

Doktori értekezés tézisei

Monostori István

Gödöllő

2021



Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem

Nitrogén-hasznosítási hatékonyság és genetikai komponenseinek
vizsgálata őszi búzában asszociációs elemzéssel

DOI: 10.54598/001480

Monostori István

Gödöllő

2021

A doktori iskola megnevezése:

Növénytudományi Doktori Iskola

Tudományága: Növénytermesztési és kertészeti tudományok

Vezetője: Dr. Helyes Lajos

egyetemi tanár, az MTA doktora

Magyar Agrár és Élettudományi Egyetem,

Kertészeti Technológiai Tanszék

Témavezető: Dr. Vágújfalvi Attila

tudományos főmunkatárs, PhD

ELKH, Agrártudományi Kutatóközpont

.....

Dr. Helyes Lajos

Az iskolavezető jóváhagyása



.....

Dr. Vágújfalvi Attila

A témavezető jóváhagyása

1. A munka előzményei, célkitűzések

Az őszi búza az emberiség élelmezésében kiemelt szerepet tölt be. Figyelembe véve a világ népességének növekedését, valamint az egy főre jutó élelmiszerfogyasztás várható alakulását 2050-re a mezőgazdaságnak várhatóan 60%-kal nagyobb mennyiségű élelmet és takarmányt kell majd előállítania, azonos nagyságú mezőgazdasági területen.

A termelékenység fokozása iránti igények a nitrogén (N) műtrágyák felhasználásának világ szinten legalább további kétszeres növekedését vetítik elő 2050-ig, hacsak a növények N hasznosítási hatékonysága nem növekszik jelentősen. A kijuttatott N műtrágyák hasznosulása már jelenleg sem megfelelő: a kijuttatott mennyiség 50-70%-a - elveszve a növény-talaj rendszerből - szennyezi a környezetet.

A N műtrágyák hatékonyabb felhasználása szükséges. A nitrogén hasznosítási hatékonyság növelésének egyik lehetőségét a talaj tápanyagkészletét hatékonyabban kiaknázó genotípusok nyújtják. Hagyományos nemesítési és biotechnológiai módszerek segítségével olyan, jobb nitrogén hasznosító képességű vonalak nemesítése a cél, melyek gyenge N ellátottság esetén is képesek megfelelő hozam elérésére, ráadásul jó műtrágya reakcióval rendelkeznek.

Viszonylag kevés információ áll rendelkezésre a búza nitrogén hasznosítási hatékonyságának genetikai hátteréről, a génkifejeződés összetett szabályozásáról. Mindemellet a nitrogén hasznosítási hatékonyság komplex folyamatát a környezeti faktorok és a genotípus \times környezet kölcsönhatás is nagymértékben befolyásolja. Mindezen tényezők miatt a búza nitrogén hasznosítási hatékonyságának molekuláris-genetikai folyamatai még nem kellőképpen tisztázottak.

Tanulmányunk az őszi búza N hasznosítási hatékonyságnak kialakításában résztvevő kulcsfontosságú jellegek és a genetikai szabályozásában szerepet játszó komponensek azonosítását tűztük ki célul. Ennek felderítésére összeállítottunk egy 93 őszi búza genotípusból álló gyűjteményt, mely reprezentálja a közép-európai régióban termesztett őszi búza vonalak genetikai diverzitását. Ezt a gyűjteményt szántóföldi körülmények között, egymást követő három évjáratban, egy fejtrágyázás nélküli és egy optimális nitrogén ellátást biztosító kezelés segítségével tanulmányoztuk.

Az alábbi célkitűzéseket fogalmazzuk meg:

- A N műtrágya kezelés hatásának jellemzése a nitrogén hasznosítási hatékonyságra és komponenseire, valamint a búza fejlődését és termőképességét meghatározó agronómiai jellegre több évjáratú tenyészkerti kísérletekben
- A vizsgált jellegek kapcsolatainak, összefüggéseinek vizsgálata a nitrogén hasznosítás kialakításában résztvevő kulcsfontosságú jellegek azonosítása érdekében
- Környezeti tényezők és a genetikai különbségek hatásának tanulmányozása a vizsgált jellegek kifejeződésére
- Az asszociációs analízishez használt gyűjtemény genetikai diverzitásának, populáció struktúrájának jellemzése, a kapcsoltsági egyensúlytalanság felmérése
- Nitrogén hasznosítási hatékonyság genetikai hátterének vizsgálata őszi búzában, asszociációs elemzés segítségével

2. Anyag és módszer

2.1 A tenyészkerti kísérletek jellemzése

A kisparcellás szántóföldi kísérleteinket három egymást követő (2012-2015) évjáratban végeztük, minden évben három ismétléssel, kéttényezős, osztott parcellás elrendezésben. Az alparcellákban összesen 93 őszi búzafajtát vizsgáltunk. A főparcellákban a két műtrágyakezelés hatását tanulmányoztuk: N_0 (0 kg ha^{-1} , nitrogénműtrágya kijuttatás nélkül), illetve N_{120} (120 kg ha^{-1} mennyiségű N hatóanyag kijuttatása). bokrosodás fenológiai fázisban fejtrágya formájában

2.2 Fenotípusos megfigyelések, mérések, nitrogéntartalom meghatározás és az alkalmazott statisztika

A hat környezetben (3 évjárat x 2 N ellátottsági szint) számos agronómiai szempontból jelentős vagy nitrogén hasznosítási hatékonysággal kapcsolatos jelleg felvételezésére került sor. A következő paramétereket mértük, illetve számítottuk: kalászoslási idő (HD), átlagos növénymagasság (PH), termésmennyiség (GY), folyóméterenkénti kalászsorszám (SN), szalma tömege (SY), harvest-index (HI), kalászönkénti szemszám (GN), ezerszemtömeg (TGW).

A minták N tartalmának meghatározását Elementar Rapid N III készülékkel végeztük. A nitrogén hasznosítási hatékonyságot a szemtermés és a növény számára elérhető N mennyiségének a hányadosaként számoltuk. A felvett nitrogén hasznosulásának hatékonyságát (NUE) a termésmennyiség és a föld feletti növényi részekben megtalálható összes N mennyiségének a hányadosaként számoltuk. A nitrogén felvételének hatékonyságát (NUpE) a föld feletti növényi részekben megtalálható összes N és a növény számára elérhető N mennyiségének hányadosaként határoztuk meg. A nitrogén harvest-indexet (NHI) a szemterméssel betakarított és a növény által felvett összes N mennyiségének hányadosaként számítottuk ki. A szemtermés nitrogén felhalmozási hatékonyság (GNACE) a szemterméssel betakarított és a növény számára elérhető nitrogén mennyiségének hányadosa.

A vizsgált jellegek többváltozós regressziós elemzéséhez általános lineáris modellt használtunk. A vizsgált jellegek összefüggéseinek vizsgálatához Pearson-féle korrelációt használtunk. A genotípus-, környezeti- és kezelés-hatás között fennálló kapcsolatot általános lineáris modellel vizsgáltuk. A kezeléshatás kimutatására variancia analízist végeztünk.

2.5 Genotipizálás, populáció struktúra analízis, rokonsági viszonyok vizsgálata

A szekvenáláson alapuló genotipizálását a Diversity Array Technology cég végezte el. A markerminőséget jellemző paraméterekkel történő szűrés után kigyűjtöttük azokat a markereket, melyeknek a referencia genom alapján ismert volt a kromoszómális pozíciója. Ezeket a markereket használtuk fel kapcsoltsági egyensúlytalanság vizsgálatához és asszociációs analízishez. A populáció struktúrát több különböző módszerrel vizsgáltuk az eredmények megerősítése érdekében. A Bayesi statisztikai mehközéltés után, a rokonsági viszonyokat filogenetikai- és főkoordináta analízissel is vizsgáltuk; az eredményeket nyilvánosan elérhető pedigré adatbázisok segítségével validáltuk.

2.6 Kapcsoltsági egyensúlytalanság vizsgálata

A kapcsoltsági egyensúlytól való eltérést a TASSEL szoftvercsomag LD funkciójával vizsgáltuk a teljes genomban, valamint a három búza genomban külön-külön. Az LD átlagos kiterjedésének a Loess görbe és kritikus r^2 érték metszési pontját tekintettük. Az LD kromoszómánkénti mintázatát TASSEL 5.0 szoftverrel szerkesztett, genomot/kromoszómákat lefedő LD térképpel jellemeztük.

2.7 Asszociációs elemzés

Tizenegy N hasznosítási hatékonyság szempontjából jelentős fenotípusos jelleg genetikai komponenseinek meghatározásához genom szintű asszociációs analízist végeztünk TASSEL szoftver segítségével. Nyolc fenotípusos jellegnél a nitrogén reakció hatását a kezelt és kezelés nélküli fenotípusos értékek hányadosaként határoztuk meg.

A fals asszociációk elkerülése érdekében négy különböző statisztikai modellt alkalmaztunk a marker – tulajdonság asszociációk (MTA) p-értékének kiszámításához. A kovariánsként alkalmazott főkomponens elemzést és a kinship-mátrix számítását TASSEL szoftverrel végeztük. A Q-mátrixot a Structure szoftver eredményeinek segítségével állítottuk össze. A marker – tulajdonság asszociációs analízisnél a többszörös összehasonlítás korrekcióját a Benjamini–Hochberg-féle 5%-os fals találati arány (segítségével végeztük. Egy marker – tulajdonság asszociációt akkor definiáltunk szignifikánsnak, ha annak a számított q-értéke mind a négy modell esetében kisebbnek bizonyult az FDR küszöbértéknél.

3 Eredmények és azok megbeszélése

3.1 A fenotípusos eredmények és azok megvitatása

Nagymértékű variabilitás volt megfigyelhető a nitrogén hasznosítási hatékonyságában, annak fő komponenseiben és egyéb, a növény adaptációs képességét meghatározó agronómiai jellegekben. Kísérletünkben a legtöbb vizsgált tulajdonság kifejeződését szignifikánsan befolyásolták a genetikai különbségek, ami a jellegek fejlesztésére ad lehetőséget.

A kísérletek három évjáratának időjárása, a terület tápanyagellátottsága jelentősen különbözött. Nagymértékű környezeti hatás volt megfigyelhető a legtöbb vizsgált jellegnél és ez a fenotípusos variabilitás nagyobb részét befolyásolta, mint maga a N kezelés. Ugyanakkor a N műtrágya kezelés szignifikáns hatást gyakorolt a legtöbb vizsgált jellegre az összes vizsgált évjáratban. Legnagyobb mértékben a növények termésmennyiségét, illetve a növények által a talajból felvett és terméssel learatott N mennyiségét növelte.

A tenyészkerti kísérleteink során tapasztalt nagymértékű környezeti hatásért elsősorban a három évjárat időjárási körülményeinek markáns különbségei voltak felelősek. A kísérleti területek talajának ásványi N tartalma nagymértékben eltért a különböző évjáratok között a tavaszi talajmintavételi adatok alapján. Mindezen tényezőket figyelembe véve a három vizsgált évjárat tulajdonképpen három különböző környezetnek tekinthető, így kísérletünkben összesen hatféle (3 környezet x 2 N-szint) kísérleti „beállítás” vizsgálatára volt lehetőség.

A populációban a nitrogén hasznosítási hatékonyság nagymértékű variabilitása volt megfigyelhető az összes környezetben, ami azt bizonyítja, hogy a populáció megfelelő potenciállal rendelkezik a NUE fejlesztéséhez. A korábbi tanulmányok eredményeivel összehangban a legalacsonyabb N elérhetőséget mutató (2012/2013) évjáratban rögzítettük a legmagasabb NUE értékeket, míg a kiváló N ellátottságú (2013/2014) évjáratban tapasztaltuk a legalacsonyabb NUE értékeket.

A búzán végzett korábbi kutatások eredményeihez hasonlóan a NUpE és a NUtE hozzájárulása a nitrogén hasznosítási hatékonysághoz főként a talajban elérhető N mennyiségének függvényében változott. Kísérletünkben az összes vizsgált évjáratban a nitrogén hasznosítási hatékonyságban lévő különbségeket nagyobb mértékben határozta meg a N felvételének hatékonysága, mint a felvett N hasznosulásának hatékonysága. A legnagyobb jelentősége a NUtE-nek a 2013/2014-es évjáratban volt, mely évjáratot rendkívül jó N ellátottság jellemezte, de még ekkor is a NUpE volt a NUE-t meghatározó fő tényező. A HI és NHI mint a remobilizációt mértékét jellemző paraméterek a NUtE varianciájának jelentős részét magyarázzák a 2013/2014 és 2014/2015-ös évjáratokban. Ez azt jelzi, hogy még az általunk

vizsgált gyűjteményben is nagy jelentősége van a magas HI és NHI-nek a NUtE fejlesztése szempontjából.

Kísérletünkben - korábbi tanulmányok eredményeivel összehangban - a szemtermés fehérjetartalom és NUtE közötti fordított kapcsolat volt kimutatható, ami nehezítheti a nitrogén hasznosítási hatékonyság fejlesztését, mivel változatlan NUpE mellett a GY növekedése GPC csökkenéséhez vezet (hacsak nem nő a N harvest index).

3.2 A genetikai diverzitás, populáció struktúra és a kapcsoltsági egyensúlytalanság eredményeinek megvitatása

Tanulmányunkban a B genom marker lefedettsége volt a legnagyobb, az A genomé hasonló mértékű, míg a D genom polimorf marker lefedettsége jelentősen kisebb mértékű volt, azaz a markerek három genom közötti eloszlása megegyezett korábbi tanulmányok eredményeivel.

A kapcsoltsági egyensúlytalanság vizsgálatakor a teljes genomra viszonyított átlagos LD csökkenés 9 cM volt. Figyelembe véve a genom – marker telítettséget, a D genom néhány kromoszómájának kivételével a legtöbb kromoszóma marker lefedettsége megfelelő a marker – tulajdonság asszociációk kimutatásához. Az általunk vizsgált (viszonylag kisméretű) populációban aránylag gyors LD csökkenés, vagyis átlagosan kis kiterjedésű LD volt megfigyelhető, ez azzal magyarázható, hogy a közép-európai fajtaszortimentet és nemesítési alapanyagot képviselő gyűjteményünk aránylag nagy genetikai diverzitást hordoz. A genom különböző régióiban az LD kiterjedése nagymértékű variabilitást mutatott. A kromoszómákon számos rekombinációs „sivatag” volt megfigyelhető: a legnagyobb kiterjedésű LD blokkok az 1B és a 2D kromoszómákon voltak találhatóak. Az 1B és 2D kromoszómákon a nagy távolságot áthidaló LD blokkok azzal hozhatóak összefüggésbe, hogy a magyarországi nemesítési programokban az 1BL.1RS transzlokáció mint rezisztencia forrás, illetve egyes vonalaknál a *Rht8* gén törpíró alléljának használata elterjedt volt.

A populációstruktúra analízise a vizsgált genotípusokat a legvalószínűbb elkülönülés alapján két alpopulációra választotta ketté. A nagyobb alpopuláció összesen 79 genotípust tartalmaz, míg a kisebb alpopuláció a maradék 14 genotípust tartalmazza. A két alpopuláció elkülönülése a genotípusok eltérő származását, valamint a különböző nemesítési programok eltérő céljait tükrözi.

3.3 Az asszociációs analízis eredményei és megvitatásuk

A hat vizsgált környezetben végzett asszociációs elemzés eredményei alapján összesen 183 olyan marker-tulajdonság asszociációt azonosítottunk, amelyek szerepet játszhatnak a búza nitrogén hasznosítási hatékonyságának, e jelleg komponenseinek, valamint a termésmennyiséget meghatározó agronómiailag fontos jellegek genetikai szabályozásában. Tizenhét olyan kromoszómarégiót azonosítottunk, ahol különböző jellegekkel asszociáló markerek LD régiói átfedik egymást, tehát több jelleg meghatározásában is szerepet játszanak. Az azonosított marker – tulajdonság asszociációk genomok közötti eloszlása a polimorf markerek genomok közötti eloszlását követte, tehát a B genomon azonosítottuk a legtöbb vizsgált jelleggel összefüggő marker – tulajdonság asszociációt.

Mivel kísérletünk mindhárom évének időjárása, talajának N tartalma és csapadékeloszlása jelentősen különbözött a kísérleti évjáratoktól és környezeti feltételektől függően eltérő számú marker - tulajdonság asszociációt azonosítottunk. A legtöbb jelleg esetében általánosságban kijelenthető, hogy jobb N ellátottságú, kedvezőbb körülmények között több marker tulajdonság asszociációt azonosítottunk, mint N hiány, kedvezőtelen környezeti feltételek esetén.

Az általunk azonosított lókuszok hatása többnyire környezetfüggőnek bizonyult, azaz az MTA-k többsége csak valamelyik évjárat valamely N kezelésénél volt szignifikáns szinten kimutatható. Ez arra enged következtetni, hogy a tulajdonságok kialakulásáért felelős gének, bizonyos környezeti feltételek között fejtik ki hatásukat, kifejeződésük a környezeti tényezők egyedi módon befolyásolják, tehát környezetfüggő genetikai szabályozás alatt állnak. Ezeknek a környezet-specifikus marker – tulajdonság asszociációknak szerepe lehet az adott környezethez való alkalmazkodásban.

A környezeti variabilitás ellenére 4 marker szignifikánsnak bizonyult két különböző évjáratban is. Ezek a QTL-ek a legjobb jelöltjei a további vizsgálatoknak, mivel szerepük lehet agronómiai szempontból fontos jellegek környezettől kevésbé függő kialakításában. Az egy évjáraton belül mindkét N kezelésnél asszociáló markerek pedig olyan lókuszokat jelölhetnek, melyeket a N elérhetőségének változása nem, vagy csak kis mértékben befolyásol. Összesen 27 marker játszott szerepet egyidejűleg több tulajdonság meghatározásában, amelyek tehát nem bizonyultak jellegspecifikusnak. A több jelleg meghatározásában szerepet játszó genetikai régiók azonosítása segíthet megérteni ezen jellegek összetett szabályozási mechanizmusait.

A termőképességgel és komponenseivel asszociáló markerek a búza termőképességének fokozásán keresztül a NUE növelésének megfelelő jelöltjei lehetnek. Tanulmányunkban összesen 12 termésmennyiséggel kapcsolt markert azonosítottunk. A markerek többségét olyan kromoszóma régiókban azonosítottuk, melyekben több termésmennyiséggel kapcsolatos QTL-t is leírtak korábbi tanulmányokban.

Asszociációs analízisünk eredményei alapján a legtöbb nitrogén hasznosítási hatékonysággal (és komponenseivel) kapcsolt marker környezet specifikusnak bizonyult. Összesen 12 nitrogén hasznosítási hatékonysággal kapcsolt markert azonosítottunk. Megfigyeltük, hogy a legtöbb nitrogén hasznosítási hatékonysággal asszociáló marker N felvétellel és/vagy N felhalmozási hatékonysággal is asszociált vagy előbbi jellegeket is reprezentáló szignifikáns kromoszóma régió tagja. Ezek a nitrogén hasznosítási hatékonysággal környezet specifikusan asszociáló markerek elősegíthetik a NUE-t meghatározó strukturális és regulátor gének azonosítását különböző, specifikus környezeti körülmények között. Nyolc nitrogén felvételi hatékonysághoz köthető szignifikáns kromoszóma régiót azonosítottunk az 1B, 2B, 3B, 5A, 5B és 7A kromoszómákon.

Tanulmányunkban 7 kromoszómán 10 nitrogén hasznosulási hatékonysággal szignifikánsan asszociáló markert azonosítottunk. A legtöbb marker jelleg-specifikusnak bizonyult; néhány marker pedig szignifikánsan asszociált a szemtermés fehérjetartalmával is.

Kísérletünkben jónéhány, már korábban leírt MTA-t azonosítottunk, ami alátámasztja kutatásunk eredményeit. Ezentúl számos új, még nem azonosított QTL-t, kromoszóma régiót írtunk le, melyek közül néhány olyan is felfedezésre került, mely a nitrogénhasznosítási hatékonyság növelésére irányuló nemesítési munka genetikai alapjául szolgálhat a jövőben.

4 Következtetések és a javaslatok

Az őszi búza iránti növekvő igények a terméshozamok és termésstabilitás növelésének szükségességét vetítik elő. A N műtrágya dózisok további jelentős növelése a talaj-növény rendszer fokozódó veszteségei miatt környezetvédelmi és gazdaságossági szempontból nem megengedhető. A nitrogén hasznosítási hatékonyság növelésének egyik lehetősége a hagyományos nemesítési és biotechnológiai módszerek segítségével előállított, a talaj tápanyagkészletét hatékonyabban kiaknázó genotípusok nyújtják. Ezek a genotípusok viszonylag nagy hozamok elérésére képesek alacsonyabb nitrogén elérhetőség esetén is, ugyanakkor jó műtrágya reakcióval rendelkeznek, vagyis jól hasznosítják a kijuttatott nitrogén műtrágyát.

Noha a nitrogén hasznosítási hatékonyság fejlesztése jelentős kihívást jelent, mindazonáltal óriási jelentőségű terület. Ezért tanulmányunkban az őszi búza nitrogén hasznosítási hatékonyságnak kialakításában résztvevő kulcsfontosságú jellegek és a genetikai szabályozásában szerepet játszó komponensek azonosítását tűztük ki célul, egy a közép-európai fajtaszortimentet és nemesítési anyagot képviselő gyűjteményen.

Munkánk során megerősítettük, hogy a termesztési gyakorlatban a nitrogén hasznosítási hatékonyságot (így a termésmennyiséget is) a fő komponensei közül a NUpE határozta meg a legnagyobb mértékben. A NUE hatékony fejlesztéséhez azonban mind a felvétel, mind a hasznosulás koordinált fejlesztése szükséges. Ennélfogva a nitrogén hasznosítási hatékonyság fejlesztésére történő szelekció során elsősorban a nagy gyökérsűrűsége és a virágzás utánig elhúzódó N felvételre kell fektetni a hangsúlyt. Emellett a nitrogén remobilizáció hatékonysága, annak módja, vagyis a szár nagymértékű és a fotoszintetizáló szövetek késleltetett remobilizációja szintén nagy jelentőséggel bír a NUE hatékonyságának fejlesztése szempontjából.

Szántóföldi kísérleteink során a vizsgált jellegek nagymértékű fenotípusos variabilitását figyeltük meg, ami azt bizonyítja, hogy van genetikai potenciál a nitrogén hasznosítási hatékonyság fejlesztésére. A nitrogén hasznosítási hatékonyság és komponensei genetikai hátterének feltárását nehezíti, hogy a környezeti faktorok, illetve a genotípus \times környezet kölcsönhatás nagymértékben befolyásolják kifejeződésüket. Emellett a N felvétel és transzport bonyolult genetikai szabályozás alatt áll, nem csak transzkripcionálisan, de poszt-transzkripcionális és poszt-transzlációs szinten is, így vizsgálata és az eredmények értékelése bonyolult.

Szekvenáláson alapuló genotipizálás módszerét választottuk a megfelelő marker sűrűség biztosításához. Tanulmányunkban genom szintű asszociációs analízissel 130 olyan MTA azonosítottunk, melyek szántóföldi körülmények között szerepet játszanak a N hasznosítási hatékonyság, annak komponenseinek, valamint jelentős agronómiailag jellegek környezetfüggő szabályozásában. Számos általunk azonosított régiót már korábban is lokalizáltak, megerősítve ezen eredményeket. A vizsgált tulajdonsággal asszociáló markerek többségét egyedi környezetben azonosítottuk, aminek hátterében az eltérő N elérhetőségnek és időjárásnak köszönhető nagymértékű környezeti hatás és szignifikáns genotípus \times környezet kölcsönhatás áll a legtöbb vizsgált jellegnél. Több jelleg meghatározásában 27 MTA játszott szerepet, melyek különböző jellegek kialakításáért felelős lókuszkba csoportosulhatnak, vagy szabályozó régiót reprezentálhatnak, vagy az azonosított markerekhez kapcsolódó gén pleiotróp hatású. A több környezetben is megfigyelt marker - tulajdonság asszociációk a marker alapú szelekció legjobb jelöltjei lehetnek.

Eredményeinket további vizsgálatokkal érdemes alátámasztani több genotípust, tehát nagyobb genetikai bázist felölelő gyűjtemény segítségével. Ez esetben a térkép felbontó képessége javul és - amennyiben a hipotézis helyes - az asszociáció erősege is növekedhet. Jelenleg a genetikai térképünk felbontásából adódóan a tulajdonsággal asszociáló marker akár több cM távolságra is elhelyezkedhet a funkcionális gén(ek)től. Célszerű lenne a funkcionális gének helyzetének pontosabb meghatározása érdekében finom térképezéssel az asszociált genomrégiókat újabb markerekkel tovább szűkíteni. A NUE-t szabályozó lókuszokhoz szorosan kapcsolódó molekuláris markerek felfedezése, lehetővé tenné a NUE-t meghatározó gének szelekcióját költséges és időigényes fenotipizálás nélkül.

Az eddigi vizsgálatok eredményei azt mutatták, hogy a N anyagcsere egyes génjeinek egyedüli befolyásolása nem elég hatékony a NUE fejlesztése szempontjából. Jobb megközelítésnek tűnik a nitrogén felvételért, transzportjáért, asszimilációjáért és remobilizációért felelős gének hálózatának egyidejű, koordinált szabályozása. Ezért a transzkripciós faktorok lehetnek (a N anyagcsere számos génjének egyidejű szabályozásával) a nitrogén hasznosítási hatékonyság fejlesztése szempontjából kulcsfontosságúak.

5 Új tudományos eredmények

1. Egy a közép-európai fajtaszortimentet és nemesítési anyagot képviselő 93 genotípusból álló őszi búza gyűjteményben a nitrogén hasznosítási hatékonyság genetikai analízise során megállapítottuk, az általunk alkalmazott nitrogén műtrágya kezelés a legnagyobb mértékben a termésmennyiséget, illetve a növény által felvett és szemtermésbe remobilizált nitrogén mennyiségét növelte. Munkánk során igazoltuk, hogy a N kezelésnek nem volt szignifikáns hatása a kalászolási időre, míg az ezerszemtömegre, a nitrogén hasznosulásának hatékonyságára és a nitrogén harvest-indexre a kezelés hatása évszázadfüggő volt.

2. Kimutattuk, hogy az összes vizsgált környezetben a nitrogén hasznosítási hatékonyságot fő komponensei közül a N felvételének hatékonysága határozta meg legnagyobb mértékben. Igazoltuk, jó nitrogén ellátottság esetén a nitrogén hasznosulás hatékonyságának jelentősége növekedett, melyet legnagyobb mértékben a harvest-index és a nitrogén harvest-index határozott meg.

3. A legtöbb jelleg fenotípusos variabilitását a legnagyobb mértékben a környezeti faktorok határozták meg, míg a nitrogén hasznosítási hatékonyság, a nitrogén felvételének hatékonysága és a szemtermés nitrogén felhalmozási hatékonyság jellegek esetében a kezelés eredetű variancia bizonyult a legnagyobb mértékűnek.

4. Genetikai térképet készítettünk 3290 marker segítségével, mely 5880 cM genetikai távolságot fedett le. A teljes genomon a markerek átlagos távolsága 1,79 cM, míg az A, B és D genomokon 1,75 cM, 1,22 cM és 5,77 cM volt. A genomban az kapcsoltsági kiegyensúlyozatlanság kiterjedésének nagymértékű variabilitását tártuk fel, a legnagyobb rekombinációs sivatagokat az 1B és 2D kromoszómákon azonosította. Meghatároztuk a vizsgált populációra jellemző populációstruktúrát és rokonsági viszonyokat, a legvalószínűbb populációszerkezetnek a vizsgált vonalak két alpopulációba történő elkülönülése bizonyult.

5. A genom szintű asszociációs analízissel 130 marker szignifikáns asszociációját mutattuk ki legkevesebb egy vizsgált jelleggel, legalább egy környezetben. Összesen 183 olyan marker-tulajdonság asszociációt azonosítottunk, melyek szerepet játszanak a nitrogén hasznosítási hatékonyság és komponenseinek, valamint egyes agronómiailag fontos jellegek környezetfüggő szabályozásában. Tizenhét szignifikáns kromoszóma régiót találtunk, ahol az átlagos kapcsoltsági kiegyensúlyozatlanság csökkenés távolságán belül több marker - tulajdonság asszociációt is kimutattunk. Feltártunk 8 agronómiai jellemnél a nitrogén reakciót meghatározó genetikai komponenseket is.

6 A szerző publikációs tevékenysége

Disszertációhoz köthető publikációk:

1. **Monostori I**; Szira F; Tondelli A; Árendás T; Gierczik K; Cattivelli L; et al. (2017) Genome-wide association study and genetic diversity analysis on nitrogen use efficiency in a Central European winter wheat (*Triticum aestivum* L.) collection. PLoS ONE 12(12): e0189265. **IF: 2.806**
2. **Monostori I**; Árendás T; Hoffman B; Galiba G; Gierczik K; Szira F; Vágújfalvi A: Relationship between SPAD value and grain yield can be affected by cultivar, environment and soil nitrogen content in wheat. *Euphytica* (2016) 211: 103. **IF: 1.626**

Egyéb, impakt faktorral rendelkező nemzetközi tudományos lapokban megjelent publikációk:

1. Boldizsár Á; Soltész A; Tanino; Kalapos B; Marozsán-Tóth Zs; **Monostori I**, Dobrev P; Vankova R; Galiba G. (2021) Elucidation of molecular and hormonal background of early growth cessation and endodormancy induction in two contrasting Populus hybrid cultivars. BMC Plant Biol 21, 111.
2. Ivanizs L; **Monostori I**; Farkas A; Megyeri M; Mikó P; Türkösi E; Gaál E; Lenykó-Thegze A; Szőke-Pázsi K; Szakács É; Darkó É; Kiss T; Kilian A; Molnár I (2019) Unlocking the Genetic Diversity and Population Structure of a Wild Gene Source of Wheat, *Aegilops biuncialis* Vis., and Its Relationship With the Heading Time. Front. Plant Sci. 10:1531. **IF: 4.298**
3. Tarawneh R A; Szira F; **Monostori I**; Behrens A; Alqudah A M; Thumm S; Lohwasser U; Röder M S.; Börner A; Nagel M (2019) Genetic analysis of drought response of wheat following either chemical desiccation or the use of a rain-out shelter. Journal of Applied Genetics 60:2 pp. 137-146. **IF: 1.725**
4. **Monostori I**; Heilmann M; Kocsy G; Rakszegi M; Ahres M; Altenbach SB; Szalai G; Pál M; Toldi D; Simon-Sarkadi L; Harnos N; Galiba G; Darkó É (2018) LED Lighting – Modification of Growth, Metabolism, Yield and Flour Composition in Wheat by Spectral Quality and Intensity. Front. Plant Sci. 9:605. **IF: 4.298**
5. Gierczik K; Novák N; Ahres M; Székely A; Soltész A; Boldizsár Á; Gulyás Zs, Kalapos B; **Monostori I**; Kozma-Bognár L; Galiba G; Vágújfalvi A: Circadian and Light Regulated Expression of CBFs and their Upstream Signalling Genes in Barley. International Journal of Molecular Sciences (2017) 18:(8) 1828; **IF: 3.226**
6. Judit B; Maccaferri M; Cané M.A; **Monostori I**; Spitzkó T; Kuti Cs; Mészáros K; Láng L; Pál M; Karsai I: Phenotypical and physiological study of near-isogenic durum wheat lines under contrasting water regimes. South African Journal of Botany (2017) 108: 248-255 **IF:1.427**
7. **Monostori I**; Szira F, Galiba G, Rakszegi M, Bálint AF: Micronutrient contents and nutritional values of commercial wheat flours and flours of field-grown wheat varieties-A survey in Hungary. Cereal Research Communications (2014) 42(2) 293-302. **IF₂₀₁₄: 0.607**

