

A kutatás két nagyobb tématerületre osztható. Az egyik témacsoport a bükk és tölgy származási kísérletekben végzett munkákat öleli fel. A másik témacsoportot a tölgy populációk szülő-utód kapcsolatainak genetikai hátterét elemző vizsgálatok alkotják.

Származási kísérletek eredményei

Bükk származási kísérlet, Telkibánya.

Egy korábban létesített bükk származási kísérletben (Telkibánya) mintákat gyűjtöttünk izoenzim vizsgálatokhoz, amelynek célja az eltérő termőhelyi körülmények szelekciós hatásának modellezése lesz. Összesen 11 izoenzim allélra (AAT-B, ADH-A, GDH-A, AP-B, EST-A, IDH-B, MNR-A, 6PGDH-C, PGI-B, PGM-A és SKDH-A) végzett analízis alapján kapott eredmények elég jól tükrözik a populációk földrajzi elkülönülését. Az északi, közép-dunántúli és dél-dunántúli származási csoportok egyértelműen elkülönülnek egymástól. A vizsgálatokat az ERTI Sárvári Állomásán végezték el.

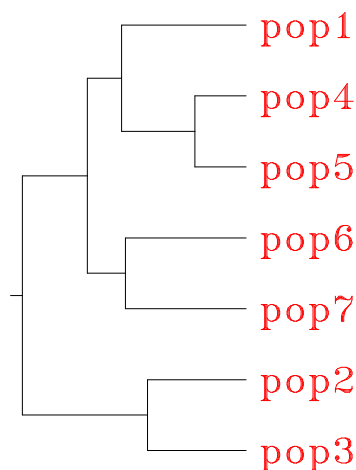
Nei-féle genetikai hasonlóság és távolság

```

=====
=====
pop ID      1          2          3          4          5          6          7
=====
=====
1           ****      0.9816    0.9853    0.9895    0.9871    0.9795
0.9884
2           0.0186      ****      0.9907    0.9786    0.9790    0.9770
0.9745
3           0.0148      0.0093      ****      0.9849    0.9849    0.9724
0.9730
4           0.0106      0.0216    0.0152      ****      0.9952    0.9814
0.9868
5           0.0129      0.0212    0.0152    0.0048      ****      0.9866
0.9880
6           0.0208      0.0233    0.0280    0.0188    0.0135      ****
0.9887
7           0.0116      0.0258    0.0274    0.0132    0.0120    0.0114
****
=====
=====

```

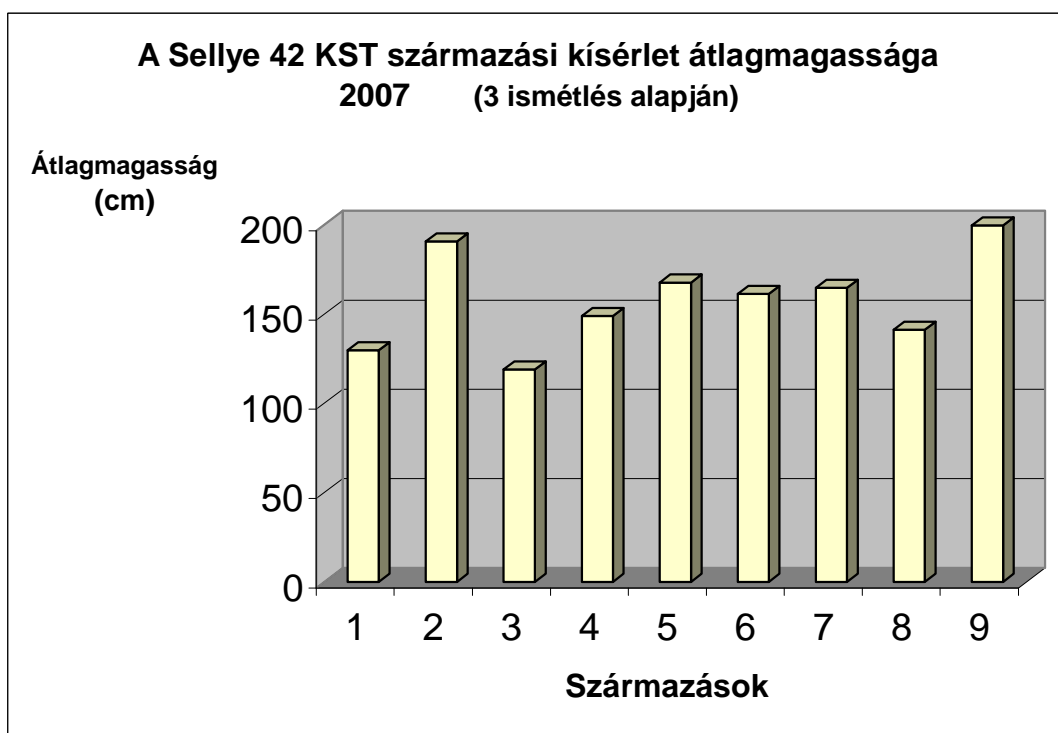
Dendrogramm (Nei,1972 genetikai távolság és UPGMA szerkesztési eljárás)



Sorszám	Állomány	Földrajzi csoport
1	Telkibánya	Észak-Magyarország
2	Zselickisfalud	Déldunántúl
3	Bucsuta	Déldunántúl
4	Szilvásvárad	Észak-Magyarország
5	Nagybátony	Észak-Magyarország
6	Szentendre	Dunántúli Középhsg
7	Porva	Dunántúli Középhsg

Tölgy származási kísérletek

Összesen két-két kocsánytalan tölgy (Nagykovácsi és Kánó), és kocsányos tölgy (Mándok és Sellye) származási kísérlet bejárására és a kísérleti terepi azonosítók állandósítására került sor. A bejárások során megállapítottuk, hogy a felsorolt kísérleti helyszínek hosszabb távon is alkalmasak a kísérleti elképzelések megvalósítására. Az állományok növekedési-fejlettségi állapota már majdnem elegendő a magassági mérések elvégzéséhez, ugyanakkor még nem aktuális az átmérő és fatömeg/növedék adatok felvétele, kiszámítása. Erre jó példa a legjobb magassági növekedést mutató sellyei kísérlet magassági adatsorának értékelése, ahol a magassági különbségek már megmutatkoztak, de a fatömeg adatok kiszámítására még nem volt lehetőségünk.



Származások listája:

Származás kódja	Származási hely	Megjegyzés
1	Sellyei plantázs	Szlavón tölgy
2	Nyírség, Guth	
3	Valkó	
4	Pandúr (Gemenc)	
5	Sellyei SZAZ	Szlavón tölgy
6	Nyírség, Baktalórántháza	
7	Bátaszék (Gemenc)	
8	Pusztavacs	
9	Devecser (Ajka)	Szlavón tölgy
10	Spessart (Németország)	Kísérleten kívül, 1 ismétlés

Új származási kísérlet előkészítésére és tervezésére 2006-ban, kivitelezésére 2007-ben került sor az Intézet Szalánta-Eszterárgpusztai Fajtakísérleti Állomásán, a mellékelt

térképek szerint. A kísérlet véletlen blokkos, 3 ismétléses, 7 hazai kocsánytalan tölgy származást tartalmaz. A származási helyek a következők:

Származás kódja	Származási hely	Megjegyzés
1	Oltárc	Magtermelő állomány
2	Kővágóttös	
3	Geresdlak	Magtermelő állomány
4	Alsószuha	Magtermelő állomány
5	Pilismarót	Magtermelő állomány
6	Szentgotthárd, Őrség	
7	Füzérkajata	Magtermelő állomány

A kísérlet kivitelezését magvetéssel, három ismétléses, véletlen blokkos elrendezésben tudtuk megvalósítani, két különálló területen, amely két községhatárhoz tartozik. Az egyik blokk Szalánta 7E,D, területe 4,5 ha, a másik blokk Turony 22E, területe 4,0 ha. A rossz időjárási körülmények miatt pótolni szükséges, amely munkákat 2008 tavaszán fogunk elvégezni.

A származási kísérletek hosszútávú, több évtizedes időtartamra beállított szabadföldi kísérletek, amelyek korai kiértékelése meglehetősen nehézkes, körülményes. A pályázat beadásakor is jeleztük, hogy célunk egy hosszútávú monitoring elindítása, a monitoringozás lehetőségének kialakítása. Ez a célunk a felsorolt kísérleti helyek és a kísérletbe vont fafajok alapján teljesült. A továbbiakban rendelkezésre áll az alapelehetőség a monitoring feladatok elvégzésére. Az első kísérleti lépéseket ezzel megtettük.

Szülő-utód leszármazási vizsgálatok eredményei

Sopron-Fertőrákos ISP

A terület kiválasztására több lehetséges helyszín kiválasztása és hosszas mérlegelés után került sor. Az állomány természetes eredetű, többszörösen sarjztatott – erdészeti szempontból rontott erdőnek besorolt – elegyes tölgy erdő. Kiterjedése megfelelően nagy, az ilyen vizsgálatoktól elvárt legalább 3 ha-os nagyságot jóval meghaladta. A vizsgálatba vont terület nagysága mintegy 5 ha lett. A kiválasztott terület az északi oldalról nyitott, a többi irányból zárt erdőállományhoz – tulajdonképpen saját populációjához – csatlakozik. A zárt erdőállományból emiatt jelentős pollen hatás (pollen flow) érheti az állományt. Az állományban három erdőtípus fordul elő: A domboldal aljában, északi és északkeleti részében gyertyános-kocsányos tölgyes ill. gyertyános kocsánytalan tölgyes, kicsit magasabban, a terület nyugati és délnyugati részén lombelegyes cseres tölgyes és a déli, délnyugati részén molyhos tölgyes erdőtársulás található. Az alapközet meszes (Lajta-mészkö), a mintegy 2-400 méterre fekvő Fertőrákosi Kőfejtő anyagával megegyezik. Az állományban négy féle – tágabb értelemben vett, *sensu lato* – tölgy faj fordul elő. Ezek a cser (*Quercus cerris*), kocsányos tölgy (*Quercus robur*), a kocsánytalan tölgy (*Quercus petraea*) és a molyhos tölgy (*Quercus pubescens*). Vizsgálataink szerint a molyhos tölgy két taxonja – alfaj, kistaxon, ökotípus a különböző botanikai megközelítések szerint – a szoros értelemben vett molyhos tölgy (*Quercus pubescens*) és az olasz tölgy (*Quercus virgiliana*), továbbá a kocsánytalan tölgy taxonjai – a besorolás itt is vitatott alfaj, kistaxon, ökotípus, változat – a kocsánytalan tölgy (*Quercus petraea*) és a dárdáskaréjú tölgy (*Quercus dalechampii*) alkotják az állományt. Vizsgálatainkba a kétéves termésképzésű cser tölgyet nem vontuk be, mivel a Robur szekcióba tartozó ún. nemes tölgyek nem képesek szaporodási közösséget alkotni a cserrel. A hibridizáció, a bekereszteződés ill. introgresszió lehetősége a legfontosabb kiválasztási szempont volt, mivel így nyílt lehetőség a szaporítóanyag-források optimális izolációjának és fajtisztaságának, ezáltal a nem kívánatos bekereszteződések mértékének modellezésére. Az ilyen jellegű vizsgálatok nemzetközi elnevezése: intenzíven tanulmányozott terület (Intensively Studied Plot), ezért a továbbiakban a Sopron ISP elnevezést használjuk.

Sellyei kocsányos tölgy plantázs

A szaporítóanyag-források egyik – szelekciós nemesítésből eredő – típusa a magtermesztő ültetvény (plantázs). A plantázsok kevés genotípusból állnak, általában 20-100 törzsfaklón klónonként többszörös darabszámú ún. szintetikus populációja. Az ültetvények célja, hogy a szelektált törzsfák feltételezett pozitív tulajdonságait – ez lehet gazdasági, természetvédelmi, génmegőrzési stb. szempont – rekombinatív módon továbbörökítő utódokat biztosítsunk, azaz szaporítóanyagot nyerjünk. A plantázsok létesítésének legfontosabb követelményei az ismert tulajdonságok klónonként, a meghatározott genotípus összetétel, a részletes dokumentáltság (törzsfaj- ill. klónleírás, klónlista, klóntérkép, termőképesség stb.) és magas szintű ellenőrzöttség. Az ültetvény az első hazai, üzemi méretekben létesített (1991-1995, 13 ha) és évek óta használatban álló tölgy plantázs, ahol a szaporítóanyag begyűjtése relatíve könnyen megoldható volt. A környék tölgy állományaiban mintegy száz törzsfát szelektáltak, amelyek közül kiválasztották a vegetatív szaporításra (oltásra) alkalmas és megfelelően rezisztens genotípusokat. Ezekből állították össze azt a szintetikus populációt (ültetvényt), amelyben a szülő-utód kapcsolatokat vizsgáltuk. A szakmai előírásoknak megfelelően az ültetvényt megfelelően izolálták, azaz a területtől legalább ötszáz méteres távolságban nem található más, beporzásra képes kocsányos tölgy populáció, ill. faegyed. Az 56 genotípusból összeállított ültetvény minden egyes oltványa (klón)térkép alapján beazonosítható.

Anyagok és módszerek

Sopron ISP

A terület határainak kijelölése után a felsorolt fajok minden egyedét megjelöltük, azokat feltérképeztük, koordinátáikat digitális adatbázisba mentettük, a fákról hajtásmintákat – levél, rügy és sok esetben virág-termés egyben – vettünk, amely alapján a taxonómiai besorolásukat elvégeztük, ill. a mintákból már hagyományosnak nevezhető módon DNS-t vontunk ki Plant Mini Kit (Qiagen) felhasználásával (Petit és tsai. 2002). Összesen 447 faegyedet térképeztünk, ebből 425 idős, termőképés fa DNS kivonatát sikerült a vizsgálatokba vonni. A fák taxonómiai besorolást a táblázat mutatja. Nagyon sok hibridet ill. feltételezett hibridet találtunk ezeket – a könnyebb átláthatóság miatt – igyekeztünk besorolni valamelyik alapfajba.

Taxon s.l.	Anyafák száma
<i>Q. robur</i>	216
<i>Q. petraea</i>	28
<i>Q. pubescens</i>	181
Összesen	425

A 425 fát potenciális anyafának (pontosabban szülőnek, mert a tölgyek egylaki, kétivarúak) feltételezve kerestünk utódokat. Egyrészt fiatal csemetéket, ahol mindkét szülő ismeretlen, másrészt egyes magtermő fákról szedtünk termést, egyedileg azonosítva, ezzel az anyai eredetet ismertnek feltételezve. Összesen két újulati foltot találtunk, amelyet szintén térképeztünk, megjelölve az egyes csemetéket is. Összesen 20 anyafáról gyűjtöttünk makkot, amelyet megcsiráztattunk és a csirázott friss növényekből vontunk ki DNS-t.

Minta típusa	DNS genotípusok száma
Anyafák	425
Csemeték, magoncok	75
Makk	384

A szülő-utód vizsgálatokat tehát a fenti mintaszámmal végeztük el. A vizsgálat alapját egy mikroszatellit adatbázis adta, amelyet négy, nemzetközileg is használt SSR-primerpár alapján kaptunk (Dow és tsai 1995., Steinkellner és tsai 1997.).

ZAG 1/5	ZAG 9	ZAG 104	MSQ 13
Steinkellner és tsai 1997	Steinkellner és tsai 1997	Steinkellner és tsai 1997	Dow és tsai. 1995

A PCR reakciókat Steinkellner és tsai (1997) alapján ABI készüléssel végeztük el, majd a PCR termékeket ABI 310 automata szekvenáló készülékkel elemeztük. A készülék rendelkezik kiértékelő szoftverekkel, a genotípusok meghatározását ABI Genotyper segítségével határoztuk meg. A kapott adatbázist FaMoz szoftver (Gerber és tsai 2003) segítségével értékeltük ki.

Sellyei plantázs

Az 56 genotípusból összeállított ültetvény minden egyes oltványa (klón)térkép alapján beazonosítható, ezekből választottunk ki vizsgálatra 48 klónt, ill. azok magutódait, összesen 217-et. Egy-egy genotípus több példányban (10-100 db/klón) is kiültetésre került az összesen mintegy 13 ha-os területen, növelve ezzel a pánmixia (elméleti véletlenszerű párosodás) esélyét. Ez tenné lehetővé, hogy a viszonylag kevés genotípus utódai megfelelő rekombinációs változatosságot mutassanak fel, ugyanakkor az izoláció és a minőségi tulajdonságokra – törzsegyenesség, növekedési erély, faminőség, koronaminőség, termőképesség, rezisztencia stb. – elvégzett szelekciós munka eredményeképp elegendő szelekciós haladást lehessen elérni az onnan kikerülő szaporítóanyag felhasználása révén.

A módszer hasonló volt a soproni vizsgálatokhoz, azzal a különbséggel, hogy a területről rendelkezésre állt a részletes klóntérkép és kiültetési térkép, ami alapján kiválasztottuk a vizsgálandó anyafákat és a maggyűjtést ezekről végeztük el. Célunk hasonló volt, megbecsülni a külső és belső beporzás arányát és amennyiben az lehetséges, a beporzási viszonyokra összefüggéseket keressünk. A kapott SSR adatbázist a FaMoz szoftver segítségével elemeztük.

Mikroszatellit-DNS (SSR) vizsgálatok eredményei

Sopron ISP eredményei

A FaMoz szoftver egy valószínűségi statisztikai módszer alapján az adott szülőpopulációból a vizsgált utódokhoz lehetséges szülőpárokat, ill. az anya ismerete esetén lehetséges apákat rendel. A lehetséges apák vagy szülők közül kell kiválasztanunk a legnagyobb valószínűséggel rendelkező lehetséges genotípust/okat. Segítségül a program kétféle szimulációt végez az általunk megadott (a szülő-és utódpopulációt reprezentáló) allélgyakoriság értékek segítségével.

A program az első szimulációs lépés során utódnemzedéket generál a szülői genotípusok felhasználásával, majd ezeket az utódokat értékeli a legvalószínűbb lehetséges apák / szülők szempontjából. A találatokat a valószínűségi értéküknek megfelelően csoportokba rendezi, majd az adott csoportokba tartozó találatok számának (gyakoriságának) függvényében egy függvénygörbén ábrázolja.

A következő lépésben a program a rosszul meghozott döntéseket szimulálja, vagyis amikor a pollen valójában kívülről jött, mégis a szülőpopulációból kerül a szülő kiválasztásra. Ebben az esetben az allélgyakoriságok alapján történik a szülők, majd az utódok generálása. Az utódvizsgálat során minden az állományból kiválasztott lehetséges szülőt – ami ez esetben rossz döntésnek számít – az előzőeknek megfelelően értékeli a program, és a felvett valószínűségi osztályokba tartozó találatokat a gyakoriságuk függvényében ábrázolja.

A két felvett görbét együtt ábrázolva kiválaszthatjuk azt a küszöbértéket, amely esetében a legtöbb lehetséges szülőt kaphatjuk a legkevesebb hibás döntés mellett. Ha csökkentjük az elfogadási küszöböt, azzal javíthatjuk a találatok számát, viszont ez esetben nő a hibás döntések száma is.

A szülőpopuláció jellemzői:

Szülőpopuláció: 425 genotípus

Ebből azonos genotípussal rendelkező egyedek:

7 - 8

35 - 36

78 - 79

83 - 84

102 - 103
105 - 106
115 - 116
117 - 118
128 - 129
130 - 131 - 132
131 - 132
175 - 176
184 - 185
201 - 202
206 - 207
219 - 220
234 - 235
242 - 243
252 - 253
259 - 260
266 - 267
276 - 277
279 - 280
286 - 287
298 - 299
302 - 303 - 304
303 - 304
310 - 311
319 - 320
326 - 327 - 328
327 - 328
342 - 343 - 344
343 - 344
356 - 357
362 - 363
377 - 378
380 - 381
395 - 396
425 - 426
445 - 446

Exclusion probability :

Egy adott markerre jellemző olyan valószínűségi mutató, amely egy feltételezett kapcsolat (szülő, szülőpár, apa) kizárására való alkalmazhatóságát fejezi ki:

Az általunk vizsgált négy lókuszesetében:

mint lehetséges szülőgenotípus kizárása: 0.988654

mint lehetséges apa kizárása: 0.998455

mint lehetséges szülőpárok kizárása: 0.999987

valószínűségi értékekkel alkalmas a módszer az utódvizsgálatra.

Apasági vizsgálat ismert anyáktól származó utódnemzedék esetében

Utódok száma: 382

Anyák száma: 20

A szülőpopulációban legalább egy lehetséges apa található: 134 utód esetében.
A szülőpopulációban nem található lehetséges apa: 248 utód esetében.
A külső beporzás aránya: **64,9 %**

Szülővizsgálat az előző utódpopuláció esetében:

Utódok száma: 382

Anyai genotípus: ismeretlen

A szülőpopulációban legalább egy lehetséges szülő található: 225 utód esetében.

A szülőpopulációban legalább egy lehetséges szülőpár található: 47 utód esetében.

A szülőpopulációban nem található lehetséges szülő: 110 utód esetében.

A külső beporzás aránya: 58, 24 %

Szülővizsgálat természetes újulat esetében

Utódok száma: 75

Anyai genotípus: ismeretlen

A szülőpopulációban legalább egy lehetséges szülő található: 33 utód esetében.

A szülőpopulációban legalább egy lehetséges szülőpár található: 7 utód esetében.

A szülőpopulációban nem található lehetséges szülő: 35 utód esetében.

A külső beporzás aránya: **68,67 %**

Szülővizsgálat az előző utódpopuláció esetében, amennyiben csökkentjük az elfogadási küszöbértéket:

A legtöbb lehetséges szülői genotípus feltüntetése, ill. a legalacsonyabb külső beporzási arány megadása (magasabb hibaértékkel terhelve).

Utódok száma: 75

Anyai genotípus: ismeretlen

A szülőpopulációban legalább egy lehetséges szülő található: 42 utód esetében.

A szülőpopulációban legalább egy lehetséges szülőpár található: 33 utód esetében.

A külső beporzás aránya: 28 %

(42 / 2×75 lehetséges szülőkombinációból)

Sellyei plantázs eredményei

A szülőpopuláció jellemzői:

A sellyei kocsányos tölgy plantázst 1991-1995 között létesítették. A környék tölgy állományaiiban mintegy száz törzsfát szelektáltak, amelyek közül kiválasztották a vegetatív szaporításra (oltásra) alkalmas és megfelelően rezisztens genotípusokat. Ezekből állították össze azt a szintetikus populációt (ültetvényt), amelyben a szülő-utód kapcsolatokat vizsgáltuk. A szakmai előírásoknak megfelelően az ültetvényt megfelelően izolálták, azaz a területtől legalább ötszáz méteres távolságban nem található más, beporzásra képes kocsányos tölgy populáció, ill. faegyed. Az 56 genotípusból összeállított ültetvény minden egyes oltványa (klón)térkép alapján beazonosítható, ezekből választottunk ki vizsgálatra 48 klónt, ill. azok magutódait, összesen 217-et. Egy-egy genotípus több példányban (10-100 db/klón) is kiültetésre került az összesen mintegy 13 ha-os területen, növelve ezzel a pánmixia (elméleti véletlenszerű párosodás) esélyét. Ez tenné lehetővé, hogy a viszonylag kevés genotípus utódai megfelelő rekombinációs változatosságot mutassanak fel, ugyanakkor az izoláció és a minőségi tulajdonságokra – törzsegyenesség, növekedési erély, faminőség, koronaminőség,

termőképesség, rezisztencia stb. – elvégzett szelekciós munka eredményeképp elegendő szelekciós haladást lehessen elérni az onnan kikerülő szaporítóanyag felhasználása révén.

Szülőpopuláció: 56 genotípus

Ebből azonos genotípussal rendelkező egyedek:

13 - 24

30 - 47

33 - 40

35 - 39

51 - 55

Exclusion probability :

Egy adott markerre jellemző olyan valószínűségi mutató, amely egy feltételezett kapcsolat (szülő, szülőpár, apa) kizárására való alkalmazhatóságát fejezi ki:

Az általunk vizsgált négy lókuszesetben:

mint lehetséges szülőgenotípus kizárása: 0.838428 (83,8%)

mint lehetséges apa kizárása: 0.957114 (95,7%)

mint lehetséges szülőpárok kizárása: 0.995394 (99,5%)

valószínűségi értékekkel alkalmas a módszer az utódvizsgálatra.

Apasági vizsgálat ismert anyáktól származó utódnemzedék esetében

Utódok száma: 217

Anyák száma: 48

A szülőpopulációban legalább egy lehetséges apa található: 69 utód esetében.

A szülőpopulációban nem található lehetséges apa: 148 utód esetében.

A külső beporzás aránya: **68,2 %**

Szülővizsgálat az előző utódpopuláció esetében:

Utódok száma: 217

Anyai genotípus: ismeretlen

A szülőpopulációban legalább egy lehetséges szülő található: 115 utód esetében.

A szülőpopulációban legalább egy lehetséges szülőpár található: 50 utód esetében.

A szülőpopulációban nem található lehetséges szülő: 52 utód esetében.

A külső beporzás aránya: 50,5 %

Szülővizsgálat: az előző eset módosítása az 52 egyed kizárásával

Utódok száma: 165

Anyai genotípus: ismeretlen

A szülőpopulációban legalább egy lehetséges szülő található: 110 utód esetében.

A szülőpopulációban legalább egy lehetséges szülőpár található: 55 utód esetében.

A szülőpopulációban nem található lehetséges szülő: 0 utód esetében.

A külső beporzás aránya: 33,3 %

Apasági vizsgálat: az első eset módosítása az 52 egyed kizárásával

Utódok száma: 165

Anyák száma: 48

A szülőpopulációban legalább egy lehetséges apa található: 65 utód esetében.

A szülőpopulációban nem található lehetséges apa: 100 utód esetében.
A külső beporzás aránya: 60,6 %

Eredményekből levonható következtetések

Származási kísérletek

A természeteshez közel álló bükk állományok esetén kimutatható a hazai származások közötti elkülönülés. A kapott eredmények alapján a jelenlegi szaporítóanyag-gazdálkodás alapját jelentő származási körzetek kialakítása a bükk esetében megfelelő tagozódottságot és részletességet mutat, átalakításuk, módosításuk nem szükséges.

A sellyei tölgy kísérlet korai értékelése azt mutatja, hogy a hazai származások között elsősorban nem a földrajzi elkülönülések a meghatározóak, hanem az adott populáció genetikai adottságai dominálnak. A kocsányos tölgy populációi esetében jelentős emberi befolyásoltság feltételezhető, köszönhetően az elmúlt évszázadok erdőművelési gyakorlatának, ami a mesterséges erdősítéseket helyezte előtérbe a természetes felújításokkal szemben.

Mikroszatellit DNS vizsgálatok

A génáramlási értékek megmutatták, hogy az üzemi gyakorlatban jelenleg alkalmazott állományméretek ill. izolációs szabályok nem biztosítják a szakmai elvárásoknak megfelelő izolációt sem a magtermelő állományok, sem a magtermesztő ültetvények esetében. A magtermelő állományok, plantázsok minimális területét növelni kell. Az állományok minimális területére 10 ha-t, az ültetvények minimális területére az 5 ha-t. A magtermelő állományok optimális mérete akár 100 ha-t meghaladó nagyságrendű is lehet.

Elegyes állományokban a helyi viszonyoktól függően, de kis mértékben kimutatható a fajok közötti kereszteződés. Mivel ezt kiküszöbölni teljes mértékben nem lehet, sőt a genetikai változatosság fenntartása érdekében még kívánatos is, ezért a jelenlegi hazai gyakorlat fenntartása célszerű. Ennek megfelelően törekedni kell elegyetlen, egy tölgy fajból álló magtermelő állományok kiválasztására ill. kialakítására. Ez utóbbi megoldást azokban a középkorú állományokban javasoljuk, ahol a kisebb arányban (max. 30%), szálsankénti elegyben előforduló tölgy faj az állományszerkezet jelentősebb megbontása nélkül a gyérítések során eltávolítható.

A külső pollenhatás (*pollen flow*) teljes kizárása semmiféle módszerrel sem lehetséges. Ennek megfelelő elvárásokat kell a magtermesztő ültetvényekből kikerülő szaporítóanyag minőségi tulajdonságaival szemben támasztanunk. Amennyiben génmegőrzési céllal létesítünk plantázsokat, törekedni kell az eredeti környezetben telepíteni, mert így az idegen gének bekereszteződését minimalizálni lehet. A nemesített szaporítóanyag-termelési cél esetében a törzsfák klónok minimális száma lehet kisebb a jelenleg előírt 30-nál. Az izolációs előírások szigorú betartása azonban elősegíti a magas minőségű szaporítóanyagok előállítását, az idegen gének minimalizálását.

Idézett irodalom

Dow BD, Ashley MV, Hove HF (1995) Characterization of highly variable (GA/CT)_n microsatellites in the bur oak *Quercus macrocarpa* Theor. Appl. Genet. 91. 137-141.

Gerber S, Chabrier P, Kremer A (2003) FaMoz: a software for parentage analysis using dominant, recombinant and uniparentally inherited markers. *Molecular Ecology Notes* 3(3) 479-481.

Petit, R.J., U.M. Csaikl, S. Bordács, K. Burg, E. Coart, J. Cottrell, J.D. Deans, S. Dumolin-Lapegue, S. Fineschi, R. Finkeldey, A. Gillies, I. Glaz, P.G. Goicoechea, J.S. Jensen, A.O. König, A.J. Lowe, S.F. Madsen, G. Mátyás, R.C. Munro, M.H. Pemonge, F. Popescu, D. Slade, H. Tabbener, D. Turchini, B. van Dam, B. Ziegenhagen and A. Kremer [2002]: 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. 1-3. 5-26.*

Steinkellner H., Fluch S, Turetschek E, Lexer C, Steiff R, Kremer A, Burg K, Gloessl (1997) Identification and characterization of (GA/CT)_n microsatellite loci from *Quercus petraea*. *Plant Molecular Biology* 33, 1093-1096.