

Nyári László:

Házi berkenye (*Sorbus domestica* L.) és
barkócaberkenye (*Sorbus torminalis* (L.) Crantz)
populációk génmegőrzése
a Magyar-középhegységben

„Roth Gyula” Erdészeti és Vadgazdálkodási
Tudományok Doktori Iskola
Erdészeti tudomány doktori program
Erdei ökoszisztémák ökológiája és diverzitása alprogram

Nyugat-Magyarországi Egyetem
Erdőmérnöki Kar
Környezettudományi Intézet

Témavezető:
Dr. Mátyás Csaba D. Sc.

Házi berkenye (*Sorbus domestica* L.) és
barkócaberkenye (*Sorbus torminalis* (L.) Crantz)
populációk génmegőrzése a Magyar-középhegységben

értekezés doktori (Ph.D.) fokozat elnyerése érdekében,

a Nyugat-Magyarországi Egyetem, „Roth Gyula” Erdészeti és Vadgazdálkodási
Tudományok. Doktori Iskolája erdészeti tudomány doktori programjához tartozóan.

Írta:
Nyári László

Témavezető: Dr. Mátyás Csaba D.Sc.

Elfogadásra javaslom (igen / nem)

(aláírás)

A jelölt a doktori szigorlaton % -ot ért el,

Sopron,

.....
a Szigorlati Bizottság elnöke

Az értekezést bírálóként elfogadásra javaslom (igen /nem)

Első bíráló (Dr.) igen /nem

(aláírás)

Második bíráló (Dr.) igen /nem

(aláírás)

(Esetleg harmadik bíráló (Dr.) igen /nem

(aláírás)

A jelölt az értekezés nyilvános vitáján.....% - ot ért el

Sopron,

.....
a Bírálóbizottság elnöke

A doktori (PhD) oklevél minősítése.....

.....
Az EDT elnöke

Tartalomjegyzék:

1.	Bevezetés.....	1
2.	Az erdei fás növények génmegőrzés	3
2.1	A génmegőrzés nemzetközi háttere.....	3
2.2	Az erdészeti génmegőrzés hazai kialakulása.....	5
2.3	A génmegőrzés céljai.....	8
2.4	A populáció géndiverzitásának fenntartását befolyásoló tényezők.....	9
2.5	Génmegőrzési módszerek.....	13
2.5.1	Statikus megőrzési eljárások (<i>ex situ</i> gyűjtemények).....	13
2.5.2	Dinamikus génmegőrzés.....	13
2.6	Génmegőrzés <i>ex situ</i> ültetvényekben.....	14
2.7	Génmegőrzés <i>in situ</i> (eredeti termőhelyen ill. helyszínen).....	15
2.7.1	Génrezervátumok – mint a genetikai erőforrások <i>in situ</i> (helybeni) megőrzésének eszközei.....	17
3.	A nemes lombos elegyfajok génmegőrzésének eszközrendszere.....	20
3.1	Ritkaság és veszélyeztetettség kérdése az elegyfajok esetében.....	21
3.2	A nemes lombos elegyfajok <i>in situ</i> megőrzésének módszerei.....	23
3.3	A berkenye fajok szaporodásbiológiája.....	27
4.	A házi és barkócaberkenye etnobotanikai, kultúr- és erdészettörténeti háttere.....	30
5.	A barkócaberkenye (<i>Sorbus torminalis</i> (L.) Crantz) jellemzése.....	38
5.1	A barkócaberkenye elterjedése.....	38
5.2	A barkócaberkenye termőhelyi igénye, társulásai.....	39
5.3	A barkócaberkenye erdőművelési tulajdonságai és növekedése.....	40
5.5	A barkócaberkenye taxonómiai változatossága.....	44
6.	A házi berkenye (<i>Sorbus domestica</i> L.) jellemzése.....	47
6.1	A házi berkenye elterjedése.....	47
6.2	A házi berkenye változatossága.....	49
7.	Az alkalmazott laboratóriumi vizsgálatok elvi háttere.....	50
7.1	Az izoenzimatisz vizsgálatok	51
7.2	A DNS markerek vizsgálatai.....	51
8.	Anyag és módszer	55
8.1	Kiindulási növényanyag	55
8.1.1	Barkócaberkenye a Dunántúli –középhegységben.....	55
8.1.2	Házi berkenye a Zempléni-hegységben és a Dunazug-hegység keleti részén	59
8.2.1	Az izoenzimatisz vizsgálatok.....	62
8.2.2	A DNS markerek vizsgálatai.....	65
9.	Vizsgálati eredmények.....	71
9.1	A barkócaberkenye (<i>S. torminalis</i>) izoenzimatisz vizsgálatának eredményei....	71
9.2	A barkócaberkenye (<i>S. torminalis</i>) kloroplaszt-DNS és sejtmagi genetikai diverzitás (RAPD) vizsgálati eredményei.....	79
9.2.1	A barkócaberkenye kloroplaszt-DNS vizsgálati eredményei.....	79

9.2.2	A barkócaberkenye sejtmagi genetikai diverzitás (RAPD) vizsgálati eredményei	83
9.3	A házi berkenye (<i>S. domestica</i>) kloroplaszt-DNS és sejtmagi genetikai diverzitás (RAPD) vizsgálati eredményei.....	84
9.3.1	A házi berkenye kloroplaszt-DNS vizsgálati eredményei.....	84
9.3.2	A házi berkenye sejtmagi genetikai diverzitás (RAPD) vizsgálati eredményei....	91
10.	Összefoglalás.....	95
11.	Az értekezés tézisei.....	100
12.	Köszönetnyilvánítás.....	102
13.	Irodalomjegyzék.....	103
14.	Melléletek.....	111
I. melléklet:	Barkócaberkenye (<i>Sorbus torminalis</i>) vizsgálati növényanyag a Dunántúli-középhegységben (BABE Dunántúl I. klónösszeállítás és kontrol).....	111
II/a melléklet:	A Zempléni – hegység fojtós (házi) berkenye (<i>Sorbus domestica</i>) törzsfái.....	114
II/a melléklet:	Fojtós berkenye (<i>Sorbus domestica</i>) előfordulási helyek a Zempléni-hegységben (térképmelléklet).....	117
III/a melléklet:	A Dunazug – hegység keleti részének fojtós (házi) berkenye (<i>Sorbus domestica</i>) törzsfái.....	118
III/b melléklet:	Fojtós berkenye (<i>Sorbus domestica</i>) előfordulási helyek a Dunazug-hegységben (térképmelléklet).....	120

2. Az erdei fás növények génmegőrzése

2.1 A génmegőrzés nemzetközi háttere

Az ENSZ Környezetvédelmi Programja készítette elő az 1992-ben megtartott „Környezet és Fejlődés” elnevezésű környezetvédelmi világértekezletet. A konferencia fontos és nagy vitát kiváltó témája volt a biológiai sokféleség megőrzése, a biológiai erőforrások védelme. Az Országgyűlés a Rio de Janeiróban, 1992. június 13-án aláírt Biológiai Sokféleség Egyezményt az 1995. évi LXXXI. törvénnyel kihirdette.

A konferenciája ugyan nem hozott áttörést az erdészet területén, legalábbis a tekintetben nem, hogy nem tudott az egész világon elfogadott választ adni a globális kihívásokra, mégis mérföldkőnek tekintendő a fenntartható gazdálkodás minden eddiginél átfogóbb megfogalmazásában, illetőleg a XXI. Század Feladatai (Agenda 21), valamint az Erdészeti Alapelvek (Forest Principles), e joghatással nem bíró nemzetközi megállapodás elfogadásával (CSÓKA és SOMOGYI, 2000).

A biodiverzitás egyezmény keretében a küldöttek nem kötelező érvényű nyilatkozatot fogadtak el a fenntartható erdőgazdálkodás elveiről (Forest Principles), amelyben azt ajánlják, hogy az országok mérjék fel a gazdasági fejlődés környezeti hatását erdeikre, és ennek okán hozzanak egy- vagy többoldalú intézkedéseket a káros hatások csökkentésére.

A riói „Föld Csúcs” által megfogalmazott célkitűzésekhez és programokhoz kapcsolódóan életre hívást nyert az "Európai Erdők Védelme Miniszteri Konferencia" ("Ministerial Conference on the Protection of Forests in Europe — MCPFE") elnevezésű magas szintű politikai kezdeményezés, melyet hozzávetőleg 40 európai állam (beleértve az Európai Közösséget), valamint 13 nem európai állam, továbbá nemzetközi szervezetek azon szándékkal hoztak létre, hogy a közös lehetőségekre és veszélyekre felkészüljenek az erdők, valamint az erdőgazdálkodás vonatkozásában.

A miniszteri konferenciákat 1990-ben Strassbourgban, 1993-ban Helsinkiben, 1998-ban Lisszabonban és 2003-ban Bécsben tartották tartották, ami egyben visszatükrözi az európai erdők sorsát kísérő magas fokú politikai figyelmet. A miniszteri konferenciák közötti időszakokban szakértői szintű találkozókat hívtak egybe; amelyekben az MCPFE európai aláíró országai, az Európai Közösség, valamint a megfigyelő országok és szervezetek is képviseltették magukat.

A „Miniszteri Konferenciák határozatai között megjelenik a biológiai diverzitás illetve, valamint ezen belül a genetikai diverzitás megőrzésének kérdésköre is: a 2. strassbourgi határozat (S2) „Az erdei génekészletek megőrzése” céljából került elfogadásra.

A 2. strassbourgi határozatban a 31 ratifikáló ország megfogalmazta: „...egy funkcionális, de önkéntes nemzetközi együttműködési lehetőséget kell létrehozni a meglévő intézményi keretek felhasználásával, annak érdekében, hogy elősegítsük és koordináljuk 1. az in situ és ex situ génmegőrzési módszerek alkalmazását, 2. a szaporítóanyagok cseréjét, valamint az elért előrehaladás ellenőrzését” (Forrás: ARBEZ, 1998).

GEBUREK (1998) az erdészeti genetikai erőforrások megőrzésének szakmapolitikai eszközének tekinti még az „S4 A hegyvidéki erdők kezelési módjának adaptálása a környezeti viszonyokhoz”, valamint az „S6 Európai hálózat az erdei ökoszisztémák kutatására” határozatokat is. Mindezeket azért látja szükségesnek, mivel egy-egy ökoszisztéma anyag és energiaforgalmának tartamosságában az alkalmazkodottság és alkalmazkodóképesség egyaránt szerepet játszik. Mindezen tulajdonságokról az örökítőanyag szolgáltat

információkat, amely egyfajta genetikai rendszerbe rendeződve adott térben és időben egymásnak komplementer populációk életközösségeiként nyilvánul meg.

A Helsinkiben (1993) elfogadott zárónyilatkozat és a négy helsinki határozat visszatükrözi a globális környezeti kérdésekkel kapcsolatos európai álláspontot; ezek ui. támogatják a *tartamos* erdőgazdálkodást, a biológiai diverzitás megőrzését, stratégiákat javasolnak az erdészeti ágazat számára a lehetséges klímaváltozás, ill. az átmeneti gazdaságú országokkal a növekvő együttműködés kapcsán.

A helsinki határozatok különböző mértékben bár, de továbbra is érintik a génmegőrzés kérdéskörét. A génmegőrzési célú állományok pl. a tartamos erdőgazdálkodás egyik indikátoraiként neveztetnek meg (H1 „Az európai erdők tartamos erdőgazdálkodásának általános irányelvei Európában”). A H2 határozat „Az európai erdők biológiai sokfélesége megőrzésének általános irányelvei”, valamint a H4 határozat „Stratégiák az európai erdők klímaváltozáshoz történő hosszútávú alkalmazkodásának folyamatához” illetőleg az erdészeti génmegőrzés célkitűzései között feltétlen kapcsolat van (TUROK, 1998).

A Lisszabonban tartott Harmadik Miniszteri Konferencián jelentős figyelmet fordítottak a tartamos erdőgazdálkodás szocio-ökonómiai kérdéseire, kiemelve az erdő és társadalom közötti kapcsolatot és kölcsönhatást, illetve elfogadták az MCPFE munkaprogramját (MAYER, 2000).

E helyen szükséges kitérni azon tudományos disputa elvi kérdéseire, melyek az angol szaknyelvben használt „sustainability” fogalom értelmezésével kapcsolatban a hazai interpretációk meghatározásában / megfogalmazásában mutatkozó eltérésekre vonatkoznak. A *tartamosság* régi erdészeti műszó. Első explicit megfogalmazása és definiálása majdnem háromszáz éves (CARLOWITZ, 1713, cit. in. MÁTYÁS, 1994). A XVIII-XIX századi megfogalmazásokban a tartamosság a fahasználatra, a fahozamra vonatkozik. A fahozam tartamosságának viszont minimumfeltétele az, hogy a - tömegben, ill. köbméterben kifejezett - fatermés tartamos legyen. A XIX század végén a tartamosság fogalma kibővült, és a fahozamon kívül már a gazdálkodás (pénzügyi) járadékának a tartósságát is jelenti. Az erdő „három funkciójának”, később „sokoldalú hasznosításának” megfogalmazása értelmezhető ezen funkciók tartamosságának a biztosításaként. MÁTYÁS (1994) és mások a tartamosság fogalmába a fentiekén kívül beleértik az önfenntartó ökoszisztémák létének biztosítását is. Eszerint a szemlélet szerint a tartamosság fogalma olyan fejlődésen ment keresztül, amely ma már valamennyi, a modern társadalom által elvárt igényt megfogalmazza az erdőgazdálkodással szemben.

CSÓKA és SOMOGYI (2000) megközelítése szerint a tartamosságot és a fenntarthatóságot azért érdemes és szükséges elkülöníteni, mert amíg a tartamossággal kapcsolatban igenis kedvező, sikeres tapasztalatokról tud az erdőgazdálkodás beszámolni: sikerült elérni a tartamos fahozamot, sőt sikerült azt jelentősen fokozni; viszont számos erdőjellemző nem bizonyult fenntarthatónak. Ilyen pl. az, amikor őshonos fafajt idegenhonos fajjal váltottak le: a köbméterben mért faanyag-termelődés ebben az esetben tartamos, azonban az erdő szerkezete, biodiverzitása, a helyi viszonyokhoz alkalmazkodott genetikai anyag fennmaradása nem biztosított.

A legelfogadottabb meghatározás szerint a gazdálkodás, ill. a fejlődés akkor fenntartható, ha “kielégíti a mai igényeket anélkül, hogy csökkentené későbbi generációk lehetőségeit a saját igényeik kielégítésére” (WORLD COMMISSION ON ENVIRONMENT AND DEVELOPMENT 1987).

Az erdei génkészletek megőrzését célzó S2 határozat gyakorlati átültetésére egy nemzetközi koordináló szervezet megalapítására történt javaslatétel, mely szándék Helsinkiben jóváhagyásra került. Ennek révén indul el az „Európai Génkészletekért Program” (European Forest Genetic Resources Programme - EUFORGEN). Az ENSZ Élelmezésügyi Világszervezete (Food and Agriculture Organization of the United Nations – FAO) és a Növénygenetikai Erőforrások Nemzetközi Intézete (International Plant Genetic Resources Institute - IPGRI) az európai erdők védelmének programjában tevékenyen részt vesz. Így az EUFORGEN programok az IPGRI és a FAO technikai koordinálásával működnek, a finanszírozást a résztvevő államok hozzájárulása biztosítja (TUROK, 1998).

A szervezet első ülésén, amelyre 1995-ben, Sopronban került sor lefektették a működés főbb alapelveit és a fő munkaterületeket. Az EUFORGEN Hálózatos együttműködés formájában tevékenykedik, néhány fafajcsoportra koncentrálva, amelyben a közreműködő európai országok főként fafajpreferenciáik alapján csatlakoznak. A jelenleg működő öt munkacsoport a fekete és fehér nyár, a fenyők, a mediterrán tölgyek, az értékes elegyfajok (noble hardwoods), valamint a bükk és tölgy (social broadleaves) hálózat (MÁTYÁS, 2002).

A génmegőréssel kapcsolatos iniciatívák felerősödése Európában a környezeti terhelések hatásra bekövetkező erdőkárok okán erősödött fel. Ennek következtében az egyes európai országokban már a 80-as évek közepén génmegőrzési programokat kezdeményeztek (WEISBERGER et al, 1985; BUND-LÄNDER-ARBEITSGRUPPE "ERHALTUNG FORSTLICHER GENRESSOURCEN" 1989).

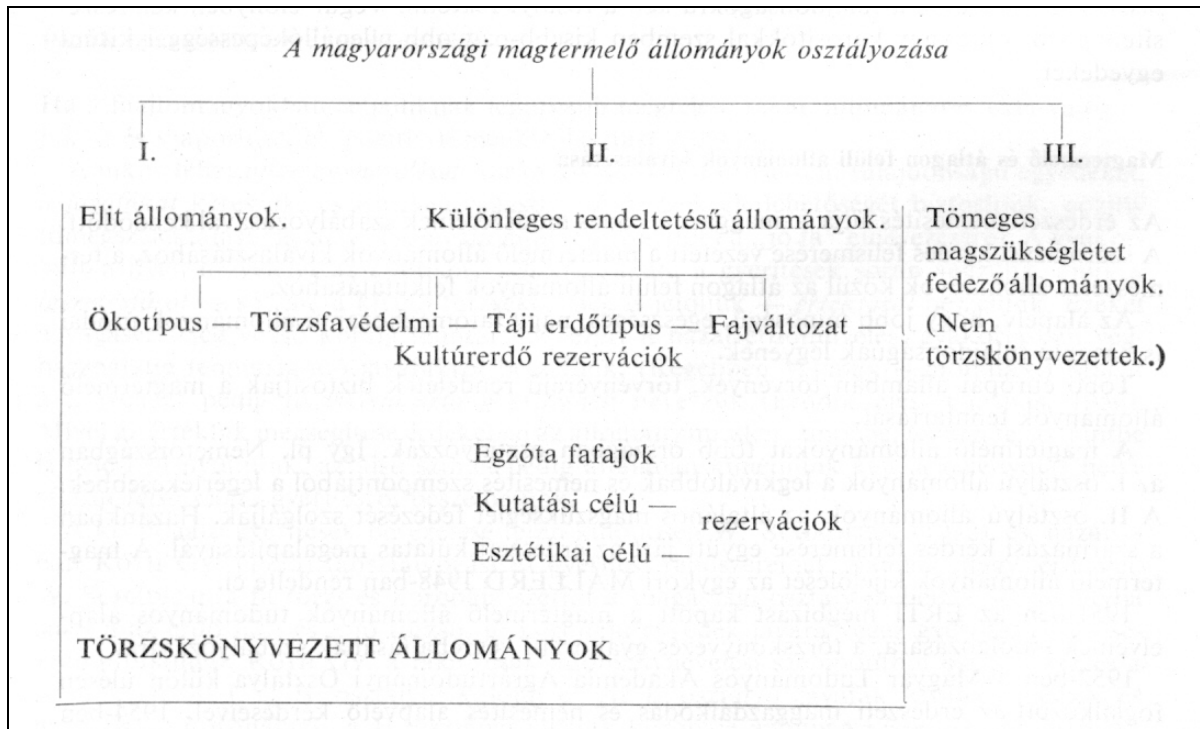
Az 1995-ös „soproni határozatok”, melyek a Rio de Janeiro-i Föld Csúcs és a Növényi Genetiki Erőforrások Világkonferencia tapasztalatai alapján európai szintű együttműködés megvalósítását tartja kívánatosnak az alábbi pontokban:

- Az EUFORGEN szervezetnek a globális génmegőrzési program európai koordinátorává kell válnia az erdészet területén, együttműködésben más nemzetközi szervezetekkel (FAO, IUFRO);
- Minden európai országnak ki kell dolgoznia erdészeti genetikai erőforrásainak megőrzésére vonatkozó stratégiáját;
- A nemzeti stratégiákba bele kell foglalni az országok által közösen elhatározott teendőket;
- Összhangba kell hozni a tartamos gazdálkodás, az in situ génmegőrzés és a természetvédelmi oltalom alatt álló területek kezelésének elveit és gyakorlatát;
- A genetikai erőforrások védelme elvét a lehető legnagyobb mértékben érvényesíteni kell az erdőművelésben és az erdőgazdálkodás szabályzóiban;
- Mivel az erdészeti génmegőrzés hatásos megoldásának egyik akadálya az ismeretek hiánya, az erdészeti genetikai kutatások nemzetközi koordinálása, az erdészeti szaporítóanyag-források genetikai leltározása, az erdőművelési eljárások fejlesztése elősegítendő;
- Megfelelő képviseletet igényel az erdészeti érdekek megjelenítése a nemzetközi biodiverzitás-védelmi tanácskozásokon;
- Az erdészeti genetika oktatását, továbbképző szaktanfolyamok tartását, és a célok minél szélesebb körű nyilvánosságra hozását szorgalmazni kell (Forrás: TUROK et al, 1998).

2.2 Az erdészeti génmegőrzés hazai kialakulása

Hazánk ökológiai adottságaihoz alkalmazkodott természetes erdők ökoszisztémái őrzik legjobban erdeink génkészletét. Az erdei ökoszisztémákban megtettesülő kiváló genetikai tulajdonságok megmentése volt a célja annak a II. világháború utáni megmozdulásnak is, amely több ezer hektárnyi, a fatermesztést kiválóan szolgáló természetes és mesterséges erdőt állított a magtermelés szolgálatába. Több évtizeddel ezelőtt kezdték meg hazánkban a rendelkezésre álló erdei génanyag számbavételét, megismerését, nemesítési célú felhasználását.

I. ábra. A magyarországi magtermelő állományok osztályozása. Forrás: MÁTYÁS V. (1963).



Az 1948-ban indult munka fő szempontja a magszükséglet biztosításának fedezése volt. 1959-ben a megváltozott felfogás szerint a magtermelő állományok kijelölését elsősorban genetikai alapelvek szerint kellett végrehajtani (MÁTYÁS V; 1968). A törzskönyvezés elsősorban a kiváló fajváltozatok, ökotípusok stb. biztosítását szolgálta a jövőbeni nemesítői munka számára. A legkiválóbb elit mag ezekben az állományokban gyűjthető be, és azt különleges génrezerváció jellegű utódállományok létrehozására tervezték felhasználni. A génállomány megőrzése, a nemesítési kiindulási anyag állományokban, populációkban való fenntartásának igénye tehát már 1968-ban felmerült, megelőzve a legtöbb európai országot.

A MÉM Erdőrendezési Főosztálya „Környezetvédelem” (szerk. SZABÓ, 1975) c. kiadványában is megjelenik a génrezerváció fogalma. Kiemelendők a következő megállapítások:

- „Az eddigi ismeretanyag szerint a fás növények génrezervációit az areán belül természetes populációkban kell kiválasztani, de az erdészeti nemesítés számára a jövőben nem a faj, fajta, hanem az ökotípusok populációi lesznek az alapegységek.”
- „A magyar génbank kérdésmúltját a magtermelő állományok, a fajtagyűjtemények és klónarchívumok képviselik. A magtermelő állományok gyakorlatilag fatermesztési célú génforrások. Ezek kijelölése, kezelése 1948-ban kezdődött, és 1964-re 3027 ha tűlevelű és 7981 ha lomblevelű kijelölt, felülvizsgált és törzskönyvezett magtermelő állománnyal rendelkezünk.”

- „Az 1965-ös felülvizsgálat hatására 2352 ha lomb és 381 ha fenyő magtermelő állomány maradt meg, melyek feltétlenül a hazai génrezerváció vázát jelentik.”
- „Ezek az állományok csak részben elégítik ki a génrezervátumok mai követelményeit. A kelleténél nagyobb mértékben szerepelnek bennük származék- és kulturállományok (vöröstölgyes, akácos, erdeifenyves), sok megőrzendő fafaj hiányzik, mások aránytalan kis területtel (cseres, molyhos tölgyes, hazai nyáras) kerültek kiválasztásra.”

A fentiekben vázolt megközelítésben több szempontrendszer jelenik meg: egyrészt a „klasszikus” magtermelő állomány, másrészt az autochton/adaptált populációkra koncentráló konzervációbiológia, harmadrészt pedig a géngyűjtemények, (gyűjteményes kertek) gondolati háttéréből táplálkozó honosítói, nemesítói megfontolások. A génmegőrzés jelenlegi, hazai alapvetése megőrizte e gondolatiságot, de prioritást adott a génkészlet-központú kezelés/gazdálkodás dinamikus génmegőrzési módszereinek, melynek végső célja a fajok adaptációs képességének megőrzése.

SZODFRIDT, 1979-es írásában a magyarországi bükkösök génkészletének megőrzéséről és hasznosításáról az alábbiakat írja: „a védetté nyilvánított állományok génkészletének megőrzéséhez jól átgondolt kezelési előírások szükségesek, amelyek nem zárják ki sem a vágásokat, sem a védett állomány magjáról nevelt csemeték esetleges kiültetését; sem más, a célt jól szolgáló rendszabályok alkalmazását. Ha tehát megelégszünk a védetté nyilvánítás tényével, akkor a kiválasztott állományok génrezervációnkénti hasznosítása is kérdésessé válhat. Az ökoszisztémák kiválasztott génrezervációinak leírását a területen ható legfontosabb ökológiai tényezők meghatározásával, a termőhely felvételével, a vegetáció leírásával, a faállomány mennyiségi és minőségi jellemzőinek felvételével végezhetjük. A génrezervációk (magtermelő állományok) korábban a fák egyes alakja, jó növekedési tulajdonságai, és szemmel könnyen megítélhető jellegei voltak az alapjai. Ezt a szubjektív megítélésre alapozott megoldást fel kell váltanunk a faállomány mennyiségi jellemzőinek eddig is végzett számszerű felvételén kívül a fontosabb minőségi tulajdonságok egzakt és a megítélést végző személytől független értékeléssel. Csakis ezen az úton lehet a faállomány génanyagát jellemezni, egyes állományok kiválasztását egyéni megítéléstől mentessé tenni.”

Az erdei fafajok genetikai jellegzetességeinek és a genetikai erőforrások állapotának hiányos ismerete miatt azonban az elmúlt évtizedekben hatékony - és kifejezetten génmegőrzésre irányuló - módszerek alkalmazására a nemesítés tevékenységi körén kívül csak korlátozottan kerülhetett sor. A nyolcvanas évek elejére kialakult - mai szemmel teljesen korszerűnek tekinthető - génmegőrzési koncepció részletes ismertetése TOMPA és SZIKLAI (1981): Erdészeti növénynemesítés c. könyvében található (p. 91-94).

A hatósági eljárás és nyilvántartás során magtermelő állományokon belül egy külön kategóriát különítettek el, amely elsődlegesen génmegőrzési célokat szolgált. A DANSZKY (1984) által kiadott „Eljárási Szabályzat” magtermelő állományokra érvényes megfogalmazása szerint:

„2.2.4. (MÁ_G) Génrezervátumból szelektált magtermelő állományról akkor beszélünk, ha a génrezerváció kataszterében szereplő erdőrésztetekre a magtermelés elsődlegessége kimondható. Ezen értékes génanyagot hordozó faállományok kezelési utasításainak meghatározásánál az OKTH előírásait is figyelembe kell venni. Ezekben az állományokban a vegyszerezés, műtrágyázás, erőteljes belenyúlás, cserjeirtás talajápolás általában tilos. Adott esetben az egyes műveletek csak olyan mértékben írhatóak elő, amennyiben ezt természetvédelmi előírások lehetővé teszik.”

Megállapítható tehát, hogy az erdészeti génrezervátumok létrehozásának gondolata, az erdészeti génmegőrzés gondolatisága több mint négy évtizedes múltra tekint vissza hazánkban. A megfelelő végrehajtást a jogi feltételek rendezetlensége és a nemzetközi keretek elégtelensége akadályozta meg.

A Biológiai Sokféleség Egyezmény (1992 Rio) az 1995. évi LXXXI. törvénnyel hazánkban is kihirdetésre került. Az ehhez csatlakozó, a földművelésügyi miniszter 92/1997. (XI.28.) FM rendeletében amely a növényi genetikai anyagok megőrzéséről és felhasználásáról rendelkezik a nemzetközi együttműködés metodikai szabványainak honi alkalmazásáról, a haszonnövények génforrásainak megőrzéséről, a megőrzés módjáról, a Növényi Génbank Tanács és munkabizottságai létrehozásáról, valamint a génrezervátum erdőállományok kijelöléséről és fenntartásáról.

Az Növényi Génbank Tanács Erdészeti Munkabizottságának megalakulására 1996. szeptember 20-án, Sárváron került sor. A Bizottság összeállította a génmegőrzés szempontjából számottevő fafajok listáját, és megállapította a fajok konzervációs munkáinak sürgősségét. Munkanyagként ugyanitt elkészült egy lista a közeljövő legfontosabbnak és legsürgősebbnek ítélt feladatairól. Alapvetően ide tartozik a genetikai érdekek és értékek hatékonyabb közvetítése, de szükségesnek tartották egy hosszabbtávú nemzeti erdészeti génmegőrzési program kidolgozását is (BORDÁCS és MÁTYÁS 1997; MÁTYÁS, 1998; MÁTYÁS, 1999/a).

2.3 A génmegőrzés céljai

A génmegőrzés általános célja az erdei fás növények tekintetében a genetikai változatosság, az alkalmazkodóképesség, tágabb értelemben az evolúciós képesség fenntartása, amely a fajok és populációk hosszú távú fennmaradásának lényeges előfeltétele, illetőleg a genetikai erőforrások védelme. Egy adott faj *genetikai erőforrásai* alatt mindazokat a növényanyagokat, (természetes előfordulásokat, mesterségesen létrehozott ültetvényeket és gyűjteményeket értjük) amelyek aktuálisan vagy potenciálisan hasznos genetikai információt hordoznak, ezért védelmük ökonómiai vagy ökológiai okokból, vagy egyszerűen a faji genetikai diverzitás fenntartása miatt szükségesnek látszik (MÁTYÁS, 1998).

Gazdaságilag előnyös tulajdonságok megőrzése

Bizonyos egyedek, populációk ilyen célú kiválasztását a pillanatnyi gazdasági érdekek és szükségletek erősen befolyásolják. A döntés tehát a múltbeli, illetve jelenkori szempontok alkalmazásán alapul. Jelen pillanatban a gazdasági fafajokat érintő génmegőrzés céljait eszerint értelmezzük még (tehát a legjobb magtermelő állományokat, a legszebb, kedvező termesztési-műszaki tulajdonságokkal rendelkező egyedeket stb. védjük). Máskülönben ide tartoznak azok az indokok is, amelyek szerint a genetikai diverzitás fenntartása olyan tulajdonságok, gének megőrzését is szolgálja, amelyek napjainkban még érdektelenek, közömbösek, illetőleg nem ismertek, de a jövőben kiaknázzhatóvá válhatnak (pl. gyógyszerhatóanyagokként) MÁTYÁS (1998).

Az alkalmazkodóképesség megőrzése

A fajok hosszú távú fennmaradásának előfeltétele a genetikai változatosság, a diverzitás megőrzése — mivel változó környezeti feltételek mellett az alkalmazkodás csak akkor lehet eredményes, ha kellően változatos genotípusok kínálatára támaszkodhat. Emellett a diverzitás bizonyos mértékű biztosítékot jelent a patogének, rovar- és más fogyasztó szervezetek túlszaporodásával és mértéktelen károsításával szemben (MÁTYÁS, 1998). Ezen

alkalmazkodóképesség az egyes származások fenológiai (lombfakadás, virágzás) magatartását illetően, valamint tápanyag-felvételi dinamikáját összevetve markánsan megfigyelhető, illetőleg kimutatható (NYÁRI és MÁTYÁS, 2000).

A génmegőrzésben prioritást kell kapjanak az alkalmazkodóképességet közvetlenül befolyásoló, ún. *adaptív tulajdonságok*. Az alkalmazkodóképesség (*adaptabilitás*) olyan genetikai szinten értelmezett fogalom, amely az egyed vagy populáció azon képességét jelenti, hogy fitnessét új, előre nem látható feltételek mellett is képes tartani. Mértékét azon egyedek aránya határozza meg, amelyek genetikai tulajdonságuk révén képesek megfelelően alkalmazkodni. Populáció szinten az alkalmazkodás a genotípusok, illetőleg allélok gyakoriságváltozásával jár: ez a genetikai adaptáció. (MÁTYÁS, 2002).

Meglehetősen vitatott az ún. ritka allélok fontossága is. Kérdésként merül fel: szükséges-e figyelembe venni a populációban alacsony (< 1 %) gyakorisággal előforduló allélokat a génmegőrzési módszerek kidolgozásánál? Általában feltételezik, hogy ilyen csekély gyakoriság mellett nem lehet jelentős szerepük és hatásuk a populáció fennmaradására (MÁTYÁS, 1998).

A populációkban zajló spontán genetikai folyamatokkal szemben az alkalmazkodás, szelekció mindig irányultsággal rendelkezik, amely a populációt mindig egyfajta „optimum állapot” elérése érdekében igyekszik befolyásolni. A genetikai adaptáció fogalma tehát közel áll a mikroevolúcióhoz. A biológiai evolúció WRIGHT (1977) szerinti értelmezése: „ az evolúció a populáció genetikai transzformációja” (MÁTYÁS, 2002). JUHÁSZ NAGY (1981) kifejti: hogy ez a transzformáció egyrészt géngyakoriság változást foglal magában, valamint egy adott (evolúciós) szituációban kibontakozó kiűtkeresést jelenít meg.

A genetikai változatosság megőrzése általában

A cél ebben az esetben a genetikai változatosság általános megőrzésére irányul, függetlenül attól, hogy ez a változatosság ismert-e, illetve, hogy értékesnek minősül-e. Ez a célkitűzés alapvetően eltér az első szemponttól. Az esetleges gazdasági szempontokon túl azonban itt már a környezetét mértéktelenül igénybevevő *Homo sapiens* etikai-erkölcsi kötelezettsége is megjelenik. Jól felfogott túlélési ösztöne is azt kell diktálja, hogy az Élet több milliárd éves sokrétűségének felszámolása semmilyen észérvel sem igazolható (MÁTYÁS, 1998, 2002).

2.4 A POPULÁCIÓ GÉNDIVERZITÁSÁNAK FENNTARTÁSÁT BEFOLYÁSOLÓ TÉNYEZŐK

Genetikai értelemben egy kiválasztott populáció megőrzése az effektív szaporodási közösség fenntartását, (azaz a rekombináció lehetőségének a megőrzését), és ezen keresztül a diverzitás optimális szinten tartását jelenti (MÁTYÁS, 1998).

A hatékony génkészlet-védelem érdekében a hagyományos faállomány-centrikus szemlélet helyett komplexebb, ökoszisztéma-orientált szemléletre van szükség. Egy populáció megőrzése, változatosságának fenntartása szempontjából több körülmény ismerete szükséges:

A populáció nagysága

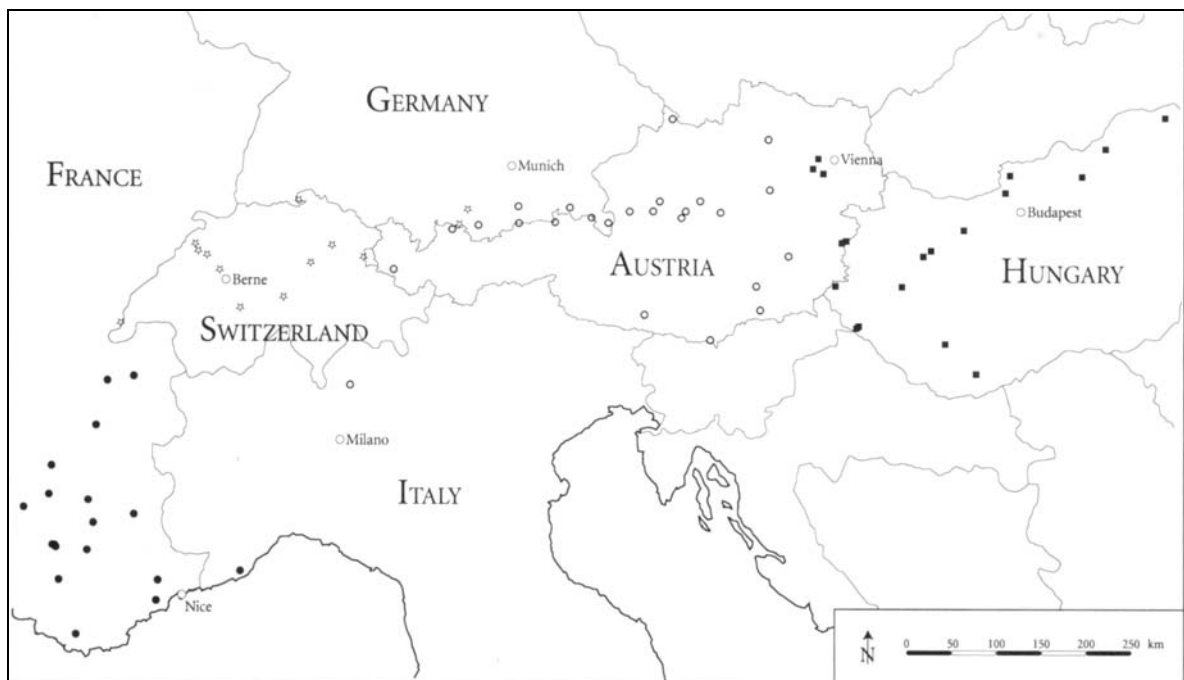
Az egyedszám egyrészt a működőképes szaporodási közösség fenntartása szempontjából fontos. Másrészt az egyedszám a fenntartható változatossággal is közvetlenül kapcsolatban van. Minél korlátozottabb a populáció, annál kisebb az esély arra, hogy a ritkább allélok a rekombináció (természetes felújulás) során fennmaradnak, ugyanakkor egyre nő a

véletlenszerű génösszetétel-változás (drift) valószínűsége. A populáció nagysága beltenyésztési hatások fellépésével is összefügg (MÁTYÁS, 1998).

A legtöbb faj térben többé-kevésbé tagolt populációkban fordul elő, amelyek ennek révén is metapopulációs rendszerbe szerveződnek. Populációgenetikai kérdésként kínálkozik: mik lehetnek a tagoltság hosszú távú következményei, illetőleg a tagoltság miként járul hozzá a genetikai polimorfizmus fenntartásához. Az adaptívan egységes körzet fogalma alatt azon populációk összességét értjük, amelyekben belül a populációk alkalmazkodottsága számottevően nem tér el, és feltételezhető, hogy génkészlete hasonló. A körzetnagyságok lehatárolására legtöbbször genetikai markereket alkalmaznak, és az így mérhető különbözőségek alapján határozzák meg a genetikai távolságokat. Az így elkülönülő populációk megőrzéséről külön-külön gondoskodnak. A módszer alapvetése abban kérdőjelezhető meg, hogy a markerek csak ritkán mutatnak ki adaptív tulajdonságokat, így ezek a távolságok sokkalta inkább a lehetséges maximális körzetméreteket érzékeltetik (MÁTYÁS, 1998, 2002).

A bükk (*Fagus sylvatica*) esetében pl. a genetikai különbözőség további vetületét mutatja az izoenzim változatosság, azaz a biokémiai markerekben mutatkozó eltérés ismerete. Különleges az izoenzim változatosság populációk között kimutatható esete. Gyakran egyetlen vizsgált lókuszon sem mutatkozik számottevő különbség, ami a populációk közötti akadálytalan génáramlásra utal. Ha fragmentálódás figyelhető meg, akkor ez a fajta elkülönülés evolúciósan rövid időszakra vezethető vissza. A bükk európai és hazai előfordulását elemezve COMPS et al (1998) megállapították, hogy az izolálódás hatása a hazai bükkösök jelentős mértékű fragmentálódása ellenére, az eltérő ökológiai szelekciós tényezők hatására sem mutatható ki. A 2. ábrán látható, 4 szignifikánsan eltérő csoport szétválasztása diszkriminancia-analízis segítségével történt. A populációk differenciáltsága a nagy földrajzi távolságok ellenére is csekély. (MÁTYÁS, 1999/b).

2. ábra. Nyugat- és közép-európai bükk populációk allozimikus változatossága, 12 enzimlókuszos elemzése alapján (Forrás: COMPS et al, 1998).



A populációméret / egyedszám kapcsán kell a legkisebb életképes populációméret koncepciójáról is szükséges szólni. A LÉP, azaz legkisebb életképes populáció (minimum viable population — MVP) az az egyedszám, amely elegendő a populáció tartós fennmaradásához egy adott élőhelyen, ennél fogva elegendő a genetikai diverzitás, valamint az evolúciós képesség megőrzéséhez (MÁTYÁS, 2002).

A „Legkisebb Életképes Populáció” (LÉP – MVP) kiszámítása történhet genetikai adatokból:

- A heterozigózis csökkenése alapján (beltenyésztési LÉP-méret, N_f), amikor a heterozigóta egyedek fogyását veszik figyelembe adott populáció létszám mellett.
- A variancia illetve diverzitás alapján (variancia LÉP-méret, N_{var}), amely módszer az allélvesztést a genetikai variancia fogyását veszi figyelembe. Amennyiben a cél a géndiverzitás megőrzése, ezen létszámot szükséges figyelembe venni. (Variancia az eltérő genotípusokból álló populációban az egyes genotípusok átlagtól számított eltéréseinek négyzetösszege.)
- A populáció fennmaradása illetve perzisztenciája alapján (kihalási effektív méret, N_{ext}), ez esetben a szegregálódás, azaz a még polimorfizmust felmutató lókuszek számának csökkenését veszik alapul (MÁTYÁS, 2002).

A genetikai modellekben az effektív populációméret (egymással rokoni kapcsolatban nem álló egyedek összessége) csökkenésével exponenciális összefüggés alapján csökken a megőrzött heterozigóták aránya. A szaporodásbiológiai szempontokból is következik, hogy a génmegőrzés eszközrendszerének kidolgozásakor ismerni kell az ún. *effektív populációméretet* is, amelyen belül nagyjából azonos esélyű párosodásra sor kerülhet. Ez esetenként a populáció határain messze túlterjedő környezet figyelembevételét is szükségessé teszi.

A faj szaporodásbiológiája

E tekintetben elsősorban a populáción belüli párosodás módja (rovar- vagy szélbeporzás, egy- vagy kétlakiság, idegenbeporzás mértéke, önbeporzás ill. beltenyésztés lehetősége), a génáramlás feltételei populáción belül (pollenterjedés hatékonysága, az antézis, azaz a virágzási időszak hossza, a hím- és nővirágzás gyakorisága és bősége) valamint fajok között (idegen faj hibridizálásának, introgressziójának lehetősége és előfordulási gyakorisága NYÁRI, 1999) érdemel fokozott figyelmet. Fontos annak ismerete is, hogy a faj virágpóra milyen hatékonysággal képes nagyobb távolságot megtenni, azaz a populációtól nagyobb távolságra lévő azonos fajú előfordulások az ún. háttér-beporzás révén milyen mértékben játszhatnak szerepet az utódnemzedék létrehozásában (MÁTYÁS, 1998).

A madárcseresznye esetében pl. a megporzás méhek és poszméhek által történik, mely

vektorok által megtett távolságok a 2 km-t is elérhetik. Egy olyan állományban, melyben

az egyes egyedek felettébb szét vannak szórva, a pollen szállítása csak az egyik lehetséges

kiindulási pont a génáramlás szempontjából (FERNANDEZ et al, 1996).

Megfelelő szaporodó partner hiányában – különösen a rózsafélék családjának megritkult populációiban - gyakori az önmegporzás jelensége, illetőleg az ennek következményeit elkerülő szaporodásbiológiai „technikák” megjelenése egyaránt. Az öntermékenyülés elkerülésének leghatásosabb módja az önbeporzás valószínűségének prezigotikus (megtermékenyítést megelőző) csökkentése vagy kizárása. Ezt szolgálják a pollen-

inkompatibilitási (összeférhetetlenségi) reakciók, amelyek a zárvatermőkre jellemzőek (MÁTYÁS, 2002).

Az inkompatibilitás esetén a pollen a bibére kerülve nem csírázik vagy nem hajt tömlőt. Amennyiben pollentömlő fejlődik, az nem éri el a csíraszákot, a megtermékenyülés elmarad. Az inkompatibilis fajtakombinációkban mindkét genotípus szaporodó szervei (termő, pollen) funkcióképesek, sem morfológiai sem citológiai sterilitás nem fordul elő. Az inkompatibilitási rendszereket aszerint osztályozzák, hogy a gátlás hol megy végbe, ennek alapján gametofitász és sporofitász inkompatibilitásról beszélünk. Gametofitász inkompatibilitás jellemző a *Malus*, *Pyrus* és *Prunus* gyümölcsfajokra (NYÉKI, 1980).

Más esetben az önbeporzásból eredő utódnemzedékben – amennyiben a termőt nem

termékenyítette meg idegen, fajazonos virágpór – beltenyésztségi jelenségek lépnek fel.

Házi berkenye (*S. domestica*) esetében az albinizmus fejlődési rendellenesség recesszív,

homozigóta öröklődéséről DAGENBACH (2001) számolt be, amely homozigócia a klorofill

képződését blokkolja. Így az utódnemzedék csírázásakor a csíranövények átlagosan vett 25

%-ában a fehér színű sziklevelek megjelenése a jellemző, amelyek majd az

endospermiumban tárolt tartaléktápanyagok felélése után elpusztultak. Az albínó

egyedekről feltételezhető, hogy egy vagy több klorofill szintézist blokkoló recesszív allél

homozigóta hordozói (MÁTYÁS, 2002).

A szaporodásbiológiai szempontokból, így faji megporzási sajátosságokból is következik, hogy a génmegőrzés eszközeinek kidolgozásakor ismerni kell az ún. *effektív populációméretet* is, amelyen belül nagyjából azonos esélyű párosodásra sor kerülhet; ez adott esetben a populáció határain messze túlterjedő környezet figyelembevételét is szükségessé teszi (MÁTYÁS Cs. 1998, 2002).

A termőhely változatossága

Szélsőségesen kedvezőtlen hatások beszűkítik, elszegényítik a génkészletet. Ez akkor is maradandó következményekkel jár, ha a hatás csak átmenetileg, rövidebb időszakban jelentkezik („palacknyak-effektus”). Általában a kedvezőbb, változatos feltételek nagyobb, kedvezőtlenebbek kisebb diverzitás fenntartását teszik lehetővé. A származások differenciálása ilyen – ökológiai alapú – kiindulás szerint is lehetséges, bár ez esetben is nehezen interpretálható az ökológiai szegélyterületek származásainak kérdése (FERNANDEZ et al, 1996).

MÁTYÁS V. (1963) ír a bükkös magtermelő állományokról, melyek közül külsőre nézve kevésbé szépek a xerofil és higrofil bükkösök. „Itt nem az állomány külső megjelenése, hanem a termőhely-állékonyság a döntő. Az elegyes bükk-kocsánytalantölgyes magtermelő állományok mindkét fafaj vegyes magtermő állományai lehetnek. Az értékes tölgyelegy makkjának begyűjtése mellett is biztosítani kell a tölgynek kedvező elegyarányban való természetes felújítását is.

Valamennyi bükk és kocsánytalantölgy magtermelő állományban a magtermelés mellett elsődleges cél az állomány természetes felújítása. Ha kell a természetes újulatot alátelepítéssel pótolni is lehet. Ahol eredetileg is előfordul, vagy ahol szükséges, a talaj javítása céljából hárs, szil és juhar is telepíthető. Egyéb ritka elegyfajok (*mint pl. berkenye*) feltétlenül fenntartandók és védendők.”

A társulás fajgazdagsága

A teljes ökoszisztémát tekintve a *fajgazdagság* (fajdiverzitás) hasonló hatású, mint a termőhelyi változatosság, és a genetikai változatosság növelése irányába hat. Ennek az a magyarázata, hogy a kölcsönhatások sokrétűsége és kiszámíthatatlansága nagyobb változatosságot tart fenn. Ebben a fajt tápnövényként fogyasztó szervezetek (konzumensek), valamint kompetíciót jelentő növényfajok egyaránt szerepet játszanak. A társulás fajgazdagsága szerepet játszik a védendő faj megjelenési módjának mértékében (egyedsűrűség, elegyarány), amely az egyedszám mellett a párosodási feltételekre is kihat.

A génmegőrzés szempontjából legkedvezőbb adottságok tehát aránylag kedvező, változatos termőhelyi viszonyok között tenyésző, nagy egyedszámú populációk esetében vannak meg, ahol nemcsak a faji sokféleség nagymértékű, hanem kedvezően változatos az életközösség struktúrája (térbeli szintezettség és változatos koreloszlás). Legkedvezőbb feltételeket tehát a természetszerű képet mutató, lehetőleg minél nagyobb területű állományok kínálnak (MÁTYÁS, 2002).

Az erdőgazdálkodás a genetikai változatosságot igényli az egységes fajták helyett. A

természetes/természetszerű erdők kitermelése értékes génállományt pusztíthat el. Az

erdészeti génmegőrzésnek foglalkoznia kell minden olyan tevékenységgel, amely erdeink

genetikai gazdagságát fenntartja és javítja (TOMPA és SZIKLAI 1981; MÁTYÁS, 2002;

BOROVICS, 2001).

2.5 Génmegőrzési módszerek

2.5.1 Statikus megőrzési eljárások (*ex situ* gyűjtemények)

Az alkalmazandó megőrzési módszert eldönti, hogy pontosan *mit* akarunk megőrizni. Ha meghatározott egyedek (genotípusok) változatlan formában való megőrzése a cél, akkor statikus módszerekhez kell folyamodni. Ugyancsak statikus módszereket kívánnak azok a veszélyeztetett igen kis létszámú (< 10-50 egyed) populációk, amelyek természetközeli (erdészeti) módszerekkel nem őrizhetők meg, vagy létüket hirtelen fellépő, katasztrófaszerű hatások veszélyeztetik. Az erre a célra szolgáló ún. *bázisgyűjtemények* feladata legtöbbször nem korlátozódik a génforrások hosszú távú fenntartására, hanem magába foglalja a növényanyag felszaporítását, értékelő vizsgálatát és közreadását is. Az ilyen típusú hasznosítást is megvalósító gyűjteményeket *aktív gyűjteménynek* nevezik. Az aktív gyűjtemények alaptípusai a következők:

A magbank az egyenyári mezőgazdasági növények esetében jól bevált eljárás. Előnye, hogy kis helyigényű, így aránylag olcsón üzemeltethető. A tárolt magtétélek életképességétől függően, 8-10 évenként tenyészkerti utántermesztés szükséges (MÁTYÁS, 1998).

A Klónbank; (klónarchívum, bázisültetvény, törzsgyűjtemény) lehetőséget ad a kiválasztott egyedek genetikailag változatlan megőrzésére dugvány vagy oltvány formájában, viszont hely- és költségigényes. Anyatelepszerű fenntartás esetén nincs mód érett korú (termő) egyedek nevelésére. Magtermő kort elért egyedek esetében szaporítási módként - kevés kivétellel - csak a heterovegetatív szaporítás, azaz a költséges oltás, esetenként szemzés jöhet számításba (fenyők, kemény lombos fajok). A klónbank az eddigiekben szinte kizárólagosan a fatermesztést és a dekoratív fajták előállítását szolgáló nemesítés bázisa volt. A jelenlegi paradigmaváltás, a kibontakozó génmegőrzési programok hatására ez a funkció a veszélyeztetett fajok egyedeinek fenntartásával fog bővülni (MÁTYÁS, 1998).

A szövet- (és pollen) bank az alkalmazott *in vitro* (laboratóriumi) eljárások bérhelytakarékosak, de eszközigényük magas. A technológiai igényesség mellett zavaró külső hatásokra is érzékeny. Erdészeti fafajok esetében a teljes növény regenerálása még nem problémamentes, emellett számolni kell a tárolás alatti genetikai változásokkal is (szomaklónos variánsok létrejötte). Így a módszer ígéretes ugyan, de egyelőre nem alkalmazható széles körben (MÁTYÁS, 1998).

2.5.2 Dinamikus génmegőrzés

Dinamikus módszer akkor alkalmazható, ha a populáció az eredeti („in situ”) vagy új helyszínen fenntartható és megújítható. A *dinamikus génmegőrzés nem kiválasztott egyedek (genotípusok), hanem a populáció aktuális génkészletének, ennek keretében allélikus és genetikai változatosságának megőrzésére irányul.* Ezt a stratégiát az alkalmazkodóképesség, ill. általában a genetikai változatosság megőrzése céljából alkalmazzák (MÁTYÁS, 2002).

A megőrzés sohasem lehet teljes körű, egyrészt mivel a szaporodással összefüggő genetikai folyamatok jellege miatt (a szegregáció, rekombináció, mutáció és migráció révén) új genotípusok állnak elő, másrészt pedig a térben és időben változó környezet szelekciós nyomása irányítottan korlátozza az életben maradó egyedszámot és ezen belül a különböző genotípusokat (természetes felújítás). A kevésbé életképes egyedek megsemmisülése természetesen a populáció genetikai terhét csökkenti, de egyúttal a populáció génkészlete is megváltozik.

A génkészletre ható szelekciós nyomás mértéke nem minden génre azonos. Elsősorban azokra hat, amelyek által meghatározott tulajdonságok a legszorosabban függenek össze a túléléssel (pl. magassági növekedés gyorsaságával). A túlélés szempontjából semleges vagy csekély jelentőségű tulajdonságokat meghatározó gének gyakoriságát véletlen folyamatok szabják meg, ennek során ritkább gének el is veszhetnek (MÁTYÁS, 1998).

3. ábra. A genetikai és faji diverzitás valamint megőrzésük értelmezése. (Forrás: MÁTYÁS CSABA *ex. verbis*, 1999):

FAJ:	FLORISZTIKAI EGYSÉG FAJKÉSZLETE:
evolúciósan kialakult genetikai változatosság (+ paleobotanika)	Evolúciósan kialakult fajok (+ paleobotanika)
Helyi hatások szűrője	

A különböző helyszínek eltérései	Helyi génkészlet	Cönózisok
----------------------------------	------------------	-----------

Alapkérdés:

Van-e egyáltalán a genetikai és faji diverzitás között bármilyen szintű kapcsolat?

Eldöntése csak szabatos kísérletekkel, laborvizsgálattal. (Ellenőrizhető, megismételhető.)	Leíró jellegű, a véletlen hatása nem ellenőrizhető. A redundáns és a lényeges nem különíthető el.
--	---

A dinamikus génmegőrzés faladat-körének tisztázandó kérdései:

1. Az adott ökológiai viszonyok között egy faj populációjának génkészletében bekövetkező változás során milyen mértékben érvényesül a véletlen, ill. a külső tényezők hatása (környezet állapota, változása; emberi beavatkozás)?
2. Mi az, ami a változásban csak redundáns; és mi az, ami a stabilitáshoz, alkalmazkodáshoz szükséges?
3. Hol lehetnek a génrezervátumok optimális helyszínei, és mekkora lehet ezek kiterjedése? (Termőhelyi változatosság.)
4. Milyen irányelveket kövessen a fentiek ismeretében a kezelési terv?

A dinamikus génmegőrzés során a génkészlet megőrzését a természetes megújulási folyamatokra bízjuk, vagyis teret engedünk a mikroevolúciós és szukcessziós folyamatoknak. Ebből a módszer társulási-ökológiai alapú problematikussága is rögtön kiviláglik: a szukcessziós sorok elején elhelyezkedő társulások fafajainak beavatkozás nélküli fenntartása csak akkor lehetséges, hogyha azt valamilyen kedvezőtlen termőhelyi tényező lehetővé teszi. *A dinamikus génmegőrzés ezért általában nem jelentheti a kiválasztott populációk magára hagyását, annak igény szerinti fennmaradása érdekében időszakos beavatkozások szükségesek* (MÁTYÁS, 2002).

2.6 Génmegőrzés ex situ ültetvényekben

Az eredeti előfordulási helytől távoli, azaz *ex situ megőrzésre* különböző okokból kerülhet sor. Indokolhatja a megőrzendő populáció helyszíni felújításának nehézsége, valamint a megváltozott környezeti feltételek. Ex situ megőrzést igényelnek általában az idegenhonos fajok értékes populációi, valamint az őshonos fajok áttelepített származásai (pl. szlavón tölgy). Mesterséges beavatkozás szükséges azon esetekben is, amikor környezeti kár, így pl. légszennyezés vagy műszaki beavatkozás (pl. útépités) veszélyezteti a populációt. A Közép-Európában számottevő légszennyezés miatt pl. a Cseh és Német Érc-hegység pusztuló lucfenyveseit és még fellelhető jegenyefenyőit átfogó program keretében evakuálták kevésbé veszélyeztetett, alacsonyabb tengerszint feletti magasságú ültetvényekbe (WEISBERGER et al, 1985).

Az *erdészeti génmegőrzés* kialakulásának és nemzetközi kiterjedésének fő motivációs oka, hogy az utóbbi évtizedek tömeges méretű erdőpusztulása során szükségszerű volt az eltűnőben levő, összemosódó genetikai sokszínűségnek a védelme. Meg kellett fogalmazni, hogy a megváltozott körülmények hatására miként lehet megőrizni a megismertet. Magyarországon a fekete nyarat veszélyeztető genetikai szennyezés tette szükségessé a tisztavérű feketenyár-egyedek felkutatását, összegyűjtését és szintetikus állományokban való elhelyezését.

A nemesítési és szaporítóanyag termesztési tevékenység során több olyan objektum telepítésére kerül sor, amelyek, ha megszorításokkal is, a génmegőrzés bázisaiként figyelembe veendők. Ezt elsősorban a génmegőrzéssel járó magas költségek és korlátozások indokolják: amennyiben egy más célra telepített objektumban a génmegőrzés valamely részfeladata megvalósul, azt érdemes számításba venni. Ilyen típusú ültetvények a következők:

- utódállományok, azaz ismert származású szaporítóanyagból, a származás génkészletének megőrzése vagy megmentése (evakuálása) érdekében létrehozott faállományok;
- származási kísérletek, azaz nagyobb számú, ismert származásból, statisztikailag értékelhető elrendezésben telepített kísérletek;
- utódvizsgálatok, azaz ismert leszármazású utódnemzedékek ismétléses telepítései;
- klónvizsgálatok, klónkísérletek, azaz azonosított klónok statisztikailag értékelhető elrendezésben telepített ültetvényei;
- magtermesztő ültetvények, azaz azonosított klónokkal, esetleg magoncokkal létrehozott törzsültetvények (MÁTYÁS, 2002).

2.7 Génmegőrzés *in situ* (eredeti termőhelyen ill. helyszínen)

Az *in situ*, azaz eredeti termőhelyen történő génmegőrzés feladata erdei fafajok esetében legtöbbször a meglévő változatosság populáció-mintákban való megőrzéseként definiálható. A cél nem a jelenlegi populációk génkészletének, az összes fellelhető génváltozatnak (allélnak) minden áron változatlan formában, mintegy múzeumként való fenntartása, hanem sokkal inkább az *alkalmazkodóképesség, az evolúciós képesség igen hosszú időtartamra tervezett megőrzését jelenti* (MÁTYÁS, 2002).

Ez a megőrzési típus, ahogy azt már említettük, részben átfed a természetvédelem feladataival. A *védettség* valamely fokát élvező területek a génmegőrzés követelményeinek akkor felelnek meg, ha a kérdéses fafaj esetében a populáció génkészletének hosszú távú, változatlan megőrzése biztosított. Alkalmatlan a védett terület a génmegőrzésre akkor, ha az aktív génmegőrzés olyan beavatkozásokat igényel, amelyek az előírásokkal összeegyeztethetetlenek, így pl. elegyarány-szabályozó gyérítések, felújító vágások, mag- és egyéb szaporítóanyag gyűjtése. Nem szavatolható a génkészlet megőrzése a *magtermelő állományok* esetében sem, hiszen azok megfelelő felújítása, utódállományok létrehozása kívánatos ugyan, de üzemtervileg nem előírt feladat. Az *in situ* génmegőrzés céljára ezért külön erre a célra létrehozott területekre, a *génrezervátumokra* is szükség van (MÁTYÁS, 1998).

Az eredeti helyszínen, *in situ* megőrzésre számbajövő területek tehát a következők:

- a védettség valamely fokát élvező területek (részben);
- magtermelő állományok (időlegesen, ill. részben);
- génrezervátumok.

A *magtermelő állományok fogalma*: Az egyes erdőgazdasági termesztési tájak magtermelés céljára történő, helyszíni vizsgálatok alapján tudományos alapossággal kiválasztott és kiválóan talált, hatóságilag nyilvántartott, törzskönyvezett állományai, amelyek továbbszaporításra, nemesítésre érdemes egyedeket tartalmaznak (MÁTYÁS V. 1963).

MÁTYÁS V. (1963) a magtermelő állományok nevelésére tett ajánlásai során leszögezi, hogy a bükk magtermelő állományokból elsősorban a villás egyedeket kell eltávolítani. Értékesnek tartja MAGYAR JÁNOS azon megállapítását, hogy: "V-fák gyanánt -hacsak lehetséges- koronán végigfutó törzsű egyedeket hasznos ill. célszerű kijelölnünk. Minthogy az ilyen fák koronája viszonylag, illetve általában hosszabb, mint szélesebb: belőlük a területegységen több fér el, s

ezáltal azonos életkor és termőhelyi minőség esetében a területegységre vonatkozó összes fatömegük nagyobb és összetételében is kedvezőbb, mint a villás faegyedekből álló fatenyészetekben." A gazdasági szempontból kedvező fenotípusos megjelenés azonban önmagában még nem szavatolja az alkalmazkodóképesség és vitalitás meglétét és megőrzését.

A génmegőrzési-magtermesztési szempontból gyakorta vizsgált bükk génkészletének megóvása és ismerete különösen fontos számunkra, hisz ezen fafajt emberemlékezet óta természetes módon, helyi származású magról -azaz az állományok termőre fordulása révén- újítják fel — legalábbis ezt gondoljuk (ex verbis MÁTYÁS CSABA 1999). Farkasgyepű községhatár földhasználati viszonyainak vizsgálatakor megállapította, hogy helyenként e fafajt is mesterségesen telepítették. A bükk emberemlékezet óta preferenciális erdőkiélés tárgyát képezte, mely használatok mértéke mindmáig feltáratlan.

A bükk magjának kis mértékű terjedő-képessége támaszthatja alá azon feltevésünket, miszerint a hazai bükk populációk meghatározó része a bükk természetes jégkorszak utáni visszavándorlása révén érte el hazánk területét, és generációról generációra alkalmazkodik a honi ökológiai adottságokhoz; azaz a helyi környezeti viszonyokhoz adaptálódott állományaink vannak. Ezen állományokban a tervszerű erdőgazdálkodás beköszönte előtt a népi erdőhasználatok (erdőkiélés) korszakában a puszta szükséglet-kielégítés került előtérbe, mely nélkülözötte az erdőnevelési szempontok érvényesítését. A jelenlegi természetes felújítás és tervszerű erdőnevelés mely a pozitív egyedkiválasztás módszerét alkalmazza (azaz az általunk kívánatos alaki tulajdonságúnak ítélt "javafákat" segíti) mesterségesen, a fenotípusos tulajdonságokat tekintve, szubjektív szempontok szerint éppúgy; mint a népi fahasználat "szükséglet-orientált gazdálkodási gyakorlata" mely szintén megváltoztatja egy-egy populáció génkészletének összetételét.

Ez a fajta kettőség, amely helyenként és időszakonként az elsődlegesen szükségleti célú és megfontolású fakitermeléseket célozta, illetőleg más esetben már a fenotípusosan pozitív szelekció, az erdőgazdálkodási szempontú tartamosság irányába mozdult el az elegyfajok, így a berkenyék, különösen a barkócafa (*Sorbus torminalis*) fahasználatainak történeti vizsgálataiban is szembevetendő (KAUSCH BLECKEN V. SCHMELING, 1994; ex. verbis BÚS MÁRIA 1999; ROTACH, 2000). Mindezek mellett figyelemre érdemes az említett fafaj vegetatív szaporodási képessége is, mely a génkészlet hosszú távú megőrzését szolgálja.

A génmegőrzés nemzetközi irányelveinek megfelelően az adott helyszínen történő génmegőrzés céljából olyan génrezervátum kezelési útmutatást szükséges nyújtani a hazai gyakorlat számára, melynek révén a génmegőrzési szempontú állománynevelés és felújítás megvalósítható, miközben a génkészlet szabad és feltehetően teljes kombinálódása is megtörténik az utódnemzedék létrejötté során. Külön kérdésfelvetést érdemel az egyes fajok areájának különböző származásait illető adaptációs képesség vizsgálata. Nem tudjuk, hogy egy faj milyen genetikai változatosságot tart fenn, és ebben a fenntartásban mekkora az emberi valamint a környezeti tényező szerepe; viszont az emberi tényező oldaláról megfogalmazhatóak a minimális feltételeket teljesítő génmegőrzési irányelvek, rendszabályok.

MÁTYÁS V. (1963) szerint a pl. bükk magtermelő állományok az egyes erdőgazdasági tájak jellegzetes ökotípusainak rezervátumai. Elsődleges cél magtermésünk begyűjtése, vagy magjuktól kelt csemeték gyűjtése. Ugyanakkor -mivel a táj legkiválóbb állományairól van szó- genetikai szempontból ezen állományok védett területek is. E területeket a leggondosabb felújítási módszerekkel, szálalással (csoportos-, vonalas szálalással, szálankénti bontással) kívánjuk kezelni. A kiváló örökletes tulajdonságokat az utódokban is fenn kívánjuk tartani. (Ehhez a gondolathoz csatlakozóan idézendő: „Génrezervátumból szelektált magtermelő

állományról akkor beszélünk, ha a génrezerváció kataszterében szereplő erdőrészekre a magtermelés elsődlegessége kimondható” DANSZKY, 1984).

2.7.1 Génrezervátumok – mint a genetikai erőforrások in situ (helybeni) megőrzésének eszközei

Az eddig alaposabban vizsgált állományalkotó főfafajok mindegyike elég hatékony (szél)megporzó ahhoz, hogy ne lehessen egy kiválasztott, kiemelkedően jó állományt önmagában, környezetétől elvonatkoztatva szemlélni. A jelenlegi ismeretek szerint egy átlagos méretű, néhány hektáros erdőrészlet megporzása akár 50 százalékban is külső forrásokból származhat, ha azonos fajú állományok veszik körül. Persze ilyen esetben is az utódok génkészletének 3/4 része még mindig a kiválasztott populációt képviseli (MÁTYÁS, 2002).

Optimális eset lenne, ha a dinamikus génmegőrzés céljából létrehozott rezervátum területe meghaladná a 100 hektárt. Ekkora területek kijelölése több szempontból is akadályokba ütközik. Van azonban egy másik megközelítési módja is a problémának, amely elsősorban a kisebb populációkban vagy elegyedve előforduló fajokra (rovarmegporzás) érvényes, ahol az előzőekben említett tömeges génkicserélődés, génáramlás nem működik hatékonyan.

Ennél a megközelítésnél abból kell kiindulni, hogy mekkora az a minimális egyedszám, amely egyfajta populációmintaként adott valószínűséggel tartalmazza elméletileg valamennyi lehetséges génvariánst, vagyis allélt egy genetikailag egységesnek feltételezett körzeten belül. Ennek a kérdésfeltevésnek persze csak akkor van értelme, ha valahol megszabjuk a még figyelembevett allélgyakoriság alsó határát. Általában úgy tartják, hogy az 1 % alatti gyakoriságú allélek már hatástalanok a populáció alkalmazkodóképessége szempontjából. A részletes számításokat mellőzve megállapítható, hogy az említett előfeltételek mellett nagy (99 %-os) biztonsággal megőrizhető a populáció génkészlete 1-2 ezer egyed fenntartása mellett. Nagyon alacsony egyedsűrűség vagy kis populációk mellett még ez a szám is problémákat okozhat, hiszen ha a hektáronkénti egyedszám átlagosan 10-20 körül mozog, ismét csak 100 ha-nyi területre volna szükség. Tehát mindkét megközelítés esetében feltehetőleg kompromisszumokra szorulunk, amit úgy lehet kiegyenlíteni, hogy a génrezervátumot nem csak egyetlen helyen, hanem több helyszínen hozzuk létre, lehetőleg eltérő ökológiai feltételek (így feltételezhetően eltérő géngyakoriságok) mellett (MÁTYÁS, 2002).

Svájcban (FINKELDEY et al, 2000) az erdészeti génrezervátumok kiválasztási kritériumait az egyrészt adott fafaj elterjedése, honossága, és ökológia differenciálódása; másrészt az állományjellemzők határozzák meg. A fenotípusos megjelenésnek Svájcban – összevetésben a német metodikával – csekélyebb súlya van, mivel azok az adott populáció adaptációs potenciálját illetően nem bírnak elsődleges jelentőséggel. Mindezek mellett egy megjelenésében kedvező állománykép, mely visszatükrözi a populáció vitalitását egyben a génmegőrzési teendők felkarolását is elősegíti a gazdálkodó részéről. A kiválasztásban az elhelyezkedés is szempont: a meredek fekvések véderdei jóval csekélyebb mértékben érintettek az eddigi gazdálkodás által, viszont e területeken az esetleges génmegőrzési munkák elvégzése terepi nehézségekbe ütközhet. A kiválasztás szempontrendszerében az egyes fafajok már meglévő genetikai állapotleltárainak eredményei is figyelembe vétetnek (*Picea abies*, *Abies alba*, *Quercus sp.* *Sorbus torminalis*).

A génrezervátummal szemben támasztott követelmények:

1. Az in situ génmegőrzéssel szemben támasztott alapvető követelmény, hogy a létrehozott génrezervátum hálózat elegendően le kell fedje az ország területén belül megállapított vagy feltételezhető térbeli genetikai változatosságot, azaz az egyes tájak közötti genetikai különbségeket.
2. Az egyes rezervátumok területe elegendően nagy kell legyen ahhoz, hogy az érintett faj helyi génkészletének reprezentatív mintája legyen.
3. A kiválasztott állomány(ok) elsősorban őshonos eredetűek legyenek, illetőleg a kiválasztott területen egységes eredetű és génkészletű populációk legyenek. Amennyiben beékelődve idegen génkészletű populáció van, azt tervszerűen fokozatosan el kell távolítani és a génrezervátum anyagával felújítani. Fontos kiemelni, hogy a génrezerváció nem kell egyetlen állomány legyen!
4. Összefüggő, nagy területen elterjedt faj esetén a rezervátum ideális mérete 100 ha körül van. A legkisebb átmérő lehetőleg 300-400 m-nél ne legyen kevesebb. A terület más (nem hibridizáló) fajokat is tartalmazhat, sokféle korosztállyal. Kisebb területek is elfogadhatók, különösen ha kevésbé tömegesen előforduló faj(ok)ról van szó; célszerű azonban, ha van lehetőség a terület távlati bővítésére. A minimális terület egyedi elbírálás kérdése, de aligha lehet 2 ha-nál kisebb, amely mesterségesen mintegy 10 ha-ra bővíthető.
5. A rezervátumot a tulajdonossal egyeztetett kijelölés után megfelelően regisztrálni kell, térképi jelölése nemcsak az üzemtervekben szükséges, hanem a regionális fejlesztési térképeken is fel kell tüntetni. A terület bekerítésére - a szokásos üzemi módszereket meghaladó mértékben - nincs szükség.
6. A rezervátum kezelése elsődlegesen a populáció tartós fennmaradását, az evolúcióképesség megőrzését kell szolgálja. Az állománynevelési, növedékfokozási beavatkozások ennek a célnak kell alárendelve legyenek.
7. A génrezervátum felújítását oly módon kell megoldani, hogy az utódnemzedék döntően a kijelölt génrezervátumon belüli egyedek minél szélesebb körű párosodása révén jöjjön létre. A felújító vágást lehetőleg hosszabb ideig elnyújtva, mozaikszerűen kell végezni. Kisebb területű tarvágások megengedhetők.
8. Mesterséges felújítás esetén a csemeteanyagot csak ugyanazon állomány szaporítóanyagából, legalább 100 fáról gyűjtött maggal kell megnevelni.
9. A kezelés és felújítás megfelelő kivitelezésére faj-csoportonként részletesebb irányelvek kidolgozása szükséges (MÁTYÁS, 2002).

A génrezervátumokat nem szabad és nem célravezető a gazdálkodó tevékenységének újabb korlátozásaként tekinteni, vagy azt bármely hatóság részéről akként interpretálni. Ezen alapvetést a rendszer létrehozásakor kellően tudatosítani kell a tulajdonossal folytatott egyeztetés során. Emellett a génrezervátumok többféle hasznos funkciót is betölthetnek, így:

1. Kiemelt értékű magforrásként, *magtermelő állományként szolgálhatnak*, ahol a koncentráció, nagyobb területegység miatt egyébként gazdaságtalan, magtermést segítő kezelések is végrehajthatók. A génrezervátum termése, újulata begyűjthető, sőt ez egyenesen kívánatos, amíg a felújulást nem zavarja.
2. A génrezervátumok *referencia-populációként* szolgálnak, anyaguk a legmegfelelőbb kontroll vagy összehasonlító kísérleti anyag genetikai jellegű vizsgálatokhoz, nemesítési tesztekhez, de legalkalmasabbak minden olyan biológiai kutatás számára is, amelynek genetikai aspektusai is vannak.
3. A további nemesítő munka bázisaivá válhatnak, ahol új, kedvező adottságú genotípusok szelektálhatók (MÁTYÁS, 1998, 2002).

A hazai erdészeti génrezervátum kandidánsok kiválasztásának szempontrendszerében MÁTYÁS et al (2001, 2003, 2004/a, 2004/b) már érvényesültek a területek ökológiai változatosságát preferáló, illetőleg az állományok elegyességét preferáló szempontok egyaránt. Rögzítésre került: amennyiben az állomány őshonos elegyfajjal rendelkezik,

amelyből külön génrezervátum létrehozása nem célszerű, (madárcseresznye, barkócafa stb.) az a kiválasztásnál előnyt élvez; illetve a termőhelyi feltételeket tekintve a kiválasztandó GR legyen lehetőleg jobb termőhelyi osztályon, ha lehetséges; és változatos adottságú helyszínen (pl. lejtő).

A dinamikus génmegőrzés gondolatiságában az in situ területek kiválasztása során figyelembe veszi az elegyesség, ökológiai stabilitás szempontrendszerét egyaránt. A GR területeken fellelhető nemes lombos elegy populációinak, génkészletének megőrzése a terület kezelésének velejárója; egyben a dinamikus ex situ módszerek részleges kiindulási növényanyagát is jelentik ezek az állományok belső dinamikájában visszahúzódóan viselkedő fajok esetében egyaránt.

3. A nemes lombos elegyfajok génmegőrzésének eszközrendszere

Néhány lelkes külföldi szakember már az 1970-es évek elején arra ösztönözte az erdész szakmát – elsősorban szakmapolitikai alapokon, hogy fokozott figyelemmel ápolja, védje és szaporítsa a ritka lombos elegyfajokat. KAUSCH BLECKEN v. SCHMELING a barkócaberkenyéről (Die Elsbeere, 1994), illetőleg házi berkenyéről (Der Speierling, 1992; 2000) írt kismonográfiája több évtized tapasztalatát foglalja össze, és iránymutatóként szolgál a többi elegyfajra való "odafigyelés" terén is. A francia erdészeti szakirodalomban, megcélozva a magánerdő-gazdálkodók affinitását HUBERT szerkesztésében jelent meg erdészeti kismonográfia a madárcseresznyéről (Le merisier - arbre à bois, 1980); amelynek teljesskörűsége és praktikussága követendő lehet az ezirányú hazai vonatkozásokat tekintve is.

A ritka fajok megőrzésének vonatkozásában nem szabad megfeledkezni a civil társadalom emocionális érintettségéről, a kulturális jelentéstartalmat is magukban hordozó szoliterek, allék, fiatal telepítések megőrzése és gondozása kapcsán. Időközben e kezdeményezések mozgalommá szélesedtek (Baum des Jahres), és ma már Európa több országában évről évre megválasztják az "év fáját", mely adott faj jobb megismertetését célozza meg a szakmai ill. érdeklődő közvélemény irányában. Mindez jól igazodik az 1998-ban Lisszabonban tartott Harmadik Miniszteri Konferencia erdő és társadalom közötti kölcsönhatással foglalkozó határozataihoz (ld. 2. fejezet). Magyarországon 2000-ben a barkócaberkenye volt az év fája (ALBERT, 2000).



5. ábra. Az év fája mozgalom keretében védetté nyilvánított "hajagi barkócafa" ismertető táblája. (Fotó: NYÁRI, 2000.)



4. ábra. Szentgál 119 B erdőrészletben álló (21. sz.) barkócaberkenye törzsfá, tanúfa, mely helyi védelem alatt áll, természeti érték. (Fotó: NYÁRI, 2000.)

A kezdeményezés sikere igazolás arra nézve, hogy megfelelő szakmai iránymutatás mellett nemcsak a szakközönség, hanem a lakosság is fogadóképes egy természeti, környezeti igényességet fejlesztő kezdeményezésre. A megismertetés az első fontos lépés ahhoz, hogy e

fafajok termőhelyi igényét, lehetőségeit, ill. alkalmazásának feltételeit megismertessük a későbbi termesztés - nevelés ill. faanyag-felhasználás szempontjából.

3.1. Ritkaság és veszélyeztetettség kérdése az elegyfajok esetében

A ritkaság és veszélyeztetettség természetesen nem egymást feltételező fogalmak. A kis egyedszámú, ritka fafajok is közel azonos esetenként nagyobb heterozigóta arányt mutatnak (pl. barkócaberkenye), de egyes populációikban a beltenyészet jelei (kis heterozigóta arány, csak néhány génhelyen meglévő allélok) is kimutathatóak. Az elsődleges problémaforrás az élőhelyek beszűkülésében, ill. megváltozó erdőgazdálkodási módszerekben keresendő (ROTACH, 2000).

Ha a genetikai sokféleség/változatosság kérdését vizsgáljuk, amely az egyes fajok alkalmazkodóképességében meghatározó. A változatosság (variáció) genetikai komponenseit az egyedek az öröklődés révén kapják, és a szaporodás által adják tovább utódaiknak. Genetikai változatosság, genetikai diverzitás alatt szűkebb értelemben azt a biokémiai és molekuláris módszerekkel azonosítható változatosságot értjük, amely egy adott populáció vagy faj génkészletében, elkülöníthető génváltozatok (allélek) formájában, a vizsgált génhelyeken (lokuszokon) kimutatható (MÁTYÁS, 2002).¹

A *genetikai diverzitás* fogalom többértelműsége miatt helyesebb a lokuszok szintjén meghatározott diverzitást allélikus vagy géndiverzitásnak nevezni. GREGORIUS in HATTEMER et al (1993) felfogásában a két fogalom is elkülönítendő: *allélikus diverzitás* az egyetlen lokuszon megfigyelhető diverzitás, míg a *gén(ikus) diverzitás* (génkészlet diverzitás) az összes megfigyelt lokusz alléldiverzitásának átlagát jelenti.

Helyesebb ezért a genetikai diverzitást tágabban értelmezni: ide tartozik az egyedek ill. populációk között megfigyelhető fenotípusos variancia azon komponense is, amelynek genetikai eredete kvantitatív genetikai módszerekkel (általában közös tenyészkerti kísérletekben) meghatározható. Ebben az esetben rendszerint nagyobb számú gén hatásáról van szó. (Szükséges azonban megjegyezni, hogy a szakirodalomban általában a fogalom szűkebb értelmezését alkalmazzák MÁTYÁS, 2002).

A *változékonyság* (variabilitás) viszont genetikai értelemben azt jelenti, hogy az egyedek által hordozott öröklött tulajdonságok nem állandóak: nemzedékről-nemzedékre változhat a génváltozatok gyakorisága, és spontán új génváltozatok is keletkezhetnek, mások eltűnhetnek (MÁTYÁS, 2002).

A ritkaság megítélésénél alapvető szempont annak ismerte, hogy a fafajt mindig ritka előfordulás jellemezte, avagy populációinak megritkulása antropogén hatás következménye. Genetikai vizsgálatokkal tisztázott eredmények révén elmondható, hogy léteznek olyan fajok, amelyek kis populációnagyságokkal jellemezhetőek; egyedi genetikai rendszerrel rendelkeznek, mely a genetikai változatosság megőrzését szolgálja: ilyen pl. az egyes beltenyésztési jelenségek megléte (apomixis), avagy akár az önsterilitás (inkompatibilitás) egyaránt. Ezek a mechanizmusok egyben nagyobb távolságokon belül is lehetővé teszik a génáramlást, egyfajta „metapopulációt” tekintve, amelyben a genetikai (génikus) diverzitás továbbadása és megőrzése biztosított. Nem csupán a lágyszárúak, hanem a fás növények is képesek alacsony egyedszám mellett alkalmazkodott genetikai rendszerek meglétét felmutatni. Egyes vizsgálati eredmények szerint az eddig megvizsgált ritka trópusi fafajoknál, melyek sok esetben 1 egyed / ha-nál alacsonyabb „sűrűségben” fordulnak elő: eredetileg drift, önmegporzás és rokonpárosodás feltételezésével egy meglehetősen lecsökkent genetikai (génikus) változatosságra számítottak. Ezzel szemben feltűnően magas genetikai variációt és

¹ A fogalmat Nei (1973) még szűkebben értelmezi, és csak a heterozigózt érti alatta.

felettebb alacsony genetikai differenciálódást találtak (HAMRICK és LOVELESS 1986; BAWA, 1992; LOVELESS 1992, in ROTACH 2000).

Bár ezen fajok elszórt előfordulást mutatnak a génikus diverzitás értékeiben alig maradnak el az állományalkotó fajoktól. Ritkaságuk okán olyan szaporodási módokat alkalmaznak, melyek nagyobb távolságon belül is lehetővé teszik a génáramlást: nagy távolságú pollen és magtranszport megléte (megporzás madarak, denevérek, nagyobb távolságra repülő rovarok révén; magterjesztés madarak és rágcsálók által). Tehát azon fajok sokkal inkább veszélyeztetettek ritkaságuk, illetőleg megritkításuk révén, amelyek élőhelyeit sok esetben megszüntették, így populációik jelentősen fragmentálódtak. Ez esetben a genetikai variáció (génikus diverzitás) csökkenése jellemző, mivel szaporodási rendszerük evolúcionálisan nem a megritkult számú populációkra adaptálódott (HAMRICK és MURAWSKI 1990, in ROTACH, 2000).

A ritkaság és veszélyeztetettség közé nem tehető egyenlőségjel. Ez utóbbi megítéléséhez a faj demográfiai, szaporodásbiológiai, ökológiai és populációgenetikai tulajdonságainak ismerete egyaránt szükséges; így a ritkaság formájának (1-7 ld. 1. táblázat) valamint okának (mindazon folyamatok melyek a faj jelenlegi megritkulásához vezettek) ismeretében pontosabban meghatározható egy-egy faj veszélyeztetettségének mértéke. Általában azon fajokat nevezik ritka előfordulásúnak, melyek csekély egyedsűrűségűek és/vagy kis elterjedési területtel (area) rendelkeznek.

1. táblázat. A ritkaság formái „1-7”, a „8” az általános elterjedtség jellemzője. (Forrás: RABBINOVITZ, 1981.) Az egyes fajok besorolása svájci adottságok figyelembe vételével történt, melyek azonban a honi elterjedtségi viszonyaiknak is megfeleltetésre kerültek (Forrás: ROTACH, 2000 után).

<i>Forma</i>	<i>Elterjedési terület</i>	<i>Élőhely specifikusság</i>	<i>Helyi populáció-nagyság</i>	<i>Fajok</i>
1	kis	nagy	kis	opáljuhar
2	kis	nagy	nagy	csertölgy, molyhos tölgy
3	kis	kis	kis	házi berkenye, barkócaberkenye, vadalma, vadkörte
4	kis	kis	nagy	-
5	nagy	nagy	kis	fehérnyár, fekete nyár, vénic szil, mezei szil
6	nagy	nagy	nagy	tiszafa, mézgás éger
7	nagy	kis	kis	madárcseresznye, mezei juhar, korai juhar, lisztes berkenye, hegyi szil, nagylevelű és kislevelű hárs
8	nagy	kis	nagy	bükk

Ezen durva osztályozás alapján is megállapítható, hogy a dél-nyugat európai elterjedésű opáljuhar kifejezetten ritka. Az ez után következő fajok valamilyen szempontból ritkának mondhatóak: fehérnyár, fekete nyár, vadalma, vadkörte, vénic szil, mezei szil, házi berkenye, barkócaberkenye csertölgy, molyhos tölgy ritkának mondhatóak; amíg a tiszafa, mézgás éger, madárcseresznye, mezei juhar, korai juhar, lisztes berkenye, hegyi szil, nagylevelű és kislevelű hárs viszonylag ritkának mondható. Ez esetben a ritkaság „2.” formájába tartozó fajok – tekintve élőhelyi specifikusságukat és nagy helyi populációikat: a genetikai erózió és drift veszélyének jóval kevésbé kitétek.

A populáció genetikai összetételének (allélgyakoriságának) véletlen hatására bekövetkező változását genetikai *drift-nek* vagy *sodródásnak* nevezzük, amely lehet:

- folyamatos drift: amikor a populáció létszáma folyamatosan alacsony, így a genetikai mintavételi hiba nemzedékenként ismétlődik. Az izolált, korlátozott kiterjedésű élőhelyeken előforduló populációkra jellemző.
- palacknyak hatás: az életképes populáció nagysága valamilyen külső hatás következtében drasztikusan lecsökken, ezalatt a géngyakoriság jelentősen megváltozik, egyes allélok el is tűnnek. Általában természeti katasztrófák (légszennyezés) indukálják. illetve
- alapító hatás: ha az új populációt egy új élőhelyen kevés számú egyed hozza létre, azok bizonyosan nem fogják hordozni az eredeti populáció minden allélváltozatát. Jellegzetes megnyilvánulási formája az izolált szigetek vagy magashegységek flórájában található – mely számtalan esetben fajképződéshez is vezetett (MÁTYÁS, 2002).

A több nemzedéken keresztül kis létszámú populációban jelentősen megnő az allélvesztés valószínűsége, azaz az alapsokaság kiinduló változatosságot hordozó szülőnemzedékéből az utódnemzedékbe –az allélvesztés révén- csökkent genetikai változatosság örökítődik át. Mindez maga után vonja –részben beltenyésztés révén- a homozigóták arányának emelkedését, így a populáció rátermettsége, kompetíciós képessége csökken. Hátrányos mutások ritka allélok szaporodnak fel. Valamint növekszik a populációk közötti szétsodródás, differenciálódás (MÁTYÁS, 2002).

Sokkalta inkább veszélyeztetettek azon fafajok, melyek jóllehet általánosan elterjedtek, mégis csupán csekély egyedszámban különleges élőhelyeken jelennek meg „5” forma, mint például a fehér vagy fekete nyár, a vénic és mezei szil. A veszélyeztetettség annak okán is fennáll, mivel a termőhelyileg legmegfelelőbb ártéri élőhelyeiket a XX. században más kultúrtársulások foglalták el, mely folyamat egyben e fajok populációinak fragmentációját is jelentette. Azon stratégiák melyek ez esetben a még meglévő élőhelyek és társulások megőrzését céloznák, biztosan nem vezetnének sikerre, a genetikai változatosság elvesztést nem tudnák ellensúlyozni. Ugyanakkor fokozott veszélyforrásként jelentkezik a fekete nyár esetében a nemesnyár kulturfajttal történő basztardizálódás veszélye.

A kis areájú, csekély élőhelyi specifikusságot felmutató fajok („3.” forma), mint pl. barkócaberkenye, házi berkenye, vadkörte és vadalma esetében a meglévő előfordulások megőrzése, illetőleg megfelelően tűnő termőhelyeken történő telepítések (középerdő-közeli, kevésbé záródott erdőalak, erdőszegélyek) célravezetőnek tűnnek – a megfelelő ápolási és erdőnevelési munkák elvégzésével kombinálva. A ritkaság „7.” formájába sorolható madárcseresznye, mezei juhar, korai juhar, lisztes berkenye, hegyi szil, nagylevelű és kislevelű hárs, melyek nagy elterjedési területtel és széles termőhelyi amplitúdóval rendelkeznek a genetikai leromlás kapcsán kevésbé tűnnek veszélyeztetettnek, bár többnyire szálanként fordulnak elő, igaz jelentősebb izolációval ez esetben még nem számolhatunk – fennáll egyfajta metapopulációs szerkezet (ROTACH, 2000).

3.2 A nemes lombos elegyfajok *in situ* megőrzésének módszerei

Az alábbiakban ismertetésre kerülő erdőnevelési eljárások és elegyítési megfontolások elsősorban a természetközeli erdőgazdálkodás elven alapuló, elegyes többkorú állományok nevelését megcélzó, és a ritka fafajok védelmét felvállaló erdőgazdálkodás sajátjai. A megőrzés és elegyarány növelés a nemes lombos fafajok esetében leginkább erdészeti lehetőség és feladat. A fatömeg produktiótól elszakadva egy-egy állomány, társulás sokrétűségének és stabilitásának fenntartása kívánatos. Mindezen ökológiai megfontolások

mellett a nemes lombos elegyfajok faanyagának unikális jellegére alapozva, a minőségi fatermesztés eszközrendszerét felhasználva, jelentős árbevétel érhető el, mely az erdőgazdálkodás önfinanszírozási képességét is kedvező irányban befolyásolja. Mindezek az elképzelések természetesen megkívánják a termőhelyi optimum igények ismeretét, a megfelelő származások, illetőleg szelektált szaporítóanyagok biztosítását.

A nemes lombos elegyfajok génmegőrzésében *in situ* és *ex situ* módszereket egyaránt szükséges felhasználni. A szaporodási közösségek egyedszámának nem kívánatos megritkulásáról az előző fejezetben már szóltunk. Egyenlőre nem tisztázott, hogy a rovarmegporzó elegyfajok esetén mekkora az az (ökológiai) körzethatár, amelyre vonatkoztatva egységes metapopulációról beszélhetünk. Fenológiai és lehetséges megporzási távolságra alapozva. Az *in situ* génmegőrzés során az egységesnek tekinthető ökológiai körzethatárokon belül szelektált jó fenotípusos megjelenést mutató genotípusok heterovegetatív oltványaiból létesített magtermesztő ültetvények, (és az azokból kikerülő szaporító alapanyag) egyfajta szintetikus populációként a genetikai változatosság megőrzését célozzák meg (PIPER, 1998; NYÁRI, 2000).

A különböző párosodási viszonyokra általános érvényűen megfogalmazható legkisebb életképes populáció („LÉP” az angol nyelvű szakirodalomban MVP: minimum viable population) az az egyedszám, amely elegendő a populáció tartós fennmaradásának biztosításához egy adott élőhelyen, amely genetikai értelmezésben magában foglalja az alkalmazkodóképesség hosszú távú fenntartását egyaránt. A LÉP – MVP tehát elegendő nagyságú kell legyen a mind az evolúcióképességnek, mind pedig a diverzitás megőrzéséhez (ld. 2. fejezet) MÁTYÁS (2002).

A *Fraxinus* és *Acer* nemzetség kivételével a nemes lombos elegyfajok populációi a természetes felújítás során túlságosan csekély létszámúak a genetikai változatosság megőrzéséhez, ezért a felújítás folyamatában szükséges magas genetikai változatosságot magában hordozó, ökológiailag adaptálódott szaporítóanyag mesterséges ültetése, pótlása is (ROTACH, 1998).

A nemes lombos elegyfajok a tápanyagban gazdag talajokon, kedvező klimatikus feltételek között, kielégítő csapadék megléte mellett (melyek a természetes felújítás számára a legkedvezőbb feltételeket jelentik) természetesebben a legsikeresebben. Ezek a termőhelyi jellemzők természetesen megegyeznek a zárótársulások főfafajainak (tölgy, bükk) termőhelyi igényeivel. Az alábbi alapelvek Közép-Európára vonatkoznak, egyes megoldások természetesen lehetnek különbözőek, adaptálva azokat más környezeti feltételekhez, mint azok az elterjedés déli vagy északi részén egyaránt különbözhetnek (ROTACH, 1998).

- 1) Első számú prioritásként, amely a nemes lombos elegyfajok megőrzéséhez és nagyobb mérvű elterjedéséhez vezethet – a fafajok ökológiai optimum területeire, egyéb természetes élőhelyeire és speciális előfordulási helyeire szükséges koncentrálni. A fiziológiai optimum termőhelyein történő telepítések csak az esetben indokoltak, melyeknél az intenzív erdőnevelési beavatkozások lehetősége biztosított.
- 2) Ritka és nagyon ritka fajok esetében azok ökológiai optimum előfordulási területein álló minden élőhelye és egyede megőrzésre érdemes. Azon fafajok esetében, amelyek általában nagyobb populációkban is megtalálhatóak (mint pl. *Fraxinus*, *Acer*, *Prunus*) a megőrzés a 20 egyedszámnál nagyobb csoportokban megvalósíthatónak tűnik.
- 3) Ha az intenzív erdőnevelési beavatkozások lehetősége biztosított, az értékes kemény lombos elegy telepíthető a legtermékenyebb – fiziológiai optimumot képviselő – területekre egyaránt. A növekedés és az értékprodukciónak e termőhelyeken a

legkedvezőbb, és a befektetés megtérülése a legtöbb faj vonatkozásában meglehetősen magas.

- 4) A bükk által meghatározott társulásokban a nemes lombos fajok elegyítése foltosan célszerű, semmint szálanként. A nemes lombos fafajokat inkább foltos elegyben ültetik, illetve a kezdeti állománynevelések esetében minden esetben kíméletet kapnak.
- 5) Azon fafajok, melyek társulás / kompetíciós képessége alacsony egy állomány főfafajához képest – lehetőség szerint egyedi állományszerkezetben avagy élőhelyeken különösen kedvezően alkalmazkodnak, melyeken elsősorban a veszélyeztetett viszonylag ritka vagy ritka fafajokat kell előnyben részesíteni. Az alábbi fafajok – alacsony kompetíciós képességük, fényigényük, illetőleg eleve alacsony termetük miatt - különösen érintettek az egyedi élőhelyek vonatkozásában: *Malus* sp; *Pyrus* sp, *Sorbus aria*, *S. aucuparia*, *S. torminalis*. A különleges élőhelyek:

Erdőszélek: 20-30 m széles és „mélységű” zónát jelent, amelyben az elegyfajok foltos elegyben ültethetőek. Az erdőfelújításkor ügyelni kell a cserjekompetenciára, illetőleg –ha szükséges- a felszabadításokra is.

Sövények, fasorok, mezőgazdasági területeken elszórtan megtalálható erdőfoltok: Köztudott, hogy az erdőfoltok, nem pusztán a tájnak képezik fontos esztétikai (ornamentális) elemét, hanem funkcionális szempontból élő- és bűvőhelyet jelentenek növény- és állatfajok számára; szélfogók. Felismerve a ritka és veszélyeztetett fajok megőrzésének feladatát – az erdősávok és erdőfoltok e rendszerben a génáramlás „lépkedőkövei” az egymástól elszigetelt magpopulációk között.

Sarjeredetű állományok: ide sorolhatóak a középerdő és sarjerdő erdőalakok. Ezen üzemmód a nemes lombos fajok vonatkozásában különösen a XIX-XX. század fordulóján volt elterjedt, és a tűzifa szükséglet kielégítését célozta meg. A kevésbé versenyképes fafajok számára e napjainkban már „konzervációbiológiai módszer” különösen alkalmas volt génkészletük hosszú távú – ha úgy tetszik statikus – megőrzésére (barkócaberkenye, házi berkenye).

Fenyőállományok: az idős, alacsony záródású kiritkult fenyőállományokban a barkócaberkenye, de a házi berkenye is megjelenik a második lombkoronaszintben –biztosítva a talaj és törzsárnnyalást (ROTACH, 1998).

A magyar szakirodalom ez utóbbi esetben inkább a kislevelű hárs, ritkábban gyertyán alátelepítését javasolja az aljnövényzet „elszedresedése” megakadályozásának és a második lombkoronaszint kialakításának céljával (JEREB, 1982).

- 6) nemes lombos elegyfajok sikeres megőrzés és fenntartás érdekében, a legtöbb ilyen faj esetében az elterjedés / megjelenés adatainak pontosítása kívánatos. Ezért a tő mellett dolgozó szakemberek teljes körű figyelemfelhívása és motivációja szükséges.
- 7) Ha egy faj nagy, vadon élő populációkban is előfordul: az eszközök és pénzügyi keretek olyatén felhasználása ajánlott, amely a természetes felújítást és a kezdeti ápolásokat motiválja. Ezen fafajok ültetése akár a legjobb termőhelyre is korlátozódhat, amelyeken a legmagasabb hozam is elvárható. Ezen telepítések szaporítóanyagának kiindulási bázisai a legjobb fenotípusos tulajdonságot felmutató egyedek szelektált kollektívumai (génmegőrző-magtermesztő ültetvények).
- 8) Azon fafajok esetében melyek populációi kis egyedszámúak, illetőleg veszélyeztetettek a kultúrfajtákkal való visszakereszteződés révén, a természetes felújítás folyamatát szükséges ültetéssel is kiegészíteni. (A *Pyrus* sp. és *Malus* sp. esetében jelentkezik az introgresszió, csakúgy mint a *Prunus avium*-nál.) A mesterséges pótlás tehát azokon a termőhelyeken szükséges leginkább, melyek

ökonómiai megfontolásokat tekintve nem feltétlenül fontosak. Az ültetési, illetőleg kiindulási anyagnak tehát mind nagyobb diverzitást kell felmutatnia, minél nagyobb százalékban kell tartalmaznia a „vad” genotípusokat a javasolt származásokból.

- 9) Az első 20-30 és döntő a legtöbb nemes lombos fafaj túlélésének szempontjából. Legalább egy beavatkozás szükséges a sűrűség vagy a vékony rudas korban az elegyfajok megőrzése és felszabadítása okán. Valamennyi elegyfaj kímélendő a természetes felújítás során, tekintetbe véve minőségüket, előfordulásukat az elegyes állományokban, valamint a vágásforduló hosszát.
- 10) Az elegyfajokat magas százalékban tartalmazó fiatal állományokban ajánlott a minél korábban megkezdett V-fa szelekció (ha lehet már a sűrűség korban), legalább egy erős felszabadítással kiegészítve. Habár a korai V-fa jelölés biztosan magában hordoz kockázatokat, ez a leghatékonyabb stratégia az elegyfajok megmaradásának garanciájaként az első tisztítások során (ROTACH, 1998).

Az állományokban, foltos, csoportos elegyben történő minőségi fatermesztés mellett lehetőségként kínálkozik a berkenyék elsősorban a fojtós és barkócaberkenye agro-erdőgazdálkodási keretek között történő nevelése is. Az agro-erdőgazdálkodás fogalom alatt nem mezőgazdasági köztesművelésre kell gondolnunk minden esetben, hanem hajdani mezőgazdasági területen intenzív technológiákkal (ágyesés, talajápolás) történő fatermesztésre, mely a minél nagyobb iparifa kihozatal mellett a terméshasznosítást is magában foglalja.

GRIESMEIR (1991) in KAUSCH-BLECKEN VON SCHMELING (1992) a témáról írott munkájában a krisztustövisnek (*Gleditsia triacanthos*), a házi berkenyének (*Sorbus domestica*), a pekándiónak (*Carya illinoensis*), a fehér hikoridiónak (*Carya ovata*) valamint a barkócaberkenyének (*Sorbus torminalis*) tulajdonít jelentőséget e munkaigényes termesztési kultúrákban a közép-európai régió számára.

DUPRAZ et al (1993) új-zélandi agro-erdőgazdálkodási rendszereket tanulmányoztak, és megvizsgálták alkalmazhatóságukat a francia viszonyokra. Ez alapján a 300 m körüli tengerszint feletti magasságban levő termőhelyekre, Auvergne régióban (Francia-középhegység – *Massif-Central*) ajánlják kísérleti területek létrehozását vadkörte, fojtós és barkócaberkenye fafajokkal. Hektáronként 100-200 db-os törzsszámmal, 50 év alatt 5-6 m hosszú ágtiszta törzsmagasság biztosításával a törzsenkénti 1 m³-es lemezipari rönkkihozatait valószínűsítene.

Hazai viszonyok között érdemes lenne elgondolkodnunk egy-egy régió fásításának, erdősítésének tervezésekor és főként finanszírozásakor egyfajta az ökonómiai tényezők szempontjából is versenyképes (a nemes lombos fafajok keresettek, faanyaguk jó áron eladható, rövidebb vágásfordulóval megnevelhetők) ökológiai folyósó- ill. hálórendszer kialakításának környezeti és humán hasznosságáról. A belterjesebb erdőnevelési és mellékhaszon-vételi (termés) szemlélet az erdészeti kultúra fejlődését jelentheti az érintett régiókban, jól illeszkedik a területfejlesztési, vidékfejlesztési elképzelésekbe is (NYÁRI, 2000/a).

Hazai lehetőségeket tekintve pl. a madárcseresznyének jelentősége lehet a patakmenti ligeterdőkben, mélyebb fekvésű mikro termőhelyeken, ill azokon a beerdősítésre szánt területeken, melyeknek termőhelyi viszonyai ezt lehetővé teszik (e termőhelyekre „illeszthetők” még egyéb más nemes lombos elegyfajok is: kőrisek, juharok, szilek).

Ennek megvalósításához az a fiziológiai igényekben mutatkozó különbség adja meg a háttérrel, hogy az ezen elegyfajokat tartalmazó társulások főfafajai (pl. bükk tölgy) számára

az újraerdősítendő terület termőhelyi viszonyai még nem megfelelőek, viszont a nemes lombos elegyfajokkal megkezdhető lenne a mesterséges szukcesszió, egyfajta termőhely javító folyamat, mely az eredeti erdőtársulás környezeti feltételeinek elérését célozná meg az erdőgazdálkodás során elérhető mértékben (avarképződés, humuszosodás, talajárnyalás). Ezzel együtt sűrűsödne ezen sokszor kollin, de főként montán régióba visszaszorult fajok hálózata egy-egy terület lefedettségében.

A két berkenye faj korábbi jellemzéséből kitűnt, hogy a szakirodalmi források a házi berkenyét (*S. domestica*) csekély létszámú és kiterjedésű populációi miatt tekintik a legveszélyeztetettebb berkenye fajnak (DEMASURE, 1997). Hazai vonatkozásban nem feledkezhetünk meg meghatározóan álváros szaporodás (vegetatív-apomixis) útján terméseket érlelő, magvakat hozó berkenye kistajokról (MÁTYÁS, 2002), tranzituszokról (KÁRPÁTI, 1964), lisztesfonákú berkenyéről (KÉZDY, 1999) sem. (Ez utóbbi esetben a csoportba két berkenye faj: a lisztes berkenye (*S. aria*), és a déli berkenye (*S. graeca*) egyaránt beletartozik).

Mindegyik esetben ajánlott a kis kiterjedésű autochton populációk² azonosítása és in situ megőrzése mellett, az ex-situ génmegőrzési módszerek alkalmazása egyaránt. Barkócaberkenye esetében a fajt – a Sorbus tranzituszokkal egyetemben- a hazai szakirodalmi források a veszélyeztetett génkészletű, intenzív génmegőrzési módszereket igénylő fajokhoz sorolják (azaz a 21,00 órában levő → ⊕ fajoként nevezik meg): amely esetben a faj génkészlete veszélyesen lecsökkent, vagy deformált (MÁTYÁS, 1998; MÁTYÁS, 1999/a).

3.3 A berkenye fajok szaporodásbiológiája

A Rosaceae család Maloidae alcsaládjába tartozó Sorbus fajok európai képviselőit öt szekcióba, alnemzetségbe sorolják. Négy szekciót csupán egy-egy faj képvisel: ezek a *S. chamaemespillus* (naspolyakéjú berkenye), a *S. aucuparia* (madárberkenye), a *S. domestica* (házi berkenye), és a *S. torminalis* (barkócaberkenye). Az ötödik, *Aria* szekcióba számos faj és átmeneti alak tartozik. Ez a szekció központi szerepet játszik a nemzetségen belüli hibridizációban. Tagjai egymással –illetve a *S. domestica* kivételével a többi felsorolt fajjal is kereszteződnek (KÉZDY, 1999).

A kromoszómaállomány a kromoszómaszám vonatkozásában fajspecifikus tulajdonság. A Sorbus nemzetségről szóló legteljesebb tanulmányokat LILJEFORS (1953, 1955) készítette. A vizsgált fajoknál megfigyelt kromoszómaszámok a következők: $2n=34$ (a kiindulási, alapfajok mindegyike, illetőleg néhány hibrid), $3n=51$ és $4n=68$ - az intraspecifikus, állandósult hibridek esetében.

Az állandósulás feltétele az apomiktikus, ezen belül az agamospermiával történő szaporodásuk: a mag álváros (pszeudo-szexuális) folyamat eredményeként jön létre. A nucellusz valamelyik sejtje – a megporzás stimuláló hatására – embrióvá fejlődik (pszeudogámia). Az embrió így teljesen anyai szövetből áll, de a tápszövet tartalmaz hím genetikai anyagokat. Az adventív embriónia jelenségeként az anyai eredetű embrió belenő az embriózsákba (BORHIDI, 1998). BAKSAY (1964) vizsgálatai szerint a *S. borosiana* tranzitusznál az ivaros szaporodás is lejátszódik. Az apomiktikus kistajokat taxonómiai gyakorlatban agamospecies néven külön kategóriaként kezelik, és sokkal inkább faji rangon fogadják el őket, mint öntermékenyülő mikrospcieseket (BORHIDI, 1998).

A barkócaberkenye esetében –bár a faj populációi mindenképpen szétszórtnak tekinthetőek-számtalan esetben találhatunk életképes kollektívumokat, amelyekben az ivaros szaporodás,

² Populációnak tekintik azt a legalább 20 db egyedet, amelyek egymástól mért távolsága meghaladja az 50 m-t, és az egyedek eloszlása 15-20 ha-os területet nem halad meg (DEMASURE, 1997).

idegenmegporzás elvi lehetősége biztosított. A virágzás és termésképzés során problémát jelenthet a gyengébb versengő képesség okán jelentkező alá- és közbeszorultság, így még az ökológiai optimum társulásaiban is meglehetősen csekély mértékű terméshozam volt megfigyelhető az 1999. őszen végrehajtott, utódvizsgálatok létrehozását célzó termésgyűjtések kapcsán (NYÁRI, 2000/a). Más kép fogadott bennünket a jó alakú hagyásfák megkeresésekor, amelyek 2-3 év óta szabad, illetve félszabad állásban közvetlen megvilágítást kaptak, így azokról a már kezdetektől szabad állásban található szoliterekkel egyetemben kereskedelmi, és nem pusztán kutatási célokra elegendő mennyiség begyűjtése is lehetőség nyílt volna.

Ex verbis KISS BALÁZS (1999) szerint a barkócaberkenye terméshozamát illetően nem pusztán az időjárási viszonyok befolyása érvényesül, hanem az egyes egyedek rendelkeznek bizonyos fokú önszabályozással, amely 2-3 éves periódusonként eredményez nagyobb terméshozamot.

Az ivaros szaporodást illetően a fafaj szabad állásban 15 éves kor körül kezd virágot és termést hozni. A virágzat megporzása rovarok révén történik leginkább hosszú szipókájú rovarok, mint a méhek és egyéb hártáásszárnyúak pl. zengőlegyek által (SCHÜTE, 2000/b). A *Sorbus*-félék virágképzését tekintve hermafrodita (hímnős) virágzatról beszélhetünk. Megfigyelhető volt, hogy bár egy populáció minden egyedek virágzott, a várt termés alkalmasint mégis elmaradt. Gyakorlatilag a *Sorbus torminalis*, mint zárvatermő faj egyedei ez esetben két funkcionális csoportba voltak sorolhatóak: hímnősek, valamint kizárólagos hímvirágú egyedek, dacára annak, hogy az egyedek évente változtathatják funkcinális csoportjukat (ODDOU-MURATORIO, 2001/a).

Generatív eredetű újulatát ritkán írják le, melynek előfeltétel a madarak és kisémlősök általi elterjesztés (VANCSURA, 1992). Az önmegporzás révén keletkező utódnemzedékben fellépő albinizmussal kapcsolatos adatok (*S. torminalis*) a szakirodalomban nem voltak fellelhetőek. Egy utódnemzedék genetikai vizsgálati adatai arra engednek következtetni, hogy az öntermékenyülés a *S. torminalis* esetében elhanyagolható (DEMESURE, 2001).

A magterjesztés Nagy-Britanniában leírt módjait tekintve a barkócafa esetében ROPER (1993) szerint a termés bár általában a madarak által kerül elfogyasztásra, vélhetően a magok is megemésztődnek azok keskeny bélcsatornájában. Sokkalta nagyobb jelentőséget tulajdonít a vaddisznónak, házi disznónak és a szarvasmarhának a síkságokon, síksági erdőségekben. A vaddisznó szívesen fogyasztja a fafaj termését és túrása révén az erdei avart illetve az egyéb talajfelszínt egyaránt előkészíti az ürülékkel kikerülő magok számára. Amikor a termést madarak, kisémlősök illetve gerinctelenek fogyasztották el – nem jelentkezett magonc újulat. DEMESURE (2000) munkájukban a rigó fajok (*Turdus sp.*) magterjesztési szerepét hangsúlyozzák a genetikai szerkezet homogenizációjában, a rovarmegporzás mellett.

A keleti berkenye (*Sorbus commixta*), mely fafaj Japán és Korea hegyvidéki erdeiben honos, esetében YAGIHASHI et al (1998) végeztek csíráztatási vizsgálatokat. A cél annak megítélése volt, hogy a madarak bélcsatornáján áthaladt magvak csírázására az emésztési folyamat milyen hatással van. A terepi és labormunkákhoz a begyűjtött anyagot négy csoportba különítették el:

1. Azok a magvak, melyek a madarak (rigók) bélcsatornáján áthaladtak, és azok ürülékéből lettek kiválogatva;
2. Kitisztított magvak, melyek termésének húsa és héja szándékosan eltávolításra került.
3. Pépes magvak, melyeknél a terméshús levében tárolták a magvakat;
4. A magvakat tartalmazó teljes termések.

A laboratóriumban a teljes termések magvai, illetőleg a pépes magvak alig csíráztak, míg az emésztett és elkülönített magvak igen. Ezek a lapján a terméshúsban és annak levében kimutatható csírázásgátló inhibitorok hatása érvényesült. Viszont a kitisztított magvak csírázási eredményei alig maradtak el az emésztett magvakétól. (Előbbi 37,9 %-os, utóbbi pedig 44,4 %-os csírázást mutatott.) A termésben, pépben vizsgált magvak 0,3 %-a csírázott az első év tavaszán. A második év tavaszán is csíráztak

magvak. Így a kumulált csírázási százalékok: 48,0 %-os volt az emésztett magvak, 46,0 %-os a tisztított magvak, és 2,6 % a pépben és termésben csíráztatott magvak esetében.

A csemetekertben az emésztett magvak csírázása 45,0%-os, a kitisztított magvaké 46 %. A terepen elvetett berkenyetermések magvai az első év tavaszán nem csíráztak, mivel a terméshús és maghéj még mindig közrefogta a magvakat. A terméshús és héj az első nyár alatt lebomlott, így a magvak számára megteremtődött az elvi lehetősége annak, hogy a második év tavaszán csírázzanak. A vizsgált terület novembertől ápriliséig hó borítja, így a téli klimatikus viszonyok nem teszik lehetővé a lebomlást –csupán a nyáriak. Azonban a legtöbb ilyen mag nem indult csírázásnak, mert az első nyár alatt elveszítették csírázási képességüket. (A csemetekertben nem került sor pépes magvak vizsgálatára.)

A terepen tehát a termésben levő magvak nem csíráznak az első év tavaszán, illetőleg ezt követően elvesztik csírákéességüket, és a terméshús nyári lebomlása ellenére az érés utáni második év tavaszán sem csíráznak. Tehát elmondható, hogy természetes viszonyokat figyelembe véve a *Sorbus commixta* magjainak csírázása és terjesztése a madarak általi emésztés és terjesztés nélkül nem lehetséges.

A terméshús eltávolításának, az endozoochor magterjesztésnek a csírázásgátló anyagok közömbösítésében van szerepe. A csemetetermesztés szempontjából a barkócaberkenye gyümölcse szeptember végén érik és gyűjthető. A termékek a szedés után 1-2 héttel "megszotykosodnak", ilyenkor már könnyen kimoshatóak. A gyümölcsöt óvatosan szétnyomjuk, hogy esetleges mechanikai sérüléstől a még szinte lágy maghéjat megóvjuk, és folyóvízben alaposan kimossuk a magokat. A későbbi penészképződést akadályozzuk meg így – hisz a gyümölcshús eltávolítása megtörténik. Nem közömbös, hogy az utóérlelés időtartama milyen hosszú, azaz a terméshús csak "megszotykosodik", avagy rá is erjed, valamint szárad a magokra. MULLER és LAROPPE (1993) adatai szerint az október 15-ig kimosott, egészséges magvak csírázási %-a 90, a két héttel későbbi kimosásból származó magvaké már csak 52 %, míg további 2 hét elteltével ez az arány már csak 18 %.

A madaraknak és kisemlősöknek a berkenyetermések elfogyasztásában és a magvak emésztésében, a csírázásgátló inhibitorok eltávolításában és a magvak terjesztésében óriási szerepe van. Ez egyfajta koevolúciós kapcsolatként is értelmezhető, mely a rovarmegporzás mellett az endozoochor magterjesztéssel valósítja meg a génáramlást. A barkócaberkenye jégkorszak utáni visszavándorlása szintén a déli refúgium területekről képzelhető el (Ibériai-félsziget, Appenini-félsziget, Balkán-félsziget), a rendelkezésre álló források alapján sokkalta kevésbé élvezett kultivációt mint a házi vagy fojtós berkenye (*S. domestica*). Tehát az erős gyökérsarj képzési hajlam statikus módszer, a populáció aktuális génkészletének megőrzését szolgálja (a házi berkenyével egyetemben), míg a magterjesztés a fajok északi ökológiai optimum, illetőleg szubszpontán előfordulási területeire (BOROS, 1944 in. KÁRPÁTI, 1959/60) történő eljutás eszköze (volt).

A barkócaberkenye, (illetőleg a házi berkenye) ivartalan szaporodást tekintve jellemző a gyökérsarjak képzése, amely képességnek a fafaj társulásban maradását illetően van jelentősége (FEKETE és MÁGÓCSY-DIETZ, 1896; VANCSURA, 1992; KAUSCH BLECKEN V. SCHMELING, 1994, 2000; ROTACH, 1998, 2000; SCHÜTE, 2000/b). Vegetatív eredetű újulata nem pusztán gyökérsarjakról, hanem tuskósarjkról is felverődhet (STRASBURGER, 1998).

4. A házi és barkócaberkenye etnobotanikai, kultúr- és erdészettörténeti háttere

A történelmi-társadalmi változások révén bekövetkező paradigmaváltások során ember és környezete kölcsönhatásában mindig megfigyelhető az a fajta módosulás, mely ismeretek elvesztését esetleg megszerzését jelenti. Ez hatással van a természeti környezet növény- és állatvilágának ismeretére, a kölcsönhatás eltűnésére és ezzel együtt lehetőségek (ökológiai stabilitástól a gyógyászatig) elkallódására is. Persze a történeti folyamatokban mindig megfigyelhető a megtartást célzó motívum is; kérdéses azonban, hogy ez egy felgyorsult változást mutató rendszerben mire lesz elegendő.

A barkócaberkenye és a házi vagy fojtós berkenye szotykos termését már az ókorban, középkorban is szívesen fogyasztották. E fákat már a görögök és a rómaiak is természetették. A húsos berkenyetermések, és alkalmasint az esztétikus őszi lombszín feltételezi, hogy a kultúrtörténetileg, illetve etnobotanikailag belátható múltban a berkenyék – *különös tekintettel a házi berkenyére* – mely átmeneti fafajnak is tekinthető a vadgyümölcs elegyfajok illetőleg a kultivált gyümölcsfajok között, fokozottabb figyelmet kaptak a fafajok kéméletét, gondozását, hasznosítását illetően. Ez a fajta humán hatás nem minden esetben jelentett pusztán előnyöket. Tény: e fafajoknál is megtalálhatóak hasznosításukat illető irodalmi források valamint egyéb leletanyagok, melyek az emberi társadalmakban erdőtakarót csökkentő alapvető történeti hatása mellett egyfajta kultivációt is feltételeznek.

A görög THEOPHRASTOS⁵ (Kr e. 371-285) az általa „oia” néven leírt házi berkenye részletes morfológiai leírását adja, ami már botanikai leírásnak tekinthető, míg a későbbi szerzők sokkalta inkább a növény hasznosítását illetően a termésre, más növényi részekre koncentráltak, melyek mint gyógyászati anyag kerülhettek felhasználásra. THEOPHRASTOS leírásában a fafaj szaporodása gyökérről, sarjakkal és magról is történhet. Szereti a hideg és nedves helyeket, melyeken vitális növekedést és termőhely-állóságot mutat, mindezek mellett a hegyvidékeken is előfordul.

Egy évszázad elteltével a római politikus és író MARCUS PORCIUS CATO MAJOR (Kr. e. 234-149) a „De agri cultura” művében használja a „*Sorbum*” kifejezést. Ezáltal megtörtént a névadás, mely napjainkban is mint „*Sorbus*” tudományos nemzetségnévként használatos. Maga a *Sorbus torminalis*-szerű elnevezés elsőként AULUS CORNELIUS CELSUS esetében jelenik meg, aki Kr. u. 25-35 között szintén a saját „de re rustica” művét írta. A műben a „*sorbum*” és „*sorbum torminale*” terminusok olvashatóak, azaz elkülöníti a barkócaberkenyét (Forrás: KAUSCH BLECKEN V. SCHMELING, 1994).

Kr. u. 60-ban DIOSKORIDES az ő ötkötetes „*De materia medica*” művében írja le azt az orvosi álláspontot, hogy a termés – akár szárított állapotban is – hasmenés csillapítására használható fel. (Ex. verbis SONNEVEND IMRE (1999) szerint a Pápa melletti Tapolcafő község egyik kertjében levő idős házi berkenye termését több generáció is árusította a közeli város piacán. A portékát kínáló rigmus az alábbi volt: „*Vegyén az úr berkenyét, hogyha fosik ezt egyék.*” Tehát a hascsikarást csökkentő hatás a közelmúltig etnobotanikailag is közismert volt.)

PLINIUS, C. S. (Kr. u. 23-79) az ő „De re rustica-jában” közli, hogy a házi berkenye termését edényekbe helyezik, majd azok fedelét gipsszel lezárják, napos helyen fejjel lefele fordítva elássák – két láb vastagságban földet szórnak rá. Munkájában a gyümölcs szabadban történő aszalása is említésre kerül. Szintén a fent említett PLINIUS SECUNDUS az, aki a

⁵ Amennyiben az antik és középkori szerzőktől idézettek külön forrásmegjelölése nincs csatolva, úgy a megjelenés helye: KAUSCH BLECKEN V. SCHMELING (2000).

barkócaberkenye megfeleltethető morfológiai leírását adja Historia Naturalis XXXVII. könyvében: „A Sorbus egyik fajtája a torminalis, csak gyógynövényként használatos, szorgalmasan terem, kis gyümölcssei vannak, levelei csaknem, mint a platáné, a madárberkenyétől egészen eltérően növekszik.” (Forrás: KAUSCH BLECKEN V. SCHMELING, 1994).

PALLADIUS a Kr. u. I. században az alábbiakat írja: A magról nevelt házi berkenyék gyorsan nőnek és jó terméseket hoznak. Az oltás áprilisban történik, mégpedig másik házi berkenyére, birsre és cseregalagonyára is (*ld. 6. ábra*), ill. bor és ecet is készíthető belőle.



6. ábra. Galagonyára oltott házi berkenye „inkompatibilitás jelensége” Göttingenben. Az alany és nemes rész elkülönülése szembetűnő. (Fotó: NYÁRI, 2001.)

A régészeti objektumok feltárásaiból ritkán kerülnek elő növényi maradványok. Ezek a szerves anyagok instabilak, természetes körülmények között a mikroorganizmusok rendkívül hamar lebontják őket. Különleges körülmények, mint pl. tűz általi szenülés, vízborítás, rendkívül száraz mikroklíma meghatározottságában lehetőség van rá, hogy deformálódott formában fennmaradjanak. Járulékos feladatként jelentkezik, hogy ezen maradványok felismeréséhez nagy gyakorlatra, szisztematikus mintavételre és izapolásra van szükség. Az archeobotanikai leletek java részben direkt növényi lelet: magvak és termések. Ezek részben szándékosan (pl. készletezés, telephulladék, telepégés utáni takarítás, rituális szertartások, temetés során) kerülhetnek a talajba. Az így földbe került növényi részek viszonylag ellenállóbb része a mag és a termés. Ezek edafikus, klimatikus és biotikus tényezők hatására fennmaradhatnak: tőzegesedhetnek, ritkán nehézfém ionok hatására konzerválódhatnak, habarcsokba záródhatnak, vagy extrém száraz körülmények (pl. sírkamrák) vagy hideg (pl. gleccser jege) passziválhatják őket. Leggyakrabban azonban elszenült állapotban kerülnek a talajba (SÁGI és FÜZES 1966).

Tác-Fövenypuszta II. századi épületeinek feltárása során naspolya (*Mespilus germanica*), kerti berkenye (*Sorbus domestica*) és sajmeggy (*Prunus mahaleb*) csonthéjakat találtak. A régészeti és archaeobotanikai leletek tanúsága szerint a III-IV. századi római villagazdaságok kertjeiben fejlett gyümölcs és szőlőtermesztés folyt. A kékkúti 2. számú bazilika feltárása során szenült cseresznye kocsánytöredékek és házi berkenye magok azt mutatják, hogy szívesen fogyasztották a nemesebb gyümölcsöket. A fenékpusztai római castrum feltárásán talált házi berkenye magokból azt a következtetést vonták le, hogy az erőd az V. század közepének egyik kora őszén pusztult el, mivel ennek a fának a termése szeptember vége, október közepe táján érik (GYULAI, 2001).

A magyar archaeobotanikai kutatás egyik legjelentősebb növénytani leletanyaga a késő népvándorlaskori Fonyód-Bélatelepről került elő. A ¹⁴C vizsgálatok szerint a

cölöpépítmények alkotta telep életkora a VII. század második fele és a IX. század közötti időszakra tehető. A gyümölcsleletek (9 faj 1400 db maradványa) alapján jelentős mértékű gyümölcsfogyasztásra enged következtetni. A telep lakói ilyen irányú igényeiket egyrészt gyűjtögetésből, másik részét természetessel fedezték. A kökény, közönséges mogoró, vadalma, vadvadkörte fajok (pl. magyar vadvadkörte), egybibés galagonya, földi bodza termései és magjai gyűjtögetésből származhattak, talán még a cigánymeggyé (*Prunus cerasus*) és a házi berkenyé is (GYULAI, 2001).

Az Alpoktól északra a házi berkenyét elsőként a NAGY KÁROLY-féle *Capitulare de villis* (812) rendeletben, illetve *Szt. Gallen kolostorkertjének tervében* (820) a berkenye részére elkülönített parcellát „*sorbarius*” néven említik, nem tisztázva, hogy házi vagy barkócaberkenyéről van-e szó. A nyáron nagy fürtökben érő skarlátvöröstől a sárga színig terjedő bogyóit, melyeket különösen a rigók fogyasztottak szívesen éppúgy hasznosították, mint a barkóca berkenyéét: azaz egyfajta ínycsiklandó ízű, erős berkenyepálinkát állítottak elő belőlük, melyet hasmenés ellen fogyasztottak. A fajtás berkenyét Dél-Németországban ill. Franciaországban még a századelőn is gyümölcsfaként kezelték (REINHARDT, 1911).

Régi feltételezés, hogy Németországban még a rómaiak telepítették meg a házi berkenyét „*Feldspeierling*”, melynek kivadult példányai „*Waldspeierling*” az erdőkben is előfordulnak. Az hogy a dél-németországi gyertyános-tölgyesekben ily nagymértékű kivadulás során gyakorta fordul elő szálankénti elegyben – kevéssé meggyőző. Valószínűsíthetően a melegebb jégkorszak utáni időkben Európa dél-nyugati részéről vándorolt északabbra, ahol a napsütöttebb szőlőtermesztő vidékek erdeiben meg is tudott maradni. A korai középkor határleírásaiban mint „*arbor terminalis*” (a végek fájaként) nyer említést, egy 779-es würzburgi határleírásban írják: „*dar der spirboum stuont*” (GRÄTER, 1997).

SZAMOTA ISTVÁN gyűjtéséből ZOLNAI GYULA szerkesztette 1902-ben azt az oklevélszótárt, amely a régi iratokban előforduló magyar szavakat tartalmazza. Eszerint a középkori oklevelekben több helyütt említették a barkócát Burcholcha, Borcholcha, Borkouchafa és Barkolchafa elnevezéssel. A hivatkozásokban a fa többnyire bizonyos kijelentések elhangzásának helyeként tűnik fel: „*Ad arborem Barkolchafa dictam*”.

A Dráva– Száva közéről származó korai adatok alapján feltehető, hogy a magyarba egy déli szláv brekovicva, vagy brekavicva alak kerülhetett át barkócaaként. A népnyelvben a barkócát a „bunkósbot”, illetve „bercőkés bot” elnevezéssel is illetik, mivel gyakran készítettek belőle furkósbotokat. E fának az a tulajdonsága, hogy tavasszal megszurkálva, a sebzések helyét őszre görcsösen kiforrja, alkalmassá teszi furkósbotnak (ALBERT, 2000).

Mintán az ember a gyümölcsfák hasznosságát megismerte, az erdőirtások alkalmával ezeket megkímélte. Ezek a "hagyásfák" azután terebélyes, hatalmas fákká nőttek. Sokszor emiatt éppen helynévadóvá is váltak. A határjárásokban való gyakori szereplésük ezzel függ össze, mert az ilyen fák kínálkoztak leginkább arra, hogy törzsükbe jelet rajzolva, vagy tövükhöz határhányást húzva határfaként szerepeljenek (CSÖRE, 1980).

A középkori Magyarországon a gyümölcsstermesztés szorosan kapcsolódott az erdők használatához fűződő joghoz (MOLNÁR, 1996). Ezek a fák nagyjából vadgyümölcsfák voltak, amit a *silvestris* jelző gyakran elárul. Voltak azonban szelíd, nemesített fák is, hiszen a középkorban a gyümölcsösök jó része erdőben volt. Néha azonban körülhatárolták, elkerítették őket. A gyümölcsösök nemcsak gyümölcsösben (*promerium*), hanem "vadkert"-ben is termettek. A "vadkert" nem vadaskertet, hanem erdei kert, erdőben levő gyümölcsöst jelentett (CSÖRE, 1980).

A késő középkorban a jobbágyi gyümölcsöskertek létrehozásában a magyar királyság járt az élen. Már a XIV. századtól megjelentek a szőlősgazdák és gyümölcskertészek. Számuk

növekedésének kedvezett, hogy Nagy Lajos uralkodása idején terményeik értékesítése jól működő piacokon történt. A földbirtokkal szemben a gyümölcsös és szőlő eladható volt. A mezővárosok polgárai is birtokolhattak ilyen területeket. A szőlőskertbe gyümölcsfákat (csonthéjasokat, almát, körtét, berkenyét) is ültettek (GYULAI, 2001).



A XV. századtól kezdve megnőtt az igény a gyümölcsök iránt. A gyümölcstermesztés jövedelmező foglalkozássá vált. A nyers gyümölcsök mellett az aszalványok is keresettek voltak. A faluközösségek, mezővárosok lakói a szőlőhegyekhez hasonlóan közös gyümölcsösöket létesítettek. A gyümölcsfákat és szőlőtöléket mindenféle rend nélkül, szabálytalanul ültették. A magról vetést, illetve a szőlő esetében a dugványozást, mint legegyszerűbb szaporítási módokat kedvelték (FRISNYÁK, 1990).

7. ábra. A házi berkenye vélhetően legősibb ábrázolása CADAMOSTOTÓL, a XV. század harmadik negyedéből. A rajz Veronából, vagy Velencéből származik, jelenleg az Osztrák Nemzeti Könyvtárban található (Sz: 5264). CADAMOSTO kísérő szövegében olvasható, hogy az érett házi berkenye termések fogyasztása révén a kolera ellen védettség nyerhető. (Forrás: KAUSCH BLECKEN v. SCHEMLING, 2000).

Az 1998-99-ben feltárt, a XV. századi budavári kutakból és ciszternákból több mint kettőszázezer mag és termés maradványa került elő. Az igen nagy mennyiségű töltélföld kiiszapolása során talált gyümölcsmaradványok valószínűleg az akkor még a Budai hegyekben meglévő gyümölcsösökből, szőlőkből származnak: nemes alma, körte, őszibarack, dió, naspolya, mandula, cseresznye, cseresznye-szilva, meggy, házi szilva, kökényszilva, ringlő, házi berkenye, birs. Ez a mai gyümölcskultúrához képest is fajokban gazdagabb leletanyag változatos fogyasztási és feldolgozási szokásokra enged következtetni és feltétlenül magas kertkultúrára utal (GYULAI, 2001).

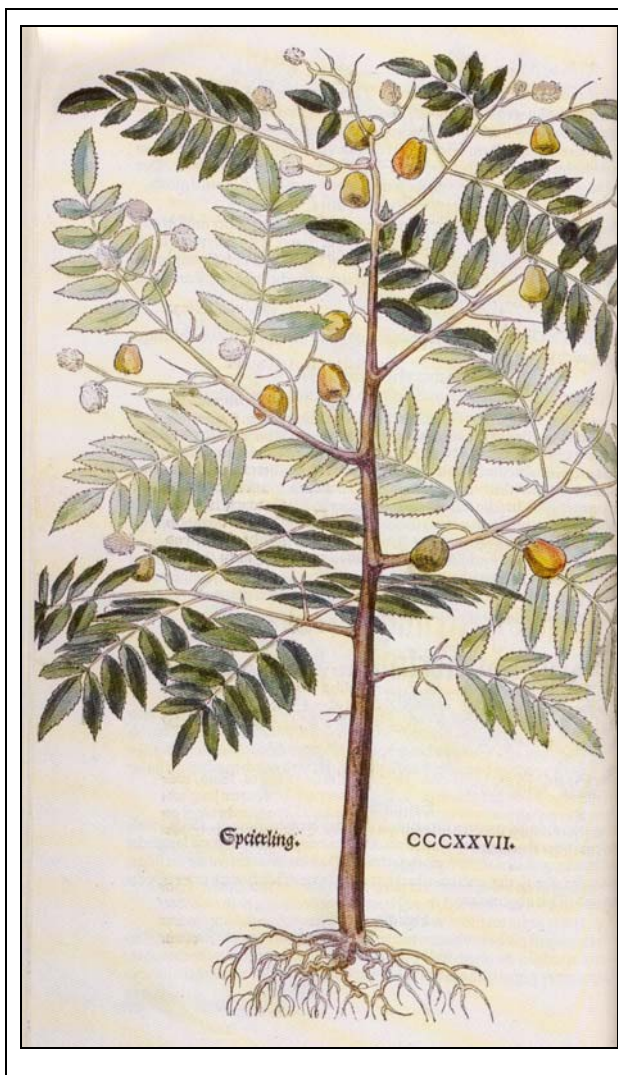
LEONHART FUCHS az 1542-ben illetve 1543-ban megjelent Fűveskönyvében (Kräuterbuch) egyaránt ábrázolja a házi berkenyét, és elsőként nevezi meg ma általánosan használt német nevén „Speierling”-ként. A 4. ábrán említést érdemelnek a körte alakú termések, valamint a virágzatok felettebb sajátosságos ábrázolásai.

HIERONYMUS BOCK (1546) még leírhatta, hogy a házi berkenye a Felső – Rajna vidékén általánosan elterjedt; az alábbiakban írta le a termést: „die werden gegen Herbst gäl und sind alsdann auf der einen Seiten mit roten Farben gezieret, sonderlich die, so dem dem Sonnenschein entgegen hangen.” – (A termések) őszele érnek és akkor egyik felükön vöröses színben díszlenek, különösen azon oldalukon, melyet a napfény leginkább ér. A körte alakú termések mint „Männchen” (hím), az alma alakú termések pedig mint „Weibchen” (nőstény) neveztek meg.

Az első fagyok után a csersavtartalmú termések megszottynak, megszotykosodnak. Aszalva mézbe vagy édes borba teszik, mint hasmenés és vérhas elleni gyógyszert. Az aszalt házi

berkenye termések a vándororvosok utazópatikájának is részei voltak. A franciák pálinkáját a „*Sorbette*”-t, mint házi gyógyszert tartották becsben (GRÄTER, 1997).

A *domestica* fajnév elsőként 1563-ban MATTHIOLUS Prágában kiadott botanikai munkájában került leírásra.



A késő középkor hazai botanikai szakirodalmát tekintve e helyütt szükséges szólni MÉLIUSZ JUHÁSZ PÉTER református püspök 1578-ban Kolozsvárott megjelent orvos-botanikai „*Herbarium*” c. munkájáról, mely a berkenyefáról „*de sorbo*” leírja: „Az aszú berkenyét ha borban iszod megállatja az hasnak folyását.” (Forrás: a reprint kiadás a Kriterion Kiadónál jelent meg 1979-ben, sajtó alá rendezte: SZABÓ T. ATTILA.)

Frankfurt am Main-ban mind a mai napig az alma és házi berkenye mustot elegyítik, minél édesebb az alma, annál több berkenyetermésre van szükség. A berkenye almácskák csersavtartalma ugyanis megszünteti e fehérjék közötti nemkívánatos kötéseket a mustban, eltarthatóvá teszi, ill. némi aromát is kölcsönöz az így ízesített almabornak. A tapasztalat szerint ha a kései fagy nem károsította a virágokat, akkor egy idős fáról akár 10 német mázsa azaz 5 q termés is begyűjthető (GRÄTER, 1997).

8. ábra. A házi berkenye ábrázolása, LEONHART FUCHS „*Das Kräuterbuch von 1543*” című munkájából. (Forrás: *The New Herbal of 1543 by L. FUCHS; Reprint: Taschen Verlag, 2001.*)

RAPAICS (1940) őshonos gyümölcsnek írja le a házi berkenyét (*S. domestica*) Magyarországon is. Közli továbbá: „A régebbi időkben azt tartották, hogy csak az Alduna vidékén és a Drávától délre honos, de e munka írója kimutatta, hogy ama déli gyümölcsfáink közé tartozik, amelyek a Balkánról a Magyar-középhegységig, sőt részben azon túl is terjednek. A Dunántúlon és a Magyar-középhegységben elég gyakori, legutóbb a Hegyalja erdeiben is kimutatták. Gyakoriak nálunk a berkenye öreg több évszázados hagyásfái is, amelyek kétségtelenül irtáskor megmaradt öreg fák.”

KÁRPÁTI (1959/60) munkájában hivatkozik HOLUBY (1888) adataira Trencsén vármegye edényes flórájának leírását illetően. Trencsén vármegye már a Moes-vonallal jellemezhető fafaj északi elterjedési határán fekszik, HOLUBY a vármegye déli részén található több évszázados óriási házi berkenyékről számol be. Elmondja: az esetben ha véletlenül az erdőkben megjelent fácskákat találtak, melyek madarak vagy ember által terjesztett magokból származhattak, azokat nem hagyták helyükön hanem általában szántók szélére ültették el. Az öreg gyümölcsösökben illetőleg szőlőhegyekben, melyek gyakorta korábbi erdők helyén létesültek, még mindig megtalálhatóak ezen átültetett vagy meghagyott példányok.

A barkócaberkenye etnobotanikai szerepét illetően is bőven találhatóak adalékok. A német *Ruhrbirne*, azaz – szó szerinti fordításban – „vérhaskörte” elnevezés arra utal, hogy a középkorban a barkócatermést a vérhas és a kólika gyógyítására is használták. Ez a név egyező a „*tormina*” latin jelentésével, ami vérhast, hasmenést és hányást jelent. Másik német népi neve *Darmbeere* (*Darm* = bél, *Beere* = bogyó) — GRÄTER (1996).

A barkócaberkenye napjainkban általánosan elterjedt német nevét LUTHER MÁRTON adja, amikor 1526. szeptember 26-án kelt levelében további „*Elsbeere*” terméseket kér barátjától AGRICOLÁTÓL. A XVI. század közepe táján, a könyvnyomtatás elterjedése révén a korai német nyomtatott botanikai szakirodalom is említést tesz a berkenyéről (KAUSCH BLECKEN v. SCHMELING, 1994).



A barkócaberkenye első máig fennmaradt ábrázolása HIERONYMUS BOCK füveskönyvében jelent meg 1546-ban. A fametszet készítője KANDEL a fa alá rajzolt két fiúcska példáján kívánta bemutatni a termés hashajtó hatását. BOCK szövegének olvasásakor azonban kiderül, hogy a termésnek éppen hasmenést megszüntető hatása van (KAUSCH BLECKEN v. SCHMELING, 1994).

Az idősebb PLINIUSTÓL származó *torminalis* nevet a barkócaberkenye esetében 1753-ban LINNÉ vette át (*Crataegus torminalis*), majd 10 év múlva H. J. N. CRANTZ nevezi *Sorbus torminalis*-nak (GRÄTER, 1996).

9. ábra. A barkócaberkenye első ábrázolása BOCK (1546) művében. (Forrás: KAUSCH BLECKEN v. SCHMELING, 1994).

LIPPAY JÁNOS XVII. századi művében, a Pisoni kertben (1664-1667) a barkócabogyók nyers fogyasztását említi: „A köves földben, a kertekben is, ha ültetik, örömet terem, ... Mikor meglágyul, savanyúcska, köves belül. Későn érik meg, nyersen eszik.” Angliából és Bécs környékéről származó források is feljegyezték, hogy a barkócabogyót fogyasztották. Oroszországban és Németországban ugyancsak fogyasztották, nyersen és szószként kenyérral, burgonyával. A bogyókból befőttet és sült húshoz különlegességgként tálalt mártást is készítettek. A barkócalekvár ízét a csipkebogyólekváréhoz hasonlították (ALBERT 2000).

A Brit Botanikai Társaság és az nagy-britanniai Országos Biológia Adatközpont 1974-ben kezdte meg adatgyűjtését a barkócaberkenye (*Sorbus torminalis*) előfordulását illetően. (A faj vélhetően a legutolsó jégkorszak végétől érte el a Brit-szigeteket, és a folyóvölgyek mentén haladt északi és nyugati irányba.) A felmérés eredményeképpen nem csupán előfordulási adatok, hanem a faj ökonómiai és folklórisztikai értékére vonatkozó adalékok is felszínre kerültek. A sűrű elterjedésű helyeken a termést sok esetben étkezési célra is

felhasználták. A XIX. század közepén a csokrokba kötött termésfürtjeit a közeli piacokon is értékesítették. Ezen elterjedési területeken a fa népies neve a „*Chequer tree*”, („*kockás fa*”) ami feltehetően időskori négyzet alakú, táblás kéregleválásainak köszönhető (ROPER, 1993).

A termésből készült alkoholos ital neve: „*The Chequers*”, ennek okán a fafaj jónéhány kocsmaudvaron is megtalálható (WWW.GREATGROVES.CO.UK/SPECIES.HTM). E területeken, ahol gyümölcs hasznosíthatósága ilyen mértékben köztudott volt, a faegyedek fennmaradására is nagyobb figyelmet fordítottak (ROPER, 1993).

A barkóca angol köznyelvben használt neve „*Wild Service*”; eredetileg számos dialektusban a „*Service*” nevet használták országszerte, és a wild - vad jelzót azért is kapta mivel a faj inkább vadon nőtt, semmint kertekben és gyümölcsösökben. Amikor a házi berkenyét a XVII. században meghonosították latin nevezéktanában azt „*Sorbus legitima*”-ként írták le, és „*true service*” néven fordították, meghatározva ezáltal, hogy melyik faj is az „*eredeti*” *Sorbus* (ROPER, 1993).

A barkócaberkenye Angliában leginkább és meghatározóan az ország dél-keleti részén

terjedt el (korábban aktív bolygatás, erdőirtás), elsősorban az erdőterületekhez

kapcsolódik, valamint a történelminek nevezhető idős sövényekben is leírhatók

természetes előfordulásai. Megjelenésével más kevésbé háborgatott élőhelyeken is

számolni lehet: olyan területeken, amelyek akár jelenleg illetőleg valaha ősi

erdőterületek részei voltak. A biológiai és ökológiai hatótényezőkön, valamint az ország

és az erdőgazdálkodás történetére való hivatkozáson kívül elmondható, hogy a fafaj

rendelkezik olyan gazdasági, esztétikai és más tulajdonságokkal egyaránt, amelyek egyes

területeken nagyobb mérvű megmaradást biztosítottak számára, mint számtalan más fajnak

(ROPER, 1993).

KITAIBEL PÁL naplójában (*ITER BEREHIENSE*) 1803. május 30-án kelt bejegyzés az alábbiakat tartalmazza: „*auf die Gebirge gegen N. W. hinter Tállya*⁶. *Die Wälder sind stark verödet... Sorbus domestica (Barkocza)...wächst viel zwischen den Weingärten...Nebst den bisher bemerkten Gewächsen kommen vor....Sorbus domestica (heisst Berkenye), Sorbus aucuparia (Barkocza), Crataegus torminalis (Jávorf)*”...valamint...”*den 15-ten Juny auf dem Berg Szokolya*⁷ ...*Crataegus torminalis (Barkocza)... kommen vor.*”

KITAIBEL szövegében a magyar-latin elnevezések párosításai többnyire hibásak. A *Sorbus domestica* népi neve berkenye, bereginye, fojtóska; a *Sorbus torminalis* nevei: barkócafa, barkócaberkenye. A jávorfa elnevezés a hegyi juhar egyik szinonimája.

⁶ Község a Zempléni-hegységben, a Hegyalján.

⁷ Az Erdőbénye és Erdőhorváti közötti legmagasabb hegy a hegység keleti részén.

A német botanikai irodalom, a XIX század első felében KREBS (1826), REUM (1837), DIERBACH (1839) *Pyrus torminalis* néven említi a barkócaberkenyét METZGER (1841) használja a *Sorbus torminalis* tudományos nevet, míg HARTIG (1851) esetében *Torminaria europaea* (*Pyrus torminalis*) olvasható tudományos névként.

Erdészettörténeti vonatkozások

A XIX. századi erdészeti botanika könyvekben már megtaláljuk a fajok részletes morfológiai leírását, elterjedését, termőhely-igényét, a faanyag tulajdonságait és felhasználhatóságát, valamint a termés hasznosítását és a szaporítóanyag-termesztés alapos ismertetését.

Ez utóbbi gondolat talán azért is említést érdemel, mert a botanikai szakirodalom az erdészek számlájára írja a vadgyümölcs elegyfajok visszaszorulását. Pl. KÁRPÁTI (1959/60) a lakosság spontán kultivációját nevezi meg a házi berkenye honi megmaradása okának - az erdészek kiirtó tevékenysége mellett. KÁRPÁTI is elismeri, hogy Magyarországon a házi berkenye esetében korántsem lehet a faj kipusztulását eredményező visszaszorulásáról beszélni, mint ahogy az Németországban történt. A Bajor Botanikai Társaság 1915-ös értesítője szerint a házi berkenye Felső-Frankföldön igazolhatóan az erdészeti hatóság működésének köszönhetően kiirtatott (GRÄTER, 1997).

KLEINSCHMIT, J. és WAGNER (1995) három fő szempontot emelnek ki a vadgyümölcs elegy megritkulásának okaiként:

- 1) *A gazdasági érdekltség hiánya.* A természeti viszonyokhoz igazodó gazdálkodás idején e fajokat leginkább gyümölcsükért ápolták.
- 2) *Megváltozó erdészeti célkitűzések,* melyek eredményeként a sarj- és középerdőket szálerdővé alakították, így egészen más konkurenciaviszonyokat eredményeztek az erdei vadgyümölcsök számára; mindamelllett, hogy egyes szakirodalmi források "erdészeti jelentőség nélkülieknek" minősítve őket, nem járultak hozzá további megbecsülésükhöz.
- 3) *A mezőgazdálkodás fokozódó belterjessé válása,* monokultúrák kialakulása, melynek révén a patakok mentének erdőtársulásait megritkították, a kisebb vadbúvó csendereseket, facsoportokat kiirtották, ami a területek faji diverzitásának degradálódásához, illetőleg a terület faji lefedettségének csökkenéséhez vezetett.

Az 1800-as évek végének hazai erdészeti szakirodalma a házi berkenye esetében

megjegyz: „Nálunk tenyésztik, de elvadulva is gyakori a melegebb vidékeken,

gyepükben, szőlőhegyeken, cserjésekben, erdők szélén stb. Leginkább felfának (a felső

lombkoronaszint fájának) való a középerdőben; különben utak, mezők szélére és

díszfának is.” E helyütt a barkócáról olvasható: az előhegységeken, és dombos

vidéken, erdőszéleken és szórványosan az erdőkben fordul elő, de kertekben útszéleken

gyepükben is tenyésztik. Jó sarjadzó-képessége révén gyakran hajt tő és gyökérsarjakat,

valamint vadaknak és madaraknak ízletes termése miatt *fácánosokban ültetik* (FEKETE

és MÁGÓCSY-DIETZ, 1896).

A magyar erdészeti kultúrát a vadgyümölcsökhöz meghatározó viszonyulásra jó példa ex. verbis BÚS MÁRIA (1999) által ismertetett, a Padragkúti Erdészet (Ajka) egykori vezetőjének HAVASI PÉTERNEK barkócaberkenyével kapcsolatos visszaemlékezése. A Padragkút környéki erdők II. József uralkodása előtt (1780-1790) egy szerzetesrend birtokában voltak. II. József elkobozta a szerzetesrendek vagyonát, és azokat egy ún. Magyar Királyi Vallásalapba tömörítette, hogy az innen nyert jövedelem az állami közoktatásra fordítódjék. A „Vallásalap” adminisztrációja még a II. Világháború előtt is évente ellenőrizte az egyes egységek gazdálkodását. A Padragkúti Erdőgondnokság erdőterületének bejárásakor a „László-forrásnál” található idős barkócaberkenyénél (h=26 m, d_{1,3}=67 cm, 2000-ben) minden esetben pihenőt tartottak, ellenőrizve a fa „meglétét”.

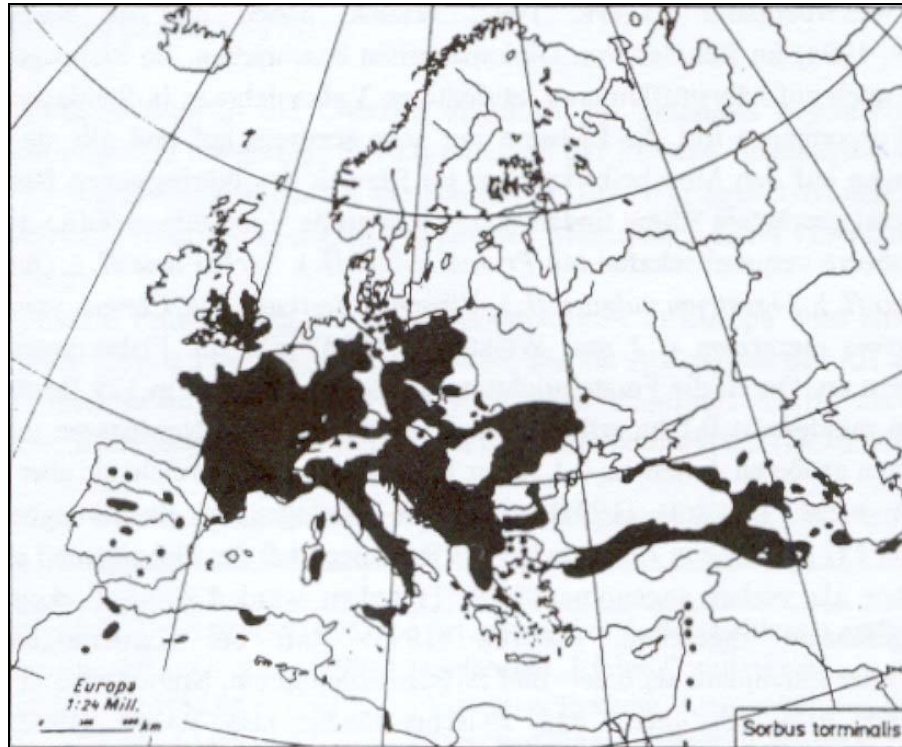
A tervszerű, tartamos (fenntartható) erdőgazdálkodás tradicionálisan figyelemmel volt és van a faji diverzitás megőrzésére, mely napjainkban kiegészült a genetikai tartamosság fogalmával egyaránt. Magyarország, ezen belül az erdészeti igazgatás és tudományosság – cselekvésében kiegészülve a gyakorlat képviselőivel – mind nemzeti mind nemzetközi szinten operatívan részese az erdei génkészletek megőrzéséért indított kezdeményezéseknek.

Ezen fenti zárógondolat igazolás arra nézve, hogy ezek a rózsafélék családjába tartozó, rovarbeporzó elegendő fajok és az őket a létezés idődimenzióját tekintve is milióként befolyásoló társadalmak kölcsönhatásrendszere történelmi léptékű, mely a negatívumok mellett pozitívumokat is felmutatott, és ezáltal a konzervációbiológia egy speciális ága az (erdészeti) génmegőrzés számára is reális cselekvési teret szolgáltat.

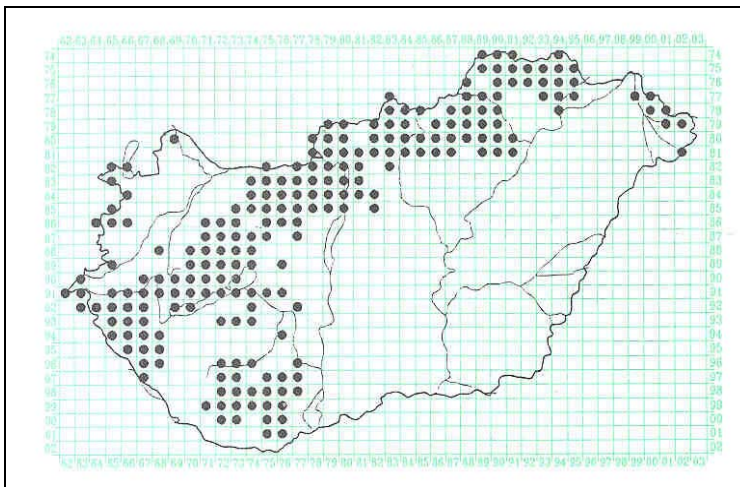
5. A barkócaberkenye (*Sorbus torminalis* (L.) Crantz) jellemzése

5.1 A barkócaberkenye elterjedése

A barkócaberkenye meglehetősen tagolt areával rendelkező, szubmediterrán faj. Leggyakoribb előfordulása Közép- és Dél-Európában van. Észak felé egyre ritkább, de szórványosan Észak-, illetve Közép-Németországban és Dél-Lengyelországban is megtalálható. Ezenkívül előfordul Észak-Afrikában, Kis-Ázsiában és a Kaukázusban. A dombvidékek és előhegységek fája. Közép-Európában átlagosan 700 m tengerszint feletti magasságig megy fel. Hazánkban az alföldek kivételével mindenütt megtalálható, főként a Magyar-középhegységben és a Dél-Dunántúlon (VANCSURA, 1992).



10. ábra. A barkócaberkenye (*Sorbus torminalis*) elterjedési területe. (Forrás: MEUSEL et al, 1965).



11. ábra. A barkócaberkenye elterjedése Magyarországi területén. (Forrás: BARTHA és MÁTYÁS, 1995.)

A barkócaberkenye hazai elterjedési térképén látható, hogy az Északi- és Dunántúli-középhegységben, valamint a Délnyugat-Dunántúlon és a Dél-Dunántúl hegy és dombvidékein gyakori. A Nyugat-Dunántúlon, valamint a Sztómár-Beregi síkon szórványosabb. A magyarországi erdőgazdasági tájcsoportok alapján (össz. 6 db) négy elterjedési körzetet tudunk megkülönböztetni: Dunántúli-khg. Északi-khg; Dél-Dunántúl, ill. Nyugat-Dunántúl, melyek eltérő ökológiai viszonyokat is jelentenek.

5.2 A barkócaberkenye termőhelyi igénye, társulásai

Melegkedvelő faj, csapadékos nyárelőt és sok napsütést és tartós nyári meleget kíván. A hőmérsékleti szélsőségeket jól tűri, de a kifejezetten kontinentális éghajlatot kerüli. A talajnedvességgel szemben tág toleranciát mutat fel, viszont a túl sok nedvességet és magas talajvizet nem viseli el. A talaj levegőzöttségét megkívánja, a túl kötött szellőtlen talajon rövid életű. A legkülönbözőbb anyakőzeten fordul elő, magasabb középhegységi fekvésben mészkedvelő. Az optimális életkörülményeket a mély rétegű vályog fizikai féleségű és löszön képződött talajokon találja meg (VANCSURA, 1992).

A fafaj fitocönológiai magatartásával KOSSETZ (1941) in. KÁRPÁTI (1959/60) foglalkozott részletesen. Elegyfajként a különféle tölgyes társulásokban általánosan elterjedtként írja le. A mediterráneum vonatkozásában a gesztenyeállományokban, a bükkös erdőtársulások kísérőfajaként Alsó-Ausztria, Dél-Stájerország, a Kárpátok, az Illír flóratartomány, a Krím-félszigetbeli Jaila-hegység, valamint Besszarábia kapcsán említi meg. A *Fagus orientalis* állományok kísérőfajaként a Kaukázusból, a *Querceto-Fagetum* társulás kísérőfajaként a svájci Jura-hegységből, Besszarábiából valamint szintén kaukázusi területről ismerteti.

Az erdészeti szakirodalomban LAMPRECHT (1951) révén olvashatunk a berkenyék svájci elterjedéséről, aki LEIBUNDGUTTAL együtt az *elegyesség és ökológiai stabilitás* kérdéseit vetették fel az erdőművelésben. Ezek szerint: a lisztes berkenye és barkócaberkenye valamint kisebb mértékben a madárberkenye igazán rendszeresen a mélyebb fekvésű, szárazabb bükkösökben főként a Jura-hegység déli lábánál elegyedik az állományokban. Száraz gyertyános-tölgyesekben és száraz ligeterdőkben a lisztes berkenye, madárberkenye, barkócaberkenye meghatározóan a mellékállományban található. Mélyebb fekvésű szárazabb bükkösökben helyenként a fojtós berkenye is elegyedik szálanként, a lisztes madár- és barkócaberkenye túlnyomórészt itt is a mellékállományban található.

Az elterjedés vertikális tagozódását tekintve FEKETE és BLATTNY (1913) a Magyar-középhegységből 878 m-t közöl felső határként, és ez az érték a Kárpátokban sem lesz magasabb. Csupán a délebbre fekvő vidékekről adnak magasabb értékeket: ez a Bánát esetében 988 m, Horvátország esetében pedig 950 m. Általánosságban elmondható, hogy a faj a Magyar-középhegységben 610 m, a Kárpátokban és Horvátországban 660-670 m, és a Bánátban 780 m fölé alig emelkedik.

Alsó-Szászországban a barkócaberkenye eléri elterjedésének északi határát. Olyan területeken mint a Dél-Alsó-Szászországi—hegyvidék, Weseri—hegyvidék és az Északnémet—hegyvonulat (erdőgazdasági tájak is egyben) 400 m alatti magasságtartományban található. (SCHÜTE, 2000/a). A termőhely talajaként előnyben részesíti a mészkőre települt, csekély löszborításon képződött, így vékony termőrétegű erdőtalajokat.

Nagyobb létszámú előfordulásai azokon a termőtájakon lelhetőek fel, amelyek erdei még napjainkban is őrzik a középerdő erdőalakra utaló jeleket. ZACHARIAS (1996) in. SCHÜTE (2000/b) előfordulását leírja a Harz-hegység északi előteréből a *Carici-Fagetum* erdőállományokból, illetőleg a *Sorbus torminalis* – *Carpinus betulus* középerdőből — mint a *Carici-Fagetum* egyik használati formájaként (rontott állományaként). Az utóbbi antropogén hatásra keletkezett erdőállományok termőhelyi meghatározottságukat tekintve szoros kapcsolatban vannak a bükkös erdőállományokkal, így a „történeti erdőhasználat” ezen formája nélkül vélhetően a fentiekben ismertetet „kultúrtársulás” helyén szintén bükkösök lennének.

PREISING (1978) in. SCHÜTE (2000/b) természetes (barkóca)berkenyész-tölgyesekről beszámol Alsó-Szászország vonatkozásában a sekély talajú, napsütötte mészkőhegyeken. Az ugyanitt megjelenő bükkös társulásokban a barkócaberkenye már nem fellelhető

HARTIG (1851) a barkócaberkénye németországi termőhelyeit ismertetve leírja, hogy a Kelet-tenger partján homokon is megtalálható, a meleg száraz területeken gyakorta csak szenved, és inkább az előhegységek északi expozícióiban lelhető fel.

ROPER (1993) az angliai előfordulásokat négy csoportba osztja:

1.) Tápanyagban gazdag, részben agyagos talajok. Főként a kilúgozott erdőtalajokat szereti, távol marad a magas mésztartalmú eltemetett márgás rétegeket tartalmazó talajú termőhelyektől.

2.) Hegyvidéki területek, ill. hullámzó felszínű kavicssteraszok valamint hasonló formációk, melyek a földtörténeti harmad- és negyedkorban rakódtak le. E felszíni formákon a fafaj előfordulása szegélyszerű, és összefüggésben van a talaj lejtő szerinti jobb vízgazdálkodási fokozatával, ill. annak rétegezettiségevel; ui. a kavicsos szintek közé gyakran társulnak agyagos rétegek, melyek a tápanyag-ellátottságot is kedvezően befolyásolják.

3.) Parti és szárazföldi sziklák, sziklás-köves hegyoldalak, földcsuszamlások, ill. hasonló nyitott és tagolt élőhelyek.

4.) Széles folyóvölgyek, különösen melyeknek partjai sziklás-köves lejtőkben folytatódnak.

Az area egyes helyeiről kiragadott példák rámutatnak, hogy a fafaj más és más ökológiai optimum feltételek mentén jelenik meg társulásokban. Magyarországi vizsgálati eredményeink a Dunántúli-középhegységben elvégzett termőhely-feltárásokon alapulnak (NYÁRI, 2000/a, 2002/a).

5.3 A barkócaberkénye erdőművelési tulajdonságai és növekedése

A barkócaberkénye növekedési erélyét tekintve gyenge (DRAPIER, 1993), ez mindenekelőtt a felújulási időszakra vonatkozik. Részben félárnyéktűrőnek írják le (DRAPIER, 1993; KAUSCH BLECKEN v. SCHMELING, 1994; RÖHRIG, 1972; VANCSURA, 1992). OTTO (1994) fényigényes fafajról ír, amely a jelentős árnyékolást is eltűri. KLUMPP és KIRISITS (1998) a barkócaberkénye újulatát csekély mértékben árnyéktűrőként jellemzik.

A barkócaberkénye növekedési erélye csekély (DRAPIER, 1993). A közép-európai fafajok ökológiai potenciáljának besorolásakor OTTO (1994) az e térségben előforduló fafajokat felújulási erélyük alapján csoportosította. Ennek alapján a barkócaberkénye a házi berkenyével és lisztes berkenyével (*S. aria*) került egy csoportba. Ennek alapján e fafajcsoport rendelkezik az e térségben leírt 33 fafaj közül a leggyengébb felújulási potenciállal.

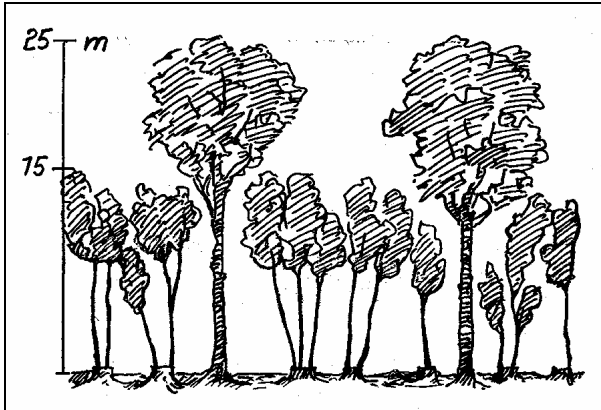
A barkócaberkénye, mint a melegkedvelő tölgyesek egyik legfontosabb kísérő faja, leggyakoribb berkenye magyarországi berkenye fajunk – a társulás diverzitása, ökológiai stabilitása szempontjából is jelentős. Egykorú állományokban rendszerint a második szintben fordul elő (*ökológiai optimum*), sűrű lombzatával a tölgyek ágtisztulását segíti elő, árnyékolásával gátolja a gyomosodást, termése a madarak és kisemlősök számára szolgál táplálékkul (VANCSURA, 1992).

Ez az eset a melegebb kárpát-medencei, nagyobb denzitást mutató előfordulások esetén elmondható. Észak fele haladva azonban a barkócaberkénye versenyképessége csökkenő tendenciát mutat, alsóbb térszinteket foglal el, illetőleg az ökológiai optimum termőhelyeken jelennek meg populációi.

Európa egyes vidékein pl. Alsó-Szászország déli részén a barkócaberkénye a középerdő gazdálkodás ill. erdőalak "*karakterfája*" volt. Ez azt jelenti, hogy az ismétlődő fakitermelések során mindig hagyásfákat hagytak a területen, részben "*magfaként*" a mageredetű újulat biztosítására, részben "*értékmegőrzési*" céllal (SCHÜTE, 2000/b). Így az eredetileg félszáraz

bükkösök (*Carici-Fagetum*) helyén a *Sorbus torminalis* – *Carpinus betulus* középerdő kultúrtársulás alakult ki, amelyben a gyertyánt időről időre tűzifa nyelési céllal eltávolították.

A barkócafa időskori növekedésében elmarad pl. a fenti esetben a bükktől, kocsánytalan tölgytől, magas kőristől, vagy akár a juhar fajoktól. Azonban ezek a középerdőben visszahagyott egyedek biztosítják a fafaj elegendő számú előfordulását egy-egy körzeten belül. Az idős egyedekről is lehetséges a gyökérsarj képzés, mely egy a fafaj által evolúciósan kifejlesztett "vegetatív génmegőrzési módszernek" is tekinthető. A gyökérsarj fejlődése gyorsabb, mint más magoncsemetéké, így ezek a gyökérsarjak a felújulási versenyben már, ha visszahúzódó / rezidens mértékben is, lépést tudnak tartani más fafajok sarjaival és magoncaival.



12. ábra. A középerdő erdőalak metszete. (Forrás: BURSCHEL és HUSS, 1997.)

13. ábra. Barkócaberkenye gyökérsarj. (Fotó: NYÁRI, 1998.)

Ez a középerdő gazdálkodási forma, mely mindig egyfajta régi közösségi erdőtulajdonra utalt, lassan-lassan teljesen visszaszorult. Helyét a "szálerdőre" történő átállás vette át sok helyen a XX. század első felében. Ez azt jelenti, hogy a faállományt magról újítják fel -biztosítva ez által a jobb törzsminőséget, beépítve a felújításba a fokozatosság elvét. Ez a módszer azonban kedvezőtlen a barkócaberkenye felújulására nézve, hisz magról alig újul, és magonca fiatalkori növekedése is lassú (SCHÜTE, 2000/a). Jelenleg ezt a főleg lombosokra jellemző középerdő erdőalak maradványait őrzik, ill. esetenként megpróbálják visszaállítani.

A barkócafa telepítését, megőrzését illetően a szakirodalmi adatok gyakorta a gyökérsarjak kiemelését és elültetését ajánlják (KAUSCH BLECKEN v. SCHMELING, 1994), mivel a generatív eredetű magonc újulat ritkán jelenik meg. GERMAIN (1993) 1988 és 1991 között 27 kísérleti területet (amelyből 18-at bekerítették) létesített mindösszesen 2,0 ha kiterjedésben. Az egyes területek 700 m² kiterjedésűek voltak, amelyek egy az anyafa körül számított 15 m sugarú körnek felelnek meg. A kísérleti területek Párizs közelében helyezkedtek el (Forêt régionale de Ferrières), amely vidéken a szárnyasvad vadászati tradíciók miatt a vadgyümölcsök fokozott figyelmet élveztek. (FEKETE és MÁGÓCSY-DIETZ (1896) is ír a fácános-kertekben történő ültetésekről.) A francia kísérletben a vizsgált állományfoltokat megritkították, egy részükön az anyafákat is eltávolították annak tisztázására, hogy azok kivágása mennyiben indukálja újulat megjelenését. A 2-5 éves megfigyelések eredményei azt alábbiak voltak:

- Az anyafa kivágása csak egy helyszínen vezetett a gyökérsarjak számának növekedéséhez;
- Ha az anyafa kivágása előtt nem volt megfigyelhető gyökérsarj képzés, akkor az önmagában az idős egyed eltávolítása nem eredményezte (7 terület);
- A helyenként nagy sűrűségű gyökérsarj újulat (távolság < 30 cm) nagyon hamar fajon belüli versengéshez vezetett;

- Generatív eredetű újulat csak nagyon ritkán volt megfigyelhető;
- A hozzávetőlegesen mintegy 700 m² kiterjedésű lékes újulat-foltok, melyek az erős oldalirányú, direkt megvilágítás ellen védett helyzetben voltak, az újulat növekedési formáját legkedvezőbben befolyásoló felújítási formának tűntek.

A főként gyökérsarj eredetű barkóca újulat ill. a későbbiekben sűrűség állapot felmérései németországi vizsgálatok alapján is a szétszórt barkócaberkénye egyedek egyfajta "elmaradási tendenciáját" állapították meg (SCHÜTE és BECK, 1996). A szerzők 1976 illetve 1995-ben is felvételeket végeztek egy vegyes fafaj megoszlású újulatban; a barkócaberkényét a madárcseresznyével hasonlították össze.

2. táblázat. A barkócaberkénye és madárcseresznye fiatalkori növekedésének összehasonlítása. (Forrás: SCHÜTE és BECK, 1996.)

Felvétel éve	Barkócaberkénye			Madárcseresznye		
	db/ha	átl. H (m)	átl. d _{1,3} (cm)	db/ha	átl. H (m)	átl. d _{1,3} (cm)
1976	485	0,80	-	303	1,0	-
1995	108	4,07	3,1	152	11,8	12,7

Mint a táblázatból kitűnik, a barkócaberkénye mortalitása meghaladja a madárcseresznyéét. A megmaradt barkócák a helyükön felferődő cseresznye, hegyi juhar, gyertyán, bükk fiatalosban mint alászorultak illetőleg kipusztultak –főként ez utóbbiként- voltak definiálhatóak.

KAUSCH BLECKEN V. SCHMELING (1994) hangsúlyozza a magoncok határozottabb fényigényét a gyöker- és tuskósarjakkal szemben, mely az alászorulás okozta mortalitásban meg is mutatkozik. (Cseresznye viszonylatában a magasságkülönbség több mint 2,5-szeres, mely a mellmagassági átmérő gyarapodásában még határozottabban visszatükröződik.) A magassági növekedési erély a konkurens fajok esetében erőteljesebb. A foltos, csoportos elegy telepítése ezért is célszerű, hisz az így létrejövő szubpopulációban kialakulhat egy olyan magterület, amelyet nem veszélyeztet a konkurens fafajoknak történő alászorulás.

SCHÜTE (2001) a barkócaberkénye vegetatív újulatának fiatalkori árnyéktűrését vizsgálta meg az alábbiakban. Egy hajdani középerdőben, amelyekben az utolsó erőteljes alsószintet érintő belenyúlások a Második Világháború végén történtek (Alsó—Szászország, Unterer Weser-Leinebergland). Az 1945-1990 közötti időszakban kizárólag a felső lombkoronaszintben történtek gyérítések a tölgy javára. A klíma enyhén szubatantikus, a fekvés szerint a dombvonulatok felső részén, tetején találhatóak; a talajadottságokat tekintve mészkőn képződött sekély termőrétegű talajok jellemzőek.

1994 márciusában két kísérleti területet kerítettek körbe a vizsgálati helyszínen. A kerítésen belül 3*3 m-es parcellák kerültek kijelölésre (mindösszesen 101 parcella). A parcellákon belül a 10 legmagasabb barkóca gyökérsarj megjelölésre került, és az elkövetkezendő években a magasság és az éves magassági növedék rendszeres rögzítése megtörtént. 1998-ban a magasság mellett a magasság 30 %-ában mért átmérő, valamint a leghosszabb oldalág is rögzítésre került (SCHÜTE 2001).

A barkócaberkénye újulat fejlődését nagymértékben befolyásoló megvilágítottsági viszonyok felvételére a WAGNER és NAGEL (1992) által kifejlesztett módszer szerint történt, amely a hemiszférikus fényképek kiértékelésén alapszik. A fotókat 1995 tavaszán a teljes lombfakadás után készítették. Egy reprezentatív mérést hajtottak végre négy kísérleti parcella megvilágítottsági viszonyainak meghatározására. A megvilágítottsági viszonyok kifejezésére az un. „Diffuse site factor” („Diffsf”) értéket használták fel.

A vizsgálatok eredményeként a 40 % feletti megvilágítottság esetén minimális volt az egyedeknél megfigyelhető kipusztulás, míg 30 % alatt a vizsgált egyedek 75 %-a kipusztult. Az újulat vizsgálatának befejeztekor erősen szignifikáns korreláció mutatkozott, az egyedek 4 magassági csoportba voltak sorolhatóak:

- 2,30 m körüli magasság, 61-70%-os „Diffsf” értékkel,
- 1,75 m körüli magasság 41-60 %-os „Diffsf” érték mellett,
- 1,30 m körüli magasság 11-20 % és 31-40 % „Diffsf” értékhatárok mellett, illetve
- 1,00 m körüli magasság 0-10 % és 21-30 % „Diffsf” értékhatárok mellett.

A növekedési erélyt tekintve elmondható, hogy az éves magassági növekedés mérőszámai az erősen árnyékolt parcellák esetében 10 cm körüliek, míg ez az érték a jól megvilágított helyszíneken 28 cm. A 70-100 cm magasságot elérő újulat esetében a kiindulási magasság, a megvilágítottság, és az ennek következtében jelentkező éves növekedés között. Az átmérőeloszlást tekintve szignifikáns különbségek jelentkeztek a 41 %-nál kisebb megvilágítottságú, 41-60 %, valamint a 61 %-nál nagyobb megvilágítottságot élvező egyedek esetén. Az oldalágak képzését tekintve a tendencia a rövid, közepes, illetőleg hosszú oldalágak képzését illetően a fentiekben leírt megvilágítottság viszonyaihoz igazodott. Az oldalágak átlagos hossza — a megvilágítottság függvényében — 29-37 cm között változott.

SCHÜTE (2001) vizsgálataiban foglalkozott a barkóca gyökérsarjak gyökérrendszerével egyaránt. A gyökérrendszer feltárások során kiderült, hogy a 3 m magas, 2 cm gyökérnyak átmérővel bíró sarjak alig rendelkeznek saját gyökérrendszerrel (*ld. 13 ábra*). Néhány esetben primér gyökérképződés megfigyelhető volt a gyökérsarj leágazása feletti helyeken, ez azonban nem volt oly mértékű, aminek alapján a növényi képletet önálló tápanyag- és vízfelvételre alkalmasnak lehetett volna tekinteni. A gyökérsarjak a viszonylag sekélyen szerteágazó gyökérrendszeren képződtek. Azon gyökérrészek, amelyekről a gyökérsarj növény leágazódása megtörtént másodlagosan megvastagodtak. Ez a fajta másodlagos megvastagodás a madárcseresznye gyökérsarj képzésénél is megfigyelhető (BECKER, 1979; NYÁRI, 2002/a).

A barkócaberkenye gyökérsarjak viszonylag hosszú ideig kapcsolatban maradnak az anyafával, a lefűződés mértéke csekély, a hajszálgyökér képződés nem jelentős. Az erőteljes másodlagos megvastagodást mutató elsődleges leágazó gyökerek esetében két ok nevezhető meg. BECKER (1979) szerint az ok az anyafa anyagforgalmi rendszere felől asszimilátumok fogadása, különösen azon esetekben, amikor a gyökérsarjak olyannyira árnyékos helyeken verődnek fel, ahol nem lehet önellátó fotoszintézisről szó.

A kísérletben megvizsgált gyökérsarjak az eredmények alapján önellátóaknak voltak tekinthetőek. Így azon hipotézis, amely egy szabályozatlan anyagáramlás lehetőségét veti fel az anyafa oldalgyökér-rendszerét felhasználva, főként a későbbi gyökérsarjak közötti versengés és szelektálódás kapcsán megkérdőjelezhető. Az egyes gyökérsarjak közötti asszimilátum-áramlás elképzelése ugyanezen ok miatt vethető el. Sokkalta inkább elfogadható magyarázatnak tekinthető azon fölvetés, amely a leágazódási hely alatti gyökérrészek megvastagodását a gyökérsarj saját másodlagos asszimilátum tároló szerveinek tekinti. Ennek jelentősége abban van, hogy a másodlagosan kialakult hajszálgyökér rendszer nem tekinthető elégségesnek a teljeskörű tápanyag és vízfelvétel megvalósulásához (SCHÜTE, 2001).

Az evolúciós elméletben a vegetatív szaporodási formák „zsákutcaként” kerülnek meghatározásra, mivel az egyedek ilyen módon a változó környezeti körülményekhez igazodva nem birtokolják a szükséges alkalmazkodó-képességet, illetve a mutációs teher a generációk során növekszik (MÁTYÁS, 2002). Másrészről megfontolást érdemel, hogy éppen a kis élőhely specifikusságot és populációnagyságot felmutató (*ld. RABBINOVITZ, 1981*) fafajok

esetében a vegetatív szaporodási módok előtérbe kerülésével a genetikai sodródás (drift) különböző fajtáinak, valamint a kulturfajtákkal történő visszakereszteződés, introgresszió (ld. madárcseresznye) veszélye is jelentősen csökkenthető. Ezen kispopulációk genetikai értelemben nem tűnnek „kreatívnak” (SCHÜTE, 2001), viszont genetikailag elegendően stabilak ahhoz, hogy akár több erdőforduló generációin keresztül autochton genotípusokat örizzenek meg. Az erős gyökérsarj képzési hajlam következtében a génállomány önfenntartására képes populációnagyság jóval kisebb, mint azt a kizárólag ivaros szaporodással jellemezhető fajok esetében becsülik (ld. MVP-LÉP, 2. fejezet).

A barkócaberkenyével kapcsolatos erdőhasználatok elemzése kapcsán említést érdemel azon tény is, hogy a jó alakú törzseket mindig is előszeretettel választották ki az elmúlt évszázadokban (KAUSCH BLECKEN V. SCHMELING, 1994). Ez a fajta negatív szelekció a faj génállományában változásokat idézhetett elő. Mindenesetre a jelenlegi erdőművelési gyakorlat a pozitív szelekció elvén alapul (ld. *in situ* módszerek), amelyek a jó alaki tulajdonságú egyedeket preferálják a V-faként történő kiválasztás során. Azaz erdőművelési gyakorlat a jó alaki és korona-fejlesztést felmutató egyedeket preferálja, így a reprodukció időszakában ezen egyedek vesznek részt a párosodásban (ROTACH, 1998). A fentiekben leírt pozitív és negatív szelekciós megfontolásoknak a faj génállományára gyakorolt hatása további vizsgálatokat igényelne. Hisz nem tudjuk, hogy számunkra, illetőleg a jövőbeni kihívások számára mely tulajdonságok megléte a kívánatos, és azok milyen fenotípusos tulajdonságokat megjelenítő (expresszálódó) genotípusokhoz kötődhetnek.

A jelenlegi erdőgazdálkodási gyakorlatban a célátmérőt elért, jó alaki tulajdonságú, lemezipari rönk minőségű törzset produkáló egyedeket szintúgy eltávolítják. Itt is maradnak a kevésbé szerencsés alaki tulajdonságú egyedek a populációkban, melyeket a továbbiakban fajvédelmi, természetvédelmi megfontolásokból ápolnak és kímélnek. A génállomány teljességének megőrzéséhez ezért is szükséges az *ex situ* génmegőrzési tevékenységből származó szaporítóanyag pótlása a megfelelő termőhelyeken, amelyeken finansiális megfontolásokból is ajánlják a faj csoportos elegyes telepítését.

RÖHRIG E. (1972) az alábbiakban fogalmazza meg a faj megőrzésének szükségességét: „A faj természetese elsősorban tájképi-esztétikai célokat szolgál. Ez az erdőművelés feladata: egyrészt a ritka honos fajok állományaikban megtartani, illetőleg azokban ismételtelen megtelepíteni, ahol az egykor természetesen előfordult, de egyéb gazdasági megfontolások miatt kiszorult onnan.”

Napjainkban a dinamikus génmegőrzési megfontolásokra alapozva a faj kielégítő figyelmet kap, és növekvő mértékben integrálódik az erdőművelés eszközrendszerébe. Az az érték, melyet egy-egy értékes törzs megtestesít, motiválhatja az erdőtulajdonosokat, hogy az ápolás, tisztítások és gyérítések folyamán a fajt gondozzák; a felújítások során a megjelenő gyökérsarjakat –ha szükséges- kiemelik és átültessék, vagy akár szelektált szaporítóanyagot is felhasználjanak.

5.5 A barkócaberkénye taxonómiai változatossága

A barkócaberkénye levélalakban mutatózó változatosság - taxonómiai differenciálódás – esetében jelentő a morfológiai polimorfizmus, amelyek esetében azonban területi elkülönülésről nem lehet beszélni. KÁRPÁTI (1959/60) a levél alakja, tagoltsága és főként szőrözöttsége alapján írt le változatosságot.

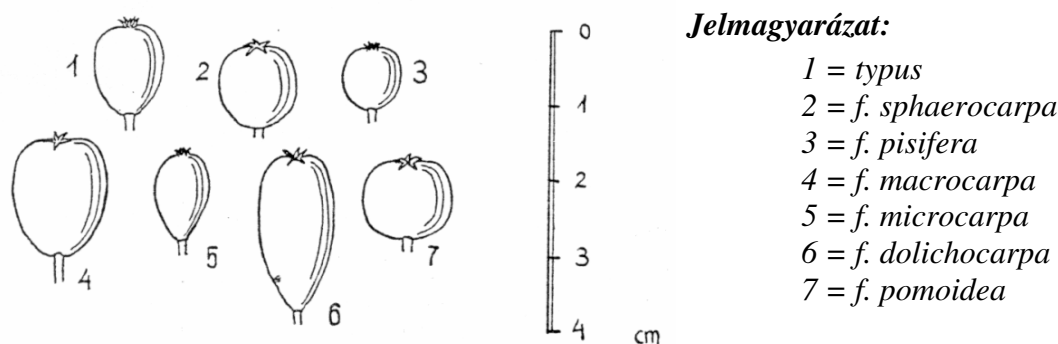
A faj típusát a *Sorbus torminalis* var. *torminalis* képviseli, amelynél a levél fonáka virágzaskor még molyhos, a levelek alakja változó, az alsó karéjok legalább a féllemez harmadáig érnek, elterjedését tekintve az egész országban gyakori. A *S. t.* var. *semitorminalis*

levelei fonákukon még ősszel is molyhosak, a Dunántúli középhegységben és a Dél-Dunántúlon gyakori. A *S. t.* var. *glaberrina* leveleinek fonáka már fiatalon is teljesen kopasz, a Pilis-hegységben fordul elő. A *S. t.* var. *perincisa* levelei nyáron kopaszodók, a legalsó karéjok a többitől nem válnak el élesen, a középhegységben fordul elő. A *S. t.* var. *pinnatifida* kopaszodó levelei mélyen tagoltak, a legalsó karéjok jóval hosszabbak a felsőknél, néha ívesen meghajlóak. Délkelet-európai, kis-ázsia változat, nálunk Nagymarostól a Balaton felvidékig található meg. A *S. t.* var. *caucasica* levelei széles tojásdadok, alig karéjosak: alakjai a Sátor-hegységben, a Budai- valamint Visegrádi-hegységben fordulnak elő.

A barkócaberkenye levélmorfológiája -alaktani kérdéseket tekintve is- magasfokú variabilitást mutat. A levélalak értékeléséhez „rögzült” mintára van szükség. KÁRPÁTI (1959/60) ehhez az idős egyedek levélmintáját ajánlja, amely estben a levélminta rövidhajtásról, a virágzat közeléből. SCHÜTE (2000/b) vizsgálatai során ezt még kiegészítette azzal a megkötéssel (egy kísérleti terület mintázásakor), hogy a virágzat, amely mellől a levélminta begyűjtésre került a korona déli oldalán helyezkedett el. Csak az ez esetben kapott vizsgálati eredmények utaltak a levélalak genetikai fixálódására.

A termések alakját, nagyságát és érettségi állapotát tekintve rendkívüli változatosságot tapasztaltunk egy Keszthelytől Visegrádig vizsgált területen. Egy-egy populáción belül a különböző egyedeken más és más volt a termés alakja. Az alakban a termésfürtön belül is megmutatkozott a KÁRPÁTI (1959/60) által leírt változatosság (14. ábra).

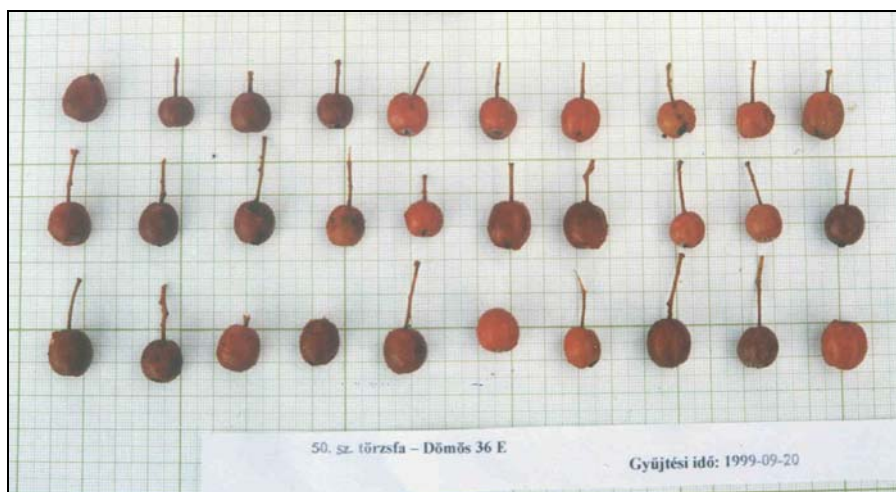
14. ábra. Különböző barkócaberkenye termésformák. (Forrás: KÁRPÁTI, 1959/60.)



Általánosságban elmondható, hogy a *typus* és a *f. sphaerocarpa* ill. *f. pomoidea* alakú terméstípusok találhatóak egy fürtön belül. Ezen típusok termésszíne narancssárga – téglavörös - világosbarna átmeneteket mutat az érettségi állapot függvényében. Korábban érik, a termeshús ízletes (I. főtípus). A nagyobb méretű termések a *f. macrocarpa*, ill. ritkábban a *f. dolichocarpahoz* sorolhatóak, a termésfürt közepén a *f. microcarpa* sokszor jellemző. Későbbi érésűek, a termeshús kissé kesernyés ízű, a termeshéj jellemzően paraszemölcsösséget mutat (II. főtípus).

A termés (alak, szín, paraszemölcsösség, érési idő) milyenségében megmutatkozó változatosság nem mutatott földrajzi tagolódást. A termést tekintve az I. és II. főtípushoz tartozó egyedek megoszlását illetően nem jellemző földrajzi törvényszerűség.

Az alábbi képeken látható két törzsfá két szomszédos erdőrészből került leírásra, az 51. sz. törzsfá a völgyben, az 50. számú pedig a gerinc közeli helyzetben található.



15. ábra. Az 50. sz. barkócaberkénye törzsfa korábban érő, narancsvörös, barna színezetű *f. spaerocarpa*, *f. pomoidea* ill. típusos alakú termései. (Fotó: NYÁRI, 1999.)



16. ábra. Az 51. sz. barkócaberkénye törzsfa későbben érő, sötétbarna, paraszemölcsös a *f. macrocarpa*, ill. a *f. dolichocarpa*hoz sorolható alakú termései. (Fotó: NYÁRI, 1999.)

A Rosaceae család másik, honi, társulás-jellemző, szintén rovarmegporzó elegyfajaja, a madárcseresznye esetében ugyanez a földrajzi tagoltságot nélkülöző, egyedre jellemző, terméshalak-differenciálódás jelensége írható le.

A madárcseresznye termesztett kultúrváltozatait –termésük alapján ui. két nagyobb csoportba sorolják:

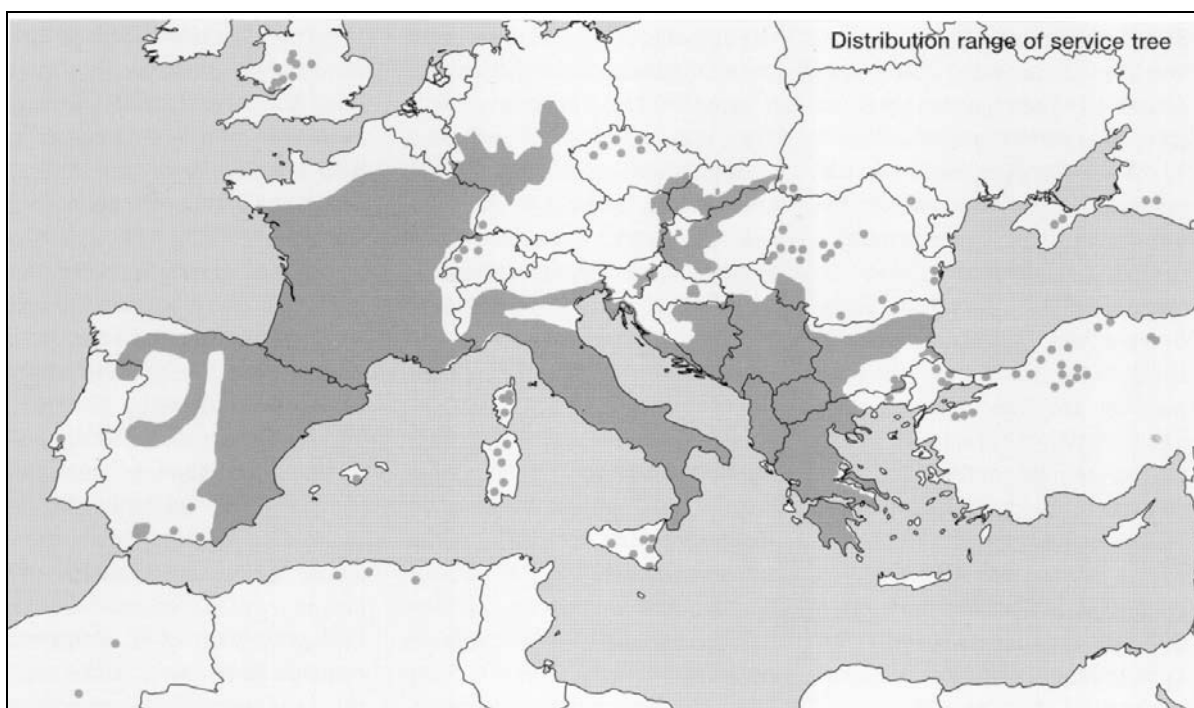
1. puha, leveses húsú, édes ízű, éretten fekete termésű szívcserezsnék (convar. *juliana*);
2. nagy, kemény, ropogós húsú, alig leveses, kevésbé édes, éretten piros termésű ropogós cseresznyék (convar. *duracina*) VANCURA, 1992.

A madárcseresznye szemzőhajtások 2003. nyári begyűjtésekor, a kínálkozó megfigyelések során megállapítható volt, hogy a Magas-Bakonyban található egyedek ekkor is bőségesen hoztak termést. A terméshalak tekintetében megállapítható: egy származáson, populáción belül a convar. *juliana*; ill. convar. *duracina* jellegű termést hozó egyedek egyaránt előfordulnak.

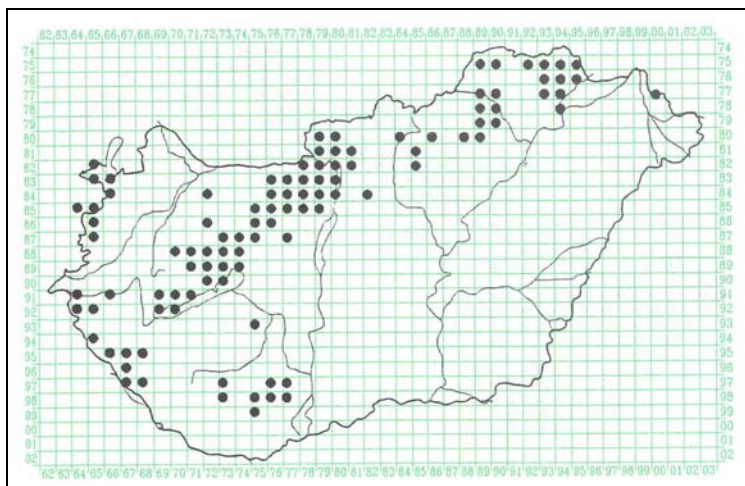
6. A házi berkenye (*Sorbus domestica* L.) jellemzése

6.1 A házi berkenye elterjedése

Szubmediterrán jellegű, dél európai fafaj. Kelet-Spanyolországtól a Krím-félszigetig és a Nyugat Kaukázusig terjed. Őshonos elterjedésének északi határa nehezen állapítható meg, mivel a gyümölcstermő növényt őshonos elterjedési területén kívül sokféle meghonosították. Dél-Németországban, Alsó-Ausztriában és Dél-Szlovákiában még megtalálható. Domb és hegyvidéki faj, Közép-Európában, így hazánkban is szubspontán (VANCSURA, 1992). ROTACH (2003) hangsúlyozza az elterjedés balkáni, itáliai és dél-franciaországi súlypontját. Kiemeli, hogy a fafaj a római időktől eredeztethetően bizonyos fajta kultivációt kapott, így a természetes elterjedtség határai – a közelmúltban elvégzett felmérések ellenére is – bizonytalanok.



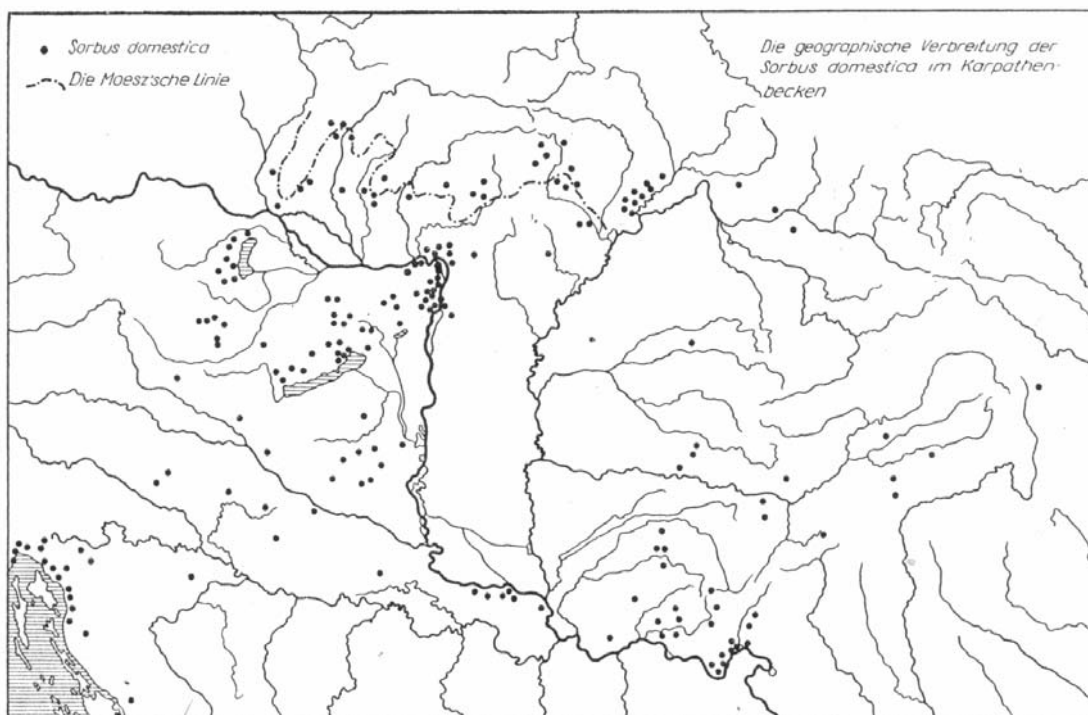
17. ábra. A házi berkenye (*Sorbus domestica*) aktuálisan ismert elterjedési területe. (Forrás: ROTACH, 2003.)



Magyarországon a házi, vagy fojtós berkenye a Dunántúli-középhegységben, a Nyugat- és Délnyugat-Dunántúlon gyakoribb, az Északi-középhegységben és a Dél-Dunántúlon szórványosabb.

Élőhelye a száraz hegy- és dombvidéki tölgyesek, bokorerdők, sziklaerdők, erdőszélek, mezsgyék, szőlők, gyümölcsösök.

18. ábra. A házi berkenye (*Sorbus domestica*) elterjedése Magyarország területén. (Forrás: BARTHA és MÁTYÁS, 1995.)



19. ábra. A Házi berkenye földrajzi elterjedése a Kárpát-medencében. (Forrás: KÁRPÁTI 1959/60.)

KÁRPÁTI (1959/60) az általa közölt kárpát-medencei elterjedési térképen bizonyított előfordulásokat ábrázolt. A házi berkenye botanikatörténeti vonatkozásait illetően a hazai közléseket revideálta – gyakorta a különböző herbáriumi anyagok ellenőrzése révén. Található példa arra is, hogy a korábbi adatközlő egy későbbi publikációjában maga helyesbítette a faj meghatározását. Gyakori volt a madárberkenyeként történő botanikai adatközlés.

KÁRPÁTI 1942-ben megjelent publikációjában a spontaneitás kérdését próbálta tisztázni a már leírt munkamódszer alapján. Megállapítást nyert, hogy a fafaj „Kárpátiában” Horvátország, Szlavónia és a Bánát biztos előfordulásain kívül a Pannóniai-flóratartomány domb- és hegyvidékein megtalálható, spontán megjelenik: a Magyar-középhegységben, a Mecsekben, valamint Sopron környékén. (Ez utóbbi előfordulást elemezve megállapította, hogy bár a Lőverek hajdani szőlőhegyeiben szép, időskori példányai találhatóak; azok valószínűsíthetően a Fertő-melléki dombsor száraz tölgyes társulásaiból kerülhettek a Lőverek kultur-élőhelyeibe.) A fafaj mindenképpen a mediterráneum egyik karakterfaja, amely Közép-Európában is megjelenik, ezáltal mediterrán — közép-európai flóraelemként írható le. Elterjedési területe meghatározóan analógiát mutat a *Quercus pubescens* elterjedéséhez, illetőleg a szőlőtermesztés határvonalához (*Moesz-vonal ld. 19. ábra*). Így elmondható, hogy a fafaj az Északi-Kárpátok déli lábát, elsősorban a folyóvölgyek mentén, de mindenképpen eléri.

CSAPODY I; CSAPODY V. és ROTT (1966) részben KÁRPÁTI (1959/60) adataira hivatkozva a fafaj társulásait az alábbiakban jellemzik: mint *Quercetalia* faj főként karsztbokorerdőkben (*Cotino-Quercetum pubescentis*, *Ceraso mahaleb-Quercetum*), molyhos-cseres tölgyesekben (*Orno-Quercetum pubescenti cerris*), molyhos-kocsánytalan tölgyesekben (*Corno-Quercetum* ill. *Poae pannonicae – Quercetum petraeae*), cseres kocsánytalan tölgyesekben (*Quercetum petraeae-cerris*), és tatárjuharos lösztölgyesekben (*Aceri tatarico-Quercetum*), alárendeltebb

mértékben gyertyános kocsánytalan tölgyesek szárazabb típusaiban (*Quercus petraeae-Carpinetum*).

Melegkedvelő faj, de a szélsőséges hazai teleket is jól viseli, viszont a kései fagyokra érzékeny. Melegigényével összefüggésben általában a meszes talajú területeken jelenik meg erőteljesebben. Rendszerint csak vályogos fizikai féleségű és többnyire löszön képződött talajokon telepszik meg; kedvező növekedést csak üde vagy mérsékelt száraz, valamint jó tápanyag-ellátottságú talajokon ér el. Mezofil fafaj, de a hosszabb, szárazabb periódusokat is elviseli. Fiatalon félművelési később fényigényes; zavartalan fejlődéséhez szükséges, hogy koronáját szabadon kifejleszthesse (VANCSURA, 1992).

A faj visszaszorulása Európa-szerte tapasztalható. Természetvédelmi szempontból szükséges a házi berkenye sorsát figyelemmel kísérni, a tisztításoknál az újulatát megkímélni, és ahol szükséges mesterséges telepítéssel a pótlásról gondoskodni. A zárt állományokban gondozás nélkül ritkán marad meg, inkább erdőszéleken, mezsgyéken, vadföldeken érdemes ültetni (VANCSURA, 1992). A genetikai tartamosság biztosításával kapcsolatosan DEMESURE (1997) megállapítása szerint a *Sorbus* nemzetség „nagyfajai” közül a házi berkenye fokozottan igényli az ex situ génmegőrzési módszerek alkalmazását, míg az a barkócaberkenye esetében –mivel annak veszélyeztetettsége csekélyebb, elfogadhatónak tartja kezdetben az in situ génmegőrzési módszerek alkalmazását is.

6.2 A házi berkenye változatossága

Változatosság főként a gyümölcsalak formájában jelentkezik. A termés kedvező körülmények közt igen bőségesen jelentkezik, magas (11-12 %) cukortartalma miatt értékes erdei melléktermék és vadeleség. Régebben a fajt gyümölcséért termesztették, és a kertekből kikerülő magvak szubspontán előfordulásokhoz biztosítottak megfelelő újulatot.

A termés alakja nagysága szempontjából eléggé változatos, általában két alakját különböztetik meg: a *S. domestica* f. *pyrifera* körte alakú, és a *S. domestica* f. *pomifera* alma alakú gyümölcsökkel (VANCSURA, 1992). (*Männchen* és *Weibchen*, ld. a 4. fejezetben)

Az első, házi berkenyével végzett vizsgálatainkból - melyeket az *NYME-EMK KÉMIA INTÉZETÉVEL* közösen végeztünk - néhány sajátosság már a mérések kezdeténél kitűnt. „Mégmérték az összcukor tartalmat és a fenolokat, ez utóbbiak a színért és a sajátos ízért is (részben) felelősök. Lényeges különbség van a cukortartalomban, és ami ennél meglepőbb és fontosabb a fenoloknál is. Pl. a színes héj kétszer annyi fenolt tartalmaz, mint a hús, a világos pedig háromszor annyit. Ugyanakkor a barna héjban 60%-al több fenol van, mint a világos színűben” (ex verbis ALBERT LEVENTE 2000).

7. Az alkalmazott laboratóriumi vizsgálatok elvi háttere

A vizsgálati növényanyag (kollektívum) genetikai variabilitásának meghatározásához felhasznált, egyed szintű laboratóriumi vizsgálatok célja elsődlegesen a teljes genom struktúrájában megtalálható, kimutatható (jelölt - marked) jellemzők vizsgálata és elemzése volt.

Genetikai markernek tekintenek általában minden olyan tulajdonságot, amely felhasználható egy fajra, populációra, egyedre jellemző allél vagy bázissorrend azonosítására, illetőleg nyomon követésére. E tulajdonság lehet morfológiai bélyeg, vagy köztes anyagcseretermék, az allél közvetlen terméke (fehérje), vagy közvetlenül a DNS bizonyos szakaszai, darabjai. A nemesítő kutatók a 60-as évek végéig elsősorban morfológiai, élettani és agronómiai tulajdonságokat meghatározó alléleket használtak fel genetikai markerként. Ezeknek azonban számos elemzési szempontból kedvezőtlen tulajdonsága van, mint pl. domináns-recesszív öröklődés, késői expresszáció, pleiotrópia, episztázis, környezeti függés és ritka polimorfizmus (MÁTYÁS, 2002).

Ezért genetikai markerként előszeretettel használnak fehérjéket (ún. biokémiai markerek, mint pl. az enzimek, fenol származékok), illetve közvetlenül a DNS szakaszokat (ún. molekuláris markerek). A gélelektroforézis technika kifejlesztése a 60-as években lehetővé tette a fehérje és az izoenzim polimorfizmus vizsgálatokat. A 70-es évek végén, a 80-as évek elején a Southern blot (SOUTHERN, 1975) és az RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism* – GRODZICKER et al, 1974) kidolgozásával lehetőség nyílt az öröklődő variációk DNS szintű elemzésére. Az RFLP markerek kodominánsak, így mindkét DNS-szál által kódolt szakasz kimutatható; a restrikciós enzimekkel emésztett fragmenseket elektroforézissel választják szét. Mivel rendkívül sok eltérő hosszúságú DNS szakasz van az elegyben, az elektroforézis nem mutat világosan elkülönülő sávokat, ezért külön jelölő DNS alkalmazása szükséges. A Southern hibridizálás során az emésztőenzimmel kapott szakaszokat páratlan DNS-szálakra denaturálják, szűrőpapírra viszik át, majd egy radioaktív izotóppal jelölt szintúgy egyszálal DNS szakasszal tesztelik (mintegy 800 bp hosszúságú, meghatározott vagy véletlen sorrendű DNS vagy RNS –minta). A homológ szakaszok esetén a minta a próbával hibridizál- kettős szálal alkot, így fényérzékeny filmre helyezve, vagy fluoreszcens festési eljárások felhasználásával az izoenzim-sávokhoz hasonló mintázat nyerhető.

NELSON-JONES et al (2002) Sorbus hibridek eredetének vizsgálatához használták fel az RFLP vizsgálatokat. Az *Aria* szekcióba tartozó triploid és tetraploid mikrospeciesek vizsgálati eredményei a genetikai variabilitás vizsgálati eredményeinek különbözőségét mutatták, visszaigazolván az összetett származást, illetőleg/és az apomiktikus szaporodás lehetőségét. A vizsgálatok célja annak tisztázása volt, hogy a faji hibridizálódásnak, illetőleg a poliploidia jelenségének a Sorbusok evolúciójában. Az RFLP módszer annak okán került kiválasztásra, mivel a sejtmagi DNS-t vizsgálja, általában egy illetőleg néhány polimorf band-et (terméket) különítenek el, valamint kodomináns öröklődést mutatnak. Ennek következtében könnyen interpretálható eredmények figyelhetőek meg, amely révén a hibrid eredetű egyedek elkülönítése azok futási képe alapján egyértelmű. Tehát a hibridizálódás (elsődleges, avagy másodlagos) révén keletkező mikrospeciesek esetében elvárt, hogy a vizsgálatok során mindkét szülőre jellemző „band karakterisztikát” mutassanak. A leszármazási viszonyok további tanulmányozása kiegészült organelum DNS (mitokondriális és kloroplaszt) vizsgálatával egyaránt.

A polimeráz láncreakció (PCR – *Polymerase Chain Reaction*), illetve az ezen alapuló egyszerű, gyors és automatizálható módszerek kifejlesztése a molekuláris diagnosztika kiteljesedéséhez vezetett. Az alkalmazott primertől függően a marker lehet szekvenciaspecifikus vagy véletlenszerű. Az elektroforetikus elválasztás során csak a DNS termékek szakaszhossz eltérései mutathatók ki, a szekvencia eltérések nem.

Napjainkban a laboratóriumi genetikai markerek vizsgálati eredményeit az erdészeti kutatásban az in-situ és ex-situ génmegőrzési alapelvek és nemesítési koncepciók kifejlesztéséhez is felhasználják. Az erdei fafajok génkészletének fenntartásában sokkalta speciálisabb nézőpont a genetikailag homogén régiók lehatárolása/meghatározása, mivel ezen régiók az alapvető genetikai háttérbázisokat reprezentálják. Így ajánlott ezen elkülönített területek génállomány bázisainak megőrzésére a fafajok populációbiológiai sajátosságainak megfelelő megőrzési stratégia kidolgozása. Ezen genetikai markerek mutatnak rá a genetikai információ olyan térbeli elkülönülési jelenségeire, amelyek a fajok jégkorszak utáni kolonizációs folyamataival magyarázhatóak; illetőleg ezen markerek segítségével olyan area léptékű térképezés lehetséges, mely a fajon belül meghatározható génikus diverzitás, a populációk közötti elkülönülés mértékét egyaránt vizsgálja (BUCCI és VENDRAMIN, 2001).

7.1 Az izoenzimátikus vizsgálatok

A katalitikusan aktív fehérjék, azaz az enzimeket biokatalizátorként a szervezetben lejátszódó biokémiai folyamatokat segítik elő az aktiváláshoz szükséges energia csökkentésével. Izoenzimnek (vagy izozimnek) nevezik azokat az azonos enzimrendszerhez tartozó enzimvariánsokat, amelyek elektroforézissel elkülöníthetők. Az izoenzimek létrejötté egyetlen génhelyen történt mutáció, vagy génduplikáció révén létrejött, hasonló funkciójú gének aktivitásának köszönhető (utóbbi esetben enzimrendszer). Egy adott génhely alléljai által meghatározott enzimvariánsokra az allozim (vagy alloenzim) fogalmát alkalmazzák. Az elektroforetikusan szétválasztott izoenzimek a gélen jellegzetes csíkozottságot, zimogramot mutatnak előhívás után (MÁTYÁS, 2002).

Az enzimek öröklődése biparentális, (azaz a két allél a két szülőtől származik), a sejtmagban található gének expresszáldásának termékei. Az elektroforetikus mobilitás (“lassú”, “gyors” frakciók) különbségei így a kódoló DNS-szakasz különbségeit mutatják ki, és ezzel megvalósul a genetikus azon szándéka, hogy az összefüggéseket a DNS-lánchoz minél nagyobb közelségben tárja fel. Az izoenzimek lehetővé teszik az allélok változatosságának közvetlen elemzését adott génhelyeken, ami sokféle, korábban megoldhatatlan genetikai elemzésre ad módot. Előnyük, hogy a vizsgált genetikai változatosság funkciója és adaptív jelentősége jobban értelmezhető, mint a nem kódoló szakaszok DNS változatossága; a párosodási rendszer, génáramlás, drift vizsgálatára ill. kimutatására nagyon jól beváltak (MÁTYÁS, 2002).

7.2 A DNS markerek vizsgálatai

A **RAPD-technika** (*random amplified polymorphic DNA*): a módszerhez tetszőleges sorrendű, általában rövid, 10 bázis hosszúságú, guanin és citozin bázisokban gazdag primereket alkalmaznak, az amplifikálás véletlenszerű, nem feltétlenül igényli a komplementer szál analóg bázissorrendjét (nem igényli a primer minden bázisának kapcsolódását), azaz a kapcsolódás (*annealing*) 30-40 °C között történik, és a primer olvadáspontja is ennek megfelelően konstruált. Az így kimutatott genetikai polimorfizmus „lókuszonként egy allélt” fed fel. A RAPD markerek domináns öröklődésűek, ezért a heterozigóta genotípusok

kimutatására nem alkalmasak. Csak a PCR termék (band) hiánya jelent homozigóta recesszív allélt (BORDÁCS, 2002).

Az egyedek (genotípusok), illetve vegetatív szaporítással előállított klónok elkülöníthetősége és azonosítása a legtöbb esetben az olcsó és egyszerű RAPD analízissel megoldható. A RAPD vizsgálatokkal a populációk közötti és azokon belüli genetikai variabilitás (diverzitás) és differenciálódás populációgenetikai mérőszámainak meghatározása egyaránt lehetséges. A dominánsan öröklődő RAPD termékek kapcsán a termék – band hiánya utal homozigóta, recesszív „allélra”. Mind a homozigóta (AA), mind a heterozigóta (Aa) genotípus egy RAPD fragmentuma amplifikálható.

A nemesítés- és szaporítóanyag-termesztés gyakorlatában is lényeges a kiválasztott egyedek vegetatív szaporítványainak ellenőrzése, a keveredések kizárása (homogenitás vizsgálat). Az azonos genotípusok kimutatásához finom megkülönböztetést lehetővé tevő markerre van szükség. Erre a sejtmagi DNS fragmentumok elemzése a legalkalmasabb (AFLP, RAPD, SSR – mikroszatellitek /simple sequence repeats).

BORDÁCS és BURG (1997) RAPD markereket használtak fel 4 magyarországi tölgy taxon e markerekkel jellemzett genetikai változatosságának megállapításához. A vizsgált fajok a kocsányos tölgy (*Quercus robur*), kocsánytalan tölgy (*Q. petraea*), dárdás karéjú kocsánytalan tölgy (*Q. dalechampii*), és a szlavón tölgy (*Q. robur* ssp. *slavonica*) voltak.

A 26 vizsgált RAPD primer vonatkozásában 4 esetben szignifikáns különbség volt kimutatható a négy tölgy taxon között. 3 primer fragmentumait tekintve (G9, G13, H2) faji specifikusság jelentkezett a *Q. robur*, *Q. petraea*, illetőleg a *Q. dalechampii*-nál egyaránt. A G11-es primer fragmentumai csak a szlavón tölgy valamint a „szlavóniai típusú” minták esetében voltak megfigyelhetőek. A RAPD fragmentumok/termékek megjelenése alapján a *Q. robur* és a *Q. petraea* RAPD mintázata egyaránt jelentkezett.

VICARIO et al (1995) együttesen alkalmaztak izoenzimatis, valamint RAPD markereket egyaránt a jegenyefenyő (*Abies alba*) populációk valamint egy szicíliai jegenyefenyő (*A. nebrodensis*) populáció összehasonlító vizsgálatához, annak eldöntéséhez, hogy az *A. nebrodensis* az *A. alba* posztgaciális intervallumból származó faji izolációja, avagy önálló mediterrán jegenyefenyő fafajnak tekinthető. A RAPD mintázat elemzésekor az ebből számított genetikai távolságok a az *A. nebrodensis* és *A. alba* populációk között háromszor nagyobbak voltak, mint az *A. alba* populációk között. Az izoenzimatis vizsgálatok eredményeként kapott genetikai távolságok értékei Az *A. nebrodensis* és az *A. alba* populációk között 10-70-szer voltak nagyobbak, mint az *A. alba* csoporton belül, ami a szicíliai jegenyefenyő génállomány szintű elkülönülését igazolta vissza.

A **PCR-RFLP technika** újabban alkalmazott kombinált eljárás, amely során szekvencia (bázissorrend) specifikus primerekkel nagy, akár 10 kb hosszúságú fragmentumokat állítanak elő PCR-rel, majd restrikciós emésztés után a kapott rövidebb szakaszokat elektroforézissel szétválasztják. Jól alkalmazható minden olyan esetben, ahol a hagyományos RFLP eljáráshoz nem áll rendelkezésre elegendő mennyiségű DNS minta. Elsősorban az organellum DNS (kloroplaszt DNS) analízisek egyik gyakori, közepes költségigényű módszere.

Az erdei fajoknál -különösen a szélbeporzó fajok esetében- igen hatékony génáramlásról beszélhetünk. A sejtmag DNS-ében kódolt allélok igen hatékony génáramlásával szemben a sejtben található mikroorganellumok allélstruktúrája csak az anyai öröklődés révén jelenik meg az utódnemzedékekben. Az *organelláris, maternális öröklődés tehát helyi mintázatok fennmaradását teszi lehetővé*. Így az organellum DNS-markerek azon genetikai markerek

közé tartoznak, melyek révén kisebb térségek populációinak azonosítása lehetővé válik (MÁTYÁS, 2002).

Az organellum genom haploid, csak az egyik szülő által örökíthető át és nem rekombinálódik. A kloropasztisz-DNS (cpDNS) a kétszikűekben kizárólagos anyai öröklődést mutat (fenyőknél a mitokondriális DNS öröklődik maternálisan). A cpDNS mintázatok általában a populációk közötti különbségeket mutatják meg. A cpDNS elemzés alapján kirajzolódó, aránylag kis területű haplotípus-körzetek ökológiailag nem értelmezhetőek, de regionális azonosításra alkalmasak lehetnek (MÁTYÁS, 2002).

A technika alkalmas ezen kívül a posztglaciális fajvándorlás nyomon követésére (PETIT et al, 2002/b), introgresszió, hibridizálódás vizsgálatára, rokonsági kapcsolatok, leszármazás ellenőrzésére (HEINZE, 1998), és a génáramlás és komponenseinek azonosítására (PETIT et al, 2002/a). A cpDNS markerekkel bizonyítható az európai fehér tölgy szekció fajai (*Quercus petraea*, *Q. robur* és *Q. pubescens*) közötti génáramlás (FINKELDEY és MÁTYÁS G; 1999).

A génáramlás növények esetében a pollen és a mag (esetleg más szaporítóképlet) térbeli mozgása révén jön létre. A virágpór kizárólagos hozzájárulása a génáramláshoz apasági vizsgálattal ellenőrizhető. Erdei fák esetében erre az apai öröklődés útján terjedő organellumok DNS-markerei révén van lehetőség. Az anyai úton öröklődő DNS-markerek ugyanakkor a magvak útján történő génáramlást indikálják. Mindez a nukleáris DNS (RAPD) elemzésével kiegészítve a faj genetikai változatosságát befolyásoló tényezők elemzésére alkalmas (BORDÁCS, 2002).

BORDÁCS (2000) a magyarországi tölgy taxonok cpDNS vizsgálati eredményeit elemezve eltéréseket tapasztalt a várt eredményekhez képest. A nemzetközi vizsgálati eredmények alapján a különböző tölgy taxonok egy őshonos populáción belül azonos haplotípusokat mutattak (DUMOLIN-LAPEGUE et al, 1997). A monomorf cpDNS haplotípusok egy állományon belüli jelenléte általánosan megfigyelt az őshonos állományok esetében (PETIT et al, 1993; 1996), tehát a polimorfizmust mutató cpDNS haplotípus-szerkezet a mesterséges felújítással, az összetett származású szaporító alapanyaggal magyarázható. Ezzel párhuzamosan Magyarországon számos vizsgált populáció esetében (Debrecen, Tiszaigar, Vámosatya) a cpDNS polimorfizmusok őshonosnak tűntek az erdőgazdálkodási módszerek, növénytársulási adottságok, az állományok kora valamint a történeti források tekintetében egyaránt. Ezen állományokat tekintve meghatározóan ártéri és öntésterületek elzárt, nehezen megközelíthető társulásairól volt szó, amely területeken a XIX. század végén történtek az első tudatos, „iparszerű” fakitermelések.

A cpDNS eredmények alapján a magyarországi őshonos tölgyállományok különböző mértékben feleneke meg az autochton eredet kritériumainak. A kocsánytalan tölgy állományok többsége (*Quercus petraea*, *Q. dalechampii*, *Q. polycarpa*), valamint a molyhos tölgy (*Q. pubescens*, *Q. virgiliana*) őshonosaknak tekinthetőek. Ezzel szemben a kocsányos tölgy állományokban (*Q. robur*, *Q. robur ssp. slavonica*) cpDNS polimorfizmus volt kimutatható, amelyet nagyban az erdőgazdálkodási beavatkozások, szaporító alapanyag szállítások okozhattak (BORDÁCS, 2000).

A vizsgálati eredmények alapján a Kárpát-medence tölgyfajai egyrészt az appenini és balkáni refúgiumokból vándoroltak vissza, illetőleg a vizsgált haplotípusok térbeli eloszlása arra is enged következtetni, hogy az utolsó jégkorszakot (11.000 - 10.000 évvel jelen időszámításunkat megelőző időszakban) átvészelt populációk is kiindulási anyagát képezték a medence tölgyek általi újbóli benépesülésének (BORDÁCS et al, 2002). Az utolsó jégkorszakban ugyan számos tölgy populáció megsemmisült, viszont a túlélteket populációkat és habitatjukat másodlagos refugium területekként (BREWER et al, 2001) lehet azonosítani, (ld. Magyar-középhegység — Ösmátra elmélet, ZÓLYOMI, 1958).

A cpDNS markerek alkalmasak a származásazonosítás mellett a szaporítóanyaghoz kapcsolódó tulajdonságok minősítésére egyaránt. A morfológiai megjelenésük alapján szlavón tölgyként leírt állományok fenológijukat tekintve nem viselkednek egységesen, egyaránt megfigyelhetők későn fakadó és korán fakadó típusok egy állományon belül, amely fenológiai csoportok évről-évre más-más mértékben vannak kitéve mind abiotikus (kései fagy), mind biotikus károsítók (rovarok) kátételének. A tölgy levél sodró (*Tortrix viridiana*) rajzási idejének függvényében két egymást követő vegetációs periódus kezdetén első esetben a korai fakadású egyedeknél, majd a második vegetációs periódus kezdetén a kései fakadásúaknál mutatott jelentősebb kártételt (WACHTER, 2001).

E vizsgálathoz csatlakozóan GAILING et al (2003) a Németországban ültetett szlavóniai eredetű kocsányos tölgy állományok fenológiai illetőleg cpDNA vizsgálataik során az utóbbi vonatkozásában kettő, a szlavóniai eredetre jellemző haplotípust tudtak kimutatni a németországi, mesterségesen telepített előfordulásokban (I. haplotípus: Klostermarienberg; 2. típus: Horvátország), melye a fakadási időt tekintve a későn fakadó típusba voltak besorolhatóak. A jellemző cpDNS haplotípusok európai szintű elterjedtségét tekintve mindkét haplotípus az Appenini-félsziget refúgium területeiről származik, és jelen elterjedtségüket tekintve balkáni súlypontot mutatnak. A szintén kései fakadás fenológiját magáénak tudható III. haplotípus dél-nyugat európai származást igazol vissza, míg a korán fakadó típusok a Németországban leginkább elterjedt IV. haplotípusba sorolhatóak.

Magyarországon az ökológiai körzethatárok alapján lehatárolt kocsánytalan tölgy szaporítóanyag származási körzeteket a cpDNS vizsgálati eredmények alátámasztották (BORDÁCS, 2002). Nagy-Britannia esetében LOWE et al (2004) számoltak be a szigeten található tölgy állományok származás-azonosítási vizsgálatairól, illetőleg az eredmények a tölgyek újratelepítési stratégiában való felhasználásáról.

A vizsgálatokba egyrészt magtermelő állományok egyedei, valamint törzsfák kerültek bevonásra. Annak eldöntésére, hogy a minták őshonosaknak tekinthetők-e, azokat összehasonlították a korábbi genetikai térképezés eredményével, mely összesen 4 haplotípust talált őshonosnak (COTTRELL et al, 2002). A törzsfák és magtermelő állományok esetében őshonosnak bizonyultak, eseti, kisebb mértékű (~ 50 km) transzportokat lehetett elkülöníteni, viszont az egyes talált haplotípusok arányaikban eltértek a korábbi felmérés adataitól. A pozitív szelekcióval kiválasztott, fenotípusosan kedvező tulajdonságokat mutató egyedek cpDNS eloszlása nem igazolt vissza nagymértékű a kontinensről származó, illetőleg Nagy-Britannián belüli magtranszportot. Viszont igazolást nyert, hogy egyes cpDNS típusok szignifikánsan adaptív előnyben vannak más haplotípusú egyedekhez képest. A környezeti feltételek fenotípust módosító hatása, és a szélbeporzó fajok esetében nagymértékű pollen általi génáramlás más nézőpontok figyelembe vételét is megköveteli (LOWE et al, 2004).

8. Anyag és módszer

8.1 Kiindulási növényanyag

8.1.1 Barkócaberkenye a Dunántúli - középhegységben

A Dunántúli-középhegység erdőgazdasági tájcsoportban a virulens barkócaberkenye populációk főként a szubmontán bükkös (*Melitti-Fagetum*) ill. hárs-kőris törmeléklejtő (*Mercuriali-Tilietum*) erdőtársulásokban lelhetőek fel.

Hazánkban a szubmontán bükkös (*Melitti-Fagetum*) társulásban a barkócaberkenye mint tipikus elegyfaj jelenik meg, főként a gyengébb talajadottságú termőhelyeken, ahol a

felújításos gazdálkodás mesterséges szukcessziója során a zárótársulás főfafajának, azaz a bükknek kisebb a növekedési erélye (Bakony, Visegrádi-hegység). HORÁNSZKY (1964) mint a Visegrád-Szentendrei hegység *Mercuriali-Tiliatum matricum* társulása lombkoronaszintjének jellemző fafaját írja le.

Így a barkócaberkenye *-mivel gyengébb talajadottságú termőhelyek fafaja-* még bírja a magassági versenyt, és ezeken a termőhelyeken a leghosszabb ideig előforduló elegyfaj a madárcseresznye, hegyi juhar, korai juhar mellett (RÖHRIG 1972).

Egyik helyszíni vizsgálati területünkön a Bakonyban, a Bakonybél 10 A erdőrészlet, ahol fokozatos felújító vágást hajtottak végre. A területen 5 db barkócaberkenye hagyásfát őriztek meg.



A 10 A erdőrészlet fekvése nyugati, észak-nyugati, a terepi esésvonal még nem túl meredek (25-35 %, ld. 23. ábra). Ezen a terepen is találhatóak sziklakibúvásos, sekély termőrétegű részek, melyek mikrodomborzati adottsága ill. sekély termőrétege tette lehetővé, hogy a barkócaberkenye *-a magassági növekedését megtartva- véghasználati korig az állományban uralkodó helyzetben maradjon. A termőhelytípus-változat: bükkös klímájú, többletvízhatástól független hidrológiájú, sekély termőréteg vastagságú, vályog fizikai féleségű barna rendzina talaj (21. ábra).*

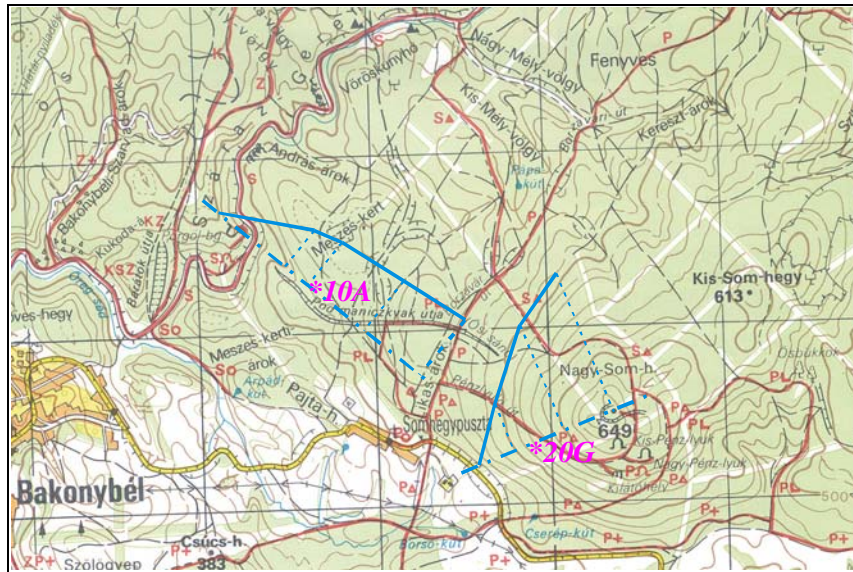
Az erdőrészlet észak-nyugati szélén, a terepi törésvonalnál megjelennek a törmeléklejtő erdő karakterfajai (hegyi juhar, korai juhar, magas kőris, gyertyán) és itt közbeszorult, esetenként felnyurgult egyedeket találunk - ma már hagyásfaként. Az újulatban a bükk mellett a hegyi juhar dominál (a gyertyán jelen van), csekély mértékben megjelenik a magaskőris is. Említésre érdemes barkócaberkenye újulat nem figyelhető meg.

20. ábra. Jobb oldalon barkócaberkenye törzsfa ($H=33$ m, $d_{1,3}=47$ cm) Bakonybél 10 A erdőrészletben, bükk hagyásfák között. (Fotó: NYÁRI, 1999).

A másodikként említett erdőtársulás a hárs-kőris törmeléklejtő (*Mercuriali-Tiliatum*) erdő termőhelyi viszonyaira jellemző, hogy a kedvező klímadottságok mellett a termőhely talajadottságait a sekély termőrétegű, gyenge vízgazdálkodású, kétszintes sötétszínű erdőtalajok (rendzina, erubáz, ranker) jellemzik (ld. Bakony, Vértes, Balaton-felvidék). A barkócaberkenye ezen sziklás területeken is előnyben részesíti a száraz, sekély részeket. Különösen kedveli a terepi törésvonalakat, ahol a terep meredeksége hirtelen megváltozik, ui. e részeken több fényhez tud jutni az őt elnyomással fenyegető magas kőrissel, korai juharral szemben.



21. ábra.

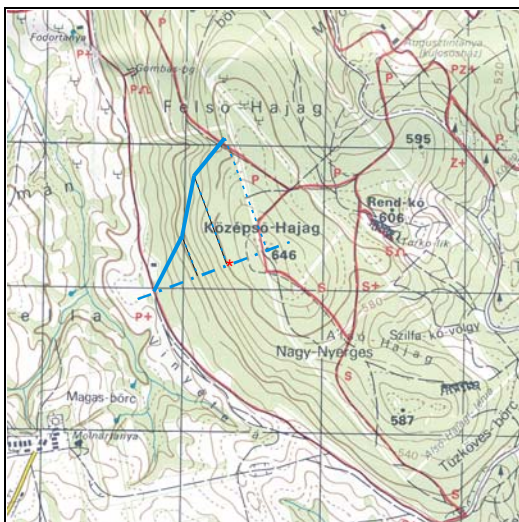


23. ábra. Bakonybél 20 G és Bakonybél 10 A erdőrésztetek talajszelvényeinek elhelyezkedése (*-al jelölve), valamint a termőhelyek kitettségének és lejtőkának metszete, $M=1:40000$.



22. ábra.

Bakonybél 20 G erdőrésztletben (23. ábra) a barkócafák már a Som-hegyi erdőrezervátum pufferzónájában találhatóak; az erdőrésztlet kitettsége dél-nyugati. Az állományban a magas kőris, kislevelű hárs, mezei juhar (20 - 20 % elegyarányban) meghatározó volta mellett a bükk is képviselteti magát, valamint a gyertyán is feltörekedett a felső lombkorona szintbe. A második szintet gyertyán és magas kőris alkotja, itt hárs-kőris törmeléklejtő erdőről beszélhetünk. A termőhelytípus-változat: bükkös klímájú, többletvízhatástól független hidrológiájú, közepmély termőréteg vastagságú, vályog fizikai féleségű barna rendzina erdőtalaj (22. ábra).



A Középső-Hajag erdőtömbjének felső részén (plató) található törmeléklejtő erdőtársulás egyfajta ökológiai optimumként is leírható (24. ábra). A fekvés dél-nyugati, a legszebb barkócaberkenye példányok a felső terepi törésvonal mentén, a plató szélén találhatóak meg, uralkodó esetleg közbeszorult helyzetben. A talajadottságok itt már jóllehet kedvezőtlenebbek, viszont a barkócák elegendő fényhez jutnak a más helyütt elnyomással fenyegető magas kőrisek, hegyi korai, mezei juharokkal és hársakkal szemben.

24. ábra. A Hajag-erdőtömb talajszelvényének elhelyezkedése (*), valamint a termőhely kitettségének és lejtőkának metszete, $M=1:40000$.



A 25. ábrán szintén bükkös klímájú, többletvízhatástól független hidrológiájú, közepmély termőrétteg vastagságú, vályog fizikai féleségű barna rendzina erdőtalaj látható a Középső-Hajag erdőtömbjéből. A Dunántúli középhegységben elsősorban barna rendzinán találjuk a meg a fafaj életerős populációit, talajtípust tekintve életerős példányok találhatóak még agyagbemosódásos barna erdőtalajokon illetőleg erubázokon és sekély fekete rendzina erdőtalajokon egyaránt, bár ez utóbbi esetben a megjelenő alaki tulajdonságok fatermesztési szempontból nem mindig kedvezőek (NYÁRI, 2000/a, 2002/a).

A Bakonyszücs 18 A erdőrészletben a barkócaberkenye 27 egyedből álló, mintegy 0,4 ha-os területen elhelyezkedő populációját találtuk. Az egyedek nem a megszokott terepi törésvonal mellett helyezkedtek el, hanem egy kisebb platófelületen foltszerűen állományt alkottak, amelyben a mezei és korai juhar, illetve kislevelű hárs képezték a mellékállományt. Az egyedek közül 9 db felelt meg a törzsfakiválasztás kritériumainak, viszont a későbbi vizsgálatokba a populáció egésze mint kontroll bevonásra került, annak tisztázására, hogy e helyütt gyökérsarj kolóniáról, illetőleg kultivációról van-e szó.

25. ábra. Típusos kétszintes barna rendzina erdőtalaj hárs kőris törmeléklejtő erdőtársulásban. A talajszelvény egy erőteljes hegyperem-széli barkócacsoport középpontjában került kiadásra. (Fotó: NYÁRI, 2000).

Quercus dalechampi típusú tölgyekből álló, laza záródású állományok is kedvező életfeltételeket jelentenek számára (Visegrádi-hegység, Gerecse, Vértes, Keszthelyi-hegység) ez esetben is fontos számára a termőhely déli, dél-nyugati fekvése, a terepi törésvonal, meredek fekvés. Mészkedvelő és lösztölgyesekben, cseres-tölgyesekben, karszterdőkben ritkábban telepszik meg. A gyertyános tölgyeseknek inkább csak a szélén fordul elő (Visegrádi-hegység). HORÁNSZKY (1964) a cseres-kocsánytalan tölgyesek *Quercetalia* elemei közé sorolja.

A Visegrád 49 B erdőrészlet (27. ábra) acidofil kocsánytalan tölgyes erdőtársulásként írható le. A termőhely kitétsége dél-nyugati, jelenleg felújítás alatt áll. Az idős állományban - a felső lombkorona-szintben is van néhány házi berkenye, melyek jelenleg szintén hagyásfák.



26. ábra.

A barkócaberkenyék az alsó lombkorona szintbe szorultak, viszont felszabadításuk után -lévén főként vékonyrudas korúak-növekedésnek indultak.

A termőhelytípus-változat: gyertyános-tölgyes klímájú, többletvízhatástól független hidrológiájú, mély termőrétteg vastagságú, vályog fizikai féleségű agyagbemosódásos barna erdőtalaj (26. ábra, helye az ábrán *-al jelölve).

27. ábra. *Visegrád 49 B erdőrészlet talajszelvényének elhelyezkedése, valamint a termőhely kitétségének és lejtőkének metszete, M=1:40000.*

Az életerős populációk általában a már említett terepi törésvonalak mentén alakulnak ki. Jellemző ezen élőhelyek expozíciója, kitétsége is. Legkedvezőbb számára a dél-nyugati kitétség, ill. a nyugati, észak-nyugati, valamint déli. A terepi törésvonal, a dél-nyugati kitétség, a száraz vízgazdálkodási fokozat jelenti a fafaj számára az ökológiai optimumot.

A fentiekben ismertetett termőhelyek tekinthetők típusos, életerős barkócaberkenye szubpopulációk termőhelyeinek, mely egyedeiből a törzsfakiválasztás, leoltás és genetikai vizsgálatok megtörténtek több mint nyolcvan egyed esetében a Dunántúli-középhegység erdőgazdasági tájcsoportot reprezentálva Keszthelytől Visegrádig. A szerző 1999. ill. 2000. években hajtott végre barkócaberkenye törzsfakijelölést a Dunántúli-középhegység erdőgazdasági tájcsoportban.

A kijelölés szempontjai a törzsmínőség és a termőhely meghatározó figyelembe vétele mellett a terméshozam, ill. a génmegőrzés voltak. Ezen utóbbi fogalom beépülése mind génvédelmi, mind nemesítői szempontból egyaránt hasznos. Génmegőrzési és nemesítői szempontból azért is célszerű az előhegységi területek szálsankénti előfordulásait is számításba venni, mert olyan területeket mintáznak mely a fafaj (jelen esetben a barkócaberkenye) adott régió belüli repatriálása során potenciálisan szóba jöhető termőhelyek genetikailag adaptálódott génanyagát képviselik, és itt ők a legsikeresebb túlélők.

A végső cél egy ökológiailag körülhatárolható tájegységen belüli szubpopulációk közötti kommunikáció többé-kevésbé teljes biztosítása egy szintetikus populáción (magtermesztő ültetvényen, plantázson) belül. A mesterségesen létrejövő populáció változatossága magasabb a kiindulási szubpopulációknál, hisz azokban valamelyest különböző környezeti szelekciós tényezők hatnak, illetőleg a gazdálkodás szempontjai, a kiválasztás szabályai is különbözhetnek az egyes területek között.

Egyelőre nem ismert, hogy mekkora az a terület nagyság, amelyen belül fenológiai, főként virágzásbiológiai szempontból a fellelhető és kiválasztott egyedek egységesen viselkednek az egyes fafajok vonatkozásában. Ez azt jelenti, hogy olyan időintervallumban virágzanak, amelyen belül a megvalósuló beporzás révén létrejön a genetikai információcsere a plantázson található egyedek oltványai között. Az erdőgazdasági tájcsoport olyan bevált kiindulási pont, melyre a nemesítő-génmegőrző tevékenység alapozható, viszont a létesítésre kerülő plantázson folyamatos virágzásbiológiai megfigyelésétől a továbbiakban sem lehet eltekinteni.

A több mint 80 kiválasztott egyed leoltásra 1999, 2000, és 2001 tavaszán került sor. (A Közép-Dunántúli Génmegőrzési és Plantázson Fejlesztési Program barkócaberkenye törzsfáinak listáját, valamint a Bakony-szücs 18 A erdőrészletben található kontrollpopuláció adatait az I. melléklet tartalmazza).

Külön kérdéskört vet fel a vizsgálati növényanyag csoportosítása. A kutatási feladatok annak meghatározását célozhatták meg, hogy a laboratóriumi genetikai módszerekkel meghatározható génikus diverzitás a kialakítandó szintetikus populáció esetében meghaladja-e, illetőleg milyen mértékben haladja meg a különböző földrajzi tűréshatárok között kialakított elméleti szubpopulációkét; illetőleg a vizsgálati eredmények milyen regionális differenciálódásra engednek következtetni.

A barkócafa minták esetében a reprezentativitás nem tekinthető biztosítottnak a Dunántúli-középhegység erdőgazdasági tájcsoportban található barkócaberkenye populációk

vonatkozásában. A kutatási lehetőségek és feladatok ez esetben a kialakítandó magtermesztő ültetvény törzsfakomponenseit engedték vizsgálni. Az alaki, vitalitás és termés hozam szempontjai szerint pozitív kiválasztáson átesett egyedek lehetőség szerint erdőgazdasági tájanként kerültek csoportosításra, amely esetekben pusztán idézőjeles 'szubpopulációkról' beszélhetünk. Esetenként ennél kisebb ökoregionális határok is megvonásra kerültek, abban az esetben, ha az előfordulások/szelektált egyedek sűrűsödést mutattak pl. a Magas-Bakony erdőgazdasági tájban: Bakonyszücs, Déli- és Északi-Bakony; első esetben populációról, míg a másik két esetben valódi szubpopulációról beszélhetünk, amelyekben belül intenzívebb génáramlás (rovarmegporzás révén) feltételezhető (ld. 3. táblázat).

3. táblázat. Az elkülönített barkócaberkenye "szubpopulációk" a Dunántúli-középhegység erdőgazdasági táj csoportban.

Sorszám	Populáció	Egyedszám
1.	Keszthelyi-hegység, Balaton-felvidék, (jelölt: B-felv)	8
2.	Déli Bakony, (jelölt: D-Bakony)	10
3.	Bakonyszücs 18 A (jelölt: B-szücs)	27
4.	Északi – Bakony (jelölt: É-Bakony)	10
5.	Vértes, (jelölt: Vértes)	8
6.	Gerecse, (jelölt: Gerecse)	17
7.	Visegrádi-hegység, Budai-hegyek, (jelölt: Dzug-hg_K)	21

A barkócaberkenye esetében a Dunántúli-középhegység vonatkozásában klóngyűjteményben elhelyezett oltványok szolgáltatottak identikus növényanyagot (levél-, rügyminta) a biokémiai és genetikai vizsgálatok elvégzéséhez, a bakonyszücsi populáció esetében a törzsfakiválasztással nem érintett egyedekről történt a levél és rügyminta begyűjtése (NYÁRI, 2000/a; 2002/a; 2002/b).

8.1.2 Házi berkenye a Zempléni-hegységben és a Dunazug-hegység keleti részén

Az Északi-középhegység legkeletibb és legfiatalabb vulkáni tagja az észak déli irányú **Zempléni-hegység**, mely valós földrajzi értelemben az *Eperjes-Tokaji hegység* vonulatának déli tagja, amelyet nyugaton a Hernád, keleten a Bodrog határol.

A hegység jellegzetes sorba vagy csoportba rendeződött kúp alakú („sátoros”) hegyei alapján a botanikusok a területet „*Sátor-hegységnek*” nevezik, különösen az Abaújszántónál és Sátoraljaújhelynél elterülő tájképfőmáló Sátor hegyekről. Az erdészeti tájbesorolás 15. *Sátor-hegység erdőgazdasági tájat* ismerteti, mely az ország észak-keleti részén, az észak-országhatár és a Sátoraljaújhely – Bodrogkeresztúr – Mád – Tállya – Abaújszántó – Gönc helységeket összekötő területet és Abaúj megye keleti részét öleli fel (DANSZKY, 1963). A Zempléni-hegység felosztható az észak-keleti Hegyközre, a hegység magterületére az Erdővidékre, a déli és keleti oldalon húzódó Hegyaljára, valamint a nyugati részen a Hernád-völgyre más néven Meződülőre (KONKOLYNÉ GYURÓ, 1990).

A harmadik fejezetben már említésre kerül KITAIBEL (1803) megfigyelése a berkenyék hegyaljai előfordulását illetően. KISS Á. (1939) debreceni gyógyszerész a hegyvidék flóráját érintő 10 éves megfigyeléseit tette közzé. Tanulmányában a barkócaberkenye és házi berkenye előfordulási helyéül az erdők valamint a bokros oldalak neveztettek meg. (E helyütt külön említést érdemelnek a Sátor-hegység erdőgazdasági tájban a beerdősülő fás legelőkön is számos jó alaki és koronaképzési tulajdonságot felmutató, idős vadkörték között megjelenő barkócaberkenye egyedek.)

A II/b. mellékletben közölt zempléni elterjedési térképen jól látható, hogy a házi berkenye elsősorban a hegység peremterületein elterjedt, főként idős, „történelmi” szőlőhegyekben (28. ábra), szérűskertekben, rézsúkben, házi kertekben (NYÁRI, 2002/c). Azon szőlőhegyekben, melyek az elmúlt évtizedekben a természetstechnika modernizációjának áldozatai lettek: belátható módon a házi berkenye nem volt fellelhető, ld. Kácsárd és Tállya közötti szakasz (NYÁRI, 2002/d).

Természetesen erdőtársulásokban –bár csekélyebb mértékben- szintén leírhatóak voltak előfordulások. A (cseres)-kocsánytalan tölgyesekben (*Quercetum petraeae cerris*), acidofil kocsánytalan tölgyesekben (*Luzula quercetum*), illetőleg még a szubmontán bükkös (*Melittifagetum*) erdőtársulásokban egyaránt találtunk génmegőrzésre érdemes példányokat. SIMON (1977) a házi berkenyét a Zempléni-hegységben mint *Quercetalia pubescenti – petraeae* fajt nevezi meg a melegkedvelő kocsánytalan tölgyes (*Corno-Quercetum*) erdőtársulásban.

A II/a és II/b melléklet alapján, illetőleg igazodva a korábban ismertetett táji besorolásokhoz, a Zempléni-Hegység főként perem-menti előfordulásai az alábbi szubpopulációkba, származásokba voltak sorolhatóak:

- 1) Füzértől – Széphalomig terjedő térség, (jelölve: Hegyköz);
- 2) Kácsárd (szőlőhegy);
- 3) Erdőhorváti-Tolcsva-Erdőbénye térsége, (jelölve: Hegyalja);
- 4) Tokaj-Mád térsége, (jelölve: Tokaj);
- 5) Boldogkőváralja – Óhuta - Gönc - Pányok térsége, (jelölve: Meződűlő, ld. a II/a valamint a II/b mellékleteket).



28. ábra. Idős házi berkenye szoliter Kácsárdon, Károlyfalva (Carlsdorf) mellett, Sátoraljaújhely – Sárospatak közötti szőlőhegyben, a Hegyalján. (Fotó: NYÁRI, 2001.)



29. ábra. Idős házi berkenye hagyásfa Visegrád 49 B erdőrészletben – hajdani acidofil kocsánytalan tölgyes, jelenleg felújítás alatt. (Fotó: KISS, 2001.)

A **Dunazug-hegység** magában foglalja a vulkanikus eredetű Visegrádi hegységet, melyet egyes földrajztudományi szakirodalmak már az Északi-középhegységhez sorolnak, másrészt az üledékes eredetű (mészkö, dolomit) Gerecsét, Pilist, illetőleg a Budai-hegységet. A Gerecse-Pilis-Budai-hegyek erdőgazdasági tájon belül a Pilis-hegység, Visegrádi-hegység és Budai-hegyek vonatkozásában történt meg az összes fellelhető házi berkenye egyed felkutatása és kijelölése.

KISS (2001) az acidofil kocsánytalan tölgyesekben, cseres-kocsánytalan-tölgyesekben, valamint virágos kőrises karsztbokorerdőkben írja le a házi berkenyét. A III/a mellékletben található lista, valamint a III/b térképmelléklet alapján a felkutatásra kerül egyedeket négy szubpopulációba lehetett besorolni:

- 6) Budapest, (jelölve: Budapest);
- 7) Leányfalu-Tahi-Szentendre, (jelölve: Szentendre);
- 8) Visegrád (jelölve: Visegrád);
- 9) Esztergom-Pilismarót-Dömös (jelölve: Pilismarót, ld. a III/a valamint a III/b mellékleteket).

A budapesti előfordulások között megtalálható minden bizonnyal kultur előfordulás is (pl. Hűvösvölgyi út, villa kertje ld. 30. ábra.) A hajdani szőlőhegyek beerdősülése révén vagy azok közelében megjelenő szubspontán előfordulások (Csúcs-hegy), valamint erdőállományokban található elszórt, sokszor közbeszorult, esetenként állomány szélén álló virulens egyedek egyaránt.



BOROS (1944) in. KÁRPÁTI (1959/60) közlése alapján a házi berkenye a Budai-hegyekben szubspontán előfordul. Az adatközlő leírja, hogy a házi berkenye családja kertjében a Rózsadombon, az Áldás-közben az 1920-as években jelent meg, noha azt ott soha senki nem ültette. A magot valószínűleg nagyobb távolságról a madarak terjeszthették, mivel a házi berkenyét a környező kertekben nem ismerték. „A házi berkenye a Budai-hegyekben, a Gerecsében, a Vértesben csak szálanként fordul elő, megjelenés körülményei a spontaneitást igazolják. A fafaj meglehetősen könnyen vadul ki kertekből, ennek okán gyakran jelennek meg szálankénti előfordulásai erdőterületeken – véli BOROS.

30. ábra. A Hűvösvölgyi út idős és védett házi berkenyéje a Duna-Ipoly Nemzeti Park Igazgatósága szomszédságában levő kertben. (Fotó: NYÁRI, 2000.)

A vizsgálati területek nagysága ez esetben jól megfelelt a rovarmegporzó elegyfajok esetére vonatkozó, a barkócaberkenyénél leírt 120 km-es távolságnak (DEMESURE et al, 2001), amelyen belül a mért genetikai távolságok még nem mutatnak szignifikáns eltéréseket, tehát egyfajta metapopulációkat is körülírhatunk, amelyeken belül a különböző előfordulások földrajzi elkülönülése kapcsán volt lehetőség a szubpopulációk kialakítására.

Szubpopulációk régiókon belüli lehatárolásakor a rovarmegporzó elegyfajok szaporodásbiológiája számára megfelelő felosztást kerestem. A rovarmegporzás esetében 2 km-es távolságon belül lehet effektíven hatékony megporzásról beszélni (FERNANDEZ et al, 1996). Ez a fajta kritérium csupán a Kácsárdi szőlőhegy 17 egyedes kollektívumát engedi populációként kezelni. Ezért az azon területeken fellelhető egyedeket, melyek termőhelyi,

ökológiai viszonyaik alapján egy tömbben találhatóak (összefutó völgyek, összefüggő szőlőhegyek, medencetájak) egy-egy szubpopulációba történő besorolásra kerültek.

A házi berkenye vizsgálati anyagot tekintve, mely a későbbi PCR RAPD és RFLP vizsgálati eredmények kiindulási növényanyagát jelentették, két erdőgazdasági tájban került sor törzsfajjelölésre. Elsőként a Zempléni-hegységben, (mely az erdészeti tájbesorolásban megfelel a Sátor-hegység erdőgazdasági tájnak) a HORVÁTH JENŐ ERDÉSZETI CSEMETERKERTÉSZET EGYÉNI CÉG megbízásából történt törzsfaszelekció során (NYÁRI, 2002/c). A későbbi vizsgálati darabszám = 112, (ld. II/a és II/b melléklet).

Másodikként a Gerecse-Pilis-Budai-hegyek erdőgazdasági táj keleti részén: e helyütt kell megemlíteni a kutatásban, jelölésben közreműködő KISS BALÁZS nevét, aki saját génmegőrző-magtermesztő ültetvényének növényanyagát szelektálta a terepi munkák során (NYÁRI L. 2002/a). A vizsgálatokban érintett egyedek száma 84 db volt (ld. III/a és III/b mellékleteket).

4. táblázat. Az elkülönített házi berkenye szubpopulációk a a Zempléni-hegységben, valamint Dunazug-hegység keleti részén.

Sorszám	Populáció	Egyedszám
1.	Hegyköz (Füzértől – Széphalomig terjedő térség)	28
2.	Kácsárd (szőlőhegy)	17
3.	Hegyalja (Erdőhorváti-Tolcsva-Erdőbénye térsége)	43
4.	Tokaj, (Tokaj - Mád térsége)	15
5.	Meződülő, (Boldogkőváralja – Óhuta - Gönc - Pányok térsége)	9
6.	Budapest	11
7.	Szentendre, (Leányfalu – Tahi - Szentendre térsége)	30
8.	Visegrád	29
9.	Pilismarót, (Esztergom - Pilismarót - Dömös térsége)	14

A házi berkenye vizsgálati növényanyag (levélminta) a terepi munkák során került begyűjtésre (NYÁRI, 2002/a, 2002/c), illetőleg a Dunazug-hegység keleti részén levő növényanyag vonatkozásában néhány esetben lehetőség volt az oltványokról történő levélminta begyűjtésére is.

A házi berkenye vonatkozásában a mintavétel sokkalta reprezentatívabbnak volt tekinthető. A két tájegységen belül (Zempléni-hegység, Dunazug-hegység keleti része) valamennyi felkutatott házi berkenye egyed mintázására és vizsgálatára sor került.

8.2.1 Az izoenzimatiszikus vizsgálatok

Az izoenzimatiszikus vizsgálatokba bevont génhelyek / lókusok az alábbiak voltak:

- Acon (Akonitáz, EC 4.2.1.3);
- Adh-1, Adh-2 (Alkohol-dehidrogenáz, EC 1.1.1.1);
- Got (Glutamát-oxálacetát-transzamináz, EC 2.6.6.1);
- Idh (Izocitrát-dehidrogenáz, EC 1.1.1.42);
- Lap (Leucin-amino-peptidáz, EC 3.4.11.1);
- 6Pgdh (6-Foszfo-glukonát-dehidrogenáz, EC 1.1.1.44);
- Pgi (Foszfo-glüko-izomeráz, EC 5.3.1.9);
- Pgm (Foszfo-glüko-mutáz, EC 2.7.5.1).

Extrakció:

A növényi szöveteket extrakciós puffer adagolásával és speciális fúrógép alkalmazásával homogenizáljuk. Az extrakcióhoz mintegy 150 mg rügyből származó zöld leveleket és 600 mikrol. extrakciós oldatot használunk fel.

A fent közölt eljárással nyert növényi nedvet filterpapírra (2 - 4 mm széles; 3MM filterpapír, vagy 1 Chr. M-papír, Nr. 2043A Fa., Schleicher und Schuell papír 4 x 8 mm, Nr. 19381130) visszük fel, majd további felhasználásig -70 °C-on tároljuk.

Gélek előkészítése és a minták felvitele:

Pufferrendszerrel függően 10-12%-os töménységű burgonya keményítőt (Toronto-keményítő) alkalmazunk. Előállítótól függően előzetesen próbafuttatásokkal ellenőrizzük a keményítő tényleges töménységét (nagy eltérések tapasztalhatók a különböző gyártók pl. Sigma, Biomol termékei között). A gélekbe 2-3%-ban cukrot vagy 6-8 M-os hangyasavat (Tris-Citrát-pufferek esetében) adagolunk. A gélek térfogatát az határozza meg, hogy a 20 x 12 cm-es nagyságban hány szeletet kívánunk különböző festési eljárással láthatóvá tenni

A gélek elkészítése mikrohullámú sütő segítségével:

- A gélpuffer 2/3-át 2-3 percig 850W-on felforraljuk.
- A gélpuffer 1/3-ba hozzáadjuk az előzetesen kimért keményítőt és cukrot (illetve hangyasavat) és csomómentesen elkeverjük.
- A 2/3-nyi felforralt puffert hozzáöntjük az előzőekben elkészített keményítőoldathoz, összekeverjük, majd újabb 2-3 perces 850 W-on történő forralás következik.
- Az így előállított gélnt öntőformák közé helyezett üveglapra öntjük és 20 percig hűlni hagyjuk.

A lehűlt gélről katóddal párhuzamos oldalon 1,5-2 cm széles csíkot levágunk, kissé eltávolítjuk a gél többi részétől és a részbe 50 db növényi nedvvel előzetesen átitatott filterpapírt helyezünk. A filterpapírokat a felhelyezés előtt a kiolvasztjuk. Ezt követően a csíkot légmentesen visszaillesztjük az eltávolított részhez.

Elektroforézis:

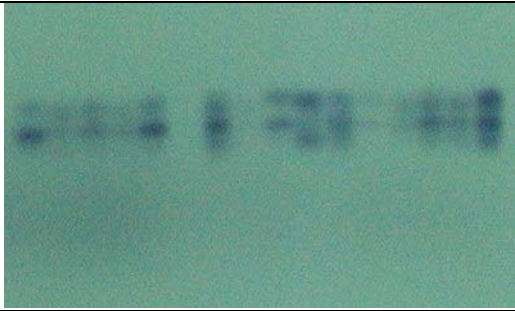
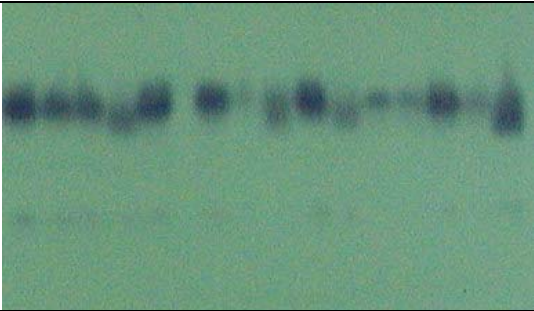
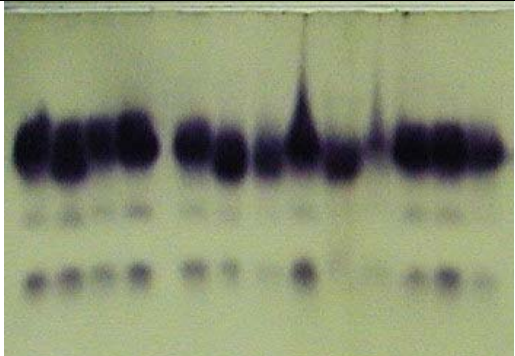
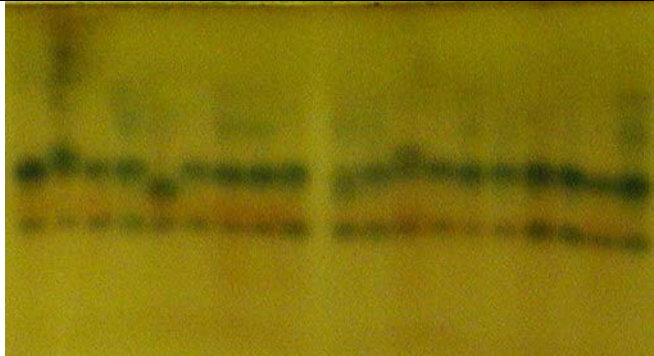
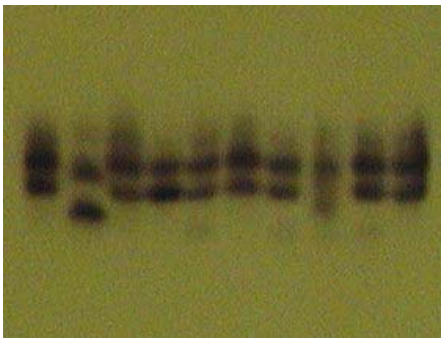
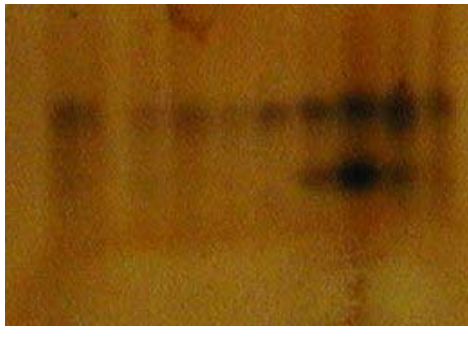
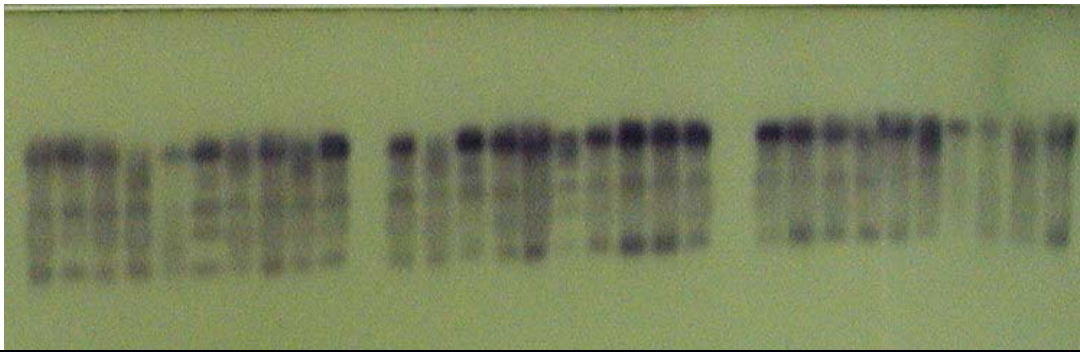
Az elektroforézist horizontális, hűthető felületű Desaga Desaphor HE 125 kádakban végezzük. A hűtés a fehérjék hőérzékenysége miatt szükséges, amelyet Lauda WK 230 átfolyó rendszerű hűtőtermostáttal valósítunk meg. Az elektroforézis ideje és az alkalmazott áramerősség pufferrendszerrel függően 2-6 óra és 60-160 mA.

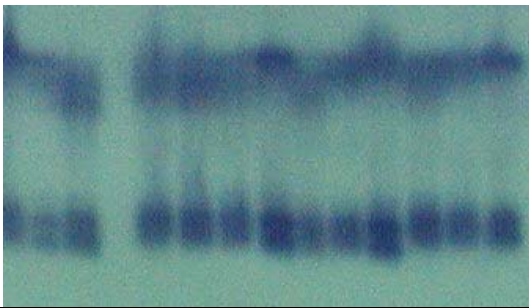

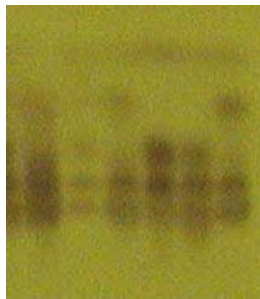
<i>Puffer-rendszer</i>	<i>1. gél</i>	<i>2. gél</i>	<i>3. gél</i>	<i>Futtatás ideje</i>
Tris-Citro 7,5 pH	PGM	GDH		5,5
Tris-Citro 7,8 pH	6PGDH	IDH	MDH	6
Ashton 8,1 pH		AAT	PGI	6
Poulik 8,0 pH	MNR	ACO	LAP	5

A géleket horizontálisan 3-4 darabra vágjuk 0,5 mm átmérőjű acéldrót segítségével, amelynek segítségével 1-1,5 mm vastag festésre előkészített 2-3 gélseleteket kapunk (a legfelső rész alkalmatlan az in situ festési reakció lejátszására). A különböző enzimrendszerek festését és kiértékelését a vonatkozó protokollok szerint végeztem el (BOROVICS, 2003; MENN, 1998). Az interpretációs lehetőségeket a 31. ábra mutatja:

31. ábra.

Acon	Adh-1 (felső)
------	---------------

	
33 11 13 13 13 0 13 0 13 14 13 13 13 13 13 13	11 11 11 22 11 0 11 11 12 11 12 11 11 11 11 12
31. ábra. folytatása: Adh-2 (alsó)	Got-1 (felső)
	
22 22 22 22 0 22 22 22 22 12 22 22 22 22	22 12 22 22 33 22 22 22 22 0 23 22 12 22 22 22 22 22 22 22
Idh	Lap
	
11 22 11 11 11 11 11 12 11 11	11 11 11 11 11 11 11 12 11
6Pgdh	
	
11 11 11 33 11 11 11 11 13 11 0 11 13 11 11 11 11 11 11 11 0 11 11 11 12 11 13 11 11 13 12	

Pgi	Pgm	
		
11 14 0 12 13 12 11 22 11 11 12 11 11	22 33 23 12 13	33 13 13 11 11 13

Az izoenzimek esetében olyan enzimekről beszélhetünk, melyek ugyan azonos, katalizátor funkciókat töltenek be, viszont szerkezetük vonatkozásában különbözőek. Hozzávetőlegesen az esetek 30 %-ban egy pontmutáció következtében a DNS szerkezetében előálló változás a kódolt enzim vonatkozásában is a nettó töltés megváltozását eredményezi, amennyiben az izoenzimek egy meghatározott pH-értékű pufferoldatba kerülnek (HATTEMER. et al, 1993). Ehhez kapcsolódóan az elektroforézis segítségével a töltés, méret és forma alapján az izoenzimek elkülöníthetőek. A biokémiai festési eljárások révén megjelenített csíkozottság minden enzimrendszer vonatkozásában típusos mintázatot mutat (zimogram).

8.2.2 A DNS-markerek vizsgálatai

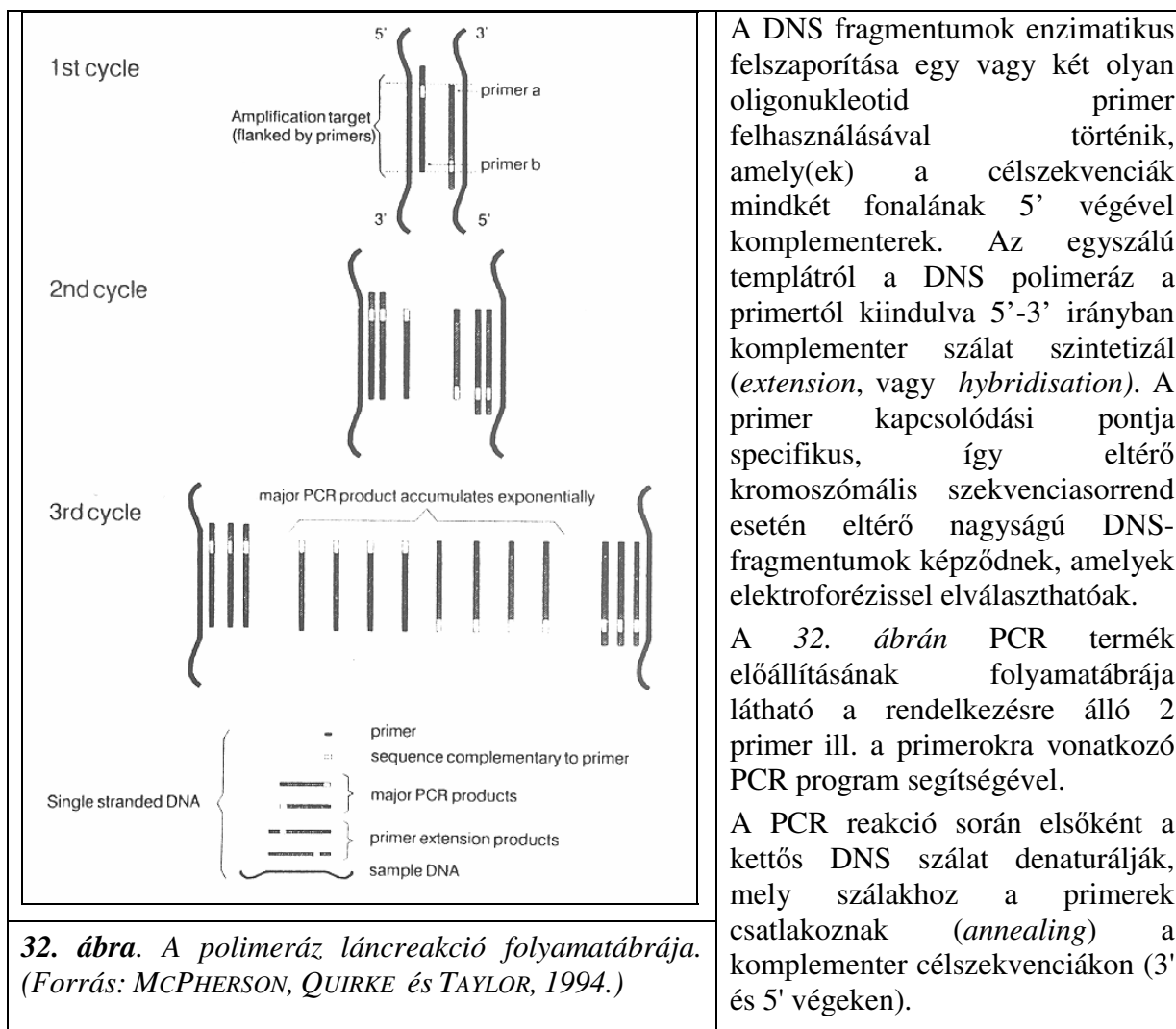
A DNS polimeráz enzimek alkalmazása, valamint a DNS-t hasító enzimek segítségével annak megfelelő szakaszai láncreakciószerűen, exponenciálisan korlátlan mértékben sokszorosíthatóak. Az így feltárt változatosság sokkalta szélesebb körű, valamint növények esetében a biparentális eredetű sejtmag, valamint az uniparentális eredetű mitokondrium és kloroplaszt DNS különböző (populáció)genetikai nézőpontok vizsgálatát teszi lehetővé. A növényi sejtekben található összes DNS (haploid cpDNS, mt DNS; diploid testi DNS) kivonása DUMOLIN-LAPEGUE et al (1995) alkalmazott eljárás szerint történt, a DNeasy Plant Mini Kit (Qiagen Kat ssz: 69106) felhasználásával:

1. Az AP1 és EA puffereket 65 °C-ra felmelegítik;
2. Mintegy 2 cm²-nyi levélszövetnek megfelelő tömegű levéldara készítése (törőmozsárban folyékony N-ben szétdörzsölve, vagy „Retsch”-típusú rázógépből, az előhűtött Eppendorf csöveket és 2 db zúzógolyót 4 percig rázatva a maximális fordulatszám 70 %-án.)
3. A levéldarát 1,5 ml-es Eppendorf- csőbe helyezik, majd 400 µl AP1 és 20 µl RNA-se pufferral összekeverik (géppel, saját cső);
4. Az oldatot legalább 10-15 percig 65 °C-os rázó vízfürdőben inkubálják;
5. Az inkubálás után 130 µl AP2 puffert kell hozzáadni (óvatosan, bilitelve keverni), és legalább 5 percig a jégre kell állítani;
6. Az oldatot lila színű (QIA shredder Spin Column) csövekbe kell áttölteni, (a pipettahegyek levágandóak, mivel az oldat sűrű);
7. A lila csöveket 2 percig 13.000 / min fordulatszámon centrifugálják;

8. A gyűjtőcsőből a felülúszó oldatot 2 ml-es Eppendorf-csőbe kell átszívni, vigyázva, hogy a lepedék ne kavardjék föl;
9. Az oldathoz etanolt (1 egység) és AP3 puffert (0,5 egység) adni és azt homogenizálják. Az adagolásnál elsőként az AP3 puffert kell adni, utána az etanolt;
10. Az oldat felét DNeasy Spin Column csőbe átpipettázzák, és 2 percig szobahőmérsékleten, maximális fordulaton 13.000 / min centrifugálják;
11. Az átszűrt folyadékot kiöntik, majd a maradék oldatot (9. lépés) áttöltik, a 10. lépést megismételik (saját csövében);
12. A szűrőn visszamaradt extraktumot (fedő nélküli cső) 500 µl AW pufferrel kell feltölteni és 2 percig max fordulaton (13.000/min), szobahőmérsékleten kell centrifugálni (AW puffer kívánt hígítása etanollal megelőzően szükséges);
13. A lecentrifugált oldatot ki kell önteni, és a 12. lépést (500 µl AW puffer) meg kell ismételni (3 perc 13.000 / min fordulatszám). Szükség esetén a szűrőn maradt extraktumot még egyszer centrifugálják le, hogy teljesen száraz legyen a szűrő;
14. A szűrőlapot 1,5 ml Eppendorf-csőbe kell állítani (saját cső), és 100 µl előmelegített AE puffert adnak hozzá. Az oldatot pihentetik kb. 5 percig;
15. A csöveket 2 percig szobahőmérsékleten 13.000/min fordulaton centrifugálják, a szűrőlapot áteszik egy másik 1,5 ml-es Eppendorf-csőbe, majd a 14. lépés megismétlése következik;
16. A két 1,5 ml-es Eppendorf-csőbe egyenként 5 µl RNase-t (10 mg/ml) pipettáznak, és az oldatot egy órán át 37 °C-on inkubálják.

Az így kinyert összes DNS-t meglétét agaróz gélen történő futtatással ellenőrzik, töménységét minőségét fotometrikus úton állapítják meg. A laboratóriumi vizsgálatoknál az első, durvább összetételű DNS szűrletet a sejtmagi DNS vizsgálataihoz (RAPD), míg a második centrifugált mennyiséget az organelláris (cpDNS RFLP) vizsgálatokhoz használtuk fel.

A meglevő (extrahált) információtartalom kiteljesítéséhez szükséges polimeráz láncreakció (PCR - *Polymerase Chain Reaction*) in vitro módszer amellyel kromoszomális, vagy klónozott DNS (cpDNS) célszekvenciákat sokszorozhatóak meg (amplifikálhatóak) enzimatis úton, hőstabil DNS-polimeráz enzim (Taq polimeráz) segítségével, lánckezdő oligonukleotidok (primerek) jelenlétében, a hőmérsékletet gyorsan és pontosan változtató készülékben (*thermocycler*) HAJÓSNÉ NOVÁK (1999).



32. ábra. A polimeráz láncreakció folyamatábrája. (Forrás: MCPHERSON, QUIRKE és TAYLOR, 1994.)

A DNS fragmentumok enzimatiskus felszaporítása egy vagy két olyan oligonukleotid primer felhasználásával történik, amely(ek) a célszekvenciák mindkét fonálának 5' végével komplementerek. Az egyszálú templátról a DNS polimeráz a primertől kiindulva 5'-3' irányban komplementer szálát szintetizál (*extension*, vagy *hybridisation*). A primer kapcsolódási pontja specifikus, így eltérő kromoszómális szekvenciasorrend esetén eltérő nagyságú DNS-fragmentumok képződnek, amelyek elektroforézissel elválaszthatók.

A 32. ábrán PCR termék előállításának folyamatábrája látható a rendelkezésre álló 2 primer ill. a primerokra vonatkozó PCR program segítségével.

A PCR reakció során elsőként a kettős DNS szálát denaturálják, mely szálakhoz a primerek csatlakoznak (*annealing*) a komplementer célszekvenciákon (3' és 5' végeken).

A hőstabil Taq (*Thermus aquaticus*) polimeráz enzim a kapcsolódó primerek 3' végeit meghosszabbítva, a komplementer szál szintézise 5'-3' irányban végzi. Így az 1. ciklusban olyan kettős szálú DNS molekula keletkezik, amely a primert is tartalmazza, majd a molekula újbóli denaturálásával kezdődik a 2. ciklus. A ciklusok során ezen DNS szakaszok exponenciális mértékben szaporodnak fel, mivel a Taq polimeráz az újonnan elkészített szálakat denaturációjuk után szintúgy templátként használja (HAJÓSNE NOVÁK, 1999).

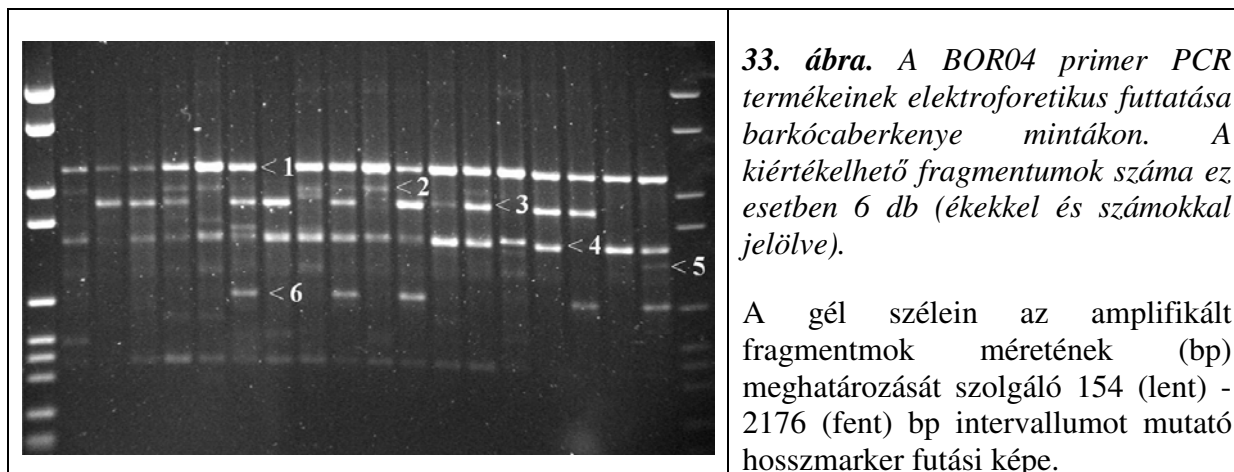
A **RAPD-technika** alkalmazásakor vizsgálataim során a 25 µl-es közegben lejátszódó PCR RAPD reakció a következő összetevőkkel rendelkezett: 0,2 µM RAPD primer; 0,2 mM dNTP, 0,5 U DynazymeTM hőstabil DNA polimeráz enzim; 2,5 µl 10X PCR puffer (10mM Tris-HCL pH: 8,8, 1,5 mM MgCl₂, 50 mM KCl, 0,1 % Triton X-100); 5 µl DNS (~ 5 ng/µl) és PCR-H₂O.

Az amplifikálás 46 cikluson keresztül történik: denaturálódás 94 °C egy percen keresztül, majd egy perc kapcsolódás – annealing következik 36 °C-on, a polimerizáció hőmérséklete 72 °C, és két percig tart. E ciklus ismétlődik 45 alkalommal, a záró polimerizációs lépés 72 °C-on 8 percig tart.

Az amplifikált PCR termék 10 µl-ének elektroforézises futtatása 1X TBE oldatban 1 %-os agaróz gélen (0,25 % brómfenol kék, 0,25 % xilén-etanol exponáló reagenssel) történt, 100V-on, 3,5 óra időtartammal. A futtatás révén méretcsoport szerint elkülönült termékek, sávok

„band”-ek kiértékelése azok stabil, jól megkülönböztethető megjelenésétől függött. A band megléte esetén „1”, üres hely esetén „0” a kód – bináris elvet követte.

Összesen 30 különböző RAPD primer esetében próbáltam meg a technika alkalmazását a különböző régiókból, tájegységekből származó barkócaberkenye és házi berkenye próbamintákon egyaránt. A 30 RAPD primerből a barkócaberkenye esetében 5 db, míg a házi berkenye esetében 4 db adott kiértékelhető eredményt: stabil, jól látható PCR termékeket, így az 5. és 6. táblázatban leírt primerekkel dolgoztam a későbbiekben.



5. táblázat. Kiértékelhető terméket adó RAPD primerok barkócaberkenye esetében.

Primer	Bázissorrend (5' → 3')	GC %	Fragmentumok (band-ek) száma	A DNS fragmentumok mérete (bp)	Polimorf fragmentumok (band-ek) száma
BOR02	GCG CAT AGG C	70	7	880-1560	5
BOR04	TAG CGA TCC G	60	6	650-1390	6
OPD05	TGA GCG GAC A	60	5	445-1480	5
OPK03	CCA GCT TAG G	60	9	420-1700	9
OPE 09	CTT CAC CCG A	60	6	760-1500	6

6. táblázat. Kiértékelhető terméket adó RAPD primerok házi berkenye esetében.

Primer	Bázissorrend (5' → 3')	GC %	Fragmentumok (band-ek) száma	A DNS fragmentumok mérete (bp)	Polimorf fragmentumok (band-ek) száma
BOR02	GCG CAT AGG C	70	11	517-2176	11
BOR04	TAG CGA TCC G	60	4	720-1510	4
OPD05	TGA GCG	60	9	750-1430	9

	GAC A				
OPK03	CCA GCT TAG G	60	5	450-1760	5

A **PCR-RFLP technika** felhasználásakor a PCR amplifikációhoz használt 25 µl mix összetétele az alábbi volt: 5 µl DNS minta, 13,625 µl H₂O, 2,5 µl 10 x puffer, 1 µl MgCl₂, 0,25 µl dNTP, 1,25 µl 1. primerszál, 1,25 µl 2. primerszál (ld. 7. táblázatban), és 0,125 µl, a reakciót katalizáló Hot Star enzim.

7. **táblázat** A primerek szekvenciái a cpDNS vizsgálatokhoz. (Forrás: DEMESURE et al, 1995, 1999; valamint ODDOU-MURATORIO et al, 2001/ a, b).

Primer-párok	Primer-szakaszok	Bázissorrend (5' → 3')	Fafaj
HK	<i>trn H</i>	ACG.GGA.ATT.GAA.CCC.GCG.CA	BABE ⁶ FOBE
	<i>trn K1</i>	CCG.ACT.AGT.TCC.GGG.TTC.GA	
KQ	<i>trn K1</i>	CCG.ACT.AGT.TCC.GGG.TTC.GA	BABE
	<i>trn K2</i>	CCG.ACT.AGT.TCC.GGG.TTC.GA	
DT	<i>trn K2</i>	TAA.AAG.CCG.AGT.ACT.CTA.CCG.TTG	FOBE
	<i>trn Qr</i>	CTA.TTC.GGA.GGT.TCG.AAT.CCT.TCC	
ST	<i>trn D</i>	ACC.AAT.TGA.ACT.ACA.ATC.CC.	FOBE
	<i>trn T1</i>	CTA.CCA.CTG.AGT.TAA.AAG.GG.	
VL	<i>trn S</i>	CGA.GGG.TTC.GAA.TCC.CTC.TC	FOBE
	<i>trn T2</i>	AGA.GCA.TCG.CAT.TTG.TAA.TG	
CS	<i>trn V</i>	CGA.ACC.GTA.GAC.CTT.CTC.GG	FOBE
	<i>rbc Lr</i>	GCT.TTA.GTC.TCT.GTT.TGT.GG.	
SFM	<i>psb C</i>	GGT.CGT.GAC.CAA.GAA.ACC.AC	FOBE
	<i>trn S</i>	GGT.TCG.AAT.CCC.TCT.CTC.TC	
SFM	<i>trn Sa</i>	GAG.AGA.GAG.GGA.TTC.GAA.CC	BABE FOBE
	<i>trn fM</i>	CAT.AAC.CTT.GAG.GTC.ACG.GG	

8. **táblázat.** PCR programok a cpDNS vizsgálatokhoz. (Forrás: DEMESURE, 1999.)

Primerpár és szakaszai	Megfigyelt hossz	Kapcsolódás hőmérséklete (°C)	Kapcsolódás időtartama	Szintézis hőmérséklete (°C)	Szintézis időtartama	Ciklusok száma
HK <i>trn H</i> <i>trn K1</i>	1690	63	45s	70	2min	30
<i>trn K1</i> <i>trn K2</i>		50-68 (64)	1min	70	3min30s	45
KQ <i>trn D</i> <i>trn T1</i>	1200	58	1 min	70	3min30s	45
DT <i>trn S</i> <i>trn T2</i>	1600	55,5	45 s	70	2min	30
ST <i>trn V</i> <i>rbc Lr</i>	3500	57	1 min	70	2min	38
VL C2 <i>trn D</i>	300	57	45 s	72	4min	30

⁶ BABE = barkócaberkény, FOBE = házi berkenye.

CS	<i>psb C</i> <i>trn S</i>	1600	57,5	45s	72	3min30s	30
SFM	<i>trn SA</i> <i>trn Fm</i>	2700	67	45 s	70	2min	35

A kloroplaszt-DNS vizsgálatokhoz a barkócaberkenyénél volt ismert nemzetközi szakirodalom (ODDOU-MURATORIO et al, 2001/ a, b, és DEMESURE et al, 1995).

Az elektroforetikus elválasztást megelőzően minden egyes PCR-reakció során keletkezett (cp)DNS terméket restriktációs enzimmel vittünk reakcióba. Az emésztéshez használt mixtúra összetétele: 5,0 µl amlifikációs termék, 2,0 µl enzimpuffer (10x), 0,5 µl restriktációs enzim (10U/ µl), 12,5 µl desztillált H₂O. A restriktációs mixet az enzim aktivitásától függő hőmérsékleten (pl. a későbbi futtatásokban eredményt (polimorfizmus) mutató Hinf I; Mse I. és Hae III. restriktációs enzimek esetén egyaránt 37 °C, és 5 óra, vagy egész éjszakai időtartamon keresztül) történt a reagáltatás.

Barkócaberkenye (*S. torminalis*) esetében ODDOU-MURATORIO et al (2001/b) adatai alapján a HK primert Hae III restriktációs enzimmel emésztettem, de a Hinf I-es emésztés is adott polimorfizmust (ld. 9. táblázat, 34. ábra). Mindegyik enzim 2-2 helyen mutatott polimorfizmust, így 4 haplotípus elkülönítése vált lehetővé. Az irodalmi adatok alapján polimorfizmust mutató trn K1 –trn K2 primer párosítás semmilyen kapcsolódási hőmérsékleten (beleértve a gradient annealing technika felhasználását) sem adott PCR terméket. A szakirodalomban ismertetett SFM primerpár működését szintén nem lehetett a hazai barkócaberkenye mintákon optimalizálni.

9. táblázat. Felhasznált restriktációs enzimek és vágási helyük.

Enzim	<i>Alu I</i>	<i>Dde I</i>	<i>EcoR I</i>	<i>Hae III</i>	<i>Hinf I</i>	<i>Mse I</i>	<i>ScrF I</i>
Vágási hely	A [▼] GCT	C [▼] TNAG	G [▼] AATTC	G [▼] GCC	G [▼] ANTC	T [▼] TAA	C [▼] CNGG

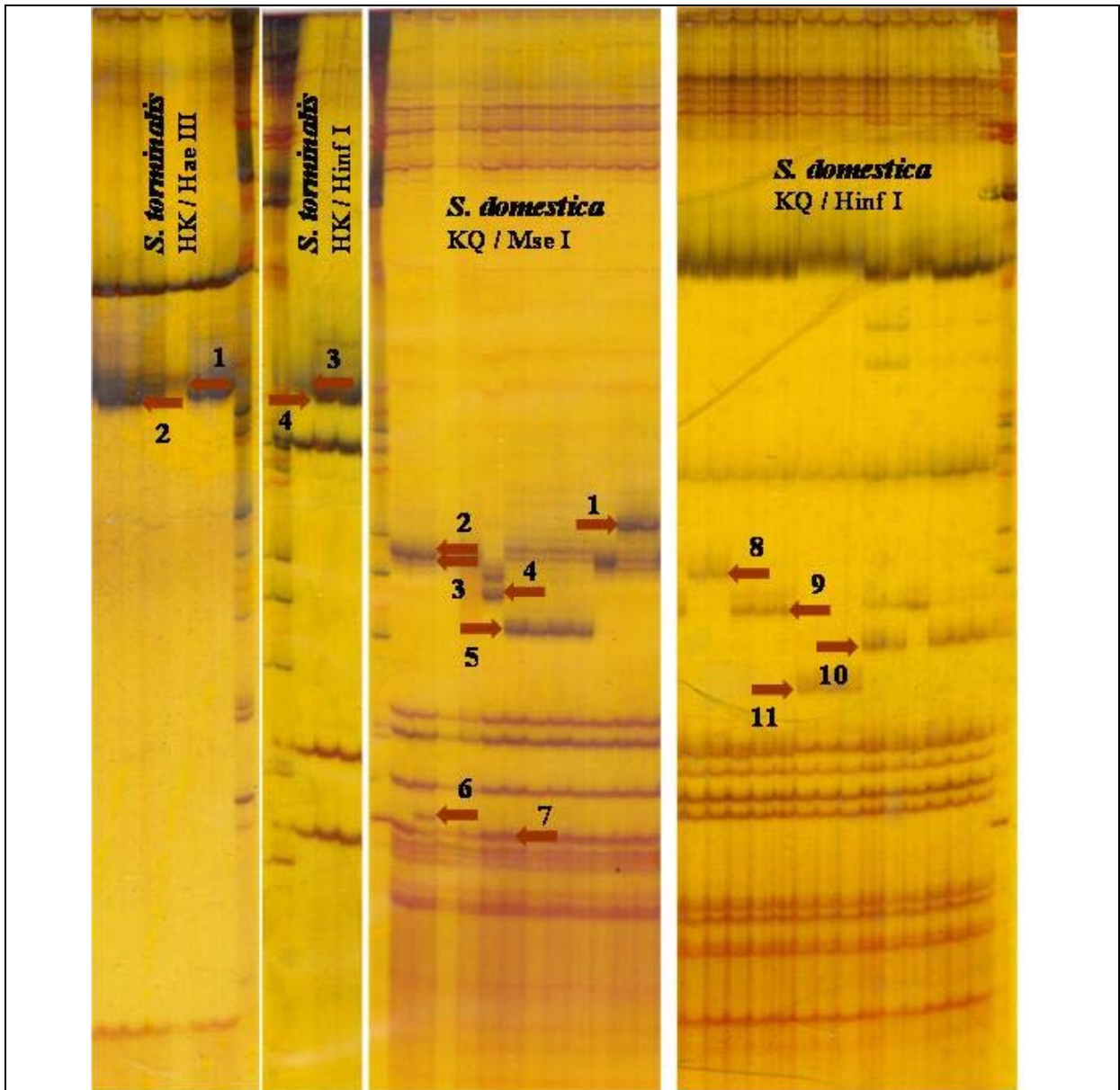
Az elektroforetikus elválasztás során a vertikális irányban elhelyezett, 35 cm hosszúságú, 8%-os poliakril-amid gélen mintáinkat 30 perces előfuttatási idővel, 3,5 h időtartamig, 500 V-on, 15 °C-os hőmérsékleten, (vagyis amíg a kék markercsík kilépett a gélből). Ezen idő alatt a töltések különbözőségéből adódó vándorlás során (- → +) a makromolekulák méretbeli különbözőségeik alapján elkülönültek. A futtatás után a géleken az „ezüst színezés” eljárással jelenítettük meg, hívtuk elő a futtatott, elkülönített fragmentumokat DUMOLIN-LAPEGUE et al (1995) közölt eljárás szerint.

Fojtós berkenye (*S. domestica*) esetében nem állt rendelkezésre szakirodalom. A kiindulásként válaszott primerpárok a Sorbus-félék vizsgálatokor már felhasználásra kerültek. Ezért a CS DT, HK, KQ, SFM, ST, VL primerpárokkal néhány azonos mintából kiindulva PCR terméket állítottunk elő (ld. 8. táblázat).

A *S. domestica* esetében ezen PCR termékeket mindegyikét összesen hét féle restriktációs enzimmel emésztettük (9. táblázat), melyek vágási helyei csak kevés (3-6) nukleotid által determináltak; ez összesen 49 féle variációt adott meg futtatás után.

Ezen 49 variáció közül a Dunazug-hegység keleti részének, valamint a Zempléni-hegység házi berkenye (*S. domestica*) egyedei esetében a KQ – Mse I. primer – enzim párosítás esetében 7; illetőleg a KQ – Hinf I. primer – enzim párosítás esetében 4 futási helyen lehetett polimorfizmusokat megfigyelni, és ezáltal elkülönülő haplotípusokat leírni.

Az így keletkező DNS szakasz méretét a primer valamint az enzimre jellemző hasítási hely együttesen határozza meg. Az emésztés (*digestion*) jelentőségét a PCR termékeknel a restrikciós fragmentumok hosszúságában kimutatható különbségek, illetőleg ezek futtatás után megfigyelhető megléte avagy hiánya (polimorfizmusok) magyarázzák.



34. ábra. Polimorfizmust mutató band-ek elhelyezkedése az emésztés és poliakril-amid gélen történt futtatás után.

Bal oldalon a barkócaberkénye (*S. torminalis*) HK - Hae III, valamint HK – Hinf I. primerpár-enzim, jobb oldalon a házi berkenye (*S. domestica*) KQ –Mse I. és KQ Hinf I. primerpár-enzim cpDNS PCR RFLP termékek futási képei. A polimorfizmus helyeket nyilak és számok jelölik.

Mellettük a széleken a viszonyítási skála az un. „hosszmarker” futási képe, mely a fragmentumok méretének meghatározására nem alkalmas, viszont azok elhelyezkedését illetően nyújt referenciát a későbbi összehasonlítás, azonosítás érdekében. A hosszmarker

összetétele: 5 μ l 1kb-ladder (Gibco Brl) és 30 μ l brómfenolkék puffer. A géltre felvitt mennyiség 2 μ l amíg az egyes minták esetében ez 3 μ l-t jelent.

9. Vizsgálati eredmények

9.1 A barkócaberkenye (*S. torminalis*) izoenzimátikus vizsgálatának eredményei

Az elmúlt néhány esztendőben főként az EUFORGEN nemes lombos elegyfajokkal foglalkozó munkacsoportja vizsgálta a kis elterjedési területtel, csekély élőhelyspecifikussággal, és kis helyi populációnagysággal bíró barkócaberkenye genetikai diverzitásának megoszlását (DEMESURE et al, 2000). A barkóca növényanyagra vonatkozó vizsgálatommal az volt a célom, hogy a szelektált kollektívum illetőleg a kontrollnak tekintett bakonyszücsi populáció közötti –a populációgenetika szintjén kimutatható- minőségi differenciálódást kimutassam.

A mesterséges szubpopulációkra történő elkülönítés révén vizsgáltuk, hogy az egyes középtájakra (erdőgazdasági táj) tartozó egyedek csoportjai mennyiben különböznek el más tájegységek 'szubpopulációitól', illetőleg milyen a populációk belső genetikai szerkezete, mely különösen az összefüggőnek tekinthető bakonyi szubpopulációk esetében bírt jelentőséggel. A kiértékeléseket a „Genepop 3.2” (RAYMOND és ROUSSET) valamint statisztikai próbákat „Byosis-1” (UNIVERSITY OF ILLINOIS, 2000) az „Fstat” (GOUDET, 2002) programcsomagokkal végeztük.

DEMESURE et al (2000) vizsgálati eredményei szerint – mely a barkócaberkenye esetében szintén 9 enzimrendszerre vonatkozik – a faji szinten meghatározott polimorf lókuszek aránya 66%, az átlagos allélszám 2,2, és az elvárt heterozigócia = 0,185. Ezek az adatok hasonlóságot mutatnak HAMRICK et al (1992) által a hosszú élettartamú erdei évelőkre közölt adataival, ahol a polimorf lókuszek aránya 65%, az átlagos allélszám 2,22; és az elvárt heterozigócia = 0,177. A populáció genetikai heterogenitásának legismertebb kifejezője a polimorf lókuszek %-os aránya, polimorfoknak tekinthető azon lókuszek, amelyben a leggyakoribb allél gyakorisága kisebbnek tekinthető mint 0,99 illetőleg 0,95 (HAJÓSNÉ NOVÁK, 1999).

A francia adatok a populációk közötti differenciálódást tekintve a polimorf lókuszek aránya (P) 57 %, az átlagos allélszám (n)1,62; és az elvárt heterozigócia = 0,156 (He). MENN (1998, Svájc) adatai szerint n = 1,97; He = 0,225; ugyanezek szelektált törzsfák esetében n = 2,22; He = 0,269. A hazai vizsgálati eredmények alapján ezek a mérőszámok P = 65 %, n = 2,1 (ld. 10. táblázat); az elvárt heterozigócia (He) értékei 0,211-0,237 között változnak (Fstat adatok). A genetikai diverzitás ezen mérőszámai jócskán alatta maradnak a RASPÉ és JACQUEMART (1998) által a madárberkenyére (*Sorbus aucuparia*) közölt adatokkal. E helyütt a faji szintű elkülönülésben a madárberkenyénél a P = 90%, n = 3,70; He = 0,229; míg ugyanezen értékek a vizsgált 'szubpopulációk' között P = 63%, n = 2,25; He = 0,177.

A két rovarmegporzó elegyfaj genetikai variabilitásában megmutatkozó különbségeket elsősorban azok eltérő termőhelyi igényei, valamint jégkorszak utáni posztglaciális populációdinamikája magyarázhatja. A madárberkenye a magasabb térszintek humidabb társulásaiban jelenik meg; így elképzelhetőek olyan refugiális területek, ahol a faj izolált populációi a glaciálisokban túl tudtak élni, ami a genetikai diverzitás faji szintű megnövekedéséhez vezetett. A barkócaberkenye ezzel szemben az alacsonyabb fekvésű elő- és középhegységi, dombvidéki területeken honos, szárazságtűrő: így a glaciálisok sokkalta inkább hatást gyakoroltak elterjedésére, populáció-dinamikájára (DEMESURE et al, 2000).

A hazai vizsgálati eredményeim kiértékelésében a genetikai variancia százalékos megoszlása a hierarchia különböző szintjein (AMOVA) az alábbi: a régiók (Bakony ill. az összes többi

„szubpopuláció”) között 1,2 %, a populációk között a régiókon belül 0 %, a populációkon belül 98,8 %.

10. táblázat. A genetikai variabilitás paramétereit a 7 vizsgált szubpopulációban, valamint a plantázspan. N: átlagos mintaszám; n: lókuszonkénti átlagos allélszám; P: polimorf lókuszek aránya; H: a heterozigóták átlagos gyakorisága; F_{IS} : A heterozigóta hiány mértéke; N/G: az egyes többlókuszos genotípusokra jutó átlagos egyedszám (N: mintaszám; G: a többlókuszos genotípus kombinációk száma).

Populációk	N	n	P	H	F_{IS}	N/G
B.-felvidék	8,6	2,1	77,8	0,282	-0,104	1,43
D-Bakony	9,0	2,0	66,7	0,259	-0,217	1,0
Bakonyszücs	26,2	2,1	55,6	0,256	-0,121	1,46
É-Bakony	9,8	1,8	44,4	0,253	-0,215	1,23
Vértes	7,3	2,1	77,8	0,298	-0,291	1,46
Gerecse	15,0	2,1	66,7	0,213	0,093	1,50
D-zug (K)	20,0	2,6	66,7	0,207	0,058	1,33
Átlag	13,7	2,1	65,1	0,251	-0,075	1,344
Plantázs	77,9	2,8	66,7	0.246	-0.072	1,34

11. táblázat. A Wright-féle F -statisztika és a Fisher-féle egzakt teszt eredményei a 7 vizsgált szubpopulációra. F_{IT} : teljes genetikai variancia; F_{IS} : populáción belüli variancia; F_{ST} : populációk közötti variancia. *: 0,05 szinten szignifikáns. A zárójelben a szignifikáns differenciálódást mutató lókuszek száma szerepel.

Lókuszek	F_{IT}	F_{ST}	F_{IS}	Egzakt teszt
Acon	-0,360	-0,003	-0,355	Ns
Adh-1	0,268*	0,035	0,242	*
Adh-2	-0,006	-0,003	-0,003	Ns
Got	0,273	0,019	0,260	Ns
Idh	0,237*	0,007	0,232	Ns
Lap	-0,001	0,028	-0,029	*
6Pgdh	0,041	-0,009	0,050	Ns
Pgi	0,040	0,022*	0,018	*
Pgm	-0,102	-0,004	-0,098	Ns
Total	-0,069	0,006 (1)	-0,075	* (3)

12. táblázat. A Wright-féle F -statisztika és a Fisher-féle egzakt teszt eredményei a plantázusra és a bakonyszücsi populációra. F_{IT} : teljes genetikai variancia; F_{IS} : populáción belüli variancia; F_{ST} : populációk közötti variancia. *: 0,05 szinten szignifikáns. A zárójelben a szignifikáns differenciálódást mutató lókuszek száma szerepel.

Lókuszek	F_{IT}	F_{ST}	F_{IS}	Egzakt teszt
Acon	-0,375	0,001	-0,377	Ns
Adh-1	0,273*	0,011	0,264*	Ns
Adh-2	-0,007	-0,003	-0,004	Ns
Got	0,275*	0,007	0,270	Ns
Idh	0,213*	-0,006	0,218	Ns
Lap	-0,007	-0,003	-0,004	Ns
6Pgdh	0,034	-0,010	0,044	Ns
Pgi	0,085	0,036*	0,051	Ns
Pgm	-0,118	0,014	-0,134	Ns
Total	-0,071	0,012	-0,084	Ns

	(1)	(0)
--	-----	-----

Az F_{ST} hányadost széles körben alkalmazzák a fajon belüli genetikai strukturáltság jellemzésére. Ha értéke 0,05-nél kevesebb, a differenciáltságot csekély mértékűnek ítéltjük. 0,25 feletti F_{ST} értékek igen nagymértékű izolációra, fajon belüli fragmentálódásra utalnak. Nagy gyakorlati jelentősége miatt a differenciáltságot genetikai markerekkel és kvantitatív bélyegekkkel is jellemzik (MÁTYÁS, 2002).

$$F_{ST} = \frac{\sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^m (p_i(j) - p_i)^2 \times c_j}{1 - \sum_{i=1}^n p_i^2}$$

Ahol $p_i(j)$: az i -ik típus gyakoriságát jelenti a j -ik szubpopulációban, c_j : a j -ik szubpopuláció relatív nagysága, és p_i : az i -ik típus relatív gyakoriságát jelenti a vizsgált összpulációban (GILLET és ZIEHE, 2002).

Az populációk közötti variancia (F_{ST}) vizsgálati eredmények igazodtak azon adatokhoz, amelyeket a legtöbb európai fafaj izoenzimes vizsgálata során tapasztaltak: azaz csekély populációk közötti differenciálódás, viszont jelentős a mérhető genetikai diverzitás. Izoenzimatikus vizsgálatok több esetben igazolták, hogy a szétszórt habitattal (elegyes, tagolt előfordulással bíró) fafajok esetében a populációk közötti differenciálódás értéke magasabb. A kapott F_{ST} érték a vizsgált „szubpopulációk” között 0,006; a szintetikus populáció (plantázs), valamint a kontroll populáció (Bakonyszücs 18 A) közötti differenciálódás értéke 0,012; ami jelen eredményeket tekintve csekély mértékű differenciáltságra utal (ld. 11. és 12. táblázat).

A korábban hivatkozott francia vizsgálatokban az $F_{ST} = 0,15$, ami magasabb, mint az egyéb erdei fafajoknál leírt. Pl. $F_{ST} = 0,06$ (*S. aucuparia* - RASPÉ és JACQUEMART, 1998); $F_{ST} = 0,03$ (*Q. petraea* – ZANETTO és KREMER 1995); $F_{ST} = 0,05$ (*P. avium* – FRASCARIA et al, 1995). HAMRICK et al (1992) az állatok által terjesztett (*endozoochor*) magvú fák esetében $F_{ST} = 0,05$ értéket közöl. A kis populáció nagysággal jellemezhető elegyfajok esetében a szakirodalom szintén közöl F_{ST} értékeket. Így az *Ulmus laevis* esetében $F_{ST} = 0,33$ (MATTILA et al, 1997); az *U. minor*-nál a talált $F_{ST} = 0,13$ (MACHON et al, 1997); az *Acer platanoides*-nél mért és számolt F_{ST} érték 0,20 (RUSANEN, 1996).

Az egyes szubpopulációk egymás közötti differenciálódásának másik mérőszáma a D_j érték (GREGORIUS és ROBERDS 1986). A j -ik szubpopulációban a D_j érték megfelel a szubpopuláció és komplementere között meghatározható genetikai távolságnak, amíg a δ -érték azon genetikai elemek, értékek középértékét jelenti, amelyek az egyes szubpopulációkban különböző értékeket mutatnak.

$$D_j = d_0(p(j), \bar{p}(j)) \frac{1}{2} \sum_{i=1}^n |p_i(j) - \bar{p}_i(j)| \qquad \delta = \sum_{j=1}^n c_j \cdot D_j$$

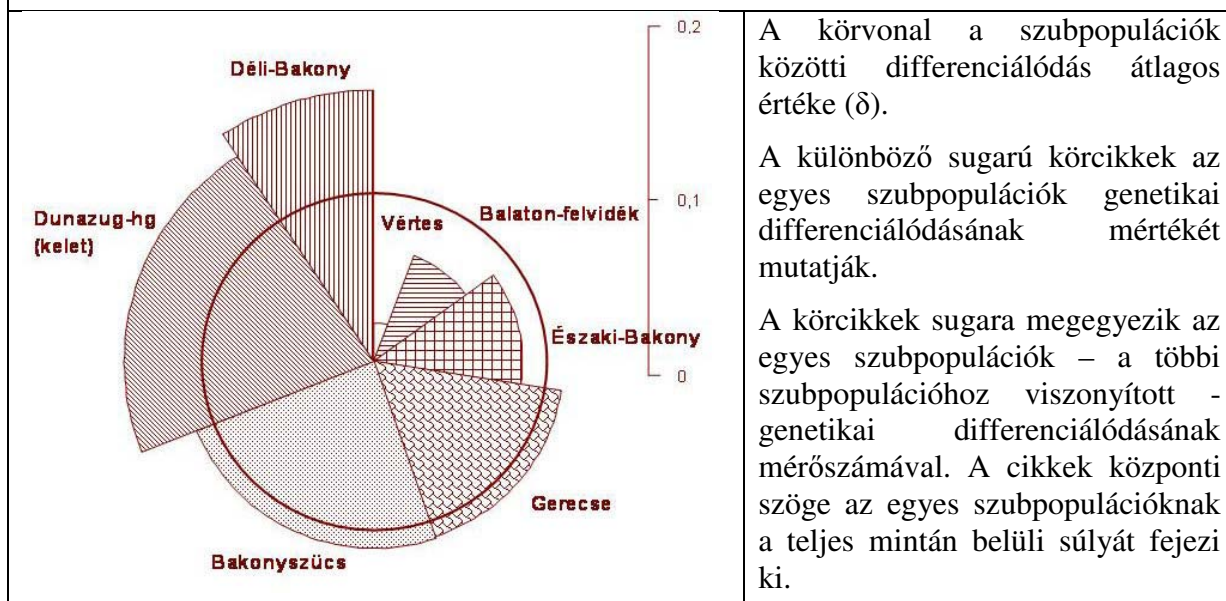
Genetikai differenciálódás – D_j Szubpopulációk közötti differenciálódás – δ
 Forrás: GREGORIUS és ROBERDS (1986) C_j – arányos a minta nagyságával.

13. táblázat. Genetikai differenciálódás a barkócaberkenye (*S. torminalis*) szubpopulációk között az izoenzimatikusan meghatározott genotípusok szintjén, (GILLET, 1998 programja alapján).

	1	2	3	4	5	6	7
C_j	0,092	0,092	0,241	0,126	0,057	0,172	0,218
D_j	0,064	0,155	0,107	0,083	0,022	0,106	0,140

(Átlagos differenciálódás) $\delta = 0,106$, azonos súlyúnak véve a populációkat $\delta = 0,094$

35. ábra. Barkócaberkenye szubpopulációk közötti izoenzimikus alapú differenciálódás.



Ennek alapján a vértessi szubpopuláció a leginkább reprezentatív – legkisebb a szubpopuláció genetikai differenciálódásának mérőszáma, míg a legkevésbé reprezentatív a Déli-Bakony vizsgálati anyaga, mely genetikai összetételében leginkább eltér a többi vizsgálati kollektívumtól.

MENN (1998) vizsgálati eredményei alapján a barkócaberkenye szubpopulációk közötti differenciálódás (δ) értéke 0,082; a magyarországi minták esetén ez 0,094 - mely egyik esetben sem tekinthető túlságosan erőteljesnek. A szélbeporzó bükkre MÜLLER-STARCK és ZIEHE (1991) $\delta = 0,045$; míg TUROK (1996) $\delta = 0,055$ értékeket közöl. A talált értékek több analógiát mutatnak a kocsánytalan tölgy (*Q. petraea*) $\delta = 0,085$; valamint a kocsányos tölgy (*Q. robur*) $\delta = 0,091$ differenciálódási értékeivel (MÜLLER-STARCK és ZIEHE, 1991).

A természet, társadalom jelenségei általában bonyolult, nagyszámú egymással összefüggő tényezők rendszere segítségével jellemezhetők. A sokféle jellemző, tényező nagyszámú kombinációja között általában nehéz eligazodni, a jellemzők közötti kölcsönös és lényeges összefüggések feltárására alkalmas eszközök egyike a többváltozós elemzési módszer. (SZELÉNYI, 1993) A genetikai információ megoszlását illetően a főkomponens analízis (PCA - Principal Component Analysis) módszerét használtam fel, amely olyan elemzési módszer, melynek célja, a megfigyelési egységek csoportjainak elemzése, háttérváltozók felderítése és így az eredeti megfigyelési változók közötti lényeges kölcsönhatások megállapítása.

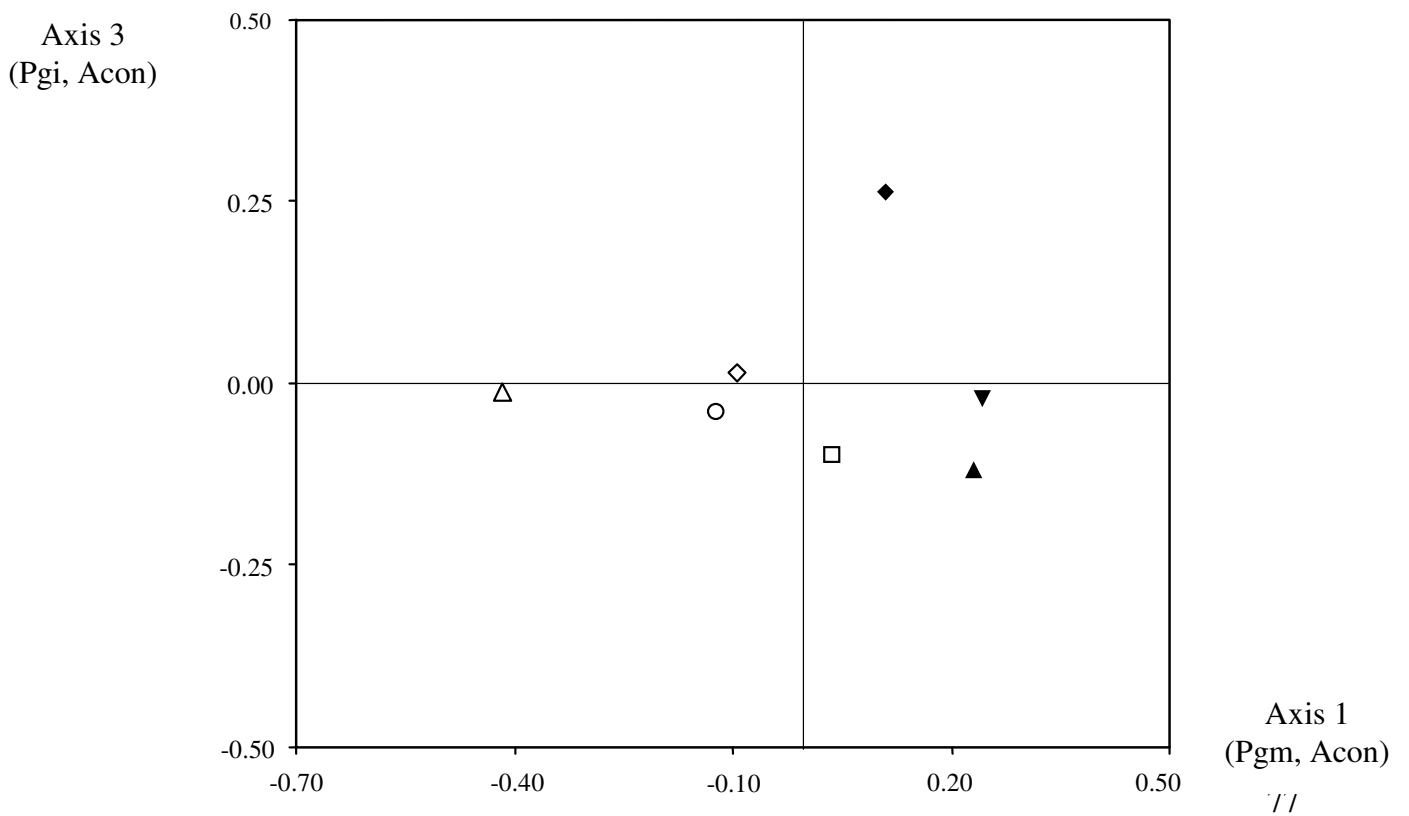
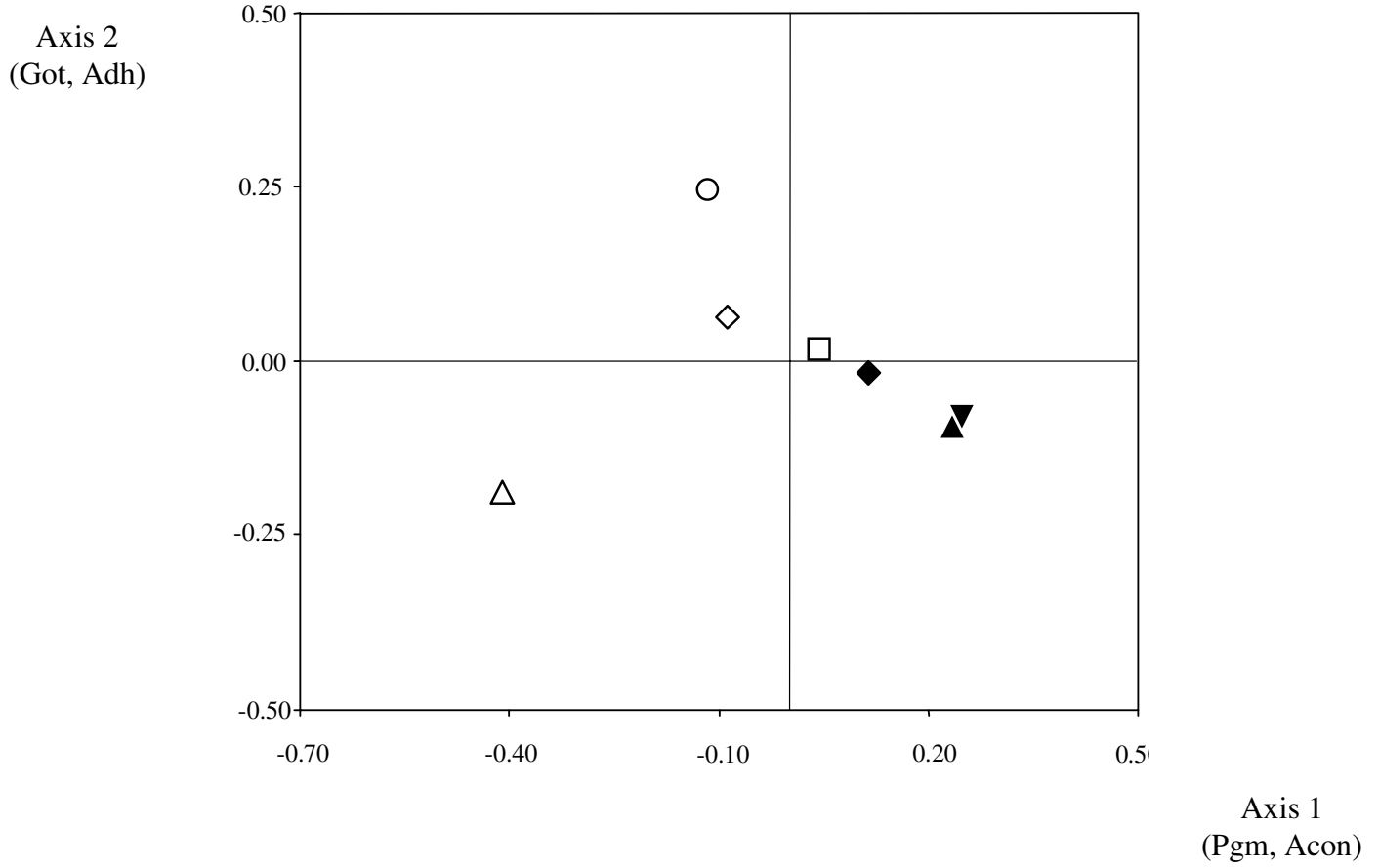
Szignifikáns főkomponensek számának meghatározásában akkor tekinthető jelentősnek egy főkomponens,

1) ha a sajátértéke (főkomponensek változók varianciája; Eigenvalue) $\lambda > 1$, ezen érték azt magyarázza, hogy egy tengely meghatározásában az egyes alléloknak mekkora szerepe van. Az egyes tengelyek oszlopaiban szereplő számok tulajdonképpen súlyfaktorok. Minél nagyobb ez a szám, az illető allél annál nagyobb szerepet játszik az adott tengely kialakításában. Így lehet azt meghatározni, hogy mely lókusok (allélok) járulnak elsődlegesen hozzá az egyes tengelyekhez. Ilyen módon tehát a változók számát lehet redukálni, a mesterséges tengelyek kialakításával

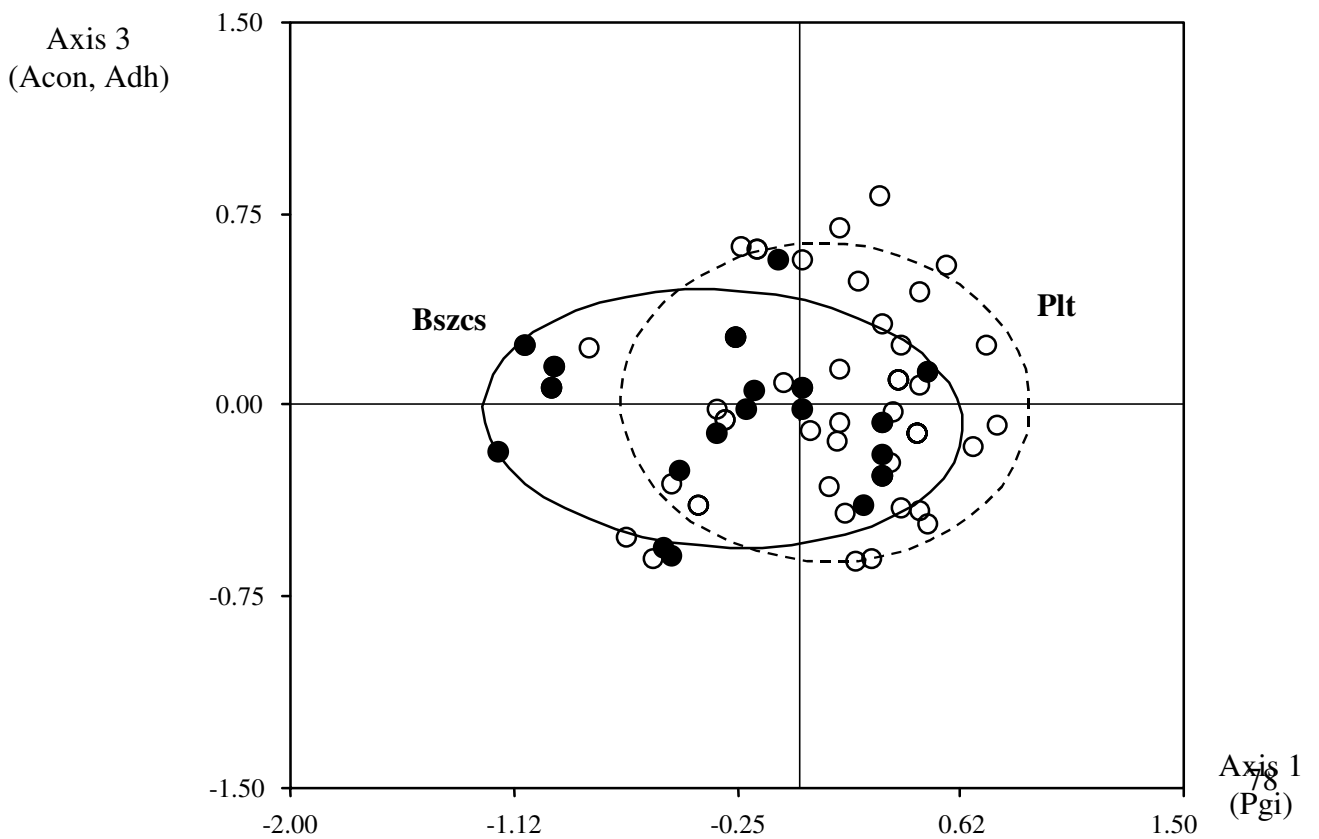
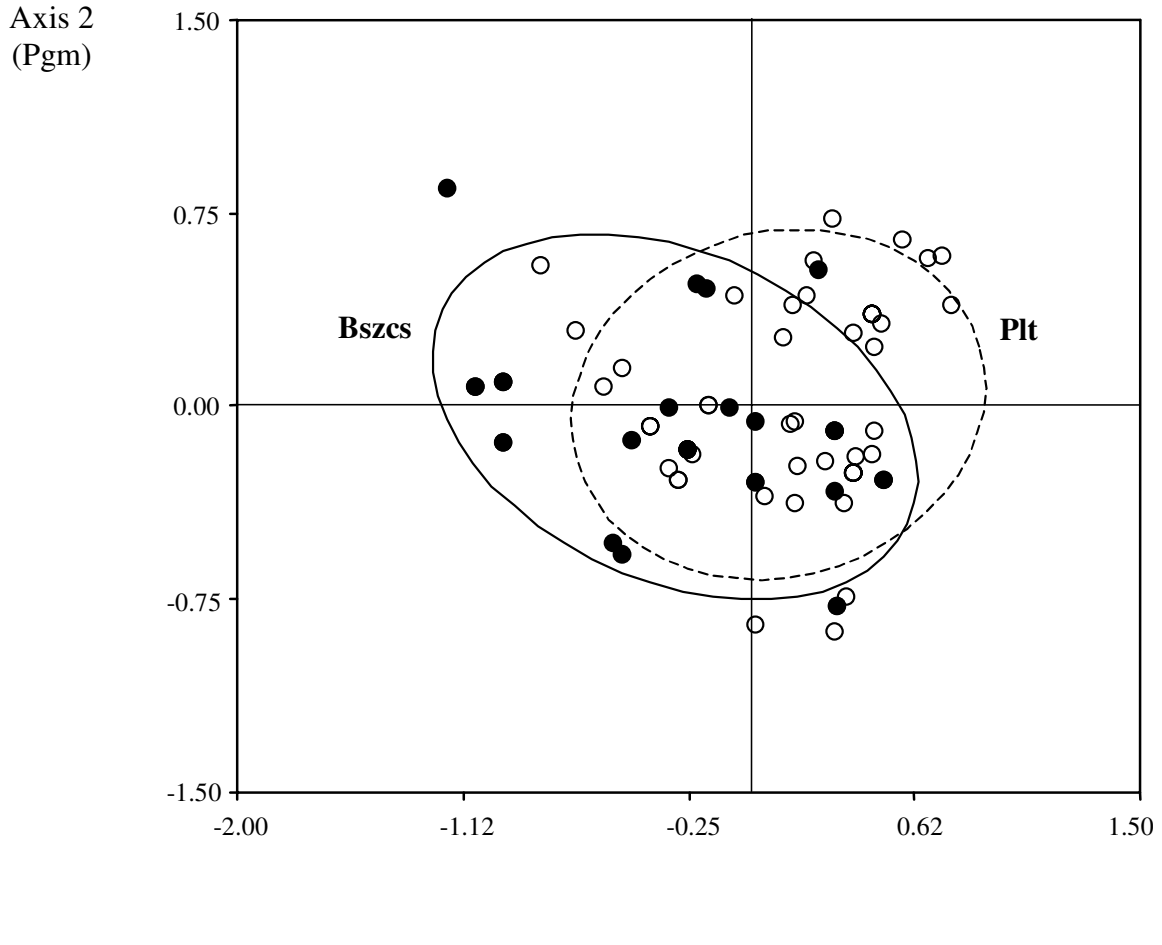
2) az összes variancia legalább 80% - t magyarázza; A változókból mesterséges tengelyeket állít fel a program úgy, hogy azok a varianciáinak a lehető legnagyobb hányadát magyarázzák.

36. és 37.. ábra

A PCA analízis eredményei. Kumulatív variancia – Axis 1: 52,7%; Axis 2: 71,7%; Axis 3: 87,2%. Populációk – ◆ : Dél Bakony; ▲ : Bakonyszűcs; ▼ : Öreg-Bakony; □ : Vértes; ◇ : Dunazug; ○ : Balatonfelvidék; △ : Gerecse.



38. és 39. ábra. Az egyedek genotípusos összetétele alapján végzett PCA analízis eredményei. Kumulatív variancia – Axis 1: 24,9 %; Axis 2: 39,7 %; Axis 3: 50,8%. Bszc: Bakonyszücs (fekete pont); Plt: plantázs (kör).



Ebben a redukált térben a pontok a populációk lesznek (*ld. 36 és 37. ábra*). A többitől távoli pont azt jelzi, hogy az adott populáció genetikai összetétele eltér a többitől egy vagy több tengely mentén.

A 36. és 37. ábra modelltereiben tehát a egyrészt a Gerecse hegység területén lehatárolt szubpopuláció mutat az egyes változók elemzése során elkülönülést. A súlyfaktorok megváltoztatásával (37. ábra) a Déli-Bakony szubpopulációja is differenciálódik a csoportba rendeződött 5 elméleti szubpopulációtól. E helyütt szükséges megvizsgálni az összes vizsgált allél alapján számított genetikai távolságok értékeit (*ld. 14. táblázat*), valamint a különböző klaszterképzési elvek alapján kialakított dendrogramok csoportosítási leágazódásait, valamint az egyes szubpopulációk, csoportok közötti genetikai távolságok értékeit egyaránt.

A 38. és 39. ábrát tekintve a kiindulásunk az egyedek genotípusos összetétele, maj ebből következik a plantázs és a bakonyszücsi kontroll vizsgált allélokra vonatkozó átfedése. Itt is az allélok a változók, de a táblázatban szereplő adatok speciálisak. Egy homozigóta egyed az adott allélra 1-es értéket kap, míg az összes többi allélnál 0 értéket vesz fel. A heterozigóta egyednél mindkét allélnál 0,5 lesz a táblázatban szereplő érték. Az analízis lényege ugyanaz mint a szubpopulációk elkülönítésénél, viszont ez utóbbi esetben minden egyed egy pont lesz a redukált térben. Az egy populációhoz tartozó egyedek köré lehet rajzolni a 95%-os ellipsziseket, ami a pontok (egyedek) 95%-t magába foglalja. Ettől a különbségtől eltekintve az eredmények értékelése (változók varianciája –Eigenvalue, összes variancia) azonos.

NEI (1972) a genetikai azonosságot felhasználva a két populáció genetikai távolságát az allélgyakoriságban mutatkozó eltéréssel jellemzi. Ha $D = 0$, akkor az allélgyakoriságok azonosak, amennyiben D értéke megközelíti a felvehető maximális értéket az 1-et, úgy az allélgyakoriságok egyre inkább eltérnek a két vizsgált populációban. GREGORIUS (1974) után a genetikai távolság a két populációban mért allélgyakoriságok különbségéből is számítható. A genetikai távolság értéke ez esetben is 0 és 1 között változhat

$$D_N(i, j) = -\ln \left(\frac{\sum_{k=1}^n (p_{ik} \times p_{jk})}{\sqrt{\sum_{k=1}^n p_{ik}^2 \times \sum_{k=1}^n p_{jk}^2}} \right)$$

Genetikai távolság D_N ; Forrás: NEI (1972).

$$D_G(i, j) = \frac{1}{2} \sum_{i=1}^n |p_{ik} - p_{jk}|$$

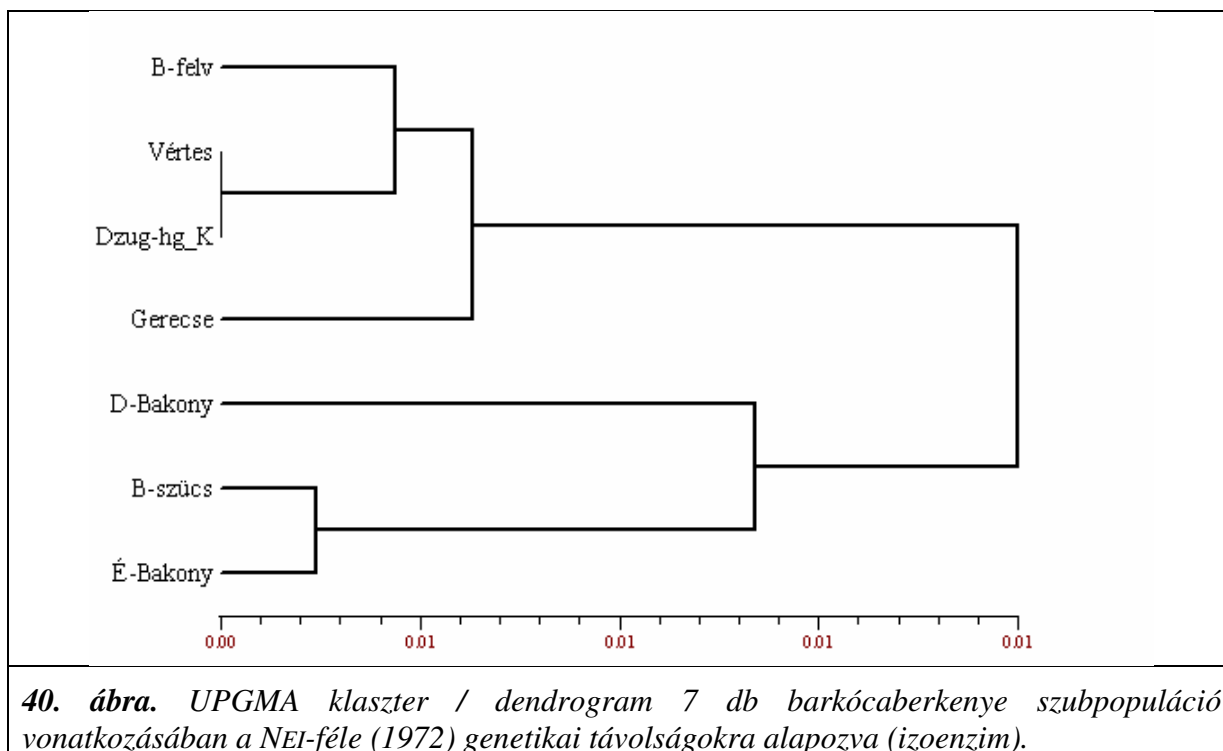
Genetikai távolság – D_G ; Forrás: GREGORIUS (1974).

14. táblázat. Az izoenzimatis eredmények alapján számított Nei-féle (1972) genetikai távolságok a 7 mesterségesen elkülönített barkócaberkenye szubpopuláció között.

Szubpopulációk	1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.
1. Balaton-felvidék	****						
2. Déli-Bakony	0.0156	****					
3. Bakonyszücs	0.0191	0.0125	****				
4. Északi Bakony	0.0189	0.0097	0.0056	****			
5. Vértes	0.0083	0.0108	0.0072	0.0068	****		
6. Gerecse	0.0089	0.0160	0.0218	0.0220	0.0086	****	
7. Dunazug-hg (kelet)	0.0049	0.0094	0.0137	0.0115	0.0044	0.0052	****

A SAHN (Sequential, Agglomerative, Hierarchical, Non-overlapping) típusú klaszteres

eljárások jól ismertek a genetikai eredmények kiértékelésének gyakorlatában. Ilyen jól ismert módszer az UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean), WPGMA (Weighted Pair Group Method with arithmetic Mean), Single Linkage, és Complete linkage módszer. Ezen négy módszer a klaszterek, populációk közötti különbségek számításának módjában különbözik egymástól. A mértani közép alapján súlyozás nélkül számító módszerrel (UPGMA) az egyes kollektívumok közötti különbözőségek a leginkább kimutathatóak.



Az izoenzimatiszus Nei-féle genetikai távolság eredményeiből szerkesztett dendrogram részben visszaigazolja a populációk közötti főkomponens analízis eredményeit. A Gerecse szubpopuláció a bakonyi tömbtől elkülönülő vonulat szegélyén található, de még mindig annak perifériájához sorol.

A szintetikus populáció (plantázs) genetikai diverzitásának mérőszámaiban a polimorf lókuszok 66,7 %-ban jelentkezők, a heterozigóták átlagos gyakorisága 0,246, míg a heterozigóta hiány mértéke -0,072, (a szubpopulációk átlaga -0,075) lesz. A bakonyi szücsi kontrolpopulációban ezen mérőszámok $P = 55,6 \%$, $H = 0,256$; $F_{is} = -0,121$, tehát végeredményként a szintetikus populáció heterogenitása a vizsgált lókuszok vonatkozásában megnövekszik (ld. 10. táblázat).

Említést érdemel a szubpopulációk többségében (5db) megfigyelt heterozigóta többlet (10. táblázat). A heterozigóta többlet az egyes lókuszokra vonatkoztatva pl. az Acon esetében mind a hét populációnál megfigyelhető a heterozigóta többlet, amelyből 4 esetben a heterozigóta többlet 5 %-os szinten szignifikáns. A 6 Pgdh estében 4 populáció bír heterozigóta többlettel, melyeknek P értéke – figyelembe véve a az 5 %-os konfidenciát – 1. A Pgi lókuszánál ezen arányok 4; melyeknek P értéke szintén 1. A Pgm enzimrendszerénél ezen arányok 5 populáció mutat heterozigóta többletet, mely heterozigóta többlet 3 esetben elégti ki a szignifikancia kívánalmait (*Fstat eredmények*).

A barkócaberkenye vizsgálati anyag meghatározóan egyedszelekción átesett törzsfákból áll, melyek adott környezeti feltételek között bizonyultak a legsikeresebb, legjobb minőségi, mennyiségi és vitalitásbeli tulajdonságokat felmutató túlélőknek, ezen háttérinformáció

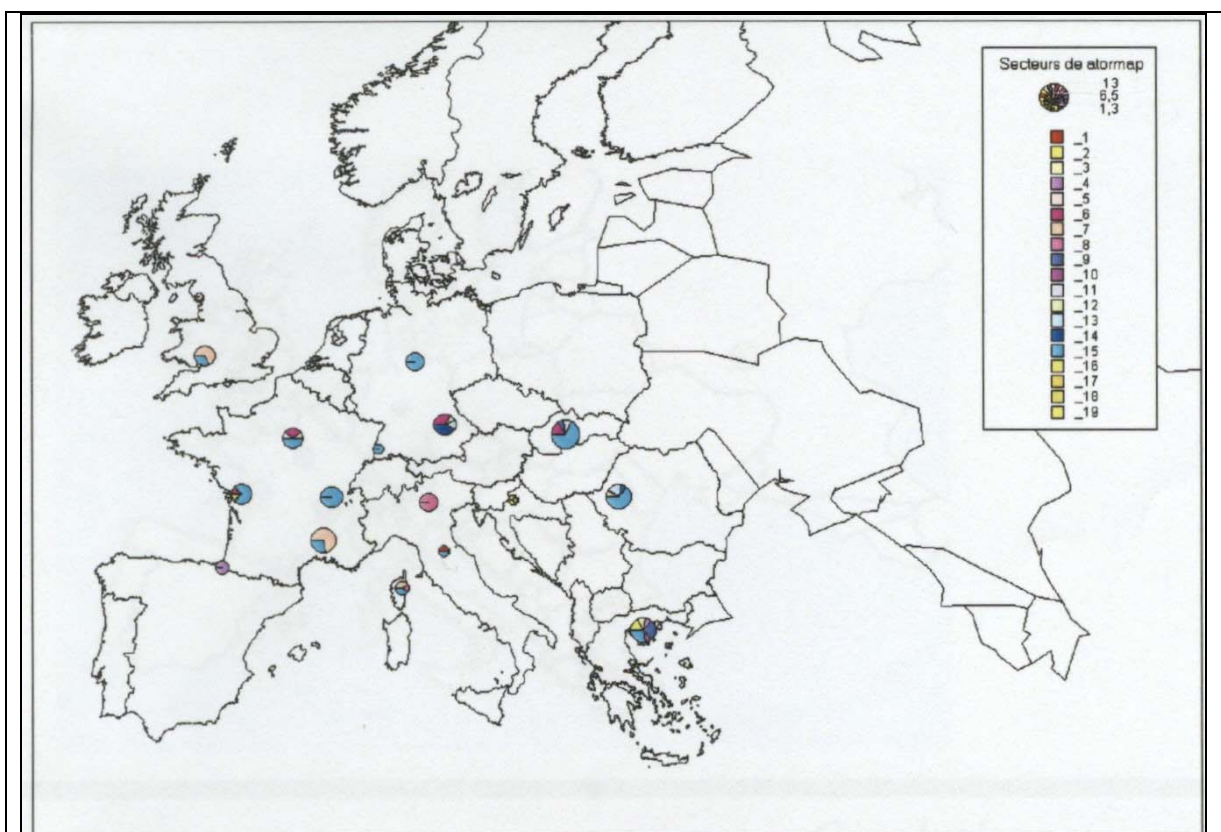
magyarázatot szolgáltat az egyes génhelyeken, valamint a szubpopulációk szintjén szignifikánsan jelentkező heterozigóta többletre egyaránt.

9.2 A barkócaberkénye (*S. torminalis*) kloroplaszt-DNS és a sejtmagi genetikai diverzitás (RAPD) vizsgálati eredményei

9.2.1 A barkócaberkénye kloroplaszt-DNS vizsgálati eredményei

A zárwatermőknél maternális öröklődést mutató organelum, kloroplasztisz DNS mintázatát illetően lehetőség nyílik a refugiális területek irányából történő visszavándorlás nyomon követésére, a helyi mintázatok identifikálása révén az egyes származások megkülönböztetésére egyaránt.

A rovarmegporzó elegendőfajok cpDNS alapú vizsgálata az ivaros szaporítóképlet terjedésére alapozott génáramlás vizsgálatára alkalmas. A termésnek számos fogyasztója van (főként rigók) amelyek bélcsatornájukban nagyobb távolságú magtranszportokat tesznek lehetővé, illetve az emésztési folyamatban a terméshúsban levő csírázásgátló anyagok hatását is semlegesítik (ld. 3.3 alfejezet).



41. ábra. A barkócaberkénye 55-féle PCR termék - enzim párosításával meghatározott cpDNS haplotípus térképe (Forrás: ODDOU-MURATORIO et al, 2001/c).

A 41. ábrán bemutatott 19 haplotípus 7 cpDNS primerpár és 3 cpSSR-pár vizsgálata révén került elkülönítésre. A haplotípusok közül a 14. és 15. számúak mutattak egyfajta uralkodó, általánosnak mondható elterjedést. A vizsgált populációkban az uralkodó / domináns haplotípusok mellett képviseltetik magukat a populációk összetett származási struktúráját igazoló minor haplotípusok egyaránt, amelyek a rovarmegporzással, illetőleg a cpDNS mintázat esetében az endozoochor magterjesztéssel jellemezhető génáramlási viszonyok összetettségét igazolják vissza (ODDOU-MURATORIO et al, 2001/c).

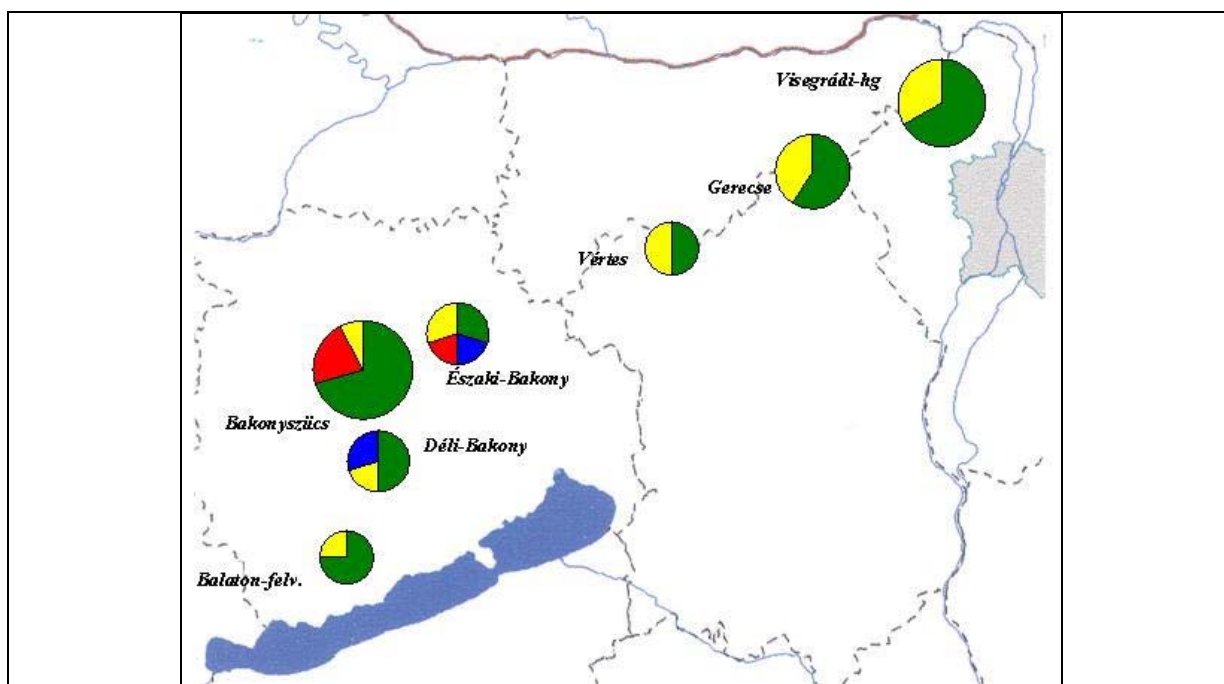
A hazai minták esetében a HK - HaeIII, illetőleg a HK - HinfI PCR alapú primerpár - enzim termékek futási képe alapján tudtunk 4 polimorf band-et (*ld. 34. ábra*) megkülönböztetni. A band-ek, sávok megléte (1), illetőleg hiánya (0) alapján végzett bináris kódolással írtuk le az egyes cpDNA haplotípusokat (*ld. 15. táblázat*). A térképi ábrázolás esetében a körök területnagysága minta nagyságát reprezentálja (*ld.42. ábra és az I. melléklet*).

15. táblázat. A megkülönböztetett barkócaberkenye cpDNS haplotípusok.

Típus (színkóddal)	HK – HaeIII		HK - HinfI	
	1	2	3	4
Zöld	1	0	1	0
Sárga	0	1	0	1
Piros	1	0	0	1
Kék	0	1	1	0

Az elvileg lehetséges 16 cpDNS haplotípus variációból 4 db-ot lehetett megfigyelni (*ld 15. táblázat*). A primerpár-enzim párosítások során keletkezett emésztett PCR termék poliakrilamid gélen mutatózó futtatási képén az elkülöníthető polimorf helyeket a *34. ábra* mutatja.

Megfigyelhető, hogy egy primerpár-enzim futási képén mindig csak egy fragment jelenik meg a két polimorf hely közül, a másik mindig üresen marad. A polimorf helyek mindig közvetlenül egymás alatti-fölötti elrendezésben található.



42. ábra. Barkócaberkenye cpDNS haplotípusok és megoszlásuk a Dunántúl–középhegységből származó mintákban (NYÁRI, 2002/b).

A *42. ábrából* kitűnik, hogy a Bakony tömbjében lelhető fel a mind a négy megtalált cpDNS alapú haplotípus, míg a Balaton-felvidék, Vértes, Gerecse, Dunazug-hegység keleti részén két cpDNS haplotípus képviselteti magát, arányukat tekintve a két domináns haplotípus.

A Bakony-vidéken belüli változatosság érdekes esete a bakonyszücsi populáció, amelyben három haplotípus volt kimutatható, mindhárom haplotípus a Bakony más részein is fellelhető volt. Így megállapítható: összetett, regionális, feltehetően kultivált előfordulásról van szó, amelynek egyedei a RAPD eredmények alapján genotípusosan különböznek. Ezen vizsgálati eredmény azért érdemel említést, mivel a kontrollpopuláció mintegy 0,4 ha-os területen (*8.1.1*

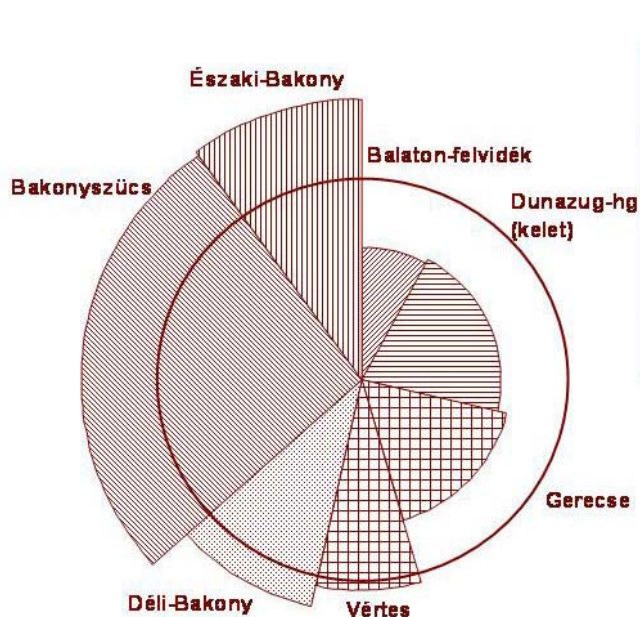
alfejezet) található, amely esetben – a fafaj gyökérsarj képzési hajlandóságának ismeretében – azonos genotípusok, gyökérsarjak megjelenésére, illetőleg kimutatására számítottam.

13. táblázat. Genetikai differenciálódás a barkócaberkenye (*S. torminalis*) szubpopulációk között a cpDNS RFLP módszerek alapján meghatározott haplotípusok alapján számítva*.

	1	2	3	4	5	6	7
Cj	0.079	0.099	0.267	0.099	0.079	0.168	0.208
Dj	0.159	0.278	0.331	0.337	0.253	0.174	0.163

(Átlagos differenciálódás) $\delta = 0,245$

*A számításhoz GILLET (1998) „GSED” programját használtam, csakúgy, mint a D_G értékek (14. táblázat) meghatározásához egyaránt.



43. ábra. A barkócaberkenye szubpopulációk közötti cpDNS haplotípus alapú differenciálódás.

A δ értéke (átlagos differenciálódás) a maternális öröklődésű organelum populációk közötti differenciálódását tekintve több mint kétszerese az izoenzimatikusan meghatározott eredményekének.

A bakonyi szubpopulációk magasabb D_j – genetikai differenciálódás értéke egyrészt összetettebb voltukkal, másrészt az átlagtól mutatott eltérésükkel magyarázható.

A populációk közötti differenciálódás esetében a szubpopulációkat tekintve legjellemzőbb minta a Balaton-felvidék, majd a Dunazug-hegység keleti része, a Gerecse, és a Vértés. A Bakonyi populációk nem tekinthetők a vizsgálati átlagérték szempontjából reprezentatívnak.

14. táblázat. A cpDNS alapú barkócaberkenye haplotípusok alapján számított genetikai távolságok az egyes populációk között D_G (GREGORIUS, 1974 alapján).

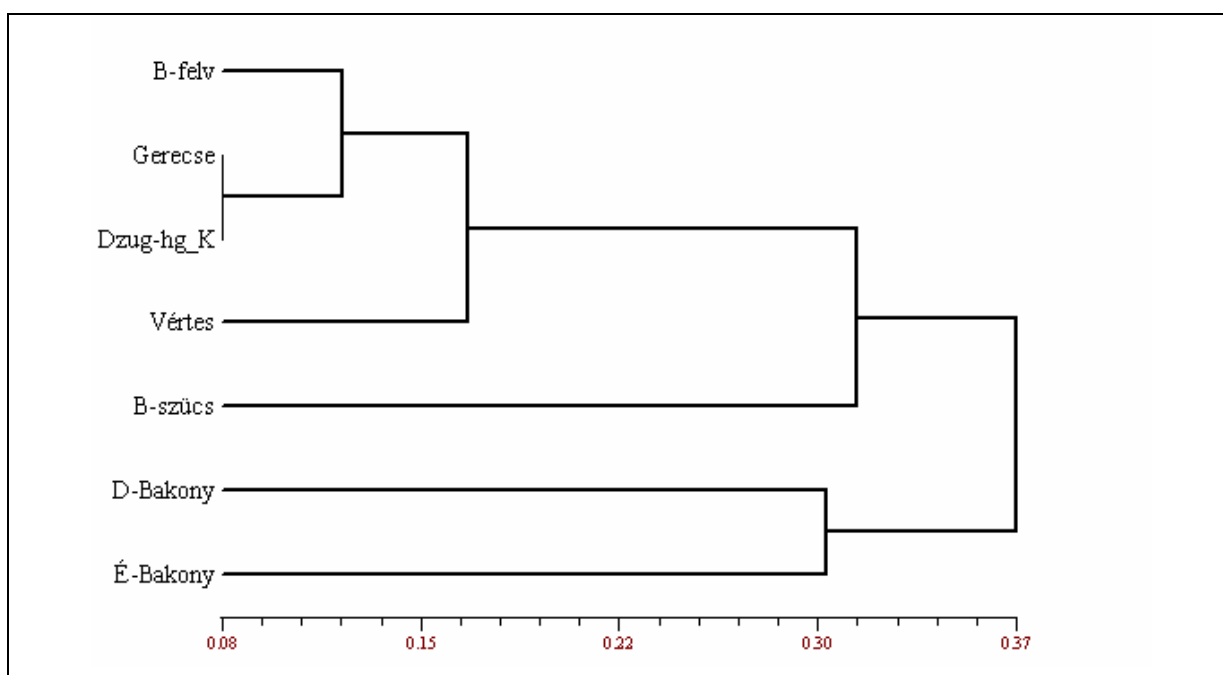
Szubpopulációk	1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.
1. Balaton-felvidék	****						
2. Déli-Bakony	0.300	****					
3. Bakonyszücs	0.222	0.426	****				
4. Északi Bakony	0.450	0.300	0.426	****			
5. Vértés	0.250	0.300	0.426	0.400	****		
6. Gerecse	0.162	0.300	0.338	0.400	0.088	****	
7. Dunazug-hg (kelet)	0.083	0.300	0.259	0.400	0.167	0.078	****

A kiszámított távolsági mátrixok alapján jelen esetben az UPGMA, azaz az optimalizáló csoportátlag alapján készült dendrogram esetében egyezési problémák ('tie') is jelentkeztek. Ez abból adódik, hogy egy távolságmátrixban több helyen előfordul ugyanaz a távolságérték. Ilyenkor az egyezések feloldásával kreálható dendrogramok vizsgálata is szükséges (HAJÓSNÉ

NOVÁK, 1999). Ez a dendrogram-szerkesztés megismétlését, a kapott klaszter azonosságának ellenőrzését jelenti (*ld. 44. ábra*).

A 'tie' átfedések keletkezésének oka a kevés, mindössze négy kvázi „alléból” (1 vagy 0) számított értékek, mely a variációk csekély számára visszavezethetően eredményeznek azonos értékeket. (Általában 2, ritkán 3, legfeljebb 4 cpDNS haplotípus megléte jellemző egy-egy szubpopuláción belül.)

A barkócaberkenyénél jelen esetben rendelkezésre álló mintaszám (101) a maternális cpDNS tekintetében reprezentatívnak tekinthető, mivel a kloroplasztisz genom vizsgálatával elsősorban a regionális elkülönülést, ivaros szaporítószervekkel (mag) történő génáramlás mértékét van lehetőségem e régió, erdőgazdasági tájcsoport szintjén áttekinteni. Sajnos a közölt szakirodalmi adatok alapján elvégzett laboratóriumi vizsgálatok nem adták meg a kívánatos számú és eredményesebben kiértékelhető polimorfizmus helyeket adott primerpár-enzim vonatkozásában.



44. ábra. UPGMA klaszter / dendrogram 7 db barkócaberkenye szubpopuláció cpDNS haplotípusai vonatkozásában a GREGORIUS-féle (1974) genetikai távolságokra alapozva.

Az ábrán a Déli- és Északi-Bakony szubpopulációja (3 illetve 4 cpDNS haplotípust tartalmaznak) alkot egységet, míg a bakonyszücsi populáció (a benne található három cpDNS haplotípus ellenére) közbülső populációként jelenik meg. Az ún. „kéthaplotípusos” szubpopulációk (B-felv; Gerecse; Dzug-hg_K; Vértes) kisebb belső genetikai távolságokkal leírható csoportot képeznek.

E helyütt kívánom megjegyezni, hogy vizsgálataim során elvégeztem Németország Baden-Württemberg szövetségi tartományában, a Baden-Württembergi Erdészeti Kutatóintézet Liliental (Ihringen am Kaiserstuhl) kísérleti területén található 1979-ben létesített nemzetközi barkócaberkenye (*S. torminalis*) származásvizsgálat komponenseinek vonatkozó RAPD és PCR RFLP vizsgálatait.

Az egyes származásokból 16-16 minta került begyűjtésre és a barkócaberkenye vizsgálati sorokban analízisra egyaránt. A vizsgált származások: Bar-le-Duc (Franciaország), Diekirch (Luxemburg), Lutter, Würzburg, Göttingen, Sailershausen, Schweinfurt (Németország) és Zbraslav (Csehország) voltak (KAUSCH-BLECKEN v. SCMELING, 1994).

Bár a RAPD mintázat elemzése során a populációk között kiszámításra került genetikai távolságok (NEI, 1972) értéke alapján a SAHN (Sequential, Agglomerative, Hierarchical, Non-overlapping) módszerekkel szerkesztett dendrogrammok (UPGMA, Single linkage) visszaigazolták a földrajzi differenciálódást.

A maternálisan öröklődő cpDNA mintázatban viszont semmiféle változatosság / polimorfizmus nem jelentkezett, míg a magyarországi minták – ha csekély mértékben is – a kisebb mintaterület vonatkozásában rendelkeztek a cpDNS állomány változatosságát igazoló mintázattal. A nemzetközi minták cpDNS PCR RFLP vizsgálatát háromszor ismételtük meg, és mivel mindegyik esetben egyöntetű és analóg eredményeket kaptunk, vizsgálatainkból és elemzésünkől elhagytuk azokat.

9.2.2 A barkócaberkénye sejtmagi genetikai diverzitás (RAPD) vizsgálati eredményei

A RAPD adatok kapcsán (PCR termék / band megléte avagy hiánya) diploid domináns markerekről beszélhetünk, amelyek esetében a termék (band) hiánya utal egyértelműen homozigóta recesszív allélra. A RAPD adatok kiértékeléséhez a „Popgen1.31” (YEH YANG és BOYLE, 1999) programcsomagot használtam fel. A RAPD kiértékelésekhez is használtam teszt a homogenitásvizsgálat, amelyben a χ^2 , valamint a G^2 tesztek alkalmazták a „génfrekvenciák” populációk közötti megoszlásának vonatkozásában.

A P (probability) valószínűség értéke, melynek értéke a band feltüntetéshez meg kellett haladja a 0,95 értékét. A polimorfizmus nélküli band-ek kimaradtak a táblázatból. A szintetikus populáció, valamint a kontrollpopuláció összevetésekor a bandek/sávok megoszlásának vizsgálatok a homogenitásvizsgálat nem talált 0,95 értéket meghaladó valószínűségű eloszlást.

15. táblázat. Homogenitásvizsgálat eredményei a barkócaberkénye RAPD band-ek eloszlás szignifikanciájára.

Fragmentum	χ^2	P	G^2	P
BOR2-1	1,095	0,982	1,010	0,985
BOR4-1	1,419	0,965	1,495	0,960

A Wright-féle F hányados számításához az allélgyakorisági adatok mellett szükség van az egyes genotípusok megoszlási arányaira is. NEI (1975) alternatív számítási módot dolgozott ki a differenciáltság jellemzésére azon esetre, ha a genotípusok arányai nem ismertek. A számítás alapja a géngyakorisági adatok alapján becsült egyensúlyi heterozigózis-paraméterek. A NEI-féle populációk közötti differenciáltság:

$$G_{ST} = \frac{H_{ET} - H_{EP}}{H_{ET}} = \frac{D_{ST}}{H_{ET}}$$

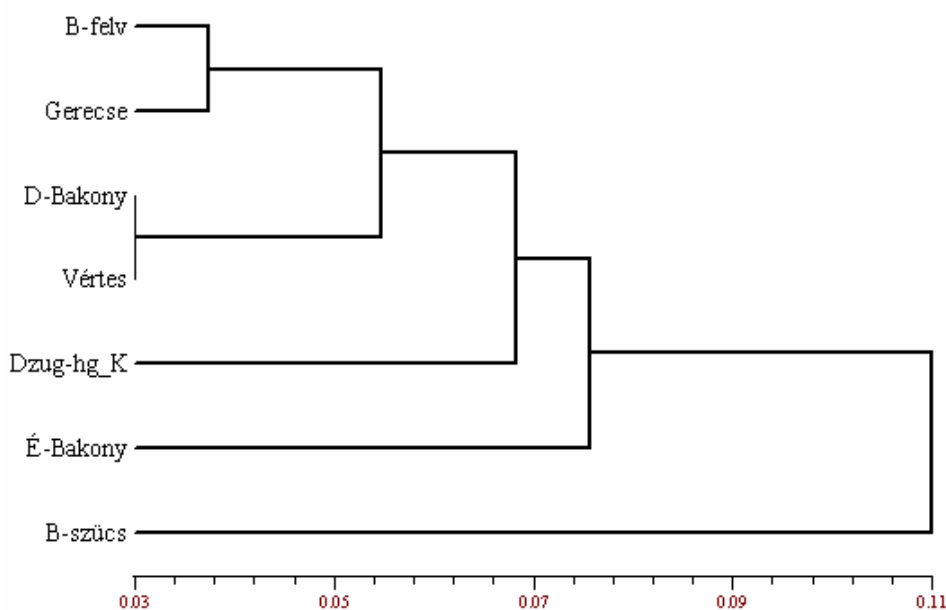
A G_{ST} érték az F_{ST} -vel azonos, ha a lókuszon csak két allél van. A G_{ST} érték a leggyakrabban használt differenciáltsági jellemző, mert a fajok közötti összehasonlításra a legjobban alkalmas (nem függ az allélek számától). Hasonlóan az F_{ST} -hez, a G_{ST} 0,05 alatti értéke csekély differenciáltságot jelez (MÁTYÁS, 2002). A Wright-féle F-hányadossal analóg módon számítható a populáción belüli átlagos differenciáltság is: $G_P = H_{EP} / H_{ET}$ (Program: PopGene1.31; szerzők: YEH, YANG és BOYLE, 1999.)

(PopGene 1.31)	H_T	H_S	G_{ST}
Átlag	0.2817 (0.0227)	0.2344 (0.0156)	0.1680

A RAPD alapú csoportosítás (ld. 14. táblázat, 45. ábra) nem igazodik a korábbi izoenzimikus és cpDNS alapú elkülönítéshez, és nem illeszhető térbeli rendbe sem.

14. táblázat. Az RAPD alapú genotípusok alapján számított genetikai távolságok az egyes barkócaberkenye populációk között D_N (NEI, 1972 alapján).

Szubpopuláció	1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.
1. Balaton-felvidék	****						
2. Déli-Bakony	0.0755	****					
3. Bakonyszücs	0.1334	0.1023	****				
4. Északi Bakony	0.0790	0.0683	0.1467	****			
5. Vértes	0.0531	0.0285	0.1047	0.0511	****		
6. Gerecse	0.0359	0.0465	0.0806	0.0772	0.0381	****	
7. Dunazug-hg (kelet)	0.0902	0.0565	0.0834	0.0953	0.0667	0.0541	****



45. ábra. UPGMA klaszter / dendrogram 7 db barkócaberkenye szubpopuláció vonatkozásában a NEI-féle (1972) genetikai távolságokra alapozva (RAPD).

Kiszámításra kerültek az egyes egyedek közötti Nei-Li féle genetikai távolságok mind cpDNA haplotípusok adataira, mind az egyedek RAPD mintázottságát tekintve egyaránt (program: PAUP 4.0 beta, SINAUER ASS; 1998), és a két mátrix Mantel-teszt (program: PopTools2.6.6; HOOD, 2005) révén történő összehasonlítása is megtörtént. A kiindulási mátrixhoz (cpDNS) viszonyított korrelációs koefficiens értéke -0,067.

9.3 A házi berkenye (*S. domestica*) kloroplaszt-DNS és sejtmagi genetikai diverzitás (RAPD) vizsgálati eredményei

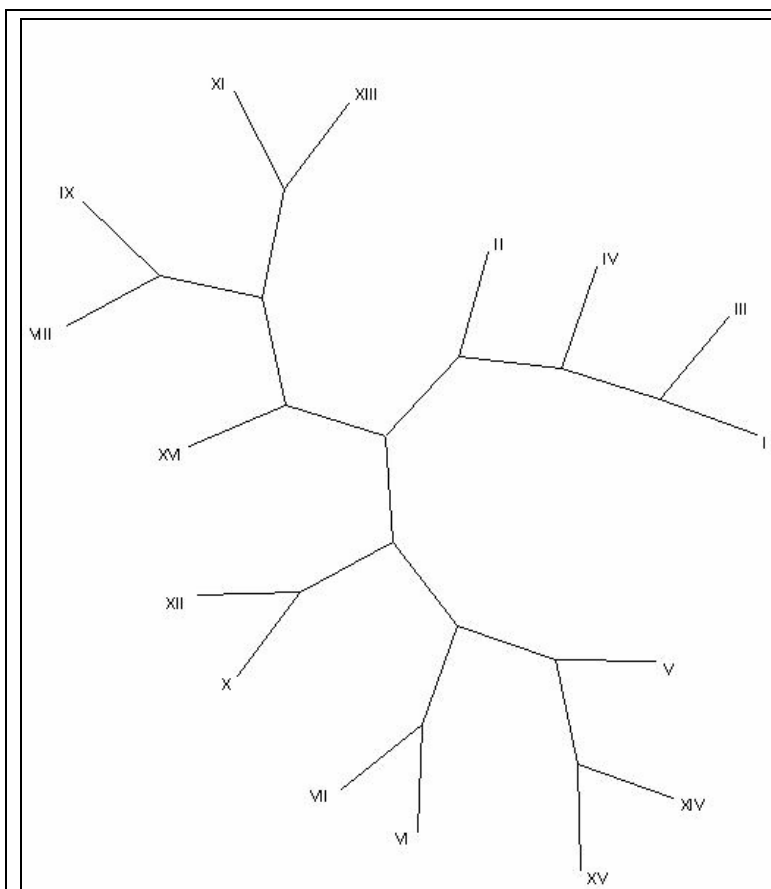
9.3.1 A házi berkenye kloroplaszt-DNS vizsgálati eredményei

A házi berkenye cpDNS alapú vizsgálatakor a KQ – Mse I. primerpár – enzim párosítás esetében 7; illetőleg a KQ – Hinf I. primerpár – enzim párosítás PCR alapú termékeinek futási képe esetében 4 futási helyen lehetett polimorfizmusokat megfigyelni, ezáltal elkülönülő haplotípusokat leírni. A 11 polimorf band (ld. 34 ábra) mindösszesen 16 cpDNS haplotípust határozott meg (ld. 15. táblázat).

15. táblázat. A polimorf fragmentumok megléte (1), avagy hiánya (0) alapján elkülönített házi berkenye haplotípusok.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
I	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0
II	0	0	1	1	0	0	1	0	0	1	0
III	0	0	1	1	0	0	1	0	1	0	0
IV	0	0	1	1	0	0	1	1	1	0	0
V	0	1	0	0	1	0	1	0	0	1	0
VI	0	1	0	0	1	0	1	0	1	0	0
VII	0	1	0	0	1	0	1	1	0	0	0
VIII	0	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0
IX	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0
X	0	1	1	0	0	0	1	0	0	1	0
XI	0	1	1	0	0	0	1	1	0	0	0
XII	0	1	1	0	0	0	1	1	0	1	0
XIII	0	1	1	0	0	1	1	1	0	0	0
XIV	0	1	1	0	1	0	1	0	0	1	0
XV	0	1	1	0	1	0	1	0	0	1	1
XVI	1	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0

Az egyes haplotípusok közötti távolságot a PAUP 4.0 beta programmal (SINAUER ASS; 1998) számoltam, majd az így kapott távolságmátrixból kaptam meg a haplotípusok gyökér nélküli fa szerkezeti csoportosítását (option unrooted). (Program: *TreeView*; szerző: PAGE, 2001.)



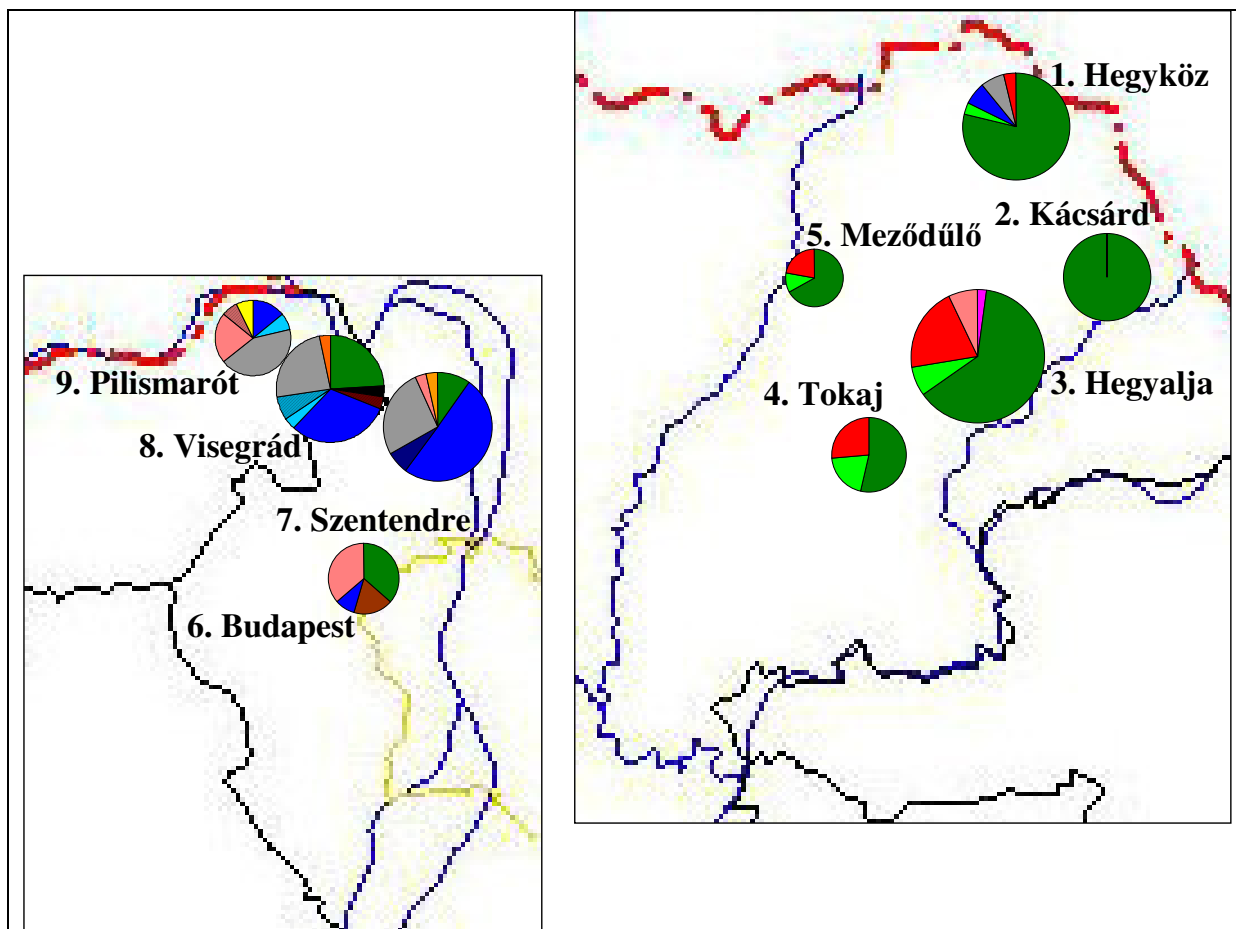
A 16. táblázat illetőleg a 46. ábra adatait tekintve megállapítható, hogy a felső ágon található „XI - zöld” haplotípus generálisan elterjedt és a Zemplénben domináns, a vizsgált minták 47%-ban volt megfigyelhető.

A „III – kék” haplotípus (a bal alsó ágon) az összes cpDNA alapú haplotípus 15 %-át jelenti.

Az „V – szürke” haplotípus a jobb alsó ágon a mintázott egyedek 12 %-ban reprezentáns.

A III; V; XI; és XIV. haplotípusok megfigyelhetőek voltak a két földrajzilag elkülönülő előfordulás mindegyikében egyaránt.

46. ábra. A házi berkenye cpDNS haplotípusok gyökér nélküli UPGMA diagramja – a haplotípusok három fő csoportba sorolhatóak.



47. ábra. *S. domestica* cpDNS haplotípusok elhelyezkedése és megoszlása a Dunazug-hg keleti részén, valamint a Zempléni hegységben (ld. a II. és III. mellékletet).

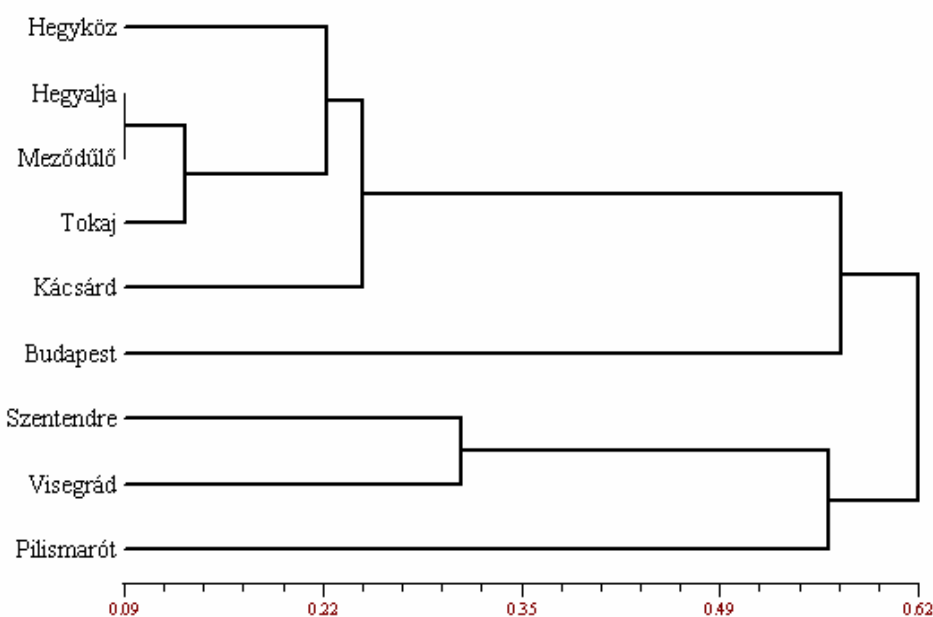
16. táblázat. *S. domestica* cpDNS haplotípusok populációnkénti megoszlása, (ld. a 47. ábra jelöléseit).

Haplotípusok		Szubpopulációnkénti megoszlás								
		1	2	3	4	5	6	7	8	9
I	Sraffozott világoskék	0	0	0	0	0	0	0	2	0
II	Világoskék	0	0	0	0	0	0	0	1	1
III	Kék	2	0	0	0	0	1	15	9	2
IV	Sötétkék	0	0	0	0	0	0	2	0	0
V	Szürke	2	0	0	0	0	0	8	7	6
VI	Sárga	0	0	0	0	0	0	0	0	1
VII	Narancs	0	0	0	0	0	0	1	1	0
VIII	Fekete	0	0	0	0	0	0	0	1	0
IX	Sraffozott barna	0	0	0	0	0	0	0	1	0
X	Sraffozott rózsaszín	0	0	0	0	0	0	0	0	1
XI	Zöld	21	17	27	8	6	4	3	7	0
XII	Bordó	0	0	1	0	0	0	0	0	0
XIII	Világoszöld	2	0	3	3	1	0	0	0	0
XIV	Rózsaszín	0	0	3	0	0	4	1	0	3
XV	Piros	1	0	9	4	2	0	0	0	0
XVI	Barna	0	0	0	0	0	2	0	0	0

A SAHN típusú osztályozáson belül a „Single linkage” módszer a minimális különbség elve alapján különíti el pl. a két (földrajzi) csoportba tartozó populációk esetében az első csoport egyik populációját a másik csoport másik populációjától egyaránt. A „single linkage” módszerét felhasználó klaszterképzés meghatározóan igazodott a mintázott földrajzi differenciálódáshoz.

17. táblázat. A cpDNS alapú házi berkenye cpDNS haplotípusok alapján számított genetikai távolságok az egyes populációk között - D_G , (GREGORIUS 1974 szerint).

Szubpopulációk	1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.
1. Hegyköz	****								
2. Kácsárd	0.250	****							
3. Hegyalja	0.267	0.372	****						
4. Tokaj	0.360	0.467	0.188	****					
5. Meződülő	0.226	0.333	0.093	0.133	****				
6. Budapest	0.565	0.636	0.567	0.636	0.636	****			
7. Szentendre	0.757	0.900	0.867	0.900	0.900	0.776	****		
8. Visegrád	0.616	0.759	0.759	0.759	0.759	0.668	0.315	****	
9. Pilismarót	0.857	1.000	0.930	1.000	1.000	0.695	0.557	0.581	****



48. ábra. Single clustering módszerével készített dendrogram 9 db házi berkenye szubpopuláció vonatkozásában a GREGORIUS-féle (1974) genetikai távolságokra alapozva.

A 48. ábra dendrogramja szerkezetében a budapesti populáció cpDNS haplotípus összetételében a zempléni szubpopulációkkal mutat több megegyezést, analógiát, semmint a Dunakanyarból leírt szubpopulációkkal. A 17. táblázatban található D_G távolságértékek a különbözőségek abszolút nagyságát jelentik, míg a minimum határértékek megkeresése révén a kiegyenlítéshez szükséges legkisebb módosítások utáni távolságértékek kaphatóak meg.

A legkisebb genetikai differencia elve azon a megfontoláson alapul, hogy a populációk közötti tulajdonságok mérésében a legkisebb értéket határozza meg, mégpedig olyan módon, hogy a kiegyenlítéshez szükséges minimális változtatást hajtsa végre (minimum differencia

$\Delta(s)$) az egyes tulajdonságok értékeinek kiegyenlítéséhez. A minimális változtatás kérdése a lineáris programozásban bír jelentőséggel, mely figyelembe veszi a tulajdonságok helyét is a kiegyenlítések optimalizálása (legkisebb differencia) elve alkalmazása révén (GILLET et al, 2004).

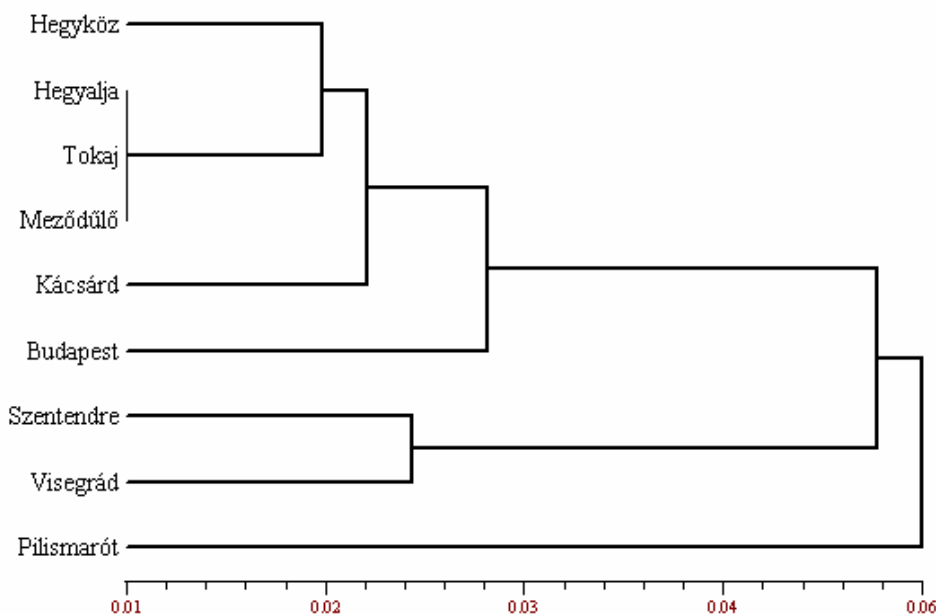
$$\Delta(s) = \sum_{a,b} s(a,b)d(a,b)$$

$$\Delta = \min_s \Delta(s)$$

A legkisebb genetikai differencia $\Delta(s)$, Forrás: GILLET et al (2004).

18. táblázat a legkisebb genetikai (cpDNS alapú) differencia Δ értékei a 9 db vizsgált *S. domestica* populáció között GILLET et al (2004) alapján.

Szubpopulációk	1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.
1. Hegyköz	****								
2. Kácsárd	0.021	****							
3. Hegyalja	0.022	0.025	****						
4. Tokaj	0.024	0.027	0.005	****					
5. Meződülő	0.018	0.021	0.005	0.006	****				
6. Budapest	0.032	0.044	0.029	0.034	0.034	****			
7. Szentendre	0.080	0.098	0.076	0.080	0.082	0.060	****		
8. Visegrád	0.071	0.089	0.069	0.073	0.073	0.055	0.024	****	
9. Pilismarót	0.083	0.101	0.080	0.084	0.086	0.062	0.066	0.058	****



49. ábra. Single clustering módszerével készített dendrogram a vizsgált 9 db házi berkenye szubpopuláció vonatkozásában a GILLET-féle (2004) legkisebb genetikai differencia összefüggésére alapozva.

A fenti megfontolás alapja azon felvetés volt, hogy a „köztes” populációnak számító Budai-hegyek beli (jelölt: Budapest) populáció differenciálódását jobban feltárja. Nem az egyes un. „allélok” (ez esetben 1-11, ld. 34. ábra) közötti különbségek összegét tekintem, hanem azt is figyelembe veszem, hogy ezek a különbségek miként oszlanak meg a különböző kvázi „allélok” között. Azaz ha a differenciálódás oka (D_G távolságértékek) egymáshoz közeli pozíciókban találhatóak. Így a lineáris programozás elve alapján történő kiegyenlítés utáni

távolsáértékek, a korábbi eredményekkel összevetésben nem pusztán abszolút értékben, hanem egymáshoz viszonyított arányaikban is kisebb távolsáértékeket eredményezhetnek (ld. 18. táblázat).

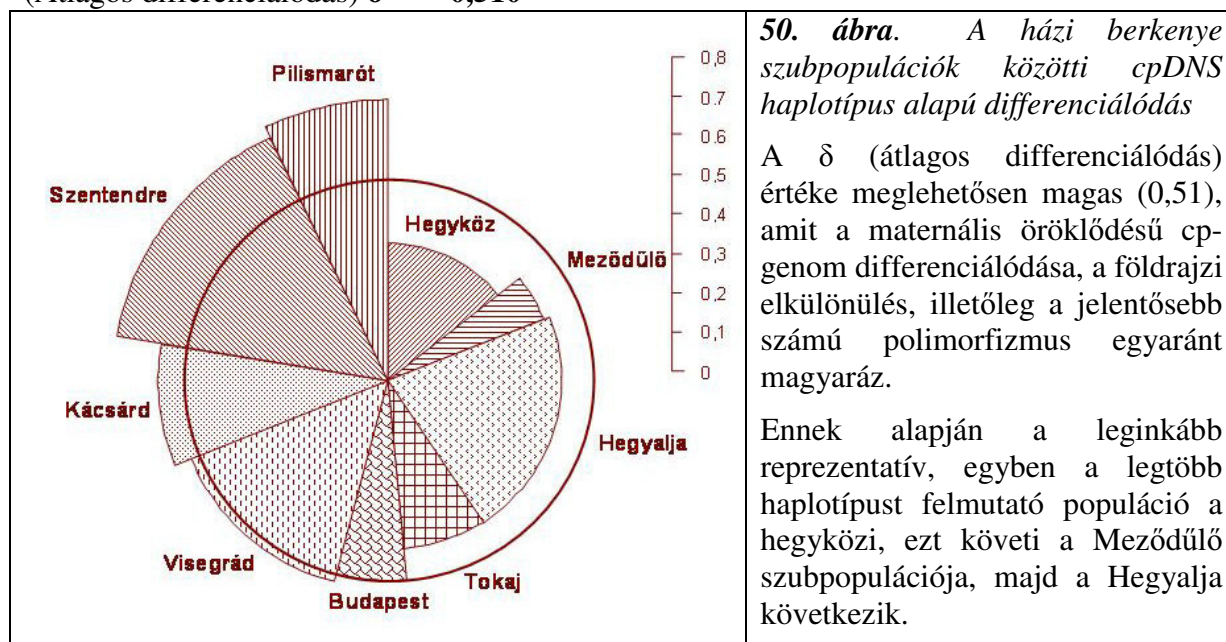
A legkisebb differencia értékek felhasználásával a szubpopulációk single clustering módszerével szerkesztett dendrogramjai szerkezetükben nem különböznek egymástól (ld. 48. és 49. ábrák): a budapesti szubpopuláció távolsáértékei arányaiban továbbra is a zempléni szubpopulációkhoz állnak közelebb, viszont az Esztergom-Pilismarót-Dömös (jelölt: Pilismarót) populációjának elkülönülése növekedett a többi szubpopulációhoz viszonyítva. Ez az a szubpopuláció, ahol az eddigi vizsgálatokban új, egyedi előfordulásokat mutató cpDNS haplotípusok is megjelentek (ld. 47. ábra).

A 19. táblázatból és az 50. ábrából is kitűnik, hogy az elemzett budapesti szubpopuláció cpDNS alapú genetikai differenciálódása azonosnak tekinthető az átlagos differenciálódással (δ); a Dunakanyar beli populációk differenciálódási értékei pedig meghaladják az átlagos differenciálódás értékeit.

19. táblázat. Genetikai differenciálódás a *S. domestica* szubpopulációk között a cpDNS RFLP módszerek alapján meghatározott haplotípusok alapján. (Program: GSED, szerző: GILLET, 1998.)

	1	2	3	4	5	6	7	8	9
Cj	0.143	0.087	0.219	0.077	0.046	0.056	0.153	0.148	0.071
Dj	0.351	0.575	0.431	0.431	0.417	0.508	0.686	0.531	0.714

(Átlagos differenciálódás) $\delta = 0,510$



A zempléni sort e helyütt a Tokaj-Mád komplexe zárja. A Hegyalja, Tokaj –Mád és a Meződülő szubpopulációi meghatározó mértékben tartalmazzák a csak a keleti térségben előforduló „XV – piros” és „XIII – halványzöld” haplotípusokat, melyek a hegyközi szubpopulációban is előfordulnak.

A budapesti szubpopuláció $D_j = 0,508$ értékével a megfelel a szubpopulációk közötti differenciálódás értékének, átlagos értéket mutat, ennek okán kerül távolságait tekintve minden esetben közelebb a zempléni szubpopulációkhoz. A Dunakanyar szubpopulációi – melyekben számtalan új, kis létszámban megjelenő haplotípus is feltűnik (I; II; IV; VI; VII; VIII; IX; X; XI) kevésbé reprezentatívak. A Zemlén keleti részén található kácsárdi

szubpopuláció (ezen egy kivételes esetben populáció) magasabb differenciálódási értéke annak is köszönhető, hogy a Sátoraljaújhely és Sárosptak közötti szőlőhegy különböző genotípusú egyedei egyazon cpDNS haplotípust képviselik, feltehetőleg az őshonos, domináns származások erőteljes antropogén kultivációjának következtében.

A vizsgált populációk cpDNS-haplotípusainak összetételét tekintve megállapítható, hogy az egyes populációk vegyes eredetet mutatnak – több cpDNS haplotípust tartalmaznak, melyekre jellemző a regionálisan jellemző domináns haplotípusok, illetőleg a kísérő haplotípusok szerinti elkülönülés (ld. 47. ábra; 16 táblázat).

Jellemzően egy adott régió belüli domináns haplotípus más régió belül a kísérő – esetleg kodomináns haplotípus szerepét foglalhatja el. Az igazán jelentős cpDNA haplotípus változatosságot mutató *S. domestica* esetében két elkülönült kistérségi részletes vizsgálatára került sor. Az uralkodó / kísérő haplotípus átmenetek néhány esetben megfigyelhetőek, viszont az egyedi, ritkának tekinthető haplotípusok vizsgálata (elterjedtség, dominancia) főként a Dunakanyar térségében további vizsgálatokat igényelnek.

20. táblázat. A házi berkenye populációk diverzitásának és differenciájának mérőszámai, összevetésben a nemzetközi, barkócaberkenyére vonatkozó adatokkal.

Régió/faj	<i>H_s</i>	<i>h_t</i>	<i>G_{ST}</i>	<i>N_{ST}</i>	Prop. <i>N_{ST} > G_{ST}</i>
Zemplén (<i>S.domestica</i>)	0,695 (0,0891)	0,840 (0,0712)	0,173 (0,0515)	0,200 (0,1383)	0,411 NS
Dunazug (<i>S.domestica</i>)	0,761 (0,0269)	0,852 (0,0272)	0,106 (0,0303)	0,362 (0,2345)	0,427 NS
Együttesen (<i>S.domestica</i>)	0,583 (0,0835)	0,752 (0,0831)	0,225 (0,0577)	0,574 (0,0571)	0,574 (0,0471)
<i>Nemzetközi</i>					
Nagytaj ^x (<i>S. torminalis</i>)	0,53 (0,06)	-	0,13 (0,03)	0,13 (0,04)	
Franciao. ^x (<i>S. torminalis</i>)	0,35 (0,04)	-	0,33 (0,05)	0,33 (0,05)	
Európa 1 ^x (<i>S. torminalis</i>)	0,56 (0,07)	-	0,29 (0,07)	0,29 (0,05)	
Európa 2 ^{xx} (<i>S. torminalis</i>)	0,53	0,812	0,35	0,376	NS

x : ODDOU-MURATORIO et al (2001/b); xx: ODDOU-MURATORIO et al (2001/c).

A kapott cpDNS adatok hazai populációgenetikai mérőszámaikat a PETIT és PONS (1996) által kifejlesztett HAPLONST programmal számítottuk, illetőleg a HAPERMUT szoftverekkel teszteltük. A genetikai differenciáltság újabb mérőszáma e helyütt az *N_{ST}*, e mérőszám az egyes haplotípusok gyakoriságából és a haplotípusok között mérhető genetikai távolságokból indul ki (meghatározza a különböző restriktions fragmentumok száma) a diverzitás és differenciálódás mérésére. Amennyiben a diverzitást és annak standard hibáját úgy számoltatjuk, hogy a haplotípusok közötti távolságokat számszerűsítjük (a v esetében *N_{ST}*), vagy a genetikai távolságok értékeit ignoráljuk (a h esetében *G_{ST}* meghatározásához).

A v diverzitás paramétert az alábbiakban definiálják (PONS és PETIT, 1996):

$$v = \sum_{i,j} \pi_{ij} \times x_i \times y_j$$

Az N_{ST} és G_{ST} értékek közvetlenül összehasonlíthatóak a permutációs analízis segítségével. Ennek megfelelően 1000-szeres ismétlésben az N_{ST} értéket újraszámoltatják, és azt vizsgálják, hogy az új érték az ismétlések hányad részénél haladja meg az eredetileg kiszámítottat (egyoldali próba).

A kapott eredményeket összevetve a nemzetközi adatokkal a h_t -érték minden esetben magas populáción belüli differenciáltságot mutatott, ami arra enged következtetni, hogy az alapító hatás több anyanövénnytől eredeztethető egy-egy szubpopuláción belül. Az extrém alacsonynak nevezhető populációk közötti differenciálódás ($0,13 < G_{ST} < 0,35$) értéke csekély mértékűnek tekinthető a nagy elterjedési területtel rendelkező állományalkotó fajokkal összevetve pl. a *Quercus petraea* esetében meghatározott $G_{ST} = 0,82$ (DUMOLIN-LAPEGUE et al, 1997). Tehát a populációk közötti differenciálódás mértéke a cpDNS alapú differenciálódást számolva is csekély mértékű – a barkócaberkenye izoenzimatis vizsgálati eredményeihez hasonlóan.

9.3.2 A házi berkenye sejtmagi genetikai diverzitás (RAPD) vizsgálati eredményei

A házi berkenye RAPD kiértékelésekhez a homogenitásvizsgálat módszerét a PopGene 1.31 programcsomaggal (YEH, YANG, BOYLE, 1999) szintén felhasználtam, amelyben a χ^2 , valamint a G^2 tesztek alkalmazását az egyes termékek populációk közötti megoszlásának vizsgálatában.

A P (probability) valószínűség értéke, melynek értéke a band / sáv feltüntetéshez meg kellett haladja a 0,95 értékét. A polimorfizmus nélküli band-ek kimaradtak a táblázatból. A szintetikus populáció, valamint a kontrollpopuláció összevetésekor a bandek megoszlásának vizsgálatakor a homogenitásvizsgálat nem talált 0,95 értéket meghaladó valószínűségű eloszlást. Az eredményeket tekintve a házi berkenye BOR2-4 fragmentje χ^2 értéke 2,91, $P = 0,94$; és $G^2 = 1,94$, $P = 0,98$ mellett.

A fajon belüli differenciáltság mérőszámai elmaradnak a barkócaberkenye $G_{ST} = 0,168$ értékétől, viszont a házi berkenye (*S. domestica*) esetében a minták reprezentativitása a korábbi (8) fejezetben ismertetett gyűjtési elvek alapján biztosítottnak tekinthető.

(PopGene 1.3.1)	HT	HS	GST
Zempléni-hg	0.2244 (0.0282)	0.1973 (0.0223)	0.1204
Dunazug-hg	0.2063 (0.0320)	0.1834 (0.0258)	0.1112
Együttesen	0.1911 (0.0166)	0.2163 (0.0212)	0.1169

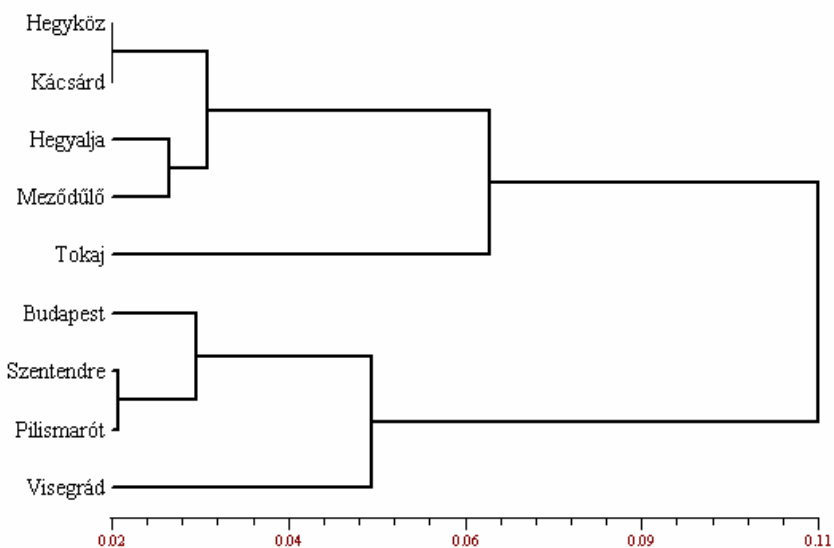
Kiszámításra kerültek az egyes egyedek közötti Nei-Li féle genetikai távolságok mind cpDNA haplotípusok adataira, mind az egyedek RAPD mintázottságát tekintve egyaránt (PAUP 4.0 beta, SINAUER ASS; 1998), és a két mátrix Mantel-teszt (PopTools2.6.6, HOOD, 2005) révén történő összehasonlítása is megtörtént. A kiindulási mátrixhoz (cpDNS) viszonyított korrelációs koefficiens értéke a Dunazug hegység keleti felének populációinál 0,055 lesz, míg a Zempléni hegység mintái PCR RFLP és RAPD alapú távolságmátrixát összevetve ezen korelációs koefficiens értéke 0,002.

A klaszterek kialakítása során a „Single clustering” módszerén alapuló osztályozási eljárásban – mely a legkisebb távolságokat veszi figyelembe a Tokaj-Mád térségében mintázott kollektíva (52. ábra) elkülönül a többi szubpopulációtól. A Nei-féle távolságértékek (ld. 21. táblázat) a 4. Tokaj-Mád térségi populáció esetében megegyeznek a zempléni populációk és a

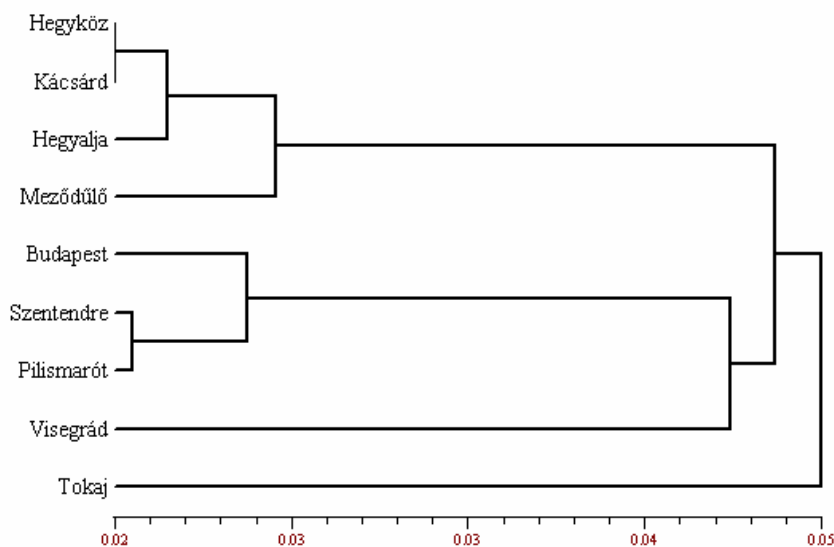
Dunazug-hegységbeli populációk között mért távolságok értékével, míg az UPGMA módszer az elvárt földrajzi tagozódást adja vissza (51. ábra).

21. táblázat. NEI-féle (1972) genetikai távolság a házi berkenye szubpopulációk RAPD vizsgálati eredményei vonatkozásában.

Szubpopuláció k	1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.
1. Hegyköz	****								
2. Kácsárd	0.018	****							
	0								
3. Hegyalja	0.020	0.033	****						
	4	9							
4. Tokaj	0.054	0.091	0.050	****					
	4	0	6						
5. Meződülő	0.027	0.039	0.025	0.068	****				
	0	2	4	2					
6. Budapest	0.089	0.129	0.117	0.124	0.139	****			
	7	7	3	0	7				
7. Szentendre	0.103	0.132	0.136	0.129	0.147	0.033	****		
	4	2	3	9	0	6			
8. Visegrád	0.048	0.077	0.083	0.114	0.068	0.052	0.054	****	
	5	5	7	6	2	4	5		
9. Pilismarót	0.074	0.103	0.111	0.108	0.119	0.024	0.018	0.046	***
	9	7	4	2	6	1	8	4	*



51. ábra. UPGMA klaszter / dendrogram a vizsgált 9 db házi berkenye szubpopuláció vonatkozásában a NEI-féle (1972) genetikai távolságokra alapozva.



52. ábra. Single clustering módszerével készített dendrogram a vizsgált 9 db házi berkenye szubpopuláció vonatkozásában a NEI-féle (1972) genetikai távolságokra alapozva.

A vizsgálati eredmények összegzése kapcsán a felosztott vizsgálati kollektívumokat táji, előfordulási alapon soroltuk csoportokba, szubpopulációkba. A barkócaberkenyénél alkalmazott csoportosítás – mivel a vizsgálati anyag egyedszelekción átesett törzsfákat, illetőleg egy kontrollpopulációt (Bakonyszücs 18 A) jelentett – a tájegységek, ökorégiók alapján kialakított csoportok ('szubpopulációk') nem tekinthetők reprezentatívnak Dunántúli-középhegység erdőgazdasági tájcsoporthoz vonatkozásában. Vizsgálataimmal e helyütt az egyes mesterséges kollektívumok, illetőleg kontrollpopuláció valamint a szintetikus populáció (plantázs) biokémiai és genetikai vizsgálatokkal meghatározható populációgenetikai mérőszámait vettem össze.

A barkócaberkénye minták „szelektált” volta okán az izoenzimikus, kloroplaszt-DNS és sejtmagi DNS (RAPD) vizsgálatokból meghatározott genetikai távolságértékek, illetőleg ezen eredményekből levezett klaszterek, dendrogrammok nem mutatták az ezen vizsgálatok eredményeként elvárható csoportképzési analógiákat. A barkócaberkénye 'szubpopulációk' izoenzimikus vizsgálati eredményeinek differenciálódási értékei (F_{ST}) is ezt igazolták vissza a rovarmegporzó, kis egyedszámú populációkkal jellemezhető elegyfajok esetére vonatkoztatva, mely utóbbi nem minden esetben egyezett a korábbi, 9.1 alfejezetben hivatkozott nemzetközi szakirodalmakkal.

A barkócaberkénye egyedek izoenzimikus vizsgálatának eredményei és azok kiértékelése csekély mértékű (0,05 alatti) 'populációk' közötti differenciálódást mutattak: 0,006; a szintetikus populáció (plantázs), valamint a kontroll populáció (Bakonyszücs 18 A) közötti differenciálódás értéke 0,012; ami csekély mértékű 'populációk' közötti differenciáltságra utal.

Az izoenzimikus populációgenetikai mérőszámok, mint a polimorf lókuszok aránya (P), az átlagos allélszám (n), és az elvárt heterozigócia (H_e) tekintetében a vizsgálati eredmények igazodtak a nemzetközi adatokhoz, valamint a magtermesztő ültetvény kedvezőbb mérőszámait tükrözték vissza: n – a lókuszonkénti átlagos allélszám; és P - polimorf lókuszok aránya kedvezőbb. Mindezek mellett említést érdemel a kedvezőbb párosodási feltételek biztosítása egy ökológiailag elkülöníthető tájegység vonatkozásában.

Az izoenzimikus eredményekből számított NEI-FÉLE (1972), illetőleg a cpDNS eredményekből számított GREGORIUS-féle (1974) távolságértékek UPGMA dendrogramja

közel azonos csoportképzést mutatnak a Bakony tömbjében található kollektívumok elkülönítése révén. A cpDNS genetikai távolságok esetében több azonos érték található, ami átfedéseket (tie) eredményez a klaszterezés során. A több azonos távolságérték oka a polimorfizmust mutató poliakril-amid gélen megjelenő termékek / sávok csekély száma (mindösszesen 4). A sejtmagi genetikai diverzitás (RAPD) vizsgálatának elemzésekor az UPGMA eljárás klaszteres csoportosítása különbözött a korábbi eredményektől, semmilyen térbeli rendet nem követett.

A vizsgált házi berkenye egyedek két kisebb vizsgálati területtel jellemezhetőek: Zempléni-hegység, valamint a Dunazug-hegység keleti része. E területeken az összes fellelhető házi berkenye egyedeket összegyűjtöttem, megmintáztam és elvégeztem laboratóriumi vizsgálatát. Az eredmények, egyedek kiértékelés során alkalmazott csoportosítás során az olyan területeken fellelhető egyedeket, melyek termőhelyi, ökológiai illetőleg távolsági viszonyaik alapján egy tömbben, csoportban találhatóak (összefutó völgyek, összefüggő szőlőhegyek, medencetájak) ennek okán egy-egy szubpopulációba történő besorolásra is kerültek

A cpDNS vizsgálati adatok alapján az egyes szubpopulációk különbözőképpen reprezentálják a minták összességét. A 11 polimorf vizsgálati band / sáv 16 különböző cp DNS haplotípus elkülönítését tette lehetővé. A zempléni szubpopulációk reprezentatívabbak (egy, a kácsárdi kivételével: mely csak egy fajta, generálisan elterjedt haplotípust tartalmaz). A Dunakanyar belüli szubpopulációk reprezentativitása csekélyebb mértékű (átlagosnál gyengébb), ugyanis itt jelennek meg új, egyedi, kis egyedszámú haplotípusok. Így ezek elkülönülése a klaszteres eljárásokban is kitűnik. A budai szubpopuláció (jelölt: Budapest) reprezentativitása átlagos – a kelet magyarországi szubpopulációkkal kerül egy csoportba a különböző módszerekkel számolt genetikai távolságokból (GREGORIUS,1974; GILLET et al, 2004) a „Single clustering” módszerével képzett csoportosítások során.

Az egyes szubpopulációk a különböző típusú cpDNS haplotípusú egyedek összetétele alapján jellemzően mindig több (legalább 3, legfeljebb 8) haplotípust tartalmaznak (*ld. 16. táblázat*). A kácsárdi populáció egy, autochtonnak tekinthető, generálisan elterjedt cpDNS haplotípus kultivációjára utal. Az egyes tájegységekben más és más haplotípusok a generálisan sikeresek (arányaikban változnak), míg vannak csak az adott szubpopulációra jellemző típusok egyaránt.

A szubpopulációk lehatárolása számos esetben vetett fel kérdőjeleket a valós szaporodási kollektívum, a pánmixia kérdést illetően. A populációgenetikai jellemzésre használt RAPD és PCR RFLP adatokból a vizsgált 3 kollektívum (Dunántúli-középhegység - barkócaberkenye, Dunazug-hegység keleti része és Zempléni-hegység - házi berkenye) vonatkozásában kiszámítottam minden egyes táji kollektívumon belül az egyedek közötti távolságmátrixot, majd a cpDNS vizsgálati alapú távolságadatokat összevettem a sejtmagi DNS alapú RAPD adatokból származtatott távolságértékekkel. Az így elvégzett Mantel-teszt révén pusztán a Dunazug-hegységen belüli házi berkenye előfordulások távolságmátrixai mutattak csekély, 5 %-os korrelációt.

10. Összefoglalás

Dolgozatomban a rózsafélék (*Rosaceae*) családjába tartozó rovarmegporzó elegyfajok a barkócaberkenye, barkócafa (*Sorbus torminalis*) és a házi vagy fojtós berkenye, fojtóska (*S. domestica*) génmegőrzési feladataival és lehetőségeivel foglalkoztam a Magyar-középhegység vonatkozásában.

A témaválasztás indoka lehet egyrészt az elmúlt 2 évtized paradigmaváltásából adódó biodiverzitás-védelem kérdésköre (Rio, 1992), és az ennek folyományaként elindult számos nemzetközi kezdeményezés, mely a különböző kontinentális régiók erdőtakarójának sorsát, minőségi összetételét kívánja nyomon követni, és azt kedvező irányba befolyásolni. Példa erre a „Páneurópai Kezdeményezés az Erdők Védelmére”, és az ennek folyományaként életre hívott miniszteri konferenciák szervezete, mely konferenciák határozataikban kitérnek a biodiverzitás védelmére, a genetikai diverzitás megőrzésére, valamint az erdők fenntartásának, védelmének társadalmi-gazdasági megalapozottságát, háttérét is vizsgálódása tárgyául választották.

Az erdészetben (erdőgazdálkodásban) az elmúlt kettő és fél évszázadban többszöri átértelmezés tárgyát képező tartamosság (Nachhaltigkeit) fogalmára épülő gondolatiság, axióma, amely a tartamosság gondolati keretein belül az erdőtakaró minőségi jellemzőinek (elegyesség, genetikai diverzitás) megőrzését is szolgálja. A mai értelemben, az erdészetben megfogalmazott tartamosság megfelel, és számtalan esetben – időrendileg - meg is előzte a fenntarthatóság (sustainability) princípiumát.

Ezen erdészeti tradíció, mely a fajfenntartás (Arterhaltung) kérdésköréből indul, és az elegyesség fogalmát (sok esetben kiemelten kezelve a vadgyümölcs elegyfajokat) prioritásnak tekinti; jó háttérrel szolgált az erdészeti génmegőrzés és annak eszköztára kiterjesztéséhez (ex situ, in situ módszerek). Az elmúlt évszázadok tájhasználatának történetében a pannon térségben is meghatározó volt az erdőtakaró visszaszorulása (ld. történeti ábrázolások, térképek, katonai felmérések térképlapjai), ez a tényező az elegyfajok esetében élesebben veti fel az összes egyedszám csökkenését, a populációk átlagos egyedszámának lecsökkenését, térbeli szétválás – izolációs jelenségek fellépésének lehetőségét egyaránt.

Az erdei fás növények génmegőrzésével foglalkozó európai kezdeményezés (EUFORGEN) keretein belül elemezték a nemes lombos elegyfajok (noble hardwoods) országokénti „szituáltságát”, elterjedtség, veszélyeztetettség szempontjából, és az ebből következő feladatokat beépítették nemzeti szintű, erdei fás növények génmegőrzésével foglalkozó programjaikba. Az egyes rovarmegporzó, fragmentált populációstruktúrát felmutató elegyfajok megőrzési lehetőségei egyrészt integrálhatóak az aktív génmegőrzési szemléletet megvalósító génrezervátum hálózat kiválasztási és kezelési irányelveibe, azáltal, hogy a területek kiválasztásakor a típusos termőhelyek és élőhelyeken kívül olyan kísérő társulások is bevonásra kerülnek egy-egy főfaj célú génrezervátum (*Quercus petraea*, *Quercus robur*, *Fagus sylvatica*) kijelölését illetően, amelyekben lehetséges a nagyobb egyedszámú, ökológiai optimumukat megtaláló nemes lombos elegy populációi génkészlete aktív megőrzésnek megvalósítása egyaránt.

Másrészt az erdőnevelés és habitatvédelem kérdéskörében kerültek megfogalmazásra azon irányelvek, melyek a nemes lombos elegy in situ megőrzése módszerének elvi és technikai mikéntjét jelentik. Ezen irányelvek betartása az erdészetben nem jelent mást, mint a csoportos elegy nevelését, egyes speciális előfordulások védelmét célzó megoldások alkalmazását. Az ex situ módszereknek a rovarbeporzó fajok génmegőrzésében nagyobb szerep biztosítását célozták meg, hisz számos berkenye faj, mint a házi avagy a lisztes

berkenye (*S. aria*), illetőleg számos berkenye mikrospecies génállomány szintű védelmét egyedül a párosodási lehetőség minél teljesebb körű, tájökölógiai és ennek okán fenológiai szempontú megalapozottsága és megalapozása jelenti. A berkenye kisfajok esetében génmegőrzési szempontból a „24,00-órában”, míg a hazai berkenye fajok esetében a „21,00” órában levő fafajokról beszél a honi szakirodalom.

A hazai erdészeti koncepciókban megfogalmazott országos erdőtelepítési feladatok sikeres megvalósítása révén több százezer hektár új erdő telepítése valósulhat meg mint szántóföldi, mint gyepek művelési ágakban. Ezen elképzelések igénylik a jó minőségű, szelektált, származás azonos szaporító anyagot, nem pusztán a főfafajok, hanem az elegyfajok esetében egyaránt. A középhegységek előterében zonális, extrazonális avagy azonális termőhelyi adottságok révén lehetőség van természetközeli fafaj-összetételű erdőtelepítés kivitelezésére, amelyben az elegyfajoknak egyrészt a társulás ökológiai stabilitása, másrészt a gazdasági rentabilitás kapcsán fokozott szerep lehetősége kínálkozik.

A „8. Anyag és módszer” fejezetben ismertetésre került a barkócaberkenye hazai elterjedése és preferált társulásai, különösen azok a társulások, amelyekben a fafaj életerős populációi is megtalálhatóak (*Melitti-Fagetum*, *Mercuriali-Tiliatum*), a törzsfaszelekció / egyszelekció elsősorban e társulásokban valósult meg. Több utódvizsgálat eredményei igazolták vissza, hogy azon származási helyek utódpopulációi, amelyek megkímélt génállományuk okán is jó fenotípusos megjelenést mutatnak (pl. kocsányos tölgy szlavóniai származása) más termőhelyeken is megtartják kedvező fejlődési és alaki tulajdonságokat.

A fentebb említett társulásokban találhatóak a fafaj ökológiai optimum elterjedési területei. Ezt kiegészítendő a törzsfaj komponensek kiválasztása során a terület egyenletes lefedettségét biztosítandó olyan előhegységi területek (maradvány-előfordulások) egyedei is kijelölésre kerültek, melyek fenotípusukban nem minden esetben mutatták a legkedvezőbb alaki tulajdonságokat (szoliterék, hagyásfák), viszont vitalitásuk és terméshozamuk révén a fafaj repatriálásának erdőgazdasági tájcsoport (Dunántúli-középhegység) szintű folyamatában a szintetikus magtermesztő-ültetvény kiindulási komponenseiként szintén szerephez jutnak.

Ez a fajta génmegőrző-nemesítő tevékenység az adaptivitás tényén alapulva, adaptív körzetek hatását igyekszik minél teljesebben érvényesíteni. Származási vizsgálatok igazolták, hogy a határtermőhelyeken minden esetben az őshonos származások mutatták a legkedvezőbb fejlődést, azaz az adaptív ökológiai körzeten belüli legerőteljesebb alkalmazkodóképességet igazolták vissza. (Az átlagos termőhelyek, átlagon felüli termőhelyek esetében érvényes a kiemelt származások fejlődési dominanciája és kedvező fenotípusos tulajdonságaik megőrzése).

A génmegőrzés központi problémája az adott faj elterjedési területén belül azon részterületek definiálása, amelyeken belül génmegőrzési egységek létrehozása szükséges. E célra az adaptívan egységes körzetek lehatárolása a legalkalmasabb, amely azon populáció-kollektívumot jelenti, amelyen belül a populációk alkalmazkodottsága alapvetően nem tér el, és feltételezhetően génkészletük is hasonló. A körzetnagyság meghatározására leginkább genetikai markereket alkalmaznak, amelyek általában a véletlen genetikai hatások eredményeit tükrözik vissza, és az alkalmazkodottságot tekintve nem rendelkeznek számottevő információval.

Az ökológiailag adaptív körzet, illetőleg ökológiai körzet megfogalmazásokat olyan fenológiai / virágzásbiológiai megfontolások is alátámasztják, amelyek kiterjednek annak vizsgálatára, hogy az egyes, többé-kevésbé azonos ökológiai körülmények származásai mennyire mutatnak azonos időintervallummal jellemezhető virágzást, amely révén az egyes egyedek (származások) közötti génáramlás minél teljesebb mértékben biztosítottá válik. Az erdőgazdasági tájcsoport, mint az ökológiailag egymáshoz közelálló erdőgazdasági tájak

csoportja megfelelő kiindulási pont az ökológiai genetika alapjain álló génmegőrző-nemesítő tevékenység megalapozásához.

A barkócaberkénye (*S. torminalis*) esetében a Dunántúli-középhegységben kiválasztott törzsfák, illetve egy törzsfákat is tartalmazó kontrollpopuláció képezte a vizsgálati minták anyagát. Az adatkiértékelés során a mesterséges szubpopulációkra történő felosztás révén elemeztük, hogy az egyes középtájakra (erdőgazdasági táj) tartozó egyedek csoportjai mennyiben különböznek el más tájegységek „szubpopulációtól”, illetőleg milyen a „populációk” belső genetikai szerkezete, mely utóbbi különösen az összefüggőnek tekinthető bakonyi szubpopulációk esetében bír jelentőséggel.

A mintavétel a barkócaberkénye vizsgálati anyag tekintetében nem volt reprezentatív (hisz törzsfákat vett figyelembe, és egy kontrollpopulációt tett laboratóriumi vizsgálódása tárgyává), ez megmutatkozott a mesterségesen kialakított kollektívumok eltérő csoportosításának vizsgálatakor egyaránt. Az izoenzimikus eredmények főkomponens analízise egyes lókuszok kumulatív varianciája alapján a Gerecse szubpopulációját illetve még a Déli-Bakony szubpopulációját különítette el. Az izoenzimikus eredmények teljességét vizsgálva azok analógiát mutattak a cpDNS vizsgálatok eredményeivel: a Bakonyvidéket elkülönített tömbként kezelték a Dunántúli-középhegység mintacsoportjain belül. A RAPD vizsgálatok eredményei viszont semmilyen térbeli differenciálódáshoz sem voltak köthetőek.

Összehasonlításra kerültek a szintetikus populáció genetikai variabilitást jellemző mérőszámai a kontrollpopuláció ugyanezen mutatóival. A korábban leírt mintavétel leírása alapján kijelenthető, a barkócaberkénye minták nem reprezentálják a mintázott előfordulást sem a mintaterületek eloszlása, sem a minták nagyságát tekintve. A mintavétel a génmegőrző-nemesítő tevékenységhez csatlakozóan klóngyűjteményben valósulhatott meg, és a vizsgált minták meghatározóan mindig a térség felkutatott legjobbnak vélt túlélőit, reprezentánsait jelentették.

A barkócaberkényénél kapott izoenzimikus vizsgálati eredmények rámutattak az egyes lókuszokon kimutatható a vizsgált minták arányaiban magas heterozigóta többletre, amely a permutációs tesztek eredményeként is döntően heterozigóta többletet eredményezett az adott lókusz és szubpopuláció vonatkozásában. A szintetikus populáció polimorf lókuszainak arányában haladja meg a kontroll- és szubpopulációk adatait. A heterozigóta többletre magyarázatot szolgálhat, hogy a minták (törzsfák) kiválasztásának szempontjait meghatározóan génmegőrző-nemesítő tevékenység pozitív egyedszelekciót célzó megfontolások voltak.

A terepi munka laboratóriumi eredményei annak megállapítását is hivatottak voltak szolgálni, hogy az intenzív gyökérsarj képzési hajlandóságot mutató barkócaberkénye esetében az egyes nagy egyedsűrűséggel bíró populációk milyen mértékben tartalmazhatnak klónokat. A törzsfakiválasztások során e kérdés vizsgálatának a későbbi magtermesztő ültetvényen belüli reprezentáltsági kérdések tisztázása adja meg a jelentőségét. Az erős gyökérsarj képzési hajlam a fafaj evolúciós/adaptív stratégiájához kapcsolódóan egy in situ génállomány-megőrzési tulajdonság, technika; hisz az esetek többségében a magonc eredetű újulat túlélési, megmaradási esélyei sokkalta gyengébbnek bizonyulnak, mind a hazai megfigyelések, mind a nemzetközi példák vonatkozásában.

A házi berkénye esetében két kisebb térség került mintázásra, a munkában résztvevő helyi gazdálkodók elképzeléseik alapján külön-külön kívánnak a felkutatott növényanyaggal génmegőrző-magtermesztő ültetvényeket létrehozni. A Zempléni-hegységben általában antropogén meghatározottságú élőhelyekről származó előfordulásokról beszélhetünk, míg a

Dunakanyarban vizsgált populációk egyedei a természetközeli erdőtársulásokban fordulnak elő.

A házi berkenye (*S. domestica*) vizsgálati anyag származása az erdőgazdasági táj szintjéhez is köthető: egyrészt a Zempléni hegységből származik (Sátor-hegység erdőgazdasági táj), másrészt a Dunazug-hegység keleti feléből (Gerecse – Pilis - Budai-hegyek erdőgazdasági táj keleti része).

A szubpopulációk szerinti elkülönítésben, azok lehatárolásában az előfordulások földrajzi (ökológiai) tagolódása jelentett kiindulási alapot. A Zempléni-hegységben az előfordulások elsősorban antropogén meghatározottságú ökológiai milliöbölből származnak: felhagyott szőlőhegyek /Kácsárd, Hegyalja, Tokaj-Mád, Meződülő/, vagy extenzíven használt szérűskertek /Hegyköz/. (Ezek voltak a meghatározóan „Feldspeierling” előfordulások).

A Dunazug-hegység keleti felének vizsgálatakor a budapesti, Budai-hegyeket érintő előfordulásoknál főként villák kertjében, régi szőlőhegyekben, parkerdők szegélyén, turista utak mentén találtunk fojtós berkenye egyedeket. A Dunakanyar-beli előfordulások az egyedek elhelyezkedése alapján három csoportba voltak sorolhatóak: Szentendre és környéke (Leányfalu, Tahí); Visegrád; illetve Esztergom – Pilismarót – Dömös térsége. Az itt talált egyedek a német történeti szakirodalom megfogalmazása alapján „Waldspeierling”-nek nevezhetőek.

A vizsgált házi berkenye szubpopulációk elkülönítésekor is felmerült a reprezentativitás, illetőleg a szűk értelemben vett populáció – szaporodási közösség – feltételrendszerek teljesülésének kérdése. A reprezentativitás kapcsán leírható: minden fellelt házi berkenye egyed mintájának begyűjtésére és PCR alapú RAPD illetve cpDNS RFLP vizsgálatára egyaránt sor került.

A szubpopulációkra történő elkülönítés minél teljesebben törekedett az egyes előfordulási sűrűsödési pontok alapján történő lehatárolásra. Azaz egy kistérségben, pl. a Hegyköz északi részén megtalálható az előfordulások sűrűsödési pontja, ahol az egyedek legalább 50 %-a megtalálható, a többi egyed távolsága meghaladja a mintegy 2 km-es távolságot (amelyen belül a rovarmegporzás poszméhek és zengőlegyek által a leginkább lehetséges), viszont a rovarmegporzás sem elképzelhetetlen.

Az antropogén szempontú táji lehatárolás is felhasználásra került a populációk körülírásában, hisz ilyen lehatároláson belül az antropogén indukciójú génáramlás sokkalta nagyobb jelentőséggel bírhat. Sokkalta kedvezőbb helyzetet jelentett, amikor a populációk sűrűsödése igazodott a rovarmegporzás lehetőségeihez: ilyen volt pl. a Visegrád feletti sűrűsödés, valamint a Sátorlajaujhely és Sárospatak között található Kácsárdi szőlőhegy házi berkenye populációja egyaránt.

Az etnobotanikai részben taglalásra került, hogy a házi berkenye köztes fafajnak tekinthető a kultivált és vadon élő fajok között. Mindezek mellett a történeti források mindig lokális/regionális kultivációkról beszélnek (facsemete kiemelése, átültetés, hagyásfák kímélete), melyek esetében nagyobb mértékű, nagyrégiók közötti mesterséges szaporítóanyag áramlás nem volt igazolható, így ezen populációk is őshonosaknak tekinthetőek.

Egyes esetekben kimutatható volt, hogy az autochton származású anyag mesterséges kultivációja történt (Pl. a Kácsárdi szőlőhegy esetében, mely cpDNS haplotípusát tekintve teljesen identikus volt, és a Zemplénre jellemző uralkodó haplotípust foglalja magában.) A felkutatott egyedek aránya fojtós berkenye esetében jóval magasabb, ami a későbbiekben telepíteni szándékozott génmegőrző-magtermesztő ültetvényekben a reprezentáltsági viszonyok átgondolását is igényelni fogja a későbbiekben.

Lesznek olyan egyedek /genotípusok, melyek pusztán a génazonos megőrzés céljával kerülnek be az ültetvénybe – a minimálisan előírt reprezentáltság betartása mellett, és lesznek olyan egyedek, amelyek törzslak, termésminőség, termés hozam okán nagyobb mérvű reprezentáltságot kapnak. Ugyanilyen, az egyes genotípusok reprezentáltságára vonatkozó különbözőségek a barkócaberkenye klónok plantázson (magtermesztő ültetvény) belüli kiosztásakor is megfogalmazásra illetőleg végrehajtásra kerültek.

A házi berkenye minták reprezentatívnak tekinthetőek: viszonylag kis területi kiterjedéssel bírnak a vizsgálati területek, ennek köszönhetően a régiókra jellemző differenciálódás a sejtmagi DNS (RAPD), valamint a cpDNS vizsgálati eredményeket tekintve analógiákat mutatott a tájféldrajzi / élőhelyi alapon lehatárolt kollektívumok differenciálódását illetően – köszönhetően annak, hogy minden fellelhető egyed vizsgálata megtörtént.

A cpDNS haplotípusok megoszlására jellemző pl. a zempléni vizsgálati területen generálisan elterjedt haplotípus (zöld); mely a Budapesten és a tőle északra levő szubpopulációkban is jelentős, de nem meghatározó; a Dunakanyarban más haplotípusok számítanak generálisan elterjedtnek (kék és szürke *ld. 46. és 47. ábra, 16. táblázat*). Egy-egy szubpopuláció jellemzően több cpDNS haplotípussal írható le (3-8 db – Kácsárd kivételével), ami a szubpopuláción belüli magas és a szubpopulációk közötti alacsony differenciáltságot mutat.

A cpDNS vizsgálati eredmények alapján a Budai-hegyek házi berkenye populációja tért el a földrajzilag elvárható besorolástól. (Felhasznált módszer a különböző úton meghatározott genetikai távolságokhoz a „Single clustering” volt). A RAPD vizsgálatok eredményeiből szerkesztett klaszterek esetében az a mértani középértékek alapján osztályozó UPGMA eljárás eredménye visszaadta a földrajzi elkülönülés csoportosítását, míg a „Single linkage” esetében a Tokaj-Mád tömbjének szubpopulációja – D_N távolságértékeiből következően - elkülönült a többi vizsgált szubpopulációtól.

A nemzetközi szakirodalom adatai alapján a házi berkenye szubpopulációk közötti differenciálódás mértéke a cpDNS alapú differenciálódást számolva is csekély mértékű (G_{ST}) a vizsgált hazai szubpopulációkat tekintve, mely eredmények igazodnak a barkócaberkenyére vonatkozó nemzetközi adatokhoz (9.3.1 *alfejezet*).

Az erdészeti génmegőrzés célkitűzése a ritka elegyfajok génmegőrzése kapcsán a genetikai identitásának, valamint genetikai változatosság megőrzése, valamint a genetikai sokféleség növelése. Szakmai megfontolások támasztják alá a származás azonos, szelektált szaporítóanyag ökológiai körzethatárokon belüli felhasználását, a faji lefedettség növelését, illetőleg a faj egyes, antropogén hatás okán megritkult élőhelyein (pl. előhegységi területek) történő repatriálását egyaránt.

Az elmúlt időszakban bekövetkező paradigmaváltás gondolatisága az erdészeti génmegőrzés eszmerendszere és feladat meghatározásai mellett egyes vidékfejlesztési elképzelésekkel (erdőterület növelése) is harmonizál, melyek az ex situ génmegőrzés gondolatának és gyakorlati megvalósításának társadalmi és ökonómiai alapú háttérbázisát is jelentik. Ezáltal érhető el az a kollektív beágyazódás, mely szakmai megfontolásokból kiindulva a humán társadalmakat a fenntarthatóság eszmerendszere kapcsán szólítja meg, és valósít meg azokkal ennek szellemében interakciót.

11. Az értekezés tézisei

(1) Az életerős barkócaberkenye populációk általában terepi törésvonalak mentén alakulnak ki a Dunántúli-középhegységben. Jellemző ezen élőhelyek expozíciója, kitettsége és társulási viszonyai egyaránt. A fafaj számára a terepi törésvonal, a dél-nyugati kitettség, a száraz vízgazdálkodási fokozat jelenti az ökológiai optimumot. Az alaki, vitalitás és termés hozam szempontjai szerint pozitív kiválasztáson átesett barkócaberkenye egyedek lehetőség szerint erdőgazdasági tájként kerültek a vizsgálatokban csoportosításra, amely esetekben pusztán idézőjeles 'szubpopulációkról' beszélhetünk. Esetenként ennél kisebb ökoregionális határok is megvonásra kerültek, abban az esetben, ha az előfordulások/szelektált egyedek sűrűsödést mutattak pl. a Magas-Bakony erdőgazdasági tájban: Bakonyszücs, Déli- és Északi-Bakony; első esetben populációról, míg a másik két esetben valódi szubpopulációról beszélhetünk, amelyeken belül intenzívebb génáramlás (rovarmegporzás révén) feltételezhető.

(2) A házi berkenye vizsgálati anyag a Zempléni-hegységből és a Dunazug-hegység keleti részéről került begyűjtésre: minden egyes fellelhető egyedet mintáztam és analizáltam. Az első helyszínen a házi berkenye meghatározóan antropogén befolyás alatt álló félkultur, kulturélőhelyeken jelenik meg, míg a második esetben a természetszerű erdőtársulások alá- vagy közészorult kísérő fafaja, illetőleg szubspontánnak is tekinthető (Budai-hegyek). Szubpopulációk régiókon belüli lehatárolásakor a rovarmegporzó elegyfajok szaporodásbiológiája számára megfelelő felosztást kerestem. Ezért az azon területeken fellelhető egyedeket, melyek termőhelyi, ökológiai viszonyaik alapján egy tömbben találhatóak (összefutó völgyek, összefüggő szőlőhegyek, medencetájak), egy-egy szubpopulációba történő besorolásra kerültek, mivel e helyszíneken így a génáramlás feltételei kedvezőbbek.

(3) Izoenzimatis vizsgálatok több esetben igazolták vissza, hogy a szétszórt habitattal (elegyes, tagolt előfordulással bíró) fafajok esetében a populációk közötti differenciálódás értéke magasabb (F_{ST} érték). A barkócaberkenye izoenzimatis vizsgálati eredményei alapján a populációk közötti variancia (F_{ST}), illetőleg vizsgálati eredménye a vizsgált „szubpopulációk” között, valamint a szintetikus populáció (plantázs), valamint a kontroll populáció (Bakonyszücs 18 A) között a vizsgálati eredményeket tekintve csekély mértékű differenciáltságra utal. Az egyes szubpopulációk egymás közötti differenciálódásának és átlagának (δ) értéke igazodik a nemzetközi adatokhoz, és a vizsgálati kollektívumok közötti csekély mértékű differenciálódásra utal.

(4) A barkócaberkenyénél kapott izoenzimatis vizsgálati eredmények rámutattak az egyes lókuszon kimutatható, a vizsgált minták arányaiban magas heterozigóta többletre, amely a permutációs tesztek eredményeként is döntően heterozigóta többletet eredményezett az adott lókus és szubpopuláció vonatkozásában. A heterozigóta többletre magyarázattal szolgálhat, hogy a minták (törzsfák) kiválasztásának szempontjait meghatározóan génmegőrző-nemesítő tevékenység pozitív egyedszelekciót célzó megfontolások voltak. Az izoenzimatis populációgenetikai mérőszámok, mint a polimorf lókuszon aránya (P), az átlagos allélszám (n), és az elvárt heterozigócia (H_e) tekintetében a vizsgálati eredmények igazodtak a nemzetközi adatokhoz, valamint a magtermesztő ültetvény kedvezőbb mérőszámait tükrözték vissza: a lókuszonkénti átlagos allélszám (n), és a polimorf lókuszon arányában (P). Mindezek mellett említést érdemel a kedvezőbb párosodási feltételek biztosítása egy ökológiailag elkülöníthető tájegység vonatkozásában.

(5) A barkócaberkenye cpDNS vizsgálatokban az elvileg lehetséges 16 cpDNS haplotípus variációból 4 db-ot lehetett megfigyelni. a Bakony tömbjében lelhető fel a mind a négy megtalált cpDNS alapú haplotípus, míg a Balaton-felvidék, Vértes, Gerecse, Dunazug-

hegység keleti részén két cpDNS haplotípus képviselteti magát, arányukat tekintve a két domináns haplotípus. A Bakony-vidéken belüli változatosság további érdekes esete a bakonyzúcsi populáció, amelyben három haplotípus volt kimutatható, mindhárom haplotípus a Bakony más részein is fellelhető volt. Így megállapítható: összetett, regionális, feltehetően kultivált előfordulásról van szó.

(6) Barkócaberkenyénél az izoenzimátikus eredményekből, illetőleg a cpDNS eredményekből számított genetikai távolságértékek UPGMA dendrogramja közel azonos csoportképzést mutatnak a Bakony tömbjében található kollektívumok elkülönítése révén. A sejtmagi genetikai diverzitás (RAPD) vizsgálatának elemzésekor az UPGMA eljárás klaszteres csoportosítása nem igazodik a korábbi izoenzimátikus és cpDNS alapú elkülönítéshez, és nem illeszthető térbeli rendbe sem. Az eltérés feltételezett oka a vizsgálati minták nem kellően reprezentatív volta (meghatározóan törzsfák).

(7) Az egyes házi berkenye szubpopulációk a különböző típusú cpDNS haplotípusú egyedek összetétele alapján jellemzően mindig több (legalább 3, legfeljebb 8) haplotípust foglalnak magukba. A kácsárdi populáció egy, autochtonnak tekinthető, generálisan elterjedt cpDNS haplotípus kultivációjára utal. Az egyes tájegységekben más és más haplotípusok a generálisan sikeresek (arányaikban változnak), míg vannak csak az adott szubpopulációra jellemző típusok egyaránt. A kapott eredmények minden esetben magas cpDNS alapú, populáción belüli differenciáltságot mutatattak, ami arra enged következtetni, hogy az alapító hatás több anyanövénnytől eredeztethető egy-egy szubpopuláción belül. Alacsonynak nevezhető populációk közötti differenciálódás (G_{ST}) értéke összevetésben a nagy elterjedési területtel rendelkező állományalkotó fajokkal.

(8) A házi berkenye cpDNS vizsgálati adatai alapján (δ) az egyes szubpopulációk különbözőképpen reprezentálják a minták összességét. A 11 polimorfizmust mutató vizsgálati hely 16 különböző cpDNS haplotípus elkülönítését tette lehetővé. A zempléni szubpopulációk reprezentatívabbak (egy, a kácsárdi kivételével: mely csak egy fajta, generálisan elterjedt haplotípust tartalmaz, autochton típus lokális kultivációjára utal). A Dunakanyar szubpopulációi csekélyebb mértékű (átlagosnál gyengébb) reprezentativitást mutatnak, mivel egyrészt itt jelennek meg új, egyedi, kis egyedszámú haplotípusok. Így ezek elkülönülése a klaszteres eljárásokban is kitűnik. A budai szubpopuláció (jelölt: Budapest) reprezentativitása átlagos – a kelet magyarországi szubpopulációkkal kerül egy csoportba a különböző módszerekkel számolt genetikai távolságokból a „Single clustering” módszerével képzett csoportosítások során

(9) A házi berkenye minták reprezentatívnak tekinthetőek: viszonylag kis területi kiterjedéssel bírnak a vizsgálati területek, ennek köszönhetően a régiókra jellemző differenciálódás a sejtmagi DNS (RAPD), valamint a cpDNS vizsgálati eredményeket tekintve analógiákat mutatott a tájféldrajzi / élőhelyi alapon lehatárolt kollektívumok differenciálódását illetően – köszönhetően annak, hogy minden fellelhető egyed vizsgálata megtörtént.

(10) A szubpopulációk lehatárolása számos esetben vetett fel kérdőjeleket a valós szaporodási kollektívum, a pánmixia kérdést illetően. A populációgenetikai jellemzésre használt RAPD és a cpDNS adatokból a vizsgált 3 kollektívum (Dunántúli-középhegység - barkócaberkenye, Dunazug-hegység keleti része és Zempléni-hegység - házi berkenye) vonatkozásában kiszámítottam minden egyes táji kollektívumon belül az egyedek közötti távolságmátrixot, majd a cpDNS vizsgálati alapú távolságadatokat összevettem a sejtmagi DNS alapú RAPD adatokból származtatott távolságértékekkel. Az így elvégzett Mantel-teszt révén pusztán a Dunazug-hegységen belüli házi berkenye előfordulások távolságmátrixai mutattak csekély, 5 %-os korrelációt.

12. Köszönetnyilvánítás

Dolgozatom végén köszönetemet fejezem ki mindazok irányában, akik szakmai és emberi segítségnyújtása révén doktori munka megvalósulhatott.

Elsőként a szakmai gyakorlat képviselőit illeti köszönet. Köszönöm Bús Mária igazgatóhelyettesnek (ÁESZ -Veszprém), Csépanyi Péter ágazatvezetőnek (PP Rt), Csurgó Béla kerületvezető erdésznek(BAKONYERDŐ Rt - Monostorapáti), Encsi Csaba műszaki vezetőnek (VEFAG Rt - Oroszlány), Farkas Sándor műszaki vezetőnek (BAKONYERDŐ Rt - Pápa), Hartdéken Mátyás főosztályvezetőnek (VEFAG Rt), Horváth Jenő csemetetermelőnek (Füzér), Horváth József műszaki vezetőnek (HM-Bp Rt - Uza), Kelemen Csaba csemetetermelési előadónak (VERGA Rt), Kézdy Pál tájvédelmi körzet vezetőnek (Duna-Ipoly NP, Budai-hegyek TVK), Kiss Balázs szaktanácsadónak (PP Rt), Kasza László kerületvezető erdésznek (BAKONYERDŐ Rt – Bakonyszentlászló), Kovács Ferenc kerületvezető erdésznek (BAKONYERDŐ Rt – Ugod), Ocsovai Zoltán műszaki vezetőnek (PP Rt - Visegrád), Pap Zotán kerületvezető erdésznek (BAKONYERDŐ Rt - Bakonybél), Pálócz Béla kerületvezető erdésznek (VEFAG Rt - Oroszlány), Dr. Péti Miklós igazgatóhelyettesnek (ÁESZ -Veszprém), Siffer Sándor erdőrendezőnek (ÁESZ -Veszprém), Dr. Sonnevend Imre természetvédelmi felügyelőnek (BFNP), Stubán Zoltán erdőművelési előadónak (BAKONYERDŐ Rt), Szakács István erdészvezetőnek (BAKONYERDŐ Rt - Keszthely), Szőlősi Attila kerületvezető erdésznek (VEFAG Rt - Oroszlány), Vízkert András kerületvezető erdésznek (PP Rt - Visegrád), Z. Kiss Gábor erdészvezetőnek (IPOLYERDŐ Rt - Kisterenye) és Zsargó Béla elnöknek (Bakonyszentkirályi Gazdák EBT) a terepi munkában nyújtott segítségüket.

A szaporítóanyag-termesztési vizsgálatoknál Dr Barna Tamás központvezető (KEFAG Rt - SZTK) és Dr Gergáczy József nyug. állomásigazgató (ERTI - Sárvár) voltak segítségemre.

Az NYME Termőhelyismeretani Tanszékről köszönettel tartozom Dr. Bidló András és Dr. Kovács Gábor egyetemi docenseknek

Nemzetközi Dendrológiai és Dokumentációs Alapítvány részéről Dr. Rácz István és Dr. Debreczy Zsolt segítségével érdemel köszönetet.

Köszönöm az OMMI Kertészeti és Erdészeti Főosztály munkatársainak Dr. Bach István főosztályvezetőnek, Dr. Bordács Sándor központi szakelőadónak, Kanizsai Andrásné laboránsnak, illetőleg az ERTI Nemesítési Osztályáról Dr. Borovics Attila osztályvezetőnek és Tokaji Nagy Sándor kertésztechnikusnak példaértékű szakmai segítségnyújtását.

Az Österreichisches Forschungszentrum zu Seibersdorf munkatársainak segítségéért és szakmai iránymutatásáért ezúton illeti köszönet Dr. Burg Kornél kutatót, és Karin Hohl intézeti mérnököt.

Végezetül anyaintézetem, az NYME Környezettudományi Intézete igazgatójának, doktori munkám témavezetőjének, Dr. Mátyás Csaba int. ig. egyetemi tanárnak köszönöm folyamatos szakmai útmutatását.

13. Irodalomjegyzék

- ALBERT V. (2000): Az év fája – Uckuruc avagy barkóca, *Élet és Tudomány*, LV. Évfolyam, 47. szám. (http://www.sulinet.hu/cgi-bin/db2www/ma/et_tart/lst?kat=Afbu&url=/eletstudomany/archiv/2000/0047/uckuruc/uckuruc.html)
- ARBEZ M. (1998): Implementation of the Strassbourg Resolution S2 on the conservation of forest genetic resources in Europe; in: TUROK, J; GEBUREK TH. (szerk): International collaboration on forest genetic resources: the role of Europe. Second EUFORGEN steering Committee meeting 26-29 November 1998, Vienna, Austria. International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy, 9-13 p.
- BAKSAY L. (1964): Sorbus-fajok embriológiai-sejtteni és származási vizsgálata; megjelent 1999, *Kitaibelia*, IV. évf. 1. Nr. 1: 11-16 p.
- BARTHA D; MÁTYÁS CS. szerk (1995): *Erdei fa- és cserjefajok előfordulása Magyarországon*, OTKA, Sopron.
- BECKER, A. (1979): Ökologische, physiologische, genetische und praktische waldbauliche Aspekte des Vorkommens von Wurzelbrut bei Waldbäumen; *Mitteilungen der Landesanstalt für Ökologie, Landschaftsentwicklung und Forstplanung NRW*, Nr 4: 40-45 p.
- BREWER, S; CHEDDADI, R; DE BEAULIEU, J.L; REILLE, A; DATA CONTRIBUTORS (2002): The spread of deciduous *Quercus* throughout Europe since the last glacial period; *Forest Ecology and Management*. Vol. 156. Nr. 1-3: 27-48. p.
- BORDÁCS S; MÁTYÁS CS. (1997): Erdészeti génmegőrzési program kidolgozását kezdeményezi a Növényi Génbank Tanács Erdészeti Munkabizottsága; *Erdészeti Lapok*, Nr. 4: 110-111. p.
- BORDÁCS S; BURG K. (1997): Genetic differentiation by RAPD-markers of oak species in Hungary. *Diversity and Adaptation in Oak Species*. II. Conference of IUFRO Working Party on Genetics of *Quercus*, State College Pennsylvania, USA 12-17 October, 1997. 121-131 p.
- BORDÁCS S. (2000): Assessing of cpDNA diversity in Hungarian oak populations and its silvicultural aspects. *Glas. Sum. Pokuse, (Ann. Exp. Silv. Cult. Prov.)* Vol. 37. 383-394p.
- BORDÁCS, S; POPESCU, F; SLADE, D; CSAIKL, U.M; LESUR, I; BOROVIĆ A; KÉZDY P; KÖNIG A.O; GÖMÖRY, D; BREWER, S; BURG, K; PETIT R.J. (2002): Chloroplast DNA variation of white oaks in northern Balkans and in the Carpathian Basin. *Forest Ecology and Management*. Vol. 156. Nr. 1-3: 197-209. p.
- BORDÁCS S. (2002): A DNS-polimorfizmus elemzéséhez alkalmazott módszerek; in: Mátyás Cs. szerk: *Erdészeti – természetvédelmi genetika*; Mezőgazda Kiadó, Budapest, 2002. p. 52-55. p.
- BORHIDI A. (1998): *A zárva-termők fejlődéstörténeti rendszertana*; Nemzeti Tankönyvkiadó Rt; Budapest.
- BOROVIĆ A. (2001): Kicsi a gén, de... in: SOMOGYI Z: *Erdő nélkül? l'Harmattan* Kiadó, Budapest.
- BOROVIĆ A. (2003): *Keményítő gélelektroforézis metodika*, Kézirat, ERTI Sárvár.
- BUCCI, G; VENDRAMIN, G.G. (2001): Delineation of genetic zones in the European Norway spruce natural range: preliminary evidences; *Molecular Ecology* 9: 923-934 p.
- BUND-LÄNDER-ARBEITSGRUPPE "ERHALTUNG FORSTLICHER GENRESSOURCEN" (1989): *Konzept zur Erhaltung forstlicher Genressourcen in der Bundesrepublik Deutschland*, *Forst und Holz*, Nr: 15., 379-404 p.
- BURSCHEL, P; HUSS, J. (1997): *Grundriß des Waldbaus*, Parey Buchverlag, Berlin.
- COMPS, B; MÁTYÁS CS; LETOUZEY, J; GEBUREK, T. (1998): Genetic variation in beech populations (*Fagus sylvatica* L.) along the alpine chain and in the hungarian basin, *Forest Genetics* Nr. 5: 1-9 p.
- COTTREL, J.E; MUNRO, R.C; TABBENER, H; GILLIES, A.C.M; DEANS, D; LOWE, A.J. (2002): Distribution of chloroplast DNA variation in British oaks (*Quercus robur* and *Q. petraea*): the influence of postglacial colonisation and human management; *Forest Ecology and Management*. Vol. 156. Nr. 1-3: 181-196. p.

- CSAPODY I; CSAPODY V; ROTT F. (1966): Erdői fák és cserjék; Országos Erdészeti Főigazgatóság, Budapest.
- CSÓKA P; SOMOGYI Z. (2000): A tartamos (fenntartható) erdőgazdálkodás európai követelményei és indikátorai in. MÁTYÁS CS. (szerk.): Páneurópai kezdeményezés az erdők védelmére, FVM Erdészeti Hivatal, Budapest, 23-34 p.
- CSÓRE P. (1980): A magyar erdőgazdálkodás története - Középkor, Akadémiai Kiadó, Budapest.
- DAGENBACH H. (2001): Inzuchterscheinungen beim Speierling, Corminaria Nr. 15: 11-12 p.
- DANSZKY I. szerk. (1984): Eljárási szabályzat az erdészeti vetőmagvak és ültetési anyagok termelésével, forgalmazásával, valamint a fajtaminősítéssel és fajtafenntartással összefüggő tevékenységről; NÖMI, Budapest.
- DEMESURE, B; SODZI, N; PETIT, J. (1995): A set of universal primers for amplification of polymorphic non-coding regions of mitochondrial and chloroplast DNA in plants; *Molecular Ecology* 4: 129-131. p.
- DEMESURE, B. (1997): Mountain ash (*Sorbus* sp.); in. TUROK J; COLLIN E; DEMESURE B; ERIKSSON G; KLEINSCHMIT J; RUSANEN M; STEPHAN R. (szerk.): Noble Hardwoods Network. Report of the second meeting 22-25 March 1997, Lourizán, Spain. International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy, 48-50 p.
- DEMESURE, B. (1999): Sequency of the primers and PCR programs of *Sorbus* species, pers. inf. of INRA, Orleans.
- DEMESURE, B; LE GUERROUÉ, B; LUCCHI, G; PRAT, D; RÉMY-JACQUES, P. (2000): Genetic variability of scattered temperate forest tree: *Sorbus torminalis* L. (Crantz), *Ann. For. Sci.* 57: 63-71 p.
- DIERBACH, J. H. (1839): Grundriss der allgemeinen ökonomisch-technischen Botanik oder systematische Beschreibung der nutzbaren Gewächse aller Himmelsstriche, Zweiter Theil, Druck und Verlag von Karl Groos, Heidelberg und Leipzig.
- DRAPIER, N. (1993): Écologie de l' Alisier torminal, *Sorbus torminalis* (L.) Crantz; *Rev. For. Fr.* Nr. 3: 229-243 p.
- DUMOLIN-LAPEGUE, S; COMPS, B; PETIT R. J. (1995): Inheritance of chloroplast and mitochondrial genomes in pedunculate oak investigated with an efficient PCR method, *Theor. Appl. Genet.* Nr. 91, 1253-1256 p.
- DUMOLIN-LAPEGUE S; DEMESURE, B; FINESCHI, S; LE CORRE, V; PETIT, R.J; (1997): Phylogeographic structure of white oaks throughout the European continent. *Genetics* 146, 1475-1487.
- DUPRAZ, C; AUCLAIR, D; GUITTON J.-L. (1992): L' Agroforestiere Néo-Zélandaise, 1^{re} partie; *Rev. For. Fr.* Nr. 6: 525-537 p.
- FEKETE L; MÁGÓCSY-DIETZ S. (1896): Erdészeti Növénytan, Országos Erdészeti Egyesület, Budapest.
- FEKETE L; BLATTNY, T. (1913): Az erdészeti jelentőségű fák és cserjék elterjedése a magyar állam területén, Selmechánya.
- FERNANDEZ, R; SANTI, F; DUFOUR, J. (1996): Ausgewähltes Vermehrungsgut der Vogelkirsche in Frankreich, *AFZ / Der Wald*, Nr. 6: 290-294. p.
- FINKELDEY, R; MÁTYÁS G; SPERISEN, C; BONFILS, P. (2000): Strategien zur Auswahl forstlicher Genreservate in der Schweiz, *Forest Snow Landscape Research* Vol: 75, Nr.1-2: 137-152 p.
- FINKELDEY, R; MÁTYÁS G. (1999): Assesment of population history and adaptive potential by means of gene markers; in MÁTYÁS CS. (ed): 91-104 p.
- FRISNYÁK S. (1990): Magyarország történeti földrajza; Tankönyvkiadó, Budapest.
- GAILING, O; WACHTER, H; LEINEMANN, L; HOSIUS, B; FINKELDEY, R; SCHMITT, H-P; HEYDER, J. (2003): Charakterisierung verschiedener Ursprungsgebiete der Späteiche (*Quercus robur* L.) mit Hilfe von DNS-Markern aus dem Chloroplastengenom; *Allgemeine Forst- und Jagdzeitung*; 174 Jg. Nr. 12: 227-231 p.

- GEBUREK, TH. (1998): Forstgenetische Aspekte der Strasbourg- und Helsinki-Resolutionen; in: GEBUREK, TH; HEINZE, B. (szerk): Erhaltung genetischer Ressourcen im Wald – Normen, Programme, Maßnahmen; Ecomed Verlagsgesellschaft, Landsberg, 64-76 p.
- GERMAIN, B. (1993): Régénération d' Alisier torminal. Un réseau de placettes à 30 km de Notre-Dame de Paris, en forêt régionale de Ferrières (Seine-et-Marne); Rev. For. Fr. Nr. 3: 335-343 p.
- GILLET, E. M. (1998): GSED – Genetic Structures from Electrophoresis Data; Institut für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Universität Göttingen, Göttingen.
- GILLET, E. M; ZIEHE M. (2002): Differentiation between populations - the F_{ST} -principle, manuscript; Institut für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Universität Göttingen, Göttingen.
- GILLET, E. M; GREGORIUS H-R; ZIEHE M. (2004): May inclusion of trait differences in genetic cluster analysis alter our views? Forest Ecology and Management 197: 149-158 p.
- GOUDET, J. (2002): Fstat 2.9.3.2; Institute of Ecology, University of Lausanne, Lausanne.
- GRÄTER, C. (1996): Der Wald immergrün; DRW-Verlag Weinbrenner GmbH & Co; Leinfelden-Echterdingen.
- GRÄTER, C. (1997): Linde und Hag; DRW-Verlag Weinbrenner GmbH & Co; Leinfelden-Echterdingen.
- GREGORIUS, H-R. (1974): Genetischer Abstand zwischen Populationen I. Zur Konzeption der genetischen Abstandmessung; Silvae Genetica 23: 22-27 p.
- GREGORIUS, H.-R; ROBERDS J. H. (1986): Measurement of genetical differentiation among subpopulations; Theoretical and Applied Genetics, Nr. 71: 826-834 p.
- GRODZICKER, T; WILLIAMS, J; SHARPS, P; SAMBROOK, J. (1974): Physical mapping of temperature-sensitive mutations of adenovirus; Cold Spring Harbor Symp. Quant. Biol. 39: 439-446. p.
- GYULAI F. (2001): Archaeobotanika; A kultúrnövények története a Kárpát-medencében a régészeti-növénytan vizsgálatok alapján; József Műhely Kiadó, Budapest.
- HAJÓSNÉ NOVÁK M. szerk. (1999): Genetikai variabilitás a növénynevelésben, Mezőgazda Kiadó, Budapest.
- HAMRICK, J.L; GODT, M.J.W; SHERMAN-BROYLES, S.L. (1992): Factors influencing levels of genetic diversity in woody plant species; New Forests, Nr. 6: 95-124 p.
- HARTIG, T. (1851): Vollständige Naturgeschichte der forstlichen Culturpflanzen Deutschlands, A Förstner'sche Verlagsbuchhandlung, Berlin.
- HATTEMER H.H; BERGMANN, F; ZIEHE M. (1993): Einführung in die Genetik für Studierende der Forstwirtschaft; J.D. Sauerlander's Verlag, Frankfurt am Main.
- HEINZE, B. (1998): Molekulargenetische Unterscheidung und Identifizierung von Schwarzpappeln und Hybridpappelnklonen; FBVA-Berichte (Schriftenreihe der Forstlichen Bundesversuchsanstalt) Wien.
- HOOD, G.M. (2005): PopTools 2.6.6;
- HORÁNSZKY A. (1964): Die wälder des Szentendre-Visegráder Gebirges; Akadémiai Kiadó, Budapest.
- HUBERT, M. (1980): Le merisier arbre à bois; Institut pour le développement Forestier, Paris.
- JEREB O. (1982): Erdműveléstan I; Mezőgazdasági Kiadó, Budapest.
- JUHÁSZ NAGY P. (1981): Az evolúciós gondolat; in: VIDA G. (szerk): 7-25 p.
- KAUSCH BLECKEN V. SCHMELING, W. (1994): Die Elsbeere; Szerző magánkiadása, Bovenden.
- KAUSCH BLECKEN V. SCHMELING, W. (2000): Der Speierling; Szerző magánkiadása, Bovenden.
- KÁRPÁTI Z. (1951. edit 1953): A barkócafa – Sorbus torminalis (L.) Cr. Alakváltozatossága; Agrártud. Egy. Kert. És Szőlőgazdaságtud. Kar Évk. 2/2, 11-46 p.
- KÁRPÁTI Z. (1959/60): Die Sorbus-Arten Ungarns und der angrenzenden Gebiete; Feddes Repertorium – specierum novarum regni vegetabilis, Band 62, Akademie Verlag, Berlin.
- KÁRPÁTI Z. (1964): A fajkeletkezés és geobotanika vonatkozásai az európai berkenyénél; Kertészeti és Szőlészeti Főiskola Közleményei, II: 31-46 p.

- KÉZDY P. (1999): Lisztesfonákú berkenyék – *Sorbus* spp; in: BARTHA D; BÖLÖNI J; KIRÁLY G. (szerk): Magyarország ritka fa- és cserjefajai I; TILIA Vol. VII; Soproni Egyetem, Erdőmérnöki Kar, Növénytan Tanszék, Sopron.
- KISS Á. (1939): Adatok a Hegyalja flórájához, Botanikai Közlemények, XXXVI kötet; 5-6. füzet, 181-273 p.
- KISS B. (2001): Der Speierling (*Sorbus domestica* L.) im Donauknien; Corminaria Nr. 15: 22-23 p.
- KITAIBEL P. (1803): Iter Bereghense 1803, a Hegyaljára vonatkozó naplórészletek, közlése: GOMBOCZ E. Botanikai Közlemények, XXXVI kötet; 5-6. füzet, 273-296 p.
- KLEINSCHMIT, J; WAGNER, I. (1995): Erhaltung von Wildobst in Nordwestdeutschland, AFZ / Der Wald, Nr. 26: 1458-1462. p.
- KLEINSCHMIT, J. (1998): Erhaltung und Nutzung wertvoller Edellaubbaumarten; Forst und Holz, Nr. 17: 515-519 p.
- KLEINSCHMIT, J; KLEINSCHMIT J. R. G. (2002): Genetics and tree breeding in. Management of valuable broadleaved forests in Europe; Kézirat, Lower Saxony Forest Research Institute - Department of Forest Genetic Resources Staufenberg/Escherode — Georg August University of Göttingen - Institute for Forest Genetics.
- KLUMPP, R; KIRISITS, T. (1998): The Genus *Sorbus* in Austrian Forestry; Proceedings of the Workshop: The Conservation Status of *Sorbus* in the UK, Wakehurst Place 28th April 1996; Published by Royal Botanic Gardens Kew, 51-60 p.
- KONKOLYNÉ GYURÓ É. (1990): A tájpotenciál és a tájhasználat összefüggései a Zempléni-hegységben; Kandidátusi értekezés, KÉE, Budapest.
- KREBS, F. L. (1826): Vollständige Beschreibung und Abbildung der sämtlichen Holzarten welche im mittlern und nordlichen Deutschland wild wachsen für Gutsbesitzer, Forstmänner, Ökonomen und Freunde der Natur; Druck und Papier von Friedrich Bieweg und Sohn, Braunschweig.
- LAMPRECHT, H. (1951): Verbreitung und waldbauliches Verhalten einiger Nebenbaumarten im schweizerischen Mittelland; Schweizerische Zeitschrift für Forstwesen – Journal forestier Suisse, Nr. 10: 470-475 p.
- LEIBUNDGUT, H. (1951): Naczücht und Erziehung der Nebenbaumarten; Schweizerische Zeitschrift für Forstwesen – Journal forestier Suisse, Nr. 10: 475-479 p.
- LILJEFORS, A. (1953): Studies on propagation, embryology and pollination in *Sorbus*; Acta Hort Bergiani 16: 277-329 p.
- LILJEFORS, A. (1955): Cytological studies in *Sorbus*; Acta Hort Bergiani 17: 47-113 p.
- LIPPAY J. (1664-1667): A posoni kert. Nagyszombat - Bécs. Reprint: Akadémiai Kiadó, Budapest, 1977.
- LOWE, A; MUNRO, R; SAMUEL, S; COTTRELL J. (2004): The utility and limitations of chloroplast DNA analysis for identifying native British oak stands and for guiding replanting strategy; Forestry, vol. 77, nr. 4: 335-347. p.
- MACHON, N; LEFRANC, M; BILGER, I; MAZER, S.J; SAAR, A. (1997): Allozyme variation in *Ulmus* species from France: analysis of differentiation, Heredity, Nr. 78: 12-20 p.
- MATTILA, A; VAKKARI, P. (1997): Genetic variation of *Quercus robur* and *Ulmus laevis* in Finland; in Proc. Nord. Meet. For. Genet. tree Breeders, Estonia, 63-68 pp.
- MAYER, P. (2000): Az "Európai Erdők Védelme Miniszteri Konferencia" szervezete és megvalósulása; in: MÁTYÁS CS. (szerk.): Páneurópai kezdeményezés az erdők védelmére, FVM Erdészeti Hivatal, Budapest, 13-22 p.
- MÁTYÁS, CS. (1994): Egy megújítható erőforrás hasznosításának évszázados tanulságai; Magyar Tudomány, Nr. 10: 1184-1189 p.
- MÁTYÁS CS. szerk. (1998): Az erdei fás növények génmegőrzési alapelveinek kidolgozása; Növényi Génbank Tanács Erdészeti Munkabizottsága – OMMI, Budapest.
- MÁTYÁS CS. szerk. (1999/a): Genetikailag veszélyeztetett, ritka fajok génmegőrzésének gyakorlati teendői; Növényi Génbank Tanács Erdészeti Munkabizottsága – OMMI, Budapest.

MÁTYÁS CS. (1999/b): Molekuláris markerek alkalmazása az erdészeti növénynemesítésben; in. HAJÓSNÉ NOVÁK M. (szerk): Genetikai variabilitás a növénynemesítésben, Mezőgazda Kiadó, Budapest.

Mátyás Cs; Barna T; Borovics A; Nagy L; Nyári L; Szulcsán G. (2001): BESZÁMOLÓ JELENTÉS A 2001. ÉVBEN VÉGREHAJTOTT KOCSÁNYTALAN TÖLGY, KOCSÁNYOS TÖLGY, BÜKK ERDÉSZETI GÉNREZERVÁTUMOKNAK ALKALMAS TERÜLETEK KIJELÖLÉSÉRŐL; NÖVÉNYI GÉNBANK TANÁCS ERDÉSZETI MUNKABIZOTTSÁGA, SOPRON.

MÁTYÁS CS. szerk. (2002): Erdészei és természetvédelmi genetika; Mezőgazda Kiadó, Budapest.

Mátyás Cs; Barna T; Borovics A; Nagy L; Nyári L; Szulcsán G. (2003): BESZÁMOLÓ JELENTÉS A 2003. ÉVBEN VÉGREHAJTOTT KOCSÁNYTALAN TÖLGY, KOCSÁNYOS TÖLGY, BÜKK ÉS FENYŐ ERDÉSZETI GÉNREZERVÁTUMOKNAK ALKALMAS TERÜLETEK KIJELÖLÉSÉRŐL; NÖVÉNYI GÉNBANK TANÁCS ERDÉSZETI MUNKABIZOTTSÁGA, SOPRON.

Mátyás Cs; Barna T; Borovics A; Nagy L; Nyári L; Szulcsán G. (2004/A): BESZÁMOLÓ JELENTÉS A 2004. ÉVBEN VÉGREHAJTOTT KOCSÁNYTALAN TÖLGY, KOCSÁNYOS TÖLGY, BÜKK ÉS FENYŐ ERDÉSZETI GÉNREZERVÁTUMOKNAK ALKALMAS TERÜLETEK KIJELÖLÉSÉRŐL; NÖVÉNYI GÉNBANK TANÁCS ERDÉSZETI MUNKABIZOTTSÁGA, SOPRON.

Mátyás Cs; Barna T; Borovics A; Nagy L; Nyári L; Szulcsán G. (2004/B): ZÁRÓJELENTÉS A 2003/2004. ÉVEKBEN VÉGREHAJTOTT KOCSÁNYTALAN TÖLGY, KOCSÁNYOS TÖLGY, BÜKK ÉS FENYŐ ERDÉSZETI GÉNREZERVÁTUMOKNAK ALKALMAS TERÜLETEK KIJELÖLÉSÉRŐL; NÖVÉNYI GÉNBANK TANÁCS ERDÉSZETI MUNKABIZOTTSÁGA, SOPRON.

MÁTYÁS V. (1961): Bükköseink fenntartása és a magtermelés célját szolgáló állományok szerepe, Erdészeti Kutatások, 57. évf, 1-3. sz., 87-103. p.

MÁTYÁS V. (1968): Magtermelő és átlagon felüli állományok kiválasztása; in. NEMKY E. (szerk): Erdészeti növénynemesítés, Mezőgazdasági Kiadó, Budapest.

MCPHERSON, M. J; QUIRKE, P; TAYLOR G. R. (1994): PCR - A Practical Approach - Volume 1; Oxford University Press, Oxford.

MENN C. (1998): Isoenzymatisch-genetische Untersuchung an Elsbeere (*Sorbus torminalis* (L.) Crantz); Diplomarbeit in Forstgenetik, ETH Zürich.

METZGER, J. (1841): Landwirtschaftliche Pflanzenkunde, oder praktische Anleitung zur Kenntniß und zum Anbau der für Ökonomie und Handel wichtigen Gewächse, Zweite Abteilung; Akademische Verlagsbuchhandlung von C. F. Winter, Heidelberg.

MEUSEL, H; JÄGER, E; WEINERT, E. (1965): Vergleichende Chronologie der zentraleuropäischen Flora, Jena.

MEZŐGAZDASÁGI ÉS ÉLELMÉZÉSÜGYI ÉRTESÍTŐ 27. szám: A földművelésügyi miniszter 92/1997. (XI. 28.) FM rendelete a növényi genetikai anyagok megőrzéséről és felhasználásáról.

MÉLIUSZ JUHÁSZ P. (1578): Herbarium, Kiadó: Heltai Gáspárné, Kolozsvár; Reprint: SZABÓ T. A. szerk. (1978); Helikon Könyvkiadó, Bukarest

MOLNÁR G. (1996): Ártéri gazdálkodás, TILIA II; Erdészeti és Faipari Egyetem, Sopron.

MULLER, C; LAROPPE, E. (1993): Conservation et germination des semences, Rev. For. Fr. Nr. 3: 253-260 p.

MÜLLER-STARCK, G; ZIEHE, M. (1991): Genetic variation in populations of *Fagus sylvatica* L; *Quercus robur* L. and *Quercus petraea* Liebl. in Germany; in MÜLLER-STARCK, G; ZIEHE, M. (ed): Genetic variation in European populations of forest trees; Sauerländer Verlag, Frankfurt am Main, 125-140 p.

NEI, M. (1972): Genetic distance between populations; American Naturalist, 106: 283-293. p.

NEI, M. (1975): Molecular population genetics and evolution; North-Holland, Amsterdam.

NELSON-JONES; E.B; BRIGGS, D; SMITH, A.G. (2002): The origin of intermediate species of the genus *Sorbus*; Theoretical and Applied Genetics 90

- NYÁRI L. (1999): A vadalma (*Malus sylvestris* L.) génmegőrzése; in. MÁTYÁS CS. (szerk): Genetikailag veszélyeztetett ritka fajok génmegőrzésének gyakorlati teendői; Környezetvédelmi Minisztérium - Növényi Génbank Tanács Erdészeti Munkabizottsága, Budapest.
- NYÁRI L.; MÁTYÁS CS. (2000): Ost - West Trends im Nährstoffgehalt von Buchenpflanzen im ungarischen Buchen-Herkunftsversuch; in. 24. Internationale Tagung der Arbeitsgemeinschaft für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung in Pirna / Hessen.
- NYÁRI L. (2000/a): Zárójelentés a barkócaberkenye (*Sorbus torminalis* (L.) Crantz) utódvizsgálatok létesítése a Dunántúli-középhegységet mintázó származásokból a Balatonfelvidéki Erdő- és Fafeldolgozó Rt. Keszthelyi Erdészetének területén, száraz- ságtűrés, DNS és szaporítóanyag-termesztési vizsgálatok c. kutatási feladatról; Nyugat—Magyarországi Egyetem, Környezettudományi Intézet, Sopron; azonosítási szám: NEM 1-24/99.
- NYÁRI L. (2000/b): Barkócaberkenye (*Sorbus torminalis* (L.) Crantz) cpDNS vizsgálatok első hazai eredményei; A VEAB régió doktoranduszainak tudományos fóruma, Társadalomtudományok, Mező- és Erdőgazdálkodás, 83-86 p.
- NYÁRI L. (2001): Vorkommen und Genetische Differenzierung der Elsbeere in Ungarn; Corminaria Nr. 15. 3-6 p.
- NYÁRI L. (2001): Über die Genetische Differenzierung von Elsbeere im Wuchsbezirk Transdanubisches-Mittelgebirge (Ungarn); FORUM Genetik — Wald — Forstwirtschaft, Forstliche Versuchsanstalt Baden-Württemberg, Tagungsbeiträge 23 p. und Poster; 2001. 06. 11-13. Németország.
- NYÁRI L. (2002/a): Fojtós berkenye (*Sorbus domestica*) és barkócaberkenye (*Sorbus torminalis*) genetikai vizsgálatok (PCR RAPD, PCR RFLP, izoenzim) a Dunántúli-középhegységben különös tekintettel a Dunazug-hegységre; valamint összehasonlító termőhely-vizsgálatok a vadgyümölcs fajok (CSNY, KT, FOBE, BABE) termőhelyi igényeire vonatkozóan és ágnyesési kísérletek beállítása a Bakonyban és a Balaton-felvidéken c. projekt beszámoló jelentése; Nyári László, Bakonytamási; azonosítási szám: 3-a/2001.
- Nyári L. (2002/b): BARKÓCABERKENYE (SORBUS TORMINALIS (L.) CRANTZ.) KLÓNÖSSZEÁLLÍTÁS GENETIKAI VIZSGÁLATA, MOLEKULÁRIS GENETIKAI MÓDSZEREKKEL A GENETIKAI DIVERZITÁS ÉRTÉK KIMUTATÁSÁRA C. PROJEKT ZÁRÓJELENTÉSE; NYÁRI LÁSZLÓ, BAKONYTAMÁSI; AZONOSÍTÁSI SZÁM: FVM 16.836/2002.**
- NYÁRI L. (2002/c): Fojtós berkenye (*Sorbus domestica*) törzsfák elhelyezkedése a Sátor-hegység erdőgazdasági tájban, valamint a génmegőrzés és nemesítés szakmai háttéranyaga; Dokumentáció, Nyári László, Bakonytamási.
- NYÁRI L. (2002/d): Speierlingsvorkommen im Zempléner-Gebirge; Corminaria Nr. 18. 12-13 p.
- NYÁRI L. (2003): Die Lage der Erhaltungszüchtung der Elsbeere (*Sorbus torminalis*) und des Speierlings (*Sorbus domestica*) in Ungarn; Corminaria Nr. 20. 3-5 p.
- NYÉKI J. szerk. (1980): Gyümölcsfajták virágzásbiológiája és termékenyülése, Mezőgazdasági Kiadó, Budapest.
- ODDOU-MURATORIO, S; PETIT, R. J; LE GUERROUE, B; GUESNET, D; DEMESURE, B. (2001/a): Pollen- versus seed-mediated gene flow in a scattered forest tree species, *Evolution*, 55(6): 1123-1135 p.
- ODDOU-MURATORIO, S; GUESNET, D; OZDEMIR, E; PETIT, R. J; B; DEMESURE, B. (2001/b): Patterns of seed dispersal in a scattered forest tree species (*Sorbus torminalis*) based on multi-scale investigation of population genetic structure for chloroplast DNA; in. MÜLLER-STARCK, G; SCHUBERT, R. ed: Genetic Response of Forest Systems to Changing Environmental Conditions, Vol. 70 (For. Sci.) 271-280 p. Kluwer Academic Publishers; Dordrecht, Boston, London.
- ODDOU-MURATORIO, S; GOUÉ, N; ESPAÑOL-ALVAREZ, E; MUSCH, B. (2001/c): Historical and current seed flow in a scattered tree species: a multi scale study in the wild service tree; Proceedings of the Workshop: Phylogeography of European forest trees and shrubs and application for their conservation and management, Fontainebleau, Paris, June 27-30th, 2001; Published by EU — ONF — INRA — CYTOFOR.
- OTTO, H. J. (1994): Waldökologie; Ulmer Verlag, Stuttgart.

- PAGE, R. D. M. (2001): TreeView; Division of Environmental and Evolutionary Biology; Institute of Biomedical and Life Sciences; University of Glasgow; Glasgow.
- PETTIT, R.J; WAGNER, D.B; KREMER, A. (1993): Ribosomal DNA and chloroplast DNA polymorphisms in a mixed stand of *Quercus robur* and *Q. petraea*. Ann. Sci. For. 50. (Suppl 1): 41-47.
- PETTIT, R.J; DEMESURE, B; PINEAU, E. (1996): Chloroplast DNA (cpDNA) differentiation at a local and continental scale in European oak species: the importance of historical factors. In: Inter- and intra-specific variation in European oaks: Evolutionary implications and practical consequences. Proceedings of the workshop Agro-Industrial Research Division. Brussels, 15-16 June 1994: 145-164. p.
- PETTIT, R.J; CSAIKL, U.M; BORDÁCS S; BURG K; COART E; COTTRELL J; DEANS J.D; DUMOLIN-LAPEGUE S; FINESCHI, S; FINKELDEY, R; GILLIES, A; GLAZ I; GOICOECHEA, P.G; JENSEN, J.S; KÖNIG, A.O; LOWE, A.J; MADSEN, S.F; MÁTYÁS G; MUNRO, R.C; PEMONGE, M.H; POPESCU, F; SLADE, D; TABBENER, H; TAURCHINI, D; VAN DAM, B; ZIEGENHAGEN B; KREMER A. (2002/a): Chloroplast DNA variation in European white oaks. Phylogeography and patterns of diversity based on data from over 2600 populations. Forest Ecology and Management. Vol. 156. Nr. 1-3: 5-26. p.
- PETTIT, R.J; BREWER, S; BORDÁCS S; BURG K; CHEDDADI, R; COART, E; COTTRELL, J; CSAIKL, U.M; DEANS, J.D; FINESCHI, S; FINKELDEY, R; GLAZ, I; GOICOECHEA, P.G; JENSEN, J.S; KÖNIG, A.O; LOWE, A.J; MADSEN, S.F; MÁTYÁS, G; MUNRO, R.C; POPESCU, F; SLADE, D; TABBENER, H; VAN DAM, B; ZIEGENHAGEN B; DE BEAULIEU J-L; KREMER A. (2002/b): Identification of refugia and postglacial colonisation routes of European white oaks based on chloroplast DNA and fossil pollen evidence. Forest Ecology and Management. Vol. 156. Nr. 1-3: 49-74. p.
- PIPER, H. (1998): Forstliche Erhaltungssamen-plantagen in Hessen, AFZ / Der Wald, Nr. 18, 924-925 p.
- PONS, O; PETIT, R.J (1996): Measuring and testing genetic differentiation with ordered versus unordered alleles; Genetics 144, 1237-1245 p. (HAPLONST és HAPERMUT szofverek)
- RABINOWITZ, D. (1981): Seven forms of rarity. in. SYNGE H. (szerk): The biological aspects of the rare plant conservation, New York, Willey, 205-217 p.
- RAPAICS R. (1940): A magyar gyümölcs; Királyi Magyar Természettudományi Társulat, Budapest.
- RASPÉ, O; JACQUEMART, A.L. (1998): Allozyme diversity and genetic structure of European populations of *Sorbus aucuparia*, Heredity, Vol. 81 (5): 537-545 p.
- RAYMOND és ROUSSET: Genepop 3.2
- REINHARDT, L. (1911): Die Erde und die Kultur, Band IV, 1. Hälfte; Verlag von Ernst Reinhardt, München.
- REUM, J. U. (1837): Forstbotanik; Arnoldischen Buchhandlung, Dresden und Leipzig.
- ROPER, P. (1993): The distribution of the Wild Service Tree, *Sorbus torminalis* (L.) Crantz, in the British Isles; Watsonia, Nr. 19: 209-229 p.
- ROTACH P. (1998): In situ conservation and promotion of Noble hardwoods: silvicultural management strategies; in TUROK J; JENSEN J; PALMBERG-LERCHE CH; RUSANEN M; RUSSEL K; DE VRIES S; LIPMAN E. (szerk): Noble Hardwoods Network. Report of the third meeting 13-16 June 1998, Sagadi, Estonia. International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy, 39- p.
- ROTACH P. (2000): Zur gefährdung seltener Baumarten in der Schweiz: Grundsätzliche Überlegungen, Situationsanalyse und zwei Fallbeispiele; Forest Snow and Landscape Research, Vol. 75, 1/2, 267-284 p.
- ROTACH, P. (2003): Technical guidelines for genetic conservation and use Service tree (*Sorbus domestica*), EUFORGEN Secretariat c/o IPGRI, Rome.
- RÖHRIG, E (1972): Die Nachzucht der Elsbeere (*Sorbus torminalis* L.), Der Forst- und Holzwirt, Nr. 19, 401-403 p.
- RUSANEN, M; MATTILA, A; VAKKARI, P. (1996): Jalojen lehtipuden geneettinen monimuotoisuus-säilytää ja käyttää; Metsänt Tied. 605: 45-52. p.

- SÁGI K; FÜZES M. (1966): A régészeti növénytan alapelemei és néhány módszertani kérdése; Múz. Módsz. Füz. Nr. 5: 71 p.
- SCHÜTE, G; BECK, O. A. (1996): Entwicklung einer Verjüngung mit Elsbeere und Kirsche von 1976-1995, Forst und Holz, Nr. 19, 627-628. p.
- SCHÜTE, G. (2000/a): In-situ und ex-situ Verjüngungsansätze für die Elsbeere, Corminaria, Nr. 14, 3-6 p.
- SCHÜTE, G. (2000/b): Waldbauliche in-situ und ex-situ Verjüngungskonzepte für die Elsbeere (*Sorbus torminalis* Crantz), Berichte des Forschungszentrums Waldökosysteme, Reihe A, Band. 168.
- SCHÜTE, G. (2001): Jugendwachstum und Schattentoleranz vegetativer Verjüngungen der Elsbeere (*Sorbus torminalis* Crantz); Forst und Holz, Nr. 1: 11-15 p.
- SIMON T. (1977): Vegetationsuntersuchungen im Zempléner-Gebirge, Akadémiai Kiadó, Budapest.
- SINAUER ASSOCIATES (1998) : PAUP 4.0 beta ; Sunderland, Massachusetts.
- SOUTHERN, E.M. (1975) : Detection of specific sequences among DNA fragments separated by gel electrophoresis ; J. Mol. Biol. Nr. 98: 503-517. p.
- STRASBURGER, E. (1998) : Lehrbuch der Botanik, Fischer Verlag , Stuttgart.
- SZABO L. szerk. (1975): Környezetvédelem ; MÉM Erdőrendezési Főosztály – Mezőgazdasági Kiadó, Budapest.
- SZAMOTA I.- ZOLNAI GY. (1902-1906): Magyar Oklevél-Szótár; Állami Könyvterjesztő Vállalat reprint sorozata, Budapest.
- SZELÉNYI L. (1993): Többváltozós módszerek. In. HARNOS Zs. Szerk: Biometriai módszerek és alkalmazásaik Minitab programcsomaggal. Gödöllő, 163-184 p.
- SZODFRIDT I. (1979): Magyarországi bükkösök génkészletének megőrzése és hasznosítása in MAJER A. (szerk): MTA Veszprémi Akadémiai Bizottságának Monográfiái, V. évf. 1. sz. sorozatszám: 7.
- TOMPA K; SZIKLAI O. (1981): Erdészeti növénynevelés; Mezőgazdasági Kiadó, Budapest.
- TUOK, J. (1996): Genetische Untersuchungen bei der Buche - Genetische Anpassungsprozesse und die Erhaltung von Genressourcen in Buchenwäldern (*Fagus sylvatica* L.); LÖBF-Schriftenreihe, Landesanstalt, Ökologie und Bodenordnung Forsten Nordrhein-Westfalen, Band 8.
- TUOK, J. (1998): Zusammenarbeit bei der praktischen Umsetzung von internationalen Resolutionen im Bereich forstlicher Genressourcen in Europa; in. GEBUREK, TH; HEINZE, B. (szerk): Erhaltung genetischer Ressourcen im Wald – Normen, Programme, Maßnahmen; Ecomed Verlagsgesellschaft, Landsberg, 77-85 p.
- TUOK, J; PALMBERG-LERCHE, C; SKROPPA, T; QUEDRAOGO, A. S. szerk. (1998): Conservation of forest genetic resources of Europe; International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy.
- YAGIHASHI, T; HAYASHIDA, M; MIYAMOTO, T. (1998): Effects of bird ingestion on seed germination of *Sorbus commixta*; Oecologia, Nr. 114: 209-212 p.
- YEH F. C; YANG, R; BOYLE, T. (1999): POPGENE 1.31; University of Alberta and Center for International Forestry Research.
- UNIVERSITY OF ILLINOIS (2000): BYOSIS-1
- ZANETTO, A; KREMER, A. (1995): Geographical structure of gene diversity in *Quercus petraea* (Matt.) Liebl. I. Monolocus patterns of variation, Heredity 75: 506-517 p.
- VANCSURA R. (1992): Dendrológia, Mezőgazda Kiadó, Budapest.

- VICARIO, F; VENDRAMIN, G. G; ROSSI, P; LIÒ, GIANNINI, R. (1995): Allozyme, chloroplast DNA and RAPD markers for determining genetic relationships between *Abies alba* and the relic population of *Abies nebrodensis*, *Theoretical and Applied Genetics* 90: 1012-1018 p.
- WACHTER, H. (2001): Untersuchungen zum Eichensterben in NRW, Teil II (1951-2000) *Schriftenreihe der Landesforstverwaltung NRW* 13: 1-112 p.
- WAGNER, S; NAGEL J. (1992): Ein Verfahren zur PC-gesteuerten Auswertung von Fish-eye-Negativfotos für Strahlungsschätzungen, *AFZ* 163: 110-116 p.
- WEISBERGER, H.-J; ALBRECHT, J; BOHNENS, H; RAU, M; SCHULZKE, R. (1985): Bedrohung der genetischen Vielfalt unserer Wälder durch Immissionen; *Forst und Holz*, Nr. 40: 235-238 p.
- WRIGHT, S. (1977): *Evolution and the genetics of populations; Experimental results and evolutionary deductions; Vol 3.* University Chicago Press, Chicago.
- ZÓLYOMI B. (1958): Budapest és környékének természetes növénytakarója; in PÉCSI M; MAROSI S; SZILÁRD J. ed: *Budapest Természeti Képe*, 509-642 p; Akadémiai Kiadó, Budapest.
- WWW.GREATGROVES.CO.UK/SPECIES.HTM

14. Mellékletek

I. melléklet:

**Barkócaberkenye (*Sorbus torminalis*) vizsgálati növényanyag
a Dunántúli-középhegységben
(BABE Dunántúl I. klónösszeállítás és kontroll)**

Sorszám	Törzsfaj	EG táj	Területi azonosító	Erdőgazdálkodó
KESZTHELYI-HG, BALATON-FELVIDÉK				
1	82	41/a	Keszthely 26 D	BEFAG Rt.
2	28	41/a	Vállus 83 C	BEFAG Rt.
3	29	41/a	Vállus 83 C	BEFAG Rt.
4	37	41/a	Lesenceistvánd 25 A	HM Bp, Uzsa
5	27	41/a	Sümege 41 C	HM Bp, Uzsa
6	80	41/a	Pula 33 A	BEFAG Rt.
7	81	41/a	Monostorapáti 34 B	BEFAG Rt.
8	14	42/a	Padragkút 5 C	VERGA Rt.
DÉLI-BAKONY				
9	5	42/a	Iharkút 44 B	BEFAG Rt.
10	111	41/a	Bánd 2 B	VERGA Rt.
11	21	42/a	<i>Szentgál 119 B</i>	Mohácsy Zoltán
12	24	42/a	Szentgál 3 B	Hajagi EBT
13	25	42/a	Szentgál 3 B	Hajagi EBT
14	26	42/a	Szentgál 3 B	Hajagi EBT
15	30	42/a	Szentgál 4 B	Hajagi EBT
16	31	42/a	Szentgál 4 B	Hajagi EBT
17	32	42/a	Szentgál 4 B	Hajagi EBT
BAKONYSZÜCS				
18	6-I	42/a	Bakonyszücs 18 A	BEFAG Rt.
19	7-II	42/a	Bakonyszücs 18 A	BEFAG Rt.
20	III.	42/a	Bakonyszücs 18 A	BEFAG Rt.
21	IV.	42/a	Bakonyszücs 18 A	BEFAG Rt.
22	8-V	42/a	Bakonyszücs 18 A	BEFAG Rt.
23	38-VI	42/a	Bakonyszücs 18 A	BEFAG Rt.
24	39-VII	42/a	Bakonyszücs 18 A	BEFAG Rt.
25	VIII.	42/a	Bakonyszücs 18 A	BEFAG Rt.
26	9-IX	42/a	Bakonyszücs 18 A	BEFAG Rt.
27	11-X	42/a	Bakonyszücs 18 A	BEFAG Rt.
28	XI.	42/a	Bakonyszücs 18 A	BEFAG Rt.
29	XII.	42/a	Bakonyszücs 18 A	BEFAG Rt.
30	XIII.	42/a	Bakonyszücs 18 A	BEFAG Rt.
31	XIV.	42/a	Bakonyszücs 18 A	BEFAG Rt.
32	12-XV	42/a	Bakonyszücs 18 A	BEFAG Rt.
33	XVI.	42/a	Bakonyszücs 18 A	BEFAG Rt.

34	XVII.	42/a	Bakonyszücs 18 A	BEFAG Rt.
35	XVIII.	42/a	Bakonyszücs 18 A	BEFAG Rt.
Sorszám	Törzsfa	EG táj	Területi azonosító	Erdőgazdálkodó
36	XIX.	42/a	Bakonyszücs 18 A	BEFAG Rt.
37	XX.	42/a	Bakonyszücs 18 A	BEFAG Rt.
38	XXI.	42/a	Bakonyszücs 18 A	BEFAG Rt.
39	XXII.	42/a	Bakonyszücs 18 A	BEFAG Rt.
40	XXIII.	42/a	Bakonyszücs 18 A	BEFAG Rt.
41	10-XXIV	42/a	Bakonyszücs 18 A	BEFAG Rt.
42	XXV.	42/a	Bakonyszücs 18 A	BEFAG Rt.
43	XXVI.	42/a	Bakonyszücs 18 A	BEFAG Rt.
44	XXVII.	42/a	Bakonyszücs 18 A	BEFAG Rt.
ÉSZAKI-BAKONY				
45	4	42/a	Fenyőfő 58 A	BEFAG Rt.
46	3	42/a	Ugod 63 F	BEFAG Rt.
47	1	42/a	Bakonybél 20 G	BEFAG Rt.
48	2	42/a	Bakonybél 20 G	BEFAG Rt.
49	33	42/a	Bakonybél 10 A	BEFAG Rt.
50	34	42/a	Bakonybél 10 A	BEFAG Rt.
51	35	42/a	Bakonybél 10 A	BEFAG Rt.
52	15	42/a	Csesznek 32 F	BEFAG Rt.
53	87	42/a	<i>Bakonyszentkirály 32 B</i>	BEFAG Rt.
54	102	42/a	Csesznek 46 E	BEFAG Rt.
VÉRTES				
55	110	41/a	Isztimér 85 A	VERGA Rt.
56	43	25	Csákvár 59 A	VEFAG Rt.
57	44	25	Csákvár 60 A	VEFAG Rt.
58	45	25	Csákvár 60 A	VEFAG Rt.
59	84	25	Oroszlány 58 E	VEFAG Rt.
60	85	25	Oroszlány 58 E	VEFAG Rt.
61	46	25	Várgesztes 12 D	VEFAG Rt.
62	48	25	Várgesztes 14 D	VEFAG Rt.
GERECSE				
63	74	23/a	Tardos 39 G	PP Rt.
64	75	23/a	Tardos 38 B	PP Rt.
65	77	23/a	Tardos 38 B	PP Rt.
66	78	23/a	Tardos 38 B	PP Rt.
67	79	23/a	Tardos 38 B	PP Rt.
68	96	23/a	Tardos 39 A	PP Rt.
69	97	23/a	Tardos 39 A	PP Rt.
70	98	23/a	Tardos 38 B	PP Rt.

Mellékletek

71	99	23/a	Tardos 38 B	PP Rt
72	90	23/a	Gyermely 32 A	PP Rt
73	91	23/a	Gyermely 32 A	PP Rt
74	92	23/a	Gyermely 32 A	PP Rt
75	70	23/a	Gyermely 85 B	PP Rt.
76	71	23/a	Gyermely 85 B	PP Rt
77	72	23/a	Gyermely 87 C	PP Rt
78	73	23/a	Gyermely 87 C	PP Rt

Sorszám	Törzsfa	EG táj	Területi azonosító	Erdőgazdálkodó
DUNAZUG-HG (KELET)				
79	52	23/a	Pilismarót 116 A	PP Rt
80	68	23/a	Pilismarót 133 B	PP Rt
81	49	23/a	Dömös 36 E	PP Rt.
82	50	23/a	Dömös 36 E	PP Rt
83	51	23/a	Dömös 36 E	PP Rt.
84	53	23/a	Pilisszentlászló 55 G	PP Rt.
85	54	23/a	Pilisszentlászló 55 G	PP Rt
86	SF	23/a	Visegrádi-hg	PP Rt
87	56	23/a	Visegrád 19 E	PP Rt
88	57	23/a	Visegrád 38 K	PP Rt.
89	58	23/a	Visegrád 49 B	PP Rt.
90	59	23/a	Visegrád 49 B	PP Rt.
91	60	23/a	Visegrád 49 B	PP Rt.
92	61	23/a	Visegrád 45 D	PP Rt.
93	63	23/a	Visegrád 44 E	PP Rt.
94	64	23/a	Visegrád 51 J	PP Rt.
95	65	23/a	Visegrád 44 E	PP Rt.
96	66	23/a	Visegrád 50 F	PP Rt
97	67	23/a	Visegrád 50 F	PP Rt
98	55	23/a	Dunabogdány 10 A	PP Rt.
99	BH	23/b	Budapest	PP Rt

A kontrollminták szürke mintázattal jelöltek.

II/a melléklet:

**A Zempléni – hegység
fojtós (házi) berkenye (*Sorbus domestica*) törzsfái**

Vizsg. Sz.	Törzsfá Ssz.	Hely	Koordináták		Megjegyzés
			É. szél.	K. hossz.	
1	12	Füzér	48-34-43	021-25-23	Országhatár
2	4	Füzér	48-32-13	021-27-29	Focipálya
3	5	Pusztafalu	48-32-43	021-29-19	Fő út 27.
4	6	Pusztafalu	48-32-50	021-29-07	Fő út 88.
5	7	Pusztafalu	48-32-42	021-29-24	Fő út 29.
6	8	Pusztafalu	48-32-58	021-29-09	Pusztafalusi legelő
7	9	Pusztafalu	48-32-56	021-29-18	Fő út 64.
8	10	Pusztafalu	48-32-55	021-29-25	Fő út 62.
9	80	Pusztafalu	48-32-31	021-28-49	Szérűskertek
10	81	Pusztafalu	48-32-32	021-28-50	Szérűskertek
11	82	Pusztafalu	48-32-33	021-28-51	Szérűskertek
12	83	Pusztafalu	48-32-34	021-28-52	Szérűskertek
13	84	Pusztafalu	48-32-35	021-28-53	Szérűskertek
14	85	Pusztafalu	48-31-53	021-29-20	Szőlőhegyek vége
15	105	Pusztafalu	48-31.731	021-29.852	EBT részlet széle
16	11	Füzérkomlós	48-30-52	021-27-03	Ady E. u. 5.
17	30	Füzérkajata	48-31.229	021-29.261	Ady E. u. 37.
18	31	Füzérkajata	48-31.158	021-29.979	Dózsa Gy. u. 41.
19	32	Vilyvitány	48-29-43	021-33-12	Rózsa u. 11.
20	33	Vilyvitány	48-29-44	021-33-13	Rózsa u. 11.
21	34	Vilyvitány	48-29-45	021-33-14	Rózsa u. 11.
22	35	Vilyvitány	48-29-40	021-33-18	Faluszél
23	36	Vilyvitány	48-30-02	021-33-24	Somogyi u. 52.
24	37	Vilyvitány	48-30-02	021-33-24	Somogyi u. 52.
25	78	Felsőregmec	48-29-36	021-35-58	Vilyvitány fele
26	79	Felsőregmec	48-29-54	021-35-14	Vilyvitány fele
27	104	Felsőregmec	48-29.533	021-36.161	Paplak kertje
28	77	Széphalom	48-26-07	021-37-47	Hosszúláz u. 10.
29	13	Kácsárd	48-23.046	021-35.374	Szőlőhegy
30	14	Kácsárd	48-23.060	021-35.320	Szőlőhegy
31	15	Kácsárd	48-22.966	021-35.068	Szőlőhegy
32	16	Kácsárd	48-23.173	021-35.070	Szőlőhegy
33	17	Kácsárd	48-23.192	021-35.353	Szőlőhegy
34	18	Kácsárd	48-23.168	021-35.421	Szőlőhegy
35	19	Kácsárd	48-23.133	021-34.675	Szőlőhegy
36	20	Kácsárd	48-22.960	021-34.744	Szőlőhegy
37	21	Kácsárd	48-22.959	021-34.745	Szőlőhegy
38	22	Kácsárd	48-22.898	021-34.768	Szőlőhegy
39	23	Kácsárd	48-22.841	021-34.792	Szőlőhegy
40	24	Kácsárd	48-22.894	021-34.859	Szőlőhegy
41	25	Kácsárd	48-22.872	021-34.890	Szőlőhegy

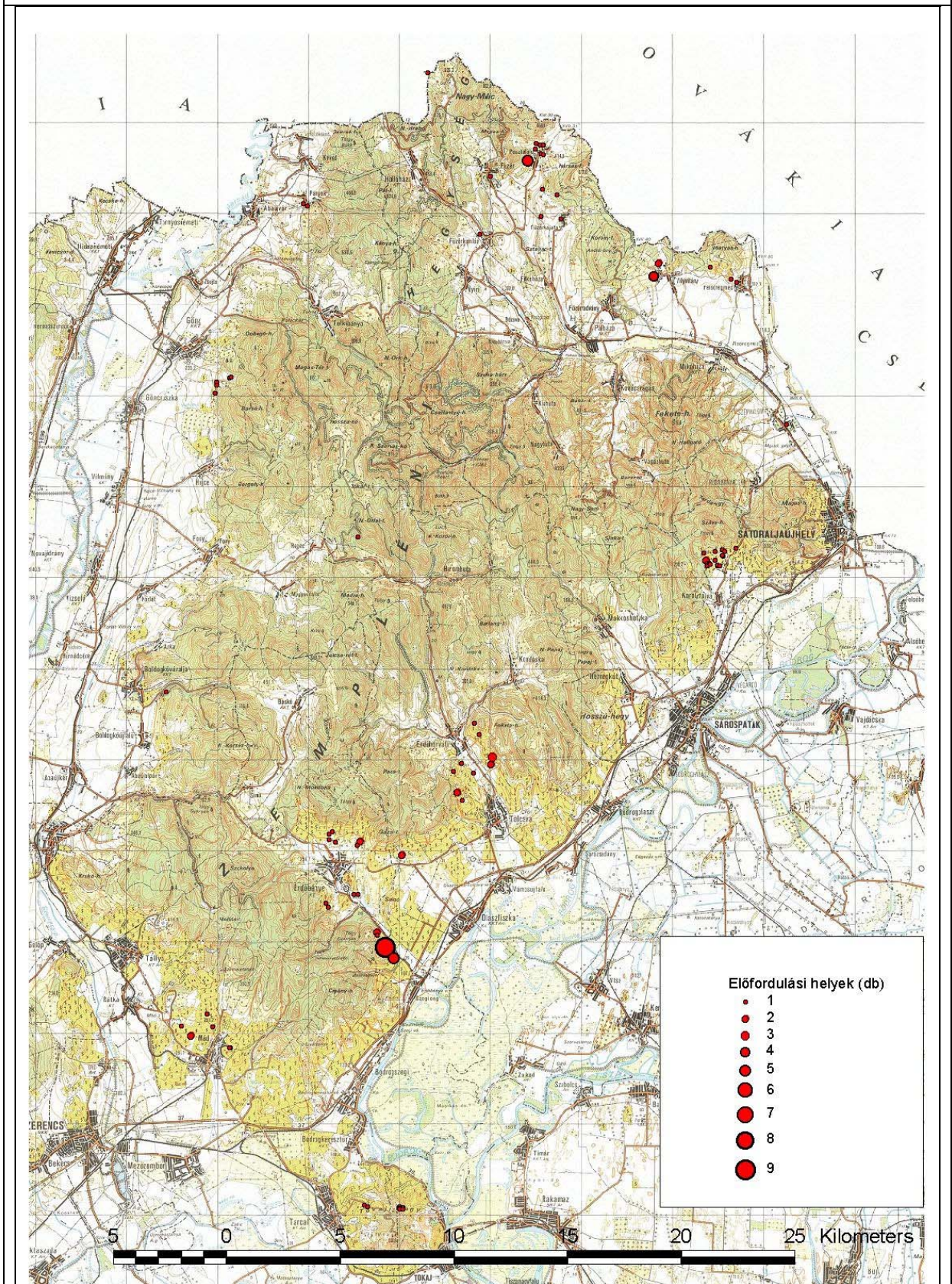
<i>Vizsg. Sz.</i>	<i>Törzsfa Ssz.</i>	<i>Hely</i>	<i>Koordináták</i>		<i>Megjegyzés</i>
42	26	Kácsárd	48-22.819	021-35.145	Szőlőhegy
43	27	Kácsárd	48-22.841	021-35.145	Szőlőhegy
44	28	Kácsárd	48-22.819	021-35.244	Szőlőhegy
45	29	Kácsárd	48-23.237	021-35.814	Szőlőhegy
47	2	Erdőhorváti	48-19-17	021-26-20	Véghegy oldal
48	3	Erdőhorváti	48-19-00	021-26-29	Véghegy oldal
49	38	Erdőhorváti	48-18-18	021-26-51	Határszeg dülő
50	39	Erdőhorváti	48-18-19	021-26-52	Határszeg dülő
51	40	Erdőhorváti	48-18-27	021-26-56	Határszeg dülő
52	41	Erdőhorváti	48-18-28	021-26-57	Határszeg dülő
53	42	Erdőhorváti	48-18-29	021-26-58	Határszeg dülő
54	67	Erdőhorváti	48-18-20	021-25-49	
55	68	Erdőhorváti	48-18-09	021-25-31	
56	69	Erdőhorváti	48-18-06	021-26-14	Határszúknál van
57	70	Tolcsva	48-17-28	021-25-48	Csöszház után
58	71	Tolcsva	48-17-38	021-25-39	Szőlőhegy
59	72	Tolcsva	48-17-39	021-25-41	Szőlőhegy
60	73	Tolcsva	48-16-34	021-22-09	+3 új
61	74	Tolcsva	48-16-35	021-22-11	+3 új
62	113	Erdőbénye	48-16.459	021-22.039	
63	111	Erdőbénye	48-16.209	021-23.611	
64	112	Erdőbénye	48-16.210	021-23.612	
65	63	Erdőbénye	48-16-33	021-21-16	Encs fele
66	64	Erdőbénye	48-16-37	021-21-03	Encs fele
67	65	Erdőbénye	48-16-45	021-21-03	Encs fele
68	66	Erdőbénye	48-16-48	021-21-10	Encs fele
69	61	Erdőbénye	48-15-07	021-20-51	Falu fölött
70	62	Erdőbénye	48-15-01	021-20-56	Falu fölött
71	59	Erdőbénye	48-15-19	021-21-51	Szegilong fűrészü.
72	60	Erdőbénye	48-15-18	021-22-01	Szegilong fűrészü.
73	57	Erdőbénye	48-14-22	021-22-39	Szegilong + fa
74	58	Erdőbénye	48-14-24	021-22-41	Szegilong + fa
75	116	Erdőbénye	48-14- 19	021-22-38	57 és 58 mellett
76	51	Erdőbénye	48-13-52	021-22-48	Szegilong (Együtt)
77	52	Erdőbénye	48-13-51	021-22-51	Szegilong (Együtt)
78	53	Erdőbénye	48-13-50	021-22-52	Szegilong (Együtt)
79	54	Erdőbénye	48-13-49	021-22-47	Szegilong (Együtt)
80	55	Erdőbénye	48-13-48	021-22-48	Szegilong (Együtt)
81	56	Erdőbénye	48-13-47	021-22-51	Szegilong (Együtt)
82	48	Erdőbénye	48-14-02	021-22-52	Szegilong (Nye p)
83	49	Erdőbénye	48-14-02	021-22-55	Szegilong (Nye p)
84	50	Erdőbénye	48-13-55	021-22-00	Szegilong
85	47	Erdőbénye	48-13-53	021-23-01	Szegilong (elestem)
86	46	Erdőbénye	48-13-51	021-23-02	Szegilong
87	45	Erdőbénye	48-13-51	021-23-03	Szegilong
88	44	Erdőbénye	48-13-49	021-23-06	Szegilong

<i>Vizsg. Sz.</i>	<i>Törzsfa Ssz.</i>	<i>Hely</i>	<i>Koordináták</i>		<i>Megjegyzés</i>
89	43	Erdőbénye	48-13-46	021-23-14	Szegilong
90	92	Tokaj	48-07.940	021-21.911	Kilométerkőnél
91	114	Tokaj	48-07.898	021-22.013	Km kőnél
92	93	Tokaj	48-07.847	021-23.125	Odvas, féloldalas
93	94	Tokaj	48-07.866	021-23.142	
94	95	Tokaj	48-07.838	021-23.135	
95	96	Tokaj	48-07.823	021-23.141	
96	97	Tokaj	48-07.858	021-23.281	
97	98	Tokaj	48-07.804	021-23-270	
98	85-2	Mád	48-12.571	021-16.539	
99	107	Mád	48-12.263	021-16.715	
100	108	Mád	48-12.312	021-15.602	Temetővel átellenben
101	109	Mád	48-12.065	021-15.945	
102	110	Mád	48-12.066	021-15.944	
103	90	Mád	48-11.750	021-17.329	Ref. Templom
104	91	Mád	48-11.752	021-17.298	Ref. Templom
46	1	Óhuta	48-23-46	021-22-23	Hagyásfa lécesben
105	99	Boldogkőváralja	48-20.238	021-15.404	
106	101	Gönc	48-27.636	021-17.969	
107	106	Gönc	48-27.655	021-18.023	101 mellett
108	115	Gönc	48-27-550	021-17-500	102 és 103 előtt
109	102	Gönc	48-27.475	021-17.518	
110	103	Gönc	48-27.285	021-17.434	
111	75	Pányok	48-31-42	021-20-48	Temető mellett
112	76	Pányok	48-31-39	021-20-56	Iskola mögött

A szürke mintázat az elméleti „szubpopulációk“ elkülönítésére szolgál.

II/b melléklet:

Fojtós berkenye (*Sorbus domestica*) előfordulási helyek a Zempléni-hegységben
(Térképmelléklet – méretarány nélkül)



III/a melléklet:

**A Dunazug – hegység keleti részének
fojtós (házi) berkenye (*Sorbus domestica*) törzsfái**

Ssz	új fa	község	erdő tag	Koordináták		tszf. m (m)	Megjegyzés
				É szél.	K hossz		
1	1	Bp. XII.ker.	40 A	47°28.924	18°58.963		Ördögrom szikla
2	2	Bp. II.ker.	39 G	47°31.769	18°57.494		Hárshegy. vasút alatt
3	3	Bp. II.ker.	45 B	47°32'18"	18°56'52"		Szépjuhászné út
4	4	Budapest		47°28'56"	18°58'56"		Hármas határ hegy
5	5	Bp. II.ker.	27 A	47°44'43"	18°53'41"		Nyéki hegy
6	6	Bp. II.ker.		47°44'43"	18°53'41"		Hűvösvölgy
7	8	Bp. III.ker.	16 A	47°34.163	18°59.296		Csúcshegy nagy
8	8/1	Bp. III.ker.	16 A	47°34.163	18°59.296		Csúcshegy nagy alatti
9	8/2	Bp. III.ker.	16 A	47°34.163	18°59.296		Csúcshegy kidőlt
10	9	Bp. II.ker.	41 C	47°31.813	18°57.658		vasút fölött
11	9/1	Bp. XII.ker.	8 E	47°30.499	18°57.908		Pálma kunyhó
12	10	Dömös	35 B	47°44.655	18°53.308	340	út alatt
13	12	Dömös	36 D	47°44.310	18°53.235	440	
15	14	Esztergom	23 J	47°45.634	18°48.399	300	
17	16/1	Tahi	23 A	47°44.006	19°04.094	260	villás
18	16/2	Tahi	23 A	47°44.006	19°04.094	260	középső
19	16/3	Tahi	23 A	47°44.006	19°04.094	260	alsó
20	16/4	Tahi	23 A	47°44.080	19°03.997	260	sarj csokor
21	17/1	Tahi	23 A	47°44.106	19°03.066	260	
22	17/2	Tahi	23 A	47°44.106	19°03.066	240	ferde
23	17/3	Tahi	23 A	47°44.106	19°03.066	240	ferde
24	17/4	Tahi	23 A	47°44.106	19°03.066	240	villás
25	17/5	Tahi	23 A	47°44.106	19°03.066	240	ferde
26	17/6	Tahi	23 A	47°44.060	19°04.093	260	út alatt
27	17/7	Tahi	23 A	47°44.043	19°04.077	280	iker törzs
30	19	Leányfalu	36 E	47°43.004	19°04.322	240	villás 2 m-ben
31	20	Leányfalu	36 A	47°42.871	19°04.453	240	egyenes
32	20/1	Leányfalu	36 A	47°42.852	19°04.441	260	ikerága levágva
33	21	Leányfalu	41 A	47°43.879	19°03.915	320	dagonya mellett. villás
34	21/1	Leányfalu	42 B	47°43.875	19°04.025	300	villás. nagy korona
35	22	Leányfalu	42 A	47°43.833	19°04.278	260	ferde
36	22/1	Leányfalu	42 A	47°43.833	19°04.278	280	egyenes
38	23	Leányfalu	42 A	47°43.885	19°04.316	260	erdőszegély
41	24	Leányfalu	45 C	47°43.914	19°04.348	240	nyiladék alatt
42	25	Leányfalu	45 C	47°43.926	19°04.347	240	etető felett kihajló
43	26	Leányfalu	45 C	47°43.949	19°04.373	240	etető alatt
44	27	Leányfalu	45 A	47°43.948	19°04.377	240	idős
45	28	Leányfalu	45 A	47°43.951	19°04.373	240	vékony. görbe
46	29	Leányfalu	45 A	47°43.958	19°04.379	240	idősebb
47	30	Leányfalu	45 A	47°43.968	19°04.366	240	villás
51	31	Leányfalu	45 A	47°43.945	19°04.395	240	két törzs

Ssz	új fa	község	erdő tag	Koordináták		tszf. m (m)	Megjegyzés
				É szél.	K hossz		
52	31/1	Tahi	23 C	47°44.063	19°04.382	240	villás.
54	31/3	Tahi	23 C	47°44.126	19°04.586	220	alászorult
55	31/4	Leányfalu	35 A	47°42.751	19°04.476	280	
59	32/1	Pilismarót	1 A	47°48.652	18°49.670	280	kihajló
60	32/2	Pilismarót	1 A	47°48.652	18°49.670	280	vastag
61	32/3	Pilismarót	1 A	47°48.652	18°49.670	280	vastag melletti
62	32/4	Pilismarót	1 A	47°48.652	18°49.670	280	vékony
63	33	Pilismarót	23 A	47°46.958	18°49.671	340	erdőszél
64	34	Pilismarót	40 D	47°47.453	18°48.567	340	
69	40	Pilismarót	103 A	47°45.496	18°52.654	280	idős
70	41	Pilismarót	103 A	47°45.583	18°52.646	280	aszfalt út alatt
72	43	Pilismarót	103 A	47°45.592	18°52.662	260	középső
73	44	Pilismarót	103 A	47°45.632	18°52.680	260	alsó. ferde
74	45	Pilismarót	105 D	47°45.210	18°52.557	360	
79	50	Pomáz	3 B	47°41.56	18°55.45	300	
82	55	Tahi		47°45.540	19°02.797	260	belső
83	56	Tahi		47°45.521	19°02.782	260	külső
89	62	Visegrád	41 C	47°44.848	18°56.696	280	út alatt
90	63	Visegrád	41 C	47°44.848	18°56.696	280	út alatt
91	63/1	Visegrád	41 C	47°44.843	18°56.689	280	út alatt
92	64	Visegrád	43 A	47°45.026	18°56.478	460	
93	65	Visegrád	47 D	47°45.350	18°56.612	300	cserkész út alatt. elől
95	67	Visegrád	47 D	47°45.194	18°56.506	320	cserkész út felett
96	68	Visegrád	47 D	47°45.220	18°56.526	320	dróttal szögelve
97	69	Visegrád	47 D	47°45.168	18°56.503	320	cserkész út felett
98	70	Visegrád	48 B	47°45.368	18°56.556	220	
99	71	Visegrád	49 B	47°45.075	18°56.358	320	út alatt
100	72	Visegrád	49 B	47°45.026	18°56.267	320	
101	73	Visegrád	49 B	47°45.050	18°56.272	320	
102	74	Visegrád	49 B	47°45.065	18°56.265	320	
103	75	Visegrád	49 B	47°45.144	18°56.247	320	
104	76	Visegrád	49 B	47°45.125	18°56.233	300	termés várható 2002.
105	77	Visegrád	49 B	47°45.147	18°56.140	280	
106	78	Visegrád	49 B	47°45.138	18°56.133	240	
107	79	Visegrád	49 B	47°45.225	18°56.163	280	
108	80	Visegrád	49 B	47°45.234	18°56.143	300	
109	81	Visegrád	49 B	47°45.238	18°56.132	280	
110	82	Visegrád	49 B	47°45.263	18°56.153	320	
112	83	Visegrád	49 B	47°45.174	18°56.176	300	12.alatt vastag
113	84	Visegrád	49 B	47°45.174	18°56.176	300	12.alatt vék-ny
114	85	Visegrád	50 F	47°45.289	18°56.606	220	
116	87	Visegrád	50 F	47°45.107	18°56.718	280	
118	89	Visegrád	50 M	47°4459''	18°5550''	300	nagy alsó
119	89/1	Visegrád	50 M	47°44.989	18°55.866	280	nagy alatt
120	90	Visegrád	50 M	47°4452''	18°5539''	340	kicsi felső

III/b melléklet:

Fojtós berkenye (*Sorbus domestica*) előfordulási helyek a Dunazug-hegységben
(Térképmelléklet – méretarány nélkül)

