

## Mikroszatellit ujjenyomat alkalmazása „hungaricum” szőlőfajták pedigré elemzésére

Galbács Zsuzsanna<sup>1</sup> – Molnár Stella<sup>1</sup> –  
Halász Gábor<sup>1,2</sup> – Hoffmann Sarolta<sup>3</sup> –  
Veres Anikó<sup>1</sup> – Galli Zsolt<sup>1</sup> – Szőke Antal<sup>1</sup> –  
Tóth Zsófia<sup>1</sup> – Pilinszky Katalin<sup>1</sup> –  
Wichmann Barnabás<sup>1</sup> – Kozma Pál<sup>3</sup> –  
Kiss Erzsébet<sup>1</sup> – Heszky László<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Szent István Egyetem

Mezőgazdaság- és Környezettudományi Kar,  
Genetika és Biotechnológiai Intézet, Gödöllő

<sup>2</sup>Höhere Bundeslehranstalt und Bundesamt für Wein- und Obstbau,  
Klosterneuburg, Austria

<sup>3</sup>FVM Szőlészeti és Borászati Kutatóintézete, Pécs  
galbacs.zsuzsanna@mkk.szie.hu

### ÖSSZEFOGLALÁS

A szőlőfajták genotipizálása céljából, mikroszatellit markerekkel folytatott vizsgálatainkba a Kárpát-medencében őshonos és magyar nemesítésű fajtákat vontunk be. 2005-ig 101 fajta DNS ujjenyomatát határoztuk meg 6 mikroszatellit markerrel, amelynek eredményeként sikerült elkülönítenünk egymástól a fajtákat. Ezeknek az eredményeknek az alapján pedigré meghatározás céljából további mikroszatellit markerekkel vizsgáltuk a Csabagyöngye, a Királyleányka eredetét, illetve molekulárisan is bizonyítottuk a Mátrai muskotály és az Irsai Olivér szülő-utód kapcsolatait. A Királyleányka és feltételezett szülei esetében további 5, tehát összesen 11, a Csabagyöngye, Irsai Olivér és a Mátrai muskotály származásának igazolására pedig újabb 13, azaz összesen 19 markert vontunk be. A fajták közötti genetikai távolságok meghatározására klaszter-analízist végeztünk és dendrogramot szerkesztettünk, amely azt bizonyította, hogy a vizsgált fajták elkülöníthetők egymástól a mikroszatellit/SSR (Simple Sequence Repeat) lokuszokban kapott allélméreték alapján. A szülő-utód kapcsolatokat az Identity 1.0 Statisztikai programmal valószínűsítettük. Ezek az eredmények megerősítették az Irsai Olivér és a Mátrai muskotály eredetét, de nem igazolták a Királyleányka-Kövérszőlő, illetve a Csabagyöngye-Bronnerstraupe-Ottonel muskotály utód-szülő kapcsolatokat.

**Kulcsszavak:** szőlőfajták, DNS ujjenyomat, pedigré, mikroszatellit allél

### SUMMARY

Hungarian grapevine cultivars and varieties autochthonous in the Carpathian Basin were involved into our examination, which aimed at genotyping their accessions. DNA fingerprints of 101 varieties were determined with 6 microsatellite markers till 2005, resulting in successful discrimination of the accessions. Based on these results for pedigree determination, even more cultivars and primers were involved into the analyses. For studying the origin of Csabagyöngye and for proving the parent-progeny relations of Irsai Olivér and Mátrai muskotály, 19 microsatellite markers were applied, while 11 were selected for tracing the origin of Királyleányka. Genetic distances between the varieties were estimated with cluster analysis and demonstrated by dendrogram, proving that the varieties can be discriminated from each other

based on the microsatellite allele sizes. Pedigree of Irsai Olivér and Mátrai muskotály has been confirmed by microsatellite allele size results, searching for the parents of Csabagyöngye and Királyleányka is in progress, since the molecular-marker based pedigree does not correspond with the putative origin of these cultivars. Our results excluded progeny-parent relationships in the Csabagyöngye-Bronnerstraupe-Muscat ottonel (Ottonel muskotály) and the Királyleányka-Kövérszőlő combinations.

**Keywords:** grapevine varieties, DNA fingerprint, pedigree, microsatellite allele

### BEVEZETÉS

A mikroszatellit vagy SSR (Simple Sequence Repeats) ujjenyomatok a különböző szőlőfajták molekuláris jellemzésének hatékony eszközeivé váltak, mióta Thomas és Scott 1993-ban leírták az első, a szőlő fajták genotipizálásra alkalmas mikroszatellit szekvenciákat (Thomas és Scott, 1993; Sefc et al., 1999). A szőlő mikroszatellit szekvenciák növekvő száma (Lefort et al., 2002; Arroyo-Garcia és Martinez-Zapater, 2004) sokoldalú alkalmazást tesz lehetővé, ami az ismétlődő motívumoknak a genomban való egyenletes eloszlásán, gyakori előfordulásán, hossz-polimorfizmusán, kodomináns öröklődésén, az eredmények reprodukálhatóságán alapul (Cipriani et al., 1994; Lefort és Roubelkais-Angelakis, 2001).

Nemcsak fajta-azonosításra, hanem klónok megkülönböztetésére és szinonimák, homonimák felderítésére is alkalmazzák a mikroszatellit markereket (Regner et al., 2006; Crespan, 2004). A mikroszatellit lokusz-specifitása és kodomináns mendeli öröklődése lehetővé teszi a szőlőfajták pedigréjének meghatározását (Sefc et al., 1997; Meredith, 2001). A szülő utód kapcsolatok akkor is egyértelműen levezethetőek, ha a vélt vagy valós keresztezési partnerek heterozigóták az adott mikroszatellit lokuszban, mivel a diploid utód az egyik allélt az egyik, a másikat pedig a másik szülőtől kapja (Galli et al., 2005). Thomas et al. (1994) alkalmazták először a mikroszatellit mintázatokat szőlőfajták származásának

meghatározására. Egyrészt az ismert keresztezéseket (Tarrango, Ruby Seedless, Maroo seedless, Sultana Moscata) DNS vizsgálattal is megerősítették, másrészt nem bizonyított feltételezett kombinációkat kizártak (Aurelia, Müller-Thurgau). Mikroszatellit elemzéssel állapították meg néhány olyan híres nemzetközi fajta eredetét, mint a Cabernet Sauvignon (Bowers és Meredith, 1997; Sefc et al., 1997), Chardonnay (Bowers et al., 1999), Müller-Thurgau (Sefc et al., 1997; Dettweiler et al., 2000). Fontos helyi fajták származását is sikerült kideríteni SSR elemzéssel: a Posip bijeliét Horvátországban (Piljac et al., 2002), az Ansonicát Olaszországban (Labra et al., 1999), a Cornalin du Valaisét Svájcban (Vouillamoz et al., 2003).

A Királyleányka régi kárpát-medencei fajta, amelyről azt tartják, hogy a Leányka és a Kövérszőlő spontán kereszteződéséből jött létre Segesvár környékén (Csepregi és Zilai, 1988; Hajdu, 2003). Ennek a feltételezésnek a bizonyíthatóságát is vizsgáltuk SSR elemzéssel.

A rendkívül korán érő, híres Csabagyöngye fajta eredetéről a legtöbb ampelográfiai munka azt írja, hogy a Bronnerstrube és az Ottonel Muskotály keresztezésével állította elő a 19. század végén Mathiász János, majd a magvakat Stark Adolf békéscsabai szőlésznek ajándékozta (Dedinszky, 1984; Csepregi és Zilai, 1988). A 20. század elején megpróbálták a Bronnerstrube×Ottonel Muskotály keresztezéssel újra előállítani a Csabagyöngyét, de nem sikerült a Csabagyöngyéhez hasonló korai genotípust szelektálni az utódokból (Kozma, személyes közlés). Kísérleteink célja a Csabagyöngye származásának kiderítése, ezért először RAPD (Kozma et al., 2003), majd mikroszatellit primerekkel vizsgáltuk a Bronnerstrube, az Ottonel muskotály fajtákat, illetve olyan magyar fajtákat, amelyeknek az előállításában a Csabagyöngye és az Ottonel muskotály szerepet játszott. Az Irsai Olivért Kocsis Pál állította elő 1930-ban (Németh, 1975; Hajdu, 2003), a Pozsonyi fehér és a Csabagyöngye keresztezésével. A Mátrai muskotályt Kozma Pál az Ottonel muskotály és az Izsáki keresztezésével hozta létre 1952-ben (Bényei és Lőrincz, 2005). Az Irsai Olivér és a Mátrai muskotály a mikroszatellit elemzéseken alapuló pedigre elemzésekben, egyúttal a módszer megbízhatóságát bizonyító kontrollként is szolgál.

Vizsgálataink célja a Királyleányka és a Csabagyöngye feltételezett eredetének tisztázása mellett az Irsai Olivér és a Mátrai muskotály fajta dokumentált feltételezett pedigréjének meghatározása volt, mikroszatellit allélméreték alapján.

## ANYAG ÉS MÓDSZER

### Növényanyag

A vizsgálatokban szereplő Csabagyöngye, Irsai Olivér, Királyleányka, Kövérszőlő, Leányka, Mátrai muskotály és Ottonel muskotály fajták fiatal leveleit az FVM pécsi Szőlészeti és Borászati Kutatóintézetében gyűjtöttük, Bronnerstrube mintát

három helyről kaptunk: Kecskemét (FVM Szőlészeti és Borászati Kutatóintézet), Montpellier (INRA Franciaország) és Karácsonyfalva (Románia).

### DNS izolálás és mikroszatellit elemzés

A szőlőlevelekből a DNS-t Plant DNeasy® mini kittel (Qiagen, Biomarker Kft., Gödöllő) izoláltuk a gyártó előírásait követve. A DNS minőségét és mennyiségét NanoDrop spektrofotométerrel ellenőriztük. A mikroszatellit elemzéseket Halász et al. (2005) szerint hajtottuk végre. A PCR reakciókhoz a forward primereket CY-5 fluorszcens festékkel jelöltettük (Metabion, Merck Kft., Budapest). A PCR termékeket 8%-os denaturáló poliakrilamid gélen (Reprogel, GE Healthcare Bio Sciences, AP Hungary Kft., Budapest) választottuk el. Az allélméreteket ALFexpress II DNS analízátorral (Amersham Biosciences, AP Hungary Kft., Budapest) határoztuk meg ALFexpress™sizer molekulatömeg standard alkalmazásával.

A Királyleánykát és feltételezett szüleit (Kövérszőlő és Leányka) összesen 11 [A Halász et al., 2005 cikkben, illetve a Magyar Szőlő Mikroszatellit /SSR Adatbázisban (Kiss et al., 2006) szereplő 6 markeren (Scu08vv, Scu10vv, ssrVrZAG64, **ssrVrZAG79**, VVMD21, VVMD36)] kívül még a következő 5-tel elemeztük: **ssrVrZAG62**, ssrVrZAG83, ssrVrZAG112, **VVMD28**, VVMD31]. A Csabagyöngye, Irsai Olivér és a Mátrai muskotály származásának igazolására pedig 19 markert vontunk be az előbbi 11 mellett még a **VVMD5**, **VVMD7**, **VVMD32**, ssrVrZAG21, ssrVrZAG25, VMC4c6, VMC4g6, **VVS2** mikroszatellit lokuszban határoztuk meg az allélek méretét (Bowers et al., 1996, 1999; Di Gaspero et al., 2000; Scott et al., 2000). Az álló és dőlt vastag betűvel jelölt primereket a **Genres08**, illetve a **GrapeGen06** EU projektek ajánlása alapján választottuk, a többi mellett pedig a saját vizsgálataink előzetes primer tesztjei alapján döntöttünk.

### Az eredmények értékelése

#### Mikroszatellit allélméret meghatározás

Az allélméret meghatározását ALFwin Fragment analyser 1.00 szoftverrel végeztük.

#### Statisztikai elemzés

A szülő-utód kapcsolatok valószínűsítésére az Identity 1.0 (Wagner és Sefc, 1999), a fajták közötti genetikai távolságok meghatározására, dendrogram szerkesztésére az SPSS for Windows 2001 (SPSS Inc) szoftvereket alkalmaztuk. Mindkét esetben a mind a tíz fajtára alkalmazott közös 11 SSR lokuszban kapott adatokat használtuk fel.

## EREDMÉNYEK

A mikroszatellit analízisekben kapott allélméret adatokat az 1. és 2. táblázatban mutatjuk be, amelyek közül az 1. táblázat a Királyleányka-Kövérszőlő-Leányka eredményeit foglalja össze.

1. táblázat

**A Királyleányka és feltételezett szülei (Leányka×Kövérzölő) mikroszatellit (SSR) allél méretei**

SSR lokusz(1)	Allél méretek(2) [bp]		
	Leányka	Kövérzölő	Királyleányka
Scu08vv	185:185	185:185	185:185
Scu10vv	202:208	208:208	208:214
ssrVrZAG62	195:197	199:207	197:207
ssrVrZAG64	161:165	145:161	145:165
ssrVrZAG79	240:254	240:254	252:254
ssrVrZAG83	191:197	191:197	191:191
ssrVrZAG112	232:243	237:243	232:243
VVMD21	250:250	250:259	244:250
VVMD28	248:260	246:260	228:260
VVMD31	201:207	207:211	201:209
VVMD36	266:276	264:266	254:266

Árnyékolással jelöltük a szülő-utód kapcsolatot kizáró mikroszatellit markereket és alléleket(3)

Table 1: Microsatellite allele sizes of Királyleányka and their putative parents: (Leányka×Kövérzölő)

SSR locus(1), Allele sizes(2), Shaded boxes indicate the microsatellite loci and allele sizes excluding the parent-progeny relationship(3)

Egyértelműen ellenőrizhető, hogy a Kövérzölőt, mint lehetséges szülőt kizárhatjuk, hiszen a

ssrVrZAG62 és a VVMD31 lokuszokban a Királyleányka olyan allélmérettel jellemezhető, amelyek hiányoznak a Kövérzölőből, ugyanakkor a Leányka, az általunk eddig vizsgált 11 SSR lokusz alapján még lehet a Királyleányka egyik őse (Kiss et al., 2005). A Királyleányka Györffyné et al. (2006) VMC4A1, VMC4G6, VVMD7 és ssrVrZAG79 primerekkel kapott eredményei szerint sem származhat közvetlenül a Kövérzölőből. A kárpát-medencei fajták közül 11 lokusz alapján a Leányka×Mustos kombináció még valószínűsíthető volt (Kiss et al., 2005), de ezt a további vizsgálataink kizárták (az adatokat nem közöljük).

A mi eredményeinkkel ellentétben, Bisztray és munkatársainak az ssrVrZAG62 lokuszban meghatározott allél adatai alapján a Leányka sem valószínűsíthető őse a Királyleánykának (Bisztray et al., 2005).

A Csabagyöngye egyik feltételezett pedigrijét (Bronnerstraube×Ottone) mikroszatellit elemzéssel kapott adatok (2. táblázat) kizárják. A 2. táblázatban kiemeltük azokat az mikroszatellit marker lokuszokat, amelyekben meghatározott allélméret nem származhat a feltételezett szülőktől. Ugyanakkor az eddig vizsgált fajták között nem sikerült a lehetséges szülőpárt megtalálnunk.

2. táblázat

**A Csabagyöngye, Irsai Olivér, Mátrai muskotály és feltételezett szülei mikroszatellit/SSR allél méretei (Bronnerstraube×Muscat Ottone, Csabagyöngye×Pozsonyi fehér, Izsáki×Muscat Ottone)**

SSR lokusz(1)	Allél méretek(2) (bp)							
	Bronners- traube	Ottone muskotály	Csaba- gyöngye	Pozsonyi fehér	Irsai Olivér	Izsáki	Mátrai muskotály	Bronners- traube
Scu08vv	185:185	185:185	185:185	185:192	185:185	185:185	185:185	185:185
Scu10vv	202:214	208:214	205:214	202:214	205:214	208:214	214:214	202:214
ssrVrZAG21	208:208	208:208	202:208	202:204	204:208	208:208	208:208	208:208
ssrVrZAG62	197:207	191:197	189:207	207:207	207:207	191:207	191:191	197:207
ssrVrZAG64	141:145	139:161	161:161	139:145	139:161	139:161	139:161	141:145
ssrVrZAG79	248:254	258:262	258:262	254:254	254:258	240:246	240:258	248:254
ssrVrZAG83	191:203	193:203	191:203	191:197	197:203	197:203	197:203	191:203
ssrVrZAG112	243:245	237:245	243:245	237:245	243:245	237:245	237:237	243:245
VVMD5	236:240	226:228	236:236	226:234	226:232	226:232	226:232	236:240
VVMD7	252:262	242:246	252:252	252:258	252:252	242:252	242:246	252:262
VVMD21	250:250	267:267	244:267	244:259	244:244	244:250	244:267	250:250
VVMD28	215:232	258:269	215:269	269:279	215:269	234:258	258:269	215:232
VVMD31	206:210	206:210	210:218	204:208	208:218	206:208	206:206	206:210
VVMD32	242:274	242:266	274:274	252:274	252:274	258:274	266:274	242:274
VVMD36	244:296	264:276	264:296	264:264	264:296	254:276	264:276	244:296
VMC4f3	164:184	170:204	164:206	164:170	170:206	170:170	170:204	164:184
VMC4c6	162:165	162:162	157:162	157:157	157:157	157:165	157:162	162:165
VMC4g6	130:144	130:138	130:132	132:135	132:132	128:132	128:138	130:144
VVS2	143:143	133:143	133:155	135:153	135:155	143:143	143:143	143:143

Árnyékolással jelöltük a szülő-utód kapcsolatot kizáró mikroszatellit markereket és alléleket(3)

Table 2: Microsatellite allele sizes of Csabagyöngye, Irsai Olivér and Mátrai muskotály and their putative parents: Bronnerstraube×Muscat Ottone, Csabagyöngye×Pozsonyi fehér, Izsáki×Muscat Ottone

SSR locus(1), Allele sizes(2), Shaded boxes indicate the microsatellite loci and allele sizes excluding the parent-progeny relationship(3)

A 2. táblázatban mutatjuk be az Irsai Olivér és a Mátrai muskotály pedigréjét egyértelműen alátámasztó SSR adatokat. A táblázat adatai és jelölései alapján követhető, hogy az Irsai Olivér (Csabagyöngye×Pozsonyi fehér) csupa olyan allélt tartalmaz, amelyek a Csabagyöngyében, illetve a Pozsonyi fehér fajtában is megvannak. A Mátrai muskotály (Izsáki×Ottonel muskotály) alléljai is megtalálhatóak az Izsáki és Ottonel muskotály fajtákban.

Az 10 fajta 11 mikroszatellit markerrel kapott adatainak Identity 1.0 programmal történő értékelésének eredményeit a 3. táblázat szemlélteti. A táblázatból kiolvasható, hogy az Irsai Olivér esetében  $1,77 \cdot 10^4$ -szer nagyobb a valószínűsége annak, hogy a Csabagyöngye és a Pozsonyi fehér a két szülő, mint annak hogy másik véletlenszerűen kiválasztott fajtapár keresztezéséből származik. A Mátrai muskotály=Ottonel muskotály×Izsáki

keresztezés valószínűsége  $2,19 \cdot 10^4$ -szer nagyobb, mint az, hogy a Mátrai muskotály más random szülőktől származik. Jobb elkülönítő képességű és/vagy több marker alkalmazása jelentősen növeli ezt az arányszámot (Kiss et al., 2005).

A táblázatban csak az Irsai Olivér és a Mátrai muskotály pedigréjére vonatkozó valószínűségi adatok szerepelnek. A Csabagyöngye és a Királyleányka esetében azért nem adott az Identity 1.0 statisztikai program értékeket, mert az allélok alapján semmilyen szülő-utód kapcsolat nem lehetséges a számításba bevitt fajták és a Csabagyöngye vagy a Királyleányka között. Mivel a program minden egyes marker esetében a mendeli öröklésment alapján számít, ha a szülő-utód kapcsolatot akár csak egyetlen marker-allél is kizárja, az azt jelenti, hogy a feltételezésnek 0 a valószínűsége, vagyis nincs mihez viszonyítani.

3. táblázat

**Az Irsai Olivér és a Mátrai muskotály pedigréjének valószínűsége**

Fajta(1)	Feltételezett szülő(2)	A feltételezett szülők kumulatív valószínűség értékei [1]×[2](3)				
		X×Y <sup>a,b</sup>	[1]×X <sup>a,c</sup>	[1]×rel [2] <sup>a,d</sup>	[2]×X <sup>a,c</sup>	[2]×rel [1] <sup>a,d</sup>
Irsai Olivér	[1] Csabagyöngye	$1,77 \times 10^4$	$1,00 \times 10^2$	5,45	$8,06 \times 10^3$	26,6
	[2] Pozsonyi fehér	[0,296]	[0,592]	[0,582]	[16,1]	[3,28]
Mátrai muskotály	[1] Izsáki	$2,19 \times 10^4$	$1,00 \times 10^2$	6,93	4,46	10,6
	[2] Ottonel muskotály	[0,517]	[0,584]	[0,695]	[2,46]	[1,28]

A valószínűségi értékeket 10 fajta 11 mikroszatellit lokuszban kapott alléljai alapján az Identity 1.0 programmal számítottuk ki(4)

<sup>a</sup> A zárójelbe tett számok a 95%-os felső megbízhatósági határral számított összesített valószínűségi arányokat adják meg(5)

<sup>b</sup> X és Y random, nem-rokon fajták(6)

<sup>c</sup> Az egyik szülő azonosságát feltételezzük, a másik szülő ismeretlen(7)

<sup>d</sup> Az egyik szülő azonosságát feltételezzük, a másik szülő a második feltételezett szülő közeli rokona(8)

Table 3: Likelihood ratios of the probability of the parentages of Irsai Olivér and Mátrai muskotály

Variety(1), Assumed parents(2), Cumulative likelihood value ratios of the assumed parents(3), Probability values were calculated from allele frequencies obtained for 10 cultivars at 11 microsatellite loci with the identity 1.0 software(4), <sup>a</sup> Values in parentheses [ ] are the cumulative likelihood ratios calculated with the 95 % upper confidence limits for the allele frequencies(5), <sup>b</sup> X and Y are random unrelated cultivars(6), <sup>c</sup> The identity of one of the suggested parents is assumed and the other parent is unknown(7), <sup>d</sup> The identity of one of the suggested parents is assumed and the other parent is a close relative to the second suggested parent(8)

A mind a tíz fajta vizsgálatában szereplő 11 mikroszatellit marker adat alapján szerkesztett dendrogram (1. ábra) a fajták egymástól való megkülönböztetését szemlélteti, a szülő-utód kapcsolatokra csak annyiban enged következtetni, hogy az Irsai Olivér és a Mátrai muskotály egy csoportba került a szülőfajtaival, ugyanakkor a Csabagyöngye sem a Bronnerstraubeval sem pedig az Ottonel muskotállal nem alkot közös csoportot. A klaszter analízis a Királyleánykát egy csoportba sorolta a feltételezett szülőkkel, annak ellenére, hogy a mikroszatellit adatok kizárják a Kövérszőlőt, mint lehetséges keresztezési partnert. A kontrollként is

alkalmazott Irsai Olivér és Mátrai muskotály kombinációkat alkotó 6 fajtát 5, 10, 15, 20, 25, 28 mikroszatellit adattal jellemezve (ezeket az adatokat itt nem közöljük) is szerkesztettünk dendrogramokat (2. ábra). Látható, hogy az Irsai Olivér-Csabagyöngye-Pozsonyi fehér, valamint a Mátrai muskotály-Izsáki-Ottonel muskotály csoportok már 5 primerrel is elkülöníthetőek, a primerek számának növelése mindkét csoport esetében csak azt eredményezte, hogy a fajták létrehozásában szerepet játszó genotípusok és a „hibrid” közötti nem azonos genetikai távolság a markerek számának változásával változott.

1. ábra: A vizsgált fajták közötti genetikai távolságokat szemléltető dendrogram 11 mikroszatellit markerrel meghatározott mintázat alapján

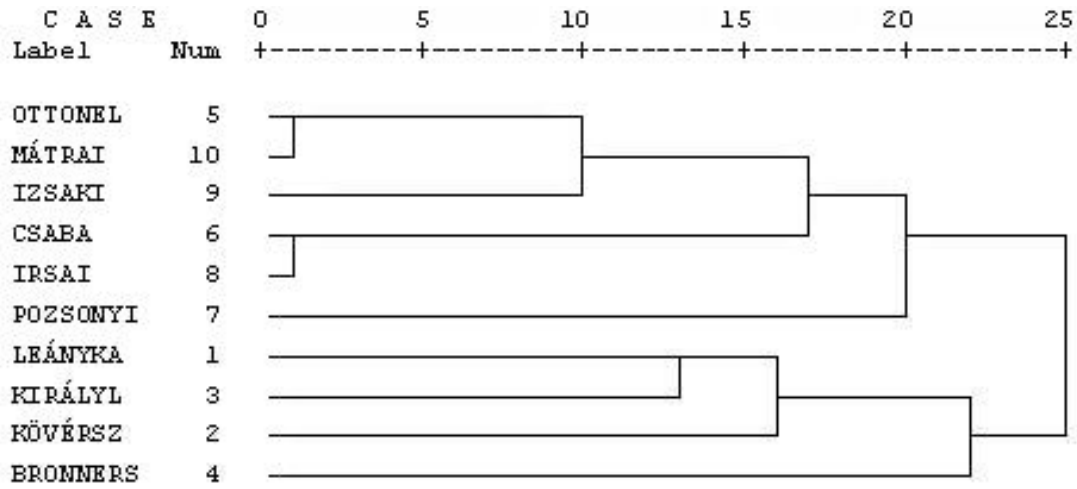


Figure 1: Dendrogram illustrating the genetic distances between the tested 10 varieties based on the data obtained with 11 microsatellite markers

2. ábra: Az Irsai Olivér-Csabagyöngye-Pozsonyi fehér és a Mátrai muskotály-Izsáki-Ottoneel muskotály genetikai kapcsolatának szemléltetése dendrogramokon 5-10-15-20-25-28 mikroszatellit primer alkalmazása esetén

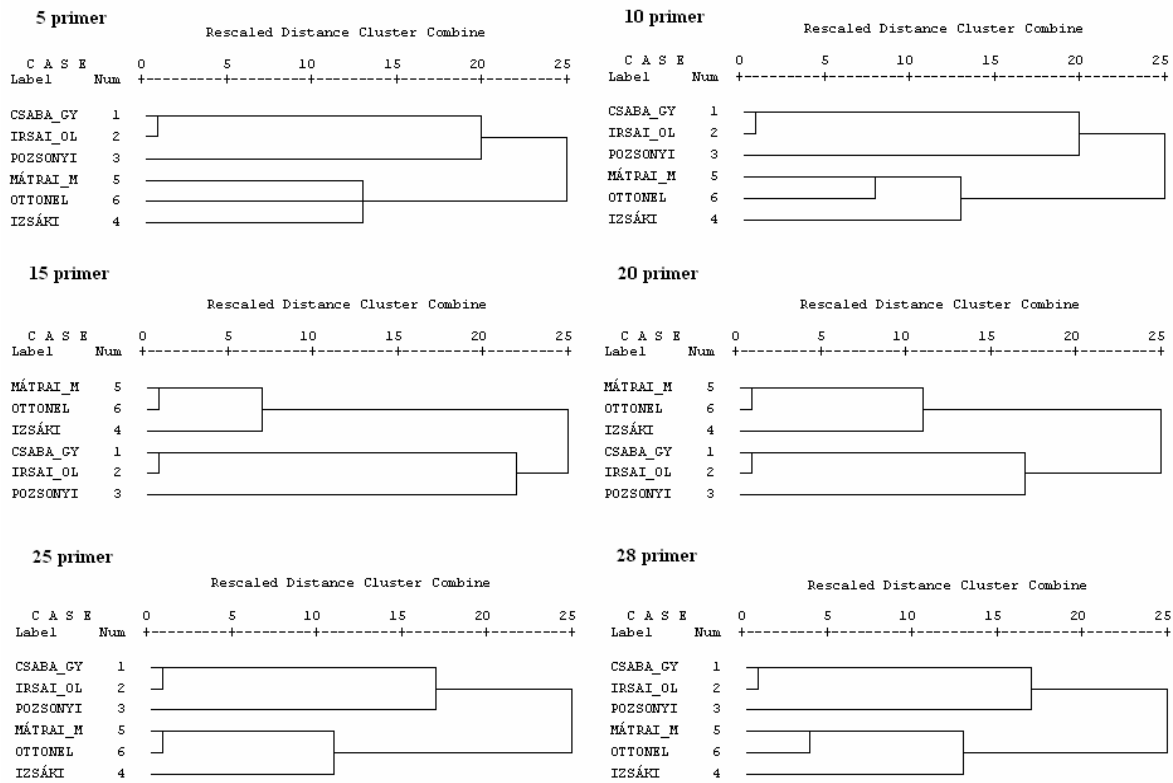


Figure 2: Dendrograms showing the genetic relationships of Irsai Olivér-Csabagyöngye-Pozsonyi fehér and Mátrai muskotály-Izsáki-Ottoneel muskotály (Muscat ottoneel) applying 5-10-15-20-25-28 microsatellite primers

## KÖVETKEZTETÉSEK

Az eredetvizsgálatok szerint 11 mikroszatellit lokuszban kapott allélmintázat alapján a Királyleányka származhat a Leányka fajtaból, de a Kövérszőlőt – mint lehetséges szülőt – az SSR adatok mendeli öröklésmenté alapján ki lehet zárni. Az eddig vizsgálataink szerint, az ebben a cikkben nem szereplő 150 fajta között a Kövérszőlő helyett nem találtunk másik szülőt. A Csabagyöngye eredetére vonatkozó, az egyik leggyakrabban idézett lehetőséget, hogy ti. a Bronnerstraube×Ottonel muskotály keresztezésből hozták létre, a mikroszatellit allél-kombinációk megcáfolták. Bronnerstraube mintát több forrásból is kértünk (Kecskemét, Montpellier, Románia), mind a három azonos SSR genotípust adott.

A Csabagyöngye származását tehát még nem tudtuk bizonyítani, további eddig még nem vizsgált fajták bevonásával keressük a lehetséges szülőket. A mikroszatellit elemzések egyértelműen alátámasztották az Irsai Olivér és a Mátrai Muskotály dokumentált eredetét, ami a módszer megbízhatóságának is meggyőző bizonyítéka. További fajták és újabb mikroszatellit primerek alkalmazásával folytatjuk a molekuláris pedigré vizsgálatainkat.

## KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

A kutatásokat az Földművelésügyi Minisztérium (FVM Hungary 36023/2000) és az Országos Tudományos Kutatási Alap támogatja (OTKA K62535, M36630 és M45633).

## IRODALOM

- Arroyo-Garcia, R.-Martinez-Zapater, J. M. (2004): Development and characterization of new microsatellite markers for grape. *Vitis* 43. 175-178.
- Bényei F.-Lőrincz A. (2005): Borszőlőfajták, csemegeszőlő-fajták és alanyok (*Varieties of wine grapes, table grapes and rootstocks*). Mezőgazda Kiadó, Budapest.
- Bisztray, Gy. D.-Deák, T.-Eisenheld, C.-Pedryc, A.-Balogh, I.-Regner, F. (2005): Microsatellite based identification of grapevine cultivars traditional in Hungary and in the Carpathian Basin. *International Journal of Horticultural Science*, 11. 71-73.
- Bowers, J. E.-Dangl, G. S.-Vignani, R.-Meredith, C. P. (1996): Isolation and characterization of new polymorphic simple sequence repeat loci in grape (*Vitis vinifera* L.). *Genome*, 39. 628-633.
- Bowers, J. M.-Meredith, C. P. (1997): The parentage of a classic wine grape, Cabernet sauvignon. *Nature Genetics*, 16. 84-87.
- Bowers, J. E.-Boursiquot, J. M.-This, P.-Chu, K.-Johanssen, H.-Meredith, C. (1999): Historical Genetics: The parentage of Chardonnay, Gamay and other wine grapes of Northeastern France. *Science*, 285. 1562-1565.
- Cipriani, G.-Frazza, G.-Peterlunger, E.-Testolin, R. (1994): Grapevine fingerprinting using microsatellite repeats. *Vitis*, 33. 211-215.
- Crespan, M. (2004): Evidence on the evolution of polymorphism of microsatellite markers in varieties of *Vitis vinifera* L. *Theor. Appl. Genet.*, 108. 231-237.
- Csepregi P.-Zilai J. (1988): Szőlőfajta-ismeret és használat (*Description and usage of grapevine varieties*). Mezőgazdasági Kiadó, Budapest.
- Dedinszky Gy. (1984): Stark Adolf szőlőnemesítő élete és munkássága (1834-1910). (*Life and activity of grapevine breeder Adolf Stark*). A Kertészeti Egyetem (*Horticultural University*) Kiadványai. A Kertészeti Egyetem Történeti Bizottsága. Budapest.
- Dettweiler, E.-Jung, A.-Zyprian, E.-Töpfer, R. (2000): Grapevine cultivar Müller-Thurgau and its true to type descent. *Vitis*, 39. 63-65.
- Di Gaspero, G.-Peterlunger, E.-Testolin, R.-Edwards, K. J.-Cipriani G. (2000): Conservation of microsatellite loci within the genus *Vitis*. *Theor. Appl. Genet.*, 101. 301-308.
- Galli, Z.-Halász, G.-Kiss, E.-Dobránszki, J.-Heszky, L. (2005): Molecular fingerprinting of commercial apple cultivars. *Hungarian Agricultural Research* 3. 4-9.
- Györfffyné Jahnke G.-Kocsis L.-Májér J. (2006): Izoenzim és SSR módszerek alkalmazási lehetőségei szőlő nemes és alanyfajták vizsgálatára. XLVIII. Georgikon Napok, 2006. szeptember 21-22. Keszthely. CD:\Teljes anyagok\Györfffyné et al.
- Hajdu E. (2003): Magyar szőlőfajták (*Varieties of Hungarian Grapes*). Mezőgazda Kiadó, Budapest.
- Halász, G.-Veres, A.-Kozma, P.-Kiss, E.-Balogh, A.-Galli, Zs.-Szőke, A.-Hoffmann, S.-Heszky, L. (2005). Microsatellite fingerprinting of grapevine (*Vitis vinifera* L.) varieties of the Carpathian Basin. *Vitis*, 44. 173-180.
- Kiss, E.-Kozma, P.-Halász, G.-Veres, A.-Galli, Zs.-Szőke, A.-Hoffmann, S.-Molnár, S.-Balogh, A.-Heszky, L. (2005): Microsatellite based fingerprints and pedigree analysis of grapevine cultivars of Carpathian Basin origin. *Proceedings of the International Grape Genomics Symposium*. July 12-14, 2005. St. Louis, Missouri, USA, 79-87.
- Kiss E.-Halász G.-Kozma P.-Heszky L. (2006): Magyar mikroszatellit adatbázis (Hungarian Microsatellite Database). [www.mkk.szie.hu/dep/genet](http://www.mkk.szie.hu/dep/genet). *Vitis-SSR*.
- Kozma, P.-Balogh, A.-Kiss, E.-Galli, Zs.-Konczi, T.-Heszky, L. (2003): Study of origin of Cultivar „Csaba Gyöngye”. *ISHS Acta Horticulturae*, 603. 585-591.
- Labra, M.-Failla, A. O.-Fossati, T.-Castiglione, S.-Scienza, A.-Sala, F. (1999): Phylogenetic analysis of grapevine cv. Ansonica growing on the Island of Giglio, Italy, by AFLP and SSR markers. *Vitis*, 38. 161-166.
- Lefort, F.-Roubelakis-Angelakis, K. (2001): Genetic comparison of Greek cultivars of *Vitis vinifera* L. by nuclear microsatellite profiling. *Am. J. Enol. Vitic.*, 52. 101-108.
- Lefort, F.-Kyvelos, C.-Zervou, M.-Edwards, K.-Roubelakis-Angelakis, K. (2002): Characterization of new microsatellite loci from *Vitis vinifera* and their conservation in some *Vitis* species and hybrids. *Mol. Ecol. Notes* 2. 20-21.
- Meredith, C. (2001): Grapevine Genetics: Probing the Past and Facing the Future. *Agriculturae Conspectus Scientificus*, 66. 21-25.
- Németh M. (1975): Ampelográfiai album. (*Ampelographic Album*). Mezőgazdasági Kiadó, Budapest.

- Piljac, J.-Maletic, E.-Kontic, J.-Dangl, G.-Pejic, I.-Mirosevic, N.-Meredith, C. (2002): The parentage of Posip bijeli, a major white wine cultivar of Croatia. *Vitis*, 41. 83-87.
- Regner, F.-Hack, R.-Santiago, J. L. (2006): Highly variable *Vitis* microsatellite loci for the identification of Pinot Noir clones. *Vitis*, 45. 85-91.
- Scott, K. D.-Eggler, P.-Seaton, G.-Rosetto, M.-Ablett, E. M.-Lee, L. S.-Henry, R. J. (2000): Analysis of SSRs derived from grape ESTs. *Theor. Appl. Genet.*, 100. 723-726.
- Sefc, K. M.-Steinkellner, H.-Wagner, W. H.-Gössl, J.-Regner, F. (1997): Application of microsatellite markers to parentage studies in grapevine. *Vitis*, 36. 179-183.
- Sefc, K. M.-Regner, F.-Turetschek, E.-Glössl, J.-Steinkellner, H. (1999): Identification of microsatellite sequences in *Vitis riparia* and their applicability for genotyping of different *Vitis* species. *Genome*, 42. 67-373.
- Thomas, M. R.-Scott, N. S. (1993): Microsatellite repeats in grapevine reveal DNA polymorphisms when analysed as sequence-tagged sites. *Theor. Appl. Genet.* 86. 985-999.
- Thomas, M. R.-Cain, P.-Scott, N. S. (1994): DNA typing of grapevines: A universal methodology and database for describing cultivars and evaluating genetic relatedness. *Plant Molecular Biology*, 25. 939-949.
- Vouillamoz, J. F.-Maigre, D.-Meredith, C. P. (2003): Microsatellite analysis of ancient alpine grape cultivars: Pedigree reconstruction of *Vitis vinifera* L. 'Cornalin du Valais'. *Theor. Appl. Genet.*, 107. 448-454.
- Wagner, H.-Sefc, K. (1999): Identity 1.0 Centre for Applied Genetics, University of Agricultural Sciences, Vienna <http://www.boku.ac.at/zag/forsch/identity.htm>