

I. KAJSZIFAJTÁK TERMÉKENYÜLÉSÉNEK ÉS DIVERZITÁSÁNAK MOLEKULÁRIS VIZSGÁLATA

1. Termékenyülési vizsgálatok

A BCE Genetika és Növénynevelés Tanszék kajsziültetvényét számos fajttal bővítettük. Török, marokkói, tunéziai, grúz illetve iráni fajták és genotípusok hajtásait és kivont DNS-ét helyeztük el a tanszéki DNS-mintabankban.

Az *S*-lókusz *S-RN-áz* és *F-box* génjeinek együttes vizsgálatával 51 török fajta teljes, és négy fajta parciális *S*-genotípusát határoztuk meg. Az azonos *S*-genotípusú fajtákat 12 új inkompatibilitási csoportba soroltuk (III-XIV). Eredményeink megerősítették, hogy annál kevesebb *S*-allél mutatható ki a különböző fajtakörökben, minél távolabb helyezkednek el a kajszi valószínűsíthető kínai géncentrumától. A magyar és török fajták közti kapcsolatot bizonyítja, hogy azok az allélok, melyeket korábban kizárólagosan magyar fajtákból írtunk le, a török fajtákban is nagy gyakorisággal voltak kimutathatók.

Az eredményeket bemutató publikáció: Halász et al. (2010): J. Amer. Soc. Hort. Sci., 135: 410–417.

Korábbi vizsgálataink igazolták, hogy az öntermékenyülésért felelős S_C -allél az S_8 funkcióvesztéses mutációja következtében alakult ki. Feltételeztük, hogy az S_{FC} -allél kialakulása Kelet-Törökországban következett be, hiszen a keleti régióban az öntermékenyülésért felelős S_C -allél nem volt kimutatható, ugyanakkor eredeti, vad típusú változata (S_8) viszonylag nagy gyakorisággal fordult elő. A kelet-törökországi Erzincan régióban vadon élő 63 kajsziegyed *S*-genotípusát határoztuk meg. Összesen 10 ismert és két új allélt azonosítottunk. Előző vizsgálataink ugyanezeket az allélokat mutatták ki hasonló gyakorisággal a Törökországban termesztett tájfajták esetében. Ha az S_C -allél jelen van Erzincanban, előfordulási gyakorisága kétséges. Az S_C -haplotípusú pollenszemek bármely genotípussal kompatibilisek, így az allél elterjedése elvileg akadálytalan. Ugyanakkor a sorozatos öntermékenyülések hatására bekövetkező beltenyésztéses leromlás miatt akár ki is szorulhat a populációból. Ugyan az S_C -allél jelenléte nem zárható ki teljes bizonyossággal eredményeink alapján, mégis valószínűsítjük, hogy az öntermékenyülést okozó mutáció nem Erzincanban, hanem az attól déli-délkeleti irányban húzódó területen következhetett be. Ennek igazolásához további vizsgálatok szükségesek.

Az eredményeket bemutató publikációk: Halász et al. (2013): Turk. J. Biol. (in press).

Kosztina régi hipotézise szerint az észak-afrikai kajszi az iráni-kaukázusi fajtakörből származik, melynek jellemző tulajdonsága az önmeddőség. Ennek vizsgálatára Marokkó különböző régióiból származó 19 termesztett genotípust vizsgáltunk szabadföldi keresztezést követő gyümölcskötődési arány meghatározásával és a pollentömlő-növekedés monitorozásával. Ezek közül 14 egyed öntermékenyülőnek bizonyult. Ezt követően meghatároztuk 55 egyed *S*-genotípusát, melyből 37 öntermékenyülő volt, ezek közül 33 homozigóta az öntermékenyülést okozó S_C -allélra. Az S_C -allél fordult elő leggyakrabban, utána az S_{13} , S_7 , S_{11} , S_2 , S_{20} , S_8 , és az S_6 -allélok. A ritka vagy váratlanul előforduló allélok verifikálására módszert dolgoztunk ki. Az S_8 , S_{11} , S_{13} és S_{20} -allélok korábban csak az iráni-kaukázusi fajtakörben jelentek meg, Európában nem. Eredményeink alátámasztják a marokkói kajszi iráni-kaukázusi eredetét, ugyanakkor cáfolják Kosztinának az észak-afrikai kajszi önmeddőségére vonatkozó hipotézisét. Mindez tovább erősíti korábbi eredményeinket, vagyis hogy az öntermékenyülés az iráni-kaukázusi területen alakult ki, és megerősíti feltételezésünket, hogy az ősi Fönícia (feltételezések szerint a kajszi föníciai kereskedőkkel jutott el Észak-Afrikába) területéhez közeli területek, például Dél-Törökország vizsgálata

érdekes eredményt hozhat. Észak-Afrikában a kajszit nagyobb variabilitás jellemzi, mint Európában, ami alól csak néhány olyan oázis volt kivétel, ahol szinte kizárólag öntermékenyülő egyedek találhatók. A genetikai diverzitás csökkenése arányos azzal a relatív időtartammal, amit a kajszi az öntermékenyülés kialakulását követően eltöltött azokon a területeken, ahol vadon nem fordul elő, például a marokkói oázisok vagy Közép-Európa.

Az eredményeket bemutató publikációk: Kodad et al. (2013): J. Hort. Sci. Biotech., 88:457-461 és Kodad et al. BMC Plant Biol. (benyújtva: 2013. április 12).

Eredményeinket a tunéziai fajták vizsgálata is megerősítette, ahol 12 fajta közül 3 öntermékenyülőt mutattunk ki. Három új inkompatibilitási csoportot (XV-XVII) is leírtunk, és Marokkóhoz hasonlóan az S_2 , S_7 , S_8 , S_{11} , S_{12} , S_{13} és az S_C -allélok itt is kimutathatók voltak.

Az eredményeket bemutató publikációk: Lachkar et al. (2013): J. Hort. Sci. Biotech., 88: 497-501.

Azonosítottunk néhány olyan öntermékenyülő kajszigenotípust, melyek *SFB* génjében nem az ismert, 358 bp méretű inszerció található meg, hanem egy 716 bp méretű. Ez az eddig nem jellemzett, öntermékenyülést előidéző allél jelenléte két egymáshoz közeli marokkói oázisban volt csak kimutatható. Molekuláris vizsgálataink alapján az eredeti 358 bp inszercióba ugyanaz a szekvencia ékelődött be egy újabb kópiában. A beékelődött szekvencia egy nem autonóm MITE (*miniature inverted-repeat transposable element*) transzpozonnak bizonyult, melynek *inverted repeat* régiói 85 nukleotid hosszúak. Az integráció során 9 bp azonos irányultságú ismétlődő szakaszok alakulnak ki. A MITE konzervatívan áthelyeződő elem, így ez az önmagába ékelődő elrendeződés feltehetően az Ouarzazate körüli Armed oázisban túlnyomó többségben lévő $S_C S_C$ homozigóta egyedek egyikében alakult ki. Az új mutációt hordozó egyedek rokonságát mikroszatellit analízissel is igazoltuk.

Az eredményeket bemutató publikációk: Halász et al., előkészületben

Meghatároztuk néhány korábban már publikált, de csak részleges szekvenciákkal jellemzett, illetve újonnan azonosított *S*-allél teljes szekvenciáját. Azokban az esetekben, ahol a túl nagy intronméret miatt a klónozási hatékonyság nem volt megfelelő, egy új eljárásra volt szükség. Ezt cseresznyeallélokra dolgoztuk ki, majd adaptáltuk kajszira is. Az *S-RN-áz* gén olyan régióra terveztünk primereket, melyek méretbeli polimorfizmust nem mutatnak, így a heterozigóta genotípusokban a két allél elválasztását CAPS-markerral, restriktációs endonukleázok segítségével végeztük. Az új megközelítés az *S-RN-áz* allélok transzspecifikus evolúciójára vonatkozó bizonyítékot is szolgáltatott: kiderült, hogy a kajszi S_{20} -*RN-áz* allélja jelentős mértékben hasonlít a vadcsesznye S_{31} -*RN-áz* alléljára. A maximális parszimónia módszer alapján készített filogenetikai analízis a *P. avium* és *P. speciosa* (*Cerasus* alnemzetség) allélokát külön kládba rendezte 100 %-os bootstrap értékkel. Minden más, a *Prunophora* alnemzetségbe tartozó faj (*P. armeniaca* és *P. mume*) allélja a *Cerasus* szekvenciák által alkotott kládon kívül található.

Valamennyi mutáció szelektív szempontból feltehetően semleges hatású (az intronrégióban található, vagy nem okoznak aminosavcserét), és ennek megfelelően nem gátolják az *S-RN-áz* aktivitását. Az S_{20} -*RN-áz* funkcióját teszteltük: a 'Ceglédi Piroska' ($S_8 S_{20}$) kajszifajta önmeddőnek bizonyult, így az S_{20} -allél funkciója valóban sértetlen. A DNS-szekvenciák közti eltérés mértéke megfeleltethető lehet az allélok hordozó fajok evolúciós szétválása óta eltelt idővel. A *Rosaceae* családon belüli fajkeletkezések relatív ideje ma még nem ismert, így ilyen típusú vizsgálatokra is hasznosítható lehet az *S-RN-áz* allélok általunk kimutatott szekvencia-polimorfizmusa (ha a változás sebességét az egyes filogenetikai ágakon azonosnak tekintjük). Az *S*-lókus működésének molekuláris hátteréről és evolúciós folyamatokra gyakorolt hatásáról szakirodalmi áttekintést készítettünk.

Az eredményeket bemutató publikációk: Szikriszt et al. (2013): *Tree Genet. Genomes* 9: 155-165.; Hegedűs et al. (2012): *Biol. Plantarum*, 56: 201–209.

Tanszékünkön az elmúlt években kiemelt nemesítési cél a *plum pox vírus* ellen rezisztens fajták létrehozása. Ebbe a programba 15 olyan külföldi fajtát vontunk be szülőpartnerként, melyek rezisztensnek bizonyultak (pl. 'Orange red', 'Alfred', 'Stark Early Orange'). Az optimális keresztezések kialakításához elengedhetetlen volt e fajták *S*-genotípusának meghatározása, mert többségük önmeddő, és *S*-allél-készletük nem volt ismert. Az eredmények közül kiemelendő, hogy az öntermékenyülő 'Alfred' fajta homozigóta $S_C S_C$ genotípusú, így szülőpartnerként ideális, mert utódai egyöntetűen öntermékenyülők lesznek, és a szelekció csak a vírusrezisztenciára irányulhat. A genotípusok meghatározása molekuláris technikával történt, amelyet szabadföldi módszerekkel ellenőriztünk. Ezekon kívül számos nemzetközi árufajta *S*-genotípusát meghatároztuk, ezeket a közeljövőben a kertészettudomány gyakorlatorientált nemzetközi fórumain, szaklapjaiban kívánunk publikálni.

2. A genetikai variabilitás jellemzése

A kajszifajták diverzitásának vizsgálatát a G1 kapcsoltsági csoportra kifejlesztett 8 SSR primerrel végeztük el 77 fajta esetében, melyeket úgy válogattunk össze, hogy valamennyi ökoföldrajzi (kínai, közép-ázsiai, iráni-kaukázusi, észak-amerikai, nyugat- és kelet-európai) fajtacsoportot reprezentálják. Az összes allélszám, az egyedi allélok száma és a heterozigótaság mértéke Kínától Közép-Európáig csökkenő tendenciát mutatott. A földrajzi csoportokra jellemző allélgyakoriságok táblázatos elrendezésével olyan „lyukkártyaszerű” ábrázolási módot dolgoztunk ki, mely a hagyományos filogenetikai törzsfák által szolgáltatott információ túlmenően az egyes lokuszokban előforduló allélméreteket is feltárja, így azok méretváltozásának illetve egyes földrajzi csoportok allélkészletének összevetését is lehetővé teszi.

Az eredményeket bemutató publikáció: Pedryc et al. (2009): *Sci. Hortic.* 121: 19–26.

Ugyanezen mintákon ISSR-vizsgálatokat végeztünk, kiválasztottuk a legtöbb információt nyújtó, polimorf mintázatot adó primereket. Mivel e marker domináns, a heterozigótaság mértékére nem lehet az eredményekből következtetni, így azoknál a növényeknél, melyek esetében kellő mennyiségű és jól működő SSR-primer áll rendelkezésre, feltétlenül ezek használata preferálható.

A török tájfajták között találtunk hármat, melyek genotípusa $S_C S_8$, ami korábbi vizsgálatok alapján csak a Magyarkajszi fajtakörre volt jellemző. Feltételeztük, hogy ezek a fajták rokonságban állhatnak a Magyarkajszi vagy az Óriáskajszi fajtakörrel. Ennek igazolására a 13 SSR és EST-SSR primerrel végeztünk mikroszatellit vizsgálatokat 42 török, magyar és marokkói genotípuson. A vizsgált török és magyar kajszifajták azonos *S*-genotípusuk ellenére is jól elkülönülő kládokra kerültek. Ennek alapján a vizsgált recens magyar és török kajszifajták között nincs közvetlen kapcsolat, vagy az elmúlt közel 300 év során ivaros úton létrejött utódokban már nem kimutatható a rokonság.

Az eredményeket bemutató publikációk: Pedryc et al. (2009): *Sci. Hortic.* 121: 19–26.

A genetikai diverzitást a fajták és genotípusok egy részénél fenotípusos értékmérők (pl. a gyümölcs antioxidáns kapacitása) alapján is jellemeztük. A kiemelkedő antioxidáns értéket mutató fajták/nemesítési anyagok felhasználhatók a tanszék funkcionális nemesítési programjában, melynek célja a kedvező egészségi hatású vegyületekben gazdag gyümölcsöt termő, új fajták előállítása. A perspektivikus genotípusok termékenyülését meghatározó

genetikai háttér vizsgálata nemesítési és termesztési szempontból egyaránt kiemelt cél. Munkánk során több értékes beltartalommal rendelkező genotípust azonosítottunk, melyek zöme közép-ázsiai eredetű. Ezek közül meghatároztuk számos fajta teljes és parciális *S*-genotípusát, ami a tanszéki nemesítési programban jól használható információt ad.

Az eredményekhez kapcsolódó publikáció: Hegedűs et al. (2010): *J. Food Sci.*, 75(9): C722–C730.

II. MANDULAJAJTÁK TERMÉKENYÜLÉSÉNEK ÉS DIVERZITÁSÁNAK MOLEKULÁRIS VIZSGÁLATA

1. Termékenyülési vizsgálatok

A mandula génbanki ültetvényünket több kelet-európai, magyar, olasz és kaliforniai fajta oltványával bővítettük. Ezen túlmenően számos törökországi és üzbég genotípus, kaliforniai árufajta és fajtajelölt, magyarországi genotípus illetve vad fajok hajtásait és kivont DNS-ét helyeztük el a tanszéki DNS-mintabankban.

Elsőként közöltük a magyar mandulafajták *S*-genotípusát, valamint jellemeztük genetikai variabilitásukat. A DNS-szekvenciák meghatározása két új inkompatibilitási csoport létezését valószínűsítette, amit szabadföldi termékenyülési vizsgálattal igazoltunk. Négy, korábban nem ismert allélt azonosítottunk (S_{36} - S_{39}). Az öntermékenyülésért felelős S_f -allélt egyetlen magyar vagy kelet-európai fajtában sem találtuk meg.

Az eredményeket bemutató publikációk: Halász et al. (2010): *Plant Breeding*, 129: 227–232.

Az öntermékenyülő olasz mandulafajták közül a ‘Supernova’ fajta pollenjét használtuk magyar mandulafajták (‘Tétényi keményhéjú’ és ‘Tétényi rekord’) irányított megporzásához. A ‘Supernova’ × ‘Tétényi keményhéjú’ valamint ‘Supernova’ × ‘Tétényi rekord’ kombinációkhoz összesen több száz virág mesterséges termékenyítését végeztük el egy tarcali gyümölcsültetvényben, amiből közel száz maghoz jutottunk. A magokat csíráztattuk, és a magoncokból (72 db) DNS-t vontunk ki. A hibrideket az S_f -allél jelenlétére teszteltük, és így kiválogattuk az öntermékenyülő utódokat. A hasadási arány az elméletileg várt eredményt adta (34 db öntermékenyülő): mivel a ‘Supernova’ heterozigóta (S_1S_f), így az utódok közel 50 %-a lesz öntermékenyülő mindkét kombinációban. Jövőbeli célunk az öntermékenyülő hibridek gyümölcsminőségének jellemzése a termőre fordulást követően.

A Ceglédi Gyümölcstermesztési Kutató-Fejlesztő Intézetben a hazai termesztési körülményeknek leginkább megfelelő mandulaalanyok nemesítése folyik. Meghatároztuk a nemesítő, Skola István, által kiválasztott hat értékes magtermő alanyfa *S*-genotípusát. Tíz SSR-primerrel végzett vizsgálat során megerősítettük a feltételezett pedigréjüket, illetve két vitatott esetben meghatároztuk a szülőket.

Dr. Craig Ledbetter (USDA), a kaliforniai mandulanemesítési program vezetője felkért minket, hogy meghatározzuk 9 legújabb ígéretes hibridjének *S*-genotípusát. A hibridek termékenyülési viszonyait meghatároztuk, és besoroltuk a megfelelő inkompatibilitási csoportokba.

Az eredményeket bemutató publikáció: Mercure et al. (2013): *J. Am. Pomol. Soc.* 67: 126-134.

2. A genetikai variabilitás jellemzése

A genetikai variabilitás vizsgálatához 40-nél több olyan SSR primert választottunk ki, melyeket korábban javasoltak *Prunus* fajok esetében. Ezek tesztelését követően választottuk ki a 7 leginformatívabb genomi és 4 EST-SSR primerpárt, melyek a mandula mind a 8

kapcsoltsági csoportját reprezentálják. A vizsgált mintakör magyarországi, török, marokkói, ukrán, francia, kirgiz, kaliforniai önmeddő és olasz öntermékenyülő genotípusokat (fajták, felhagyott ültetvények területén élő fák, alanyfák és természetes populációk egyedei), továbbá három vad fajt tartalmazott, összesen 97 mintát. A PCR-fragmentumok méretének meghatározása automata DNS-szekvenátorral történt, az adatok kiértékeléséhez a Popgene 1.32, a TREEVIEW és BAPS 3.2 programokat használtuk.

A 11 lókuszban összesen 170 allélt detektáltunk. Az allélok mérete 86 és 230 bp között változott. Az lókuszonkénti átlagos allélszám 15,45 volt. Az SSR-primerek lókuszonkénti átlagos allélszáma nagyobb volt (17,85), mint az EST-primereké (11,25). A Shannon-féle diverzitásindex 2,16-os értéke nagy genetikai variabilitásra utalt. A megfigyelt heterozigótáság (H_o) a lókuszból átlagában 0,67 volt, ami hasonló a más vizsgálatok során spanyol, kínai és kaliforniai fajtáknál meghatározott értékekhez. A Wright-féle *fixációs index* átlagos értéke $F_{ST}=0,58$ volt, ami jelentős mértékű genetikai differenciálódásra utal.

Az öntermékenyülő fajtákra jellemző 0,53-as megfigyelt heterozigótásági érték valamennyi többi csoport értékétől elmaradt. Tekintve, hogy a mandula esetében az öntermékenyülés viszonylag új jelenség (alig néhány évtizede vannak megfelelő minőségű árufajták), a beltenyésztésre utaló jeleket mindeztáig nem közölt a szakirodalom. Vizsgálatunk alapján azonban feltehető, hogy az öntermékenyülő fajták kialakulása során az apúliai régióban az azonos vagy közel rokon genotípusok kereszteződése is bekövetkezett, aminek első jeleként értelmezhető a megfigyelt variabilitás e fajtakörre jellemző, enyhe csökkenése. A kaliforniai fajták kisebb allélszáma a modern nemesítési programok hatására, a felhasznált genotípusok szűk körére utal.

Meghatároztuk a Nei-féle genetikai távolság adatokat, melyek alapján UPGMA módszerrel dendrogramot szerkesztettünk. A dendrogramon bizonyos földrajzi eredetű (pl. kirgiz, török, észak-amerikai) egyedek jól elkülönülő csoportokat alkotnak, ugyanakkor fenotípusos tulajdonságok (pl. keserű magvúság, héjkeménység) alapján nem rendeződtek az egyedek önálló csoportokba. A Bayes-módszerre épülő, modell alapú klaszterezés (BAPS analízis) $K=14$ ($P=0,7942$) genetikailag eltérő csoport létezését igazolta. A marokkói mandula bizonyult a legvariábilisabbnak, ezek négy különböző klaszterbe rendeződtek. A magyar fajták két fő csoportba rendeződtek, melyeket egymáshoz képest jelentős mértékű genetikai eltérés jellemez. A különböző területekről származó egyedek nem alkotnak elkülönülő alcsoportokat; a tétényi fajták, ceglédi alany-magtermő fák valamint a Szigetcsépi fajták, a keserűmagvú XIX. századi mandulaalanyok keverten rendeződnek el, csak a Monor környékén talált idős fák különülnek el ettől a csoporttól.

A törökországi Bademli község határában és Akdamar szigetén vadon növő mandulapopulációk találhatóak. A Bademli körzetében növő fák genetikai variabilitása jelentősen meghaladta az Akdamar-szigeti mandulapopulációét. Az Akdamar szigetén élő egyedek nagy részének genotípusa alig mutat egymástól eltérést, ami önmeddő növények esetén az alapító hatással és a földrajzi izolációval magyarázható. Érdekes, hogy a két törökországi régió mandulapopulációi két, egymástól jól elkülönülő csoportot alkotottak. Ebben egyrészt szerepe lehet az akdamari populáció szűk allélkészletének, illetve annak, hogy Bademli térségében a vadon élő mandulák a *P. webbii* fajjal hibridizálódhatnak. Ezen eredményeinket az *S*-allélokra irányuló vizsgálataink megerősítették. Az akdamari mandulákból viszonylag korlátozott számú *S*-allélt mutattunk ki. Érdekes viszont, hogy a BlastN analízis tanúsága szerint a törökországi mandulák (különösen Bademli körzetében) számos *P. webbii* allélt is hordoznak. Ezek alapján valószínű, hogy az anatóliai régióban, ahol a *P. webbii* természetes flóraelem, a két *Prunus* faj között az introgresszív hibridizáció jelentős mértékű.

A marokkói genotípushoz legközelebb a *P. arabica* faj áll. Igen érdekes, hogy ez a faj nem különül el élesen (külcsoport) a *P. dulcis* fajtától, mint a *P. tenella*. A *P. arabica* az

Észak-Afrikától távol eső Közel-Keleten honos növény. Érdekes azonban számításba venni, hogy a faj a félsivatagos körülmények között is előfordul, mely adaptációs képesség Marokkó vidékein is jelentős előnyt adhatna e fajnak. A föníciaiak közel 2500 évvel ezelőtt számos gyümölcs terjesztésében részt vettek. A kajszi ilyen irányú terjedését alátámasztó adatokat már közöltük, ezek alapján elképzelhető, hogy eredményeink a mandula esetére is kiterjeszthetők lesznek.

Összegezve megállapítható, hogy a mandulát Közép-Ázsiától az Egyesült Államokig nagy genetikai variabilitás jellemzi. A modern nemesítési programokban preferált genotípusok célzott használatával, illetve természetes körülmények között (pl. földrajzi izoláció hatására) láthatók a genetikai variabilitás csökkenésének jelei. A genetikai változékonyság azonban mégsem mutat olyan mértékű, a domesztikációnak tulajdonítható, negatív irányú változást, mint más fajok (például kajszi, őszibarack) esetében. Ebben szerepe van a vad fajokkal (*P. webbii*, *P. orientalis*, esetleg *P. arabica*) történő fajkereszteződés (introgresszió) jelenségének is. Ilyen folyamatok vezetnek az eltérő földrajzi környezetben élő populációk nagymértékű genetikai differenciálódásához.

A genetikai variabilitás leszűkülésének másik oka az öntermékenyülés kialakulása lehet. Mandula esetében az öntermékenyülés viszonylag új jelenség, de már kimutatható volt az öntermékenyülő fajták heterozigótaságának kismértékű csökkenése. Mindez a nemesítési programok gyakorlatával együtt a termesztett mandula genetikai variabilitására reális veszélyt jelenthet a jövőben. Eredményeink felhívják a figyelmet arra is, hogy a gyümölcsfák genetikai alapjainak formálása terén a termékenyülési fenotípus megváltozása kiemelkedő jelentőségű.

Az eredményeket bemutató publikációk: Halász et al. Trees (Benyújtva: 2013. július 20).

ELTÉRÉSEK INDOKLÁSA

A pályázati munkatervben előirányzott célkitűzések megvalósultak, a pályázat szakmailag sikeresen lezárult. A költségtervtől néhány eltérésre sor került. A pályázat futamideje alatt ikergyermekeim születése miatt egy évet halasztottam, és ennek következtében egy tervezett konferencián nem tudtam részt venni. A munka során a szekvenálási reakciókat és a fragmentumhossz-analíziseket szolgáltatásként vásároltuk, és a gazdasági válság következtében a szolgáltatások ára olyan mértékben növekedett meg, amely a költségvetés tervezésekor nem volt előre látható. Ahhoz, hogy a növényanyag tervezett mintaszámaival folytatódjon a vizsgálat, keretátcsoportosításra volt szükség.

A GYED miatti egy éves halasztás következtében az eredetileg 2010. évre tervezett, mandula és kajszi növények szabadföldi keresztezéses kísérletei abban az időpontban nem valósultak meg. A 2011. és 2012. évben végzett keresztezések sikeresek voltak, a tervnek megfelelő hibridpopuláció rendelkezésünkre állt. Az egy évben kimaradt keresztezések elvégzésére 2013 tavaszán nyílt lehetőség, így a 2013. március 31-én lejárt pályázat 3 hónappal történő meghosszabbítására engedélyt kaptam, ezért lehetővé vált néhány S-genotípus szabadföldi keresztezésekkel történő funkcionális tesztelésre.

ÉRTÉKMÉRŐK

A pályázati munka eredményeiből összesen **36** különböző publikáció született. Ezek között **10** impaktfaktoros folyóiratcikk (kumulatív IF=**11,114**), **6** nem impaktfaktoros folyóiratban megjelent cikk, **16** konferencia-összefoglaló és **4** teljes szövegű konferencia-kiadvány. Jelenleg bírálat alatt áll **2** impaktfaktoros közlemény, és **egy** kézirat benyújtása nyár

végén várható. A pályázati munka eredményeit 6 nemzetközi és 4 magyarországi konferencián mutattuk be.

Külön kiemelendő, hogy 2011-ben megalakult a *Floral biology and S-incompatibility in fruit species* nevű ISHS munkacsoport, melynek első találkozására (Olaszország, San Michele, 2011. június 22-25) plenáris előadásra kaptunk meghívást. Munkacsoportunk ezen a találkozón megbízást kapott az *S*-allélok nomenklatúrájának felülvizsgálatát és rendezését célzó munka nemzetközi koordinálására. Szintén kiemelt előadásokat tartottunk a *2nd Global Congress on Plant Reproductive Biology (Pécs)* és a *2nd Symposium on Horticulture in Europe (Angers)* kongresszusokon, továbbá az *Innovation in fruit growing (Belgrád)* konferencián meghívott előadóként számoltunk be eredményeinkről. Ezenkívül a pályázati munka eredményeihez kötődően 3 TDK dolgozat született, melyek az OTDK versenyen 1., 2. helyezést értek el, valamint különdíjat nyertek. A vezető kutató elnyerte a 2012. évi *Scientia Amabilis* díjat és a Budapesti Corvinus Egyetem *Kutatási Kiválósági Díját*.

A munka során három jelentős nemzetközi együttműködés valósult meg: *Dr. Craig Ledbetter* (United States Department of Agriculture, Agricultural Research Service, Crop Diseases, Pests & Genetics Research Unit, Kalifornia); *Dr. Ossama Kodad* (Département d'Arboriculture, École Nationale d'Agriculture de Meknès, Marokkó) és *Dr. Sezai Ercisli* (Department of Horticulture, Ataturk University, Törökország) kutatócsoportjaival.