

## A körte (*Pyrus communis* L.) SSR-alapú molekuláris vizsgálatainak összefoglaló áttekintése

GYURKÓ ADRIENN<sup>1,2</sup>, KIRÁLY ILDIKÓ<sup>3</sup>, BAKTAY BORBÁLA<sup>1</sup>, HALÁSZ JÚLIA<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Nemzeti Biodiverzitás- és Génmegőrzési Központ

<sup>2</sup>Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Genetika és Biotechnológia Intézet, Növénybiotechnológia Tanszék

<sup>3</sup>Neumann János Egyetem, Kertészeti és Vidékfejlesztési Kar, Kertészeti Tanszék

E-mail: gyurko.adrienn@nbgk.hu

### Összefoglalás

A nemes körte és vad rokon fajai jelentős szerepet töltenek be a hazai növényi diverzitásban. Számos előnyös tulajdonsággal rendelkezhetnek mind a beltartalmi értékek, a rezisztenciagének vagy a természetstechnológiai sajátosságok tekintetében. Napjainkban is jelentős szerepük van a hazai élőhelyek, társulások természetes flórájában. Mindemellett a körte fajtagazdagságának és ezáltal hosszú érési időszakának köszönhetően az év jelentős részében biztosít élelmet, takarmányt. A *Pyrus* nemzetség legalább 26 elsődleges faja ismert. A tápiószelei génbank (Nemzeti Biodiverzitás- és Génmegőrzési Központ Növények Génmegőrző Intézete) 2013 óta foglalkozik gyümölcsstermő növények génmegőrzésével. Gyűjteménye jelenleg 17 növényfaj 1072 génbanki tételét tartalmazza, amelynek megőrzését, valamint leíró vizsgálatainak elvégzését folyamatosan alapfeladatként látja el a Gyümölcsstermő Növények Osztály. A gyűjtemény 66 vadkörte tételt is tartalmaz. Mindemellett a folyamatos, egész országot lefedő gyűjtéseknek köszönhetően az elmúlt három évben mindösszesen 129 *Pyrus* nemzetséghez tartozó génbanki mintát gyűjtöttünk be, amelyeknek hagyományos módszerekkel leíró vizsgálatát is elvégeztük.

A molekuláris markerekkel történő szelekciót gyümölcsfajok esetén rendszeresen alkalmazzák a főbb tulajdonságokkal kapcsolt genomi régiók bevonásával. Az ECPGR (European Cooperative Programme for Plant Genetic Resources) munkacsoport 2006-ban körte esetében 17 standard mikroszatellit (SSR) markert választott ki, melyek jól alkalmazhatók a diverzitásvizsgálatokhoz és a fajtaazonosításhoz. Számos kutatás született a körte SSR-alapú molekuláris vizsgálatáról a fajtaazonosítás, a rokonsági kapcsolatok és a génbanki tételek feltérképezése tekintetében, melynek áttekintésében a fő eredményeket összefoglaltuk.

**Kulcsszavak:** molekuláris marker, génbank, genom, genotípus, allél

## **An overview of SSR-based molecular studies on pear (*Pyrus communis* L.)**

GYURKÓ, A.<sup>1,2</sup>, KIRÁLY, I.<sup>3</sup>, BAKTAY, B.<sup>1</sup>, HALÁSZ, J.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> National Centre for Biodiversity and Gene Conservation

<sup>2</sup>Hungarian University of Agriculture and Life sciences,  
Institute of Genetics and Biotechnology

<sup>3</sup> John von Neumann University, Faculty of Horticulture and Rural Development,  
Department of Horticulture, Kecskemét

E-mail: gyurko.adrienn@nbgk.hu

### **Summary**

The cultivated pear and its wild relatives play an important role in plant biodiversity. They can possess numerous beneficial traits, including nutritional value, resistance genes, or cultivation characteristics. Moreover, due to the profusion of pear cultivars and its long ripening sequence, it provides food and fodder for much of the year. The *Pyrus* genus includes at least 26 primary species.

Microsatellite markers are well-suited for genetic fingerprinting and evaluating the genetic diversity of collections due to their significant polymorphism, reproducibility, and relatively simple testing methods. Molecular marker-based selection is regularly used in fruit species by incorporating genomic regions linked to key traits. In 2006, the ECPGR (European Cooperative Programme for Plant Genetic Resources) working group selected 17 standard microsatellite (SSR) markers for pears, which are appropriate for diversity studies and cultivar identification. Several studies have been conducted on pear SSR-based molecular analysis, including cultivar identification, relationship mapping, and gene bank collections, with the main findings summarized in this review.

**Keywords:** molecular marker, genebank, genome, genotype, allele

## Bevezetés

A nemes körte jelentős szerepet tölt be a hazai növényi diverzitásban. Változatainak jelentős része kiskertekben, fajtagyűjteményekben, illetve vad rokon fajai leelőlkön, egyéb természetes növénytársulásokban lelhetőek fel (Nyéki és mtsai 2012). Számos előnyös tulajdonsággal rendelkezhetnek, mint például rezisztenciáéknak, kiemelkedő beltartalmi értékek vagy a gyümölcsre, természetstechnológiára vonatkozó egyéb értékek. Ennek köszönhetően akár újra termesztésbe vagy nemesítési munkába vonhatóak. Mindemellett a körte fajtagazdagságának és ezáltal hosszú érési időszakának köszönhetően az év jelentős részében biztosít élelmet, takarmányt.

A *Rosaceae* család *Pomoideae* alcsaládjába tartozó *Pyrus* nemzetség legalább 26 elsődleges fajja ismert, illetve további 10 természetben előforduló interspecifikus hibrid taxonról is tudunk (Bell et al. 1996). Ezek főként Európában, Ázsiában és Afrika északi részén vannak jelen. Az európai géncentrumban terjedt el az európai vadkörte (*P. pyraster* Bursgd.), amely Magyarországon alanyként is használatos, mint őshonos faj. Szintén itt terjedt el a kaukázusi körte (*P. caucasica* Fed.), a szívlevelű körte (*P. cordata* Decne) és a hókörte (*P. nivalis* Jacq.) (Göndör 2000). A legismertebb faj, a *P. communis* őshonos Európában, továbbá Észak- és Dél-Amerikában, Afrikában, Új-Zélandon és Ausztráliában. A *P. × bretschneideri* Észak- és Közép-Kína fő fajja. A *P. pyrifolia* Japán, Dél- és Közép-Kína, Taiwan és Korea jelentős körtefaja (Arumuganathan és Earle 1991). A *P. pashia* Buch.-Ham. ex. D. Don. Észak-India, Nepál és Dél-Kína területein terjedt el. Fellelhetőek továbbá olyan ritka változatok, mint például a Terpó (1960) által leírt *P. magyarica*, mely ritka növénye a magyar flórának. Böhm (1998) több éves megfigyelései során Pomázon, egy felhagyott gyümölcsös bozótjában találta meg, valamint Pilisszentkereszten, egy növénytársulásban, cseres-kocsánytalan tölgyesben, melyet már Terpó (1960) is ismert. A Nemzetközi Dendrológiai Társaság veszélyeztetett, ritka fajként jelöli (Lear és Hunt 1996). Kecskemét határában a KEFAG Zrt. csalánosi ültetvényében megtalálható egy 145 *Pyrus* genotípusokból (*Pyrus pyraster*, *Pyrus magyarica*, *Pyrus nivalis* stb.) álló gényűjtemény (Szulcsán és mtsai 2005).

## Kapcsoltsági térképek a nemesítés szolgálatában

A *P. communis* genoméretét először flow citometriás vizsgálatokkal határozták meg (Arumuganathan és Earle 1991). A közelmúltban számos növény teljes genomszekvenciája vált ismertté. A körte genetikai térképek vizsgálata alma mikroszatellit markerekkel lehetővé tette a genetikai térképek összehangolását és a hipotézis megfogalmazását, miszerint az alma és körte genomja kollineáris (Potter et al. 2007). Chagné et al. (2014) a 'Vilmos' körtét, mint Európában vezető körtefajtát, a *P. communis*-szal végzett leggyakoribb kutatások alapját választották ki a genomszekvenáláshoz. A genom teljes szekvenciája a Roche 454 technikával került meghatározásra, amely 577,3 Mb hosszú és feltételezhetően 43 419 gént tartalmaz. A teljes genomszekvencia megismerése kulcsfontosságú mérföldkövet jelentett a további kutatásokhoz és a genetikai markereken alapuló szelekció fejlesztéséhez.

A mikroszatellit markerek (Simple Sequence Repeats -SSR) nagymértékű polimorfizmusuknak, reprodukálhatóságuknak és viszonylag egyszerű vizsgálati módszerüknek köszönhetően jól alkalmazhatóak genetikai ujjlenyomat elkészítésére, gyűjtemények genetikai sokféleségének

értékelésére (Schlötterer 2004). Továbbá hasznosak a gyűjtemények fenotípusos struktúrájának jellemzésére is (Santesteban et al. 2009). Az első körtevizsgálathoz alkalmazott SSR-markerek almából származtak (Yamamoto et al. 2001; Hemmat et al. 2003). Később az ázsiai körte (*P. pyrifolia*) és európai körte (*P. communis*) alapján fejlesztett SSR-markerekkel együtt (Fernández-Fernández et al. 2006; Yamamoto et al. 2002a, 2002b) további *Malus* és *Pyrus* alapú primereket használtak a körtefajták közötti genetikai sokféleség feltárására (Bao et al. 2007; Bassil et al. 2008, 2009; Brini et al. 2008; Ghosh et al. 2006; Jiang et al. 2009; Katayama et al. 2007; Kimura et al. 2002; Sisko et al. 2009; Volk et al. 2006; Wunsch és Hormaza 2007; Xuan 2008).

A molekuláris markerek alapján készült genetikai térképek fejlődése lehetővé teszi olyan esetek tisztázását, amelyek korábban megoldhatatlan problémáknak tűntek (Collard et al. 2005), ezáltal a teljes genom bármely tulajdonságot kódoló alléljára történhet szelekció. A molekuláris markerekkel történő szelekciót (marker assisted selection -MAS) gyümölcsfajokban rendszeresen alkalmazzák a főbb tulajdonságokat kódoló génekre vagy a kvantitatív tulajdonságokért felelős lókuszok megtalálásához (Van Nocker és Gardiner 2014).

Chen és társai (2015) nagysűrűségű SSR-markereken alapuló konszenzus genetikai térképet határoztak meg a 'Bayuehong' × 'Dangshansuli' F1 (*Pyrus* spp.) térképező populáción. Összesen 1756 SSR-markert, köztük 1341 újonnan tervezett SSR-t azonosítottak egy ázsiai körte teljes genomszekvenálásának alapján a korábban már közölt 415 SSR mellett. A 894 polimorfizmust mutató SSR alapján egy konszenzus genetikai térképet alakítottak ki, amely 734 lókuszt tartalmazott a 17 kapcsoltsági csoportban (linkage groups -LG). A teljes mérete 1661,4 cM, átlagos marker távolsága pedig 2,26 cM. Ezt követően különböző körte- és almatérképek összehasonlítására került sor a korábban feltérképezett SSR-markerek pozíciói alapján.

A markerekkel támogatott nemesítés jelentősen felgyorsítja a szelekciót, csökkentve az utódpopuláció méretét, az egyedek nevelési költségét a termőre fordulásig, melynek kiemelt jelentősége van a gyümölcsstermő növények esetében, tekintettel a hosszú, több éves juvenilis időszakra (Luby és Shaw 2001). A japán körte esetében számos fontos tulajdonsághoz kapcsolt molekuláris marker ismert és került már alkalmazásra a Japán Nemzetközi Agrár- és Élelmiszerkutató Szervezetben (NARO). Az azonosított tulajdonságra specifikus gének és a hozzájuk kapcsolt markerek adatait nyilvános adatbázisban tették közzé (<http://www.naro.affrc.go.jp/genome/index.html>). A rezisztenciagének közül a varasodás (*Venturia nashicola*) (Gonai et al. 2012; Iketani et al. 2001; Terakami et al. 2006), valamint az *Alternaria alternata* japán körtében előforduló patotípus esetében állnak rendelkezésre adatok (Banno et al. 1999; Iketani et al. 2001; Terakami et al. 2007).

### SSR-markerek fejlesztése

Nem csak a nemesítésben, hanem a fajtaazonosításban, a genetikai ujjlenyomat elkészítésében is nagyon hatékonyan alkalmazhatók a kodomináns markerek. Az ECPGR (European Cooperative Programme for Plant Genetic Resources) munkacsoport 2006-ban körte esetében 17 standard mikroszatellit (SSR) markert választott ki, melyek jól használhatók a diverzitásvizsgálatokhoz és fajtaazonosításhoz egyaránt. Az SSR-lókuszok kijelölése során fő szempont volt a polimorfizmus mértéke, ne legyen null allélja és az adott fajból származzon (Tobutt és Evans 2006).

Mindezidáig több mint 1000 SSR-markert fejlesztettek mind a japán és az európai körte esetében a genomsekvenciákból (Fernández-Fernández et al. 2006; Inoue et al. 2007; Sawamura et al. 2004; Yamamoto et al. 2002a, 2002b, 2002c), új generációs szekvenálási (Next Generation Sequencing) adatokból (Yamamoto et al. 2003), valamint EST (Expressed Sequence Tag) rekordokból (Nishitani et al. 2009; Zhang et al. 2014). Referenciatérképek egyes körtéfajták genomjáról is elérhetők, mint például az európai körtéhez sorolandó 'Vilmos' és 'La France' vagy japán körték közé tartozó 'Hosui'. Jellemzően SSR, AFLP (amplifikált fragmentumhossz polimorfizmus), izoenzimék és a fenotipikus bélyegek alapján jöttek létre (Terakami et al. 2009; Yamamoto et al. 2002a, 2004, 2007).

Kolinearitás az alma és körte genomok között

Azonos molekuláris markereket széles körben alkalmaznak különböző rokon fajok fajtáinak vizsgálatára, köszönhetően magas fokú reprodukálhatóságuknak, polimorfizmusuknak és kodominanciájuknak (Wünsch és Hormaza 2002). Wünsch és Hormaza (2007) 7 alma mikroszatellit markerrel vizsgált 63 európai körtéfajtát, összesen 46 fragmentumot amplifikáltak, 61 különböző SSR-allélt kaptak eredményül. A 'Vilmos' rügymutációjából született 'Max Red Bartlett' és 'Sensation Red Bartlett' fajták nem különültek el az alapfajtától. Ghosh et al. (2006) összesen 28 gazdaságilag fontos észak-amerikai körte genotípust jellemzett alma, őszibarack és japán körte markerekkel. Mindössze 7 primerpár elegendő volt a fajták megkülönböztetésére. A vizsgálat eredményeként a fajtákat a származási helyeikkel összhangban csoportosítani tudták.

Yamamoto et al. (2001) alma SSR-markereket alkalmaztak intergenerikus módon több körtéfaj (*P. pyrifolia*, *P. bretschneideri*, *P. ussuriensis*, *P. communis* és *P. calleryana*) jellemzésére. Detektáltak a nukleotidisméltódéseket a körte és alma amplifikált fragmentumaiban és megállapították, hogy a körte és az alma közötti fragmentumméretbeli különbségek főként az ismétlődések számában bekövetkező eltéréseknek köszönhetőek. Az SSR-markerek alkalmazhatók a *Pyraea* törzs *Pyrinae* alcsaládjában található nemzetségek között, amely tartalmazza az almát, körtét, birset (*Cydonia oblonga* Mill.) és a naspolyát (*Mespilus germanica* L.) (Liebhard et al. 2002; Soriano et al. 2005; Yamamoto et al. 2001, 2004). A körte kapcsoltsági térképeit 'Vilmos' és 'La France' fajták esetében összehasonlították az alma referenciatérképeivel ('Discovery' és 'Fiesta' almafajták), melynek során 66 alma SSR-lókuszot tudtak elhelyezni a körte genetikai térképén (Yamamoto et al. 2007). Az SSR-lókuszok pozíciói a kapcsoltsági csoportokon belül szinte teljesen azonosak voltak körte és alma esetében, ami erős kolinearitásra utal mind a 17 csoporton belül. Fukuda et al. (2014) majdnem tökéletes kolinearitást azonosítottak a loquat (*Eriobotrya japonica* (Thunb.) L.) körte és alma LG10-es kromoszómái között. Gisbert et al. (2009) alma és körte SSR-markereket használtak a naspolya 'Algerie' és 'Zaozhong-6' fajták kapcsoltsági térképeinek elkészítésére; eredményeik szerint a naspolya és az alma térképek jelentős azonosságokat mutattak.

### Génbanki tételek vizsgálata

Az egyik legnagyobb génbanki vizsgálat során Baccichet et al. (2020) 170 hagyományos körte genotípust vizsgált 12 SSR-markerral. Azonosították a duplikátumokat, így az adatbázis 118 különböző genotípusra csökkent. Szinonímia analízist is végeztek, mely által az adatbázis 80 különböző genotípusra szűkült. Erfani et al. (2012) 47 körte genotípust vizsgált 28 mikroszatellit

primerpárral, köztük 4 japán körtét (*P. pyrifolia*), 40 európai körtét (*P. communis*), egy kínai körtét (*P. bretschneideri*) és két vad rokon fajt: *P. salicifolia* és *P. mazandaranica*. A 28 lókuszon 174 allélt azonosítottak 81-290 bp közötti mérettartományban. Kim et al. (2015) 26 európai körtét (*P. communis*, *P. spinosa* (syn. *P. amygdaliformis*), *P. elaeagnifolia*, *P. nivalis*) és 18 ázsiai (*P. pyrifolia*, *P. serotina*), valamint 4 hibrid (*P. communis* × *P. pyrifolia*) fajtát vizsgált 7 SSR-markerral. A kapott klaszteranalízis alapján az ázsiai és európai fajták egyértelműen elkülöníthetőnek mutatkoztak. A svéd körtegyűjtemények fajtáit tíz, az ECPGR által ajánlottak közül kiválasztott lókuszon vizsgálták. Összesen 86 fajtát, melyből 49 az ország örökségéhez tartozó régi fajta, valamint 8 referencia fajtát a Brogdale-i gyűjteményből szereztek be. Kocsisné és mtsai (2020) a keszthelyi körte génbank 88 magyar fajtáját vizsgálta 8 primerpár segítségével. A fajtákból 29 diploidnak, 59 triploidnak bizonyult, köztük a hasonlóságok, rokoni kapcsolatok azonosításra kerültek.

Puskás és mtsai (2016) 188 német és 28 román körtefajta vizsgálatban vonásával keresett szinonimákat és homonimákat 11 SSR marker alkalmazásával, továbbá meghatározták a ploiditásukat is flow citometriás mérrel.

Az oregoni „National Clonal Germplasm Repository” (NCGR) intézetben tartják fenn a világ egyik legnagyobb és kiemelkedően diverz körtegyűjteményét: 2300 körte fajta klónt, 364 tétel magot, magában foglalva 36 különböző fajt/interspecifikus hibridet 55 országból (Postman 2008a, 2008b). Az elmúlt két évtizedben számos tanulmány született a gyűjtemény tételeinek azonosítására, a genetikai ujjlenyomatok elkészítésére SSR-markerek segítségével (Bassil et al. 2005; Volk et al. 2006; Bassil és Postman 2010; Evans et al. 2015).

A spanyol körte génbankban (Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agraria-Universidad de Lleida -ETSIA-UdL) található gyűjtemény 141 tételét vizsgálták, köztük 13 ismert, természetben lévő fajtát, 8 SSR markerrel a genetikai diverzitás felmérése, a genetikai struktúra azonosítása, a rokonsági kapcsolatok felderítése céljából. Összesen 97 allélt amplifikáltak, lókuszonként 9-15 között. A várt heterozigotáság 0,65-0,98 között volt, a 16-os tétel kivételével az összes egyedben találtak allélt a 48 amplifikált ritka allélból. Mindemellett 7 egyedi allélt is amplifikáltak. A vizsgálatok rámutattak a gyűjtemény kiemelkedő genetikai értékeire (Miranda et al. 2010).

A németországi Kompetenzzentrum Obstbau-Bodensee (KOB) intézményben őrzött körtefajták közül 53 tételt vizsgáltak 12 alma SSR-markerral. Összesen 109 allélt detektáltak, lókuszonként 18 és 5 allél között. A vizsgálat eredményeként felismerték az azonos tételeket. Korábban már végeztek kutatásokat a KOB almagyűjteményében található 286 tétel esetében is (Xuan 2006).

Brini et al. (2008) 26 tunéziai körte genotípust és 6 ismert fajtát vizsgáltak 7 alma SSR-markerral. Összesen 36 fragmentumot amplifikáltak, a 25 tunéziai fajta 12 különböző genetikai ujjlenyomatot produkált, ami sok szinonímiára utal. Az átlagos várható és megfigyelt heterozigotáság 0,71, amely arra enged következtetni, hogy a vizsgált tételek jelentős genetikai diverzitással bírnak.

108 szardíniai körtét, köztük 81 *P. communis* és 24 vad populációba tartozó (*P. spinosa*) körtét vizsgáltak 9 SSR-markerral. Az SSR-profilok alapján a vizsgált fajták 4 csoportra oszthatók (szardíniai fajták, japán fajták, későn érő fajták és standard fajták). 15 ritka allélt azonosítottak, az alléldiverzitás magas polimorfizmusra utal. Eredményeiket Evanno  $\Delta k$  statisztikai elemzése megerősítette, amely egyértelműen azt mutatta, hogy  $k = 4$  ( $\Delta k = 150$ ) a klaszterek rétegződési szintje. A *P. communis* és *P. spinosa*  $Q$  értékei megerősítették a vad és termesztett genotípusok közötti allélcserét (Sau et al. 2020).

Bergonzoni et al. (2023) 33 piros húsú körte fajta karakterizációját végezték el 18 SSR-markerrel az olaszországi Emilia-Romagna régió kisebb területéről. Azonosították a szinonímiákat és homonímiákat, továbbá 6 egyedi genotípust. Összesen 133 allélt amplifikáltak, 7,389 allél/lókus arányban, az allélszám 4 és 11 között mozgott. A 18 specifikus SSR-marker lehetővé tette négy egyedi genotípus klaszterének azonosítását. A markerek hatékonyságát tekintve a CH01D09 és CH01F07a magas diszkriminációs képességgel rendelkeztek. Ezen kívül a CH04E03 alacsony PIC szintet mutatott, ahogyan azt korábban Gasi et al. (2013), Queiroz et al. (2015), Baccichet et al. (2020), Sau et al. (2020) és Bielsa et al. (2021) is megállapították.

### Következtetések

A körte (*Pyrus* sp.) molekuláris vizsgálatai jelentős fejlődésen mentek keresztül az elmúlt néhány évtizedben. A genommet flow citometriás meghatározása óta több mint 30 év telt el, miközben mára számos referenciaterkép is elérhető az egyes fajták esetében, melyek a molekuláris nemesítésben is eredményesen alkalmazhatók. Az első alkalmazott markerek almából származtak, és még ma is széles körben használnak alma markereket a körték vizsgálatában a két faj genomjai között fennálló kolinearitásnak köszönhetően. Összességében több, mint 1000 DNS-alapú markert fejlesztettek, mind a japán és az európai körte esetében. Az ECPGR által 2006-ban ajánlott 17 standard mikroszatellit marker kiválóan bizonyult diverzitás- és fajtaazonosítási vizsgálatokban. Számos tanulmány született génbankok, körte gyűjtemények tételeinek SSR-alapú felméréséről, melyek során eredményesen azonosították az egyező tételeket, meghatározták a genetikai ujjlenyomatokat, fajtaazonosítást végeztek. A kutatási eredmények alapján megállapítható, hogy az SSR-markerek mind a mai napig jól alkalmazhatók a körtefajok különböző vizsgálati céljai során, még a genomszekvencia ismeretében is hasznos eszközt jelentenek, különösképpen a nagyszámú populációkat érintő analízisek során.

### Felhasznált irodalom

1. Arumuganathan, K., and Earle, E.D. 1991. Nuclear DNA Content of Some Important Plant Species. *Plant Mol. Biol. Rep.* 9(3): 208-219. <https://doi.org/10.1007/BF02672069>
2. Baccichet, I., Foria, S., Messina, R., Peccol, E., Losa, A., Fabro, M., Gori, G., Zandigiaco, P., Cipriani, G., Testolin, R. 2020. Genetic and ploidy diversity of pear (*Pyrus* spp.) germplasm of Friuli Venezia Giulia, Italy. *Genet. Resour. Crop Evol.* 67: 83–96, <https://doi.org/10.1007/s10722-019-00856-9>
3. Banno, K., Ishikawa, H., Hamauzu, Y., Tabira, H. 1999. Identification of a RAPD marker linked to the susceptible gene of black spot disease in Japanese pear. *J. Jpn. Soc. Hortic. Sci.* 68: 476–481.
4. Bao, L., Chen, K., Zhang, D., Cao, Y., Yamamoto, T., Teng, Y. 2007. Genetic diversity and similarity of pear (*Pyrus* L.) cultivars native to East Asia revealed by SSR (simple sequence repeat) markers. *Genet. Resour. Crop Evol.* 54:959–971.
5. Bassil, N. V., Postman, J. D., Neou, C. 2005. *Pyrus* microsatellite markers from GenBank sequences. *Acta Hortic.* 671: 289–292. <https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2005.671.41>
6. Bassil, N., Postman, J. D. 2010. Identification of European and Asian pears using EST-SSRs from *Pyrus*. *Genet. Resour. Crop Evol.* 57: 357–370. <https://doi.org/10.1007/s10722-009-9474-7>

7. Bassil, N., J. Postman, K. Hummer, S. Dolan, and L. Lawliss. 2008. Molecular fingerprints identify historic pear trees in two U.S. National Parks. *Acta Hort.* 800: 417–422.
8. Bassil, N., Hummer, K.E., Postman, J. D., Fazio, G., Baldo, A., Armas, I., Williams., R. 2009. Nomenclature and genetic relationships of apples and pears from Terceira Island. *Genet. Resour. Crop Evol.* 56: 339–352.
9. Bell, R.L., Quamme, H.A., Layne, R.E.C., Skirvin, R.M., 1996. Pears. In: Janick, J., Moore, J.N. (eds) *Fruit breeding: Tree and Tropical Fruits*. Wiley, New York, Vol. 1: 441–514
10. Bergonzoni, L., Alessandri, S., Domenichini, C., Dondini, L., Caracciolo, G., Pietrella, M., Baruzzi, G., Tartarini, S. 2023. Characterization of red-fleshed pear accessions from Emilia-Romagna region, *Sci. Hortic.* 312: 111857, ISSN 0304-4238, <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2023.111857>.
11. Bielsa, F. J., Irisarri, P., Errea, P., Pina, A. 2021. Genetic Diversity and Structure of Local Pear Cultivars from Mountainous Areas from Aragon (Northeastern Spain). *Agronomy*, 11(9):1778. <https://doi.org/10.3390/agronomy11091778>
12. Böhm É. I. 1998. A *Pyrus magyarica* Terpó és a *Pyrus x karpatiana* Terpó elkülönítő bélyegei a *Pyrus pyraeaster* BURGSD.-tól. *Kitaibelia, Debrecen* 3(1): 109-111.
13. Brini, W., Mars, M., Hormaza, J.I. 2008. Genetic diversity in local Tunisian pears (*Pyrus communis* L.) studied with SSR markers, *Sci. Hortic.* 115(4): 337-341, ISSN 0304-4238, <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2007.10.012>.
14. Chagné D., Crowhurst, R.N., Pindo, M., Thrimawithana, A., Deng, C., et al., 2014. The Draft Genome Sequence of European Pear (*Pyrus communis* L. ‘Bartlett’). *PLoS ONE* 9(4): e92644. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0092644>
15. Chen, H., Song, Y., Li, L. T., Awais Khan, M., Xiu-Gen, L., Schuyler, S., Jun Wu, K., Zhang, S. L. 2015. Construction of a High-Density Simple Sequence Repeat Consensus Genetic Map for Pear (*Pyrus* spp.). *Plant Mol. Biol. Rep.* 33: 316–325. <https://doi.org/10.1007/s11105-014-0745-x>
16. Collard, B.C.Y., Jahufer, M.Z.Z., Brouwer, J.B., Pang, E. C. 2005. An introduction to markers, quantitative trait loci (QTL) mapping and marker-assisted selection for crop improvement: The basic concepts. *Euphytica* 142 (1-2), 169–196. <https://doi.org/10.1007/s10681-005-1681-5>
17. Erfani, J., Ebadi, A., Abdollahi, H., & Zamani, Z. (2012). Genetic diversity of some pear cultivars and genotypes using simple sequence repeat (SSR) markers. *Plant Molecular Biology Reporter*, 30(5), 1065–1072. <https://doi.org/10.1007/s11105-012-0421-y>
18. Evans, K. M., Fernández-Fernández, N., Bassil, N. A., Nyberg, A., Postman, J. D. 2015 Comparison of accessions from the UK and US National Pear Germplasm Collections with a standardized set of microsatellite markers. *Acta Hort.* 1094: 41–46. <https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2015.1094.2>
19. Fernández-Fernández, F., Harvey, N.G., and James, C. M., 2006. Isolation and characterization of polymorphic microsatellite markers from European pear (*Pyrus communis* L.). *Mol. Ecol. Notes* 6 (4): 1039–1041.
20. Fukuda, S. K., Ishimoto, S., Sato, S., Terakami, T., Yamamoto, T., Hiehata, N. 2014. Genetic mapping of the loquat canker resistance locus in bronze loquat (*Eriobotrya deflexa*). *Tree Genetics & Genomes* 10 (4): 875–883.
21. Ghosh, A. K., Lukens, L. N., Hunter, D.M., Strommer, J. N. 2006. European and Asian Pears: Simple Sequence Repeat-Polyacrylamide Gel Electrophoresis-based Analysis of Commercially Important North American Cultivars. *HortScience*, 41(2): 304-309. <https://doi.org/10.21273/HORTSCI.41.2.304>
22. Gasi, F., Kurtovic, M., Kalamujic, B., Pojskic, N., Grahic, J., Kaiser, C., Meland, M., 2013. Assessment of European pear (*Pyrus communis* L.) genetic resources in Bosnia and Herzegovina using microsatellite markers. *Sci. Hortic.* 157:74-83, ISSN 0304-4238, <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2013.04.017>.
23. Gisbert, A. D. J., Martínez Calvo, G., Llácer, M.L., Badenes M. L., Romero, C. 2009. Development of two loquat [*Eriobotrya japonica* (Thunb.) Lindl.] linkage maps based on AFLPs and SSR markers from different Rosaceae species. *Mol. Breed.* 23: 523–538.



24. Gonai, T., S. Terakami, C., Nishitani, T., Yamamoto, T., Kasumi, M. 2012. Fine mapping of the scab resistance gene of Japanese pear 'Kinchaku' for efficient marker-assisted selection. *Bull. Ibaraki Plant Biotech. Inst.* 12: 27–33.
25. Göndör, J. 2000. A körte fajtahasználata és nemesítése. In: Göndör J. (szerk): Körte. Mezőgazdasági kiadó, Budapest. pp. 102-103.
26. Hemmat, M., Weeden, N.F., Brown, S.K. 2003. Mapping and evaluation of *Malus x domestica* microsatellites in apple and pear. *J. Amer. Soc. Hort. Sci.* 128(4): 515–520. <https://doi.org/10.21273/JASHS.128.4.515>
27. Iketani, H., Abe, K., Yamamoto, T., Kotobuki, K., Sato, Y., Saito, T., Terai, O., Matsuta, N., Hayashi, T. 2001. Mapping of disease-related genes in Japanese pear using a molecular linkage map with RAPD markers. *Breed. Sci.* 51: 179–184. <https://doi.org/10.1270/jsbbs.51.179>
28. Inoue, E.Y., Matsuki, H., Anzai, H., Evans, K. 2007. Isolation and characterization of microsatellite markers in Japanese pear (*Pyrus pyrifolia* Nakai). *Mol. Ecol. Notes* 7(3): 445–447.
29. Jiang, Z., Tang, F., Huang, H., Hu, H., Chen, Q. 2009. Assessment of genetic diversity of Chinese sand pear landraces (*Pyrus pyrifolia* Nakai) using simple sequence repeat markers. *Hort. Sci.* 44:619–626.
30. Katayama, H.S., Adachi, T., Yamamoto, T., Uematsu, C., 2007. A wide range of genetic diversity in pear (*Pyrus ussuriensis* var. *aromatica*) genetic resources from Iwate, Japan revealed by SSR and chloroplast DNA markers. *Genet. Resources Crop Evol.* 54:1573–1585.
31. Kim, Y.K., Won, K.H., Lee, U.Y., Yim, S.H., Shin, I.S., Kang, S.S., Han, J.D., Lee, H.C. 2015. Genetic diversity of Asian and European pear using simple sequenced repeats markers analysis. *Acta Hort.* 1094:67–73
32. Kimura, T., Shi, Y. Z., Shoda, M., Kotobuki, K., Matsuta, N., Ban, T.H.Y., Yamamoto, T. 2002. Identification of asian pear varieties by SSR analysis. *Breed. Sci.* 52:115–121.
33. Kocsisné M. G., Bolla D., Anhalt-Brüderl, C. M. U., Forneck, A., Teller J., Kocsis L. 2020: Genetic diversity and similarity of pear (*Pyrus communis* L.) cultivars in Central Europe revealed by SSR markers. *Crop Evol.* 67:1755-1763.
34. Lear, M., Hunt, D. 1996. Updating the threatened temperate tree list. In: Hunt, D. (ed) *Temperate trees under threat. Pro-ceedings of IDS symposium on the conservation status of temperate trees*, University of Bonn, Germany, 30 Sept–1 Oct 1994. International Dendrological Society, Stanington, 161–171. [https://www.researchgate.net/publication/251170560\\_Pyrus](https://www.researchgate.net/publication/251170560_Pyrus)
35. Liebhard, R. L., Gianfranceschi, B., Koller, C.D., Ryder, R., Tarchini, E., Van De Weg and Gessler C., 2002. Development and characterisation of 140 new microsatellites in apple (*Malus x domestica* Borkh.). *Mol. Breed.* 10: 217–241.
36. Luby, J.J., Shaw, D.V. 2001. Does marker assisted selection make dollars and sense in a fruit breeding program? *HortScience*, 36: 872–879.
37. Miranda, C., Urrestarazu, J., Santesteban, L. G., Royo, J. B., & Urbina, V., 2010. Genetic Diversity and Structure in a Collection of Ancient Spanish Pear Cultivars Assessed by Microsatellite Markers. *Journal of the American Society for Horticultural Science Amer. J., Soc. Hort. Sci.*, 135(5), 428-437. Retrieved Jan 20, 2025, <https://doi.org/10.21273/JASHS.135.5.428>
38. Nyéki J., Szabó T., Soltész M. 2012. Körtefajták vizsgálata génbankokban. *Debreceni Egyetem AGTC Kertészettudományi Intézet.* 11-17. ISBN 978-615-5183-25-6.
39. Nishitani, C., Terakami, S., Sawamura, Y., Takada, N., Yamamoto, T. 2009. Development of novel ESTSSR markers derived from Japanese pear (*Pyrus pyrifolia*). *Breed. Sci.* 59: 391–400.
40. Postman, J. D. 2008. a The USDA quince and pear genebank in Oregon, a world source of fire blight resistance. *Acta Hort.* (793): 357–362. <https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2008.793.53>
41. Postman, J. D. 2008. b World *Pyrus* collection at USDA genebank in Corvallis, Oregon. *Acta Hort.* 800: 527–533. <https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2008.800.69>
42. Potter, D., Eriksson, T., Evans, R.C., Oh, S., Smedmark, J.E.E., Morgan, D.R., Kerr, M., Robertson, K.R., Arsenault, M.P., Dickinson, T.A., Campbell, C.S. 2007. Phylogeny and classification of Rosaceae. *Plant Systematics and Evolution* 266 (1-2): 5–43.

43. Puskás, M., Höfer, M., Sestraš, R.E. et al. Molecular and flow cytometric evaluation of pear (*Pyrus* L.) genetic resources of the German and Romanian national fruit collections. *Genet Resour Crop Evol* 63, 1023–1033 (2016). <https://doi.org/10.1007/s10722-015-0298-3>
44. Queiroz, A., Assunção, A., Ramadas, I., Viegas, W., Veloso, M. M. 2015. Molecular characterization of Portuguese pear landraces (*Pyrus communis* L.) using SSR markers, *Sci. Hort.* 183: 72-76. ISSN 0304-4238, <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2014.11.016>.
45. Santesteban, L.G., Miranda, C., and Royo, J.B., 2009. Assessment of the genetic and phenotypic diversity maintained in apple core collections constructed by using either agro-morphologic or molecular marker data. *Span, J., Agr. Res.*, 7:572–584.
46. Sau, S., Pastore, C., D'hallewin, G., Dondini, L., & Bacchetta, G., 2020. Characterisation of microsatellite loci in Sardinian pears (*Pyrus communis* L. and *P. spinosa* Forssk.). *Sci. Hort.*, 270, 109443. ISSN 0304-4238, <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2020.109443>.
47. Sawamura, Y., Saito, T., Takada, N., Yamamoto, T., Kimura, T., Hayashi, T., and Kotobuki, K., 2004. Identification of parentage of Japanese pear 'Hosui'. *J Japan. Soc. Hort. Sci.* 73:511-518.
48. Schlötterer, C., 2004. The evolution of molecular markers: Just a matter of fashion? *Nat. Rev. Genet.* 5:63–69.
49. Sisko, M., Javornik, B., Siftar, A., and Ivancic, A., 2009. Genetic relationships among Slovenian pears assessed by molecular markers. *J. Amer. Soc. Hort. Sci.* 134:97–108.
50. Soriano, J.M., Romero, C., Vilanova, S., Llacer, G., and Badenes M.L., 2005. Genetic diversity of loquat germplasm (*Eriobotrya japonica* (Thunb.) Lindl.) assessed by SSR markers. *Genome* 48: 108–114.
51. Szulcsán G., Cseke K., Borovics A. 2005. A vadkörték génmegőrzése – fajazonosság és diverzitás meghatározás izoenzim és DNS vizsgálatok segítségével. p. 71-80. In: Alföldi Erdőkert Egyesület Kutatói Nap Tudományos eredmények a gyakorlatban. Alföldi Erdőkert Egyesület, Kecskemét. [https://real-j.mtak.hu/23132/1/AEEKN\\_2005.pdf](https://real-j.mtak.hu/23132/1/AEEKN_2005.pdf)
52. Terakami, S., Adachi, Y., Iketani, H., Sato, Y., Sawamura, Y., Takada, N., Nishitani, C., and Yamamoto, T., 2007. Genetic mapping of genes for susceptibility to black spot disease in Japanese pears. *Genome* 50: 735–741.
53. Terakami, S., Kimura, T., Nishitani, C., Sawamura, Y., Saito, T., Hirabayashi, T., and Yamamoto T., 2009. Genetic linkage map of the Japanese pear 'Hosui' identifying three homozygous genomic regions. *J. Japan. Soc. Hort. Sci.* 78: 417–424.
54. Terakami, S., Shoda, M., Adachi, Y., Gonai, T., Kasumi, M., Sawamura, Y., Iketani, H., Kotobuki, K., Patocchi, A., Gessler, C., et al. 2006. Genetic mapping of the pear scab resistance gene Vnk of Japanese pear cultivar Kinchaku. *Theor. Appl. Genet.* 113: 743–752.
55. Terpó A. 1960. Magyarország vadkörtéi (Pyri Hungariae). *Kertészeti és Szőlészeti Főiskola Évkönyve* 22(2): 1–258.
56. Tobutt, K. R., Evans, K. M., 2006. ECPGR Fruit Network – Microsatellite Workshop. *Biodiversity Newsletter for Europe* 34. <http://archiveecpgr.cgiar.org/fileadmin/www.ecpgr.cgiar.org/NEWSLETTEWR/NewsLetter%20n34%208.pdf>
57. Van Nocker, S. and Gardiner, S. E. 2014. Breeding better cultivars, faster: applications of new technologies for the rapid deployment of superior horticultural tree crops. *Hortic. Res.* 1: 14022. doi10.1038/hortres.2014.22
58. Volk, G. M., Richards, C.M., Henk, A.D., Rillery, A.A. 2006. Diversity of wild *Pyrus communis* based on microsatellite analyses. *J. Am. Soc. Hortic. Sci.* 131: 408–417. <https://doi.org/10.21273/JASHS.131.3.408>
59. Wünsch, A., Hormaza, J. I., 2002. Cultivar identification and genetic fingerprinting of temperate fruit tree species using DNA marker. *Euphytica* 125, 59-67.
60. Wünsch, A., Hormaza, J. I. 2007. Characterization of variability and genetic similarity of European pear using microsatellite loci developed in apple. *Sci. Hort.* 113:37–43.
61. Xuan, H., 2006. Identification of heritage apple cultivars at KOB by SSR primers. 27th International Horticultural Congress. 13–19th August. 2006, Seoul, South Korea.

62. Xuan, H., 2008. Identifying european pear (*Pyrus communis* L.) cultivars at the KOB by using apple SSRs. Acta Hort. 800:439–445. <https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2008.800.55>
63. Yamamoto, T., Kimura, T., Saito, T., Kotobuki, K., Matsuta, N., Liebhard, R., Gessler, C., van de Weg, W.E., and Hayashi, T., 2004. Genetic linkage maps of Japanese and European pears aligned to the apple consensus map. Acta Hort. 663: 51–56.
64. Yamamoto, T., Kimura, T., Sawamura, Y., Kotobuki, K., Ban, Y., Hayashi, T., and Matsuta, N., 2001. SSRs isolated from apple can identify polymorphism and genetic diversity in pear. Theor. Appl. Genet. 102: 865–870.
65. Yamamoto, T., Kimura, T., Shoda, M., Ban, Y., Hayashi, T., and Matsuta, N., 2002. a. Development of microsatellite markers in the japanese pear (*Pyrus pyrifolia* Nakai). Mol. Ecol. Notes 2:14–16.
66. Yamamoto, T., Kimura, T., Sawamura, Y., Manabe, T., Kotobuki, K., Hayashi, T., Ban, Y., and Matsuta, N., 2002. b. Simple sequence repeats for genetic analysis in pear. Euphytica 124:129–137.
67. Yamamoto, T., Kimura, T., Shoda, M., Imai, T., Saito, T., Sawamura, Y., Kotobuki, K., Hayashi, T. and Matsuta, N., 2002. c Genetic linkage maps constructed by using an interspecific cross between Japanese and European pears. Theor. Appl. Genet. 106: 9–18.
68. Yamamoto, T., Kimura, T., Terakami, S., Nishitani, C., Sawamura, Y., Saito, T., Kotobuki, K., and Hayashi, T., 2007. Integrated reference genetic linkage maps of pear based on SSR and AFLP markers. Breed. Sci. 57: 321–329.
69. Yamamoto, T., Mochida, K., and Hayashi T., 2003. Shanhai Suimitsuto, one of the origins of Japanese peach cultivars. J. Japan. Soc. Hort. Sci. 72: 116–121.
70. Zhang, M.Y., Fan, L., Liu, Q.Z., Song, Y., Wei, S.W., Zhang, S.L., and Wu, J., 2014. A novel set of ESTderived SSR markers for pear and crossspecies transferability in Rosaceae. Plant Mol. Biol. Rep. 32: 290–302.

### Szerzők:

**Gyurkó Adrienn**- osztályvezető, Nemzeti Biodiverzitás- és Génmegőrzési Központ, Növények Génmegőrző Intézete, Gyümölcstermő Növények Osztálya, 2766 Tápiószéle Külső mező 15. PhD hallgató, Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Genetika és Biotechnológia Intézet, Növénybiotechnológia Tanszék, Kertészeti Növénygenetika csoport, 1118 Budapest, Villányi út 29-43.

**Király Ildikó**- PhD, egyetemi docens, Neumann János Egyetem, Kertészeti- és vidékfejlesztési Kar. 6000 Kecskemét Izsáki út 10.

**Baktay Borbála**- PhD, főigazgató, Nemzeti Biodiverzitás- és Génmegőrzési Központ, 2766 Tápiószéle Külső mező 15.

**Halász Júlia**- DSc, egyetemi tanár, Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Genetika és Biotechnológia Intézet, Növénybiotechnológia Tanszék, Kertészeti Növénygenetika csoport, 1118 Budapest, Villányi út 29-43.