



Génbanki *Triticum monococcum* tételek molekuláris
citogenetikai elemzése és kiaknázása a búzanemesítés
számára

Doktori értekezés tézisei

Megyeri Mária

Martonvásár

2014

A doktori iskola:

megnevezése: Növénytudományi Doktori Iskola

tudományága: Növénytermesztési és kertészeti tudományok

vezetője: Dr. Helyes Lajos
Intézetigazgató egyetemi tanár
SZIE, Kertészeti és Technológiai Intézet

Témavezetők:

Dr. Láng László
tudományos osztályvezető, az MTA doktora
MTA ATK Mezőgazdasági Intézet, Kalászos Gabona Nemesítési
Osztály

Dr. Molnár István
tudományos főmunkatárs
MTA ATK Mezőgazdasági Intézet, Génmegőrzési és Organikus
Nemesítési Osztály

.....
Dr. Helyes Lajos
iskolavezető

.....
Dr. Láng László
témavezető

.....
Dr. Molnár István
témavezető

1 A MUNKA ELŐZMÉNYEI, KITŰZÖTT CÉLOK

A termés mennyiségének és biztonságának növelése elsődleges szempont a búzanemesítés számára, ami biotikus és abiotikus stresszekkel szemben ellenálló fajták előállításával és termesztésével növelhető gazdaságosan. Az ellenállóképesség növelésének egyik lehetséges módja a rokon fajok agronómiailag hasznos génjeinek átvitele a búzába idegenfajú keresztezések révén.

A hexaploid búza (*Triticum aestivum* L., $2n=6x=42$, AABBDD) genomjaival homológ genommal rendelkező fajokat a búza elsődleges génforrásainak nevezzük (Friebe 1996). Ebbe a csoportba sorolható az alakor (*T. monococcum* L., $2n=2x=14$, $A^m A^m$) is, melynek A^m genomja nagy hasonlóságot mutat a búza A genomjával. Előnemesítési programokba az elsődleges génforrások csoportjába tartozó fajok illeszthetők be a legkönnyebben, esetükben speciális biotechnológiai technikák alkalmazása nélkül is előállíthatók fertilis utódok. A *T. monococcum* az egyik legrégebben termesztett növényfajunk. A búzát fertőző legjelentősebb betegségeknek, a szár- és levélrozsdának, sárgarozsdának, valamint a lisztharmatnak is ellenáll. Génforrásként alkalmazva sikeresen vitték át a *T. monococcum* gombabetegségek elleni rezisztenciáját a hexaploid búzába hagyományos keresztezéssel (Monneveux et al. 2000).

Az idegen fajú keresztezésekkel történő génátvitel hatékony módja lehet a rokon fajok hasznos agronómiai tulajdonságainak a búzába való átvitelének. A búzanemesítés gyakorlatában jelenleg a faj- és nemzetséghibridek létrehozásával történő kromoszóma-alapú génátvitel alkalmazása mondható társadalmilag és törvényileg elfogadottnak.

Kutatásaink távlati célja a *T. monococcum* génállományának hatékony felhasználása a búzanemesítési programokban, amit a következő feladatok megvalósításával kívánunk elősegíteni:

1. Az idegen kromoszómák átvitelének folyamatában szükség van az egyes generációkban az átvitt idegen kromoszómák (kromoszóma szegmentumok) kimutatására és azonosítására, melyre az egyik leghatékonyabban alkalmazott módszer a molekuláris citogenetika eszköztárába tartozó DNS *in situ* hibridizáció. A meghatározott szekvenciákat hordozó repetitív DNS próbákkal végzett fluoreszcens *in situ* hibridizáció (FISH) kromoszóma specifikus mintázatot eredményez a hibridek és származékainak kromoszóma preparátumain, lehetővé téve ezzel a búza és az idegen kromoszómák azonosítását (Rayburn és Gill 1985; Pedersen és Langridge 1997). A búzával kapcsolatos molekuláris citogenetikai vizsgálatokban legelterjedtebben repetitív DNS próbákat használnak a kromoszómák azonosítására (Mukai et al. 1993). **Célunk a A *T. monococcum* kromoszómák búza genomában történő nyomonkövetését lehetővé tevő molekuláris citogenetikai módszerek fejlesztése és módosítása.** E célból a *Triticeae* fajok genomanalíziséhez használt DNS *in situ* hibridizációs próbákkal azonosítjuk a *T. monococcum* kromoszómákat. A búza kromoszómáktól való

pontosabb megkülönböztetés érdekében mikroszatellit szekvenciákból előállított FISH próbák segítségével kidolgozzuk a *T. monococcum* új kariotípusait. Az alkalmazott próbák kariotípusa alapján összehasonlító elemzést végzünk az A^m kromoszómák és a különböző di-, tetra- és hexaploid *Triticum* fajok A kromoszómái között.

2. A kromoszóma-kapcsolt génátvitel fontos feltétele, hogy a búza és a *T. monococcum* kromoszómák párosodjanak, majd rekombinálódjanak egymással a meiózis folyamán. A meiotikus kromoszómapárosodásból nyerhető információk maximalizálásához szintén kiváló módszertani lehetőséget nyújtanak az *in situ* hibridizációs módszerek (Miller et al. 1994).

Célunk az egyedi kromoszómák szintjén történő kromoszómapárosodás vizsgálata a meiózis I. metafázisában a búza faj- és nemzetséghibrideiben. A párosodás egyedi kromoszómák szintjén történő elemzéséhez megvizsgáljuk a meiotikus kromoszómák fluoreszcens *in situ* hibridizációval történő azonosításának lehetőségét *Triticum aestivum* × *Secale cereanum* F₁ hibrideken. Az így kidolgozott módszerekkel vizsgáljuk a *T. turgidum* subsp. *durum* × *T. monococcum* F₁ hibridek kromoszóma párosodását a meiózis I. metafázisában.

3. Az idegen fajból búzába történő génátvitel rendkívül hosszú és több lépésből álló folyamat. A munka első lépése a génforrásként szóba jöhető leginkább megfelelő genotípus kiválasztása. Az előnemesítési munka célja a hasznos tulajdonságokkal rendelkező és genetikailag stabil genotípusok előállítása, melyek gyakran agronómiai jellemzőik tekintetében még nem megfelelők. A megfelelő agronómiai tulajdonságokkal rendelkező genotípusok előállítása már általában konvencionális módszerekkel történik, melynek során az előnemesített törzset keresztezik a természetben lévő fajtákkal. **A *T. monococcum* előnemesítésben történő hasznosításához vizsgáljuk keresztezhetőségét tetra- és hexaploid *Triticum* fajokkal.** A *T. monococcum* rekombinánsok előállítása céljából kétféle növényi anyagot állítunk elő. Durumbúzával keresztezve célunk az ABA^m genomösszetételű szintetikus amfiploid előállítása, nemesítése, illetve (elő-) nemesítési programokba történő bevonásával búza-alakor rekombinánsok előállítása. **A *T. aestivum* × *T. monococcum* keresztezésekből származó utódok visszakeresztezésével olyan genotípus előállítása a célunk, mely alkalmas a kenyérbúza nemesítésében történő közvetlen felhasználásra és hordozza a *T. monococcum* kiváló rezisztenciáját.**

2 ANYAG ÉS MÓDSZER

2.1 Növényi anyag és keresztezések

Az idegenfajú keresztezésekhez a következő genotípusokat használtuk: *T. monococcum* subsp. *monococcum* L. '1T-1' féltörpe alakor genotípus és *T. monococcum* subsp. *monococcum* cv. 'Mv Alkor', hagyományos típusú alakor fajta. *T. aestivum* L.: A *kr1* recesszív keresztezhetőségi gént tartalmazó Martonvásári 9 *kr1* (Mv9kr1) búza genotípus és a Martonvásári 9 (Mv9) búzafajta. *T. turgidum* subsp. *durum* L.: MvTD14-04 durumbúza törzs.

A keresztezésekhez használt genotípusokat tenyészkertben és fitotronban neveltük. A fitotroni növénynevelés Tischner et al. (1997) által kidolgozott módszer szerint történt. Az anyanövényeket kasztrálás után izoláltuk, majd 3 nap múlva pörgetéses módszerrel poroztuk.

A durumbúza × alakor F₁ hibridek kromoszómaszámát kolhicin kezeléssel (0,04%-os kolhicin oldat, 4 h) kettőztük meg és amfiploidokat állítottunk elő.

A *Triticum* fajok különböző A genomjainak FISH kariotípusának elkészítéséhez a keresztezésekhez használt genotípusokat valamint *T. urartu* MVGB115 génbanki tételt használtuk.

A meiotikus kromoszómapárosodást interspecifikus hibridekben (*T. aestivum* × *Secale cereanum* és *T. turgidum* ssp. *durum* × *T. monococcum*) vizsgáltuk.

2.2 Molekuláris citogenetikai vizsgálatok

Citológiai preparátumkészítés

A mitózisban történő kromoszómavizsgálathoz a búzaszemeket nedves szűrőpapíron csíráztattuk. A 1-1,5 cm hosszúságú gyökereket jégen tároltuk 24 óráig. A gyökereket ezt követően etil alkohol és ecetsav 1:3 arányú keverékében fixáltuk és kárminecetsavval festettük. A kromoszómapreparátumot a gyökércsúcsból készítettük, melyet tárgylemezen szétnyomva vizsgáltunk fáziskontraszt mikroszkóp alatt. A megfelelő preparátumokat az *in situ* hibridizációig -20°C-on tároltuk.

A meiotikus preparátum készítéséhez a kalászolás előtt álló növényekből portokot gyűjtöttünk, amelyeket etil alkohol és ecetsav 1:3 arányú keverékében fixáltunk. A portokokat tárgylemezen szétnyomva vizsgáltuk fénymikroszkóp alatt.

Próbajelölés

A FISH során a következő repetitív DNS próbákat használtuk: 1. Az Afa family próba, mely *Ae. tauschii*-ből izolált fragmentum (Nagaki et al. 1995); 2. rozból izolált 120 bp hosszú pSc119.2

repetitív DNS (Bedbrook et al. 1980); 3. pTa71 DNS klón , ami a búza riboszómális génjeinek egy-egy szakaszát hordozza (Gerlach és Bedbrook, 1979).

A próbák felszaporítását PCR reakció segítségével végeztük el. Az Afa family próbát digoxigenin-11-dUTP-vel , a pSc119.2 próbát biotin-16-dUTP-vel, A pTa71 próba jelölését 50% biotin-16-dUTP-vel és 50% digoxigenin-11-dUTP-vel jelöltük nick translációval.

A használt mikroszatellit próbák (GAA, CAG, AAC és AGG) felszaporítása búza genomi DNS-ből történt PCR-rel , Vrána et al. (2000) által leírt módszer szerint. A GAA próbát biotin-16-dUTP-vel, a CAG, AAC és AGG próbákat digoxigenin-11-dUTP-vel jelöltük nick translációval.

A GISH-hez használt próbához teljes genomi DNS-t izoláltunk rozsból (*Secale cereale* L.), *T. monococcum*-ból és *Ae. speltoides*-ből. A DNS-t biotin-16-dUTP-vel jelöltük nick translációval.

Fluoreszcens *in situ* hibridizáció (FISH)

A FISH során a Molnár et al. (2011) által leírt módszert követtük kisebb módosításokkal. A preparátumokat előkészítés után hibridizáltuk. A hibridizációs keverék (preparátumonként 30 µL) 50% formamidot, 10% 20× SSC-t, 10 % dextranszulfátot, 1% SDS-t, 30 ng jelölt próba DNS-t, 50 ng/µl blokkoló DNS-t tartalmazott. A hibridizációs keveréket a benne lévő DNS denaturálása (10 perc, 80 °C) után adtuk a tárgylemezre. A kromoszómákat a próba jelenlétében denaturáltuk 75°C-on 6 percig, majd a preparátumokat 12–16 órán keresztül hibridizáltuk 37°C -on.

A biotinnal jelölt próbák hibridizációs jeleit a zöld fluoreszcens jelet adó sztreptavidin-FITC-el, míg a digoxigeninnel jelölt próbákat a vörös jelet adó anti-digoxigenin-rodaminnal detektáltuk, majd DAPI-val kontrasztfestettük.

Genomi *in situ* hibridizáció (GISH)

A kromoszómák közötti párosodás tanulmányozásához használt GISH módszert Molnár-Láng et al. (2010) által leírt módszer szerint végeztük el.

A *T. aestivum* × *S. cereanum* F₁ hibridekben a búza kromoszómák közti meiotikus kromoszómapárosodás tanulmányozásához próbaként biotinnal jelölt rozs genomi DNS-t, blokkoló DNS-ként hexaploid búza és lazac sperma DNS-t használtunk. A hibridizációs keverék (preparátumonként 25 µL) 50% formamidot, 2xSSC-t, 5 % dextranszulfátot, 70 ng rozs genomi DNS próbát, valamint 2.1 µg blokkoló DNS-t tartalmazott. A hibridizáció 12 órán keresztül 42°C-on történt.

A *T. turgidum* subsp. *durum* × *T. monococcum* F₁ hibridek és szintetikus amfiploidok genomösszetételének vizsgálatát szintén GISH-el végeztük. Hibridizációs próbaként biotinnal jelölt *T. urartu* és digoxigeninnel jelölt *Ae. speltoides* DNS-t használtunk. Blokkolóként jelöletlen *Ae. speltoides* DNS-t 50× koncentrációban adtuk a hibridizációs keverékhez.

A preparátumokat fluoreszcens mikroszkóppal vizsgáltuk és kiértékelésükhöz az AxioVision 4.8.2 szoftvert használtunk.

2.3 Kromoszómapárosodási vizsgálatok

A búza kromoszómák közötti párosodás vizsgálatát interspecifikus F₁ hibridek, meiózis I. metafázisában készült kromoszóma-preparátumain végeztük, GISH-sel és FISH-sel. A kromoszómák közötti párosodás gyakoriságának vizsgálatához meghatároztuk az egy sejten belül megfigyelhető kromoszómapárosodásokat. A kromoszómapárosodásokat a meiotikus konfigurációjuk alapján értékeltük: nyílt bivalens esetén egy, zárt bivalens (gyűrű) és nyílt trivalens (lánc) esetén kettő, "serpenyő" formájú trivalens esetén három kromoszómapárosodást állapítottunk meg. A búza kromoszómakarok között észlelt és lehetséges párosodási gyakoriság összehasonlítására khi-négyzet (χ^2) próbát alkalmaztunk.

2.4 Üvegházi levélrozsdafertőzés

A *T. aestivum* × *T. monococcum* BC₃ növények levélrozsda-ellenállóságát üvegházi mesterséges fertőzéssel vizsgáltuk. A búzanövényeket 2 leveles állapotban fertőztük levélrozsda (*Puccinia triticina*) uredospóra szuszpenzióval. A növények fertőzöttségét a 10. napon értékeltük a Stakman et al. (1962) által kidolgozott skála szerint.

2.5 Tenyészkerti megfigyelések

A *T. aestivum* × *T. monococcum* BC₃ növényeket, a *T. turgidum* subsp. *durum* × *T. monococcum* amphiploidokat és a *T. monococcum* génbanki tétéleket tenyészkertben az alábbi fenotípusos tulajdonságokat figyeltük meg (kalászolási idő, növénymagasság, levélrozsda-ellenállóság, lizsthermat-ellenállóság).

3 EREDMÉNYEK

3.1 *Triticum monococcum* kromoszómák azonosítása molekuláris citogenetikai módszerekkel

3.1.1 A *Triticum monococcum* faj kariotipizálása repetitív DNS próbákkal

A *T. monococcum* kromoszómáinak azonosítását első lépésben repetitív DNS próbákkal (Afa family, pTa71 és pSc119.2) végeztük. A hibridizáció után megállapítható volt, hogy a *T. monococcum* mitotikus kromoszómáin az Afa family és pTa71 próbák határozott és specifikus hibridizációs mintázatot adnak, míg a pSc119.2 próba hibridizációs jelei nem voltak kimutathatóak a kromoszómákon. A kapott hibridizációs mintázat alapján minden A^m kromoszóma megkülönböztethető volt egymástól. Jellegzetes, eltérő intenzitású Afa family hibridizációs jeleket figyeltünk meg a kromoszómákon: a legösszetettebb mintázat a 4A^m és 7A^m kromoszómáin látható. A pTa71 próba erős fluoreszcens jeleket eredményezett az 1A^m és 5A^m kromoszómák rövid karjainak telomér régiójában. A vizsgálatot a *T. urartu* (a hexaploid búza A genom donorja) kromoszómáin is elvégeztük és a *T. monococcum*-hoz hasonló hibridizációs mintázatot kaptunk.

Ezt követően elkészítettük a *T. monococcum* és a *T. urartu* kariotípusát és összehasonlítottuk a tetra- és hexaploid búzafajok A kromoszómáinak, ugyanezen próbákkal kapott kariotípusával. A poliploid *Triticum* fajokhoz képest a diploid *T. monococcum* (és *T. urartu*) A kromoszómáin intenzívebb és nagyobb számú Afa family hibridizációs sávok voltak megfigyelhetőek. Ugyanez a riboszómális DNS próba (pTa71) esetén is elmondható. A pSc119.2 próba hibridizációs jelei csak a poliploid *Triticum* fajokban jelennek meg. Az A és A^m kromoszómák hibridizációs mintázatában lévő különbségek alapján poliploid búza genetikai háttérben a *T. monococcum* kromoszómái közül az 1A^m, 4A^m, 5A^m és 7A^m kromoszómák megkülönböztetésére van a legnagyobb esély a megfelelő búza homeológ csoporthoz tartozó A kromoszómáktól.

3.1.2 *In situ* hibridizáció mikroszatellit próbákkal

Kísérleteinkben a GAA, CAG, AAC és AGG mikroszatellit (SSR) próbákat alkalmaztuk, melyek hibridizációs mintázatát két egymást követő FISH-sel azonosítottuk a *T. monococcum* kromoszómákon.

Az első hibridizáció alkalmával meghatároztuk az egyes SSR motívumok hibridizációs mintázatát, majd a hibridizációs jelek dokumentálását követően a kromoszóma preparátumokat újra hibridizáltuk a már ismert kariotípust adó repetitív próbákkal. A két kísérlet összehasonlításával meghatározható volt a különböző kromoszómák SSR próbákkal adott mintázata. A *T. monococcum* kromoszómákon a mikroszatellit próbákkal végzett FISH a következő eredményeket adta:

GAA: Határozott hibridizációs jel a 2A^m és 6A^m kromoszómákon.

CAG: Erős jel a 6A^m és 7A^m kromoszómákon, gyenge jel a 3A^m kromoszómán.

AAC: Erős jel a 6A^m és 7A^m kromoszómákon, gyenge, diszperz mintázat a 1A^m, 2A^m, 3A^m, 4A^m, 5A^m kromoszómákon.

AGG: Erős hibridizációs jel a 6A^m kromoszómán, gyenge jel az 5A^m kromoszómán.

Leghatározottabb hibridizációs mintázatot a GAA és a CAG próbák esetén tapasztaltunk. Valamennyi SSR próba jellegzetes mintázatot eredményezett a 6A^m kromoszómákon, ez abból a szempontból is jelentős, hogy a korábban használt repetitív próbák nem adtak hibridizációs jelet ezeken a kromoszómákon.

Az SSR próbák az A^m és a *T. aestivum* A kromoszómáin sok esetben eltérő hibridizációs mintázatot eredményeztek. A búza *T. urartu* eredetű A^u kromoszómái jóval összetettebb mintázatot adtak, a GAA és CAG próbák hibridizációs mintázata pedig egyértelműen eltérő volt az A és A^m kromoszómákon.

Összefoglalásként megállapítható, hogy a *T. monococcum* kromoszómáin repetitív DNS- (Afa family és pTa71) és mikroszatellit próbákkal végzett FISH hibridizációval azonosíthatók az A^m kromoszómák, továbbá ezzel a módszerrel az A^m azonosításához és az A^u kromoszómák megkülönböztethetők tetra- és hexaploid búza háttérben.

3.2 Interspecifikus hibridek kromoszómvizsgálatai a meiózis I. metafázisában

3.2.1 Meiotikus kromoszómák vizsgálata GISH-sel, búza × rozs F₁ hibridekben

A fluoreszcens *in situ* hibridizációs technika alkalmazhatóságát először búza × rozs keresztezésből származó hibrideken vizsgáltuk. A két faj közötti nagyobb genetikai távolság és a különböző fajokból származó kromoszómák egyszerű azonosíthatósága miatt ez a kombináció ideális alapanyagot biztosított a módszer kipróbálásához és finomításához.

A búza × rozs F₁ hibrideknek a meiózis I. metafázisában lévő kromoszóma preparátumain végzett GISH a jelölt rozs genomi DNS próbával erős fluoreszcens jelölődést eredményezett a rozs kromoszómákon. A GISH-t követően a rozs kromoszómák egyértelműen megkülönböztethetőek voltak a búza kromoszómáktól. A vizsgált 274 pollen anyasejtben 194 kromoszómapárosodást (asszociációt) figyeltünk meg, melyek között az intra- és interspecifikus kromoszóma-asszociációk elkülöníthetőek voltak. Megfigyeléseink szerint csaknem kizárólag (93,8%) a búza kromoszómák párosodtak egymással.

3.2.2 Meiotikus kromoszómák vizsgálata repetitív DNS próbákkal, búza × rozs F₁ hibridekben

Az egyes kromoszóma-asszociációk azonosítása céljából a kromoszómapreparátumokon FISH-t végeztünk repetitív próbákkal. A búza–búza kromoszóma-asszociációk mindegyike (182 db) azonosítható volt genomi szinten. A genomi szinten meghatározott kromoszóma-asszociációk közül kromoszómakar szinten 129 búza–búza asszociációt tudunk a FISH mintázat alapján azonosítani.

Az eredmények azt mutatják, hogy az intergenomikus kromoszóma párosodások gyakorisága nagyobb az F₁ hibridben, mint az intragenomikus párosodásoké. A leggyakoribb az A–D kromoszóma-asszociáció volt (sejtenként 0,348), míg a B és D genomok közötti kromoszóma párosodások gyakorisága ennél kisebb volt. Legkisebb gyakorisággal az A és B genomhoz tartozó kromoszómák párosodtak. A párosodott kromoszómák túlnyomó része homeológ kromoszóma volt.

3.2.3 Búza–búza kromoszómakar-asszociációk típusa és gyakorisága

A búza–búza kromoszóma-asszociációkat párosodási gyakoriságuk alapján hasonlítottunk össze (kromoszómakar-asszociációk száma/sejt). A kromoszómakar-asszociációk statisztikai értékelésére χ^2 próbát alkalmaztunk, melynek eredménye megerősítette a 3-as homeológ csoport kromoszómái közti párosodások gyakoriságát. A szignifikánsan legmagasabb párosodási gyakoriság a 3A és 3D kromoszómák hosszú karja, valamint a 3D és 3B kromoszómák rövid karja között volt kimutatható.

3.2.4 Meiotikus kromoszómák vizsgálata *Triticum turgidum* subsp. *durum* × *Triticum monococcum* F₁ hibridben

Az A és A^m kromoszómák közötti párosodást a mindkét genomot teljes egészében tartalmazó *T. turgidum* subsp. *durum* × *T. monococcum* F₁ hibridek meiózisének metafázisában, egymást követő GISH-el és FISH-el.

A GISH során jelölt *Ae. speltooides* (B genom donor) és jelölt *T. urartu* (A genom donor) genomi DNS próbát hibridizáltunk a meiotikus kromoszóma preparátumokon. A GISH-t követően mind az A és A^m, mind a B kromoszómák erős fluoreszcens jelölődésének köszönhetően egyértelműen elkülöníthetők voltak egymástól. A vizsgált sejtekben a kromoszómák nagymértékben párosodtak, a hibrid 21 kromoszómája közül a leggyakrabban 10 és 12 kromoszóma párosodott (sejtenként 5 vagy 6 bivalens). A vizsgált pollenanyasejtekben a kromoszóma asszociáció átlagos értéke: 6,88 (összes kromoszóma asszociáció/ vizsgált sejtek száma). A GISH vizsgálat lehetővé tette, hogy genomi szinten azonosítsuk a kromoszómapárosodásokat. A legnagyobb arányban az A és A^m kromoszómák párosodtak egymással (99,7%), az A és B kromoszómák csak nagyon ritkán párosodtak (0,3 %), míg B kromoszómák közötti asszociációt nem figyeltünk meg. Az ezt követő FISH vizsgálat megerősítette eredményeinket és lehetővé tette az univalens kromoszómák, illetve egyes, jellegzetes mintázattal rendelkező párosodott kromoszóma (3A^m, 5A^m, 4A) azonosítását.

3.3 *Triticum monococcum* kromatint tartalmazó genetikai anyag előállítása

3.3.1 Génbanki *Triticum monococcum* tételek jellemzése

A martonvásári Gabona Génbankban található diploid *Triticum* tételek (köztük termesztett és vad *T. monococcum* és *T. uratu*) közül 145 genotípust vizsgáltunk tenyészkertben 2013-ban.

A *T. uratu*-n észleltünk jelentősebb lisztharmat-fertőzést, a vizsgált genotípusok több mint fele mutatott fogékonyságot, továbbá levélrozsdá-fertőzést is találtunk. Ezzel szemben a *T. monococcum* tételek rezisztensek voltak a természetes lisztharmat- és levélrozsdá-fertőzéssel szemben. A legnagyobb diverzitást a kalászolási idő tekintetében mutatták a diploid *Triticum* fajok. A legkorábbi genotípus május 13-án a legkésőbbi június 17-én kalászolt. A kalászolási időben lévő változatosság ismerete lényeges a későbbi keresztezések tervezéséhez.

3.3.2 *Triticum aestivum* × *Triticum monococcum* keresztezések

A *T. monococcum* hexaploid búzával történő keresztezhetőségének vizsgálatához a keresztezhetőségi (*kr₁*) gént hordozó (Mv9kr1) és anélküli (Mv9) búza genotípust kereszteztünk hagyományos (Mv Alkor) és féltörpe (1T-1) alakokkal. Mindkét alakot genotípus pollenadóként való használatával kaptunk F₁ szemeket, de a féltörpe alakokkal végzett keresztezések mindkét évben eredményesebbek voltak (nagyobb szemkötési arány) és az ebből a keresztezésből származó szemek magasabb csírázási %-al rendelkeztek. A hagyományos típusú hibrid szemeknek legfeljebb 10 százaléka csírázott, és a növények nagy része még kalászás előtt elpusztult. A féltörpe *T. monococcum*-mal létrehozott kombinációk F₁ szemeinek 60-70%-a csírázóképes volt.

Az F₁ szemek csíráztatásával egyidőben mitotikus gyökérpreparátumot készítettünk, melyeken ellenőriztük a hibrid növények kromoszómaszámát (ABDA^m; 2n=4x=28) és FISH-el azonosítottuk a 14 A, 7B és 7D kromoszóma jelenlétét.

A nemesítési programban használható, a búzával megegyező kromoszómaszámú és fertilis növényi anyagot előállítására céljából a steril F₁ hibrideket több generáción át visszakereszteltük az anyai partnerként használt Mv9kr1-gyel. A féltörpe *T. monococcum*-mal előállított genetikai anyag visszakeresztései közül az F₁ növények első visszakeresztése bizonyult a legnehezebbnek, mindössze a beporzott virágok 0,86 százaléka termékenyült meg. Majd a második és harmadik visszakeresztéseknél jelentősen nőtt a kötött szemek aránya.

Ezzel elvégeztük az utódnemzedékeket molekuláris citogenetikai értékelését. A BC₁ növények szomatikus sejtjein FISH-t végeztünk repetitív DNS próbákkal, és azonosítottuk a búza és a *T. monococcum* kromoszómákat. A vizsgált BC₁ növények kromoszómapreparátumain átlagosan 2,4 A^m kromoszómát azonosítottunk növényenként. A BC₂ növények esetében a *T. monococcum* kromoszómák száma kevesebb volt, mint a BC₁ növényeknél (1,8 A^m kromoszóma/BC₂ növény).

Meg kell azonban jegyezni, hogy az általunk BC₁ és BC₂ növényekben azonosított A^m kromoszómák mind jellegzetes hibridizációs mintázattal rendelkeznek, így nem kizárt, hogy emellett még egyéb olyan *T. monococcum* kromoszómák és kromoszómaszegmentumok is lehettek az utódokban, melyeket a használt repetitív próbákkal nem tudtunk azonosítani.

3.3.3 A BC₃ növények mesterséges levélrozsdarozsda fertőzése

A búzával történő folyamatos visszakeresztezők során generációról-generációra nőtt a visszakeresztezett növények fertilitása. A harmadik visszakeresztés során előállított BC₃ szemek nagy száma lehetővé tette rezisztenciavizsgálat elvégzését is. A levélrozsdával szembeni ellenállóságot üvegházban vizsgáltuk, mesterséges fertőzéssel. A 65 BC₃ genotípus csíranövénykori fertőzést követően növények jelentős része (85%-a) nagyfokú fogékonyságot mutatott a levélrozsdával szemben, de találtunk immunis genotípusokat is.

A levélrozsdával szemben immunis BC₃ növények gyökeréből készített kromoszómapreparátumon FISH-t végeztünk el. A megfigyelt sejtekben nem volt teljes *T. monococcum* kromoszóma, kisebb kromoszómaszegmentumok azonosítását pedig a módszer nem tette lehetővé.

3.3.4 *Triticum. turgidum* subsp. *durum* × *Triticum monococcum* keresztezések

A hagyományos (Mv Alkor) és féltörpe (1T-1) *T. monococcum* genotípusokat tetraploid durumbúzával kereszteztünk. ABA^m genomösszetételű szintetikus amfiploid létrehozása céljából. A keresztezéseket követően nagyon kis arányú szemkötést tapasztaltunk, szignifikáns különbség nem volt a hagyományos és féltörpe típusú *alakor* pollenadóval létrehozott kombinációkban.

Szintetikus amfiploid előállítás

Az F₁ szemek (2n=3x=21, ABA^m) kromoszómaszámát citológiai módszerrel ellenőriztük és FISH-sel azonosítottuk a 14 A és 7 B kromoszómát, majd elvégeztük a genomduplikálást kolhicinkezeléssel. A kísérlet eredményeként összesen 63 darab amfiploid szemet sikerült előállítani, ami 16,3 százalékos szemkötésnek felelt meg.

A jelenleg C₃ generációban lévő durum búza–alakor szintetikus amfiploid az alakorhoz hasonlóan késői kalászolású, de morfológiáját tekintve a durumbúza szülőhöz áll közelebb.

Az amfiploid genetikai stabilitását *in situ* hibridizációval ellenőriztük a C₃ nemzedékben. Az ABA^m genomösszetétel kimutatására GISH-t végeztünk mitotikus kromoszómapreparátumon. A hibridizációs próbaként használt *T. urartu* genomi DNS határozott fluoeszcens jelet eredményezett az A kromoszómákon, ezáltal megkülönböztethető volt egymástól a 28 A és a 14 B kromoszóma. A *T. monococcum* és *T. urartu* közti nagyfokú hasonlóság azonban nem tette lehetővé az A és A^m genomok elkülönítését GISH-sel. Az azonos sejten a GISH vizsgálatot követően végzett FISH megerősítte az előző eredményeket, továbbá lehetővé tette a kromoszómák azonosítását.

3.4 Új tudományos eredmények

1. Elkészítettük a *Triticum monococcum* fluoreszcens *in situ* hibridizációs kariotípusát Afa family és pTa71 repetitív DNS próbákkal, ami alapján az 1A^m, 4A^m, 5A^m és 7A^m kromoszómák megkülönböztethetőek a búza A genomjához tartozó homeológ kromoszómáktól.
2. GAA, CAG, AAC és AGG mikroszatellit próbák hibridizációs mintázatát térképeztük a *T. monococcum* kromoszómákon és megállapítottuk, hogy a GAA és CAG próbák a legalkalmasabbak az A^m kromoszómák azonosítására a korábbi repetitív próbák használatával kombinálva.
3. Elsőként, egymást követő genomi és fluoreszcens *in situ* hibridizációval búza-búza kromoszómapárosodásokat és kromoszómakar-asszociációkat azonosítottunk búza × rozs F₁ hibridek meióziséban. A módszerrel igazoltuk az A és D kromoszómák párosodnak a legnagyobb arányban (53%). Leggyakrabban a 3A és 3D kromoszómák hosszú karja, valamint a 3D és 3B kromoszómák rövid karjai között alakult ki asszociáció.
4. Genomi *in situ* hibridizációval kimutattuk az A és A^m kromoszómák párosodását *T. turgidum* subsp. *durum* × *T. monococcum* hibridekben.
5. Keresztezési programot indítottunk *T. monococcum*-ból hexaploid búzába történő génátvitel céljából, melynek során kimutattuk az 1T-1 féltörpe alakor genotípus jó keresztezhetőségét és levélrozsa rezisztenciáját.
6. *T. aestivum* (Mv9kr1) × *T. monococcum* (1T-1) hibrid búzával történő visszakeresztezésével BC₃ növényeket állítottunk elő, amelyek közt mesterséges csíranövénykori levélrozsa fertőzése során immunis és rezisztens növényeket azonosítottunk.
7. Durumbúza és alakor keresztezésével ABA^m genomösszetételű F₁ hibridet, majd amphiploidot állítottunk elő, melynek genomösszetételét genomi és fluoreszcens *in situ* hibridizációval állapítottuk meg.

4 KÖVETKEZTETÉSEK ÉS JAVASLATOK

***A Triticum monococcum* kromoszómák azonosítása molekuláris citogenetikai módszerekkel**

Az Afa family és pTa71 repetitív DNS próbákkal, valamint a GAA, CAG, AAC és AGG mikroszatellit ismétlődésekkel azonosított *Triticum monococcum* kromoszómák kariotípusa és a hexaploid búza A genomjának ugyanezen próbákkal megállapított kariotípusa között jelentős eltéréseket tapasztaltunk, ami az evolúció során bekövetkezett szekvencia-eliminációval, mutációval illetve intergenomikus átrendeződésekkel magyarázható. A repetitív próbákkal létrehozott kariotípus alapján a *T. monococcum* kromoszómák egymástól egyértelműen elkülöníthetők, azonban a tetra- és hexaploid búza homeológ A kromoszómáitól nem minden esetben különböztethetőek meg azonos genetikai háttérben. A mikroszatellit próbák használata tovább növelte a diagnosztikus sávok számát és lehetővé tette a 6A és 6A^m kromoszómák megkülönböztetését. Az A és A^m kromoszómák egymástól való jobb megkülönböztethetősége érdekében további hibridizációs próbák kipróbálása lenne célszerű.

Eddigi tapasztalataink szerint az A és az A^m genom egymástól nem különböztethető meg genomi *in situ* hibridizációval. A *T. monococcum*-ból búzába történő génátviteli munka során ezért a transzlokációk nyomon követése szempontjából molekuláris markerek használata javasolt a molekuláris citogenetikai vizsgálatok kiegészítéseként. Ehhez azonban először *T. monococcum* kromoszómákhoz kapcsolt markerek azonosítása szükséges.

Kromoszómapárosodási vizsgálatok

Interspecifikus hibridek meiózis I. metafázisában készült kromoszómapreparátumain végzett egymást követő GISH és FISH lehetővé tette a párosodott kromoszómák és sok esetben kromoszómakarok azonosítását.

Búza × rozs F₁ hibridben a módszer alkalmasnak bizonyult a kromoszómák homeológia viszonyainak tanulmányozására, amit korábban GISH és FISH együttes alkalmazásával még nem végeztek el. Eredményeink megerősítették az irodalmi adatokat, de a párosodott kromoszómakarok FISH mintázat alapján történő azonosítása során olyan kromoszóma-asszociácót (3DS–3BS) azonosítottunk a legnagyobb gyakorisággal, melyet korábban még nem írtak le. Vizsgálataink alátámasztották a FISH alkalmazásának lehetőségét meiózisban. Eredményeink felhívják a figyelmet arra, hogy a mitózisban rutinszerűen használt egymást követő GISH és FISH alkalmazásával növelhető az egy kromoszómapreparátumról szerezhető információ mennyisége meiózisban is.

Durumbúza × alakor F₁ hibridben bizonyítottuk az A és A^m kromoszómák közötti nagyfokú párosodást, ami az alakor A^m és a búza A genomjának jó kombinálódóképességét bizonyítja.

***Triticum monococcum* kromatint tartalmazó genetikai anyag előállítása**

A *T. monococcum*-ból történő sikeres génátvitel annál hosszadalmasabb folyamat, minthogy az egy PhD munka keretében befejeződjen, de kezdeti eredményeink biztatóak.

Jól keresztezhető féltörpe alakor felhasználásával sikeresen hoztunk létre hexaploid búza és durumbúza × alakor hibrideket, majd azokból visszekeresztezéssel BC₃ növényeket, illetve genomduplikálással amfiploidokat. A növények jelenleg a tenyészkerti tesztelés fázisában vannak, de nemesítésben történő későbbi hasznosíthatóságukat jól előrevetíti, hogy mesterséges levélrozsdafertőzéssel jó csiranövénykori ellenállósággal rendelkező genotípusokat azonosítottunk.

A martonvásári Gabona Génbank *T. monococcum* gyűjteményében nagy genetikai diverzitás rejlik, melynek kiaknázására a jól keresztezhető alakor genotípus előnemesítési programban történő használata nyújt lehetőséget. Ez a genotípus összekötő kapocsként is szolgálhat az előnemesítési programokban, felhasználásával úgynevezett 'híd' keresztezések hozhatók létre a búzával nem, vagy nagyon nehezen keresztezhető *T. monococcum* genotípusok és a hexaploid búza között.

További *T. monococcum* tételek nemesítésbe ily módon történő bevonása azonban szükségessé teszi a martonvásári alakor gyűjtemény pontosabb jellemzését.

5 IRODALOMJEGYZÉK

- BEDBROOK J. JONES J. O'DELL M. THOMPSON R. D. FLAVELL R. B. (1980): A molecular description of telomeric heterochromatin in *Secale* species. *Cell*, 19 525–560. p.
- FRIEBE B., JIANG J., RAUPP W.J., MCINTOSH R.A., GILL B.S. (1996): Characterization of wheat alien translocations conferring resistance to diseases and pests: current status. *Euphytica*, 71 59–87. p.
- GERLACH W. L., BEDBROOK J. R. (1979): Cloning and characterization of ribosomal RNA genes from wheat and barley. *Nucleic Acids Research*, 7 1869–1885. p.
- MILLER T.E., READER S.M., PURDIE K.A., KING I.P. (1994): Determination of the frequency of wheat–rye chromosome pairing in wheat / rye hybrids with and without chromosome 5B. *Theoretical and Applied Genetics*, 89 255–258. p.
- MOLNÁR I., CIFUENTES M., SCHNEIDER A., BENAVENTE E., MOLNÁR-LÁNG M. (2011): Association between simple sequence repeat-rich chromosome regions and intergenomic translocation breakpoints in natural populations of allopolyploid wild wheats. *Annals of Botany*, 107 65–76. p.
- MOLNÁR-LÁNG M., CSEH A., SZAKÁCS É., MOLNÁR I. (2010): Development of a wheat genotype combining the recessive crossability alleles *kr1kr1kr2kr2* and the 1BL.1RS translocation, for the rapid enrichment of 1RS with new allelic variation. *Theoretical and Applied Genetics*, 120 1535–1545. p.
- MONNEVEUX P., ZAHARIEVA M., REKIKI D. (2000): The utilization of *Triticum* and *Aegilops* species for the improvement of durum wheat. *CIHEAM-Options Méditerranéennes: Série A. Séminaires Méditerranéens*, 40 71–81. p.
- MUKAI Y., NAKAHARA Y., YAMAMOTO M. (1993): Simultaneous discrimination of the three genomes in hexaploid wheat by multicolour fluorescence *in situ* hybridization using total genomic and highly repeated DNA probes. *Genome*, 36 489–494. p.
- NAGAKI K., TSUJIMOTO H., ISONO K., SASAKUMA T. (1995): Molecular characterization of a tandem repeat, Afa family, and its distribution among *Triticeae*. *Genome*, 38 479–486. p.
- PEDERSEN C., LANGRIDGE P. (1997): Identification of the entire chromosome complement of bread wheat by two-colour FISH. *Genome*, 40 589–593. p.
- RAYBURN A.L., GILL B.S. (1985): Use of biotin-labeled probes to map specific DNA sequences on wheat chromosomes. *Journal of Heredity*, 76 78–81. p.
- STAKMAN E.C., STEWART D.M., LOEGERING W.Q. (1962): Identification of physiologic races of *Puccinia graminis* var. *tritici*. Washington DC: United States Department of Agriculture, Agricultural Research Service E617. 53 p
- VRÁNA J., KUBALÁKOVÁ M., SIMKOVÁ H., ČÍHALÍKOVÁ J., LYSÁK M. A., DOLEŽEL J. (2000): Flow sorting of mitotic chromosomes in common wheat (*Triticum aestivum* L.). *Genetics*, 156 2033–2041. p.

A SZERZŐ PUBLIKÁCIÓS TEVÉKENYSÉGE

Tudományos publikációk:

Nemzetközi tudományos folyóiratokban megjelent publikációk:

- Molnár I., Kubaláková M., Šimková H., Farkas A., Cseh A., **Megyeri M.**, Vrána J., Molnár-Láng M., Doležel J. (2014): Flow cytometric chromosome sorting from diploid progenitors of bread wheat, *T. urartu*, *Ae. speltoides* and *Ae. tauschii* Theoretical and Applied Genetics, 127(5): 1091-1104.
- Megyeri M.**, Molnár-Láng M., Molnár I. (2013): Cytomolecular identification of individual wheat-wheat chromosome arm associations in wheat-rye hybrids. Cytogenetic and Genome Research 139(2):128–136.

Hazai tudományos folyóiratokban megjelent publikációk:

- Megyeri, M.**, Mikó, P., Molnár, I., Kovács, G. (2011): Development of synthetic amphiploids based on *Triticum turgidum* x *T. monococcum* crosses to improve the adaptability of cereals. Acta Agronomica Hungarica, 59(3): 267-274.
- Megyeri, M.**, Farkas, A., Varga M., Kovács, G., Molnár-Láng, M., Molnár, I. (2012): Karyotypic analysis of *Triticum monococcum* using standard repetitive DNA probes and simple sequence repeats. Acta Agronomica Hungarica, 60(2): 87-95.
- Kuti, C., Láng L., **Megyeri, M.**, Bányai J., Bedő Z. (2013): IT background of the medium-term storage of Martonvásár cereal genebank resources in phytotron cold rooms. Acta Agronomica Hungarica, 61(1): 71-77.
- Mikó, P., **Megyeri M.**, Molnár-Láng, M., Kovács, G. (2013): Characterization of *Triticum timopheevii* zhuk. gene bank accessions for the development of synthetic amphiploid wheat lines. Acta Agronomica Hungarica, 61(2): 113-121.
- Megyeri M.**, Láng L., Bedő Z. (2002): Az elmúlt ötven évben Magyarországon széleskörűen termesztett búzafajták vernalizációs igénye. Növénytermelés Tom. 51. No.6.619-626.

Egyéb tudományos művek:

Konferencia kiadványok:

- Megyeri, M.**, Mikó, P., Molnár, I., Kovács, G. (2011): Increasing the genetic diversity of cereals: Development of *Triticum turgidum* × *T. monococcum* synthetic hexaploids. In: Veisz, O. (ed.): Climate change: Challenges and opportunities in agriculture. – AGRISAFE final conference, 21-23. March 2011. Agricultural Research Institute of the Hungarian Academy of Sciences, Budapest, 86-89.
- Mikó, P., **Megyeri, M.**, Kovács, G. (2011): Characterization of *Triticum timopheevii* gene bank accessions to gain useful materials for organic wheat breeding. In: Veisz, O. (ed.): Climate change: Challenges and opportunities in agriculture. – AGRISAFE final conference, 21-23. March 2011. Agricultural Research Institute of the Hungarian Academy of Sciences, Budapest, 90-93.
- G. Kovács, P. Mikó, **M. Megyeri** (2010): Evolutionary breeding of cereals under organic conditions. In: Breeding for resilience: A strategy for organic and low-input farming systems? 2nd EUCARPIA Organic and Low-input Section Conference 1-3 December 2010 Paris, France, 16-18.

- Megyeri M.**, Láng L., Bedő Z. (2002): Minőségbúza törzsgyűjtemény létrehozása. In: A növénytermesztés szerepe a jövő multifunkcionális mezőgazdaságában. (Szerk.: Sutka J., Veisz O.), 231-236.
- Láng L., Rakszegi M., **Megyeri M.**, Bedő Z. (2002): Búzatörzsek minőségének vizsgálata korai nemzedékekben. In: A növénytermesztés szerepe a jövő multifunkcionális mezőgazdaságában. (Szerk.: Sutka J., Veisz O.), 191-198.

Konferencia absztraktok:

- Megyeri M.**, Farkas, A., Kovács G.†, Molnár, I., Molnár-Láng, M.: Cytomolecular genome analysis of *Triticum monococcum* (Fishing into the gene pool using FISH). In: Ortiz, R. ed. (2013). Pre-breeding-fishing into the gene pool. Abstracts of oral presentations and posters of the European Plant Genetic Resources Conference 2013, Alnarp, Sweden. p. 70.
- Mikó, P., **Megyeri M.**, Kovács, G.†, Molnár-Láng, M.: Tetraploid wild relatives as tools of wheat improvement. In: Ortiz, R. ed. (2013). Pre-breeding-fishing into the gene pool. Abstracts of oral presentations and posters of the European Plant Genetic Resources Conference 2013, Alnarp, Sweden. p. 135.
- Móroczné Salamon K., Fébel H., **Megyeri M.**, Mikó P., Kovács G.† (2013): Kísérleti silókukorica hibridek zsírsav összetételének vizsgálata. XIX. Növénytermesztési Tudományos Nap 2013. március 7. Keszthely
- Mikó P., **Megyeri M.**, Móroczné Salamon K., Kovács G.† (2013): Magas, többszörösen telítetlen zsírsavtartalmú takarmánykomponensek organikus nemesítése. XIX. Növénytermesztési Tudományos Nap 2013. március 7. Keszthely
- Molnár I., Kubaláková M., Šimková H., Farkas A., Cseh A., **Megyeri M.**, Vrána J., Molnár-Láng M., Doležel J. (2013): Laying foundations of chromosome genomics in diploid progenitors of hexaploid wheat. XXI Plant and Animal Genome Conference 12-16 Jan 2013, San Diego USA
- Kovács, G., **Megyeri M.**, Mikó, P., Rakszegi, M., Láng, L. (2012): Organic breeding of einkorn (*Triticum monococcum* ssp. *monococcum*): Development of semidwarf variety and its possible use in evolutionary plant breeding. EUCARPIA 19th General Congress. 21-24 May 2012, Budapest, Hungary.
- Mikó, P., **Megyeri M.**, Kovács, G. (2012): Development of *Triticum timococcum* to improve wheat breeding materials. EUCARPIA 19th General Congress. 21-24 May 2012, Budapest, Hungary.
- Megyeri M.**, Mikó, P., Kovács, G., Molnár-Láng, M., Molnár, I. (2012): Cytomolecular analysis of individual chromosome pairing in wheat-alien hybrids. EUCARPIA 19th General Congress. 21-24 May 2012, Budapest, Hungary.
- Farkas, A., **Megyeri M.**, Molnár-Láng, M., Molnár, I. (2012): The use of simple sequence repeats for the karyotypic analysis of wild relatives of wheat. EUCARPIA 19th General Congress. 21-24 May 2012, Budapest, Hungary.
- Megyeri M.**, Mikó P., Kovács G. (2012): A termesztett búza genetikai diverzitásának növelése alternatív gabona fajok felhasználásával. XVIII. Növénytermesztési Tudományos Nap 2012. március 6. Bp.
- Farkas A., **Megyeri M.**, Molnár-Láng, M., Molnár I. (2012): Mikroszatellit szekvenciák próbaként való alkalmazása *Aegilops* és *Triticeae* fajok genomanalíziséban. XVIII. Növénytermesztési Tudományos Nap 2012. március 6. Bp.
- Molnár I., Martis M.M., Šimková H., Kubaláková M., Vrána J., Farkas A., **Megyeri M.**, Cattonaro F., Molnár-Láng M., Mayer K., Doležel J. (2012): Kromoszóma-alapú genomikai kutatások a *Triticeae* és *Aegilops* családokban. XVIII. Növénytermesztési Tudományos Nap 2012. március 6. Bp.
- Mikó, P., **Megyeri M.**, Kovács, G. (2011): Improvement of organic wheat breeding materials with the use of *Triticum timopheevii* gene bank accessions. ECO-PB Breeding Conference 2011: Organic Plant Breeding: What makes the difference? 3-4. November, 2011. Frankfurt am Main, Germany. In:

Lammerts van Bueren, E.T. et al. (eds.): Organic Plant Breeding: What makes the difference? 10 year's Anniversary Conference 2011, FiBL, Frankfurt, 44-45.

- Megyeri, M.,** Mikó, P., Molnár-Láng, M., Kovács, G. (2011): Utilization of einkorn (*Triticum monococcum* L. ssp. *monococcum*) to widen the genetic diversity of cereals. In: van Hintum T.J., ed. (2011). To serve and conserve, Abstracts of oral presentations and posters of the European Plant Genetic Resources Conference 2011, CGN, Wageningen. p. 90.
- Mikó, P., **Megyeri, M.,** Kovács, G. (2011): Increasing the genetic variability of *Triticum zhukovskii* genetic resources via its reconstruction from the original genome donor species. In: van Hintum T.J., ed. (2011). To serve and conserve, Abstracts of oral presentations and posters of the European Plant Genetic Resources Conference 2011, CGN, Wageningen. p. 92.
- Mikó, P., **Megyeri, M.,** Kovács, G. (2011): Különböző *Triticum timopheevii* génbanki tételek vizsgálata organikus nemesítésre alkalmas alapanyagok előállítására céljából XVII. Növénynevelési Tudományos Napok –2011. április 27. Budapest
- M. Megyeri,** P. Mikó, I. Molnár, G. Kovács (2010): Development of different *Triticum turgidum* x *T. monococcum* synthetic hexaploids to improve the adaptability of cereals to changing environmental conditions. 2nd EUCARPIA Organic and Low-input Section Conference 1-3. December 2010 Paris, France, p.60.
- Megyeri M.,** Mikó P., Kovács G.(2010): Az alakor (*Triticum monococcum* ssp. *monococcum*) keresztezhetőségének vizsgálata tetraploid x diploid fajok interspecifikus hibridjeinek előállítása céljából. XVI. Növénynevelési Tudományos Nap 2010. március 11. Bp.
- Megyeri M.,** Rakszegi M., Láng L., Bedő Z.: Jó minőségű búzafajták HMW glutenin összetételének vizsgálata X. Növénynevelési Tudományos Napok 2004. február 18-19. Bp.
- Megyeri M.,** Láng L., Bedő Z.: Minőségbúza törzsgyűjtemény létrehozása. IX. Növénynevelési Tudományos Napok 2003. március 5-6. Bp.

Egyéb tudományos publikációk:

- M. Molnár-Láng, G. Kovács, É. Szakács, G. Linc, I. Molnár, A. Schneider, A. Sepsi, A. Cseh, **M. Megyeri,** K. Kruppa, A. Farkas, and P. Mikó 2011 Department of Plant Genetic Resources and Organic Breeding. Annual Wheat Newsletter 57: p 19-20.
- M. Molnár-Láng, G. Kovács, É. Szakács, G. Linc, I. Molnár, A. Schneider, A. Sepsi, A. Cseh, **M. Megyeri,** and K. Kruppa. 2010. Department of Plant Genetic Resources and Organic Breeding. Annual Wheat Newsletter 56: p. 55-56.
- Bedő Z, Láng L, Veisz O, Vida Gy, Karsai I, Mészáros K, Rakszegi M, Szűcs P, Puskás K, Kuti Cs, **Megyeri M,** Bencze Sz, Cséplő M, Láng D, Bányai J. (2004) Items from Hungary: Department of Wheat Breeding ANNUAL WHEAT NEWSLETTER 50: pp. 40-42.
- Bedő Z, Láng L, Szunics L, Veisz O, Vida Gy, Karsai I, Mészáros K, Juhász A, Rakszegi M, Szűcs P, Puskás K, Kuti Cs, **Megyeri M,** Gál M, Nagy IJ. (2003)Items from Hungary: Department of Wheat Breeding. ANNUAL WHEAT NEWSLETTER 49: pp. 30-34.
- Bedő Z., Szunics L., Láng L., Veisz O., Karsai I., Juhász A., Rakszegi M., Vida Gy., Szűcs P., Kuti Cs., **Megyeri M.,** Gál M. (2002): Breeding. Annual Wheat Newsletter, Vol. 48:66-70.
- Bedő Z., Szunics L., Láng L., Szunics Lu.,Veisz O., Karsai I., Vida Gy., Szűcs P., Juhász A., Gál M., Bencze Sz., **Megyeri M.,** Puskás K, Horváth Cs. (2001): Breeding. Annual Wheat Newsletter, Vol. 47:56-59.
- Bedő Z., Szunics L., Láng L., Szunics Lu.,Veisz O., Karsai I., Vida Gy., Szűcs P., Juhász A., Gál M., Bencze Sz., **Megyeri M.,** Puskás K, Horváth Cs. (2000): Breeding. Annual Wheat Newsletter, Vol. 46:47-50.