

AKADÉMIAI DOKTORI ÉRTEKEZÉS TÉZISEI

**Hatékony burgonyanemesítési módszertan kidolgozása
és eredményei**

Polgár Zsolt Géza



**„A változatosság gyönyörködtet”
(„Varietas delectat”)**

Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem

2025

1. Bevezetés

A burgonya világviszonylatban az egyik legalapvetőbb élelmiszernövényünk. A vegetatív szaporítási módból, a károsítók és kórokozók nagy számából, a növény abiotikus stressz érzékenységből adódó problémák, valamint az ezeknek való megfelelés igénye, komoly kihívás elé állítja a burgonyanemesítőket. Az étkezési burgonyatermesztés biológiai alapját a termelői, feldolgozóipari, fogyasztói és környezetvédelmi igényeket kielégítő fajták és az egészséges vetőgumójának rendelkezésre állása jelenti. A fajták értékét több, mint 40 tulajdonság együttese határozza meg (pl. termőképesség, termésstabilitás, gumójellemzők, biotikus és abiotikus stressz rezisztencia, stb., Bradshaw és Mackay 1994, Gebhart és mtsai. 2007). Ezek fontossági sorrendje jelentősen eltér a termelő, a feldolgozóipar és a fogyasztó szempontjából. Az olyan, virológiai és élettani leromlásra hajlamosító agroökológiai körülmények között, mint amilyen a Kárpát-medencére is jellemző, magas minőségű vetőburgonya előállítása szinte kizárólag csak rezisztens fajták termesztésével oldható meg. Ezen alapvetések évtizedekre visszamenően máig meghatározzák a keszthelyi nemesítési program irányát, a rezisztencianemesítés szükségességét. A termesztett burgonya sokszínűsége és széles rokonsági köre (vad és termesztett fajok) gazdag tárházát jelentik a nemesítés számára fontos géneknek (Hanneman 1989, Spooner és mtsai. 2014, Pavék és mtsai. 2001, Peralta és mtsai. 2021).

A burgonya tetraszómas öröklésmenete miatt az agronómiailag fontos, több gén által kódolt tulajdonságok öröklése nehezen irányítható. Az utódok tulajdonságai ezért csak bizonyos határok között jósolhatók meg. Hagyományos fajtaelőállító nemesítésben egy erősen heterozigóta tetraploid „F1 klón hibridet” (szülő 1) keresztezünk egy másik „F1 klón hibriddel” (szülő 2). Az így kapott F1 utódnemzedék genetikailag rendkívül heterogén és variábilis lesz (Ross 1986, Bradshaw és Mackay 1994, Bonierbale és mtsai 2020, Ortiz és Mihovilovich 2020, Bradshaw 2022a, Bradshaw 2022b). A vad fajokra alapozott rezisztencianemesítés a néhány előnyös gén megtartása és a számos nemkívánatos tulajdonság egyidejű kiküszöbölése miatt kimondottan idő és anyagi ráfordítás igényes. A burgonyanemesítés nehézsége és egyben szépsége ezért abban rejlik, hogy milyen módszerekkel tudjuk leghatékonyabban, a legrövidebb idő alatt megtalálni az előállított heterogén populációkban azokat az egyedeket, amelyek a szülők legelőnyösebb, általunk kívánt génkombinációját hordozzák.

A nemesítői munka hatékonyságának növelésére számos módszer kínálkozik. Például a diploid, és dihaploid szülők használata (Bradshaw 2022a, Jansky és mtsai. 2016, Solynta 2025); a kívánt gének álléleit több kópiában hordozó szülők alkalmazása (Mendoza és mtsai. 1996, Kneib és mtsai. 2017, Gorji és mtsai. 2017); az egyedi, DNS alapú genetikai markerekre alapozott szelekció (Cernák és mtsai. 2008b, Ahmadvand és mtsai. 2014, Slater és mtsai. 2014, Ramakrishnan és mtsai. 2015, Elison és mtsai. 2020).

A dolgozatban bemutatott munkámmal az 1960-ban indított keszthelyi nemesítési programba kapcsolódtam be. A program célja olyan magas termőképességű és minőségű, a biotikus és abiotikus stresszekkel szemben ellenálló fajták előállítása, melyek a Közép-Európai agroökológiai körülmények között gazdaságosan termesztethetők.

2. Célkitűzések

A Burgonyakutatói Központ nemesítési programjába való bekapcsolódásom kezdetétől fogva célom volt, hogy modernizáljam a programot. Célul tűztam ki a genetikai bázis kiszélesítését, a hagyományos és a legújabb biotechnológiai módszerek ötvözésével, módszertani fejlesztésekkel egy olyan nemesítési program kialakítását, amellyel hatékonyabban, a szubjektivitást minél inkább csökkentve lehet olyan fajtákat kinemesíteni, amelyek nem csak a Kárpát-medence

burgonyatermesztésre kedvezőtlen, virológiai és élettani leromlásra hajlamosító agroökológiai körülményei között, de akár a világ bármely más pontján is gazdaságosan termesztethők, egészséges vetőgumójuk helyben is előállítható.

Konkrétan:

- Komplex szülőpartner és keresztezési kombináció kiértékelő módszer kifejlesztése.
- Burgonya Y vírus (PVY) rezisztenciagéneket heteroduplex formában hordozó szülőpartnerek előállítása, jellemzése és bevonása a szülőpartner előállító nemesítésbe.
- PVY és PVX rezisztenciagének nyomon követésére alkalmas DNS alapú markerekre alapozott szelekciós módszer bevonása a burgonyanemesítési programba.
- Nemesítési vonalak, fajtajelöltek kiértékelésére és objektív összehasonlítására alkalmas komplex kritériumrendszer kidolgozása és alkalmazása.
- A Burgonyakutatói Központ fajtaválasztékának növelése, egyedi tulajdonságokkal rendelkező fajták kinemesítése.

3. Anyag és Módszer

3.1. Komplex szülőpartner és keresztezési kombináció kiértékelő módszer kifejlesztése

3.1.1. Keresztezési kombinációk előállítása

Az ismert tulajdonságokkal rendelkező, tesztelendő szülőpartnereket ivaros keresztezéssel kereszteztük egymással. Évente több tucat keresztezési kombinációban állítottunk elő F1 családokat. A kapott magokat a következő év tavaszán elvetve a magoncokat 4x4 cm-es cserepekben, üvegházban felneveltük, majd a termésből mindig a legnagyobb gumót betakarítottuk és eltároltuk a következő év tavaszáig. A tárolást követően a családokat a Burgonyakutatói Központ tenyészkertjébe, szántóföldre ültettük ki 75 cm sortáv és 1 m tőtávolság mellett. A területen normál szántóföldi burgonyatermesztési technológiát alkalmaztunk, öntözés nélkül. Tesztelendő családonként minimum 100, maximum 200 egyedet neveltünk így fel teljesérésig.

3.1.2. Anyató kiértékelési szempontok meghatározása, alkalmazása

Az egyes szülőpartnerek, és keresztezési kombinációk potenciális nemesítési értékének meghatározására komplex módszertani fejlesztést alkalmaztunk. Ennek során gyakorlati nemesítői tapasztalatokra alapozva meghatároztuk és felvételeztük azokat a tulajdonságokat, amelyeket a nemesítési program kezdeti, első szántóföldi generációs, úgynevezett „Anyató” állományában, amikor minden genotípust még csak egyetlen fő reprezentál, fenotípusos felvételezés alapján el lehet bírálni (héjszín, hússzín, tövenkénti gumószám, átlagos gumóméret, összbenyomás érték: gumóalak, rügymélység, héjminőség, kiegyenlítettség alapján, családonként: az „A” klónnak kiválasztott vonalak aránya, a legmagasabb összbenyomás osztályzatot kapott vonalak aránya). A kiértékelendő tulajdonságok felvételezését teljes érésben, betakarításkor végeztük el. A legjobb összbenyomás értékeket kapó anyatóvek minden gumóját bezacskozóztuk és betároltuk „A” klónnak való elültetésre. A kapott adatokból családonként meghatároztuk a kívánt héjszínű, optimálisnak tartott tövenkénti gumószámot mutató, illetve attól lefelé vagy felfelé eltérő anyatóvek arányát, az anyatóvek átlagos gumóméretét, az összbenyomás alapján a nemesítési folyamatának következő fokára („A” klón) tovább vinni kívánt anyatóvek

arányát, és a legjobb (4-5-ös) összbenyomás osztályzatot kapott anyatövek arányát. A vizsgált tulajdonságokhoz a felvételezett adatok alapján további értékpontokat rendelünk, amelyek összesítésével meghatároztuk és egymáshoz viszonyítottuk az egyes családok számszerűsített, relatív nemesítési értékét.

Az évente elvégzett család összehasonlító vizsgálatok eredményeként a következő évben mindig a legmagasabb relatív nemesítési értékű 10-15 családból végeztünk el nagyobb számú magvetést (500-1000 db. mag/család) és állítottunk elő magoncpopulációt, illetve a következő évben anyató állományt. A tenyészidő alatt két alkalommal elvégeztük az állomány szelekcióját.

3.2. Burgonya Y vírus (PVY) rezisztenciagént heteroduplex formában hordozó szülőpartnerek előállítása és jellemzése

3.2.1. Növényanyag

Nemesítési programunkban számos olyan szülőpartnert, nemesítési vonalat állítottunk elő, melyek a termesztett burgonya különböző, vad rokon fajaiból származóan (*S. stoloniferum*, *S. chacoense*, *S. andigenum*, *S. hoggassii*) extrém rezisztenciát biztosító, monogén domináns öröklődést mutató géneket (Ry) hordoznak a PVY fertőzésével szemben. Ezeket a vonalakat egymással kereszteztük, illetve a *S. andigenum* eredetű gént hordozó vonalakkal öntermékenyítést végeztünk. A kapott utódokat tovább vittük a nemesítési program következő fázisaiba (Anyató, „A” klón, „B” klón). A morfológiai és agronómiai tulajdonságok alapján kiválogattuk azokat a vonalakat, összesen húszat, amelyek kulturtulajdonságaik és szántóföldi PVY fertőződésmertességük alapján potenciálisan az adott vad fajok PVY rezisztenciagénjei közül két, esetleg három kópiát is hordozhatnak (duplex, triplex formában) és alkalmasak lehetnek újabb szülőpartnereknek. A PVY rezisztenciagének számának meghatározására a vonalakat, a PVY-al szemben nagyfokú fogékonytságot mutató külföldi fajtákkal (Colette, Hermes, Mariam, S440, nulliplex forma) kereszteztük. A tesztelő családokból 50-300 magoncot neveltünk fel üvegházban. A kísérleteket 2000 és 2016 között végeztük.

3.2.2. PVY rezisztencia vizsgálata mechanikai fertőzéssel

A fertőzésre a PVY^{NTN} törzsének szerológiailag (polyklonális és monoklonális antitest) valamint bioteszttel jellemzett (*S. tuberosum* cv. Vital és Hermes fajtákon) agresszív izolátumát használtuk. A vírust *Nicotiana tabacum* cv. Xanthi-nc növényekben szaporítottuk fel. A tesztelendő magoncokat vektormentes üvegházban, 2-4 leveles állapotban karborundum por/üvegspatula/foszfát puffer (pH 7,0) módszerrel, dörzsmozsárban 1:1 arányban eldörzsölt puffer/levél inokulummal fertőztük. A magoncok fertőzésre adott reakcióját vizuálisan és fertőzést követő 5. héten DAS-ELISA módszerrel vizsgáltuk (Loewe Biochemica GmbH).

3.2.3. A szülőpartnerek PVY rezisztencia genotípusának meghatározása

A rezisztenciateszt eredménye alapján meghatároztuk az adott tesztcsaládban a PVY rezisztens és fogékony egyedek számát és arányát. A kapott hasadási arányok várt elméleti hasadási arányokhoz való megfeleléséget Pearson féle χ^2 statisztikai próbával ellenőriztük.

3.4. Nemesítési vonalak értékmérő tulajdonságainak meghatározása

3.4.1. Vírusrezisztencia vizsgálatok

A PVY, PVX és PLRV-el szembeni rezisztenciát elsődlegesen szántóföldön értékeltük a kialakuló tünetek alapján, Magonc, „A, B és C” klón fázisban. Egyes tesztelendő nemesítési vonalak (szülőpartnerek, fajtajelöltek „C” és „D” klónok, régi és új fajták) PVY-al és PVX -el szembeni

rezisztenciáját az előzőekben leírt mechanikai fertőzésen, ill. kertészeti oltáson alapuló módszerekkel is vizsgáltuk. A mechanikai fertőzés során rezisztensnek bizonyuló genotípusok esetében a rezisztencia minőségét (hiperszenzitív rezisztencia HR, vagy extrém rezisztencia ER) a fajtajelöltek esetében paradicsomra való kertészeti oltással is vizsgáltuk. A fertőzést követő 3-5. héten a burgonya növényekről szedett oltóágat a fertőzött paradicsom alanyra, míg a fertőzött paradicsom oltóágat a burgonya alanyra oltottuk ékoltással. A burgonya növényeken jelentkező tüneteket hetente felvételeztük.

Az oltóágak és alanyok fertőzöttségét az oltást követő 4. héten DAS-ELISA módszerrel vizsgáltuk.

3.4.2. Burgonyavész, fitoftóra lombrezisztencia meghatározása

A nemesítési vonalak burgonyavésszel (*P. infestans*) szembeni lomb rezisztenciavizsgálatát három eltérő módszerrel vizsgáltuk.

I. Szántóföldi teszt:

A tesztelendő genotípusokat öntözött, szántóföldi körülmények közé ültettük, 3, ill. 4 ismétléses randomizált, 5 töves parcellákba az EUCABLIGHT (EUROBLIGHT, Late blight network for Europe) által ajánlott módszertan szerint. A parcellák közé fitoftórára közepesen fogékony elválasztó sorokat ültettünk. A kísérletbe kontrollként ismert fogékonyságú standard fajtákat ültettünk, melyek eredményeihez hasonlítva határoztuk meg a vizsgált vonalak rezisztencia, illetve fogékonyság értékét, 1 = fogékony, 9 = rezisztens skálán (Gloria 2, Eersteling 2, Bintje 3, Alpha 4, Robijn 6, Escort 7, White Lady 7, Vénusz Gold 8, Sárpo Mira 9.). A fertőzésre kedvező körülmények kialakítása érdekében szükség szerint 20 mm-es adagokban mikroszórófejes öntözést alkalmaztunk. Gombaölő szeres kezelést nem végeztünk. A lombfertőzöttséget az első tünetek kialakulásától 4 naponta felvételeztük. Az egyes évek eredményeinek összehasonlíthatósága miatt a rezisztencia/fogékonyság mértékét a betegség előrehaladási görbe alatti terület (AUDPC, area under disease progress curve), illetve a relatív AUDPC (rAUDPC, Jeger és Viljanen-Rollinson 2001) értékeivel fejeztük ki. A tesztelt genotípusok lombfitoftórával szembeni rezisztencia/fogékonyság értékét 1-9-es skálán jelenítettük meg.

II. Leválasztott levél teszt:

A vizsgálatokban három fitoftóra izolátumot használtunk, melyeknek a rasszkarakterét korábbi vizsgálatokban a Black differenciálósor segítségével meghatároztuk (Black és mtsai 1953).

A H12/10 izolátumot az MTA Növényvédelmi Kutató Intézet bocsátotta rendelkezésünkre (Bakonyi és mtsai. 1998 és 2002), az izolátum az 1, 2, 3, 4, 6, 7, 10, 11 virulenciagéneket hordozza és a White Lady burgonyafajta rezisztens vele szemben. A másik két izolátum saját gyűjtésből származik (White Lady és Vénusz izolátumok), rasszkarakterük: 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 10, 11. A White Lady, valamint Vénusz fajták fogékonyak az izolátummal szemben.

Az üvegházban nevelt vizsgálandó genotípusokat cserepekben neveltük fel. A növényekről hat kifejtett levélkét csapvizes és desztillált vizes öblítés után inokuláltunk. A fertőzéshez a fitoftóra izolátumokat burgonya gumószeleten felszaporítottuk, a micéliumot desztillált vízbe mostuk, majd rázatást követően négyrétegű gézen átszűrtük. A sporangium szuszpenzió koncentrációját 15.000 sporangium/ml-re állítottuk be. A szuszpenziót a rajzospórák kibocsátásához két órán át 4 °C-on, majd 20 percig szobahőmérsékleten inkubáltuk. A leszártított levélkéket nedves kamrába, műanyag rácsra helyeztük és valamennyi levélke fonákjára 50 µl inokulumot cseppentettünk. A levélkéket 20 °C-ra, megvilágító állványra helyeztük. Az inokulum cseppet 24 óra után eltávolítottuk és a levélkéket fonákjukkal lefelé fordítottuk. Az értékelést az inokulálást követő 4., 5. és 6. napon végeztük el. A léziók méretét a legnagyobb és a legkisebb átmérő hosszának átlagával fejeztük ki. Az egyes genotípusokban a betegség előrehaladásának mértékét az ún.

AUDPC és rAUDPC (Area Under Disease Progress Curve és Relative Area Under Disease Progress Curve) értékével fejeztük ki.

III. Egész növény teszt:

A nemesítési programban használt szülőpárok rezisztencia örökítési hatékonyságát Anyató korú utódaik egész növényen végzett mesterséges fertőzésével határoztuk meg, üvegházi körülmények között. A növényeket gumóról neveltük fel. Egy genotípust egy növény reprezentált. A 7-8 hetes növényeket gumószeleteken felszaporított White Lady izolátummal fertőztük meg, melynek rasszkaraktere 1,2,3,4,5,6,7,10,11, az inokulum koncentrációja 15.000 sporangium/ml volt. A növényeket a fertőzés után közel 100 % relatív páratartalom mellett neveltük tovább, majd a kialakuló fertőzési tünetek alapján 10 nap elteltével értékeltük. A fertőzési tüneteket egyáltalán nem mutató egyedeket tekintettük rezisztensnek.

3.5. Közönséges burgonya fonálféreg és burgonyarák rezisztencia meghatározása

A *G. rostochiensis* és *S. endobioticum* Magyarországon karantén kórokozók. Intézetünk karantén laboratóriummal nem rendelkezik. Ezért a fajtajelölt státuszban lévő nemesítési vonalaink e kórokozókkal szembeni rezisztencia tesztjét egy lengyelországi társ intézményünkkel (Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin Radzików) végeztettük el (Przetakiewicz és Plich 2017, Przetakiewicz A., & Milczare D. 2017).

3.6. Étkezési minőség vizsgálata

„A” és „B” klónok esetében az étkezési minőség vizsgálatát egy alkalommal, betakarítást követően, november hónapban végeztük el. A „C” és „D” klónok esetében a vizsgálatokat novemberben és +4 °C-on való 3 hónapos tárolás, majd kitérés után, 2 hetes 20 °C-on való rekondicionálást követően februárban is elvégeztük. A szárazanyag és keményítőtartalom meghatározását fajsúlymérésen alapuló módszerrel határoztuk meg (Houglund 1966). A nyers, főzési és sütési minőség meghatározását 10 gumós mintákon végeztük, 2 szelet (kocka)/gumóval. A nyers szürkülés vizsgálatánál a gumóhús szürkülésének mértékét ¼-es gumószeletek, vagy 1x1 cm-es gumóhúskockák 24 órányi szobahőmérsékleten való inkubálása után vizuálisan bíráltuk el 1-5 -ös skálán (1 erős szürkülés, 5 szürkülésmentesség). A főzési szürkülés vizsgálatához a gumószeleteket, ill. az 1x1 cm-es gumókockákat kuktában 15 percig főztük, majd a szürkülés mértékét vizuálisan értékeltük 1-5 -ös skálán. A sütési minőség vizsgálatához gumónként két 1,2 mm vastag szeletet sütöttünk meg 170 °C-on kb. 2 percig pálmajolajban. A sütési elszíneződést szintén vizuálisan értékeltük 1-5 -ös skálán.

3.7. Szántóföldi teljesítmény kísérletek kiértékelésének módszertana

A kísérletek a Burgonyakutatói Központ tenyészkertjében lettek beállítva, szokásos tápanyagutánpótlás és agrotechnika mellett, öntözés nélkül. Az egyes nemesítési vonalaknál alkalmazott tőszámok a következők voltak: Anyató 1 db. „A” klón 15 db, „B” klón 30 db., „C” klón 2 x 28 db., „D” klón 4 x 56 db. A „C” és „D” klónok (fajtajelöltek) esetében betakarításkor és utána felvételezett tulajdonságok kiértékelésére egyedi értékelő táblázatot, módszertant dolgoztunk ki. A táblázatba felvételezett egyes tulajdonságok relatív értékéhez egyedi szorzó tényezőket határoztunk meg a tulajdonságok fajtaértékben való figyelembevételének súlyozására. Betakarításkor a szántóföldön három méretfrakcióra osztályoztuk a termést (<35 mm, 35-65 mm, >65mm) és minden méretfrakciónak meghatároztuk a tömegét. Az átlagos hajtásszámot és gumószámot vonalanként 10 fő felvételezésével határoztuk meg. A felvételezéseket a hajtásszám esetében az ültetést követően 1 hónappal, a gumószám esetében a betakarítás előtti napokban végeztük el. A kísérletekben kontroll fajtaként a korai érésű Cleopatra és a középkorai érésű Desiree fajtákat ültettük el,ELIT minőségű import vetőburgonyával.

3.8. Rezisztenciagénekhez kapcsolt genetikai markerek bevonása a burgonyanemesítési programba

3.8.1. Ry_{sto} rezisztenciagénhez kapcsolt markerek alkalmazása szelekcióra

A dolgozatban közölt kísérleteket a *S. stoloniferum* eredetű Ry rezisztenciagén kimutatására Cernák és mtsai. (2008a) publikációjában közölt módszertan szerint végeztük el White Lady x Pekaro család 56 egyedén, illetve 16 külföldi nemesítési vonalon és 6 magyar fajtán.

3.8.2. Rx1 és Rx2 rezisztenciagénhez kapcsolt markerek alkalmazása szelekcióra

A *S. tuberosum* ssp. *andigenum* és a *S. acaule* vad burgonyafajok PVX rezisztenciagénjeinek kimutatását Ahmadvand és mtsai. (2013, 2014b) cikkeiben publikált módszertan szerint végeztük el 2024-ben. Vizsgálatainkba a White Lady (Rx2 gén hordozó) x Carlita (Rx1 gén hordozó) család 30 egyedét vontuk be.

3.9. Integrált Burgonyanemesítési Program kidolgozása

A program kidolgozása a már rutinszerűen alkalmazott és a program folyamatába újonnan integrálandó nemesítési módszerek egymásra épülésének, a nemesítési folyamat időrendjébe való beillesztésének, harmonizálásának lépéseit jelenti, párhuzamosan a genetikai bázis kiszélesítésével. A programba integrálandó módszertani elemek: Heteroduplex szülőpartnerek alkalmazása, Szülőpartner és magoncállomány kiértékelési módszer alkalmazása, Molekuláris markerekre alapuló szelekció alkalmazása, Nemesítési vonalak komplex kiértékelési rendszerének alkalmazása. A módszertani fejlesztésekkel párhuzamosan a program rezisztenciahátterét külföldi szakmai kapcsolatok révén, nemesítési vonalak cseréjével és a keresztezési programba való bevonásával a következő fajokkal szélesítettük ki: *S. bulbocastanum*, *S. sparsiphyllum*, *S. tariense*, *S. gourlay*, *S. spectabilae*, *S. stoloniferum*, *S. etuberosum*, *S. commersonii*, *S. tarnii*.

3.10. Fajtajelölték („C”) klónok kórokozó mentesítése, teljesítménykísérletek beállítása egészséges vetőgumóval

Minden „C” klón nemesítési fázist elérő potenciális fajtajelölből in vitro tenyészetet indítottunk. A növényeket felszaporítottuk, majd 30 mg/l virazzal kiegészített MS táptalajon, kémcsövekben egyedileg nevelve kombinált hő és kemoterápiával kórokozó mentesítettük. A vírusmentességet 6 vírusra nézve (PVA, PVM, PVS, PVX, PVY, PLRV) DAS-ELISA módszerrel ellenőriztük. Az igazoltan kórokozó mentes növényeket in vitro felszaporítottuk, izolált növénynevelő házakba ültettük, ahol előállítottuk az első és második gumógenerációt. A későbbiekben a második gumógenerációval újból beállítottuk a szántóföldi négyvisméltéses „D” klón, fajtajelölt kísérletet (II. „D” klón kísérlet).

4. Eredmények

4.1. Komplex szülőpartner és keresztezési kombináció kiértékelő módszer kifejlesztése és alkalmazása

A kidolgozott egyedi szempontrendszer alapján működő komplex szülőpartner, illetve keresztezési kombináció kiértékelési módszert a 2000-es évtől kezdődően alkalmaztuk az egyes szülők, illetve családok nemesítési értékének meghatározására kisszámú utódok kiértékelése alapján. Évjáráttól függően 30-58 keresztezési kombinációban állítottunk elő F1 populációkat, rendszerint több ezres mag számmal. A keresztezések mindegyikében az anyavonal valamely saját nemesítési vonalunk, vagy fajtánk volt. Az apavonal az esetek többségében valamely külföldi

fajta, vagy hímfertilis saját nemesítési vonalunk volt. A keresztezést követő években a családokat az Anyag és Módszer fejezetben részletezett kritériumrendszer szerint elbíráltuk és relatív nemesítési értékük alapján rangsorba állítottuk őket. Az adott évi eredmények alapján a következő évben az első 10-12 legmagasabb relatív nemesítési pontértéket kapott családból végeztünk el nagyobb számú magvetést, 500-2000 maggal és állítottunk elő belőlük magoncokat. A magoncok legnagyobb gumó kerültek ki a következő évben a szántóföldi tenyészkerbe „A” klón tesztre.

4.2. Burgonya Y vírus (PVY) rezisztenciagént heteroduplex formában hordozó szülőpartnerek előállítása

Kísérleteinkben olyan szülőpartnereket kereszteztünk egymással, amelyek eltérő fajból származóan hordozták a PVY extrém rezisztencia gént. Az utódokat végig vittük a nemesítési program első szelekciós lépésein (magonc, anyató, „A” klón) majd kiválasztott genotípusokkal nulliplex apákkal teszt keresztezéseket végeztünk velük. A kapott utódokat mesterségesen megfertőztük a PVY D10-es izolátumával, majd DAS-ELISA vizsgálat után meghatároztuk a fogékony és rezisztens utódok arányát. A kapott hasadási arányok várt elméleti hasadási arányokhoz való megfelelőségét χ^2 statisztikai próbával ellenőriztük.

Eredményeink alapján 12 olyan vonalat azonosítottunk, amelyekben az Ry gén két kópiában van jelen. Olyan genotípust azonban, amely három rezisztenciagénnel rendelkezett volna nem sikerült találnunk. A 89.243, 90.315 és 90.364 vonalakban a *S. stoloniferum* és a *S. hougassii* eredetű Ry gént, míg a 96.322 és a 99.384 vonalakban a *S. stoloniferum* eredetű és a *S. tuberosum subsp. andigenum* eredetű géneket sikerült kombinálni. A 96.330 vonal esetében a génnek a *S. stoloniferum* és a *S. cahcoense* fajból származnak. Így ezeket a vonalakat heteromultiplik vonalként azonosítottuk az Ry rezisztenciagénre nézve. Két vizsgált esetben (94.1111, 94.1112) mindkét allél az öntermékenyítés hatására a *S. tuberosum subsp. andigenum* fajból származik, tehát homoduplex vonalak. Pedigree adatok alapján öt vonal esetében (96.345, 97.607, 99.384, 98.433, 97.559) a két rezisztenciagén a nemesítés során felhasznált három faj bármely kombinációjából származhat (*S. stoloniferum*, *S. hougassii* és *S. tuberosum subsp. andigenum*).

4.3. Nemesítési vonalak értékmérő tulajdonságainak meghatározása

4.3.1. Burgonya Y és X vírus rezisztencia vizsgálatok

A két vírussal szembeni rezisztenciát elsődlegesen szántóföldön értékeltük természetes fertőzés hatására kialakuló tünetek alapján, Anyató, „A, B és C” klón fázisban. A tünetmentes vonalakat tovább vittük a nemesítési folyamat következő fázisába. A szántóföldön rezisztensnek mutatózó fajtajelölteket, később fajtakát, üvegházban előbb mechanikai fertőzés alapján, majd kertészeti oltáson alapuló módszerrel is jellemeztük. A két teszt alapján a mind a 10 vizsgált fajta és az 1 fajtajelölt is hordozza a PVY-al szembeni extrém rezisztenciát biztosító gént (Arany Chipke, Balatoni rózsza, Balatoni sárga, Basa, Botond, Démon, Katica, Lorett, Luca XL, Vénusz Gold és Tomaj). Négy fajta (Arany Chipke, Balatoni rózsza, Lorett, Luca XL) és a Tomaj nevű fajtajelölt pedig extrém rezisztens a PVX fertőzésével szemben is.

4.3.2. Fitoftóra rezisztencia vizsgálata

4.3.2.1. Fajták, fajtajelöltek rezisztenciájának vizsgálata szántóföldi provokációs kísérletben

A természetes úton való fertőződés mértékének, illetve a rezisztenciának a meghatározására fertőzősoros technikát alkalmaztunk. Kettőezernyolc és kettőezerhuszonnégy között két évet kivéve (2019-2020) minden vizsgálati évben állítottunk be kísérletet. A dolgozatban a 2024 évi

kísérlet eredményeit mutatjuk be a 14. Táblázatban. A közepes rezisztenciánál magasabb, 6-7-es értéket elérő vonalakat tekintettük a gyakorlat számára értékelhető rezisztenciával rendelkező vonalaknak. Ebben az évben négy nemesítési vonal kapott magas rezisztenciát jelentő 7-es osztályzatot (White LadyxMira1, White LadyxMira3, VénuszxMira3 és 98.247x98.704.01). A vizsgálati évek alatt összességében 15 olyan PVY rezisztens szülőpartner azonosítottunk, melyek fitoftóra rezisztencia szintje elérte a 7-es osztályzatot. Közülük két vonal, a 90.364 és a 96.367 a PVY immunitás gént heteroduplex formában hordozza.

4.3.2.2. Leválasztott levél teszt kísérleti eredmények (2002-2016):

A lombrezisztencia típusának és mértékének meghatározására egyes szülőpartnerek esetében a szántóföldi tesztnél kontrolálhatóbb laboratóriumi körülmények között végzett, leválasztott levél technikát alkalmaztunk, a White Lady és a Vénusz fitoftóra izolátumokkal. A 14 év alatt elvégzett kísérletsorozat összesített adatai alapján szülőpartnereink között két olyan vonalat azonosítottunk, amelyiket egyik izolátum sem tudta megfertőzni (J101K23 és 01.626). Ezek rezisztenciája a pedigree adatok alapján a *S. bulbocastanum* fajra vezethető vissza. Igazoltuk továbbá a 94.72.43.03-as jelű, nagy „R” gén mentes német nemesítési vonal nagyon magas horizontális rezisztenciáját, illetve a keszthelyi genetikai kötődésű Sarpo Mira fajta extrém rezisztenciáját.

4.3.3. Burgonyarák és fonálféreg rezisztencia vizsgálata

A program utóbbi több, mint 20 éve alatt minden évben az aktuális „C” klónok és egyes szülőpartnerek rezisztenciavizsgálatát (évi 25-50 vonal) megrendeltük egy olyan lengyelországi társ kutatóintézettől, amely rendelkezik karantén laboratóriummal. A kapott eredményeket felhasználtuk a fajtajelöltek végső értékének meghatározásakor, illetve a szülőpartner-kombinációk kiválasztásakor. A dolgozatban példaként a 2014 évi fonálféreg (*G. rostochiensis*) és burgonyarák (*S. endobioticum*) rezisztencia vizsgálati kísérleti eredményeket mutatjuk be. A nemesítési vonalak/szülőpartnerek közül 22 vonal mutatott teljes rezisztenciát (immunitást) a *G. rostochiensis* fertőzésével szemben. A burgonyarák (*S. endobioticum*) esetében tizenöt rezisztens vonalat sikerült azonosítani. Ebben az évben 5 olyan szülőpartnert azonosítottunk (95.445, 00.182, 01.213, Gála és Mindenes fajták), illetve hat olyan fajtajelöltet (09.296, 09.328, 10.114, 10.164, 10.456, 11.247), melyek mindkét rezisztenciát hordozzák.

4.3.4. „A” és „B” klónok minőségvizsgálata

Az „A” és „B” klónok étkezési minőségének meghatározását a program működése alatt minden évben az Anyag és Módszerek fejezetben leírtak szerint elvégeztük. Meghatározásra került a klónok héj és hússzíne, gumóformája, a nyers, főzési és sütési minősége, keményítő tartalma. A kapott eredmények bemutatására a dolgozatban példaként a 2014-es év adatait mutatjuk be. Az étkezési (konyhatechnológiai) minőségvizsgálatot kizárólag azon klónok esetében végeztük el, amelyek a betakarítással egy menetben végzett szántóföldi bírálat alapján potenciálisan megfeleltek arra, hogy a következő nemesítési stádiumba léphessenek (évközi kétszeri lombbírálat, betakarításkori összebenyomás, termésmennyiség alapján). Ebben az évben a vizsgált 62 „A” klón mintegy felét, összesen 34 vonalat választottunk ki arra, hogy 2025-ben mint „B” klónok kerüljenek kiültetésre a tenyészkertbe. Ugyanez az érték a „B klónok esetében 23-ból 8 volt.

4.3.5. Fajtajelöltek, „C” és „D” klónok komplex kiértékelése

A 2002. évtől kezdődően az Anyag és Módszer fejezet „Szántóföldi teljesítmény kísérletek kiértékelésének módszertana” című részben megfogalmazottak szerint végeztük a nemesítési program előrehaladott stádiumaiban lévő klónjai/fajtajelöltjei nemesítési értékének

meghatározását. Évente változott a vizsgált fajtajelöltek száma, ami 20-40 „C” klón és 15-30 „D” klón között ingadozott. Az egységes módszerrel felvételezett adatok alapján minden évben kiválasztottuk azokat a klónokat, amelyek az összetett szempontrendszer alapján a legjobb minősítésekkel rendelkeztek, és leginkább megfeleltek a nemesítési célkitűzéseknek. Ezeket a fajtajelölteket in vitro kórokozómentesítettük és egészséges vetőgumójukkal a „D” klón stádiumi kiértékelést újból elvégeztük. A dolgozatban példaként a 2014 évi kísérleti eredményeket mutatjuk be. Ebben az évben a külalaki paraméterek alapján az első 4 legjobb helyezést elérő „C” klón a 12.103 (Démon x Laura), a 11.394 (04.265 x (LR x S440)), a 12.375 (03.201 x Kuroda) és a 11.204 (90.364 x Dura) voltak. A termésrangsor első négy helyezettje a 02.222 x Bellarosa keresztezésből származó 12.388-as, a 90.364 x Dura keresztezésből származó 11.204-es, a 06.20 x Fitis keresztezésből származó 11.361 és a 94.1112 x Rosita keresztezésből származó 12.318-as vonalak lettek. A termésmennyiség nagyon széles határok között 76,8 és 22,4 t/ha változott. A „D” klónok esetében a kiértékeléshez rendelkezésre álltak a burgonya fonálféreg és a burgonyarák rezisztencia vizsgálati eredmények is. Terméseredmény szempontjából a 10.437 (Rioja x Rosita, 50,23 t/ha), a 09.332 (White Lady x Sante, 43,96 t/ha) és a 09.622 (96.228 x Amorosa, 43,67 t/ha) klónok érték el a legjobb eredményt. Mindhárom klón parcellái már kórokozómentes, egészséges vetőburgonyával lettek elültetve. A külalaki paraméterek alapján a 08.09 (87.3143 x S440), a 10.456 (88.175 x Kuroda), és a 09.688 (01.515 x Viktoria) voltak a legjobb eredményt elérő klónok. A minden szempontot figyelembe vevő kiértékelés eredményeként - aminek során figyelembe vettük az adott klónok korábbi „A”, „B”, „C” klón stádiumban elért eredményeit is – összességében négy olyan klónt azonosítottunk, amelyek potenciálisan bejelentésre kerülhettek az országos fajtaregisztációs kísérletbe (02.103, 09.622, 09.688 és 10.437).

4.4. Rezisztenciagénhez kapcsolt genetikai markerek bevonása a burgonyanemesítési programba

4.4.1. Rysto rezisztenciagénhez kapcsolt markerek alkalmazása szelekcióra

A dolgozatban példaként a *S. stoloniferum* eredetű Ry_{sto} génhez szorosan kapcsolt saját fejlesztésű markerek közül az STM0003-111 és a SCARysto4 markerrel elvégzett szelekció eredményeit mutatjuk be. A vizsgált 22 szülőpartner közül az alkalmazott genetikai marker mindössze három esetében amplifikálódott, ill. mutatta ki a gén jelenlétét. Közülük az FH97.029.02 vonal azonban mechanikai fertőzés hatására megfertőződött a PVY-al. Az id. Sárvári István magánnesesítő programjából származó, ismertén PVY immunis fajták közül csak a Sárvári róza esetében sikerült a Ry_{sto} gént kimutatni. A többi vizsgált genotípus esetében a marker hiánya egybevágott a tapasztalt fogékony fenotípussal.

Az Ry_{sto} marker tesztelésre való alkalmasságát a White Lady x Pekaro keresztezés utódainál vizsgáltuk. Itt a White Lady fajta a PVY immunis szülő, míg a Pekaro fajta a vírusfogékony. Utódjaikban (56 vizsgált egyed) a SCARysto4 marker három esetben nem adott egyértelműen kiértékelhető jelet, 32 vonal esetében viszont kimutatta a rezisztenciagént (57%), ami p5%-os szinten nem tér el szignifikánsan várt 1:1 hasadási aránytól.

4.4.2. Rx1 és Rx2 rezisztenciagénhez kapcsolt markerek alkalmazása szelekcióra

A PVX-el szembeni rezisztenciagén kimutatására alkalmazott szelekció illusztrálására a dolgozatban a White Lady x Carlita család egyedein 2024-ben végzett szelekciós kísérlet eredményeit mutatjuk be. Ebben az esetben a White Lady szülő az Rx2 rezisztenciagén, míg a Carlita fajta az Rx1 rezisztenciagén forrása. A vizsgált család 30 egyedéből 15 esetben sikerült kimutatni az Rx1 gént, 17 esetben pedig az Rx2 gén jelenlétét. Az 5, 6, 17, 20, 28, 33-as vonalak mindkét rezisztenciagént hordozzák.

4.5. Integrált Burgonyanemesítési Program kidolgozása

A program kialakítása, felépítése egy éveken át tartó szerves folyamat eredményeként valósult meg. Magába foglalva a korábban is alkalmazott hagyományos nemesítési technikákat, azok továbbfejlesztéseit, kiegészülve részben az előző fejezetekben bemutatott újabb módszertani fejlesztésekkel, melynek elemeit a következőkben mutatjuk be.

4.5.1. Az Integrált Burgonyanemesítési Program elemei

4.5.1.1. Előnemesítés, szülőpartnerek előállítása

Az előnemesítés, a szülőpartner előállító, építkező jellegű genetikai programot jelenti. Az irányításom alatt végzett nemesítési programban több száz új szülőpartnert állítottunk elő és vontunk be a keresztezési programba, végeztünk velük tesztkeresztezéseket, értékeltük ki utódaikat (Komplex Szülőpartner és Keresztezési Kombináció Kiértékelő Program). Ebbe a szakaszba vontuk be a programba a külföldi cserekapcsolatok révén kapott vonalakat, szomatikus hibrideket, ill. azok egyszeresen, vagy kétszeresen visszakeresztezett vonalait, és végeztünk velük újabb visszakeresztéseket saját, eleve több vad faj génjeit hordozó, komplex genetikai hátterű vonalainkkal. Az előnemesítési program részét képezi az egyes rezisztenciagének több alléljét hordozó homo-, vagy heteroduplex szülőpartnerek előállítása is.

4.5.1.2. Fajtaelőállító nemesítési program

A program újszerűségét, eredetiségét annak komplex, integrált megvalósítása jelenti. Ez magába foglalja az egyes családok nemesítési értékének meghatározását, előszelektálását kis egyedszámú utódok alapján. Magába foglalja „Magonc” korban az egyes családok előszűrését olyan DNS alapú genetikai markerek alapján, melyek a számunkra fontos rezisztenciagénekhez kapcsolódnak. A program része az „A”-tól „D” klónokig tartó komplex szántóföldi fenotípusos szelekció, a konyhatechnológia minőségi vizsgálatok végzése, az egyes beltartalmi értékek meghatározása, a karantén státuszú *G. rostochiensis* és *S. endobioticum* kórokozókkal szembeni rezisztencia vizsgálata. Fontos rész a „C” klónok in vitro kórokozómentesítése és teljesen egészséges vetőgumójuk előállítása, annak érdekében, hogy velük a fajtajelöltek termőképességének, minőségének megállapítására megbízható kísérleteket lehessen beállítani.

5. Eredmények megvitatása, következtetések

5.1. Komplex szülőpartner és keresztezési kombináció kiértékelő módszer kifejlesztése és alkalmazása

A termesztett burgonya négyszeres kromoszóma készlettel rendelkező, olyan erősen heterozigóta autotetraploid növény ($n=12$, $4x=48$), amely a beltenyészteses nemesítésre csak korlátozottan alkalmas (Zhang és mtsai. 2019). Ennek megfelelően a burgonyanemesítési programok többsége tetraploid szinten dolgozik. A legfontosabb tulajdonságokat általában egynél több gén határozza meg. Ezért egy adott szülői kombináció utódainak tulajdonságait előre megbecsülni, a kívánt tulajdonságok öröklődését befolyásolni, irányítani meglehetősen nehéz feladat. A nemesítői gyakorlatban ezért elterjedt, az általános és specifikus kombinálódó képesség vizsgálata az egyes szülői vonalak nemesítési értékének meghatározására (Plaisted és mtsai. 1962, Terres és mtsai. 2017). Neele et al. (1991) szerint a specifikus kombinálódó képesség szerepe nagyobb, mint az általános kombinálódó képességé, különösen rokon szülőkkel való keresztezésekben. A nemesítők évente emiatt számos keresztezési kombinációt állítanak elő és családonként nagy egyedszámmal, akár 50-100.000 egyed/évvel is dolgoznak (Ross 1986, Tiemens és mtsai 2017). Ezért mielőtt a nemesítő valamely családdal nagyobb egyedszámmal dolgozna célszerű a

családokban rejlő genetikai potenciált előre megbecsülni, feltérképezni. A keszthelyi nemesítési programban ezt a megközelítést a kétezres évek eleje óta alkalmazzuk. Az általunk kidolgozott módszer alkalmas egyes keresztezési kombinációk relatív nemesítési értékének összehasonlítására, közvetetten pedig az egyes szülők nemesítési értékének, kombinálódó képességének becslésére. A saját vizsgálatok során több, mint 200 keresztezési kombinációt állítottunk elő és több, mint 150 család egyedeit jellemeztük. A legjobb értéket mutató 10 családból a nemesítési program következő évében nagyobb egyedszámmal (500-2000 maggal) végeztünk magvetést és palántanevelést. A módszer használatával a nemesítési program következő lépéseiben számos ígéretes fajtajelöltet azonosítottunk, melyek közül a Botond, az Arany Chipke, a Basa és a Balatoni sárga fajták állami regisztrációt nyertek.

5.2. Burgonya Y vírus (PVY) rezisztenciagént heteroduplex formában hordozó szülőpartnerek előállítás

A burgonyát károsító vírusok közül világviszonylatban a PVY a legjelentősebb (Abd El-Aziz 2020). Kártétele ellen hatékonyan védekezni agrotechnikai módszerekkel nem, kizárólag ellenálló fajták termesztésével lehet. A PVY-al szembeni rezisztencianemesítést nehezíti a vírus nagy változékonysága. Az utóbbi évtizedekben a normál O törzs mellett Európában legalább 3 új, a korábbi rezisztenciákat letörni képes törzse jelent meg, N, NTN és NTN Wilga (Beczner és mtsai. 1984, Blanco-Urgoiti és mtsai 1998, Karasev és mtsai. 2011).

Munkánk során több olyan szülőpartnert állítottunk elő, amelyek a termesztett burgonya különböző, vad rokon fajaiból származóan (*S. stoloniferum*, *S. chacoense*, *S. andigenum*, *S. hougassii*) extrém rezisztenciát biztosító géneket hordoznak. Ezek a gének mind monogénés domináns öröklődésűek. Ha az ilyen géneket egy kópiában hordozó nemesítési vonalakat fogékony szülővel keresztezzük, akkor az utódokban a rezisztens és fogékony egyedek aránya 1:1 lesz. Saját nemesítési programunkban alapelvárás, hogy a fajtaink PVY immunisak legyenek, ezért az ilyen családok utódainak fele számunkra eleve értéktelen.

A nemesítési szelekciós munka hatékonyságát javíthatjuk, a program áteresztő képességét növelhetjük, a fajták rezisztenciájának stabilitását az újabb törzsek megjelenésének esetére biztosabbá tehetjük, ha olyan szülőpartnereket használunk, amelyek a PVY-al szembeni rezisztenciagént egynél több kópiában, lehetőség szerint különböző fajokból származóan hordozzák (heteroduplex állapot). Duplex x nulliplex keresztezés esetén az utókban 5:1 lesz a rezisztens és fogékony egyedek aránya, míg triplex x nulliplex keresztezés esetén minden utód rezisztens lesz. Esetünkben az azonosított 12 heteroduplex nemesítési vonalat szülőként használva nagyobb figyelmet fordíthatunk az utódok minőségi és más rezisztencia tulajdonságainak szelekciójára. Hatékony szelekciós módszerrel, pl. DNS alapú markerekkel pedig növelni lehet a program áteresztő képességét. A perui Nemzetközi Burgonyakutató Központban (CIP) Mendoza és mtsai. állítottak elő *S. tuberosum* ssp. *andigenum* vonalak keresztezésével homotriplex vonalakat és számoltak be a rezisztencia megnövelt stabilitásáról 1996-ban. Molekuláris markerek alkalmazásával Kneib és mtsai. közölték publikációt 2017-ben *S. andigenum* és *S. stoloniferum* alapú duplex nemesítési vonalak azonosításáról. A keszthelyi nemesítési program e téren elért eredményeiből két publikáció (Polgár és mtsai 2002, Gorji és mtsai. 2017), valamint egy PhD dolgozat készült (Gorji 2011). Ez utóbbi az első olyan ismert eset, ahol az azonosított vonal három Ry gént hordoz három különböző fajból származóan (*S. stoloniferum*, *S. andigenum* és *S. hougassii*).

5.3. Nemesítési vonalak értékmérő tulajdonságainak (rezisztencia, minőség, termőképesség) meghatározására kifejlesztett módszertan alkalmazása

Egy burgonyafajta értékét, termesztési gyakorlatban való elterjedését, sikerességét számos tulajdonságának együttese határozza meg. Az egyes tulajdonságok jelentősége más és más a termelő, a feldolgozóipar és a fogyasztók szempontjából. A burgonya élettani és virológiai leromlására hajlamosító ökológiai körülmények között kiemelt jelentősége van a fajták biotikus és abiotikus stressztűrésének. Vírusellenálló fajták hiányában a régi magyar és külföldi fajták hazai fajtafenntartása, vetőgumószaporítása az 1970-es évekre ellehetetlenült. Ettől kezdve az ország közel 3 évtizeden át jelentős vetőgumó importra szorult. A kialakuló helyzet tette indokolttá a keszthelyi nemesítési program elindítását, illetve, a vírus rezisztens fajták kinemesítésének előtérbe helyezését. Programunkban a fajtaelőállító keresztezések szülői kombinációiban a kívánt rezisztenciáéknak többségét saját, hímsteril anyavonalaink hordozzák, míg apának rendszerint valamely minőségjavító tulajdonságú, ámde fogékony külföldi fajtát használunk. Anyavonalaink többsége az Ry, Rx rezisztenciagéneket csupán egy kópiában hordozza, így utódaikban a rezisztens:fogékony egyedek hasadási arányi 1:1. A tenyészkertben meglévő természetes PVY vírusnyomás biztosítja, hogy a vírusfogékony egyedeket a program kezdeti lépéseiben 100 %-os biztonsággal azonosítani lehetett pusztán a vizuális tünetek megjelenése, ill. azok hiánya alapján. A PVX esetében, ami nem levéltetvek által, hanem elsősorban mechanikai úton terjed, a szántóföldi tünetek alapján való szelekció nem hatékony. A provokációs tesztek ellenben bizonyították, hogy a kinemesített fajták 36%-ába így is sikerült beépíteni ezt a rezisztenciát is.

A nemesítési program folytatásával párhuzamosan, az 1980-as évektől visszamenőleg hiányzó pedigree adatok pontosítására is végeztünk kísérleteket. A White Lady fajtát használva tesztnövényként Cernák és mtsai. (2008a) igazolták, hogy a fajta extrém PVY rezisztenciájáért a *S. stoloniferum*-ból származó monogén, domináns öröklődésű Ry_{sto} gén a felelős. A *S. stoloniferum* eredetű rezisztenciáén kívül a nemesítési programban a *S. chacoense*, *S. tub. ssp. andigenum*, *S. hougassii* és *S. tarnii* fajok Ry génjével is dolgozunk. E fajok utódjai közül az intenzív szelekciós munka ellenére mindeddig csak egyetlen vonalat sikerült eljuttatni a fajtaregisztráció szintjére. Ő a Botond fajta. E fajok gyengébb minőséget, alacsonyabb termőképességet örökítő génjeinek kikeresztése a nemesítési anyagból még többszöri visszakeresztést és folyamatos szigorú szelekciót igényel.

A keszthelyi fajták PVX vírus rezisztenciájának eredete is sokáig bizonytalan volt. Publikált szakirodalmi módszertan adaptálásával Ahmadvand és munkatársainak (2013) sikerült bebizonyítani, hogy a Nyugat-európai nemesítési programokban elterjed *S. tuberosum ssp. andigenum* eredetű Rx1 génnel szemben a keszthelyi fajták rezisztenciáját az Rx2 gén kódolja, mely a *S. acaule* fajból származik.

Míg a vírusfertőzések megakadályozásának elsődlegesen a fajtafenntartásban és vetőgumószaporításban van fontos szerepe, addig a fitofóra rezisztencia a burgonyatermesztés teljes vertikumában kiemelt jelentőségű. A burgonyavész fertőzésének megelőzésére több agrotechnikai, elsősorban vegyszeres, kémiai megoldás létezik. A környezetvédelmi és élelmiszerbiztonsági elvárások teljesítéséhez szükséges, hogy a fajták legalább bizonyos fokú burgonyavész ellenállósággal rendelkezzenek. Annak ellenére, hogy az utóbbi évtizedekben több, mint 20 „R” gént azonosítottak (Li és mtsai. 2023), leszámítva a GMO és a legújabb molekulárisgenetikai technikákat, a fitofóra rezisztencianemesítés terén átütő sikert mindmáig nem sikerült elérnie a világ burgonyanemesítőinek (Fry 2008, Stefańczyk és mtsai. 2017). A kórokozó gyors evolúciója (asexuális és szexuális szaporodás), variabilitása, virulencia génjeinek sokasága, gyorsan kialakuló fungicid rezisztenciája, áttelelő oospórái mindmáig a burgonyatermesztés és nemesítés neuralgikus pontjává teszik az ellene való védekezést.

A burgonya rokonsági köréből számos olyan értékes rezisztenciaforrás van, amelyek felhasználhatók a nemesítésben (Pavek és mtsai. 2001, Peralta és mtsai. 2021). A nemesítési stratégiák két eltérő módot követnek. Az egyik irányzat a teljes körű védelmet biztosító, „R” génes, de rassz specifikus (kvalitatív) rezisztenciát helyezi előtérbe. Az egyes „R” gének beépítése a fajtákba önmagában azonban nem bizonyult tartósnak, ezért több „R” gén kombinálásával (stacking/összeépítés) próbálják a nemesítők növelni a rezisztencia tartósságát. A hagyományos nemesítéssel végzett génkombinálás azonban igen időigényes folyamat, amelyet hátráltat a kívánt tulajdonságokkal kapcsolt nem kívánatos tulajdonságok együttes öröklődése. A biotechnológiai módszereken alapuló génátvitel (GMO) lehetővé teszi több „R” gén együttes beépítését, így kiküszöbölve a kapcsolt öröklődés problémáját (Zhu és mtsai. 2011). A másik megközelítés a „r” génes, kvantitatív jellegű, széles körű, de nem teljes védelmet biztosító gének hasznosítását helyezi előtérbe. E nemesítési irányzatról a legrészletesebb összefoglalót Ulrich Darsow német burgonyanemesítő jelentette meg (Darsow 2014). A keszthelyi nemesítési program esetében e két alapvető irányzat ötvözéséről beszélhetünk. A *S. demissum* általánosan ismert „R” génjei mellett számos más vad faj génállománya is felhasználásra került a programban. Kísérleteinkkel igazolni tudtuk, hogy a nemesítési programban vannak olyan rezisztenciagének („R” és „r”-ek is), ill. génkombinációk melyekkel az 1-9-es skálán 7-9-es erősségű rezisztencia érhető el az olyan összetett rasszkarakterű izolátumokkal szemben, mint a White Lady és a Vénusz izolátumok. A szülőpartnerek szántóföldi provokációs tesztjében pl. a 2024-es kísérletben 15 olyan vonalat azonosítottunk, ahol a 9-es szintű PVY rezisztencia (immunitás) mellett a fitoftóra rezisztencia szintje is elérte a 6-7-es értéket. Ebben a tesztben igazoltuk a legújabb nemesítésű fajta, a Balatoni sárga és a legutóbbi fajtajelölt (Tomaj néven) legalább közepes, 6-os, fitoftóra ellenállóságát. A legtöbb rezisztens vonal genetikai hátterében ott szerepelt a White Lady és a Sarpo Mira fajta. Utóbbiról ismert, hogy genetikai háttere a keszthelyi nemesítési program azon kezdeti évtizedeihez kötődik, amikor Dr. Sárvári István, a fajta nemesítője vezette a programot. A Sarpo Mira mindmáig a világ hagyományos nemesítéssel előállított legfitoftórazisztensebb fajtája. A fajtában rezisztenciát biztosító gének azonosítására a közelmúltban jelentős kutatási programok indultak. Ezek eredményeként tisztázódott, hogy a magas szintű rezisztenciáért legalább 5 kvalitatív rezisztenciát biztosító „R” gén (R3a, R3b, R4, Smir1, Smir2/R8) együttes jelenléte a felelős (Rietman és mtsai. 2012, Tomzynska és mtsai. 2014). Közülük az R8-as szerepe a legjelentősebb. A rezisztenciagének kifejeződését, a rezisztencia tényleges mértékét azonban nem csak maguk a rezisztenciagének, hanem az adott genotípusok teljes genetikai háttere is befolyásolja (Blatnic és mtsai. 2022).

A 90.364 és 96.367-es szülők a fitoftóra rezisztencia mellett a *S. stoloniferum* és a *S. hougassi* fajokból származóan, heteroduplex formában két Ry gént is hordoznak. Így e szülők kiváló rezisztencia forrásként szolgálhatnak fogékony, de jó kultúr tulajdonságokkal rendelkező keresztezési kombinációkban. Egyes szülőpartnerek saját fitoftóra rezisztenciáját leválasztott levéltesztel, rezisztencia örökítő tulajdonságát pedig különböző keresztezési kombinációkban vizsgáltuk üvegházi, egészsnövény fertőzéses kísérletben. A vizsgált 16 szülőpartner között szerepelt két kizárólag „r” génes, horizontális rezisztenciával rendelkező vonal is (FH.97.021.02 és 01.1395.01, személyes közlés), melyeket U. Darsow német nemesítő állított elő. Továbbá szerepeltek olyan szomatikus hibridek utódai is, melyek *S. bulbocastanum* (J101K23), *S. tarnii* (7/27), *S. etuberosum* (17) és *S. commerosnii* (139, 151, Cmm16) faj génjeit is hordozzák. Ezeket a vonalakat a Wisconsini Egyetemről JP. Helgeson professor és R. Thieme a német Julius Kühne Intézet kutatója bocsájtotta rendelkezésünkre. A kísérleti eredmények egyértelműen igazolták, hogy a vizsgált szülőpartnerek genetikai állománya a fitoftóra rezisztencia vonatkozásában meglehetősen összetett lehet. A vonalak genetikai hátterében több „R” és „r” gén egyidejű működése felelős a rezisztenciaszintekben, ill. az utódok közti eltérő hasadási arányokban

tapasztalt különbségekért. Két, a *S. commersonii* faj génjeit hordozó vonal (139 és 152) teljesen fogékonynak bizonyult mindkét izolátum fertőzésével szemben. Őket nem célszerű a jövőben szülőpartnerként alkalmazni. A legtöbb vonal esetében azonban bizonyos fokú horizontális rezisztenciát megfigyeltünk. Ez egyértelműen igazolja, hogy genetikai háttérükben, ha vannak is „R” gének, akkor azok olyanok, melyek nem nyújtanak teljes védelmet a két izolátum fertőzésével szemben, illetve a tapasztalt eltérő szintű rezisztenciáért az eltérő számú, illetve eltérő erősségű „r” gének lehetnek a felelősek. Ezeknek a vonalaknak a felhasználása indokolt a további rezisztencianemesítési munkában, különösen olyan párosításokban, ahol a másik szülőpartner is hordoz „r”, vagy „R” típusú rezisztenciagéneket.

A legmagasabb szintű extrém rezisztenciát, immunitást a két izolátum fertőzésével szemben csupán a *S. bulbocastanum* faj génjeit hordozó vonalak (J101K23 és 01.626) és a Sarpo Mira fajta esetében tapasztaltuk. A *S. bulbocastanum* eredetű géneket RB (Rpi-blb1), ill. Rpi-blb2 néven Song és mtsai. (2003), Vossen és mtsai (2005) és Zhu és mtsai. (2012) munkája eredményeként azonosították és izolálták. E gének széleskörű rezisztenciát biztosító képességéről más kutatók is beszámoltak (Rakosy-Tican és mtsai. 2020). Nemesítési célú felhasználásuk a keszthelyi programban folyamatos.

Az egészsnövényes tesztnél könnyebben kivitelezhető, kevésbé időigényes módszer a fitoftórával szembeni reakció vizsgálatára a leválasztott levél teszt. E módszert praktikussága miatt a nemesítők széles körben alkalmazzák (Vleeshouwers és mtsai. 1999, Karki és Halterman 2021) Kísérleteink célja az előzőekhez hasonlóan az volt, hogy egyrészt minősítsük az egyes szülők és szülői kombinációk rezisztencia örökítő képességét, másrészt pedig új, a fitoftóra rezisztenciát hatékonyabban örökítő szülőpartnereket azonosíthassunk. A vizsgálatok során összesen 332 rezisztens egyedet azonosítottunk, melyeket bevontunk részben a szülőpartnerelőállító, visszakeresztezési programba, részben a fajtaelőállító szelekciós munkába. Arányaiban a legtöbb rezisztens utódot akkor kaptuk, amikor magas, kizárólag horizontális rezisztenciával rendelkező vonalat kereszteztünk „R” génes, hiperszenzitív rezisztenciát biztosító szülővel (FH 97.021.02 X 01.217), vagy amikor a *S. bulbocastanum*, illetve a *S. tarnii* eredetű rezisztenciát hordozó vonalat keszthelyi szülővel (01.635 x J101K23, 01.739 x 7/27). A többi esetben tapasztalt közel 1:1-es hasadási arány arra engedett következtetni, hogy ezekben a szülői kombinációkban csak az egyik szülő valamely monogén „R” típusú rezisztenciagénje felelős a tapasztalt fenotípusért.

A fitoftóra rezisztenciára való nemesítéssel kapcsolatban összességében elmondható, hogy a jellemzett nemesítési vonalak és családok rezisztens egyedei közül a többi rezisztenciális és minőségi tulajdonságok alapján (burgonyarák és fonálféreg rezisztencia, gumó morfológia jellemzők, szántóföldi vírusrezisztenciái, konyhatechnológiai eredmények) számos, kedvező génkonstrukciójú szülőpartner tudtunk kiválasztani, melyeket folyamatosan felhasználunk a fajtaelőállító keresztezési, ill. szelekciós programban.

A burgonyavész rezisztencia ugyanakkor a többi fajtaértéket meghatározó fontos tulajdonsággal együtt kell, hogy megjelenjen az új fajtákban. Ez a kompromisszum-kényszer okozza, hogy a keszthelyi burgonyafajták eltérő szintű burgonyavész rezisztenciával rendelkeznek. Az elvégzett rezisztencia-vizsgálatok a szelekciós munkán túl a hatékony, előrejelzést alkalmazó, fajtaspecifikus növényvédelmi technológiai ajánlások elkészítéséhez is hozzájárulnak. A kapott eredményeket felhasználva a Burgonyakutatói Központ valamennyi elismert fajtáját fogékonysági kategóriákba sorolja és ezek alapján ad védekezési javaslatot a termelőknek (Wolf és Polgár 2023).

A burgonyarák és a burgonya cisztaképző fonálféreg elleni rezisztencianemesítés szintén fontos részét képezi a legtöbb nemesítési programnak (Obidiegwu és mtsai. 2014, Harrison és mtsai. 2020). Magyarországon e kártevők karantén státuszúak. Külföldi vetőgumóval való behurcolás következtében azonban *G. rostochiensis* fertőzés miatt már kellett karantén intézkedéseket

bevezetni az ország egyes területein (Elekes-Kaminszky és mtsai 2004 és 2008). Ilyen esetben a terület 14 évig kizárólag rezisztens fajták termesztetők. Saját nemesítési vonalainkon, fajtajelöltejinken elvégzett kísérleteink igazolták, hogy e két fontos kórokozóval szembeni rezisztenciájának nagy gyakorisággal fordulnak elő nemesítési programunkban. Számos rezisztens szülőpartnert, „C” és „D” klónt azonosítottunk, amelyek legalább egyik, de több esetben mindkét kórokozóval szembeni rezisztenciáját hordozzák. Újjonnan előállított fajtaink mindegyik legalább az egyik karantén kórokozóval szemben rezisztens. Négy fajtában (Balatoni rózsza, Démon, Katica, Vénusz Gold) pedig mindkét rezisztencia megtalálható. Nemesítési programunkban a biotikus stresszek mellett az abiotikus stresszekkel szembeni rezisztenciára is vizsgáljuk a nemesítési vonalakat, fajtajelölteket. A betakarítással egyidőben végzett kiértékelés, és a tárolás utáni feldolgozás során folyamatosan kiszelektálásra kerülnek a stresszérzékenység tüneteit mutató genotípusok (gumótorzulás, repedés, füzéresedés, kihajtás, cérnacsírasság, vasfoltosság, stb.).

A nemesítési program előrehaladott fázisában szereplő „C” és „D” klónok kiértékelésére olyan egyedi, komplex kiértékelő módszert dolgoztunk ki, amely objektív és hatékony módon lehetővé teszi az ígéretes fajtajelöltek azonosítását. A kidolgozott tulajdonság-felvételezési és kiértékelési módszert a programban már 24 éve alkalmazzuk. A tenyésztőidőben és később betakarításkor felvételezett adatokat kiegészítik a laboratóriumi minőségi és rezisztenciális adatok. A módszer alkalmazásával máig 7 fajta és egy fajtajelölt született: Balatoni rózsza, Katica, Démon, Arany Chipke, Botond, Basa, Balatoni sárga és Tomaj fajtajelölt.

5.4. Rezisztenciájukhoz kapcsolódó genetikai markerek bevonása a burgonyanemesítési programba

A Burgonyakutatási Központnemesítési programjának alapvetése, hogy az új fajták lehetőleg a legtöbb burgonya kórokozóval, kártevővel szemben minél ellenállóbbak legyenek. E rezisztencianemesítési munkához szülőpartnereinkben több domináns, monogén öröklődésű rezisztencián áll rendelkezésre ($R_{y_{sto}}$, Rx1, Rx2, H1, Sen1). Együtt tartásuk poligén öröklődésű tulajdonságokhoz hasonló feladatot jelent. Ezért fokozottan szükség van megbízható, hatékony, nagy áteresztőképességű szelekciós módszerek alkalmazására. A DNS alapú molekuláris markerekre alapozott szelekció ilyen (Ramakrishnan és mtsai. 2015, Elison és mtsai. 2020, Sapakhova és mtsai. 2024). Az elmúlt 15 év során együttműködve a keszthelyi Campus növény genetikai/biotechnológiai csoportjával és a gödöllői Mezőgazdasági Biotechnológiai Központtal sikeresen fejlesztettünk ki szelekciós rendszert az $R_{y_{sto}}$, az Rx1, Rx2 és egyes fitoftóra rezisztencia gének (R1, R2, R3a, R3b) kimutatására és szelekciójára (Cernák és mtsai. 2008b, 2008c, Ahmadvand és mtsai. 2014b, Gorji és mtsai. 2011, Hajianfar és mtsai. 2016).

A dolgozatban bemutatott kísérletekben az $R_{y_{sto}}$, Rx1 és Rx2 rezisztenciájukhoz kapcsolódó markerek szelekcióra való felhasználását mutattuk be. Az STM0003-111 marker felhasználtuk az $R_{y_{sto}}$ rezisztenciáján kimutatására szülőpartnereknél és hasadó populációban is. A marker a rezisztens saját szülőpartnerek azonosítása mellett igazolta a pedigree alapján ismert lengyel Lavina fajta rezisztenciáját, illetve rávilágított arra, hogy a keszthelyi és a Sárospataki család nemesítési programjában nem csak a *S. stoloniferum*-ból származó Ry gén hanem más fajok rezisztenciájai (pl. *S. tub. ssp. andigenum*, vagy *S. hougassii* eredetű) is jelen vannak. Ezek azonosítására azonban ez a marker nem alkalmas. A White Lady x Pekaro keresztezési populáció jellemzésekor az egyedek markerrel kapott hasadási arány megfelelt a várt 1:1 hasadási aránynak. Cernák és mtsai. (2008b) korábban megállapítottuk, hogy a vizsgált rezisztencián egy kópiában

van jelen a White Lady fajtában és monogén, domináns öröklődésmenetet követ. Esetükben négy keresztezési kombináció, összesen 547 egyedét jellemezték az Ry_{sto} rezisztenciagénre nézve. A szelekció megbízhatósága elérte a 99%-ot.

A PVX fertőzésével szembeni rezisztencianemesítés esetében a White Lady (Rx2 gén hordozó) és a Cara írórszági (Rx1 gén hordozó) fajtát kereszteztük egymással. A bemutatott kísérletben a két géhez kapcsolt markerrel meghatároztuk a PVX rezisztens egyedeket, és 6 olyan genotípust azonosítottunk, amelyek heteroduplex módon, mindkét fajból származó PVX rezisztenciagént hordozzák (nem publikált eredmények). Ilyen vonalakat szülőként alkalmazva egy nulliplex genotípussal való keresztezésben, hasonlóan a PVY duplex szülőkhöz, az utódok 75%-a PVX rezisztens lesz, ami jelentősen javíthatja a PVX rezisztencia és más fontos tulajdonságokra való együttes szelekció hatékonyságát, illetve a rezisztencia stabilitását.

Nemesítési programunkban mindhárom vírusrezisztenciagénhez kifejlesztett szelekciós módszert rendszeresen alkalmazzuk.

5.5. Integrált Burgonyanemesítési Program kidolgozása

Versenyképes, jóvedelmező burgonyatermesztés, amely figyelembe veszi a környezet- és fogyasztóvédelem, valamint az élelmiszerbiztonság növekvő elvárásait, kizárólag intenzív, magas termőképességű, kiváló étkezési és feldolgozóipari minőségű fajták termesztésével képzelhető el. Ehhez a fajtáknak összetett biotikus és abiotikus stressz rezisztenciával kell rendelkezniük. A siker érdekében kialakítottuk azt a nemesítési programot, illetve módszertant, melynek alkalmazásával véleményünk szerint a leghatékonyabban érhetjük el a fenti kitűzött célokat. A program elemei a következők:

1. Családok és szülőpartnerek nemesítési értékének megbecslése kisszámú utódok jellemzése alapján. A legjobb szülőpartnerek kiválasztása a keresztezési programba.
2. PVY extrém rezisztenciagént több kópiában hordozó szülői genotípusok azonosítása és bevonása a nemesítésbe.
3. DNS alapú markerekre alapozott szelekció alkalmazása egyes rezisztenciagének nyomonkövetésére, hasadó populációk szelektálására.
4. Új rezisztenciaforrások bevonás a nemesítési programba, genetikai háttér bővítése.
5. Fajtajelöltek, „C” és „D” klónok komplex kiértékelő módszertanának alkalmazása.

5.6. A programban nemesített burgonyafajták tulajdonságai

A dolgozatban bemutatott nemesítési program működése alatt összesen 10 új fajta és egy jelenleg regisztrációs kísérletben szereplő fajtajelölt született: Arany Chipke, Balatoni rózsza, Balatoni sárga, Basa, Botond, Démon, Katica, Lorett, Luca XL, Vénusz Gold (1. Kép). Főbb tulajdonságaikat az 1-2. Táblázatok foglalják össze. A fajták minden tekintetben széles választékot biztosítanak úgy a termelőknek, mint a felhasználóknak. A Balatoni rózsza és a Botond esetében először sikerült a korai érésidőt az összetett rezisztenciákkal kombinálni, míg az Arany Chipke és a Basa fajták kategóriájuk legelső vírusrezisztens fajtái. Feldolgozóipari (chips), illetve saláta burgonyafajták. Étkezési minőségük, gasztronómiai értékük alapján négy fajta (Balatoni rózsza, Botond, Katica és Démon) a Prémium Hungarikum Egyesület minősítése alapján elnyerte a PRÉMIUM HUNGARICUM védjegy használati jogát. A fajták termesztése mind Magyarországon, mind számos külföldi országban sikerrel folyik.

1. Kép A programban nemesített főbb burgonyafajták



1. Táblázat A programban nemesített fajták főbb tulajdonságai, I.*

Név	Érés- idő	Héj- szín	Hús- szín	Alak	Nyers szürkülés	Főzési szürkülés	Sütési szín	Főzési típus	Gumó nyugalmi idő	Termő- képesség t/ha [#]
Arany Chipke	K	S	S	G	4	5	5	C	közepes	45-55
Balatoni rózsza	KO	R	HS	O	5	5	5	B	hosszú	60-80
Balatoni sárga	K	S	S	O	5	5	4	B/C	rövid	50-60
Basa	K	S	S	HO	5	5	4	A	közepes	50-60
Botond	SKO	R	HS	GO	4	4	3	B	közepes	60-80
Démon	K	R	HS	O	4	4	4	C	hosszú	50-60
Katica	K	R	HS	O	5	5	4	B	rövid	50-70
Lorett	K	HR	HS	HO	4	4	3	B	hosszú	70-90
Luca XL	KÉ	HR	HS	HO	3	4	3	B	hosszú	60-80
Vénusz Gold	KÉ	S	F	O	4	4	4	C	nagyon hosszú	40-50
Tomaj fj.	K	R	HS	GO	4	4	4	B	közepes	60-80

* S = sárga, HS = halványsárga, R = rózsza, F = fehér, G = gömbölyű, O = ovál, HO = hosszúovál, # gyakorlati tapasztalatok alapján

2. Táblázat A programban nemesített fajták főbb tulajdonságai, II.*

Név	PVY	PVA	PVX	PLRV	PVS ⁺	Fonál- féreg G.ro. 1,4	Burgonya- rák, D1	Fitoftóra lombon*	Vara- sodás [#]	Ezüst- foltosság [#]	Komplex abiotikus stressz- tűrés [#]
Arany Chipke	9	9	9	7	-	9	3	5	6	6	7
Balaton rózsa	9	9	9	7	-	9	9	5	6	6	8
Balaton sárga	9	9	-	7	-	9	5	5	7	5	7
Basa	9	9	-	7	-	-	9	6	7	7	6
Botond	9	8	-	7	-	1	9	6	7	7	5
Démon	9	9	-	7	-	9	9	4	7	5	8
Katica	9	9	-	7	-	9	9	4	6	6	6
Lorett	9	9	9	7	-	9	2	4	5	7	6
Luca XL	9	9	9	7	+	-	9	4	5	7	5
Vénusz Gold	9	9	-	7	-	9	9	7	6	6	5
Tomaj fj.	9	9	9	7	-	9	2	6	7	7	7

* 1 nagyon fogékony; 2-4-ig fogékony; 5-6 közepesen ellenálló; 7-8 magasan ellenálló; 9 immunis, megfertőzhetetlen, + hiperszenzitív rezisztencia, - fogékony, # gyakorlati tapasztalatok alapján, a minőségi hibák összességét tekintve

6. Új tudományos eredmények

1. Komplex szülőpartner és keresztezési kombináció kiértékelő módszer kifejlesztése és alkalmazása a nemesítési program hatékonyságának növelésére.
2. Burgonya Y vírus (PVY) rezisztenciagént duplex formában hordozó szülőpartnerek előállítása és jellemzése. Tizenkettő olyan nemesítési vonal azonosítása, amelyekben az Ry gén két kópiában van jelen. A gének három heteroduplex vonal esetében *S. stoloniferum* és *S. hougassii*, két vonal esetében *S. stoloniferum* és *S. tuberosum subsp. andigenum*, egy vonal esetében *S. stoloniferum* és *S. cahcoense* eredetűek. Két homoduplex vonal esetében a rezisztenciagén *S. tuberosum subsp. andigenum* fajtából származik. Öt vonal esetében a két rezisztenciagén a nemesítés során

felhasznált három faj bármely kombinációjából származhat (*S. stoloniferum*, *S. hougasii* és *S. tuberosum subsp. andigenum*).

3. Nemesítési vonalak, szülőpartnerek, fajtajelöltek, fajták komplex értékmérő tulajdonságainak meghatározása (PVY, PVX, burgonyavész, burgonya cisztaképző fonálféreg és burgonyarák rezisztencia, étkezési minőség, termőképesség).
4. PVY és PVX rezisztenciagénekhez kapcsolt genetikai markerek alkalmazása szelekcióra a burgonyanemesítési programba. A rezisztenciagénekre nézve hasadó populációk egyedeinek jellemzése.
5. Olyan integrált Burgonyanemesítési Program kidolgozása, és alkalmazása amely a hagyományos és modern nemesítési technikák ötvözés, egymásra építése révén növeli a burgonyanemesítési program hatékonyságát.

7. Felhasznált Irodalom

- Abd El-Aziz MH. (2020): The Importance of Potato virus Y Potyvirus. J Plant Sci Phytopathol. 2020; 4: 009-015., DOI: 10.29328/journal.jpsp.1001044
- Ahmadvand R., I. Wolf, A. M. Gorji, Z. Polgár, J. Taller (2013): Development of Molecular Tools for Distinguishing Between the Highly Similar Rx1 and Rx2 PVX Extreme Resistance Genes in Tetraploid Potato. Potato Research 56:277–291, DOI 10.1007/s11540-013-9244-y
- Ahmadvand R, P. Poczai, R. Hajianfar, B. A. M. Gorji, Z. Polgár, J. Taller (2014a): Next generation sequencing based development of intron-targeting markers in tetraploid potato and their transferability to other *Solanum* species. Gene, 540 (1): 117-121, DOI:10.1016/j.gene.2014.02.045
- Ahmadvand R, Taller J, Wolf I, Vaszily Zs, Cernák I, Polgár Zs. (2014b): Burgonya X vírussal szembeni extrém rezisztenciagének molekuláris vizsgálata a keszthelyi nemesítési anyagokban. Növénynemesítés a megújuló mezőgazdaságban. XX. Növénynemesítési Tudományos Nap (2014, március 18). o. 374-378, ISBN 978-963-8351-42-5
- Bakonyi J., Laday M., Dula T., and Ersek T. (1998): Characterisation of *Phytophthora infestans* isolates from Hungary. Acta Phytopathologica et Entomologica Hungarica 33: 49–54.
- Bakonyi J., Laday M., Dula T., and Ersek T. (2002): Characterisation of isolates of *Phytophthora infestans* from Hungary. European Journal of Plant Pathology 108: 139–146.
- Beczner, L., J. Horvath, I. Romhányi, and H. Forster. (1984): Studies on the etiology of tuber necrotic ringspot disease in potato. American Journal of Potato Research. 27: 339-352.
- Black W, Mastenbroek C, Mills WR, Peterson LC (1953): A proposal for an international nomenclature of races of *Phytophthora infestans* and of genes controlling immunity in *Solanum demissum* derivatives. Euphytica 2:173–179.
- Blanco-Urgoiti B., M. Tribodet, S. Leclerc, F. Ponz, C. Pérez de san román, F.J. Legorburu, C. Kerlan (1998): Characterization of potato potyvirus Y (PVY) isolates from seed potato batches. Situation of the NTN, Wilga and Z isolates. European Journal of Plant Pathology 104, 811–819. <https://doi.org/10.1023/A:1008698719645>
- Blatnik, E.; Horvat, M.; Berne, S.; Humar, M.; Dolničar, P.; Meglič, V. Late Blight Resistance Conferred by Rpi-Smira2/R8 in Potato Genotypes In Vitro Depends on the Genetic Background. Plants 2022, 11, 1319. <https://doi.org/10.3390/plants11101319>
- Bonierbale, M.V., Amoros W.R., Salas E., and de JongW. (2020): Potato breeding, in: The Potato Crop, ed. by H. Campos & O. Ortiz, Springer, pp. 163-218. <https://doi.org/10.1007/978-3-030-28683-5>

- Bradshaw JE., GR. Mackay (1994): Potato Genetics
CABI, ed. by: Bradsaw JE. ISBN-10: 0851988695
- Bradsaw JE. (2022a): Potato Breeding. Theory and Practice, Springer, ISBN-10: 3030644162, ISBN-13: 978-3030644161
- Bradsaw JE. (2022b): A Brief History of the Impact of Potato Genetics on the Breeding of Tetraploid Potato Cultivars for Tuber Propagation. *Potato Research*, 65:461–501, <https://doi.org/10.1007/s11540-021-09517-w>
- Cernák, I., K. Decsi, S. Nagy, I. Wolf, Z. Polgár, G. Gulyás, Y. Hirata, J. Taller (2008a): Develoepment of a locus-specific marker and localisation of the Rysto gene based on linkage to a catalase gene on chromosome XII in the tetraploid potato genome. *Breeding Science* 58: 309-314.
- Cernák I, Decsi K, Vaszily Zs, Wolf I, Polgár Zs, Taller J (2008b): PCR-alapú markerek alkalmazása a PVY extrém rezisztenciagént hordozó burgonya genotípusok szelekciójára. *Növénytermelés. Tom.* 57 no. 3. 245-251.
- Darsow U. (2014): Pre-breeding and breeding of potatoes for quantitative resistance to *Phytophthora infestans* on foliage and tubers and for diff erent utilization - problems, solutions and results, *Julis Kühn Archiv* 441, DOI 10.5073/jka.2014.441.000
- Elekes-Kaminszky M, Fekete-Palkovics A, Avar K, Baranyai-Toth R, Bartfai J, Budai C, Cziklin M, Farkas I, Gal T, Gyorffy-Molnar, J, Gyulai P et al. (2004): Second nation-wide survey of the potato cyst nematodes (*Globodera rostochiensis* and *G. pallida*) between 1999-2002. *Növényvédelem* 40(9), 463-469.
- Elekes-Kaminszky M, Fekete-Palkovics A, Toth A, Avar K, Balogh L, Baranyai-Toth R, Bartfai J, Budai C, Cziklin M, Toth AC, Domak B et al. (2008): The third nation-wide survey for potato cyst nematodes (*Globodera rostochiensis* /Woll./ and *G. pallida* Stone) in Hungary (2003-2006). *Növényvédelem* 44(12) 615-622.
- Elison, G.L., Hall, D.G., Novy, R.G., Whitwhort J.L. (2020): Development and Application of a Multiplex Marker Assay to Detect PVY Resistance Genes in *Solanum tuberosum*. *Am. J. Potato Res.* 97, 289–296 (2020). <https://doi.org/10.1007/s12230-020-09777-1>
- Fry, W. E., McGrath, M. T., Seaman, A., Zitter, T. A., McLeod, A., Danies, G., Small, I. M., Myers, K., Everts, K., Gevens, A. J., Gugino, B. K., Johnson, S. B., Judelson, H., Ristaino, J., Roberts, P., Secor, G., Seebold, K., Snover-Clift, K., Wyenandt, A., Smart, C. D. (2013): The 2009 late blight pandemic in the eastern United States - Causes and results. *Plant disease*, 97(3), 296-306. <https://doi.org/10.1094/PDIS-08-12-0791-FE>
- Gebhardt C, Li L, Pajerowska-Mukthar K, Achenbach U, Sattarzadeh A, Bormann C, Ilarionova E and Ballvora A (2007): Candidate Gene Approach to Identify Genes Underlying Quantitative Traits and Develop Diagnostic Markers in Potato. *Crop Science* 47: 106-111.
- Gorji A.M. (2011): Increasing the efficiency of potato resistance breeding with conventional and molecular genetic methods. PhD thesis, University of Pannonia.
- Gorji A.M., Ahmadvand R., Taller J., Wolf I., Polgár Z. (2017): Genetic multiplex state study of some advanced potato clones conferring Potato virus Y NTN (PVYNTN) extreme resistance. *Crop Breeding Journal*, 2017. 7. pp. 15-22. doi.10.22092/CBJ.2018.112932.
- Hajianfar, R., B. Kolics, I. Cernák, I. Wolf, Z Polgár, J. Taller (2016): Expression of biotic stress response genes to *Phytophthora infestans* inoculation in White Lady, a potato cultivar with race-specific resistance to late blight. *Physiological and Molecular Plant Pathology* vol. 93. pp 22-28, ISSN 0885-5765, <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0885576515300357>
- Hanneman, R. E., Jr. (1989): The potato germplasm resource. *Am. Potato J.* 66, 655-667.

- Harrison, M., Cortada, L. Haukeland, S., Ronno, W., Nyongesa, M., Kinyua, Z.M., Bargul, J., Coyne, D. (2020). Potato Cyst Nematodes: A New Threat to Potato Production in East Africa. *Frontiers in Plant Science*. 11. 10.3389/fpls.2020.00670.
- Houghland G.V C. (1966): New conversion table for specific gravity, dry matter, and starch in potatoes (1966): *American Journal of Potato Research* 43(4):138-138, DOI: 10.1007/BF02862626
- Jansky, S.H., A.O. Charkowski, D.S. Douches, G. Gusmini, C. Richael, P.C. Bethke, D.M. Spooner, R.G. Novy, H. De Jong, W.S. De Jong, J.B. Bamberg, A.L. Thompson, B. Bizimungu, D.G. Holm, C.R. Brown, K.G. Haynes, V.R. Sathuvalli, R.E. Veilleux, J.C. Miller, J.M. Bradeen, and J.M. Jiang (2016): Reinventing potato as a diploid inbred line-based crop. *Crop Science* 56: 1412–1422.
- Jeger M.J., S.L.H. Viljanen-Rollinson (2001): The use of the area under the disease-progress curve (AUDPC) to assess quantitative disease resistance in crop cultivars. *Theor Appl Genet* (2001) 102:32–40.
- Karasev A., Hu X., Brown C., Kerlan C., Nikolaeva O., Crosslin J, Gray S. (2011): Genetic diversity of the ordinary strain of Potato virus Y (PVY) and origin of recombinant PVY strains. *Phytopathology* 101 7 778-785, DOI:10.1094/PHYTO-10-10-0284
- Karki H. S, Halterman D. A. (2021): *Phytophthora infestans* (Late blight) Infection Assay in a Detached Leaf of Potato. *Bio Protoc.* 2021 Feb 20;11(4): e3926. doi: 10.21769/BioProtoc.3926.
- Kneib R.B, Kneib R.B., Pereira A., Castro C.M. (2017): Allele dosage of PVY resistance genes in potato clones using molecular markers. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* - 17: 306-312.
- Li J., A. Kaur, B. Harrower, M. Armstrong, D. Dou, X. Wang, I. Hein (2023): Identification and mapping of Rpi-blb4 in diploid wild potato species *Solanum bulbocastanum*, *The Crop Journal*, Volume 11, Issue 6, 2023, pp. 1828-1835, ISSN 2214-5141, <https://doi.org/10.1016/j.cj.2023.08.005>.
- Mendoza, H.A., E.J. Mihovilovich and F. Saguma. (1996): Identification of triplex (YYYy) potato virus Y (PVY) immune progenitors derived from *Solanum tuberosum ssp. andigena*, *Am. Potato J.* 73: 13-19.
- Neele A.E.F, Nab H.J. and Louwes K.M. (1991): Identification of superior parents in a potato breeding programme. *Theoretical and Applied Genetics* 82: 185-197.
- Obidiegwu JE, Flath K, Gebhardt C. (2014): Managing potato wart: a review of present research status and future perspective. *Theor Appl Genet.* 127(4):763-80. doi: 10.1007/s00122-014-2268-0. Epub 2014 Feb 7. PMID: 24504551; PMCID: PMC3964305.
- Ortiz R and E. Mihovilovich (2020): Genetics and Cytogenetics of the Potato, in: *The Potato Crop*, ed. by H. Campos & O. Ortiz, Springer, pp. 219-250. https://doi.org/10.1007/978-3-030-28683-5_Pavek_JJ_Corsini_DL.
- Pavek, J.J., Corsini, D.L. (2001): Utilization of potato genetic resources in variety development. *Am. J. Pot Res* 78, 433–441, <https://doi.org/10.1007/BF02896375>
- Pavek, J.J., Corsini, D.L. (2001): Utilization of potato genetic resources in variety development. *Am. J. Pot Res* 78, 433–441, <https://doi.org/10.1007/BF02896375>
- Peralta, I.E., Clausen, A.M., Zorrilla, C., Ames, M., Digilio, A., Rodriguez, F. (2021): Wild and Cultivated Potato Species Diversity, Taxonomy, and Conservation. In: Carputo, D., Aversano, R., Ercolano, M.R. (eds) *The Wild Solanums Genomes. Compendium of Plant Genomes*. Springer, Cham. https://doi.org/10.1007/978-3-030-30343-3_4
- Plaisted, R.L., Sanford, L., Federer, W.T., Peterson L.C. (1962): Specific and general combining ability for yield in potatoes. *American Potato Journal* 39, 185–197 (1962). <https://doi.org/10.1007/BF02871402>

- Polgár, Z., Wolf, I., and Horváth, S. (2002) Development of parental lines having resistance genes against PVY NTN in hetero multiplex state. 15th Triennial Conference of the European Association for Potato Research, July 14-19, Hamburg, Germany, Abstracts of Papers, p. 98.
- Przetakiewicz A., & Milczare D. (2017): Evaluation of potato cultivars and breeding lines for resistance to *Globodera rostochiensis* and *Globodera pallida*. Plant Breeding and Seed Science 76: 3-8. doi: 10.1515/plass-2017-00014
- Przetakiewicz J. & Plich J. (2017): Assessment of potato resistance to *Synchytrium endobioticum*. Plant Breeding and Seed Science 76, 37–43.
- Ramakrishnan A. P., C.E Ritland, R. Blas, A. Riseman (2015): Review of Potato Molecular Markers to Enhance Trait Selection, Am. J. Pot. Res. 92(4) 455-472, DOI:10.1007/s12230-015-9455-7
- Rakosy-Tican E., Thieme R., König J., Nachtigall M., Hamman T., Denes T.E., Kruppa K., Molnár-Láng M. (2020): Introgression of Two Broad-Spectrum Late Blight Resistance Genes, Rpi-Blb1 and Rpi-Blb3, From *Solanum bulbocastanum* Dun Plus Race-Specific R Genes Into Potato Pre-breeding Lines, Frontiers in Plant Science, Vol. 11. 1-17. URL=<https://www.frontiersin.org/journals/plant-science/articles/10.3389/fpls.2020.00699>, DOI=10.3389/fpls.2020.00699
- Ramakrishnan A. P., C.E Ritland, R. Blas, A. Riseman (2015): Review of Potato Molecular Markers to Enhance Trait Selection, Am. J. Pot. Res. 92(4) 455-472, DOI:10.1007/s12230-015-9455-7
- Rietman, H., Bijsterbosch, G., Cano, L., Lee, H.R., Vossen, J., Jacobsen, E., Visser, R., Kamoun, S., Vleeshouwers, V. (2012): Qualitative and Quantitative Late Blight Resistance in the Potato Cultivar Sarpo Mira Is Determined by the Perception of Five Distinct RXLR Effectors. Molecular plant-microbe interactions: MPMI. 25. 910-9. 10.1094/MPMI-01-12-0010-R.
- Ross, H. (1986): Potato Breeding-Problems and Perspectives, in: Fortschritte der Pflanzenzüchtung, 13, Verlag Paul Parey, Berlin & Hamburg (1986), 132 pp.
- Sapakhova, Z., Abilda, Z., Toishimanov, M., Daurov, D., Daurova, A., Raissova, N., Sidorik, A., Kanat, R., Zhambakin, K., & Shamekova, M. (2024): Early Generation Selection of Potato Breeding Lines. Horticulturae, 10 (10), 1121. <https://doi.org/10.3390/horticulturae10101121>
- Slater AT, Cogan NO, Hayes BJ, Schultz L, Dale MF, Bryan GJ, Forster JW. (2014): Improving breeding efficiency in potato using molecular and quantitative genetics. Theor Appl Genet. 127(11):2279-92. doi: 10.1007/s00122-014-2386-8, PMID: 25186170.
- SOLYNTA (2025) <https://www.solynta.com/true-potato-seed-varieties/>, 2025.02.01.
- Song J, Bradeen JM, Naess SK, Raasch JA, Wielgus SM, Haberland GT, Liu J, Kuang H, Austin-Phillips S, Buell CR, Helgeson JP, Jiang J. (2003): Gene RB cloned from *Solanum bulbocastanum* confers broad spectrum resistance to potato late blight. Proc Natl Acad Sci U S A. 2003 Aug 5;100(16):9128-33. doi: 10.1073/pnas.1533501100. Epub 2003 Jul 18. PMID: 12872003; PMCID: PMC170883.
- Spooner DM, Ghislain M, Simon R, Jansky SH, Gavrilenko T (2014): Systematics, diversity, genetics, and evolution of wild and cultivated potatoes. Bot Rev 80:283–383. <https://doi.org/10.1007/s12229-014-9146-y>
- Stefańczyk, E., Sobkowiak, S., Brylińska, M. & Śliwka, J. (2017): Expression of the potato late blight resistance gene Rpi-phu1 and *Phytophthora infestans* effectors in the compatible and incompatible interactions in potato. Phytopathology 107, 740–748.

- Terres L.R., Lenz E.A., Rocha D., Cerioli M., da Solva Pereira A. (2017): Combining ability of potato parents for tuber appearance and tuber yield component traits, *Crop Breed. Appl. Biotechnol.* 17 (2) June 2017, <https://doi.org/10.1590/1984-70332017v17n2a16>
- Tiemens, H. M., J. Delleman, J. Eising, E.T. Lammerts, E.T. van Bueren. (2013): Potato breeding. A practical manual for the potato chain. Aardappelwereld BV, The Hague, The Netherlands. ISBN 978-90-802036-8-6, pp. 148.
- Tomczyńska, I., E. Stefańczyk, M. Chmielarz, B. Karasiewicz, P. Kamiński, J.D.G. Jones, A.K. Lees, J. Śliwka (2014): A locus conferring effective late blight resistance in potato cultivar Sárpo Mira maps to chromosome XI, *Theor. Appl. Genet.* 127 (2014) 647–657.
- Vleeshouwers, V.G., van Doijeweert, W., Paul Keizer, L. et al. A Laboratory Assay for *Phytophthora infestans* Resistance in Various *Solanum* Species Reflects the Field Situation. *European Journal of Plant Pathology* 105, 241–250 (1999). <https://doi.org/10.1023/A:1008710700363>
- van der Vossen EA, Gros J, Sikkema A, Muskens M, Wouters D, Wolters P, Pereira A, Allefs S. (2005): The Rpi-bllb2 gene from *Solanum bulbocastanum* is an Mi-1 gene homolog conferring broad-spectrum late blight resistance in potato. *Plant J.* 2005 Oct;44(2):208–22. doi: 10.1111/j.1365-3113X.2005.02527.x. PMID: 16212601.
- Wolf I., Polgár Zs. (2023): A burgonya fitoftórával (*P. infestans*) szembeni rezisztencianemesítési törekvések és eredmények a MATE Burgonyakutató Állomásán, Georgikon for Agriculture, Vol 27, No. 1, 64-71. o.
- Zhang, C., P. Wang, D. Tang, Z. Yang, F. Lu, J. Qi, N.R. Tawari, Y. Shang, C. Li, and S. Huang (2019): The genetic basis of inbreeding depression in potato. *Nature Genetics* 51: 374–378. <https://doi.org/10.1038/s41588-018-0319-1>.
- Zhu, S., Li, Y., Vossen, J. H., Visser, R. G. F., and Jacobsen, E. (2012). Functional stacking of three resistance genes against *Phytophthora infestans* in potato. *Transgen. Res.* 21, 89–99. doi: 10.1007/s11248-011-9510-1

8. Az értekezés alapjául szolgáló publikációk

- Ahmadvand R., I. Wolf, A. M. Gorji, Z. Polgár, J.Taller (2013): Development of molecular tools for distinguishing between the highly similar Rx1 and Rx2 PVX extreme resistance genes in tetraploid potato. *Potato Research* 56:277–291, DOI 10.1007/s11540-013-9244-y
- Cernák, I., K. Decsi, S. Nagy, I. Wolf, Z. Polgár, G. Gulyás, Y. Hirata, J. Taller (2008): Development of a locus-specific marker and localisation of the Rysto gene based on linkage to a catalase gene on chromosome XII in the tetraploid potato genome. *Breeding Science* 58: 309-314.
- Cernák I, Decsi K, Vaszi Zs, Wolf I, Polgár Zs, Taller J (2008): PCR-alapú markerek alkalmazása a PVY extrém rezisztenciagént hordozó burgonya genotípusok szelekciójára. *Növénytermelés. Tom. 57 no. 3.* 245-251.
- Cernák, I., Taller, J., Wolf, I., Fehér, E., Babinszky, G., Alföldi, Z., Csanádi G., Polgár, Z. (2008): Analysis of the applicability of molecular markers linked to the PVY extreme resistance gene Rysto, and the identification of new markers. *Acta Biologica Hungarica* 59 (2), pp. 195–203.
- Gorji A.M., Ahmadvand R., Taller J., Wolf I., Polgár Z. (2017): Genetic multiplex state study of some advanced potato clones conferring Potato virus Y NTN (PVYNTN) extreme resistance. *Crop Breeding Journal*, 2017. 7. pp. 15-22. doi:10.22092/CBJ.2018.112932.

Hajianfar, R., Z. Polgar, J. Taller (2013):

Next generation sequencing based identification of late blight resistance genes in potato. Georgikon for Agriculture, Vol. 16, Nr. 1., 2014, Keszthely, pp. 50-51.

Hajianfar, R., B. Kolics, I. Cernák, I. Wolf, Z. Polgár, J. Taller (2016): Expression of biotic stress response genes to *Phytophthora infestans* inoculation in White Lady, a potato cultivar with race-specific resistance to late blight. Physiological and Molecular Plant Pathology vol. 93, pp 22-28, ISSN 0885-5765,

<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0885576515300357>

Polgár Zs., Horváth S. (2000): Szülőpartner kiértékelési módszerek alkalmazhatósága a hazai burgonyanemesítésben. VI. Növénynemesítési Tudományos Napok, Budapest, 2000 március 8-9. Összefoglalók 109. old.

Polgár, Z., Wolf, I., and Horváth, S. (2002) Development of parental lines having resistance genes against PVY NTN in hetero multiplex state. 15th Triennial Conference of the European Association for Potato Research, July 14-19, Hamburg, Germany, Abstracts of Papers, p. 98.

Polgár Zs., Wolf I., Lönhard M., Horváth S. (2003): A burgonya Y vírus NTN törzsével szembeni rezisztenciagént heteromultiplex formában hordozó szülőpartnerek előállítása.

IX. Növénynemesítési Tudományos Napok, Budapest, 2003 március 5-6. Összefoglalók 59. old.

Polgár Zs., Wolf I., Lönhard M., Vaszi Zs. (2014): Fajhibridizációs eredmények a keszthelyi burgonyanemesítésben. LVI. Georgikon Napok, Kivonat-kötet, 117. o.

Polgar Z., I. Cernák, I. Wolf (2016): Potato breeding, meeting the challenges of climate change. Lucrări Științifice – vol. 59(2)/2016, seria Agronomie, pp.223-227.

Polgár Zs. és Cernák I. (2019): A keszthelyi Burgonyakutatói Központ nemesítési eredményei In: A magyar növénynemesítés eredményei az ezredfordulón (1990-2018), 182-186 oldal, ISBN 978-963-508-901-7

Polgar Zs., L. Gergely (2020): Importance of biotic and abiotic stress resistance in sustainable potato production Tagungsband der 70. Jahrestagung der Vereinigung der Pflanzenzüchter und Saatgutkaufleute Österreichs, 25.-27. November 2019, Raumberg-Gumpenstein, Book of proceedings pp.11-18. ISBN-13: 978-3-900932-73-2

Polgar Z., I. Cernák, I. Wolf (2016): Potato breeding, meeting the challenges of climate change. Lucrări Științifice – vol. 59(2)/2016, seria Agronomie, pp.223-227.

Pribék, D. - Á. Esztergályos - I. Wolf - Z. Polgár (2021): Pathological and yield components analysis of potato varieties potentially applicable for organic production 72nd Plant Breeders Conference, Gumpenstein, Austria, November 22-24, 2021, Lecture, Conference book pp. 95-96. <https://zenodo.org/record/5667799#.Yn4zruhByUk>

Wolf I., Polgár Zs. (2023): A burgonya fitoftórával (*P. infestans*) szembeni rezisztencianemesítési törekvések és eredmények a MATE Burgonyakutató Állomásán, Georgikon for Agriculture, Vol 27, No. 1, 64-71. o.

9. Az értekezés témájához kapcsolódó további referált publikációk

Andrивon, S., J. Avendaño-Córcoles, A. M. Cameron, S. F. Carnegie, L. R. Cooke, R. Corbière, D. Detourné, L. J. Dowley, D. Evans, K. Forisekova, D. G. Griffin, A. Hannukkala, A. K. Lees, R. Lebecka, F. Niepold, Z. Polgar, D. S. Shaw, J. Thompson, B. Trognitz, H. M. G. van Raaij, E. Zimnoch-Guzowska (2010): Stability and variability of virulence of *Phytophthora infestans* assessed in a ring test across European laboratories, Plant Pathology . 11/2010; 60(3):556 - 565. DOI:10.1111/j.1365-3059.2010.02392.x

- Ahmadvand R, A. Takács, J. Taller, I. Wolf and Z. Polgár (2012): Potato viruses and resistance genes in potato. *Acta Agronomica Hungarica*, 60(3), pp. 283–298. DOI: 10.1556/AAgr.60.2012.3.10
- Ahmadvand R, P. Poczai, R. Hajianfar, B. A. M. Gorji, Z. Polgár, J. Taller (2014a): Next generation sequencing based development of intron-targeting markers in tetraploid potato and their transferability to other *Solanum* species. *Gene*, 540 (1): 117–121, DOI:10.1016/j.gene.2014.02.045
- Decsi K., Cernák I., Bánfalvi Z., Korom E., Wolf I., Vaszily Z., Taller J., Polgár Z. (2012): Marker assisted selection of the *Solanum stoloniferum* based PVY resistance in the breeding material of Keszthely. *ScienceMED*, vol.3, issue 3, p.215–219. ISBN 978-88-7587-648-7
- Demirel U., S. Çalişkan, C. Yavuz, İ. Tindaş, Z. Polgar, Z. Vaszily, I. Cernák, M. E. Çalişkan (2017): Assessment of morpho-physiological traits for selection of heat tolerant potato genotypes. *Turk J Agric For.* (2017) 41: 1–15., doi:10.3906/tar-1701-95
- Esztergályos A., Zs. Polgár (2020): The effect of chemical treatments on the tuber dormancy of Hungarian potato varieties, *Potato Research* Vol. 64/3 327–337., DOI: 10.1007/s11540-020-09479-5
- Flis B, L. Domański, E. Zimnoch-Guzowska, Z. Polgar, S. Á. Pousa, A. Pawlak (2014): Stability analysis of agronomic traits in potato cultivars of different origin. *Am. J. Potato Res.* (2014) 91:404–413, DOI 10.1007/s12230-013-9364-6
- Gorji A. M. and Z. Polgar (2010): Application of genetic engineering in potato breeding. *Acta Agronomica Hungarica*, 58(4), pp. 427–441 (2010), DOI: 10.1556/AAgr.58.2010.4.11
- Gorji A.M., P. Poczai., Z. Polgar, J. Taller (2011): Efficiency of Arbitrarily Amplified Dominant Markers (SCOT, ISSR and RAPD) for Diagnostic Fingerprinting in Tetraploid Potato *American Journal of Potato Research* Vol 88, No 3. pp. 226–237. DOI: 10.1007/s12230-011-9187-2
- Hajianfar R., Zs. Polgár, I. Wolf, A. Takács, I. Cernák and J. Taller (2014): Complexity of Late Blight Resistance in Potato and its Potential in Cultivar Improvement, *Acta Phytopathologica et Entomologica Hungarica* 49 (2), pp. 141–161 (2014) DOI: 10.1556/APhyt.49.2014.2.2
- Polgár Zs., Dudits D., Horváth S. (1996): Burgonya + *Solanum brevidens* (Phil.) szomatikus hibridek előállítása, jellemzése. és nemesítési értékének meghatározása. *Növénytermelés* 45: 1–11.

10. További, referált folyóiratokban megjelent publikációk

- Berke, J., Z. Polgár, Z. Horváth, T. Nagy (2006): Developing on exact quality and classification system for plant improvement, *Journal of Universal Computer Science*, Vol 12. issue 9, pp. 1154 – 1164.
- Csák, M., Hegedűs, G., Polgár, Zs. (2011): Identification of Potato Genotypes by Using Digital Image Analysis, *Journal of Central European Agriculture* Vol 12 (1) p. 195–214. DOI: 10.5513/JCEA01/12.1.899
- Frank K., E. Nagy, J. Taller, I. Wolf, Z. Polgár (2024): Characterisation of the complete chloroplast genome of *Solanum tuberosum* cv. White Lady, *Biologia Futura* <https://doi.org/10.1007/s42977-024-00240-4>
- Gorji A. M., K. Matyas, Z. Dublec, K. Decsi, I. Cernak, B. Hoffmann, J. Taller and Z Polgar (2012): In Vitro osmotic stress tolerance in potato and identification of major QTLs. *Am. J. Pot. Res.* 89:453–464, DOI 10.1007/s12230-012-9268-x

- Hutvágner G., Z. Bánfalvi, I. Milánkovics, D. Silhavy, Z. Polgár, S. Horváth, P. Wolters, J. P. Nap (2001): Molecular markers associated with leptinine production are located on chromosome I in *Solanum chacoense*. *Theoretical and Applied Genetics* 102 (6/7): 1065-1071
- Kállai M, G. Csitári, Z. Polgár (2006): Resistance of potato to *Erwinia carotovora* ssp. *atroseptica* tested by inoculation of detached leaves and stems of potted plants. *Acta Microbiologica et Immunologica Hungarica* 53,(3) pp: 286-287 (2006)
- Kondrák, M., A. Kopp, C Uri, A. Sós-Hegedűs, E. Csákvári, M., Schiller, E. Barta, I. Cernák, Z. Polgár, J. Taller, Z. Bánfalvi (2020): Mapping and DNA sequence characterisation of the Rysto locus conferring extreme virus resistance to potato cultivar ‘White Lady’, *PLOS ONE* <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0224534>
- Kollaricsné, H. M., Z. Polgár, N. R. Aranyi, I. Cernák, J. Taller, B. Hoffmann (2014): The effect of nitrogen supply on leaf area index, leaf chlorophyll and tuber nitrogen content in potato. *Georgikon for Agriculture* 18:(1) pp. 49-59. (2014)
- Kollaricsné M. H., B. Hoffmann, I. Cernák, S. Baráth, Z. Polgár and J. Taller (2019): Nitrogen utilization of potato genotypes and expression analysis of genes controlling nitrogen assimilation, *Biologia Futura* 70(1), pp. 25–37. DOI: 10.1556/019.70.2019.04
- Molnar A., A. Lovas, Z. Banfalvi, Lakatos, Z. Polgar, S. Horvath (2001): Tissue-specific signal(s) activate the promoter of a metallocarboxypeptidase inhibitor gene family in potato tuber and berry. *Plant Molecular Biology* 46 (3): 301-311
- Poczai P., I. Cernák, A. M. Gorji, S. Nagy, J. Taller, Z. Polgár (2010): Development of intron targeting (IT) markers for potato and cross-species amplification in *Solanum nigrum* (*Solanaceae*), *American Journal of Botany* 97: e142-e145.
- Polgar, Z., S.M. Wielgus, S. Horvath, J.P. Helgeson (1999): DNA analysis of potato+*Solanum brevidens* somatic hybrid lines. *Euphytica* 105: 103-107.
- Répás, Z., R. Nagy, Z. G., Polgár, Z. Györi (2024): Study to Determine the Nutritional Characteristics of Potato Varieties that Are Suitable for the Application of the Freeze-Drying Process, *Potato Research*, <https://doi.org/10.1007/s11540-024-09827-9>
- Spooner, D. M., Rodríguez, F., Polgár, Z., Ballard Jr. H.E., and Jansky, S.H. (2008): Genomic origins of potato polyploids: GBSSI gene sequencing data. *Crop Sci* 48:S-27-S-36.
- Taller J., G. Gulyas, I. Cernak, Z. Polgar, Z. Alfoldi (2001): Using AFLP analysis for variety discrimination in potato. *Georgikon for Agriculture* 12 (1): 86-98.
- Tömösközi-Farkas, R., H. G. Daod, Zs. Polgar, Gy. Hajós (2006): Determination of Glycoalcaloids in Hungarian Potatoes by HPLC. *Chromatographia, Supplemet Vol.* 63, S 115-118. 2006.
- Tömösközi-Farkas R, Z. Polgár, M. Nagy-Gasztonyi, V. Horváth, T. Renkecz, K. Simon, F. Boross, Z. Fabulya and H. Daoud (2014): Changes of potentially antinutritive components in Hungarian potatoes under organic and conventional farming. *Acta Alimentaria*, Vol. 43 (4), pp. 677–684 (2014), DOI: 10.1556/AAlim.43.2014.4.18
- Tömösközi-Farkas R, M. Berkia, M. Nagy-Gasztonyia, I. Wolf and Z. Polgár (2014): Investigation of antinutritive components in Hungarian potato cultivars depending on production Technology. *Acta Alimentaria*, Vol. 43 (Suppl.), pp. 188–206 (2013), DOI: 10.1556/AAlim.43.2014.Suppl.26
- Tömösközi-Farkas, R., N. Adányi, M. Gasztonyi-Nagy, M. Berki, V. Horváth, T. Renkecz, K. Simon, Z. Fabulya and Z. Polgár (2016): Changes of Metabolites and Macro- and Micro-elements in Hungarian Potatoes under Organic and Conventional Farming. *Journal of Agricultural Science and Technology B* 6 (2016) 83-92. DOI: 10.17265/2161-6264/2016.02.004

Uri C, Z. Juhász, Z. Polgár, Z. Bánfalvi (2014): A GC–MS-based metabolomics study on the tubers of commercial potato cultivars upon storage. Food Chemistry 159 (2014) 287–292.

Kumulatív impakt faktor:	42,835
Idézetek száma: MTMT	780
Google Scholar	1159
Scopus	633
Web of Science	464
ResearchGate	864

11. Köszönetnyilvánítás

Mindenekelőtt köszönettel tartozom családomnak, feleségemnek Polgárné Varga Erikának és gyermekeimnek Katalinnak és Lászlónak, akik szakmai pályafutásom alatt mindvégig nagy türelemmel, szeretettel mindenben támogattak és elfogadták, hogy hivatásként végzem munkámat. Másodsorban köszönettel tartozom munkahelyem, a különböző szervezetek égisze alatt dolgozó Keszthelyi Burgonyakutatói Központ valamennyi dolgozójának, feletteseimnek, jelenlegi és volt kollégáimnak. Külön köszönettel tartozom nemesítőtársaimnak: Wolf Istvánnak a burgonya rezisztenciavizsgálatok szakmai irányításáért, mindenre kiterjedő szakmai és emberi támogatásáért, Dr. Lönhard Miklósnak, nemesítői elődömnek, a hosszú éveken át tartó szakmai és erkölcsi irányításáért, tanácsaiért, Vaszyly Zsoltnak a tenyészkerti kísérletek beállításában és kiértékelésében 15 éven át végzett munkájáért, valamint [†]Dr. Pintér Jánosnak, [†]Dr. Horváth Sándornak és [†]Bilinszki Alíznek. Köszönöm Dr. Cernák Istvánnak, Dr. Frank Krisztiánnak és PhD hallgatóimnak Dr. Rahim Ahmadvandnak, Dr. Ahmad Mousapour Gorjinak, [†]Dr. Ramin Hajianfarnak a molekuláris genetikai, markerfejlesztési feladatokban végzett munkáját, és kiemelten Dr. Taller Jánosnak, többszörös társ témavezetőmnek, a MATE professzorának a több évtizede tartó sikeres együttműködést, akivel szakmai kapcsolatunk, számos közös kutatási pályázatunk jelentősen hozzájárult ahhoz, hogy a dolgozatban bemutatott eredmények megvalósulhattak. Köszönettel tartozom továbbá minden hazai és külföldi szerzőtársamnak a közös kutatói munkáért, a publikációk elkészítésében nyújtott segítségükért. Az előbbieken túl, köszönöm valamennyi hazai és nemzetközi K+F tevékenységet finanszírozó szervezetnek és azok mindenkori döntéshozóinak pályázati tevékenységeim finanszírozását.