



***Triticum aestivum* – *Aegilops biuncialis* kromoszóma átépülések indukálása és
molekuláris citogenetikai jellemzése**

Doktori értekezés tézisei

Molnár István

Gödöllő

2008.

Doktori iskola: Növénytudományi Doktori Iskola

Vezetője: Dr. Virányi Ferenc
egyetemi tanár, MTA doktora
SZIE, Növényvédelem Tanszék

Tudományága: Növénytermesztési és kertészeti tudományok

Program: Növénynevelés Genetikai és Biotechnológiai Módszerekkel

Programvezető: Dr. Heszky László
tanszékvezető egyetemi tanár, az MTA rendes tagja
SZIE, Genetika és Növénynevelés Tanszék

Témavezető: Dr. Lángné dr. Molnár Márta
tudományos osztályvezető, az MTA doktora

.....
Dr. Heszky László
programvezető

.....
Dr. Lángné dr. Molnár Márta
témavezető

1. A MUNKA ELŐZMÉNYEI, A KITŰZÖTT CÉLOK

A búza termésmennyiségét az abiotikus stressz faktorok, különösen a szárazság, jelentősen csökkentik. A termesztett búza ellenálló képességének fokozása lehetséges olyan interspecifikus transzlokációk előállításával, melyek révén a vad kecskebúza (*Aegilops*) fajok hasznos agronómiai tulajdonságait kódoló kromoszóma szegmentumait építjük be a búza genomjába.

A búza-*Aegilops* interspecifikus transzlokációk létrehozása során genomi *in situ* hibridizáció (GISH) alkalmazásával lehetőség nyílik a búza genetikai háttérben lévő idegenfajú kromoszómák mennyiségében és szerkezetében bekövetkezett változások nyomon követésére.

Az interspecifikus transzlokációk előállíthatók a homeológ kromoszómák közt kiváltott rekombináció segítségével és ionizáló sugárzással kiváltott random kromoszóma törések révén.

A termesztett búza szárazságtűrésének javítására a vad kecskebúza *Ae. biuncialis* génállománya potenciálisan alkalmas lehet. A dolgozat az *Ae. biuncialis* génforrásként való alkalmazását mutatja be e távlati cél érdekében. Az egyes fejezetekben igazoltuk az *Ae. biuncialis* genotípusok szárazságtűrését, majd kimutattuk e tulajdonságok megnyilvánulását búza genetikai háttérben is. A következő lépésekben először kidolgoztuk az *Ae. biuncialis* és a búza kromoszómák megkülönböztetésére alkalmas GISH módszert, majd ezt továbbfejlesztve multikolor GISH-el (mcGISH) lehetővé tettük az *Ae. biuncialis* U^b és M^b valamint a búza kromoszómák egyidejű kimutatását. Végezetül *T. aestivum*-*Ae. biuncialis* interspecifikus transzlokációkat állítottunk elő a homeológ rekombinációt kiváltó mutánsok és ionizáló sugárzás segítségével, melyeket a kidolgozott GISH és mcGISH technikákkal mutattunk ki.

1.1. Az *Ae. biuncialis*, mint a termesztett búza szárazságtűrésének növelésére alkalmas potenciális génforrás

A búza (*Triticum aestivum* L., 2n=6x=42, AABBDD) Földünkön az egyik legelterjedtebb gabonaféle, mely kitüntetett szerepet játszik Magyarország és az Európai Unió élelmiszer ellátásában. Termésmennyiségét a szárazság, és a különböző növény betegségek jelentősen csökkentik. A globális klímaváltozással kapcsolatos előrejelzések szintén az abiotikus és biotikus stressz hatások egyre fokozottabb megjelenését jósolják. Éppen ezért a búzanemesítés mai irányvonalát már nem csak a nagy terméshozam biztosítása, hanem az ellenálló búzafajták nemesítése is adja. A termesztett búza abiotikus és biotikus stresszekkel szembeni ellenálló képességének fokozására az egyik lehetséges módszer a búzával rokon, vad fajok hasznos agronómiai tulajdonságainak átvitele faj és nemzetségkeresztezés révén.

A hexaploid búza potenciális génforrásaiként megjelölhető idegen fajok genom szerveződésük alapján három csoportot alkotnak (Friebe et al. 1996). Az elsődleges génforrások közé tartoznak a búzával homológ kromoszómákat tartalmazó fajok (a *Triticum aestivum* L. tájfajtái, a *T. turgidum* L., valamint a búza A és D genomjának donor fajtái, a *T. monococcum* L., *T. boeoticum* Boiss., *T. urartu* Tumanian ex Gandilyan, és az *Aegilops tauschii* Coss.). Másodlagos génforrások közé a *Triticum* és *Aegilops* fajok tartoznak, mivel genomjuk nagymértékű homológiát mutat a búzához képest (*T. timopheevii* Zhuk. ssp. *timopheevii* és ssp. *armeniacum* Jakubz., valamint az *Aegilops* nemzetség *Sitopsis* szekciójába sorolt, S genommal rendelkező fajok). A búza harmadlagos génforrásai körébe azok a fajok tartoznak, amelyek bár keresztezhetőek a búzával, azzal homológ genomokat nem tartalmaznak (pl. *Hordeum*, *Secale* és *Thinopyrum* fajok). Az *Aegilops* nemzetségbe 11 diploid, 10 tetraploid és 2 hexaploid faj tartozik (Van Slageren 1994). Mindezidáig az *Aegilops* fajokból jelentős számú rozsdá, lisztharmat, cisztaképző fonálféreg, gyökérgubacs fonálféreg, hesszeni légy és zöld gabonalevéltetű rezisztencia gént vittek át a termesztett búzába. Ugyanakkor kevés sikerrel tudták a kenyérbúza abiotikus stressz tűrését javítani az *Aegilops* fajokkal végzett idegen fajú keresztezés révén, bár számos faj potenciális génforrást jelenthet a búza számára a szárazság-, sóstresszel ill. fagyással szembeni védekezésben. A búzánál jobb szárazságtűrésű vonalakat találtak az *Ae. tauschii*, az *Ae. sharonensis* Eig., az *Ae. longissima* Schweinf. Muschl., az *Ae. triuncialis* L. és az *Ae. geniculata* Roth. fajokban. Az U és M genommal rendelkező allotetraploid *Aegilops* fajok közül az *Ae. neglecta* Req ex Bertol. só- és fagyűrés, az *Ae. geniculata* só- és szárazságtűrés ismert.

Az *Aegilops biuncialis* Vis. egy éves, M^bM^bU^bU^b genommal rendelkező, allotetraploid faj (2n = 4x = 28). Regisztrált élőhelyeinek évi csapadék mennyisége 225-1250 mm közt változik. Az igen eltérő klimatikus viszonyok mellett való előfordulása a biotikus és abiotikus stresszekkel szembeni jó ellenálló képességet feltételez a fajon belül. Ezzel összhangban a faj egyes genotípusaiban rezisztenciát mutattak ki

az árpa sárga törpeség vírussal szemben és vannak utalások a jó fagy- és sőtűrésére is. Ugyanakkor hiányosak az ismereteink az *Ae. biuncialis* génbankokban fellelhető genotípusainak szárazság tűréséről.

Célul tűztük ki néhány eltérő csapadékellátottságú élőhelyről származó *Ae. biuncialis* vonal szárazságtűrésének elemzését és összehasonlítását a búzával, mely elősegítené az *Ae. biuncialis* génforrásként való felhasználását a búza szárazságtűrésének növelésére. A szárazságtűréssel kapcsolatos fiziológiai vizsgálatok segítségével azt is tesztelni kívánjuk, hogy a búza genetikai háttérben megjelenő *Ae. biuncialis* kromoszómák javítják-e létrehozott vonalak szárazságtűrését.

1.1. Az *Aegilops biuncialis* U^b és M^b kromoszómáinak kimutatására szolgáló GISH technika kidolgozása

Az interspecifikus transzlokációk előállítása hosszú évekig tartó folyamat, melynek során az egyes generációkban nyomon kell követni az idegen kromoszómák számában és szerkezetében bekövetkezett változásokat. A búza genomba beépült idegen fajú kromoszóma szegmentum kimutatása, azonosítása, valamint a beépülés helyének és a transzlokációs töréspontok pontos meghatározása segíthet megállapítani az átépült idegen kromatin méretét. A transzlokációs töréspontok helyzete akkor lehet különösen fontos, ha különböző okok miatt (pl. nem kívánt agronómiai tulajdonságok jelenléte) csökkenteni kell az integrálódott idegen kromatin mennyiségét. Az idegen fajú transzlokációk kimutatására kiválóan alkalmas a genomi *in situ* hibridizáció (GISH) módszere (Schwarzacher et al. 1989; Le et al. 1989). Segítségével megkülönböztethetőek a különböző szülői fajokból származó, illetve (allopoliploid fajok esetén) a különböző genomokhoz tartozó kromoszómák az eltérő színű hibridizációs jel alapján. A GISH során a kimutatni kívánt szülőpartner (-ek) teljes genomi DNS-ét használják hibridizációs próbaként. Az idegen kromatin kimutatása szempontjából rendkívül kritikus a próba minősége, a hibridizációs keverék összetétele, a hibridizáció körülményei és az azt követő mosási lépések. A hibridizációs keverék összetételét befolyásolja a megkülönböztetni kívánt genomok közötti hasonlóság. Minnél nagyobb a homológia az egyes genomok között (pl. búza-*Aegilops* fajhibridekben és származékaikban), annál nagyobb valószínűséggel hibridizálhat a próba DNS a kimutatni nem kívánt (búza) genomokhoz. A nem-specifikus hibridizáció elkerülése érdekében a jelölni nem kívánt búza kromoszómákat jelöletlen búza DNS-el blokkolják. A búza és az idegen faj rokonsági viszonyaitól függően a blokkoló DNS mennyisége tág határok közt változhat.

Genomi *in situ* hibridizáció segítségével sikerrel mutattak ki búza genetikai háttérben árpa, rozs, *Ae. uniaristata*, *Ae. ventricosa*, *Ae. comosa* és *Ae. geniculata* kromoszómákat illetve kromoszóma szegmentumokat (Molnár-Láng et al. 2000).

A genomi *in situ* hibridizáció továbbfejlesztett változata a multikolor genomi *in situ* hibridizáció (mcGISH), melynek során két vagy több különbözőképpen jelölt genomi DNS próbát alkalmaznak. A több eltérően jelölt próba alkalmazásával nő a kimutatás érzékenysége, másrészt lehetővé válik egyszerre több genom vizsgálata, különösen intergenomikus kromoszóma átrendeződések esetében. McGISH segítségével a rozs kromoszómák és búza-*Haynaldia villosa* transzlokációk párhuzamosan is kimutathatóak. Találunk példákat a hexaploid búza genomjainak egymás mellett történő kimutatására, valamint az egyes búza genomok és valamely idegen fajú kromatin párhuzamos kimutatására búza-búza-rozs hibridekben, valamint búza-*Thinopyrum intermedium* részleges amfiploidokban. Szintén sikeresen mutatták ki az *Ae. ovata* (más néven *Ae. geniculata*) U^o és M^o genomját durum búza-*Ae. ovata* amfiploidokban. Ugyanakkor mostanáig nincs információ az *Ae. biuncialis* U^b és M^b genomjainak egymás mellett történő kimutatásáról és megkülönböztetésükről a hexaploid búza genomjaitól.

Célul tűztük ki az *Ae. biuncialis* U^b és M^b kromoszómáinak kimutatására szolgáló GISH technika kidolgozását, reakció feltételeinek (pl. próba/blokkoló DNS arány, a hibridizáció hőmérséklete, a mosási lépések ideje stb.) optimalizálását, annak érdekében, hogy minél pontosabban ki tudjuk mutatni az *Ae. biuncialis* kromoszómák szegmentumok jelenlétét a búza genomban.

1.2. Búza-*Aegilops biuncialis* interspecifikus transzlokációk létrehozása

Idegen fajú transzlokációk előállítására szolgáló módszerek első csoportja homeológ rekombinációk előállítására irányul. Homeológ rekombináció két különböző, de azonos homeológ csoportba tartozó kromoszóma közt alakul ki a meiózis folyamán. Mivel egy adott homeológ csoporton belül a kromoszómák génsorrendje közel azonos, ezért bizonyos kromoszóma szegmentumok jól helyettesíthetők

egymás hatását. Ezek alapján a búza és egy idegen faj homeológ kromoszómái közt létrejött transzlokációk esetén a kieső búza kromoszóma szegmentum hatását jól kompenzálhatja az idegen kromoszóma szegmentum. Az allohexaploid búzában a meiózis folyamán csak a homológ kromoszómák párosodnak, majd rekombinálnak egymással, míg az A, B és D genomokhoz tartozó azonos homeológ csoportba tartozó kromoszómák szinte sohasem (Riley és Law 1965). Ez a diploidszerű meiózis jelleg egy összetett genetikai rendszer által szabályozott, melyben a homeológ párosodást gátló *Ph1* (az 5B kromoszóma hosszú karján) lókuszt a legerősebb hatású (Sears 1976). A búza *Ph* rendszere azért, hogy meggátolja a homeológ rekombinációk kialakulását és biztosítja a hexaploid genom stabil öröklődését, egyben jelentős akadályt képez az idegen fajú homeológ transzlokációk létrehozásával szemben. A *Ph* rendszer működésének gátlása ezért elősegítheti a homeológ rekombinációk és ezen keresztül az idegenfajú transzlokációk kialakulását.

Az egyik lehetséges mód a *Ph* rendszer hatásának csökkentésére az 5B deléciós kromoszómákat hordozó mutánsok alkalmazása. Hexaploid búza esetében Sears (1977) állított elő egy kb 70 Mb terjedelmű, interkaláris deléciót hordozó Chinese Spring genotípust, melyből hiányzik a funkcionális *Ph1* lókuszt (Chinese Spring *ph1b* mutáns). A *ph1b* mutáns vonalak felhasználásával hozott létre új búza-rozs rekombinációkat Lukaszewski (2000), és búza-árpa rekombinációkat Islam et al. (1992b). A *ph1b* mutáció segítségével Ceoloni et al. (1992) az *Ae. longissima* lisztharmat rezisztencia génjét (*Pm13*) vitte át a termesztett búzába. A homeológ rekombináción alapuló módszerek nagy előnye, hogy a létrejött idegenfajú transzlokációk nagy része kompenzáló típusú. Ugyanakkor vannak hátrányai is. A búza és egy rokon faj homeológ kromoszómái közti rekombináció gyakorisága a kromoszóma karok proximális régiójában nulla, vagy ahhoz közelítő érték (Lukaszewski 1995). Amennyiben a kívánt gén e régióban helyezkedik el, szinte lehetetlen homeológ rekombináció segítségével átvinni a búzába. További nehézség lehet, hogy bizonyos homeológ kromoszómák még a *Ph1* lókuszt hiányában sem párosodnak a meiózis folyamán. Ha a felsorolt tényezők miatt nem, vagy csak korlátozottan lehetséges homeológ rekombináció révén interspecifikus transzlokációkat létrehozni érdemes olyan módszerhez folyamodni, ahol az intergenomikus transzlokációk kialakulását nem limitálja a kromoszómák közti párosodás.

Az idegen fajú transzlokációk létrehozásának legrégebben alkalmazott módszere az ionizáló sugárzás alkalmazása. Az ionizáló sugárzás a DNS törését váltja ki oly módon, hogy a kettős hélix két szálán a törések nem azonos pozícióban, hanem egymáshoz képest elcsúsztatva következnek be (Bálint 1974). A kettős szálú DNS törött végein olyan nukleotidok találhatóak, amelyek szerves bázisai nem alkotnak H-kötéseket. E „ragadós” végeken keresztül a DNS fragmentek közel kerülve egymáshoz, újra egyesülhetnek. Eltérő eredetű DNS fragmentek egyesülésével különböző típusú transzlokációk alakulhatnak ki. Ezek közül a legfontosabbak a dicentrikus kromoszómák, a terminális transzlokációk, az inszerciók (intersticiális transzlokációk) és a centrikus fúziók. A random kromoszóma törések legnagyobb előnye, hogy a hasznos tulajdonságokat hordozó idegen fajú transzlokációk létrehozása nem függ az átvinni kívánt gén (~komplexum) kromoszómán belüli helyzetétől. Az előnyös interspecifikus transzlokációk létrejöttét szintén nem befolyásolja a búza és idegen fajú kromoszómák közti párosodási gyakoriság. Végezetül random kromoszóma törésekkel intersticiális transzlokációk is létrehozhatók. Optimális esetben bekövetkezhet olyan helyzet, amikor a búza kromoszómán egy, az idegen kromoszómán pedig két töréspont jön létre. Ekkor elvileg lehetőség van arra, hogy az idegen fajú kromoszóma szegmens beépüljön a búza kromoszómába a nélkül, hogy elveszne bármekkora búza kromoszóma szakasz. Mostanáig csak kevés, hasznos agronómiai tulajdonságot hordozó és egyéb abnormalitásokat nem mutató intersticiális transzlokációt hoztak létre. Talán az egyik legjobb példa erre az a búza-rozs transzlokáció, ahol a Hesszeni légy rezisztenciát hordozó 6RL rozs kromoszóma szegment a búza 4A kromoszómájának hosszú karjába ékelődött (Ti4AS.4AL-6RL-4AL) (Friebe et al. 1991, Mukai et al. 1993b).

A random kromoszóma töréseken alapuló módszerek hátránya, hogy rendszerint nagyszámú genetikai defektusokat hordozó transzlokációk alakulnak ki. Ennek oka, hogy a transzlokációk általában nem a homeológ kromoszómák közt jönnek létre, így gyakran létfontosságú búza kromoszóma régiók eliminálódnak. A szintén gyakori gén duplikáció szintén defektusokat okozhat. Továbbá, a random kromoszóma törések során az interspecifikus transzlokációkon kívül a búza genomon belül is létrejönnek intra- és intergenomikus kromoszóma átrendeződések. Mindezek eredményeként a létrehozott interspecifikus transzlokációk stabilizálódása több generációt igényelhet. A kompenzáló típusú és hasznos

agronómiai tulajdonságokat hordozó transzlokációk igen kis gyakorisággal fordulnak elő az egyes mutagenizált nemzedékekben, ezért ezeknek a transzlokációknak a kiválogatása nem nélkülözheti egy hatékony szelekciós rendszer alkalmazását.

Célunk az volt, hogy a korábbi években búza (Mv9kr1) × *Aegilops biuncialis* hibridekből létrehozott amfiploidokból és addíciós vonalakból interspecifikus kromoszóma átépüléseket állítsunk elő. Ennek érdekében az (Mv9kr1) × *Ae. biuncialis* addíciós vonalakat és a Chinese Spring *Ph1b* mutáns genotípusát kereszteztük, melynek eredményeként az utódokban homeológ rekombinációk kialakulása várható. Ezzel párhuzamosan az (Mv9kr1) × *Ae. biuncialis* amfiploidokban random kromoszómatöréseket indukálunk ⁶⁰Co γ sugárzás segítségével.

2. ANYAGOK ÉS MÓDSZEREK

2.1. NÖVÉNYI ANYAGOK

2.1.1. Szárazságtűrési vizsgálatok

Megvizsgáltuk 3 *Aegilops biuncialis* Vis. (MvGB642, MvGB382, MvGB1094), négy búza (*Triticum aestivum* L.) genotípus (Mv9kr1, Sakha, Plainsman V., Cappelle Desprez) és két búza-*Ae. biuncialis* amfiploid (Mv9kr1-*Ae. biuncialis*_{MvGB 470} és Mv9kr1-*Ae. biuncialis*_{MvGB 1112}) szárazság stresszre adott válaszait. A három *Ae. biuncialis* genotípus eredeti élőhelyének csapadékviszonyait (1050, 550 és 225 mm/év) jelztük az egyes genotípusok jelölésekor is (MvGB642=Ae1050, MvGB382=Ae550, MvGB1094=Ae225). A keresztezési partner Mv9kr1 őszi búza genotípus mellett a Plainsman V. és a Sakha szárazság tűrő, a Cappelle Desprez pedig szárazság érzékeny kontrollként szerepelt a kísérletben.

2.1.2. Az *Ae. biuncialis* kromatin kimutatása búza genetikai háttérben

Az *Ae. biuncialis* kromoszómák kimutatására alkalmas GISH kidolgozásához a 3M^b búza (Mv9kr1)-*Ae. biuncialis* diszómás addíciós vonalat használtuk. A multikolor genomi *in situ* hibridizáció (mcGISH) kidolgozásához az *Ae. biuncialis* MvGB 642-es genotípusát használtuk. A fajon belül létrejött U^b/M^b intergenomikus transzlokációk kimutatása érdekében megvizsgáltunk további 31 kecskebúza genotípust is. Az U^b és M^b kromoszómák búza genetikai háttérben történő kimutatására búza-*Ae. biuncialis* F₁ hibrideket és amfiploidokat (Mv9kr1-*Ae. biuncialis*_{MvGB470} és Mv9kr1-*Ae. biuncialis*_{MvGB1112}) vizsgáltunk.

2.1.3. Búza-*Ae. biuncialis* interszpecifikus transzlokációk létrehozása

A búza-*Ae. biuncialis* homeológ rekombinációk előállításához a 2M^b, 3M^b, 7M^b és 3U^b búza-*Ae. biuncialis* diszómás addíciós vonalakat és a Chinese Spring *ph1b* mutációt hordozó genotípusát kereszteztük.

A búza-*Ae. biuncialis* random kromoszóma átépülések létrehozásához búza-*Ae. biuncialis* amfiploidok (Mv9kr1-*Ae. biuncialis*_{MvGB470} és Mv9kr1-*Ae. biuncialis*_{MvGB1112}) száraz szemeit különböző dózsis (5-, 50-, 100Gy) γ -sugárzásnak (⁶⁰Co sugárforrás) tettük ki.

2.2. A SZÁRAZSÁGTŰRÉS TESZTELÉSE

A kísérleti növények csíranövényei növénynevelő kamrában (Convicon, Canada) 1/2 hígítású Hoagland tápoldatban növekedtek a Molnár és mtsai. (2004) által leírt körülmények között. Az ozmotikus stresszt a tápoldathoz adott, 6000-es molekula tömegű polietilén-glikollal (PEG, Sigma) idéztük elő a növények 2 hetes korában. A PEG-et 7-napos ciklusokban, növekvő koncentrációban (12-, 15-, 18- és 21% (g/cm³), alkalmaztuk, mely a tápoldat ozmotikus potenciáljának lépcsőzetes csökkenését (-0.45 MPa, -0.72 MPa, -1.14 MPa and -1.8 MPa) eredményezte. A mérések az adott PEG koncentrációk alkalmazása utáni 7.-ik napon, majd a PEG-nélküli regeneráció 2.-ik és 7.-ik napján történtek. A szárazságstressz hatását a levelek relatív víztrtalmának (RWC), vízpotenciáljának (Ψ_L), a növekedési paraméterek (hajtás, és a gyökér hossz, a teljes biomassza tömeg) meghatározásával, valamint a fotoszintetikus tulajdonságok (CO₂ asszimilációs ráta (A), sztómakonduktancia (g_s), intercelluláris CO₂ koncentráció (C_i), fotoszintetikus elektrontranszport folyamatok (Fv/Fm, $\Delta F/Fm'$, NPQ) vizsgálatán keresztül történtek. Az infravörös gázanalízis mérések ADC LCA-2 típusú gázanalizátorral, a klorofil a fluoreszcencia indukció és kioltás analízisek PAM101-103 típusú modulált klorofil fluorométerrel történtek a Molnár és mtsai. (2004) által leírt módon.

2.3. MOLEKULÁRIS CITOGENETIKAI VIZSGÁLATOK

2.3.1. Citológiai preparátumok készítése

A vizsgált növényi anyagok szemeit nedves szűrőpapíron csíráztattuk. Az 1-1,5 cm-es hosszúságú gyökereket jeges vízben 24 óráig tároltuk, majd abszolút alkohol és jégcet 3:1 arányú keverékében fixáltuk 37 °C-on 4-5 napig. A gyökereket ezt követően -20 °C-on tároltuk a kromoszóma preparátumok elkészítéséig. A preparátumkészítéskor a gyökereket kármínecetsav 1%-os oldatába helyeztük 15-30 percre, majd a gyökércsúcsokat tárgylemezre helyezve 45%-os ecetsav oldatban szétnyomtuk. A

megfelelő minőségű preparátumokról folyékony N₂ segítségével eltávolítottuk a fedőlemezeket, majd dehidratálás után a felhasználásig -20 °C-on tároltuk.

Meiotikus preparátumok készítésekor a begyűjtött antérákat abszolút alkohol és jégcet 3:1 arányú keverékében fixáltuk. A preparátumkészítéskor az antérákat 45%-os ecetsavban nyomtuk szét, majd folyékony N₂ segítségével eltávolítottuk a fedőlemezeket. A preparátumokat dehidratálás után -20 °C-on tároltuk felhasználásig.

2.3.2. Genomi *in situ* hibridizáció (GISH)

Kisebbségi módosításokkal a Molnár-Láng és mtsai (2000b) által használt GISH módszerét alkalmaztuk az *Ae. biuncialis* kromoszómák kimutatására a búza genetikai háttérben. Az *Ae. comosa* (MM, 2n=2x=14) és az *Ae. umbellulata* (UU, 2n=2x=14) Sharp et al. (1988) módszerével izolált genomi DNS-ét nick-transzláció segítségével biotinnal (biotin-5-dUTP, Roche) jelöltünk. Blokkoló DNS-ként búza (*T. aestivum*) és hering sperma DNS-t használtunk. A próba és a blokkoló DNS hossza 1-12 kb, illetve 200 bp és 1,5 kb között változott.

A hibridizációs keverék (preparátumonként 30 µL) 50% formamidot, 2xSSC-t, 10 % dextrán szulfátot, 60-150 ng U (vagy M) genom specifikus próbát, valamint blokkoló DNS-t tartalmazott a próba mennyiségéhez képest 50-200x koncentrációban. A kromoszómák denaturációja a próba jelenlétében történt 80 °C-on 10 percig, amit a hibridizáció követett 37 °C-on 12-16 órán keresztül. A mosási lépések után. A biotinnal jelölt próbák hibridizációs jeleit streptavidin-FITC (Roche) alkalmazásával jelöltük (30 perc, 37 °C), amit kontrasztfestés (2 µg/mL DAPI, Amersham) követett.

2.3.3. Multikolor genomi *in situ* hibridizáció (mcGISH)

M és U genom specifikus próbaként random priming módszerrel jelölt biotinilált *Ae. comosa* és digoxigeninált *Ae. umbellulata* genomi DNS-t használtunk. Blokkoló DNS-ként fragmentált durum búza (*Triticum turgidum* ssp. *durum*, AABB, 2n=4x=28) genomi DNS-t használtuk a próbákhoz képest 30x koncentrációban.

A preparátumok előkezelések megegyeztek a GISH esetén alkalmazott lépésekkel. A hibridizációs keverék (25 µL/tárgylemez) 70 ng U és M genom specifikus próbát és 2.1 µg blokkoló DNS-t tartalmazott. A próba és a kromoszóma DNS denaturálása (80 °C, 10 perc; 80 °C, 2 perc) után a hibridizáció 12 órán keresztül 42 °C-on történt. A digoxigeninnel jelölt U és a biotinnal jelölt M genom specifikus próbák hibridizációs jeleit anti-digoxigenin-Rhodamin és streptavidin-FITC alkalmazásával jelöltük vörös ill. zöld színekkel. A nem jelölt búza kromoszómák barna színűek voltak. A kontrasztfestést (2 µg/mL DAPI) követően a preparátumokat Zeiss Axioskop-2 fluoreszcens mikroszkóppal vizsgáltuk és Spot CCD camera segítségével fényképeztük. A fotók kiértékeléséhez Image Pro Plus software-t alkalmaztam.

2.4. Száraz szemek besugárzása

A búza-*Ae. biuncialis* amfiploidok (Mv9kr1-*Ae. biuncialis*_{MvGB470} és Mv9kr1-*Ae. Biuncialis*_{MvGB1112}) száraz szemeket 5, 50 és 100 Gy dózisu ⁶⁰Co γ-sugárzásnak tettük ki az MTA KFKI-ben. Kontrollként a besugárzás nélküli amfiploid szemeket használtuk. Az M₀ és ezek öntermékenyítésével előállított M₁ nemzedékben mcGISH-el vizsgáltuk a létrejött kromoszóma átrendeződéseket.

Az U^b, illetve M^b kromoszómákat tartalmazó aberrációkat az U-, illetve az M-típusú aberrációk osztályaiba soroltuk. Az U^b/M^b átrendeződéseket nem soroltuk be egyik osztályba sem. Az egyes kezelések közti, illetve az M₀ és M₁ generációk közti különbségeket t-próbával határoztuk meg. Egy adott kezelésen belül, az U- és M-típusú aberrációk közti különbségeket χ²-próbával határoztuk meg, ahol az U- és M-típusú aberrációk megoszlásának 1:1 elméleti arányával számoltam.

3. EREDMÉNYEK

3.1. Szárazságtűrési vizsgálatok

3.1.1. Különböző *Ae. biuncialis* genotípusok szárazságtűrésének összehasonlítása

Különböző csapadékviszonyokhoz adaptálódott *Ae. biuncialis* genotípusok ozmotikus stresszre adott válaszreakcióit hasonlítottuk össze különböző búza genotípusokkal azért, hogy a szárazságtűrés szempontjából megfelelő génforrást találjunk. Az *Ae. biuncialis* genotípusok, különösen azok, amelyek alacsony csapadékviszonyokhoz adaptálódtak a növekvő ozmotikus stresszre intenzívebb RWC és levél vízpotenciál csökkenéssel, és kisebb mértékű sztóma záródással reagáltak a búzákhöz képest. Számottevő vízvesztésük ellenére az *Ae. biuncialis* genotípusok képesek voltak magasabb nettó CO₂ asszimilációs rátát fenntartani a búzáknál. A szárazabb élőhelyről származó *Aegilops* genotípusok (Ae550 és Ae225) esetében a fotoszintetikus CO₂ asszimiláció csökkenésének hátterében valószínűleg az intercelluláris járatok CO₂ koncentrációjának (C_i) csökkenése állhat, hiszen esetükben a C_i a kontrollra jellemző érték alatt maradt a stressz időtartama alatt. A C_i csökkenése a stressz során, illetve a fotoszintetikus aktivitás gyors regenerálódása arra utal, hogy a fenti *Aegilops* genotípusok komolyabb (metabolitikus) károsodás nélkül vészelték át a növekvő ozmotikus stresszt. Ezt a megállapítást támasztja alá az is, hogy a fotoszintetikus elektrontranszport folyamatok hatékonyságával arányos paraméterek (Fv/Fm, ΔF/Fm') nem mutattak nagymértékű változásokat az ozmotikus stressz során. A szárazabb klímához adaptálódott Ae550 és Ae225 genotípusok szárazanyag produkciója és hajtás növekedése a búzákhöz képest kevésbé csökkent, sőt, a gyökér növekedés felgyorsulása volt megfigyelhető az ozmotikus stressz során. Itt említem meg, hogy a földes kísérleti rendszerben kiváltott szárazság stressz esetén a hajtás és gyökérnövekedésre, valamint a biomassa produkcióra vonatkozóan hasonló eredményeket kaptunk, amelyet a búzákhöz képest kisebb mértékű termés kiesés kísért (Molnár et al. 2004). Ellentétben az *Ae. biuncialis* genotípusokkal, a szárazság érzékeny Cappelle Desprez és a relative szárazságtűrő Sakha búzafajták a C_i jelentős növekedését mutatták, párhuzamosan az intenzív sztómazáródásukkal és CO₂ asszimilációbeli csökkenésükkel, ami a sztómazáródás mellett, más metabolitikus faktorok megnövekedet szerepére utal a CO₂ asszimiláció gátlásában. Ezt támasztja alá fotoszintézisük lassú regenerációja is. A búzák fotoszintetikus aktivitásbeli csökkenése az ozmotikus stressz során megnyilvánult a biomassa produkció és a hajtás növekedés erőteljesebb gátlásában is. A fenti eredmények arra utalnak, hogy a 225 és 550 mm/év csapadékmennyiséghez adaptálódott *Ae. biuncialis* genotípusok (Ae225 és Ae550) alkalmasak lehetnek a búza szárazságtűrésének növelését célzó idegen fajú keresztezésekre.

3.1.2. Búza-*Ae. biuncialis* amfiploidok szárazságtűrésének vizsgálata

Megvizsgáltuk két, alacsony csapadék viszonyokhoz adaptálódott *Ae. biuncialis* genotípussal előállított amfiploid (Mv9kr1-*Ae. biuncialis*_{MvGB470} és Mv9kr1-*Ae. Biuncialis*_{MvGB1112}), valamint a szülői partner Mv9kr1 és a szárazságtűrő kontrol Plainsman V. szárazság stresszre adott válaszait.

Az alacsony csapadékkellátottságú élőhelyről (300, 400 mm/év) származó *Ae. biuncialis* genotípusokkal (MvGB 470 és 1112) előállított amfiploidokban megnyilvánultak az *Aegilops* szülők szárazságtűrési tulajdonságai. A sztómakonduktanciában (g_s) bekövetkezett változások azt jelzik, hogy az ozmotikus stressz során a búza és az amfiploid genotípusok gázcsereenyílása hasonló mértékű záródással reagált a gyökérszóna vízpotenciáljának csökkenésére. Ennek ellenére az amfiploid genotípusok lényegesen kevesebb vizet veszítettek a búzákhöz képest, ami megnyilvánult a levelek magasabb RWC értékeiben és a turgescens állapot fenntartásában is. Mindez az amfiploidok hatékonyabb ozmoregulációjára utalhat a szárazság stressz során. A kisebb mértékű vízvesztésnek köszönhetően az amfiploidok jelentős mértékű fotoszintetikus aktivitást tartottak fenn a stressz teljes periódusa alatt, ami nagymértékben meghaladta a búzák fotoszintézisét. Az Mv9kr1-*Ae. biuncialis*_{MvGB470} amfiploid különösen jól tolerálta az ozmotikus stresszt, amit az is jelez, hogy 20%-nál kevesebb fotoszintetikus aktivitás csökkenést mutatott a kontrollhoz képest (ez az érték a búzák esetében meghaladta a 60%-ot).

A kapott eredmények arra utalnak, hogy a száraz klímához adaptálódott *Ae. biuncialis* genotípusok (különösen a 300 mm/év csapadékkellátottsághoz adaptálódott MvGB470) szárazságtűrése búza genetikai háttérben is megnyilvánul és a belőlük előállított amfiploidok jó kiindulási anyagul szolgálhatnak a szárazságtűrés növelését célzó búza-*Ae. biuncialis* transzlokációk előállításához.

3.2. Az *Ae. biuncialis* kromatin kimutatása búza genetikai háttérben

3.2.1. Az *Ae. biuncialis* kromoszómák kimutatása genom *in situ* hibridizációval (GISH) búza-*Ae. biuncialis* addíciókban

Az árpa kromoszómák kimutatására használt GISH módszerét alkalmazva jelentős kereszthibridizáció volt tapasztalható a jelölt *Ae. biuncialis* genom DNS és a búza kromoszómák között, ezért a módszer optimalizációjára volt szükség. Kritikus lépésnek bizonyultak a hibridizáció körülményeinek megváltoztatása (16 óra, 37 °C), az *Ae. biuncialis* diploid őseinek, az *Ae. comosa* és *Ae. umbellulata* genom DNS-ének próbaként való alkalmazása és a digoxigeninnel történt indirekt próba jelölés. A különböző próba/blokkoló DNS arányok mellett a legspecifikusabb hibridizációs jelet az 1:200 blokkoló arány esetén kaptam. A GISH módosításával sikerült kimutatni 2 db *Ae. biuncialis* kromoszóma jelenlétét a 3M^b búza-*Ae. biuncialis* diszómás addíciós vonalban.

3.2.2. Az *Ae. biuncialis* U^b és M^b kromoszómáinak megkülönböztetése multikolor genom *in situ* hibridizációval (mcGISH)

Az *Ae. biuncialis* U^b és M^b genomjának kromoszómáinak egymás mellett történő kimutatásához a GISH egyes lépéseit tovább módosítottuk. A random-primed jelöléssel előállított U és M genom specifikus próbákat 1:1 arányban alkalmaztuk a hibridizációs keverékben, mely 30x-os mennyiségű blokkoló DNS-t is tartalmazott. A hibridizációs hőmérséklet 42 °C-ra történt emelése szintén erősen befolyásolta a GISH sikerét. A detektálást elősegítette az emissziós spektrum zöld és vörös tartományára érzékeny duplasávós szűrő alkalmazása. Az vörös és zöld színű festődés alapján sikerült megbízhatóan elkülöníteni az U^b és M^b genomok kromoszómáit az *Ae. biuncialis* egyes genotípusaiban.

Az mcGISH módszerével megvizsgáltunk 32 *Ae. biuncialis* genotípust. Kimutattuk, hogy a szárazságtűrési vizsgálatokhoz használt búza-*Ae. biuncialis* amfiploidok *Ae. biuncialis* szülői genotípusaiban (MvGB470 és MvGB1112) nincs intergenomikus kromoszóma átrendeződés az U^b és M^b kromoszómák között. Ugyanakkor 4 esetben (TA10058, MvGB377, AE754/90 és AE751/82 génbanki számú) mutattunk ki homozigóta reciprok intergenomikus kromoszómaátrendeződést az U^b és M^b genom között. Megállapítottuk, hogy az alkalmazott mcGISH segítségével a transzlokációs töréspontok helyzete pontosan meghatározható, mind a négy esetben pericentrikus, vagy centroméra közeli interkaláris pozícióban helyezkedtek el.

3.2.3. Az U^b és M^b genomok megkülönböztetése búza-*Ae. biuncialis* F₁ hibridekben és amfiploidokban

Az U^b és M^b kromoszómák búza kromoszómáktól történő megkülönböztetésének érdekében az mcGISH módszerét a búza-*Ae. biuncialis* F₁ hibrideken és amfiploidokon alkalmaztuk. A jelentős búza-*Aegilops* kereszthibridizáció miatt, azonban a módszert tovább módosítottuk. Blokkoló DNS-ként a *T. turgidum* ssp. *durum* genom DNS-ét alkalmaztuk. A fedőlemezek leragasztásával megakadályoztuk a hibridizációs keverék elpárolgását. A random primed reakciók hőmérsékletét 25 °C-ra csökkentettük, ami a jelölt nukleotidok hatékonyabb beépülését eredményezte. A hatékonyabb jelölés révén csökkenthettük a próba és a fluorokrómmal kapcsolt antitestek koncentrációját, ami kisebb fluoreszcens háttérrel eredményezett. A változtatások eredményeként az U^b kromoszómák vörös, az M^b kromoszómák zöld és a búza kromoszómák barna színű jelölődése alapján mcGISH-el sikerült 7db U^b, 7db M^b és 21db búza kromoszómát kimutatnunk a búza-*Ae. biuncialis* F₁ hibridekben. Az amfiploidokban szintén kimutatható volt 14db U^b, 14db M^b és 42db búza kromoszóma.

3.3. Búza-*Ae. biuncialis* interspecifikus transzlokációk létrehozása

3.3.1. Búza-*Ae. biuncialis* homeológ rekombinációk előállítása

A búza-*Ae. biuncialis* homeológ rekombinációk előállítása érdekében a 2M^b, 3M^b, 7M^b és 3U^b búza-*Ae. biuncialis* diszómás addíciós vonalakat kereszteztük a Chinese Spring *ph1b* mutáns genotípusával. A létrehozott F₁ hibridekben GISH segítségével vizsgáltuk a búza és az egyes *Ae. biuncialis* kromoszómák közti homeológ párosodások gyakoriságát a meiózis első metafázisában. A fluoreszcens jel alapján a pollenanyasejteken egyértelműen kimutatható volt az egyes *Ae. biuncialis* kromoszómák jelenléte. A keresztezési kombinációktól függetlenül, az *Aegilops* kromoszómák leggyakrabban univalensként voltak jelen a 21 búza bivalens mellett. A 3M^b kromoszómát tartalmazó F₁ hibridekben számos esetben a 3M^b univalens mellett a búza kromoszómák 20 bivalens és 1 univalens konfigurációban voltak jelen. A búza és az *Aegilops* kromoszómák közt kimutattuk bivalensek és trivalensek kialakulását.

Legnagyobb gyakorisággal a $2M^b$ és $3M^b$ kromoszómák párosodtak a búzákkal. A $3U^b$ -búza kromoszóma asszociációk száma ettől kisebb volt, a $7M^b$ kromoszóma esetében pedig nem figyeltünk meg párosodást. Az F_1 hibridekben megfigyelt búza-*Aegilops* kromoszómapárosodások eredményeként homeológ rekombinációk jöhetnek létre, melyek igen gyakran az F_2 nemzedék kalászmorfológiáját is megváltoztatják. Ezért szántóföldi körülmények között az F_2 nemzedékben a kalászmorfológia alapján szelektáltunk a szülői genotípusoktól eltérő formákra. A szelekció során a $2M^b$ addíciós vonallal kapott utódokból 16, a $3M^b$ addíciók utódjaiból 12, míg a $3U^b$ és $7M^b$ addíciók utódjaiból 6-6 növényt szelektáltunk.

A szelektált F_2 növények öntermékenyített F_3 utódjainak citogenetikai analízise során találtunk egy 42 kromoszómával rendelkező növényt, melyben 2 db $3M^b$ kromoszóma volt azonosítható, ami egy $3M^b$ búza-*Ae. biuncialis* diszómás szubsztitúciós vonal kialakulására utal. Egy további genotípusban GISH segítségével kimutattuk 2 db búza- $3M^b$ centrikus fúzió jelenlétét is.

3.3.2.T. *aestivum*-*Ae. biuncialis* random kromoszóma átépülések létrehozása ionizáló sugárzással

A búza és az *Ae. biuncialis* közti intergenomikus kromoszóma átépüléseket mcGISH-el mutattuk ki a kezeletlen és ^{60}Co γ -sugárzás különböző dózisainak (5-, 50-, 100Gy) kitett búza-*Ae. biuncialis* amfiploidokban. Az amfiploidokban az U^b kromoszómák vörös, az M^b kromoszómák zöld, a nem jelölődött búza kromoszómák barna színűek voltak. A színelkülönbségek alapján kimutatható volt búza/ U^b , búza/ M^b és U^b/M^b intergenomikus kromoszóma átrendeződések képződése. A fenti genomi kombinációkban detektáltuk dicentrikus kromoszómák, terminális transzlokációk, intersticiális transzlokációk, centrikus fúziók és kromoszóma fragmentek kialakulását.

A besugárzás nélküli kontroll amfiploidokban igen kis gyakorisággal tudtunk aberrációkat kimutatni, melyeken belül a terminális transzlokációk és a centrikus fúziók jelenléte volt a meghatározó. A besugárzás hatására a dózis növekedésével megnőtt a kromoszóma aberrációk képződése, ezen belül a terminális transzlokációk és a fragmentek aránya volt a legnagyobb, míg az intersticiális transzlokációké a legkisebb. A centrikus fúziók számának növekedése csak az 50 Gy kezelés esetén következett be.

Az mcGISH alkalmazásával lehetőség nyílt az *Ae. biuncialis* U^b és M^b genomjának kimutatására a különböző kromoszóma aberrációkban. A kontroll amfiploidokban nem volt különbség az U- és M-típusú kromoszóma aberrációk számában. Ugyanakkor 5 és 50 Gy besugárzási dózisok mellett az U-típusú aberrációkban jelentős növekedést észleltünk, ellentétben az M-típusú aberrációkkal, melyek száma csak a 100 Gy dózis mellett érte el az U-típusúakét. Az U- és M-típusú aberrációk közti különbségek nagymértékben az U-típusú centrikus fúzióknak volt köszönhető, melyek minden dózis esetén nagyobb számban képződtek az M-típusúakénál.

Az M_0 generáció aberráció/sejt adatait az M_1 generáció aberráció/növény adataival hasonlítottuk össze. A kromoszóma aberrációk összességében nem volt különbség az M_0 és M_1 generáció között, kivéve a 100 Gy dózist, ahol az M_1 generációban jelentősen csökkent az aberrációk száma az M_0 -hoz képest. Az aberráció típusok összetételén belül az M_1 generációban a dicentrikus kromoszómák eltűntek és a kromoszóma fragmentek száma is jelentősen csökkent, különösen a 100 Gy dózis esetén. Az öntermékenyített utódokban nőtt a centrikus fúziók gyakorisága különösen 5 Gy esetén. Ugyanakkor a terminális és intersticiális transzlokációk száma nem változott. Az U- és M-típusú átrendeződések arányában az M_1 nemzedékben is az M_0 -hoz hasonló tendenciákat tapasztaltunk, bár sok esetben az alacsony minta szám miatt a statisztikai elemzés nem volt elvégezhető. Az M_1 növényekben 5- és 50 Gy dózisoknál szignifikánsan több U-típusú centrikus fúziót mutattunk ki, mint M-típusút.

A γ -sugárzás növekedésével jelentősen csökkent a csírázási % a kontroll növényekhez képest mind az M_0 , mind az M_1 generációban. Ehhez hasonlóan a besugárzott M_0 növények fertilitása szintén alacsonyabb volt a kontrollnál.

Az M_1 generációban a fertilitás növekedése volt megfigyelhető a dózis növekedésével párhuzamosan, ahol az 50 és 100 Gy esetén a fertilitás hasonló volt a kontrollhoz.

3.4. Új tudományos eredmények

- a) PEG-indukált ozmotikus stressz alkalmazásával kimutattuk, hogy az alacsonyabb csapadékmennyiséghez adaptálódott *Ae. biuncialis* genotípusok szárazságtűrési paraméterei kedvezőbbek, ezért alkalmasak lehetnek a búza szárazságtűrésének növelésére. *T. aestivum*-*Ae. biuncialis* amfiploidok vizsgálatával igazoltuk továbbá, hogy egyes *Ae. biuncialis* genotípusok kedvező szárazságtűrési tulajdonságai búza genetikai háttérben is kifejeződnek.
- b) Kidolgoztuk az *Ae. biuncialis* U^b és M^b kromoszómáinak *T. aestivum* genetikai háttérben történő kimutatására alkalmas multikolor genomi *in situ* hibridizáció (mcGISH) módszerét.
- c) McGISH segítségével U^b/M^b homozigóta reciprok intergenomikus kromoszóma átrendeződéseket mutattunk ki egyes *Ae. biuncialis* genotípusokban.
- d) *T. aestivum*-*Ae. biuncialis* addíciós vonalak x *CSph1b* F₁ hibridek meiózisének GISH segítségével történő vizsgálata során kimutattuk, hogy az egyes *Ae. biuncialis* kromoszómák eltérő gyakorisággal párosodnak a megfelelő homeológ csoportba tartozó búza kromoszómákkal. A 2M^b és 3M^b kromoszómák nagyobb, a 3U^b kisebb gyakorisággal párosodott a búza kromoszómákkal. A 7M^b kromoszóma esetében egyáltalán nem volt párosodás megfigyelhető.
- e) A *T. aestivum*-*Ae. biuncialis* addíciós vonalak x *CSph1b* keresztezésekkel 3M^b *T. aestivum*-*Ae. biuncialis* diszómás szubsztitúciós vonalat és 3M^b/búza centrikus fúziót állítottunk elő.
- f) Ionizáló sugárzás segítségével *T. aestivum*-*Ae. biuncialis* interspecifikus transzlokációkat (terminális- és intersticiális transzlokációkat, centrikus fúziókat és fragmenteket) állítottunk elő. McGISH segítségével kimutattuk, hogy az *Ae. biuncialis* U^b genomja érzékenyebb a besugárzásra, mint az M^b genom.

4. KÖVETKEZTETÉSEK ÉS JAVASLATOK

- a) A PEG-indukált ozmotikus stressz során az alacsony csapadékviszonyokhoz adaptálódott *Ae. biuncialis* genotípusokra jellemző volt, hogy nagyobb vízvesztésük ellenére képesek voltak fenntartani fotoszintetikus aktivitásuk jelentős részét. Az intercelluláris CO₂ szint csökkenése alapján arra lehet következtetni, hogy esetükben a CO₂ intercelluláris járatoktól a kloroplasztiszokba történő diffúziója kevésbé gátolt. A búza (és részben a magas csapadék viszonyokhoz alkalmazkodott *Aegilops*) genotípusok esetében ezzel ellentétes folyamatok következtek be. Mindezek alapján indokolt lehet a szárazságtűrést befolyásoló, különösen a CO₂ diffúziójában szerepet játszó faktorok (pl. aquaporinok, karboanhidráz enzim stb.) génexpressziójának vizsgálata az alacsony illetve a magas csapadékviszonyokhoz adaptálódott *Ae. biuncialis* genotípusok esetében. Az említett *Ae. biuncialis* genotípusok felhasználásával indokolt lenne egy térképezési populáció létrehozása is, melynek segítségével a legfontosabb szárazságtűrési QTL-ek térképezhetőek lennének és a kapcsolt molekuláris markereket (SSR, SCAR, EST) fel lehetne használni szárazságtűrést hordozó *T. aestivum*-*Ae. biuncialis* transzlokációk marker-kapcsolt szelekciójára.
- b) Multikolor genomi *in situ* hibridizációval U^b/M^b homozigóta reciprok intergenomikus transzlokációkat mutattunk ki négy *Ae. biuncialis* genotípusban. A kapott eredmények alapján feltételezhető, hogy az intergenomikus kromoszómaátrendeződések kiszelektálódása a populációban összefüggésben állhat az adott terület ökológiai viszonyaihoz való alkalmazkodással. A későbbiek során a repetitív DNS szekvenciákkal (pSc119.2, pAs1, pTa71 stb) valamint U és M genomi próbákkal végzett *in situ* hibridizáció alkalmazásával azonosíthatóak a transzlokációkat alkotó kromoszómák.
- c) Az Mv9kr1-*Ae. biuncialis* addíciós vonalaknak a Chinese Spring *ph1b* mutáns genotípusával előállított F₁ hibridjeinek meióziséban genomi *in situ* hibridizációval vizsgáltuk a búza és az *Aegilops* kromoszómák párosodását. Kimutattuk, hogy legnagyobb gyakorisággal a 2M^b és 3M^b kromoszómák párosodnak a megfelelő búza homeológ partnerekkel. Jelentősen kisebb valószínűséggel alakulnak ki 3U^b-búza kromoszóma asszociációk, míg egyáltalán nem figyeltünk meg párosodást a 7M^b és búza kromoszómák között. Mindez arra utalhat, hogy a búza-*Aegilops* homeológia viszonyok az egyes *Aegilops* kromoszómák esetében jelentősen különbözhetnek. Az addíciós vonalak és a búza szülői partner összehasonlítása búza kromoszóma specifikus mikroszatellit (SSR) markerek alapján megerősíthetné a fenti következtetéseket és megfelelő hosszpolimorfizmus esetén az egyes markerek *Aegilops* kromoszómákon való elhelyezkedéséről is információkkal szolgálhatna. A kromoszóma párosodások alapján várható, hogy nagyobb gyakorisággal jöhetnek létre intergenomikus transzlokációk a búza és a 2M^b, illetve 3M^b kromoszómák között, mint a 3U^b vagy 7M^b kromoszómák között. Ennek igazolása nagyobb számú F₃ egyed vizsgálata után lehetséges.
- d) Az Mv9kr1-*Ae. biuncialis* addíciós vonalak és a Chinese Spring *ph1b* mutáns genotípusának keresztezéséből származó F₃ utódok között GISH-el azonosítottunk egy 3M^b *T. aestivum*-*Ae. biuncialis* diszómás szubsztitúciós vonalat és egy 3M^b-búza centrikus fúziókat tartalmazó vonalat. E két genotípus kialakulása összefüggésben állhat azzal, hogy a 3M^b addícióval létrehozott F₁ hibrid növényekben nagy gyakorisággal jelent meg a 3M^b mellett egy darab búza univalens is (20 db búza bivalens mellett). Az univalensek eltérő szegregációja illetve a centromérában gyakran megfigyelt töréseik magyarázhatják a szubsztitúciós vonal és a centrikus fúziók kialakulását. A genotípusok pontosabb azonosítására a repetitív DNS szekvenciákkal (pSc119.2, pAs1, pTa71 stb) végzett *in situ* hibridizáció és molekuláris markerek segítségével végezhető el.
- e) Az ionizáló sugárzás segítségével előállított *T. aestivum*-*Ae. biuncialis* interspecifikus transzlokációk mcGISH segítségével történő analízise során kimutattam, hogy az *Ae. biuncialis* U^b genomja érzékenyebb a besugárzásra, mint az M^b genom. Az U^b kromoszómákat tartalmazó centrikus fúziók nagy száma arra utal, hogy a centroméra, illetve centroméra környéki régiók jelentős szerepet játszanak az U^b genom sugárérzékenységében. Felvetődhet a kérdés, hogy a transzlokációs töréspontok megjelenése mely szekvenciákhoz, illetve milyen kromatin osztályokhoz kötődik

nagyobb valószínűséggel. A kérdés tisztázásához, a különböző centroméra specifikus repetitív szekvenciákkal végzett *in situ* hibridizáció kombináltan alkalmazva a bemutatott mcGISH technikával nyújthat a további információkat. Ugyanakkor a nagyszámú U^b-búza transzlokációknak további jelentőséget kölcsönöz az a korábbi megállapítás, hogy (legalább is a 3U^b esetében) sokkal alacsonyabb volt az U^b-búza homeológ kromoszómapárosodások gyakorisága az M^b-búza párosodásokhoz képest. Az U^b-búza és M^b-búza transzlokációk további előállítására szempontjából logikus lehet az a megállapítás, hogy a homeológ rekombinációk előállításán és a random kromoszóma töréseken alapuló stratégiák jól kiegészíthetik egymást. A létrehozott transzlokációk egy része hordozhat olyan géneket, melyek előnyösen befolyásolhatják a búza szárazságtűrését. Az ilyen típusú transzlokációk kiválogatásához azonban elengedhetetlen egy hatékony szárazságtűrésre történő szelekciós rendszer alkalmazása.

- Bálint A. (1974): Az öröklés és származástan alapjai. Mezőgazdasági Kiadó, Budapest, pp 391.
- Ceoloni C, Del Signore G, Ercoli L and Donini P. (1992): Locating the alien chromatin segment in common wheat-*Aegilops longissima* mildew resistant transfers. *Hereditas*, 116 239-245.p.
- Friebe B, Hatchett JH, Gill BS, Mukai Y and Sebesta EE. (1991): Transfer of Hessian fly resistance from rye to wheat via radiation-induced terminal and intercalary chromosome translocations. *Theoretical and Applied Genetics*, 83 33-40.p.
- Friebe B, Jiang J, Raupp WJ, McIntosh RA and Gill BS. (1996): Characterization of wheat alien translocations conferring resistance to diseases and pests: current status. *Euphytica*, 71 59-87.p.
- Le HT, Armstrong KC and Miki B. (1989): Detection of rye DNA in wheat-rye hybrids and wheat translocation stocks using total genomic DNA as a probe. *Plant Molecular Biology Reporter*, 7 150-158.p.
- Lukaszewski AJ. (1995): Physical distribution of translocation breakpoints in homoeologous recombinants induced by the absence of the *Ph1* gene in wheat and triticale. *Theoretical and Applied Genetics*, 90 714-719.p.
- Lukaszewski AJ. (2000): Manipulation of the 1RS.1BL translocation in wheat by induced homoeologous recombination. *Crop Science*, 40 216-225.p.
- Mukai Y, Friebe B, Hatchett JH, Yamamoto M and Gill BS. (1993b): Molecular cytogenetic analysis of radiation-induced wheat-rye terminal and intercalary chromosomal translocations and the detection of rye chromatin specifying resistance to Hessian fly. *Chromosoma*, 102 88-95.p.
- Riley R and Law CN. (1965): Genetic variation in chromosome pairing. *Adv. Genet.* 13: 57-114.
- Molnár I, Gáspár L, Sárvári É, Dulai S, Hoffmann B, Molnár-Láng M and Galiba G. (2004): Physiological and morphological responses to water stress in *Aegilops biuncialis* and *Triticum aestivum* genotypes with differing tolerance to drought. *Functional Plant Biology*, 31 1149-1159.p.
- Molnár-Láng M, Linc G, Logojan A, Sutka J. (2000): Production and meiotic pairing behaviour of new hybrids of winter wheat (*Triticum aestivum*) x winter barley (*Hordeum vulgare*). *Genome*, 43 1045-1054.p.
- Schwarzacher T, Leitch AR, Bennett MD and Heslop-Harrison JS. (1989): *In-situ* localization of parental genomes in a wide hybrid. *Annals of Botany*, 64 315-324.p.
- Sears ER. (1976): Genetic control of chromosome pairing in wheat. *Annual Review of Genetics*, 10 31-51.p.

PUBLIKÁCIÓS LISTA

Magyar nyelvű lektorált szakcikk/könyv:

- Dulai S, Varga J, Cseh R, Molnár E, **Molnár I**, Kovács F és Suba J. (1995) Az Upponyi-szoros mikroklímája Acta Acad. Agr. Nova Series XXI. Suppl. 1., 398-407.
- Molnár I.** (1995) A hőmérséklet érzékenység vizsgálata fluoreszcencia indukciós módszerrel herbicid rezisztens és szenzitív *Conyza canadensis* (L.) cronq biotípusokon. OTDK dolgozat, Gödöllő, Növényélettan tagozat.
- Molnár I.** (1997) A D1 protein mutáció hatása a fotoszintetikus apparátus termostabilitására és hőmérsékleti adaptációs képességére. OTDK dolgozat, Nyíregyháza, Növényélettan tagozat.
- Sárvári É, Gáspár L, **Molnár I**, Király I, Czövek P, Nyitrai P, Terstyánszky A, Hoffmann B and Galiba G. (2006) Fotoszintetikus Funkciók Kedvezőtlen Vízellátás Mellett. A búza nemesítésének tudományos alapjai (Szerk. Dudits Dénes). MTA Szegedi Biológiai Központ, Winter Fair Kft., Szeged.

Idegen nyelvű lektorált szakcikk/könyv:

- Dulai S, **Molnar I** and Lehoczki E. (1998): Effects of growth temperature on long term responses of PS II to heat stress and cold and warm acclimated atrazine-resistant and susceptible biotypes of *Erigeron canadensis*. Australian Journal of Plant Physiology, 25, 145-153.
- Dulai S, **Molnár I**, Péli E and Lehoczki E. (1999). Short-term responses of PS II to heat-stress in cold-acclimated atrazine resistant and susceptible biotypes of *Erigeron canadensis* (L.) Z. Naturforschung 54C, 665-670.
- Bertrand M, Schoefs B, Siffel P, Rohacek K and **Molnár I.** (2001) Cadmium inhibits epoxidation of diatoxanthin to diadinoxanthin in the xanthophyll cycle of the marine diatom *Phaeodactylum tricorutum*. FEBS letters 508, 1. 153-156.
- Molnár-Láng M, Linc G, Nagy E.D, Schneider A and **Molnár I.** (2002) Molecular cytogenetic analysis of wheat-alien hybrids and derivatives. Acta Agronomica Hungarica. Vol 50 (3): 303-311
- Molnár I**, Orbán S, Pócs T, Sas-Gyarmati A, Lehoczki E. and Dulai S. (2003) Photosynthetic responses of *Mastigophora diclados* (Brid. ex Web.) Nees. ecotypes to excess light in consequence of their microhabitats in Reunion island: a fluorescence induction study. Acta Academia Agriensis Sectio Biologiae. XXIV, 215-233. (ISSN:1216 4186)
- Dulai S, Pócs T, Orbán S, Lehoczki E and **Molnár I.** (2003) The photosynthesis-ecophysiological characterisation of an indigenous (*Cyathea glauca* (Bory.)) and an introduced (*Psidium cattleianum* (Sabine)) plant species in Reunion island. Acta Academia Agriensis Sectio Biologica. XXIII, 155-162 (ISSN:1216 4186)
- Dulai S, Csizi K, Sass-Gyarmati A, Orbán S and **Molnár I.** (2004) Combined effects of Thylakoid Energisation Level and Water Deficit on Thermal Stability of Photosystem II in a Dessication Tolerant Moss. Acta Academiae Paedagogicae Agriensis Sectio Biologiae, XXV. 127-138.
- Molnár I**, Gáspár L, Sárvári É, Dulai S, Hoffmann B, Molnár-Láng M and Galiba G. (2004) Physiological and morphological responses to water stress in *Aegilops biuncialis* and *Triticum aestivum* genotypes with differing tolerance to drought. Functional Plant Biology Vol. 31, 1149-1159.
- Molnár I**, Schneider A and Molnár-Láng M. (2005) Demonstration of *Aegilops biuncialis* chromosomes in a wheat background by genomic *in situ* hybridization (GISH) and identification of U chromosomes by FISH using GAA sequences. Cereal research Communications, 33 (4): 673-680.
- Schneider A, Linc G, **Molnár I.** and Molnár-Láng M. (2005) Molecular cytogenetic characterization of *Aegilops biuncialis* and its use for the identification of 5 derived wheat – *Aegilops biuncialis* addition lines. Genome, 48(6): 1070-1082.
- Dulai S, **Molnár I**, Prónay J, Csernák Á, Tarnai R and Molnár-Láng M. (2005) Drought and heat stability of the photosynthetic apparatus in bread wheat and in *Aegilops* species. Acta Academiae Paedagogicae Agriensis Sectio Biologiae. 32, 3-14.

- Nagy ED, **Molnár I**, Schneider A, Kovács G and Molnár-Láng M. (2006) Characterisation of chromosoma-specific S-SAP markers and their use to study genetic diversity in *Aegilops* species. *Genome*. 49(4): 289-296.
- Dulai S, **Molnár I**, Prónay J, Csernák Á, Tarnai R and Molnár-Láng M. (2006) Effects of drought on photosynthetic parameters and heat stability of PSII in wheat and in *Aegilops* species originating from dry habitats. *Acta Biologica Szegediensis*. 50(1-2): 11-17.
- Czövek P, Király I, Páldi E, **Molnár I** and Gáspár L. (2006) Comparative analysis of stress tolerance in *Aegilops* accessions and Triticum wheat varieties to detect different drought tolerance strategies. *Acta Agronomica Hungarica* 54: 49-60.
- Sepsi A, Németh K, **Molnár I**, Szakács É and Molnár-Láng M (2006) Induction of chromosome rearrangements in a 4H(4D) wheat-barley substitution using a wheat line containing a Ph suppressor gene. *Cereal Research Communications*, 34 (4): 1215-1222.
- Molnár I**, Linc G, Dulai S, Nagy ED and Molnár-Láng M (2007) Ability of chromosome 4H to compensate for 4D in response to drought stress in a newly developed and identified wheat-barley 4H(4D) disomic substitution line. *Plant Breeding*, 126:369-374.
- Schneider A, **Molnár I** and Molnár-Láng, M. (2008) Utilisation of *Aegilops* (goatgrass) species to widen the genetic diversity of cultivated wheat. (review) *Euphytica* (in press)
- Sepsi A, Molnár I, Szalay D and Molnár-Láng M. (2008) Characterization of a leaf rust resistant wheat–*Thinopyrum ponticum* partial amphiploid BE-1 using sequential multicolor GISH and FISH. *Theoretical and Applied Genetics*, 116: 825-834.

Referált konferencia összefoglalók:

- Dulai S, **Molnár I** and E. Lehoczki (1995): Heat-induced modulated chlorophyll a fluorescence in atrazine-resistant and susceptible biotypes of *Conyza canadensis* in: *Photosynthesis from light to Biosphere* ed. P Mathis, Kluwer Academic Publishers. Dordrecht/Boston/London Vol. IV. 921-924. 1995
- Marshall M, Dulai S, **Molnár I** (1995): The application of chlorophyll fluorescence as a sensitive indicator of desiccation in a liverwort, *Porella platyphylla* in: *Photosynthesis from light to Biosphere* ed. P Mathis, Kluwer Academic Publishers. Dordrecht/Boston/London Vol. IV. 517-520. 1995
- Molnár I**, Csizi K, Dulai S, Darkó E and E. Lehoczki. (1998) Light dependence of thermostability of photosynthetic apparatus in: *Photosynthesis: Mechanisms and Effects*, ed. G. Garab, Kluwer Academic Publishers. Dordrecht/Boston/London Vol. III. 2241-2244.
- Dulai S, **Molnár I**, Lehoczki E and Pócs T (1998) The role of photosynthetic activity in the vulnerability of an insular biome to invasion by alien species. in: *Photosynthesis: Mechanisms and Effects*, ed. G. Garab, Kluwer Academic Publishers. Dordrecht/Boston/London Vol. V. 4057-4060.
- Molnár I**, Gáspár L, Stéhli L, Dulai S, Sárvári É, Király I, Galiba G and Molnár-Láng M. (2002) The effects of drought stress on the photosynthetic processes of wheat and of *Aegilops biuncialis* genotypes originating from various habitats. *Acta Biol. Segediensis*. Vol 46 (3-4) –Supplement, S2-P19, pp115-116.
- Gáspár L, Sárvári É, **Molnár I**, Stéhli L, Molnár-Láng M and Galiba G. (2002) Structural changes of the photosynthetic apparatus under osmotic stress in different *Triticum aestivum* and *Aegilops biuncialis* genotypes. *Acta Biol. Segediensis*. Vol 46 (3-4) –Supplement, S2-P08, pp91-93.
- Dulai S, Horváth F, Pécsváradi A, Bondár M, **Molnár I** and Erdei L. (2002) Does increased photorespiration protect the leaves of common reed living in fragmented patches from excess light? *Acta Biol. Segediensis*. Vol 46 (3-4) –Supplement, S4-04, pp155-156.
- Dulai S, Horváth F, Orbán S, Darkó É, Csizi K and **Molnár I**. (2002) Water deficit under continuous light enhances the thermal stability of photosystem II in *Homalothecium lutescens* moss. *Acta Biol. Segediensis*. Vol 46 (3-4) –Supplement, S4-P01, pp159-160.
- Linc G, Schneider A, **Molnár I** and Molnár-Láng M (2003). Production and molecular cytogenetic identification of *Triticum aestivum* - *Aegilops biuncialis* disomic additions. In *Proc. Tenth International Wheat Genetics Symposium* (eds. N.E.Pogna, M.Romano, E.A.Pogna, G., Galterio), 1-6 September, 2003, Paestum, Italy, Istituto Sperimentale per la Cerealicoltura, Roma, Italy, pp 604-606.

- Molnár I**, Dulai S, Csernák A, Prónay J and Molnár-Láng M (2005) Photosynthetic responses to drought stress in different *Aegilops* species. *Acta Biologica Szegediensis*, 49 (1-2): 141-142.
- Dulai S, **Molnár I**, Prónay J, Marschall M, Csernák A, Tarnai R and Molnár-Láng M (2005) Effects of drought on thermal stability of photosynthetic apparatus in bread wheat and in *Aegilops* species originating from various habitats. *Acta Biologica Szegediensis*, 49 (1-2): 215-217

Egyéb (Poszterek, konferencia kiadványok, ismeretterjesztő cikkek):

- Dulai S, Marschall Z, Vojtkó A, Cseh R, **Molnár I** és Suba J. (1994): Mikroklíma mérések a Bükk-hegység néhány refugium területén. III. Magyar Ökológus Kongresszus, Szeged, 1994 (poszter)
- Marschall Z, Cseh R, Dulai S és **Molnár I**. (1994): Xero- és mezofill mohafajok fotoszintézis-ökológiai tulajdonságainak szezonális dinamikája. III. Magyar Ökológus Kongresszus, Szeged, 1994 (poszter)
- Dulai S, **Molnár I** és Lehoczki E. (1995): A gyomirtókra rezisztens biotípusok (*Conyza canadensis* hőmérséklet érzékenységének vizsgálata. MAB előadói ülés, Miskolc, 1995. (előadás)
- Molnár I** és Dulai S. (1995): A hőmérséklet érzékenység összehasonlító vizsgálata fluoreszcencia indukció módszerrel herbicid-rezisztens és szenzitív *Conyza canadensis* biotípusokon. MAB előadói ülés, Miskolc, 1995. (előadás)
- Dulai S és **Molnár I**. (1995): A hőmérsékleti adaptáció szerepe az eltérő fluiditású tilakoidokkal rendelkező *Conyza canadensis* biotípusok konstans fluoreszcenciájának (Fo) és fotoszintetikus paramétereinek hőmérséklet-függésében. MAB előadói ülés, Miskolc, 1995. (előadás)
- Dulai S, **Molnár I** and Lehoczki E (1995): Heat-induced modulated chlorophyll a fluorescence in atrazine-resistant and susceptible biotypes of *Conyza canadensis*. *Photosynthesis Research*, suppl. 1., P-24-038, pp.215 (poszter)
- Marshall M, Dulai S and **Molnár I**. (1995): The application of chlorophyll fluorescence as a sensitive indicator of desiccation in a liverwort, *Porella platyphylla*. *Photosynthesis Research*, suppl. 1., P-23-002, pp.215 (poszter)
- Molnár I** (1997) The ecophysiological background of vulnerability of an insulat biom (Reunion) by the invasion of alien species. In *Proceedings of III. International Conference of Global environment protection*. pp. 15. (előadás)
- Molnár I**, Dulai S, Marschall Z and Lehoczki E (1997): Short-term responses of PS II to moderately elevated temperature in cold acclimated leaves of herbicide resistant and susceptible biotypes of *Erigeron canadensis*. "Stress of Life" International Congress of Stress, Budapest, Hungary, July 1997 (poszter)
- Dulai S, **Molnár I** and Lehoczki E (1997) Responses of PS II to heat-stress in cold and warm acclimatized atrazine-resistant and susceptible biotypes of *Erigeron canadensis*. "Stress of Life" International Congress of Stress, Budapest, Hungary, July 1997 (poszter)
- Dulai S, **Molnár I**, Péli E and Lehoczki E. (1998). Short-term responses of PS II to heat-stress in cold-acclimated atrazine resistant and susceptible biotypes of *Erigeron canadensis* (L.) International workshop on stress synergism in plants; biotic and abiotic stress in photosynthesis, Tata, Hungary, (előadás)
- Molnár I**, Pócs T, Orbán S, Darkó É, Lehoczki E and Dulai S. (2000) Responses of PSII driven electron transport to high light stress in *Mastigophora diclados* growing different microhabitats. *Plant Physiol. Biochem.* Vol. 38-Supplement, S19-71, pp. s196. (poszter)
- Dulai S, Pócs T, Orbán S, Lehoczki E and **Molnár I**. (2000) Some photosynthetic characteristics of an indigenous (*Cyathea glauca*) and an introduced (*Psidium cattleianum*) plant species in Reunion island. *Plant Physiol. Biochem.* Vol. 38-Supplement, S21-13, pp. S237. (poszter)
- Molnár I**, Gáspár L, Stéhli L, Sárvári É, Király I, Galiba G and Lángné Molnár M. (2002) *Triticum aestivum* és *Aegilops biuncialis* genotípusok szárazságtűrési stratégiái. VIII. Növénynevelési Tudományos Napok, Budapest, 2002. 02, 12-13 (poszter)
- Gáspár L, **Molnár I**, Sárvári E, Stéhli L, Dulai S, Molnár-Láng M and Galiba G (2002) Different effects of osmotic stress on the structure and function of the photosynthetic apparatus in wheat and *Aegilops biuncialis* genotypes. 13th Congress of the Federation of European Societies of Plant Physiology, Hersonissos, Heraklion, Crete, Greece, september 2-6 (poszter)

- Molnár I**, Gáspár L, Stéhli L, Sárvári É, Galiba G and Lángné Molnár M (2003) Egy kecskebúza faj szárazságtűrésének összehasonlítása a természetett búzáéval új genetikai alapanyag előállításának céljával. IX. Növénynevelési Tudományos Napok, Budapest, 2003. 03. 05-06 (előadás)
- Linc G, Schneider A, **Molnár I** and Lángné Molnár M. (2003) Búza-Aegilops biuncialis addíciós vonalak előállítása és azonosítása fluoreszcens *in situ* hibridizációval. V. Magyar Genetikai kongresszus. Siófok, 2003. április 13-15. pp 88-89. (poszter)
- Dulai S, Orbán S, Csizi K és **Molnár I**. (2003) A csökkenő víztartalom hatása a fotoszintetizáló apparátus hőmérsékleti stabilitására árnyék- és fényakklimált *Homalothecium lutescens*ben. V. Magyarországi Fotoszintézis Konferencia, Noszvaj, 2003 szeptember 15-16. pp. 24 (poszter)
- Nagy DE, **Molnár I**, Schneider A, Lelley T és Lángné Molnár M. (2004) Búza genetikai háttérbe beépült idegen fajból származó kromatin jellemzése S-SAP markerek segítségével. X. Növénynevelési Tudományos Napok, Budapest, 2004. 02. 18-19. (előadás)
- Molnár I**, Linc G, Nagy ED és Lángné Molnár M. (2004) A 4H(4D) búza/árpa kromoszóma szubsztitúciós vonal előállítása és azonosítása fluoreszcens *in situ* hibridizációval. X. Növénynevelési Tudományos Napok, Budapest, 2004. 02. 18-19. (poszter)
- Schneider A, Linc G, **Molnár I**, Hoffmann B and Lángné Molnár M. (2004) Búza-Aegilops biuncialis addíciós vonalak és a szülőpartnerek azonosítása fluoreszcens *in situ* hibridizációval két repetitív DNS klón segítségével. X. Növénynevelési Tudományos Napok, Budapest, 2004. 02. 18-19. (poszter)
- Szakács É, **Molnár I** és Lángné Molnár M. Árpa kromoszómák azonosítása új őszi búza/őszi árpa addíciós vonalakban. X. Növénynevelési Tudományos Napok, Budapest, 2004. 02. 18-19. (poszter)
- Schneider A, **Molnár I**, Linc G, Hoffmann B és Lángné Molnár M. 2005. Egy kecskebúza faj felhasználása a búza genetikai diverzitásának bővítésére. XI. Növénynevelési Tudományos Napok, Budapest 2005. március 3-4. (poszter)
- Schneider A, **Molnár I**, Linc G, Hoffmann B és Lángné Molnár M. 2005. Agronómiailag hasznos tulajdonságok átvitele az Aegilops biuncialisból a természetett búzába. XI. Ifjúsági Tudományos Fórum, Keszthely 2005. március 24. (előadás)
- Schneider A, **Molnár I** és Lángné Molnár M. 2006. Új *Triticum aestivum* – *Ae. biuncialis* addíciós vonalak előállítása. XII. Növénynevelési Tudományos Napok, Budapest 2006. március 7-8. (poszter)
- Molnár I**, Benavente E és Lángné Molnár M (2007) Intergenomikus kromoszóma átrendeződések kimutatása multikolor genom *in situ* hibridizációval búza-*Ae. biuncialis* amfiploidokban. XIII. Növénynevelési Tudományos Napok, Budapest 2007. március 12. (poszter)
- Molnár I**, Benavente E és Lángné Molnár M (2007) Intergenomikus kromoszóma átrendeződések kimutatása multikolor genom *in situ* hibridizációval búza-*Ae. biuncialis* amfiploidokban. VII. Magyar Genetikai Kongresszus, XIV. Sejt- és Fejlődésbiológiai Napok, Balatonfüred 2007. április 15-17. (előadás)
- Molnár I**, Schneider A, Lángné Molnár M (2007) Egy kecskebúza faj felhasználása a búza génállományának bővítésére. Martonvásár, XIX(2): 18-19.