

Nyugat-Magyarországi Egyetem

Doktori (PhD) értekezés tézisei

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

Nyári László

Sopron
2005

„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

A téma indoklása

Az emberi befolyás az elmúlt időszakban különösen drasztikusan megváltoztatta a rovarbeporzó elegyfajok populációinak szerkezetét. Élőhelyük nagyrészt a mezőgazdasági termelés áldozata lett. Az erdőirtások, a településszerkezet megváltozása és kiterjedése, az infrastruktúra fejlődése az erdei fák populációinak területi beszűkülését, ezáltal a populációnagyság csökkenését és az egyes populációk izolációját eredményezte. Újszerű problémaként jelentkezett napjainkban – különösen az erdei vadgyümölcsöknél - az introgresszió: a kulturfajtákkal történő visszakereszteződés, a genetikai identitás elvesztésének veszélye.

A vadgyümölcs elegyfajok megőrzése, az elegyesség biztosítása, az értékes lombelegy kímélete mindig részét képezte a hazai tervszerű erdőgazdálkodási gyakorlatnak. Nem vitatható, hogy az erdőtakaró területi csökkenése óhatatlanul maga után vonta a rovarmegporzás révén termékenyülő elegyfajok populációinak szegregálódását, az egyedszám csökkenését. Ezen változások azonban sokkalta inkább társadalmi gyökereűek, semmint erdészeti megfontolásokon alapulóak.

A nemes lombos elegyfajok, ill. erdei vadgyümölcsök mint a barkócaberkenye, házi berkenye, madárcseresznye, vadkörte, iránti fokozottabb érdeklődést az e fajok faanyaga iránt mutakozó kereslet, és az így elérhető magasabb árbevétel is nagyban indukálja. Ezt a hirtelen megnövekedett keresletet a rendkívül szép rajzolat, a viszonylagos ritkaság, és a trópusi faimport tilalma együttesen okozza.

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 operatíván részese az erdei génkészletek megőrzéséért indított kezdeményezéseknek.

A kutatás célja

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.

A génmegőrzésben prioritást szükséges kapniuk az alkalmazkodóképességet közvetlenül befolyásoló, ún. *adaptív tulajdonságoknak*. 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.

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.

A génmegőrzés-nemesítő munka szakmai célkitűzése egy ökológiaiailag körülhatárolható tájegységen belül az adott rovarmegporzó elegyfaj autochton a szubpopulációi / populációi közötti kommunikáció minél teljesebb biztosítása egy szintetikus populáción (magtermesztő ültetvényen, plantázson) belül. A törzsfakiválasztás révén 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.

Barkócaberkenye (S. torminalis)

A barkócaberkenye törzsfakijelölés szempontjai a törzsminőség 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 volt az előhegységi területek szálsankénti előfordulásait is számításba venni, mert olyan területeket mintáznak mely a fafaj (jelen esetben a a

barkócaberkenye) adott régió belüli repatriálása során potenciálisan szóba jöhető termőhelyek genetikailag adaptálódott génanyagát képviselik, és itt ők a legsikeresebb túlélők.

A barkócaberkenye növényanyag esetében a begyűjtött minták vizsgálata egyrészt a fafaj Dunántúli-középhegységben található ökológiai optimum területeinek populációiból származó, valamint az előhegységi szórvány-előfordulások pozitív egyedszelekción átesett törzsfáit, valamint egy kijelölt kontrollpopuláció (Bakonyszücs) populációgenetikai mérőszámainak összevetését célozhatta meg elsődlegesen, mivel a vizsgálati területre vonatkozó reprezentativitás a „mintavétel” okán nem biztosítottak.

Házi berkenye (S. domestica)

A házi berkenye vonatkozásában a mintavétel és kijelölés sokkalta reprezentatívabbnak volt tekinthető. A két tájegységen (Zempléni-hegység, Dunazug-hegység keleti része) belül valamennyi felkutatott házi berkenye egyed mintázására és vizsgálatára sor került. Ez utóbbi esetben a fafaj ritka előfordulása miatt a kialakításra kerülő regionális (adott erdőgazdasági tájon belüli) magtermesztő ültetvény kiindulási növényanyagát tekintve elsősorban az előfordulások felkutatásáról, és egy tájegységen belüli populációgenetikai elemzéséről lehet beszélni.

Kísérleti módszerek

A vizsgálati növényanyag

A barkócaberkenye minták vizsgálatakor kérdéskört vetett 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 téréhatárok között kialakított elméleti szubpopulációkét; illetőleg a vizsgálati eredmények milyen regionális differenciálódásra engednek következtetni.

A barkócafa minták esetében a reprezentativitás nem tekinthető biztosítottak 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 terméshozam szempontjai szerint pozitív kiválasztáson átesett barkócafa egyedek lehetőség szerint erdőgazdasági tájanként kerültek csoportosításra, amely esetekben pusztán idézőjeles 'szubpopulációkról' beszélhetünk. Esetenként ennél kisebb ököregionális 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.

A házi berkenye vizsgálati anyagot tekintve, mely a későbbi vizsgálati eredmények kiindulási növényanyagát jelentették, két erdőgazdasági tájban került sor törzsfakijelölésre. Elsőként a Zempléni-hegységben, (mely az erdészeti tájbesorolásban megfelel a Sátor-hegység erdőgazdasági tájnak), a tájra vonatkozó vizsgálati darabszám = 112. Másodikként a Gerecse-Pilis-Budai-hegyek erdőgazdasági táj keleti részén, a vizsgálatokban érintett egyedek száma 84 db volt.

A házi berkenye szubpopulációk régiókon belüli lehatárolásakor a rovarmegporzó elegendő fajok szaporodásbiológiája számára megfelelő felosztást kerestem. A rovarmegporzás esetében 2 km-es távolságon belül lehet effektíven hatékony megporzásról beszélni. 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.

Laboratóriumi vizsgálatok

A vizsgálati növényanyag (kollektívumok) genetikai variabilitásának meghatározásához felhasznált, egyed szintű laboratóriumi vizsgálatok célja elsődlegesen a teljes genom struktúrájában megtalálható, kimutatható (jelölt - marked) jellemzők vizsgálata és elemzése volt. E tulajdonság lehet akár morfológiai bélyeg, vagy köztes anyagcseretermék, az allél közvetlen terméke (fehérje), vagy közvetlenül a DNS bizonyos szakaszai, darabjai.

Izoenzimatis vizsgálatok

A barkócaberkenye minták izoenzimatis vizsgálatának elvégzésre, az eredmények statisztikai elemzésére is sor került.

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 enzim-variánsokat, amelyek elektroforézissel elkülöníthetők.

Az izoenzimatis 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 (Glutámát-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).

A DNS markerek vizsgálatai

A barkócaberkenye valamint a házi berkenye vizsgálati kollektívumok esetében a minták sejtmagi genetikai diverzitását azRAPD, a kloroplaszt-DNS jellemzőit a PCR-RFLP (ld. később) laboratóriumi vizsgálatokkal és statisztikai elemzésükkel határoztam meg.

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 szakaszosság eltérései mutathatók ki, a szekvencia eltérések nem.

A **RAPD-technika** (*Random Amplified Polimorphic 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 (így nem igényli a primer minden bázisának kapcsolódását). 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/sáv) hiánya jelent homozigóta recesszív allélt.

A **PCR-RFLP technika** (*Restriction Fragment Length Polymorphism*) olyan kombinált eljárás, amely során szekvencia (bázissorrend) specifikus primerekkel nagy, akár 10 kb hosszúságú fragmenseket 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 az elegendő mennyiségű DNS minta. Az organellum DNS (kloroplaszt DNS) analízisek erdészeti fajoknál is gyakori módszere.

Az organellum genom haploid, csak az egyik szülő által örökíthető át és nem rekombinálódik. A kloroplaszt-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.

Az anyai úton öröklődő cpDNS-markerek ugyanakkor a magvak útján történő génáramlást tükrözik vissza. Mindez a sejtmagi DNS (RAPD) elemzésével kiegészítve a faj genetikai változatosságát befolyásoló tényezők elemzésére alkalmas.

Összefoglalás

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

Barkócaberkenye esetében összehasonlításra kerültek a szintetikus populáció genetikai variabilitást jellemző mérőszámai a kontrollpopuláció ugyanezen mutatóival. A korábban leírt mintavétel leírása alapján kijelenthető, a barkócaberkenye 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 házi berkenye vonatkozásában 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.

Tudományos eredmények - tézisek

(1) Az életerős barkócaberkenye populációk általában terepi törésvonalak mentén alakulnak ki a Dunántúli-középhegységben. Jellemző ezen élőhelyek expozíciója, kitettsége és társulási viszonyai egyaránt. A faj 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 tájanként 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, amelyekben 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 egyed mintáztam és analizáltam. Az első helyszínen a házi berkenye meghatározóan antropogén befolyás alatt álló félkultur, kulturélőhelyeken jelenik meg, míg a második esetben a természet szerű erdőtársulások alá- vagy közészorult kísérő faja, 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) Izoenzimatikus vizsgálatok több esetben igazolták vissza, hogy a szétszórt habitattal (elegyes, tagolt előfordulással bíró) fajok esetében a populációk közötti differenciálódás értéke magasabb (F_{ST} érték). A barkócaberkenye izoenzimikus 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 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 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 lókuszok aránya (P), az átlagos allélszám (n), és az elvart heterozigócia (H_e) tekintetében a vizsgálati eredmények igazodtak a nemzetközi adatokhoz, valamint a magtermesztő ültetvény kedvezőbb mérőszámait tükrözték vissza: a lókuszokénti átlagos allélszám (n), és a polimorf lókuszok arányában (P). Mindezek mellett említést érdemel a kedvezőbb párosodási feltételek biztosítása egy ökológiailag elkülöníthető tájegység vonatkozásában.

(5) A barkócaberkenyé 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 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.

(6) Barkócaberkenyénél az izoenzimatis 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 izoenzimikus 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 tekinthetők: 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 tájföldrajzi / 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.

Publikációs jegyzék

Lektorált tanulmányok

Magyar nyelvű folyóiratban

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. (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. (2005): A házi berkenye (*Sorbus domestica L.*) és a barkócaberkenye (*Sorbus torminalis (L.) Crantz*) fajok etnobotanikai, kultúr- és erdészettörténeti háttere; BIO TÁR ELECTRONIC SERIES, Collecta Clusiana, (megjelenés alatt).

Külföldi, idegen nyelvű folyóiratban

Nyári L. (2001): Vorkommen und Genetische Differenzierung der Elsbeere in Ungarn; Corminaria Nr. 15. 3-6 p.

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.

Nemzetközi konferencia kiadványban idegen nyelven

Nyári L; Mátyás Cs. (2000): Ost - West Trends im Nährstoffgehalt von Buchenpflanzen im ungarischen Buchen-Herkunftversuch; in. 24. Internationale Tagung der Arbeitsgemeinschaft für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung in Pirna / Hessen, Tagungsbeiträge: 235-236 p. und Poster.

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.

Kutatási jelentés

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 Erdészeti 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. (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.