekapcsolhatók a szárazságtűrésre történő nemesítésbe.
2. Térképezési eredményeink a Plainsman V/ Cappelle Desprez DH populáción hozzájárulnak a szárazságtűrés kutatások genetikai ismereteinek bővítéséhez (optimális körülmények között 33, vízmegvonás 35 QTL régió). Számos korábban leírt QTL régiót lokalizáltunk mellyel korábbi - szakirodalomban publikált - helyüket megerősítettük. A növénymagassággal kapcsolt régiók a 4B és 6B kromoszómákon minden kísérletben mindkét kezelés mellett kimutatható nagyhatású QTL-nek bizonyultak. A 3B kromoszómán gyökértömeggel kapcsolt QTL régiót korábban gyökérsűrűséggel kapcsolatban mutatták ki száraz nevelési körülmények között. Nagy valószínűséggel ebben a régióban gyökértulajdonságokkal kapcsolt QTL régió is van. A 4B kromoszómán ezerszemtömeggel kapcsolt QTL régió minden vízmegvonásos kísérletünkben kimutatható volt.
3. A Plainsman V/ Cappelle Desprez DH populáción végzett térképezési munkánk során, termést meghatározó QTL régiót optimális körülmények között az 1A, 3A, 3B, 5B, 6B kromoszómákra, vízmegvonás mellett pedig az 1A és 6B kromoszómákra térképeztünk, melyek megegyeztek a szakirodalomban közölt eredményekkel.
4. Az 1A kromoszómán - a Plainsman V/Cappelle Desprez DH populációban ezerszemtömeggel kapcsolt QTL-régiót azonosítottunk, mely nem szerepelt az általunk feldolgozott irodalomban.

#### 4. KÖVETKEZTETÉSEK, JAVASLATOK

A szárazságstressz a növények fejlődésében számos változást idéz elő. Ezekre a változásokra a genotípusok érzékenysége és válaszreakciója különböző. A mezőgazdaság szempontjából ezek közül a legfontosabb a termés kiesés. A nemesítés egyik legfontosabb feladata a termés stabilitás elérése az előállított fajták esetében. Ennek megvalósításához a szárazságtűréssel és terméssel kapcsolatos tulajdonságok megismerése elengedhetetlen.

Többéves kísérleti munkánk során bizonyítottuk, hogy a szárazságtűrésre történő fenotipizálás (komplex stressz diagnosztikai szemlélettel), alkalmas szárazságtűrésű kísérletek elvégzésére. Az ebből származó genetikai, nemesítési előnyök és ismeretek, jól hasznosíthatók a kutatásban valamint a nemesítésben.

Szárazságtűrésű kísérletek esetében fontos olyan fenológiai tulajdonságok vizsgálata, melyek befolyásolják a termés alakulását, hiszen a különböző nemesítési programok fókuszában ez áll. Az elmúlt évtizedekben a fenotipizálási módszerek és berendezések nagymértékű fejlődésnek indultak. A Gabonakutató Kft. üvegházában kialakított komplex stresszdiagnosztikai rendszer ennek szellemében készült, teljesen hazai fejlesztésre alapozva. Többéves kísérleti munkánk során bizonyítottuk, hogy a rendelkezésünkre álló stressz diagnosztikai rendszer jól használható szárazságtűréssel kapcsolatos alap- és alkalmazott kutatási eredmények kimunkálására.

A rendszer megkönnyíti nagyszámú genotípus vízigényének meghatározását, mely kísérletünk alapján fontos tulajdonság a szárazsággal szembeni ellenállóság szempontjából. A vízigény meghatározásával azokat a genotípusokat, melyek a vizet a generatív részek növelésére használják, ki tudjuk válogatni. Kísérletünkben a Plainsman V/Cappelle Desprez DH populáció esetében a legkisebb és legnagyobb vízigényű genotípusok között kétszeres különbséget mértünk.

Kísérletünkben, melyben a fajtákat azonos víznormával öntöztük, a vízmegvonást egyszerre kezdtük meg, nagymértékű termésdepressziót figyeltünk meg abban az esetben, amikor a szárazságstresszre későbbi kalászolással reagáltak a fajták.



A szárazságtűrés vizsgálatában a gyökérfejlődés tanulmányozása meghatározó jelentőségű. Nehezen mérhető, nagy genotípus szám esetében munkaigényes. Kísérleti módszereink további fejlesztésre szorulnak e tulajdonság esetében. A kísérleteinkben kiválogatott ellenálló és érzékeny genotípusok eltérő gyökér válaszreakciói jó lehetőséget adnak további vizsgálatok, szelekció elvégzésére.

A hároméves kísérleti időszakban felvételezett tulajdonságok nagyszámú fenotípusos adatot biztosítottak. Ennek jelentősége nagy, mivel a megbízható fenotípusos adatok elengedhetetlenek a genetikai elemzésekhez. A térképezés során azonosított QTL-ek többnyire populáció- és környezet függők.

A Plainsman V/Cappelle Desprez DH populáció térképezésekor optimális körülmények között hat QTL-t azonosítottunk mely minden kísérletben megtalálható volt. Ezek növénymagassággal, kalászhosszúsággal és harvest index-szel kapcsolatos kis és közepes hatású QTL-ek. Száraz körülmények között öt QTL volt kimutatható minden kísérletben, melyek növénymagassággal és ezerszemtömeeggel kapcsolatosak. A növénymagassággal kapcsolt QTL régiók a 4B és 6A kromoszómákon mindkét kezelésből származó mintákban azonosíthatók voltak. A 3B kromoszómán gyökértömeeggel kapcsolt QTL régiót korábban gyökérsűrűséggel kapcsolatban mutatták ki száraz körülmények között. Nagy valószínűséggel ebben a régióban gyökértulajdonságokkal kapcsolt QTL régió is van.

Termést meghatározó QTL régiót optimális körülmények között az 1A, 3A, 3B, 5B, 6B kromoszómákra, vízmegvonás mellett pedig az 1A és 6B kromoszómákra térképeztünk.

Az 1A kromoszómán ezerszemtömeeggel kapcsolt QTL régiót azonosítottunk, melyet az általunk ismert irodalomban korábban nem közöltek.

## A SZERZŐ FONTOSABB PUBLIKÁCIÓI

### Tudományos publikációk:

*Nemzetközi tudományos folyóiratokban megjelent publikációk:*

- Nagy É.**, Lehoczki-Krsjak S., Lantos C., Pauk J. (2018): Phenotyping for testing drought tolerance on wheat varieties of different origins. *South African Journal of Botany*, 116, 216–221. p. IF:1,424
- Lantos C., Bóna L., **Nagy É.**, Békés F., Pauk J. (2018): Induction of in vitro androgenesis in anther and isolated microspore culture of different spelt wheat (*Triticum spelta* L.) genotypes. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture*, 133(3), 385-393. p. IF:2,002
- Nagy É.**, Lantos C., Pauk J. (2017): Selection of drought tolerant and sensitive genotypes from wheat DH population. *Acta Physiologiae Plantarum*, 39, 261, 1-9. p. IF:1,364

*Hazai tudományos folyóiratokban megjelent publikációk:*

- Nagy É.**, Kenny P., Kondic-Spika A., Grausgruber H., Allahverdiyev T., Sass L., Vass I., Pauk J. (2017): A szárazság- és sóstressz hatásának vizsgálata búza fajtákon üvegházi fenotipizálási kísérletben. *Növénytermelés*, 66(2), 69-88. p.
- Nagy É.**, Pauk J. (2014) A 'Plainsman V./Cappelle Desprez' őszi búza szárazságtűrési DH térképezési populáció fenológiai vizsgálata és méretének szűkítése. *Növénytermelés*, 63(3), 57-72. p.

### Egyéb tudományos művek:

*Konferencia kiadványok (Proceedings):*

- Pauk J., **Nagy É.**, Lantos C., Kiss E. (2014): Néhány fontos fenotipizálási eredmény a 'Plainsman V./Cappelle Desprez' búza DH szárazságtűrési térképezési populáció vizsgálatából. In: Veisz Ottó (szerk.) *Növénytermelés a megújuló mezőgazdaságban: XX. Növénytermelési Tudományos Nap, 2014.03.18.* Budapest: MTA Agrártudományok Osztályának Növénytermelési Bizottsága, 349-353.

*Konferencia absztraktok:*

- Nagy É.**, Kenny P., Kondic-Spika A., Sass L., Grausgruber H., Lantos C., Vass I., Pauk J. (2016): Wheat phenotyping for abiotic stresses via complex stress diagnostic system. In: Haesaert, G., Merbach, W., Kern, M. (eds.): *7th International IFSDAA Seminar on Sustainable Resource Management Towards Food, Energy, Environment and Livelihood, 2016.11.27-29.* Goettingen, Németország, p. 30.
- Nagy É.**, Varga M., Lantos C., Pauk J. (2016): Szárazságtűrési fenotipizálás őszi búzával. In: Veisz O., Polgár Zs. (szerk.): *XXII. Növénytermelési Tudományos Nap Összefoglalók.* 2016. 03.10. Budapest, MTA Agrártudományok Osztályának Növénytermelési Bizottsága p. 60.
- Lantos C., Jenes B., Mesterházy Á., Bóna L., Jancsó M., **Nagy É.**, Purnhauser L., Pauk J. (2015): DH technology in cereal science and breeding. In: *Pannonian Plant Biotechnology Workshop "Integration fundamental research into the practical agriculture".* Ljubljana, Szlovénia, 2015.06.08-10.: p. 11-12.

- Nagy É.**, Kondic-Spika A., Lantos C., Cseuz L., Sass L., Dudits D., Vass I., Pauk J. (2015): Wheat phenotyping for abiotic stresses via complex stress diagnostic system. In: Pannonian Plant Biotechnology Workshop "Integration fundamental research into the practical agriculture". Ljubljana, Szlovénia, 2015.06.08-10.: p. 29.
- Pauk J., Lantos C., **Nagy É.**, Bóna L., Cseuz L., Somogyi N., Somogyi Gy., Heszky L., Jancsó M., Bráj R., Simonné Kiss. (2015): In vitro androgenézis-kutatási eredmények nemesítési céllal. In: Veisz Ottó (szerk.) XXI. Növénynevelési Tudományos Napok: Összefoglalók. 155 p. Martonvásár, Magyarország, 2015.03.11-12. Martonvásár: MTA ATK, p. 29.