

A HUN-REN ATK kutatói azonosították a búzanemesítés szempontjából értékes vad kecskebúzafajok kromoszóma-szegmentumait tartalmazó búzavonalakat

A HUN-REN Agrártudományi Kutatóközpont Mezőgazdasági Intézetének (HUN-REN ATK MGI) kutatói nemzetközi kooperációban a csehországi Olmützi Kísérleti Botanikai intézet munkatársaival génspecifikus molekuláris markerek kifejlesztésével új markerkapcsolt szelekciós rendszert dolgoztak ki, melynek segítségével lehetővé vált a búzával rokon kecskebúza (*Aegilops biuncialis*) génbanki tételeinek hatékonyabb kiaknázása a búzanemesítésben. A markerkapcsolt szelekciós rendszer és molekuláris citogenetikai módszerek kombinációjával a kutatók számos értékes búzavonalat válogattak ki, amelyek az *Ae. biuncialis* egy-egy kromoszómáját vagy azok egy szegmentumát hordozták. Az eredményeket bemutató [publikáció](#) a rangos *Scientific Reports* folyóiratban jelent meg.

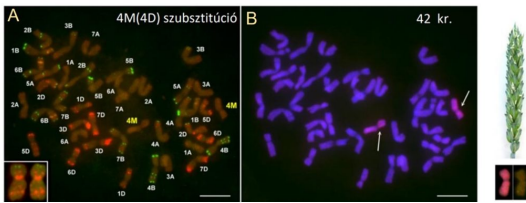
A HUN-REN ATK MGI Biológiai Erőforrások Osztályának Molnár István által vezetett Génmegőrzési Csoportja több mint 20 éve végzett kutatásainak fő célja fajkeresztezések segítségével olyan nemesítési alapanyagok előállítására a búzanemesítés számára, amelyekben a búza rokonsági körének genetikai variabilitásával javíthatók a minőségi paraméterek, a stresszadaptáció és a termésmennyiség. Génforrásként a búzával rokon vadon élő fajoknak egyre fontosabb szerepet tulajdonítanak, azonban az általuk hordozott genetikai diverzitás máig nagyrészt kiaknázatlan. A kecskebúzafélékhez tartozó *Aegilops biuncialis* számos hasznos tulajdonságot hordoz, így például levél- és szárrozsdá-rezisztencia, hő-, szárazság- és sótűrés, magas mikroelem- és élelmirost-tartalom.

A búza és az *Ae. biuncialis* keresztezésekből származó utódvonalak szelekcióját eddig főként a nagyobb előnemesítési populációk vizsgálatára nehezen alkalmazható molekuláris citogenetikai módszerekkel végezte a csoport. Az új, géalapú molekuláris markerek fejlesztéséhez az *Aegilops biuncialis* U és M genomjait hordozó diploid őseiből – *Ae. umbellulata* és *Ae. comosa* – korábban izolált kromoszómaszekvencia-adatok adtak lehetőséget, amelyek meghatározásában a kutatócsoport is részt vett.

A jelenlegi publikációban három markerfejlesztési stratégiát alkalmaztak, melynek során EST-, IT (Intron-targeting)- és cDNS-alapú markereket fejlesztettek. A keresztezési partnerként szolgáló búza és az *Aegilops* genotípusokon tesztelt 482 marker közül 126 esetben sikerült búza/*Aegilops* addíciós vonalak segítségével meghatározni a markerek kromoszómális lokalizációját. A 32 markert tartalmazó szelekciós rendszer segítségével nyomon követhetővé vált az *Ae. biuncialis* kromoszómáinak jelenléte egy 44 búza/*Aegilops* hibridszármazékot tartalmazó előnemesítési populációban. A kutatók génspecifikus markerek, valamint citogenetikai módszerek kombinált alkalmazásával több új búza/*Ae. biuncialis* introgressziós vonalat azonosítottak, melyek felszaporítása, agronómiai értékelése és a nemesítés szempontjából értékes tulajdonságokat hordozó vonalak búzanemesítésbe való bevonása a következő években várható.

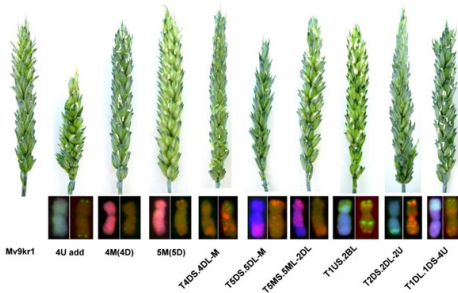
Sajtókapcsolat:

- Hencz Éva, kommunikációs igazgató
- +36 30 155 1803
- media@hun-ren.hu



© Fotó: Farkas András

Búza/*Aegilops biuncialis* szubsztitúciós vonal kromoszomális összetételének azonosítása fluoreszcens in situ hibridizációval. A mitotikus kromoszómák azonosítása különböző színekkel vizualizált repetitív DNS-próbák (Afa: vörös, pSc119.2: zöld, 45S rDNS: narancs) mintázata alapján történt (A). Kinagyítva a hiányzó 4D kromoszómák FISH mintázata látható. Genomi in situ hibridizációval a 42 kromoszómával rendelkező szubsztitúciós vonalban a búzakromoszómák (kék) mellett kimutatható a 4M *Ae. biuncialis* kromoszóma (piros, nyilak) (B). Az ábra jobb oldalán a szubsztitúciós vonal kalásza látható, a benne lévő *Aegilops* kromoszómák GISH és FISH mintázatával.



© Fotó: Farkas András

A különböző kromoszómákat tartalmazó búza/*Aegilops biuncialis* utódvonalak eltérő kalászmorfológiát mutatnak az Mv9kr1 búzaszülő kalászával összehasonlítva.

Eredeti tartalom: HUN-REN Magyar Kutatási Hálózat

Továbbította: Helló Sajtó! Üzleti Sajtószolgálat

Ez a sajtóközlemény a következő linken érhető el:

<https://hellosajto.hu/12634/a-hun-ren-atk-kutato-i-azonositottak-a-buzanemesites-szempontjabol-ertek-es-vad-kecske-buzafajok-kromoszoma-szegmentumait-tartalmazó-buzavonalakat/>