

MOLEKULÁRIS NEMESÍTÉSI MEGOLDÁSOK A BÚZAKUTATÁSBAN

Bedő Zoltán

az MTA rendes tagja, kutatóprofesszor
bedo.zoltan@agrar.mta.hu

Láng László

az MTA doktora, tudományos osztályvezető
lang.laszlo@agrar.mta.hu

Vida Gyula

PhD, tudományos főmunkatárs
vida.gyula@agrar.mta.hu

Rakszegi Mariann

PhD, tudományos főmunkatárs
rakszegi.mariann@agrar.mta.hu

MTA Agrártudományi Kutatóközpont Mezőgazdasági Intézet, Martonvásár

Egy összességében sikeres korszak zárult le a 20. század végén a világ mezőgazdasági innovációjában és termelésében. A zöld forradalom néven ismert, az ötvenes években elindított kezdeményezés szellemi atyja egy amerikai növénypatológusból lett növénynevesítő, Norman Borlaug volt, aki földünk egyik legszárazabb vidékén, a mexikói Sonora tartományban látott hozzá a búzakupatához az ötvenes években. Ebben az időszakban, a 2. világháború után a föld 2,5 milliárdnyi lakosságának közel fele éhezett, vagy alultáplált volt. Az évszázad első felében a kormányzatok minden törekvése ellenére a termőterület folyamatos növelése mellett sem voltak képesek enyhíteni az éhezésen, amit a második világegés csak fokozni tudott.

Norman Borlaug és a világ számos régiójában tevékeny sorstársai megváltoztatták a búzánövényt nemesítési műhelyeikben. Átalakult a növény felépítése: a vegetatív növényi részekhez képest jelentősen megnőtt a generatív részek aránya, ami nagyobb potenciális termőképességre adott lehetőséget. Ezt

az előnyt a termesztés során azonban csak rövid szárú, nagyobb állóképességgel rendelkező genotípusokkal lehetett realizálni. Ennek érdekében ún. szártörpésítő géneket építettek be a búzába. Új, nagyadagú növény-táplálási és növényvédelmi technológiákat fejlesztettek világszerte a modern búzatípus nagy termőképességének kiaknázására. Napalhoszal szemben érzéketlen típusok elterjedésével javult a búza eltérő ökológiai környezethez való alkalmazkodóképessége, a genetikailag heterogén tájfajta populációk helyett genetikailag homogén populációval rendelkező modern búzafajták kerültek termesztésbe.

Az új növénynevesítési eredmények politikai rendszerektől függetlenül Földünk minden részébe eljutottak. Négy évtized alatt megháromszorozódott a világ gabonatermelése. Az évezred végére hatmilliárdra duzzadt népesség ellenére jelentősen visszaszorult az éhezés, több régióban a politikai okok, az elosztási anomáliák miatt volt inkább élelmszerhiány. Az előző század második fele az emberiség történetének egyik legnagyobb

sikere volt a mezőgazdálkodásban, amikor az agrárkutatási eredmények gyorsan és hatékonyan kerültek a gyakorlatba, és a világ több éhezéssel sújtott régiójának hozta el a társadalmi stabilitást. Norman Borlaug búzanemesítőnek joggal adományoztak Nobel-békedíjat.

A 20. század ötvenes éveiben kezdődött fejlődési folyamat fokozatosan lassult az ezredforduló közeledtével. Egyes régiókban stagnálás, máshol csökkenés volt megfigyelhető a növényi produktivitásban, ami több okra volt visszavezethető. Ide sorolható többek között a gyors termelésnövekedés, valamint a szélsőséges időjárási jelenségek gyakoribbá válásával csökkenő termésstabilitás. A klímaváltozás hatására új kórokozók és kártevők jelentek meg, például a magasabb hőmérséklethez alkalmazkodó sárgarozsda (*Puccinia striiformis*) Warrior rassza, vagy az afrikai Ugandából Kisázsiaig terjedő új feketerozsda (*Puccinia graminis*) UG99-es rassz. Az ökológiai egyensúly fenntartása miatt megkérdőjeleződött a nagydadagú műtrágyázás gyakorlata. Az egyoldalú termélnövelés mellett előtérbe került a differenciált minőségű alapanyag előállításának érdekében a beltartalmi minőség javításának igénye, az egészséges táplálkozásban szerepet játszó bioaktív komponensek, és a szem keményítő-összetételének módosítása.

Új növénynemesítési módszerek alkalmazása

Hans J. Braun és munkatársai (1998) felmérést végeztek a jövőbeni legfontosabb növénynemesítési célkitűzésekről a világ búzanemesítői körében. A válaszok régióként eltérőek voltak, ugyanakkor abban megegyeztek, hogy a búzanemesítési célok lényegesen bonyolultabbá váltak a korábbi időszakhoz képest. A produktivitás növelése mellett legalább olyan fontos lett a termésstabilitás növelése, a betegség-ellenállóságra történő kutatások, a beltar-

talmi minőség javítása, a nitrogén- és foszforhasznosító képesség fejlesztése stb. Az új kihívások ismeretében Anthony Arundel és munkatársai (2000) az európai növénynemesítők véleményét kérte ki, és megállapította, hogy a nemesítők mintegy 80%-a a klasszikus módszerek mellett a géntechnológiát, valamint a molekuláris markertechnológiákat kívánja alkalmazni a kutatások hatékonyságának növelése érdekében.

A klasszikus szelekciós módszerek is fejlődtek világszerte. Rutineljárás lett a Norman Borlaug által bevezetett, több ökológiai környezetben végzett szelekció, az ún. *shuttle breeding*. A statisztikai módszerek fejlődésével forradalmi változások történtek a nagy szelekciós adathalmazok kezelésében. Mára a hagyományos nemesítés szerves része a dihaploid technika vagy az ún. *egymagszármazék módszer* (*single seed descent*). Az új, egyre összetettebb célkitűzések ismeretében nagy előnemesítési (*prebreeding*) programok kezdődtek el, és a termőképesség növelésére kidolgozásra kerültek a fiziológiai alapokon nyugvó szelekciós rendszerek. Egyre nagyobb teret nyernek a molekuláris markertechnológiák. A genomikai szelekció már a poligénes jellegekre történő szelekcióban is felhasználható lesz a jövőben bioinformatikai háttér mellett, ami többek között a heterózis nemesítésben is jelentős fejlődést idézhet elő. Új molekuláris citogenetikai módszerek segítik a vad- és rokon fajokból átvitt kromoszómaszegmensek kimutatását. A genomika elősegíti a tudatos mutációs nemesítés kidolgozását a TILLING-módszer alkalmazásával.

A növénynemesítési koncepció változása Martonvásáron

A koncepcióváltás a martonvásári kalászos gabona nemesítési programjában is végbe-

ment a múlt század kilencvenes éveiben, hogy megfeleljünk a világszerte kialakult új kihívásoknak, és a megváltozott hazai termelési feltételeknek. Kutatásaink fő célkitűzése az elmúlt időszakban a molekuláris növénynevelés és a hagyományos szelekciós eljárások együttes felhasználása, a nevelési kutatási alapok szélesítése genetikai, virágzásbiológiai, növényélettani, növénykórtani, gabonakémiai, informatikai stb. ismeretekkel. Különböző termesztési eljárások (például organikus, precíziós gazdálkodás) elterjedése is indokoltá tette, az új feltételekhez alkalmazkodó nevelési programok kialakítását. Ehhez alapvetően a korábbi időszakokhoz képest nagyobb kapacitású búzanevelési programra van szükség, ami magába foglalja

- a génbanki kollektókban új genetikai források kutatását molekuláris nevelési módszerekkel,
- az agronómiai tulajdonságok fejlesztését megalapozó előnevelési program kialakítását.

Növénynevelést szolgáló génbanki kutatások

Az USA legnagyobb növénynevelési szervezete, a National Association of Plant Breeders közvélemény-kutatást végzett 2009-ben az észak-amerikai és európai növénynevelítők között a legfontosabb növénynevelési kutatási módszerekről. A válaszok alapján megállapítható (*1. táblázat*), hogy a megváltozott helyzetben, az új célkitűzések miatt a nevelítőknek új genetikai forrásokra van szükségük, és ezeket a precízebb és hatékonyabb molekuláris technológiák alkalmazásával kívánják a génbanki gyűjteményekben megtalálni.

Így az elmúlt időszakban a növénynevelés számára felértékelődött a génbankokban fellelhető régi fajták és populációk szerepe. Ez alapvetően nem azért történt világszerte, mert a nevelítők újból a termesztésbe kívánták volna állítani e régi búzákat, hanem azért, mert a molekuláris nevelési módszerekkel hatékonyabbá és gyorsabbá vált e régi fajták

prioritás	pontszám	sorrend
növényi génbankok jellemzése (genotipizálás és fenotipizálás)	459	1
fontosabb agronómiai tulajdonságok molekuláris térképezése	456	2
nevelési anyag teljesítményvizsgálata és fenotípusos vizsgálata	437	3
felhasználóbarát adatbázis fejlesztése	434	4
növényi génbankok, génkollektók cseréje	380	5
molekuláris markerek fejlesztése	371	6
génforrások és genomikai szelekciós központi katalógus fenntartása	368	7
egységes fenotipizálási módszerek	352	8
kvantitatív genetikai módszerek fejlesztése	324	9
exotikus génforrások előnevelése (<i>prebreeding</i>)	319	10

1. táblázat • Növénynevelési prioritások az Egyesült Államokban (National Association of Plant Breeders nyomán, 2009)

hasznos tulajdonságainak kutatása, jellemzése és géneinek átvitele a modern fajtákba. A nemesítőknek nem a tájfajtákra mint teljes növényi kiindulási anyagra van szükségük, hanem azok hasznos géneire. Ez a koncepció találkozott a génbanki kutatók elképzeléseivel is, mivel a molekuláris technikák hatalmas lehetőségeket jelentenek számukra is a kollekciónak jellemzésére. A hagyományos módszereket, a botanikai és morfológiai jellemzéseket hatékonyan egészítették ki többek között a molekuláris markertechnológiák alkalmazása, a dinamikusan fejlődő génszekvenálási eljárások, valamint ezzel párhuzamosan a nagy hatékonyságú fenotipizálási rendszerek.

A régi tájfajták felhasználása a nemesítésben tradicionális módszerekkel kevésbé hatékony, mivel néhány értékes génjük mellett számos hátrányos agronómiai tulajdonsággal rendelkeznek, kis termőképességűek. Jelentősen bonyolíthatja a hasznos gének átvitelét a kedvezőtlen tulajdonsággal való génkapcsoltság, a távoli vad vagy termesztett rokonfajoknál a keresztezési akadályok, a homeológ-kromoszómák párosodásának hiánya stb. A génbanki kutatások hatékonysága javítható a genotipizálás és a fenotipizálás új módszereinek együttes alkalmazásával. Vizsgálható a kollekciónak a nemesítés számára fontos, ismert gének előfordulásának kimutatására, elvégezhető a régi tájfajták, fajtapopulációk genetikai felbontása, unikális allélok izolálása, amelyek hasznosíthatók a nemesítésben a genetikai variabilitás szélesítése érdekében. A molekuláris markerekkel végzett rekurrens szelekcióval egyrészt felgyorsítható a génbanki kollekciónak lévő hasznos agronómiai tulajdonságok beépítése a meglévő nemesítési anyagba, másrészt különböző betegséggrasszokkal szemben rezisztenciagének piramidálhatók egy genotípusba, ami a betegség-ellenállóság

egyik leghatékonyabb és leginkább tartós formája.

Molekuláris nemesítési módszerek az előnemesítésben (prebreeding)

Robert W. Allard (1996) a 20. század búzanevelésében lezajlott eseményeket kétirányú folyamatként értékeli, ahol egyrészt a növényi génállomány eróziója zajlott le a homogén populációból álló modern fajták elterjedésével, és a heterogén populációjú tájfajták, a korai fajtapopulációk eltűnésével, másrészt a széles adaptációs képességet biztosító és a produktivitást növelő allélek folyamatos felhalmozódása ment végbe a modern növényfajtákban a nemesítési ciklusok eredményeként. Ugyanakkor a nemesítők az erős konkurencia közepette egyre inkább abból az elvből indultak ki, hogy a „legjobbat a legjobbal” keresztezzék. A legjobb teljesítményt nyújtó, elterjedt fajták egymás közti keresztezésének egyik következménye lett, hogy a termesztett fajták allélkülönbsége csökkent, így szükségessé vált a genetikai variabilitás szélesítése előnemesítési módszerekkel.

A nemesítési folyamat felgyorsítására, a genetikai variabilitás szélesítésére a múlt század nyolcvanas éveitől kezdve a leginkább használt biotechnológiai módszerek az ún. *doubled* haploid nemesítés, valamint az *in vitro* szomaklonális szelekció volt a nagyobb nemesítő intézetekben, így Martonvásáron is. A modern nemesítési módszerek közül napjainkban az új genetikai források létrehozására a molekuláris markerszelekció széles körű alkalmazásának vagyunk szemtanúi.

A nemesítőknek alapvetően öt különböző genetikai forrás áll rendelkezésükre az előnemesítésben, úgy, mint egy adott régióban adaptív fajta, más ökológiai régióban termesztett ún. exotikus genotípus, a génban-

kokban fellelhető régi tájfajta vagy fajtapopuláció, vadon élő vagy termesztett rokon fajok, valamint a mutáns genotípusok.

Adaptív fajták és törzsek felhasználásával a legkisebb az esély a genetikai variabilitás jelentősebb szélesítésére. Ez leginkább a vadon élő vagy termesztett rokon fajok felhasználásával valósítható meg. Ugyanakkor ez utóbbi a hagyományos genetikai módszerekkel időigényes kutatás. Elég, ha csak a legnagyobb területen elterjedt IB/IR rozs transzlokációs búzafajtákat említjük példaként: az első sike-res búza×rozs keresztezésről az első fajta regisztrációjáig harminchárom év telt el (Rabinovich, 1998). A nemesítési folyamat bonyolultsága ellenére a búzanemesítők nagymértékben használtak fel vad fajokat. Interspecifikus keresztezésekkel világszerte több betegségrezisztencia- és tartalékfehérje-gént sikerült beépíteni a közönséges búza genomjába.

Ökológiai régióinkban a búza egyik legfontosabb tulajdonsága az átlagon felüli abiotikus stresszrezisztenciája. Ez több komponensből tevődik össze, és ide tartozik a télállóság. A martonvásári fitotronban végzett fagyállósági kísérletek során vizsgálatba állítottuk az Európa különböző régiójából származó, az adott régióra jellemző búzafajtákat (Veisz et al., 1996). A kísérleti eredmények alapján a kelet-európai fajták bizonyultak a legellenállóbbaknak, és a dél-európaiak a leginkább fagyérzékenyek. A klímaváltozással még inkább felértékelődtek a szárazság- és a hőtüres-kutatások. Aszálynak kitett kontinentális klímájú régiókban az adaptációs képesség, a szárazságtűrés és a termőképesség szorosan összefüggő tulajdonságok. Különösen jelentőssé vált ez a probléma a szélsőséges klimatikus események gyakoriságának fokozódásával, ami nemcsak a termés mennyiségének, hanem minőségének stabilitását is megkérdő-

jelezi. Ezáltal nemcsak az ökológiai régiók, de az évszakok közti fluktuáció is megnőtt.

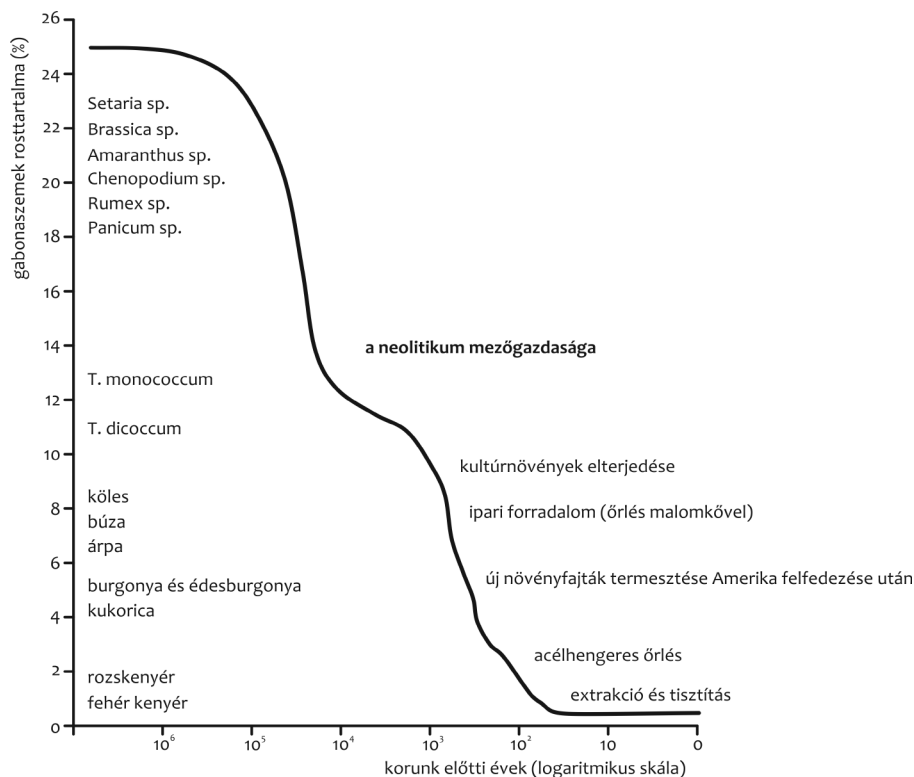
A terméshabilyítás másik fontos meghatározója a gombabetegségekkel szembeni rezisztencia számos kórokozónál főként mono- vagy oligogén rezisztenciaöröklődésen alapul. Ez kiváló lehetőséget nyújt a molekuláris marker technológia felhasználására a rezisztencianemesítésben. A legfontosabb kórokozók (levélrozsa, lisztharmat, sárgarozsda, szárrozsa stb.) szemben ellenálló génforrások kimutatásával pontosan meg tudjuk határozni fajtaink, fejlett törzseink és génforrásaink rezisztenciagénjeit. A hatékony rezisztenciagének gyors beépítése érdekében az ún. *molekuláris marker* segítségével végzett vizs-zakeresztesés nemesítést alkalmazunk (*marker-assisted back crossbreeding* – MABC). Felgyorsítható az azonos fenotípusos hatást előidéző allélok piramidálása egy genotípusba, általában egy jól bevált búzafajtába, amit egyetlen tulajdonságban kívánunk módosítani. A génpiramidálás és a molekuláris marker felhasználásával végzett visszakeresztesés nemesítés optimálisan kombinálható a hagyományos szelekciós módszerekkel. Jó példa erre a BIOEXPLOIT FP6 EU-projekt keretében végzett levélrozsa rezisztenciagének piramidálása martonvásári búzafajtákba (Vida et al., 2009). Egy levélrozsdára erősen fogékony, de a sikermennyiségre és -minőségre egyaránt kiváló fajtaikat, az Mv Emmát használtuk recipiens szülőként a program során.

A búzafajták döntő többsége a világszerte elterjedt észak-amerikai osztályozás alapján a piros, keményszemű (*hard red*) minőségcsoportba tartozik. Az elmúlt két évtized során a csökkent műtrágya-felhasználás, a szélsőséges klíma és a biotikus stressztényezők hatásai miatt romlott a beltartalmi minőségi paraméterek stabilitása. A kontinentális klimatikus

éghajlati környezetben nemesített búza minőségstabilitása azért is kritikus tulajdonság, mivel ebben a régióban általában jobb sütőipari minőségű, nagyobb fehérjetartalmú búzát lehet termesztani, mint például Nyugat-Európában. A martonvásári nemesítési program jelentős eredményeket ért el ezen a téren. A nagy sikértartalmú búzafajták nemesítése során sikertült kisebb nitrogénműtrágya-dózis felhasználása esetén is megfelelő sikértartalmú termést produkálni az Mv Magdaléna, az Mv Csárdás, az Mv Verbunkos fajtákkal. A 2002-ben állami elismerésben részesült Mv Suba mind sikértartalomban, mind -minőségben Európa egyik legjobb búzafajtája, amit tíz országban termelnek minőségjavítás céljából. Az új nemesítési kiindulási anyag szelekciója

során mindenképpen célszerű figyelembe venni a kanadai növénynemesítők koncepcióját, miszerint a fehérjetartalom további jelentős növelése helyett inkább a fehérjekomponensek összetételének változtatása, minőségének javítása jelenthet új törekvést (DePauw et al., 1998). Ebből kiindulva született meg az Mv Kolo, az Mv Toldi, majd a Bánkúti 1201-es régi magyar búzából átvitt Bx7 fehérjetultermelő gént tartalmazó Mv Karizma.

Az egészséges gabonaalapú táplálkozáshoz a búzaszem bioaktív komponenseinek javítása is előtérbe került. A növényi rostanyagok a modern gabonaalapú táplálkozásból sajnos a korszerű malomipari technológiák miatt szorultak ki az emberiség történelme során (1. ábra). A klasszikus értelemben vett növényi



1. ábra • A liszt rosttartalmának változása az emberiség történelme során

rostanyagok – az arabinoxilán és a β -glükán – a gabonaalapú élelmiszerek táplálkozástani értékét nagymértékben befolyásolják, a búza-szemben az endospermium sejtfalában található meg. Így többek között szerepük van az inzulinszabályozásban, csökkentik a koleszterinszintet, a 2-es típusú diabétesz kialakulásának kockázatát. Ezidáig csak exotikus forrásokban sikerült nagy arabinoxilán és a gyors felszívódás miatt értékes vízdoldható arabinoxilán- (WE-AX-) tartalmat kimutatni. Közösén a rothamstedi és a Budapesti Műszaki Egyetem kutatóival előállítottunk nagy WE-AX-tartalmú genotípusokat.

Egy másik jelentős, és eddig hazánkban kevésbé vizsgált beltartalmi komponens, a búzaszem meghatározó összetevője a keményítő, amit szintén a rostanyagok közé sorolnak. A búzakeményítőben az amilóz és az amilopektin aránya megközelítőleg 1:3, a szerkezetbeli különbségek az amilóz és az amilopektin között jelentősek, ami többek között befolyásolja a komponensek emészthetőségét. A lassúbb emészthetőség humán egészségügyi szempontból fontos tulajdonság, de emellett a búzakeményítőnek számos más felhasználási lehetősége van, mint például a bioetanol előállítása, az állati takarmányozás, műanyagok, filmek és ragasztóanyagok elő-

állítás stb. A HEALTHGRAIN FP6 EU-projekt keretében sikerült mindkét irányba módosított keményítő összetételű genotípusokat szelektálni, azaz kis amilóztartalmú, ún. *waxy*, részleges *waxy*, valamint nagy, közel 40% amilóztartalmú genetikai forrásokat előállítani molekuláris markerek felhasználásával (Rakszegi et al., 2014).

A mutációs nemesítés „reneszánszát” is a molekuláris technológiák elterjedése segítheti elő. A TILLING (*Targeting Induced Local Lesions in Genomes*) eljárás kis genetikai variációt mutató tulajdonságoknál kiváló módszer, amely a mutáns populációban pont a mutációk azonosítására alkalmas. Az olasz Tuscia Egyetem kutatóival együtt végzett vizsgálatokban sikerült *waxy* és magas amilóztartalmú mutánsokat azonosítani (Sestili et al., 2010). Nemesítési előnye, hogy az eredeti fajta introgresszió révén egy tulajdonságra hatékonyan javítható a mutáns gén bevitelével.

Az új molekuláris nemesítési eljárások felhasználása mellett nem lehet említés nélkül hagyni a géntechnológiai eljárások növény-nemesítési alkalmazását, a génmódosított növényfajták előállítását.

Egyértelműen megállapítható, hogy világszerte nagy kapacitással történik agronómiailag hasznos gének izolálása és felhasználása.

tulajdonság	gén	búza	árpa
lisztharmat-rezisztencia	Pm3	genetikai módosítás, GM-növények értékelése	
fagyűrész	CBF4, 15, 12, 16	genetikai módosítás, GM-növények értékelése	genetikai módosítás, GM-növények értékelése
sütőipari minőség	1DX5, 1AX1	GM-növények értékelése	
tápérték	Amar	genetikai módosítás, GM-növények értékelése	

2. táblázat • Transzgenikus növényekkel 2010-ig végzett kutatások Martonvásáron

lása transzgenikus és ciszgenikus növények nemesítésére. A martonvásári nemesítők a genetikailag módosított búza vizsgálatát először együttműködésben végezték a rothamstedi kutatókkal (Rakszegi et al., 2005), majd a kutatások kiszélesedtek (2. táblázat). A nemesítési felhasználást célzó kísérletek 2010-ben befejeződtek. Fennáll a

veszélye annak, hogy lemaradásunk olyan mértékű lesz egy sikeres külföldi áttörő eredmény gyakorlati bevezetésekor, hogy a jövőben behozhatatlan versenyhátrányba kerülhetünk.

Kulcsszavak: *búza, előnemesítés, génbank, marker technológia, bioaktív komponensek*

IRODALOM

- Allard, Robert W. (1996): Genetic Basis of the Evolution of Adaptedness in Plants. *Euphytica*. 92, 1–11. DOI: 10.1007/BF00022822 • <http://link.springer.com/article/10.1007%2FBF00022822#page-1>
- Arundel, Anthony – Hocke, M. – Tait, J. (2000): How Important Is Genetic Engineering to European Seed Firms? *Nature Biotechnology*. 18, 578. DOI: 10.1038/76319
- Braun, Hans J. – Ekiz, H. – Eser, V. – Keser, M. – Ketata, H. – Marcucci, G. – Morgounov, A. – Nercirci, N. (1998): Breeding Priorities of Winter Wheat Programs. In: Braun, Hans J. et al. (eds.) *Wheat: Prospects for Global Improvement*. Kluwers Academic Publishers, 553–560.
- DePauw, Ron M. – Clarke, J. M. – McCaig, T. N. – Townley-Smith, T. F. (1998): Opportunities for the Improvement of Western Canadian Wheat Protein Concentration, Grain Yield and Quality through Plant Breeding. In: Fowler, D. Brian – Geddes, W. E. – Johnston, A. M. – Preston, K. R. (eds.): *Wheat Protein Production and Marketing. Proceedings of the Wheat Protein Symposium*. Saskatoon, Saskatchewan, Canada, 75–93.
- Rabinovich, Svetlana V. (1998): Importance of Wheat-Rye Translocations for Breeding Modern Cultivars of Triticum aestivum L. *Euphytica*. 100, 323–340. DOI: 10.1023/A:1018361819215 • <http://link.springer.com/article/10.1023/A%3A1018361819215#page-2>
- Rakszegi Mariann – Békés F. – Láng L. – Tamás L. – Shewry, P. R. – Bedő Z. (2005): Technological Quality of Transgenic Wheat Expressing an Increased Amount of a HMW Glutenin Subunit. *J. of Cereal Science*. 42, 1, 15–23. DOI: 10.1016/j.jcs.2005.02.006
- Rakszegi Mariann – Boglárka N. – Kisgyörgy N. B. – Kiss T. – Sestili, F. – Láng L. – Lafiandra, D. – Bedő Z. (2014): Breeding of High-amylose Wheat Genotypes. *Starch/Stärke*. (in press)
- Sestili, Francesco – Botticella, E. – Bedő Z. – Phillips, A. – Lafiandra, D. (2010): Production of Novel Allelic Variation for Genes Involved in Starch Biosynthesis through Mutagenesis. *Molecular Breeding*. 25, 145–154. DOI: 10.1007/s11032-009-9314-7 • <http://link.springer.com/article/10.1007%2FS11032-009-9314-7#page-1>
- Veisz Ottó – Harnos N. – Szunics L. – Tischner T. (1996): Overwintering of Winter Cereals in Hungary in the Case of Global Warming. *Euphytica*. 92, 249–253. DOI: 10.1007/BF00022852 • <http://link.springer.com/article/10.1007%2FBF00022852#page-1>
- Vida Gyula – Gál M. – Uhrin A. – Veisz O. – Syed, N. H. – Flavell, A. J. – Wang, Z. – Bedő Z. (2009): Molecular Markers for the Identification of Resistance Genes and Marker-assisted Selection in Breeding Wheat for Leaf Rust Resistance. *Euphytica*. 170, 67–76. DOI: 10.1007/s10681-009-9945-0 • <http://link.springer.com/article/10.1007%2FS10681-009-9945-0#page-1>