

*MTA*  
*Doktori Értekezés Tézisei*

***MOLEKULÁRIS MARKEREK  
A SZŐLŐNEMESÍTÉS  
SZOLGÁLATÁBAN***

**Győrffyné Dr. Jahnke Gizella**  
**PhD. biológiai tudományok**

**Magyar Agrár és Élettudományi Egyetem**  
**Szőlészeti és Borászati Intézet, Badacsonyi Kutatóállomás**

**Badacsony**  
**2024**

# TARTALOMJEGYZÉK

Tartalomjegyzék .....	2
1. Bevezetés .....	3
2. Új tudományos eredmények .....	8
3. Következtetések.....	10
<i>Pinot klónok SSR vizsgálata</i> .....	10
<i>Szőlő alanyok SSR vizsgálata</i> .....	10
<i>Szülői SSR haplotípusok rekonstruálása egyetlen szülő magból</i> .....	11
<i>Molekuláris markerekhez kapcsolódó szoftverfejlesztés</i> .....	12
<i>Az SSR null allél probléma és következményei a pedigré rekonstrukcióban és a populációgenetikai vizsgálatokban szőlőnél</i> .....	13
Felhasznált irodalom .....	15
Az értekezés témakörében megjelent legfontosabb publikációk .....	19

# 1. BEVEZETÉS

A növények házasítása az emberi fejlődés szempontjából kulcsfontosságú volt az őskortól kezdve, a szőlő pedig az egyik legnagyobb területen termesztett faj. Ma már tudjuk, hogy a fajtacsoportok megjelenése és eltérése szorosan összefonódott az emberi történelemmel és a migrációs mozgásokkal. A fenntartható szőlőtermesztés szempontjából, ma a klímaváltozás a legnagyobb gond, negatív (és olykor pozitív) hatásai érezhetők a szőlészetben és a borászatban is. A hosszú távon is fenntartható szőlőtermesztés kulcsa a nemesítés.

Az éghajlat gyors változásai átfogó és stratégiai jellegű alkalmazást igényelnek a rendelkezésre álló információk felhasználásában. A mai modern szőlőnemesítés hatékonyan alkalmazhatja a morfológiai, biokémiai és molekuláris adatokból származó ismereteket. A molekuláris technikák fejlődése a genetikai elemzés terén nagymértékben javította a génszabályozás, genotípus-fenotípus kapcsolatok stb. megértését. Molekuláris megközelítéseket, különösen a molekuláris markereket használták a DNS szekvenciák mind a fajokon belüli, mind a fajok közötti variációinak vizsgálatára. Ezeket a módszereket arra alkalmazták, hogy nyomon kövessék a helyi fajtákból és rokon fajokból származó előnyös tulajdonságokat a nemesítés során.

A molekuláris markerek olyan DNS szekvenciák, amelyek polimorfizmust mutatnak, és molekuláris megközelítésekkel azonosíthatók. A fehérjealapú molekuláris módszerek először az egyszerűségük és költséghatékonyságuk miatt terjedtek el. Az izoenzim markereket ma is használják,

mivel nem igényelnek drága, speciális felszerelést, és költséghatékonyak. A genetikai markerek, amelyek legtöbbször polimeráz láncreakción (PCR) alapulnak, elsősorban a specifikus DNS szegmensek pontos azonosítására képesek, így ma a leggyakrabban használt markerek.

A molekuláris markerek szőlőnemesítésben betöltött szerepével kapcsolatos irodalom az évek során jelentősen bővült, tükrözve a genetikai jellemzés és a nemesítési stratégiák fejlődését. (Meredith, 2001) a *Vitis vinifera* L. mikroszatellit marker alapú kapcsolati térképének kidolgozásával alapozó munkát végzett ezen a területen, kiemelve a szekvenciával jelölt mikroszatellit helyek markereinek hasznosságát a csemegeszőlőfajták jellemzésében. Ez a tanulmány hangsúlyozta az SSR markerek fontosságát a származásvizsgálatokban és a magnélküliség azonosításában, és létrehozta a szőlő DNS-típusosításának univerzális módszertanát, amely referenciapontként szolgál a későbbi kutatások számára. Erre az alapra építve, Hizarci és munkatársai (2013) az autochton szőlőfajták közötti genetikai kapcsolatokat vizsgálták Északkelet-Törökországban SSR markerek segítségével. Munkájuk nemcsak jellemezte a genetikai sokféleséget ezen a régióon belül, hanem összehasonlította azt más szőlőterületekével is, jelezve a mikroszatelliterek jelentőségét a genetikai erózió és a különböző génbanki gyűjtemények közötti sokféleség értékelésében.

Emanuelli és munkatársai (2013) továbbvitték ezt a gondolatmenetet azzal, hogy egy nagy génbanki gyűjteményen belüli genetikai diverzitás és populációszerkezet átfogó értékelését nyújtották SSR és SNP markerek használatával. Eredményeik aláhúzták a markerrendszerek hatékonyságát a genetikai variabilitás és

rétegződés értékelésében, ami kulcsfontosságú a szőlő genetikai erőforrások nemesítési programokban való fenntartható felhasználása szempontjából.

Német kutatók az SNP markerekre helyezték a hangsúlyt, és feltárták hatékonyságukat a komplex származású szőlőfajták pedigréjének javításában (Zyprian és mtsai., 2015). Ez a tanulmány rávilágított a szőlőnemesítésben a markerekkel támogatott szelekció (MAS) felé való átmenetre, különösen a rezisztencia és a minőségi tulajdonságok javítása érdekében. Az SNP-markerek robusztussága a kapcsolat- és QTL-elemzésben sarkalatos pont volt, ami a szőlőgenetikai kutatáson belüli módszertani változást jelezte.

Pinot noir klónokat vizsgáltak nagymértékben variábilis mikroszatellit lókuszok segítségével Regner és munkatársai (2006), hozzájárulva ezzel a genetikai variabilitás jobb megértéséhez. Munkájuk hangsúlyozta a molekuláris eszközök szükségességét a klónok azonosításában, valamint a genetikai variációnak a fajtaazonosságra és -javításra gyakorolt hatását.

R-lókuszok helyzete és a liztharmat rezisztencia szintje közötti kapcsolatot vizsgálták olasz kutatók. Ez a cikk rámutatott a markerek fejlesztésével és alkalmazásával kapcsolatos kihívásokra, különösen a megbízható SSR markerek szükségességére a markerrel támogatott nemesítéshez (MAB). Az eredmények azt sugallják, hogy bár az SSR-ek továbbra is a preferált markerrendszerek maradnak, egyre nagyobb szükség van alternatív markertípusokra, amelyek felhasználhatók a nagy áteresztőképességű genotipizálási platformokon (Zini és mtsai., 2019).

Mihaljević és munkatársai (2020) a horvát szőlő génállomány genetikai diverzitására és populációszerkezetére összpontosított SSR-ek és SNP-k segítségével. Tanulmányuk megerősítette az SSR markerek jelentőségét a fajtaazonosításban, és hangsúlyozta a széles genetikai sokféleség bevonásának szükségességét a nemesítési programokba.

A hagyományos genetikai javítási módszerek előtt álló kihívásokat és a molekuláris markerek előnyeit tárgyalták a nemesítés hatékonyságának növelésében (Manzoor és mtsai., 2023). Munkájuk kiemelte a markerekkel támogatott szelekció (MAS) szerepét a fenotípusos szelekció korlátainak leküzdésében, ezáltal megkönnyítve a szőlőtermesztés javítását.

Végezetül, Carrara és munkatársai (2023) bemutattak egy molekuláris eszköztárat a szőlőfajták azonosítására hangsúlyozva a mikroszatellitek és SNP-k jelentőségét. Eredményeik rávilágítottak az SSR markerek globális szabványosítására és az SNP-k egyre nagyobb szerepére a szőlő genetikai rokonság meghatározásában.

Ezek a tanulmányok együttesen a molekuláris markerek dinamikus szerepét mutatják a szőlőnemesítésben, bemutatva a hagyományos módszerektől a fejlett genetikai eszközökre való áttérést, amelyek növelik a nemesítési programok hatékonyságát és eredményességét. E markerek folyamatos fejlesztése és alkalmazása továbbra is meghatározza a szőlőgenetika és nemesítés jövőjét.

Disszertációm a szőlő molekuláris markerezzel kapcsolatos és az ehhez kapcsolódó elméleti és

szoftverfejlesztési munkámat foglalja össze. Míg a 2006-ban megírt PhD értekezésemben nemes (*Vitis vinifera* L.) szőlőfajták izoenzimes és SSR vizsgálati eredményeit foglaltam össze, jelen dolgozat a szőlő alanyként használt fajták és a ligeti szőlő (*Vitis sylvestris* Gmel.) molekuláris markerezés eredményeit mutatja be, kitér arra, hogy hogyan lehet SSR markereket használni szőlőmagvak haplotípusainak meghatározására, az SSR null allélok jelentőségét a szőlő pedigré rekonstrukcióban és populációgenetikai vizsgálatokban, valamint bemutatom az általam fejlesztett, molekuláris markereredmények kiértékelését segítő *MolMarker* nevű szoftvert is.

## 2. ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK

1. Korábbi tapasztalataink alapján 7 Pinot gris, 4 Pinot noir és egy Pinot blanc klón genetikai variabilitását vizsgáltuk 16 SSR lókusznál. Eredményeink alapján megállapítható, hogy valamennyi Pinot klón nagyfokú hasonlóságot mutatott. A Badacsonyban termesztett Pinot gris klónok (B. 10, B. 10/5, B. 10/10) egy csoportot alkottak, és a legnagyobb hasonlóságot a romániai Pinot gris 34-gyel mutatták. A többi Pinot gris klón egy másik csoportot alkotott a Pinot noir C-vel. -162. Mindezek a klónok Nyugat-Európából (Németország, Franciaország) származnak. Ennek alapján feltételeztük, hogy a különböző Pinot klónok közötti genetikai különbségek eltérő földrajzi eredetre vezethetők vissza (Jahnke, Májer, et al., 2011). 2. Egy korábban kidolgozott és adaptált módszerrel elsőként vizsgáltuk hazánk legnagyobb szőlőalanygyűjteményéből 19 SSR lókuszt 93 szőlő alanyának genetikai variabilitását. Kutatásunkkal a legfontosabb altípusok kapcsolatait azonosítottuk (Jahnke és mtsai., 2011).

3. Öt szőlőfajta - Teleki 5C GK42, E20, GK46 és WED, valamint SZILÁGYI 157 - esetében elsőként mutattuk meg, hogy a montpellier-i Viala által kiválasztott Riparia Gloire de Montpellier (szinonimája: Riparia portalis) 1880-ban Franciaország az egyetlen lehetséges szülő. Fontos, hogy ennek az altípusnak funkcionális hímvirágai vannak, így csak beporzóként használható. Valamennyi leszármazott Franciaországból származik, és a Riparia Gloire de Montpellier után vettek mintát, ami növeli a javasolt szülő-utód kapcsolatok valószínűségét (Jahnke és mtsai., 2011, 2015).

4. Először feltételeztük és megerősítettük, hogy a szülői SSR haplotípusok egyetlen szőlőmagból is rekonstruálhatók. Ez a módszer új perspektívát nyithat a szőlőfajták eredetének vizsgálatában a magvak régészeti leleteinek tanulmányozásával (Györffyné Jahnke és mtsai., 2017, 2019).

5. Új, felhasználóbarát szoftvert fejlesztettünk ki *MolMarker* néven, amely segít a molekuláris markerekből származó adatok átfogó értékelésében (Jahnke, Smidla, & Poczai, 2022; Jahnke & Smidla, 2014).

6. Vizsgáltuk a null allél probléma lehetséges következményeit a szőlő pedigré rekonstrukciójában (Jahnke, Smidla, Deak, és mtsai., 2022).

7. Kiemeltük a null allél probléma jelentőségét a szőlő populációgenetikai vizsgálatában, és javaslatot tettünk a torzítás mérséklésére (Jahnke, Smidla, Deak, és mtsai., 2022).

### 3. KÖVETKEZTETÉSEK

#### *Pinot klónok SSR vizsgálata*

A Pinot klónok differenciálására szolgáló mikroszatellit (SSR) analízis jelentős kihívásokat jelent a klónok közötti nagyfokú genetikai hasonlóság miatt. Mindazonáltal sikeres differenciálás érhető el külön földrajzi régiókból származó klónok elemzésével, vagy jelentős számú, ideális esetben húsz feletti SSR-lókusz alkalmazásával. A Pinot fajták, amelyeket a legrégebbi termesztett szőlőként ismernek el, jelentős földrajzi változatosságot mutatnak, ami növeli a különböző helyekről származó klónok közötti különbségek azonosításának valószínűségét.

#### *Szőlő alanyok SSR vizsgálata*

A szőlőt hagyományosan dugványokkal szaporították egészen az 1860-as évekig, amikor is a szőlőgyökértetű (filoxéra) behurcolták Észak-Amerikából Európába. Ez a kártevő köztudottan minden *Vitis vinifera* L. fajta gyökerét megfertőzi, és gyakran egy-két éven belül a növények pusztulásához vezet. A „filoxéravészre” válaszul az európai szőlőtermesztés azóta átvette a filoxéra-tűrő vagy rezisztens alanyok használatát, amelyekre a *Vitis vinifera* L. fajtákat oltják. A rezisztens alanyok kialakulása, valamint a "direktermő" fajták megjelenése – mint például a *Vitis labrusca* faj, amely oltás nélkül is termesztethető saját gyökerén, és egyes hibrid eredetű szőlőfajták – elindította a szőlőnemesítés modern korszakát Európában a 19. század második felében (Alleweldt és Possingham, 1988).

Napjainkban a szőlőtermesztésben alkalmazott alanyok genetikai alapja több fajt is magában foglal, köztük a *Vitis vinifera* L.-t, ami rendkívül változatos genetikai állományt eredményez. Következésképpen nem meglepő, hogy a szőlőfajták többsége az egyszerű szekvencia ismétlés (SSR) analízissel pontosan megkülönböztethető. Nemesítési szempontból a szülők közötti kapcsolatok megértése kiemelkedően fontos, és a közelmúltbeli tanulmányok jelentős betekintést engedtek ebbe a területbe.

### ***Szülői SSR haplotípusok rekonstruálása egyetlen szülő magból***

Kísérleteink eredményei azt mutatják, hogy egyetlen szülőmagból sikeresen kinyerhető az SSR (Simple Sequence Repeat) analízisre alkalmas DNS mennyisége. A DNS amplifikációját a legtöbb lókusznál sikerült elérni, és a más növényi szövetekre optimalizált polimeráz láncreakció (PCR) protokollok hatékonyan alkalmazhatók ebben az összefüggésben. Módszertanunk megbízható a szülői haplotípusok meghatározására, a szülői entitások azonosítása pedig a meglévő adatbázisok felhasználásával megkönnyíthető (Györffyné Jahnke és mtsai., 2017, 2019). Ez a megközelítés lehetőséget rejt magában a régészeti szülőmagok elemzésére; ennek azonban vannak korlátai. A kivont DNS minősége és mennyisége sérülhet a lebomlás miatt, amelyet olyan tényezők befolyásolnak, mint a magvak kora és a környezeti feltételek, beleértve a karbonizációs folyamatokat (Manen és mtsai., 2003). Ezenkívül idővel mutációk léphetnek fel az SSR-lókuszon belül, ami null allélok megjelenéséhez vezethet. A null allélok jelenléte

amplifikációs hibákat okozhat, amelyek csökkenthetők rövidített primerek alkalmazásával a PCR-reakciókban (Dakin & Avise, 2004; Kwok és mtsai., 1990).

## ***Molekuláris markerekhez kapcsolódó szoftverfejlesztés***

A *MolMarker* megalkotásával elsődleges célunk az volt, hogy létrehozzunk egy nyílt hozzáférésű szoftvereszközt, amely felhasználóbarát grafikus felülettel rendelkezik, és amelyet kifejezetten a molekuláris marker adatkészletek átfogó értékelésére terveztek különböző alkalmazásokban. Ennek az elképzelésnek a megvalósításához a Java programozási nyelvet használtuk, amely biztosította számunkra az ilyen projektekhez szükséges rugalmasságot és robusztusságot. Ezenkívül a *MolMarker* architektúrája lehetővé teszi a jövőbeni fejlesztéseket és bővítéseket, lehetővé téve számunkra, hogy új bővítményeket és funkciókat építsünk be, ahogy a molekuláris markerelemzés területe folyamatosan fejlődik. Ez az alkalmazkodóképesség biztosítja, hogy a felhasználók részesüljenek a folyamatos fejlesztésekből és innovációkból, így a *MolMarker* értékes erőforrássá válhat a kutatók és a gyakorlati szakemberek számára is.

## ***Az SSR null allél probléma és következményei a pedigré rekonstrukcióban és a populációgenetikai vizsgálatokban szőlőnél***

A null allélek jelenlétének figyelmen kívül hagyása a mikroszatellit (SSR) vizsgálatokban tudományosan pontatlan következtetésekhez vezethet. Következésképpen elengedhetetlen, hogy az SSR-vizsgálatokban részt vevő kutatók áthatóan foglalkozzanak a null allélokkal kapcsolatban felmerülő problémákkal. Bár úgy tűnhet, hogy a null allélok tartalmazó lókuszek egyszerű kizárása megoldja a problémát, ez a megközelítés csak akkor tanácsos, ha nem vezet jelentős mennyiségű adat elvesztéséhez. Ez egyébként előfordulhat például akkor, ha egy adott faj alapos törzskönyvi elemzéséhez szükséges minimális számú lókuszt még mindig elérhető anélkül, hogy a kimutathatatlan allélok tartalmazó lókuszeket figyelmen kívül hagynánk. Ezenkívül elengedhetetlen, hogy a fennmaradó lókuszek jól oszlanak el a genomban, hogy fenntartsák az elemzés integritását.

Ha nem sikerül megfelelően kezelni a null allélok jelentette kihívásokat, az jelentősen akadályozhatja az éghajlatváltozás káros hatásaival szemben ellenálló növények vagy állatok nemesítésére irányuló erőfeszítéseket. A null allélok jelenléte torzíthatja a genetikai diverzitás értékelését és befolyásolhatja a genetikai térképezés általános pontosságát, ami végső soron hibás szelekcióhoz vezethet a nemesítési programokban. Ebben az összefüggésben a kutatóknak körültekintőnek és proaktívnak kell maradniuk a null allélok azonosításában és kezelésében annak biztosítása érdekében, hogy eredményeik hozzájáruljanak az éghajlatváltozással szembeni ellenálló képesség fokozását célzó nemesítési

stratégiák jelentős előrehaladásához. Ezen óvintézkedések megtételével a tudományos közösség robusztus és alkalmazkodóképes fajták kifejlesztésén dolgozhat, amelyek képesek ellenállni a folyamatosan változó éghajlat jelentette kihívásoknak.

## FELHASZNÁLT IRODALOM

- Alleweldt, G., & Possingham, J. V. (1988). Progress in grapevine breeding. *Theoretical and Applied Genetics* 1988 75:5, 75(5), 669–673. <https://doi.org/10.1007/BF00265585>
- Carrara, I., Terzi, V., Ghizzoni, R., Delbono, S., Tumino, G., Crespan, M., Gardiman, M., Francia, E., & Morcia, C. (2023). A Molecular Toolbox to Identify and Quantify Grape Varieties: On the Trace of “Glera”. *Foods*, 12(16), 3091. <https://doi.org/10.3390/FOODS12163091/S1>
- Dakin, E. E., & Avise, J. C. (2004). Microsatellite null alleles in parentage analysis. *Heredity*, 93(5), 504–509. <https://doi.org/10.1038/sj.hdy.6800545>
- Emanuelli, F., Lorenzi, S., Grzeskowiak, L., Catalano, V., Stefanini, M., Troggio, M., Myles, S., Martinez-Zapater, J. M., Zyprian, E., Moreira, F. M., & Grando, M. S. (2013). Genetic diversity and population structure assessed by SSR and SNP markers in a large germplasm collection of grape. *BMC Plant Biology*, 13(39), 17 pp. w0 13 740.pdf
- Györfffyné Jahnke, G., Nagy, Z. A., & Májer, J. (2017). Szülői haplotípusok rekonstrukciója egyetlen szőlő magból. *LIX Georgikon Napok (59th Georgikon Scientific Conference-Proceedings)*.
- Györfffyné Jahnke, G., Nagy, Z. A., Németh, C., Knolmajerné Szigeti, G., & Májer, J. (2019). Reconstruction of

Parental SSR Haplotypes from a Single Grape Seed. In *Advances in Grape and Wine Biotechnology*. IntechOpen. <https://doi.org/10.5772/INTECHOPEN.85685>

Hizarci, Y., Ercisli, S., Yuksel, C., & Ergul, A. (2013). *Genetic characterization and relatedness among autochthonous grapevine cultivars from Northeast Turkey by Simple Sequence Repeats (SSR)*.

Jahnke, G., Kocsisné Molnár, G., Májer, J., Szöke, B., Tarczal, E., Varga, P., & Kocsis, L. (2011). Analysis of grape rootstocks by SSR markers. *Journal International des Sciences de la Vigne et du Vin*, 45(4), 199–210. <https://doi.org/10.20870/OENO-ONE.2011.45.4.1500>

Jahnke, G., Nagy, Z., Taller, J., Majer, J., & Kocsis, L. (2015). Application of isozymes and SSR markers for the analysis of the genetic background of some rootstocks derived from Teleki's seedlings (Teleki 5C, Kober 5BB, SO4). *Mitteilungen Klosterneuburg, Rebe Und Wein, Obstbau Und Fruchtverwertung*, 65(4), 221–236.

Jahnke, G., & Smidla, J. (2014). MolMarker - Molekuláris markerekkel kapott kutatási eredmények értékelését segítő felhasználóbarát szoftver (MolMarker - User-friendly software to help evaluate the research results obtained by molecular markers). In L. B. Kis, G. Lukács, B. Nagy, & G. Tóth (Szerk.), *Évfordulók - trendfordulók Festetics Imre születésének 250. évfordulója: LVI. Georgikon Napok Keszthely, Magyarország* (o. 135–143). Pannon Egyetem Georgikon Mezőgazdaságtudományi Kar.

Jahnke, G., Smidla, J., Deak, T., Olah, R., Szoke, B. A., & Sardy, D. A. N. (2022). The SSR null allele problem, and its consequences in pedigree reconstruction and population genetic studies in viticulture. *Horticulturae*, 8(7), Art. 658, 15 pp. <https://doi.org/https://doi.org/10.3390/horticulturae8070658>

Jahnke, G., Smidla, J., & Poczai, P. (2022). MolMarker: A Simple Tool for DNA Fingerprinting Studies and Polymorphic Information Content Calculation. *Diversity*, 14(6), 497. <https://doi.org/10.3390/d14060497>

Kwok, S., Kellogg, D. E., Mckinney, N., Spasic, D., Goda, L., Levenson, C., & Sninsky, J. J. (1990). Effects of primer-template mismatches on the polymerase chain reaction: human immunodeficiency virus type 1 model studies. *Nucleic Acids Research*, 18(4), 999. <https://doi.org/10.1093/NAR/18.4.999>

Manen, J.-F., Bouby, L., Dalnoki, O., Marinval, P., Turgay, M., & Schlumbaum, A. (2003). Microsatellites from archaeological *Vitis vinifera* seeds allow a tentative assignment of the geographical origin of ancient cultivars. *Journal of Archaeological Science*, 30(6), 721–729. [https://doi.org/10.1016/s0305-4403\(02\)00244-3](https://doi.org/10.1016/s0305-4403(02)00244-3)

Manzoor, I., Samantara, K., Bhat, M. S., Farooq, I., Bhat, K. M., Mir, M. A., & Wani, S. H. (2023). Advances in genomics for diversity studies and trait improvement in temperate fruit and nut crops under changing climatic scenarios. *Frontiers in Plant Science*, 13, 1048217. <https://doi.org/10.3389/FPLS.2022.1048217/BIBTEX>

- Meredith, C. P. (2001). Grapevine Genetics: Probing the Past and Facing the Future. *Agriculturae Conspectus Scientificus*, 66(1), 21–25.  
<https://acs.agr.hr/acs/index.php/acs/article/view/301>
- Mihaljević, M. Ž., Maletić, E., Preiner, D., Zdunić, G., Bubola, M., Zyprian, E., & Pejić, I. (2020). Genetic Diversity, Population Structure, and Parentage Analysis of Croatian Grapevine Germplasm. *Genes* 2020, Vol. 11, Page 737, 11(7), 737. <https://doi.org/10.3390/GENES11070737>
- Regner, F., Hack, R., & Santiago, J. L. (2006). Highly variable \*Vitis\* microsatellite loci for the identification of Pinot noir clones. *Vitis*, 45 (2) 85-91.  
<https://doi.org/https://doi.org/10.5073/vitis.2006.45.85-91>
- Zini, E., Dolzani, C., Stefanini, M., Gratl, V., Bettinelli, P., Nicolini, D., Betta, G., Dorigatti, C., Velasco, R., Letschka, T., & Vezzulli, S. (2019). R-Loci Arrangement Versus Downy and Powdery Mildew Resistance Level: A Vitis Hybrid Survey. *International Journal of Molecular Sciences*, 20(14), 3526.  
<https://doi.org/10.3390/IJMS20143526>
- Zyprian, E., Simon, S., Schwander, F., & Töpfer, R. (2015). Efficiency of Single Nucleotide Polymorphisms to improve a genetic map of complex pedigree grapevines. *VITIS - Journal of Grapevine Research*, 54(1), 29–32.  
<https://doi.org/10.5073/VITIS.2015.54.29-32>

## AZ ÉRTEKEZÉS TÉMAKÖRÉBEN MEGJELENT LEGFONTOSABB PUBLIKÁCIÓK

- Jahnke, G., Korbuly, J., Májer, J., és Györffyné Molnár, J. (2007). Discrimination of the grapevine cultivars „Picolit” and „Kéknyelu” with molecular markers. *Scientia Horticulturae*, 114(1). <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2007.05.011>
- Jahnke, G., Májer, J., Lakatos, A., Molnár, J. G., Deák, E., Stefanovits-Bányai, E., és Varga, P. (2009). Isoenzyme and microsatellite analysis of *Vitis vinifera* L. varieties from the Hungarian grape germplasm. *Scientia Horticulturae*, 120(2). <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2008.11.021>
- Jahnke, G., Kocsisné Molnár, G., Májer, J., Szöke, B., Tarczal, E., Varga, P., & Kocsis, L. (2011). Analysis of grape rootstocks by SSR markers. *Journal International des Sciences de la Vigne et du Vin*, 45(4), 199–210. <https://doi.org/10.20870/OENO-ONE.2011.45.4.1500>
- Jahnke, G., Nagy, Z., Taller, J., Majer, J., & Kocsis, L. (2015). Application of isozymes and SSR markers for the analysis of the genetic background of some rootstocks derived from Teleki's seedlings (Teleki 5C, Kober 5BB, SO4). *Mitteilungen Klosterneuburg, Rebe Und Wein, Obstbau Und Fruchteverwertung*, 65(4), 221–236.
- Jahnke, G., Nagy, Z. A., Koltai, G., Hajdú, E., és Májer, J. (2016). Preservation and characterization of woodland grape (*Vitis vinifera* ssp. *sylvestris* GMEL) genotypes of the Szigetköz, Hungary. In W. M. (Szerk.), *Germplasm: Characteristics*,

*diversity and preservation* (o. 27–45). Nova Science Publishers.

Jahnke, G., Nagy, Z. A., Koltai, G., Hajdu, E., és Májer, J. (2017). Absence of an acid phosphatase isozyme locus as a marker candidate for true to typeness in woodland grape (*Vitis vinifera* L. Ssp. *Sylvestris* Gmelin). *Oeno One*, *51*(3), 215–220. <https://doi.org/10.20870/oeno-one.2017.51.1.1620>

Jahnke, G., Nagy, Z. A., Koltai, G., Oláh, R., és Májer, J. (2021). Morphological, Phenological and Molecular Diversity of Woodland Grape (*Vitis sylvestris* Gmel.) Genotypes from the Szigetköz, Hungary. *Mitteilungen Klosterneuburg*, *71*(1), 90–98.

Jahnke, G., Smidla, J., Deak, T., Olah, R., Szoke, B. A., & Sardy, D. A. N. (2022). The SSR null allele problem, and its consequences in pedigree reconstruction and population genetic studies in viticulture. *Horticulturae*, *8*(7, Art. 658), 15 pp. <https://doi.org/https://doi.org/10.3390/horticulturae8070658>

Jahnke, G., Smidla, J., & Poczai, P. (2022). MolMarker: A Simple Tool for DNA Fingerprinting Studies and Polymorphic Information Content Calculation. *Diversity*, *14*(6), 497. <https://doi.org/10.3390/d14060497>

Györffyné Jahnke, G., Nagy, Z. A., Németh, C., Knolmajerné Szigeti, G., & Májer, J. (2019). Reconstruction of Parental SSR Haplotypes from a Single Grape Seed. In *Advances in Grape and Wine Biotechnology*. IntechOpen. <https://doi.org/10.5772/INTECHOPEN.85685>