

A „Régi búza genotípusok minőségének jellemzése és felhasználása a piacorientált nemesítésben” című AGR_PIAAC_13-1-2013-0074 számú pályázat búza genomikai eredményeinek összefoglalója.

DNS új generációs szekvenálások

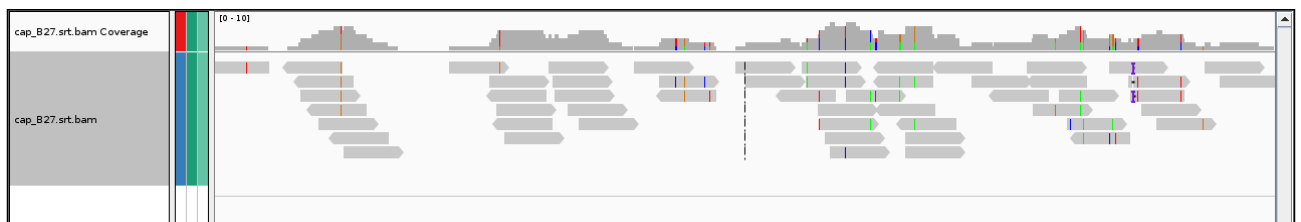
Hat Bánkúti búzavonal, amelyeknek tartalékfehérje allélösszetétele az alábbi táblázatban látható, exomjának, azaz a gének kódoló régióinak, feltérképezését végeztük el új generációs szekvenálással.

Vonal	HMW-glutenin			LMW-glutenin			Gliadin		
	Glu-A1	Glu-B1	Glu-D1	Glu-A3	Glu-B3	Glu-D3	Gli-A1	Gli-B1	Gli-D1
B27	1	7+8	2+12	f	i	c	m	m	g
B35	2*B	7+8	2+12	f	i	c	m	m	a
B36	1	6+8	5+10	a	i	a	a	m	b
B41	1	7+8	2+12	d	g	a	e	m	g
B44	2*B	7+9	2+12	a	b	c	a	b	g
B52	2*B	7+8	2+12	f	i	c	m	m	a

A szekvenálás során összesen kapott 56.832.323 db 50 bp-os szekvenciát bioinformatikai módszerekkel elemeztük

Minta	Összes read-ek száma	Illesztett read-ek száma	Illesztett read-ek százaléka	Exom capture próbákra illesztett read-ek száma	Exom capture próbákra illesztett read-ek százaléka
B27	10100442	9029865	89,4%	3878738	43,0%
B35	10195313	9234020	90,6%	3792176	41,1%
B36	8726939	6976223	79,9%	2894178	41,5%
B41	9374357	7810952	83,3%	3780720	48,4%
B44	8479110	8371580	98,7%	3316957	39,6%
B52	9956162	7624192	76,6%	3911424	51,3%

és az alábbi példa szerint exom régiókra illesztettük.



Hét glutenin géneket hordozó genomi régióban összesen 199 genetikai variációt azonosítottunk. Glutenin gének szekvencia elemzéseivel DNS_alapú PCR markert fejlesztettünk a By8 és By9 glutenin allélokra, amely marker a nemesítés korai szakaszában lehet hasznosítani. A markert 21 Bánkúti és 35 nem Bánkúti vonalon teszteltük.

RNS új generációs szekvenálások

A Bánkúti búza szemtermés érése biológiai háttérnek felderítéséhez elvégeztük két Bánkúti, és összehasonlításképpen egy tönkölybúza vonal, 10, 20 és 30 napos fejlődő szemterméseinek miRNS és mRNS-einek új generációs szekvenálását.

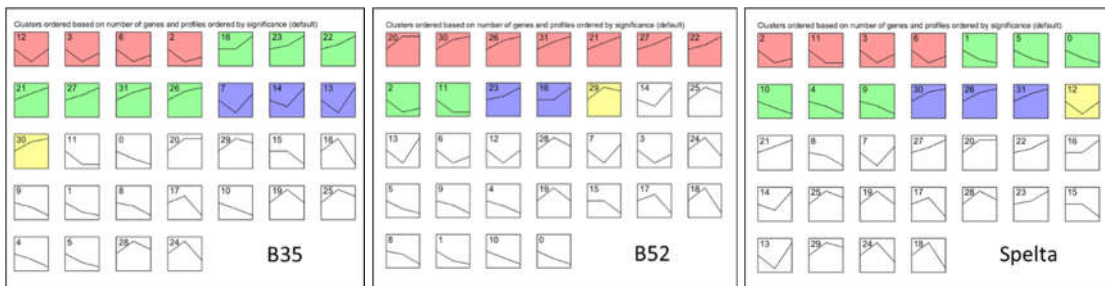


A kapott adatokat bioinformatikai módszerekkel elemeztük. A különböző korú szemtermésekben meghatározott expressziójuk alapján klasztereztük az azonosított

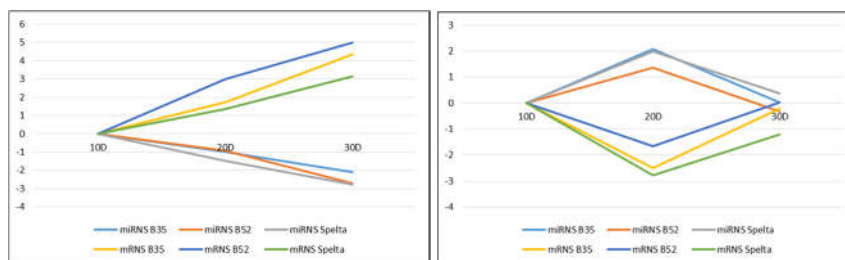
miRNS-eket



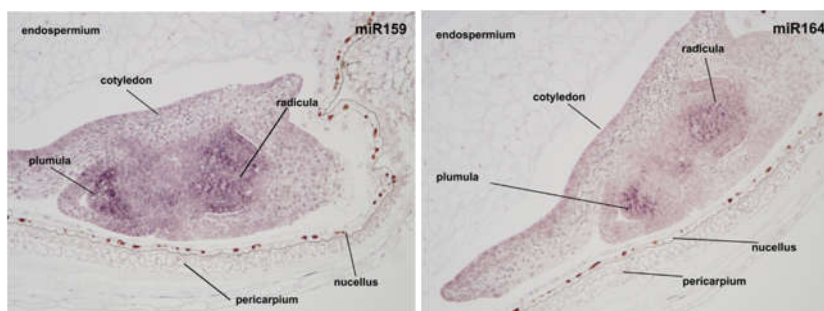
és mRNS-eket



A szabályozási kapcsolatok felderítésére ellentétes lefutású klaszterekbe tartozó olyan miRNS és mRNS párokat kerestünk, amelyekben a mRNS-ben megtalálható a miRNS célszekvenciája.



Több fontos miRNS térbeli eloszlását vizsgáltuk fejlődő szemtermések szövettani metszetein.



A projekt során született tudományos publikációk

Bálint Jeannette, Kis András, Taller Dénes, Nagy Tibor, Barta Endre, Molnár János, Tusnády E. Gábor, Marincs Ferenc és Havelda Zoltán (2015) Az RNS interferencia szerepe a növények patogénekkal szembeni védekezésében és a fejlődésbiológiai folyamatokban. *Növényvédelem* 51:539-549.

Frank K, Miró K, Nagy T, Kis A, Barta E, Havelda Z, Burgyán J, Marincs F (2016) Nagy molekulású gluténin gének allélikus variánsainak kimutatása Bánkúti búzában. XXII. Növénynevelési Tudományos Nap, Szerkesztők: Veisz Ottó és Polgár Zsolt, MTA, Budapest, p. 81.; ISBN 978-963-396-085-1.

Tibor Nagy, András Kis, Szilárd Poliska, Endre Barta, Zoltán Havelda and Ferenc Marincs (2016) Comparison of small RNA next-generation sequencing with and without isolation of small RNA fraction. *BioTechniques* 60:270-278.

Endre Barta, Zsófia Bánfalvi, Zoltán Havelda, László Hiripi, Zsigmond Jeney, János Kiss, Balázs Kolics, Ferenc Marincs, Dániel Silhavy, Viktor Stéger, Éva Várallyay (2016) Agricultural genomics: an overview of the Next Generation Sequencing projects at the NARIC-Agricultural Biotechnology Institute in Gödöllő. *Hungarian Agricultural Research* 25:10-21.