



**SOPRONI
EGYETEM**

ERDŐMÉRNÖKI
KAR

ERDÉSZETI TUDOMÁNYOS INTÉZET, NEMESÍTÉSI OSZTÁLY

Tudományos Diákköri Dolgozat

**Populációgenetikai vizsgálatok kiemelt hazai akác (*Robinia pseudoacacia*
L.) magtermelő állományokban**

*Population genetic studies in black locust (*Robinia pseudoacacia* L.) stands
selected for seed production*

Készítette: Bross Tamás Vencel

Sopron

2024

Szerzői nyilatkozat

Alulírott BROSS TAMÁS VENCEL (neptun kód: G2UXCK) jelen nyilatkozat aláírásával kijelentem, hogy a POPULÁCIÓGENETIKAI VIZSGÁLATOK KIEMELT HAZAI AKÁC (*ROBINIA PSEUDOACACIA* L.) MAGTERMELŐ ÁLLOMÁNYOKBAN című:

TDK dolgozat

(a továbbiakban: dolgozat) **önálló munkám**, a dolgozat készítése során betartottam a *szerzői jogról szóló 1999. évi LXXVI. tv.* szabályait, valamint az egyetem által előírt, a dolgozat készítésére vonatkozó szabályokat, különösen a hivatkozások és idézések tekintetében¹.

Kijelentem továbbá, hogy a dolgozat készítése során az önálló munka kitétel tekintetében a konzulenszt illetve a feladatot kiadó oktatót **nem tévesztettem meg**.

Jelen nyilatkozat aláírásával tudomásul veszem, hogy amennyiben bizonyítható, hogy a dolgozatot **nem magam készítettem**, vagy a dolgozattal kapcsolatban szerzői jogsértés ténye merül fel, a Soproni Egyetem **megtagadja a dolgozat befogadását és ellenem fegyelmi eljárást indíthat**.

A dolgozat befogadásának megtagadása és a fegyelmi eljárás indítása nem érinti a szerzői jogsértés miatti egyéb (polgári jogi, szabálysértési jogi, büntetőjogi) jogkövetkezményeket.

Kijelentem, hogy a dolgozatot más szakon – más felsőoktatási intézményre vonatkozóan is – nem nyújtottam be.

Sopron, 2024. 10. 31.


.....

Bross Tamás Vencel

¹ 1999. évi LXXVI. tv. 34. § (1) A mű részletét - az átvevő mű jellege és célja által indokolt terjedelemben és az eredetihez híven - a forrás, valamint az ott megjelölt szerző megnevezésével bárki idézheti.

36. § (1) Nyilvánosan tartott előadások és más hasonló művek részletei, valamint politikai beszédek tájékoztatás céljára - a cél által indokolt terjedelemben - szabadon felhasználhatók. Ilyen felhasználás esetén a forrást - a szerző nevével együtt - fel kell tüntetni, hacsak ez lehetetlennek nem bizonyul.

Kivonat

*Populációgenetikai vizsgálatok kiemelt hazai akác (*Robinia pseudoacacia* L.) magtermelő állományokban*

Hazánkban a fehér akác (*Robinia pseudoacacia* L.) az egyik legelterjedtebb erdei fafaj, mely erdészeti, méhészeti és ökológiai szempontból is jelentős. Ezért különösen fontos, hogy pontos ismeretekkel rendelkezünk genetikai tulajdonságairól, különösen a klímaváltozás szempontjából. Kutatásomban ezért populációgenetikai vizsgálatokat végeztem öt kiválasztott akác magtermelő állományban. Ennek során 10 nukleáris mikroszatellit markert alkalmaztam a kiválasztott állományok genetikai diverzitásának és populációstruktúráinak felmérésére. Eredményeim alapján a vizsgált állományok között nem találtam jelentős különbségeket a genetikai diverzitás tekintetében, kivéve az Ófehértó 1/C állományt, ahol a diverzitási értékek szembetűnően alacsonyak voltak. A populációs struktúra elemzése során három genetikai csoportot azonosítottam, melyek közül kettőt elsősorban az Ófehértó 1/C és az Ófehértó 2/G populációkból származó klonális egyedek alkottak. Emellett az Ófehértó 1/C állományban talált nagyszámú klón egyed jelenléte az állomány vegetatív eredetre utalhat. Ezek az eredmények hozzájárulhatnak az erdészeti gyakorlat fejlesztéséhez és az akác nemesítési programok hatékonyabb tervezéséhez, különösen a klímaváltozás okozta kihívásokra való felkészülésben.

Abstract

*Population genetic studies in black locust (*Robinia pseudoacacia* L.) stands selected for seed production*

In Hungary, black locust (*Robinia pseudoacacia* L.) is one of the most widely distributed tree species, holding high ecological, forestry, and apicultural importance. Therefore, accurate knowledge of its genetic attributes is essential, especially in the context of climate change. In this study, I conducted population genetic analyses in five selected black locust seed stands. The aim of the research was to assess the genetic diversity and population structure within these stands using 10 nuclear microsatellite markers. According to the results no significant differences were found in genetic diversity among the studied stands, except in the Ófehértó 1/C stand, where diversity values were notably low. Population structure analysis identified three genetic groups, two of which consisted primarily of clonal individuals from the Ófehértó 1/C and Ófehértó 2/G populations. Additionally, the high number of clonal individuals in Ófehértó 1/C suggests a possible vegetative origin rather than seed origin for this stand. These findings could inform improvements in forestry practices and help design more effective black locust breeding programs, particularly to prepare for climate change challenges.

Tartalomjegyzék

1. BEVEZETÉS	1
1.1. AZ AKÁC (<i>ROBINIA PSEUDOACACIA</i> L.)	1
1.2. AKÁC NEMESÍTÉS MAGYARORSZÁGON	3
2. ANYAG ÉS MÓDSZER	4
2.1. NÖVÉNYANYAG	4
2.2. LABORATÓRIUMI VIZSGÁLATOK	7
2.3. POPULÁCIÓGENETIKAI VIZSGÁLATOK	8
3. EREDMÉNYEK	10
4. EREDMÉNYEK MEGVITATÁSA.....	19
5. KÖVETKEZTETÉSEK, JAVASLATOK	21
6. ÖSSZEFOGLALÁS	22
7. KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS.....	24
8. IRODALOMJEGYZÉK	25
9. MELLÉKLETEK.....	28

1. Bevezetés

A klímaváltozás a hazai erdők egészségére is kihatással lehet. Ez megnyilvánul többek között a hó nélküli, enyhe telekben, a gyakori hóhullámokban, az évi középhőmérséklet növekedésében. Megváltozhat a csapadék éven belüli eloszlása, valamint növekedhet a forró napok száma (Gálos et al., 2012). Ezek gyakoribb, súlyosabb és hosszabb ideig tartó aszályos időszakokat eredményezhetnek. Emiatt erdeink érzékenyebbek lesznek biotikus és abiotikus hatásokra egyaránt. Növekedhet az erdőtüzek gyakorisága és súlyossága; őshonos és behurcolt kártevők eddig nem ismert mértékű tömeges elszaporodására kell felkészülnünk.

A már napjainkban is tapasztalható, súlyosabb aszályok után fellépő erdőpusztulások mind ökológiai-, mind gazdasági károkat jelentenek. Gálos és Führer (2018) szerint az eddigi erdőssztyep klímakategóriába tartozó területének fele (az ország területének több mint 10%-át jelenti) a mainál még melegebb és szárazabb, sztyep klímájúvá, alakulhat át. Ezeken a területeken még hangsúlyosabb kérdés a megfelelő fafajválasztás.

Ennek kapcsán az akác már régóta nagy jelentőséggel rendelkezik és a jövőbeni jelentősége is kiemelkedő lehet.

1.1. Az akác (*Robinia pseudoacacia* L.)

A *Robinia* nemzetségbe tartozó fa- és cserjefajok őshazája az Egyesült Államok és Mexikó. Alig 20 faj tartozik ide és közülük csak a fehér akácnak (*Robinia pseudoacacia* L.) van erdőgazdasági jelentősége (Keresztesi, 1984).

Ez volt az első fafaj, amit Észak-Amerikából Európába áthoztak 1601-ben, a párizsi botanikus kert igazgatója Jean Robin vezetésével, akinek a nevét a nemzetség viseli. Azóta a világ számos területén elterjedt (Keresztesi, 1984).

Az észak-amerikai elterjedése két részre osztható, amelynek keleti központja az Appalache-hegységben található, míg a nyugati szakasz az Ozark-fennsíkot, valamint az Ouachita-hegységet foglalja magában. Ezeken belül olyan területeken fordul elő, ahol igaz, hogy a maximum hőmérséklet: 27-32°C; minimum hőmérséklet: 13-21°C és a fagymentes időszak átlagos hossza 150-210 nap körül alakul (Huntley, 1990).

Magyarországra az akác 1710-1720 között került be, mint parkfa. Később az akáccal történő katonai erdőtelepítések sikere általános érdeklődést váltott ki, aminek következtében kísérletezni kezdtek a fafajjal. 1807-ben már kiterjedten alkalmazták a futóhomok megkötésére az Alföldön (Keresztesi, 1984). Növekedését nagyban befolyásolja a talaj kötöttsége és szerkezete. Legmegfelelőbb számára az iszapos vagy homokos vályogok, általában a lazább szerkezetű talajok. Levegőigényes faj, a talaj túlzott nedvességtartalmát nehezen viseli. A rossz vízlevezetésű talajokon kialakuló pangó vízben nem él meg, azonban az oxigénben gazdag, mozgó víz hasznos számára. Évi 600-700 mm csapadék mellett a talaj elegendő vizet tárol az akác számára, ennél kevesebb csapadék esetén a talajvízből fedezi szükségleteit (Bartha et al., 2006).

Tápanyagigénye szerény az őshonos erdőalkotó fajokhoz viszonyítva (bükk, kocsányos tölgy stb.). Legnagyobb tápanyagigénye a tenyészidőszak elején lép fel. Ezzel párhuzamban a szervesanyag termelése nem kimagasló. Az akácavar nitrogéntartalma igen magas, csak az égeré haladja meg. Ez a pillangósvirágúakra jellemző nitrogénmegkötő szimbióta baktériumok jelenlétére vezethető vissza. Fényigényes faj, bár fiatal korban elvisel bizonyos mértékű árnyékolást, de 6-8 éves kora után erősen fényigényes (Bartha et al., 2006; DeGomez & Wagner, 2001).

Az akác kiemelkedő fontosságát több tényező is alátámasztja a magyar erdőgazdálkodásban. Az Agrárminisztérium 2023-as adatai szerint (Agrárminisztérium Erdőrendezési Főosztály, 2024) az akác jelenleg erdeink 24%-át alkotja, ami 458 ezer hektárnyi területet jelent. Emellett az akác a legjelentősebb tűzifát adó faj, több mint 1 millió köbmétert biztosítva évente. Faanyaga kiemelkedő mechanikai tulajdonságokkal (szilárdsági és rugalmassági jellemzőkkel) rendelkezik az európai lombos fajok faanyagához viszonyítva. Időjárásállósága szintén kimagasló, ami miatt kültéri felhasználásra is alkalmas (Molnár & Bariska, 2002). Méhészeti jelentőségét tekintve az Országos Magyar Méhészeti Egyesület adatai szerint, 6000 tonna volt a hungarikumnak számító, magyar akácméz termelés 2023-ban, ami 30%-a az évi méztermelésnek. 2022-ben ez az arány 50% volt (OMME). Az erdőtelepítések és erdőfelújítások nagy részét is ezzel a fajjal végzik, ami tovább növeli az akác stratégiai szerepét a fenntartható erdőgazdálkodásban és a megújuló erőforrások biztosításában.

1.2. Akác nemesítés Magyarországon

A fehér akác több szempontból is fontos fafaj Magyarországon, különösen a szárazabb, határtermőhelyeken történő alkalmazkodóképessége és gazdasági haszna miatt. Így már az 1960-as évektől folynak a fafajt célzó nemesítési és genetikai kutatások. A kutatók több szempontból is vizsgálták és nemesítették az akácot, többek között a növekedési ütem, a faanyag minősége, a szárazságtűrés, a betegség-ellenállóság, valamint a nektártermelés optimalizálása érdekében (Abri et al., 2023).

Az első fajták nemesítése Keresztesi Bélához és munkatársaihoz köthető, akik szelekciós nemesítési módszerrel létrehoztak árbóc típusú akác fajtákat, mint például az 'Üllői', a 'Nyírségi', a 'Jászkiséri', és a 'Kiskunsági' (Keresztesi, 1983).

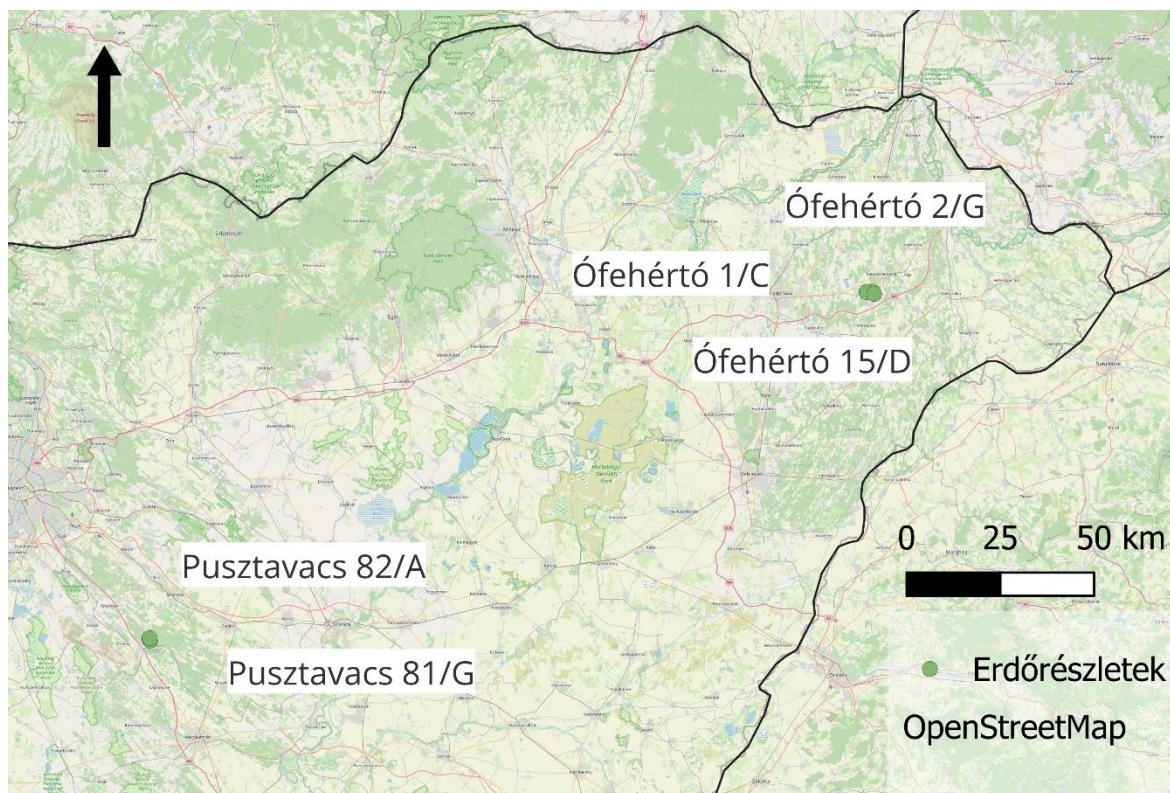
A második főbb nemesítési program Rédei Károly nevéhez fűződik, aki félszáraz termőhelyekről választott ki szárazságtűrő egyedeket és mikroszaporítással szaporította őket. Az így előállított fajták közül a 'Vacsi', 'Homoki' és 'Bácska' fajták törzsinőségben és fatermésben is felülmúlják a közönséges fehér akácot (Bartha et al., 2008).

A 2010-es évek végén a Soproni Egyetemhez tartozó Erdészeti Tudományos Intézet és a Napkori Erdészeti Zrt. közös projektként létrehozott négy új nagy teljesítményű akác klónt. Ezek a PL251 - 'Püspökladányi', PL040 - 'Farkasszigeti', NK1 - 'Laposi', NK2 - 'Napkori'. (Abri et al., 2023) A projekt célja a szárazságtűrő, gyors fiatalkori növekedéssel és jó minőségű fatermeléssel rendelkező fehér akác klónok nemesítése volt. 2021-ben az elismert és ma is kapható fehér akác fajták az „Appalachia”, a „Kiskunsági”, a „Jászkiséri”, a „Nyírségi” és az „Üllői” (Abri et al., 2023).

2. Anyag és módszer

2.1. Növényanyag

A mintavételezés 2024. július 16-17.-én zajlott témavezetőim közreműködésével, melynek során összesen öt erdőrészletben gyűjtöttünk mintákat Ófehértó és Pusztavacs községhatárokban (1. ábra). Először a Baktalórántháza és Ófehértó között megtalálható erdőterületen kezdtük meg a gyűjtést, ahol három erdőrészletet választottunk ki. Az Ófehértó 2/G erdőrészlet szaporítóanyag termelésére szolgáló állomány; egyik fele gyökérsarj eredetű 36 éves (2/a ábra), a másik fele mageredetű 5 éves állomány (2/b ábra). Az Ófehértó 15/D (3/a ábra) és az Ófehértó 1/C (3/b ábra) mageredetű, 19 illetve 22 éves állományok, melyek az erdészettől származó információk alapján az Ófehértó 2/G magtermelő állományból származó szaporítóanyagból kerültek telepítésre. A három erdőrészlet összterülete 14.39 ha.



1. ábra A mintázott állományok elhelyezkedése

A másik két mintaterületet a Pusztavacs községhatárban elhelyezkedő Pusztavacs 81/G (4/a ábra) és a Pusztavacs 82/A (4/b ábra) erdőrészletekben jelöltük ki. Mind a kettő mageredetű, szaporítóanyag termelő rendeltetésű, 25-26 éves, összesen 14.59 ha területű akácos.

a



b



2. ábra Az Ófehértó 2/G állomány (a) és az Ófehértó 2/G állomány sarjról felújított része (b)

A terepi mintagyűjtés során 12-24 faegyed levélmintáit gyűjtöttük be állományonként, eközbe figyelve a kb. 30 méteres távolságok tartására a mintázott fák között. Erre azért van szükség, hogy elkerüljük a gyökérsarj eredetű klónok gyűjtését, ami az akác mintázásánál elég gyakori hiba lehet.

a



b



3. ábra Az Ófehértó 1/C (a) és az Ófehértó 15/D állomány (b)

A mintavételezés folyamata a mintázandó egyed kiválasztásával kezdődött, ennek során az állományban átlagos méretűnek számító egyedeket választottunk ki. A kijelölt fáról 2-3 levelet gyűjtöttem, mely átlagosan 20-30 levélkével elég anyagot szolgáltat a későbbi DNS kivonáshoz. A mintákat számozott zacskókban tároltuk, majd hűtőládába helyeztük és a DNS kivonásig fagyasztva tároltuk.

a**b**

4. ábra A Pusztavacs 81/G (a) és a Pusztavacs 82/A állományok (b)

Ezen kívül, minden egyed esetén feljegyeztem a mintázott fa GPS koordinátait, magasságát és mellmagasági átmérőjét két egymásra merőleges irányból mérve (1. melléklet). Az erdőrészek fontosabb adatait az alábbi táblázatban foglaltam össze (1. táblázat).

1. táblázat A vizsgált erdőrészek fontosabb adatai (ahol Tszfm. = tengerszint feletti magasság, $D_{1.3}$ átlag = a mintázott faegyedeken mért mellmagassági átmérők átlaga, H átlag = a mintázott faegyedek átlagos magassága, n = az erdőrészekben mintázott faegyedek száma)

Erdőresztlet	Szélesség	Hosszúság	Tszfm. (m)	Kor (év)	$D_{1.3}$ átlag (cm)	H átlag (m)	n
Ófehértó 2/G				36	22,11	18,67	16
Ófehértó 2/G felújítás	47,9578	22,0463	144	5	3,79	4,44	16
Ófehértó 1/C	47,9575	22,0278	142	22	14,04	15,78	24
Ófehértó 15/D	47,9532	22,0539	144	19	16,89	15,54	12
Pusztavacs 81/G	47,1368	19,5253	146	25	20,7	20,43	12
Pusztavacs 82/A	47,1421	19,5244	145	26	19,34	18,55	15

2.2. Laboratóriumi vizsgálatok

A genetikai vizsgálatokra a SOE ERTI Sárvári Genetikai Laboratóriumában került sor. A vizsgálatokat az Intézet munkatársai az általuk rutinszerűen alkalmazott 10 nukleáris mikroszatellit markerrel végezték el (2. táblázat), amely alkalmas az egyedek egyedi szintű azonosítására, vagyis genetikai ujjlenyomat létrehozására. A begyűjtött levélmintákból elvégzett DNS-kivonás után az egyedi markerrégiók felszaporítása QIAGEN Type-it Kit alkalmazásával történt, két mixben. A PCR fázis után a multiplex mixek fragmentanalízise, vagyis a markerrégiókhoz tartozó allévariánsok (fragmentek) pontos hosszának meghatározása kapilláris gélelektroforézissel történt a BIOMI Kft.-nél (Gödöllő).

2. táblázat A vizsgálatban alkalmazott nukleáris mikroszatellit markerek

Marker	Forrás
Rops05, Rops08	Lian & Hogetsu (2002)
Rops16	Lian et al.(2004)
Rops109, Rops150, Rops200, Rops206	Mishima et al. (2009)
Rp01, Rp04, Rp15	Guo et al.(2017)

A kapilláris gélelektroforézis elvégzése után megkaptam a nyers adatsort, és az elemzéseket már önállóan végeztem el. Ennek első lépésenként az Osiris szoftver

(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/osiris/overview/>) segítségével elvégeztem a fragment hosszak leolvasását. Ezeket a fragmenthossz adatokat a GenAlEx szoftverben (Peakall & Smouse, 2012) rögzítettem. Ezt követően minden lokusz (marker) esetén ellenőriztem az adatsor minőségét. Mivel több lokusz esetén is hiányoztak a genotípus adataik, a következő egyedeket eltávolítottam az adatsorból: Ófehértó 1/C-20, Ófehértó 15/D-9, Ófehértó 15/D-10, Ófehértó 15/D-11. Az így letisztított adatsor összesen 5 állomány 91 faegyedének genotípus adatait tartalmazta.

2.3. Populációgenetikai vizsgálatok

A következő lépésben különböző populációgenetikai vizsgálatokat végeztem a GenAlEx programban. Ennek során először a faállományok fontosabb diverzitás mutatóit számoltam ki, melyek a: N_a – lokuszonkénti átlagos allélszám, N_e – effektív allélszám ($N_e = \frac{1}{1-H_e}$), I – Shannon diverzitás index ($I = -\sum P_i \ln P_i$), H_o – megfigyelt heterozigózis ($H_o = \frac{\text{Heterozigóták száma}}{N}$), H_e – számított heterozigózis ($H_e = 1 - \sum p_i^2$), uH_e – mintaszámmal súlyozott heterozigózis ($uH_e = \frac{2n}{2n-1}(1 - \sum p_i^2)$), F – beltenyésztési koefficiens ($F = \frac{H_e - H_o}{H_e}$), ahol p_i az i -edik allél gyakoriságértékét jelenti.

Ezt követően kiszámítottam az egyedek és a populációk közötti genetikai távolságokat a GenAlEx szoftver „Codom-Genotypic” funkciójával. Az ennek eredményeként megkapott távolság mátrixokkal főkoordináta elemzéseket végeztem mind a faegyedek mind a faállományok szintjén. Ennek eredményeit pontdiagrammokon ábrázoltam, melyek alapján következtetni lehet az egyes faegyedek, illetve a faállományok egymáshoz viszonyított genetikai kapcsolatára.

A populáció struktúrák részletes vizsgálatára a Structure szoftver (Pritchard et al., 2000) segítségével klaszteranalízist végeztem. Ennek a Bayes- féle valószínűségszámításra alapuló módszernek előnye, hogy az eredmények alapján a felállított genetikai csoportok legvalószínűbb számát is meg lehet becsülni. A szoftver bemeneti adatsorát a GenAlEx program structure formátumba exportáló funkciójával állítottam elő. A vizsgálat során a következő beállításokat használtam: Length of Burnin Period: 200 000, Number of MCMC Reps after Burnin: 500 000, Use Admixture Model, Use Sampling Location as Prior (LOCPRIOR), Set K=1-10, Number of Iterations=20. A kapott eredmények

előfeldolgozását ezután a STRUCTURE HARVESTER (Earl & vonHoldt, 2012), és CLUMPP (Jakobsson & Rosenberg, 2007) programokkal végeztem el. A genetikai csoportok legvalószínűbb számát ezt követően az Evanno módszerrel határozam meg (Evanno et al., 2005). Végül az eredményeket az R szoftverben a pophelper csomag segítségével ábrázoltam.

Mivel az előbbi vizsgálatok eredményeként valószínűsíthetően klón egyedek is előfordultak a mintázott fák között, ezért a GenAlEx szoftverben klón vizsgálatot is végeztem a Frequency Based/Multilocus/Matches funkcióval. Ennek során a program elvégezte az egyes egyedek genotípusainak összehasonlítását, majd megadta a teljesen azonos genotípussal rendelkező egyedek listáját, illetve a klónok genotípusát. Az azonosított klónok fontosabb adatait erdőrészletenként táblázatban foglaltam össze. Mivel a klónok térbeli helyzete is informatív lehet az állományokon belül, ezért az azonosított klón egyedeket erdőrészletenként térképen ábrázoltam.

3. Eredmények

A vizsgált állományok genetikai diverzitás mutatóit a 3. táblázatban foglaltam össze. Ezek elemzése során az alábbi megfigyeléseket tettem: Az első oszlopban az állományokban mintázott egyedek száma található (N). Ennek tekintetében az egyes állományok között lényeges különbségek vannak. A legnagyobb mintaszám az Ófehértó 2/G állományban van, ahol 32 egyed adataival számoltam. A legkisebb az Ófehértó 15/D állományban van, ahol 9 egyed került be a vizsgálatokba. A mintaszámok közötti lényeges különbségek miatt a genetikai diverzitásmutatók összehasonlításakor fokozott óvatossággal kell eljárni, hogy releváns következtetésre jussunk.

Végig haladva a számított diverzitás mutatókon, a lokuszonkénti átlagos allélszám (N_a) tekintetében azt találtam, hogy ez az érték 5-6,6 között változott. A legnagyobb az Ófehértó 2/G, a legkisebb az Ófehértó 15/D állományban mértem.

Az effektív allélszámok (N_e) tekintetében ezek az értékek 3,152-3,695 között változtak. A legnagyobb érték a Pusztavacs 82/A (3,695), míg legkisebb az Ófehértó 1/C állományban figyelhető meg (3,152).

A Shannon diverzitásindex (I) tekintetében a legmagasabb értéket (1,412) az Ófehértó 2/G állományban mértem, ezt a pusztavacsi állományok követik (1,335 és 1,344 értékekkel). A legkisebb érték az Ófehértó 1/C állományban figyelhető meg (1,188).

A megfigyelt heterozigózis (H_o) értékeknél a legmagasabb az Ófehértó 1/C állományban (0,67), míg a legalacsonyabb a Pusztavacs 82/A állományban (0,527) figyelhető meg. Azonban a számított heterozigózis (H_e) értéke már az Ófehértó 2/G állományban a legmagasabb, ahol 0,68. A legkisebb viszont az Ófehértó 1/C állomány értéke, ami 0,599.

A heterozigózis értékek közül, az eltérő mintaszám miatt, a legrelevánsabb mutató a mintaszámmal súlyozott heterozigózis (uH_e). Ez a mutató szerint a 0,702 érték a legmagasabb a Pusztavacs 81/G állományban. Ezt követi szorosan az Ófehértó 15/D (0,698) és az Ófehértó 2/G (0,695) állomány. A legkisebb érték (0,612) az Ófehértó 1/C állományban van. Ennél a diverzitásmutatónál látható, hogy már az egyik pusztavacsi állományt tekinthetjük a legdiverzebbnek, a mintaszámmal való korrigálás miatt. Az

állományok között láthatóan csökkent a különbség a heterozigóciát tekintve, eltekintve az Ófehértó-1/C állománytól, ahol itt szintén alacsony értéket kapunk.

A beltenyésztési koefficiens (F), másnéven fixációs index megadja, hogy mekkora a heterozigóták és a homozigóták aránya, illetve ezek esetleges eltolódása az egyensúlyi állapottól. Ez az érték a legmagasabb az Ófehértó-2/G állományban, ahol 0,146, de ehhez nagyon közeli adattal rendelkezik a Pusztavacs 81/G állomány, ahol ez az érték 0,145. Az egyensúlyi állapotot jelentő 0 értékhez képest pozitív eltolódást tapasztalunk, amely a homozigóták többletére (vagyis fixációra) utal. Itt is kiugrik az Ófehértó 1/C állomány értéke, ami -0,076. Egyedül ebben az állományban vannak többségben a heterozigóták, amire a negatív irányban történő, enyhe elmozdulás utal.

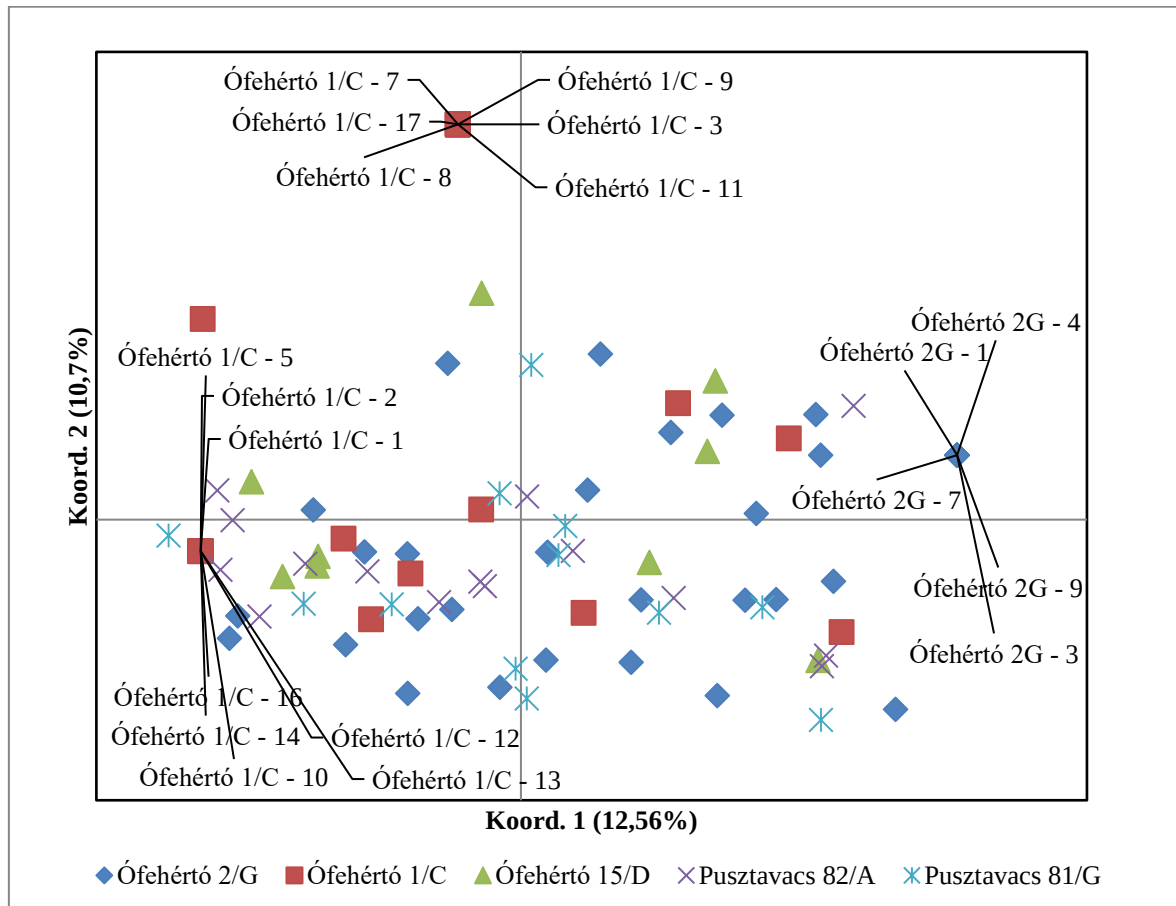
3. Táblázat A vizsgált akác állományok fontosabb diverzitás mutatói (ahol Pop = állományazonosító, N = mintaszám, N_a = átlagos lokuszonkénti allélszám, N_e = átlagos effektív allélszám lokuszonként, I = Shannon index, H_o = megfigyelt heterozigózis, H_e = számított heterozigózis, uH_e = mintaszámmal súlyozott heterozigózis, F = beltenyésztési koefficiens)

Pop	N	N_a	N_e	I	H_o	H_e	uH_e	F
Ófehértó 2/G	32	6,6	3,667	1,412	0,584	0,684	0,695	0,146
Ófehértó 1/C	23	5,6	3,152	1,188	0,670	0,599	0,612	-0,076
Ófehértó 15/D	9	5	3,582	1,318	0,578	0,659	0,698	0,122
Pusztavacs 82/A	15	5,8	3,695	1,344	0,527	0,650	0,672	0,202
Pusztavacs 81/G	12	5,4	3,452	1,335	0,592	0,673	0,702	0,145
Átlag	18,2	5,68	3,510	1,320	0,590	0,653	0,676	0,108

A következő vizsgálat eredményeként a genetikai távolságok esetén két állományban, az Ófehértó 2/G és Ófehértó 1/C állományban, több faegyed esetén a közöttük fennálló genetikai távolság 0-nak adódott, ami az adott egyedek klón jellegére utal. Ez az egyedek szintjén elvégzett főkoordináta elemzés ábráján (5. ábra) is szembetűnő, ahol a klón egyedek a köztük fennálló 0 genetikai távolság miatt egymást fedve találhatók. A klón egyedeket külön felirattal jelöltem.

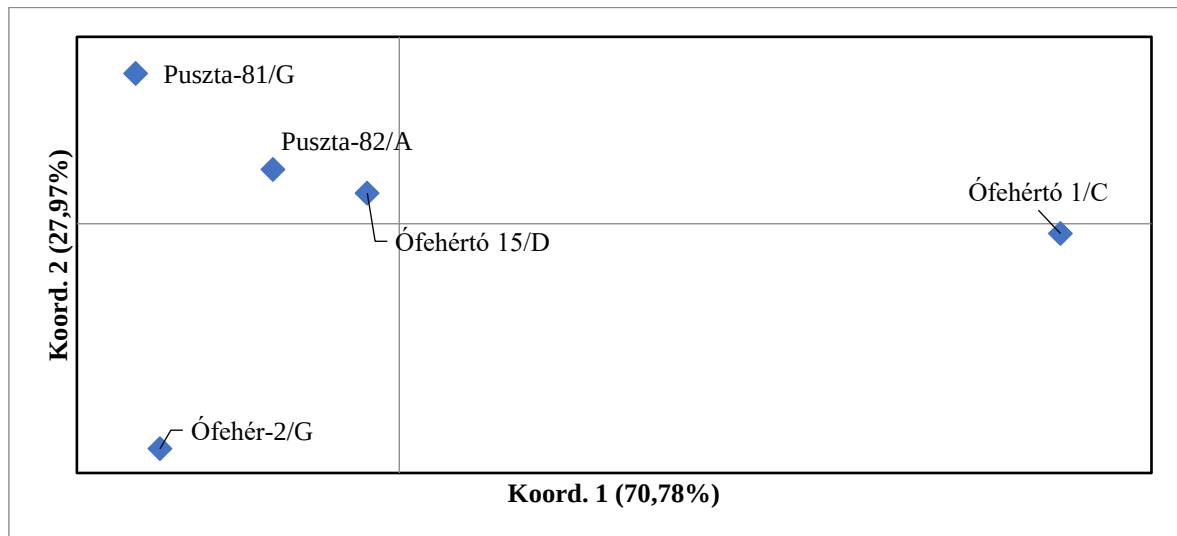
Az egyedek szintjén végzett főkoordináta elemzés ábráján az egyes populációk egyedei egymást átfedő csoportokat alkotnak, illetve néhány a csoportoktól elszakadó, kiugró egyed is azonosítható, például: Ófehértó 2/G klónok és az Ófehértó 1/C klónok. Az állományokon belül az egyes egyedek között különböző szórás figyelhető meg. Az egyes

egyedek közti legnagyobb távolság közel azonos az állományokban. A kiugró egyedeket leszámítva nem látszik az egyes állományok közötti genetikai különbség. Ezt az egyes tengelyek esetén viszonylag alacsony variancia hányadok is jelzik (Első főkoordináta 12,56%, második főkoordináta 10,7%).



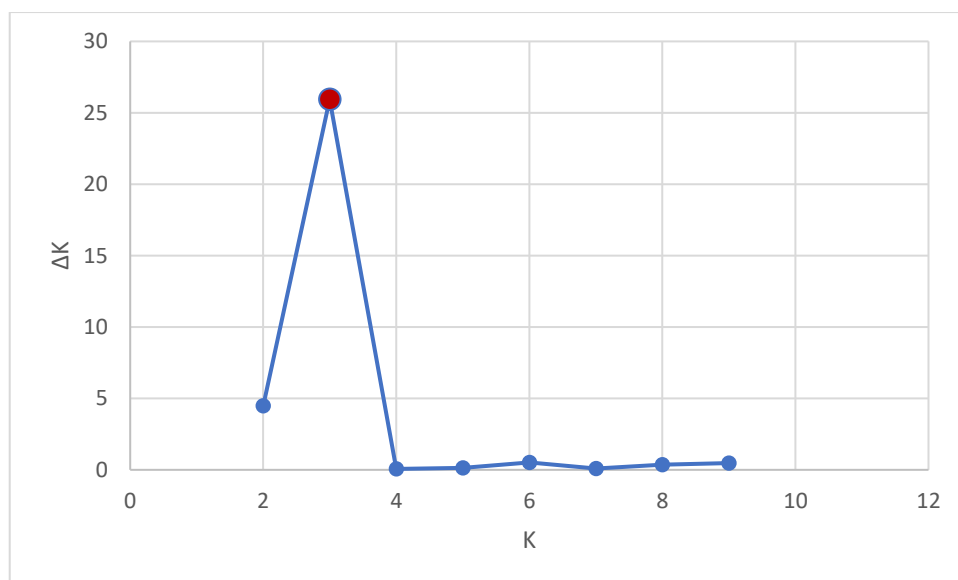
5. ábra Főkoordináta elemzés a vizsgált állományok egyedeivel

Az állományok szintjén elvégzett főkoordináta elemzés (6. ábra) esetén az utóbbiakhoz képest nagyobb differenciálódás figyelhető meg az állományok között. Ebben az esetben az első főkoordináta a variancia 70,78%-át, a második főkoordináta pedig a 27,97%-át hordozza a teljes varianciának. Elsőként a nagyobb varianciát és ezáltal a hangsúlyosabb differenciálódást mutató vízszintes tengely mentén az Ófehértó 1/C állomány elkülönülése figyelhető meg a többi állománytól. Ennél kisebb léptékben a függőleges tengely mentén az Ófehértó 2/G állomány különül el a többi állománytól, így lényegében három csoport alakul ki. Az első csoportba a két pusztavacsi állomány és az Ófehértó 15/D állomány tartozik, a második csoportba az Ófehértó 2/G, míg a harmadik, leginkább elkülönülő csoportba az Ófehértó 1/C.



6. ábra Főkoordináta elemzés a vizsgált állományok szintjén

A következő elemzésben a Structure szoftver segítségével vizsgáltuk a populációstruktúrákat. Ennek során az Evanno módszer alapján (Evanno et al., 2005) határoztam meg a vizsgált egyedekből felállítható genetikai csoportok legvalószínűbb számát. Ennek eredményeként a vizsgált egyedeket legnagyobb valószínűséggel három genetikai csoportra lehet osztani. Ezt jelzi a ΔK diagrammon (7. ábra) a $K=3$ értéknél található csúcs. Mivel a kiugró érték mellett nincsenek kisebb mellékcúcsok, ezért ez arra enged következtetni, hogy a három csoporton belül nincsenek alcsoportok.



7. ábra A genetikai csoportok legvalószínűbb számának meghatározása az Evanno módszer alapján (Evanno et al., 2005), ahol ΔK = egyes K értékekhez tartozó valószínűségek közötti különbségek mértéke, K = csoportok száma

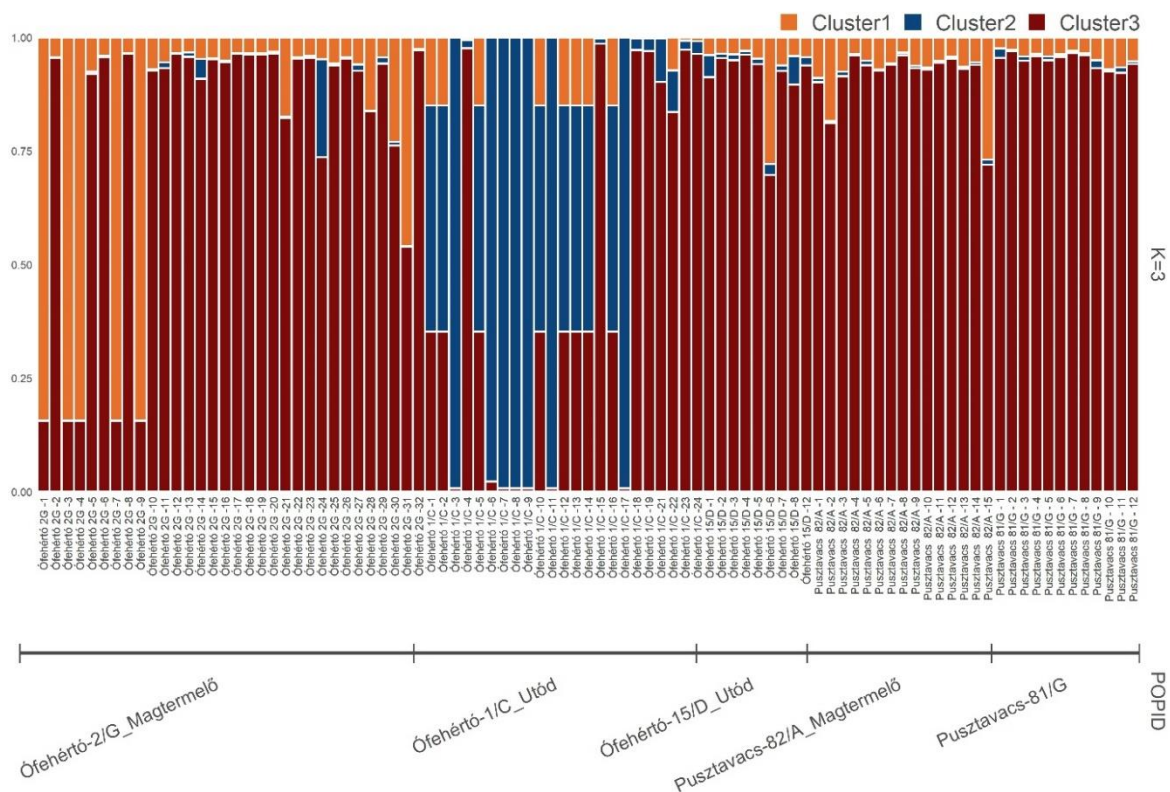
A Structure programmal végzett klaszteranalízis során megvizsgáltam, hogy a vizsgált egyedek a genetikai tulajdonságaik alapján hogyan csoportosíthatóak. A legvalószínűbb csoportosítást vizsgálva három csoportot tudunk elkülöníteni az ábrán (8. ábra). Ezek a következő színekkel kerültek jelölésre: cluster1 narancssárga, cluster2 kék és cluster3 bordó. Az ábrán az egyedekhez tartozó oszlopdiagrammok az egyednek az egyes genetikai csoportokhoz tartozásának valószínűségét jelölik.

A legnagyobb egyedszámmal a harmadik csoport (cluster3) rendelkezik, ahova 71 egyed tartozik a legnagyobb valószínűséggel. Ez a mintázott fák 76,92%-a. Az Ófehértó 2/G-31-es egyed értéke közel van az 50%-hoz, de azt meghaladja, így mondhatjuk, hogy genetikailag inkább a harmadik (cluster3), mint az első (cluster1) csoportba sorolható.

A cluster2 (kék) csoportba 7 egyed, a minta 7,69%-a sorolható, közel 100%-os valószínűséggel. Ezek mind az Ófehértó 1/C állományban vannak. Ezek az egyedek az Ófehértó 1/C-3,-6,-7,-8,-9,-11,-17-es számúak. A második csoport az Ófehértó 1/C állomány további 8 egyedében is számottevő, de nem rendelkezik akkora valószínűséggel, hogy egyértelműen lehessen ehhez a csoporthoz kapcsolni.

A cluster1 (narancssárga) csoportba 5 egyed (a minta 5,49%-a) tartozik közel 80%-os valószínűséggel. Valamennyi egyed az Ófehértó 2/G állományban van. Ezek az Ófehértó 2/G-1,3,4,7,9-es egyedek.

Az Ófehértó 2/G állományban vegyesen vannak a cluster1 (narancssárga) és a cluster3 (bordó) csoportok, de egyértelműen többségben van a cluster3 csoport. Az Ófehértó 1/C állományban 8 egyértelműen cluster3 csoportba és 7 egyértelműen cluster2 csoportba sorolható egyed található, azonban további 8 egyedről nem lehet megállapítani egyértelműen, hogy a második vagy a harmadik csoportba sorolható. Az Ófehértó 15/D, Pusztavacs 82/A és a Pusztavacs 81/G állományokban szinte az összes egyedet a harmadik (cluster3) csoportba lehet sorolni.



8. ábra A Structure programmal végzett klaszteranalízis eredménye

Az összes vizsgálatban arra utaló jeleket figyeltem meg, hogy egyes állományokban (pl. Ófehértó 1/C) klón egyedek fordulnak elő. Erre jó példák az alacsony diverzitás értékek, valamint a főkoordináta elemzésben megfigyelhető 0 genetikai távolság. Ezért a GenAlEx-ben egy klón vizsgálatot is elvégeztem (4. táblázat). Ennek eredményeként 19 klón egyedet azonosítottam, amelyek három genotípushoz tartoznak.

Az előfordulásukat tekintve a klónok az Ófehértó 1/C és az Ófehértó 2/G erdőrészekben voltak megtalálhatóak. Ezek közül Ófehértó 1/C állományban 2 klónnak összesen 14 egyedet azonosítottam. Ez az ebben az állományban vizsgált egyedek 60,87%-a. Az Ófehértó 2/G állományban 1 klón fordult elő, amelyhez 5 mintázott faegyed tartozik. Ez az itt megmintázott egyedek 15,63%-a.

A Structure vizsgálatban a cluster2 (kék) csoportba sorolt 7 egyed felel meg az Ófehértó 1/C állományban található Klón1 genotípusnak. A cluster1 (narancssárga) csoport 5 egyede pedig az Ófehértó 2/G állományban található klón egyedekkel azonos.

4. táblázat A vizsgált állományokban azonosított klón egyedek fontosabb adatai (ahol a genotípus esetén minden szám hármas egy marker egyik alléljének fragmenthosszát jelöli bázispárban)

Erdőrészletek	Klónok		Genotípus
	száma	Klón egyedek	
Ófehértó-1/C	2	Ófehértó 1/C - 8,	Klón1: 123123131148145153177185202
		Ófehértó 1/C - 17,	
		Ófehértó 1/C - 11,	
		Ófehértó 1/C - 9,	
		Ófehértó 1/C - 7,	
		Ófehértó 1/C - 3	
		Ófehértó 1/C - 16,	Klón2: 123123131148145153177185202
		Ófehértó 1/C - 14,	
		Ófehértó 1/C - 13,	
		Ófehértó 1/C - 12,	
		Ófehértó 1/C - 10,	
		Ófehértó 1/C - 5,	
		Ófehértó 1/C - 2,	
		Ófehértó 1/C - 1	
Ófehértó-2/G	1	Ófehértó 2G - 9,	142142131134167171195199194
		Ófehértó 2G - 7,	
		Ófehértó 2G - 4,	
		Ófehértó 2G - 3,	
Ófehértó-15/D	0	Ófehértó 2G - 1	206212212116116124124135142
			192204g
Pusztavacs 82/A	0	-	-
Pusztavacs 81/G	0	-	-

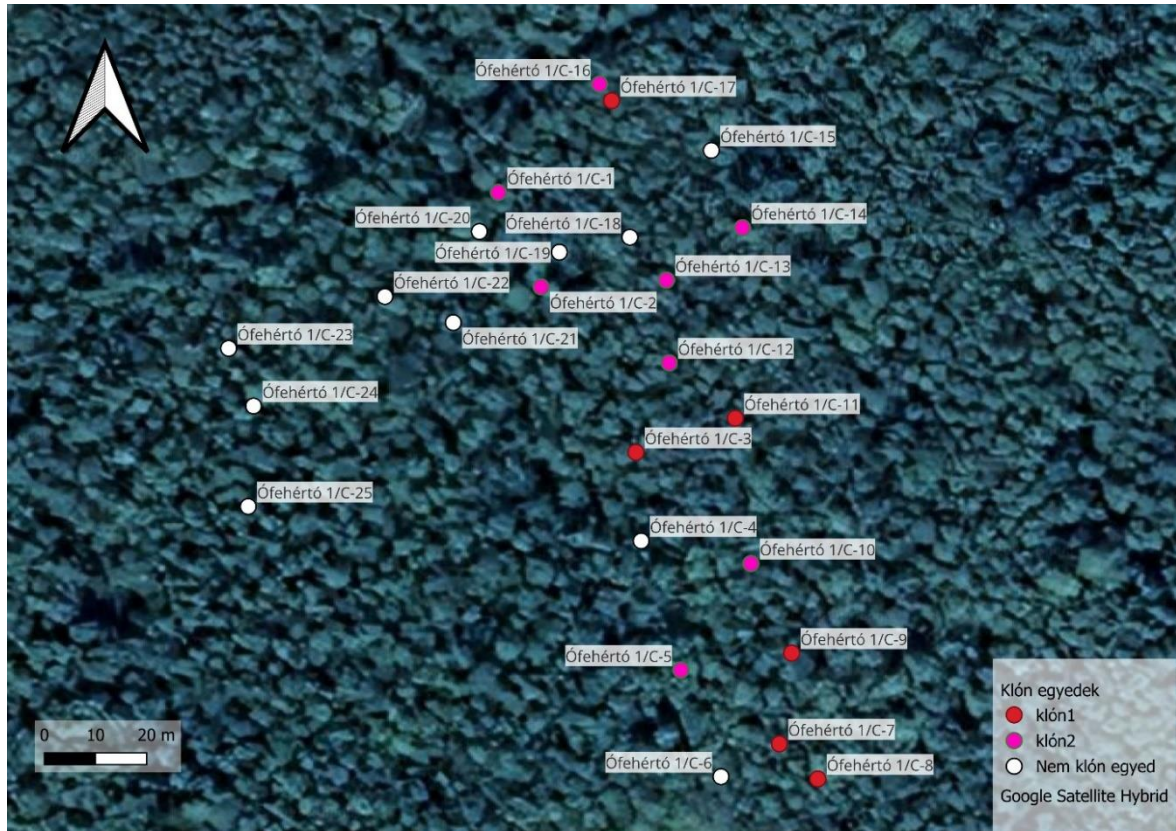
Az Ófehértó 2/G erdőrészlet idősebb részéről készített térképen (9. ábra) látható a klón egyedek elhelyezkedése. Ebben az erdőrészletben a klónok hozzávetőleg egy sorban

fordultak elő, de kifejezett struktúra nem vehető észre az elhelyezkedésükben, valamint azt is megállapíthatjuk, hogy ebben az állományban lényegesen kevesebb a klón egyed.



9. ábra Az Ófehértó2/G erdőrészletben található klón egyedek elhelyezkedése

Ezzel szemben a másik klónokat tartalmazó állományban (10. ábra) nem figyeltem meg struktúrát a két különböző klón elhelyezkedésében. A klón1 és klón2 egyedeinek az elrendeződése fedésben van egymással, sokszor egészen közel helyezkednek el egymáshoz.



10. ábra Az Ófehértó 1/C erdőrészletben található klón egyedek elhelyezkedése

4. Eredmények megvitatása

Elsőként a vizsgált állományok diverzitásmutatóit vettem górcső alá. Fontos megjegyezni, hogy nem szerencsés módon, de valamennyi állományban más-más mintaszámmal dolgoztam, aminek okán pontosabb észrevételeket tehetünk, ha a mintaszámmal korrigált mutatókat vesszük figyelembe. Ilyenek az átlagos effektív allélszám (N_e), a Shannon index (I), valamint a mintaszámmal súlyozott heterozigózis (uHe). Ezek alapján, az állományok többsége között nem volt számottevő különbség, kivéve az Ófehértó 1/C állományt, ahol mindhárom mutató tekintetében a legkisebb értéket tapasztalhattuk. Ebben az állományban az effektív allélszám (N_e) értéke 3,152, míg a legnagyobb érték, a Pusztavacs 82/A állományban mért 3,695. A Shannon index (I) tekintetében a legmagasabb értéket az Ófehértó 2/G állományban mértem, ami 1,412, azonban ehhez képest az Ófehértó 1/C állományban ez az adat 1,188. Szintén lemaradva a többi állománytól, a mintaszámmal súlyozott heterozigózis (uHe) értéke az Ófehértó 1/C állományban 0,612. Ez az érték minden más állománynál közelít 0,7-hez, és a legmagasabb, a Pusztavacs 81/G állományban meg is haladja azt (0,702). Ez a számokban is megmutatkozó diverzitáscsökkenés arra utalhat, hogy az állomány nagy számban klón egyedeket tartalmaz.

Noha a szakirodalomban kis mennyiségben találhatóak eredmények az akác állományok genetikai diverzitását tekintve (Guo et al., 2018; Huo et al., 2009; Yang et al., 2020), azonban ezekkel az összevetés meglehetősen nehéz a kutatásokban használt eltérő markertípus és mintaszámok miatt. Mivel az alkalmazott markerek részben átfednek, illetve az alkalmazott mintaszám is hasonló nagyságrendű, óvatos összehasonlítások Yang et al.(2020) eredményeivel tehetők. Az említett kutatásban szereplő diverzitás adatokkal saját adataim azonos nagyságrendbe tartoznak, illetve ezeknél magasabb diverzitást mutatnak az általam vizsgált állományok esetén. Az általam vizsgált állományok diverzitása egyes mutatók esetén pl. Shannon index, durván kétszerese az említett kutatásban vizsgált állományokénak. Azonban még egyszer meg kell jegyezni, hogy ez csak egy óvatos összehasonlítás lehet az eltérő mintaszám, illetve a nem teljesen egyező markerek miatt.

A populáció struktúrák vizsgálatára több megközelítésben is klaszteranalízist végeztem. A genetikai távolság alapján származtatott főkoordináta elemzés során, a különböző

állományokba tartozó egyedek között nem figyeltem meg differenciálódást, ezek egymást átfedő csoportokat alkottak. Kivételt képeznek ez alól a klonális eredetű genotípusok az Ófehértó 1/C és az Ófehértó 2/G állományból, amelyek a pontfelhő szélein helyezkednek el.

Ugyanezt a vizsgálatot elvégezve az állományok szintjén, a korábbiaktól eltérően már megfigyelhetők populáció struktúrák. Ebben az esetben három csoport rajzolódott ki, amelyek közül a klónokat tartalmazó Ófehértó 1/C és Ófehértó 2/G állomány kiválása figyelhető meg újra. A populációstruktúrák részletes vizsgálatára elemzést végeztem a Structure szoftverrel, ami megerősítette a három genetikai csoport jelenlétét a vizsgált állományok között, és jelezte az egyedi genetikai mintázattal jellemezhető klónok jelenlétét is a csoportokban.

A diverzitásmutatók és a genetikai távolságok szintén jelezték a klónok jelenlétét, amit a külön elvégzett klón vizsgálat is igazolt. Ennek eredményeként összesen 3 klón genotípust azonosítottam az Ófehértó 2/G és az Ófehértó 1/C állományokban. A klónok jelenléte a vizsgált, elméletileg mageredetű állományokban nem volt várható, különösen nem az, hogy az Ófehértó 1/C állományban a mintázott faegyedek több mint 60%-át tették ki.

Ugyanakkor a klón egyedek jelenléte ad magyarázatot az egyébként genetikailag hasonló, rokon állományok mellett az eltérő genetikai csoportok kialakulására is, mivel a háromból kettő genetikai csoportot jellemzően a klón egyedek alkották. Ezt figyelembe véve, tehát a klónokat leszámítva az ófehértói és pusztavacsi magtermelő állományok ugyan abba a genetikai csoportba tartoznak. Az Ófehértó 1/C erdőrészlet amely elméletben az Ófehértó 2/G magtermelő állomány utódnemzedéke (szóbeli közlés, Nyírerdő Zrt.), a vizsgálati eredmények alapján megkérdőjelezhető. Az állományban azonosított nagy számú klón egyed inkább az állomány vegetatív eredetére utalhat. Ezt alátámaszthatja a két klón genotípus véletlenszerű elhelyezkedése is az állományon belül. Feltételezhetjük, hogy a telepítés során, esetleg később pótlásként, a Nyírerdő Zrt. kezelésében lévő Máriapócsi Csemetekertben előállított vegetatív akác klónokkal került kiegészítésre az egyébként mageredetű csemetetétel. A vegetatív eredetű klónok esetleges fajtaazonosságát további genetikai összehasonlító vizsgálattal lehet majd igazolni.

5. Következtetések, javaslatok

A diverzitás vizsgálatok és a populáció struktúra eredményeiből látható, hogy az Ófehértó 1/C állomány genetikailag távolabb áll a többi mintázott erdőrésztől. Ebből kifolyólag célszerű lenne elvégezni egy vizsgálatot az Ófehértó 1/C állomány egyedei nélkül is, amivel feltehetőleg mélyebb információt szerezhethetnénk a másik négy állomány genetikai kapcsolatáról. Ezenfelül figyelembe kell venni, hogy a klónok jelenléte torzító hatással van a populáció struktúra eredményére, így érdemes lenne a klónokat eltávolítva egy újabb vizsgálatot végezni a Structure szoftverrel, hogy relevánsabb információt kapjunk a vizsgált populációk struktúrájáról.

Ezen kívül azt is érdemes figyelembe venni, hogy a Magyarországon található akácok nagy része nem szelektált szaporítóanyagból létesült erdőállomány, tehát érdemes lenne megvizsgálni a „kommersz” akác genetikai diverzitását is. Emellett a hazai állományok származását tekintve sincsen releváns információnk, ennek okán célravezető lenne az ERTI-ben már rendelkezésre álló, eredeti termőhelyről származó akác mintasorral történő vizsgálat, akár nukleáris mikroszatellit és/vagy szintesti mikroszatellit markerek segítségével. Ezekkel az amerikai referenciamintákkal történő összehasonlítás alapján következtetni lehetne a hazai akác állományok földrajzi származására.

A kutatásom talán legérdekesebb tapasztalata, hogy a NEFAG Zrt. kezelésében álló pusztavacsi magtermelő állományok genetikai mintázata gyakorlatilag megegyezik a Nyírerdő Zrt.-nél vizsgált mageredetű ófehértói állományokéval. A telepítések tehát valószínűleg ugyanazon szelektált magtételből eredeztethetőek. A klonális anyag visszaazonosítása szintén izgalmas feladat, hiszen jelentős genetikai eltérést mutatnak a mageredetű egyedekhez képest.

Mindezek tükrében, a vizsgált állományok kiválóan alkalmasak lehetnek a jövőben eltérő termőhelyen létesített azonos genetikai mintázatú egyedek fatermési tulajdonságainak összehasonlító vizsgálatára is. A klón eredetű egyedek pedig az azonos termőhelyen, de eltérő genetikai mintázatból adódó esetleges morfológiai különbségeinek feltárására adhat lehetőséget a mageredetű állománnyal összehasonlítva.

6. Összefoglalás

Kutatásomban kiemelt hazai akác magtermelő állományokban végeztem populációgenetikai vizsgálatokat. Ennek során célom volt, hogy szélesebb ismereteket kapjunk az állományok genetikai diverzitására és a populációk genetikai struktúrájára vonatkozóan. Érdekes volt számomra, hogy egy ilyen környezetvédelmileg, gazdaságilag, méhészetileg és még más okból is fontos fafajra nem történt még populációgenetikai vizsgálat Magyarországon, így fontosnak tartottam ezen téma megvitatását.

Mivel a vizsgálat tárgyát egy hazánkban nem őshonos fafaj képezte, amelynek mai állományai vélhetőleg egy elég szűk génkészletű, behozott magtétel leszármazottjai lehetnek, ezért feltételezhető volt, hogy elméletileg rokoni kapcsolatban állnak, és emiatt nem találunk releváns populációstruktúrát.

Első lépésben öt erdőrészlet kijelölésére került sor, amelyekben a vizsgálatomat végzem, a két legfontosabb hazai akác magtermelő körzetben, a Nyírségben, illetve Pusztavacs környékén. A Nyírerdő Zrt.-nél az Ófehértó 2/G szaporítóanyag termelő állomány került kiválasztásra, amelynek elméletben mageredetű utódállományai voltak az Ófehértó 15/D, és az Ófehértó 1/C erdőrészlet. Valamint további két erdőrészlet került kijelölésre, a Pusztavacs 81/G és a Pusztavacs 82/A, amelyek szintén „szaporítóanyag-termelő” rendeltetésű, kiemelt magtermelő állományok. Az ezekben gyűjtött levélmintákat 10 nukleáris mikroszatellit marker alapján vizsgáltam, amik kiválóan alkalmasak a diverzitás és a populáció struktúra vizsgálatára, illetve a vegetatív eredetű klón genotípusok azonosítására. A mintaszámmal korrigált diverzitásmutatókat figyelembe véve, alig volt tapasztalható genetikai eltérés az állományok adatai között. Ez alól kivétel az Ófehértó 1/C állomány, amelynek az értékei valamennyi esetben a legalacsonyabbak voltak. Megfigyelhetjük azt is, hogy a pusztavacsi állományok diverzitásmutatói igen magasak.

A populációstruktúrát megvizsgálva, megállapítottam, hogy az egyedek között, nincsen jelentős csoportosulás, leszámítva a klón eredetű egyedeket, amelyek a pontfelhő szélein helyezkednek el. Ezzel szemben az állományok szintjén már elkülöníthető volt három csoport. Ezt erősítette meg a Structure klaszterezés is. Az is kiderült, hogy a klón egyedek okozzák a populációk közti struktúra kialakulását. A vizsgált egyedek genetikai tulajdonságait nézve tehát, elkülöníthető a többi egyedtől kettő, főleg klónok alkotta

csoport, míg a vizsgált erdőrészek mag eredetű egyedeit nem tudtam genetikai csoportokra osztani. A pusztavacsi állományok nem különülnek el az ófehértói állományoktól, ami alátámasztja azt a feltételezést, hogy a pusztavacsi és az ófehértói magtermő állományok közös származásúak lehetnek.

Noha a három klón genotípushoz tartozó nagyszámú egyed jelenléte nem volt váratlan az akác szaporodási rendszeréből adódóan, másfelől az előfordulásukra mégsem számítottam, hiszen elméletben a vizsgált állományok mageredetűek. Meglepő eredmény, hogy az Ófehértó 1/C állományban a két azonosított klón genotípus egyedei nagy számban fordulnak elő (több mint 60%) és eloszlásuk véletlenszerű. Ez arra utalhat, hogy az erdőreszlet felújítása akár vegetatív eredetű szaporítóanyagból is történhetett.

Mindezek az eredmények lehetővé teszik a jövőben olyan összehasonlító fatermési vizsgálatok elvégzését is, amelyeknek célja a különböző termőhelyen előforduló azonos genetikai háttérű növényanyag, illetve az azonos termőhelyen található vegetatív és mag eredetű egyedek tulajdonságainak összevetését célozza.

7. Köszönetnyilvánítás

Ezúton szeretnék köszönetet mondani témavezetőmnek Dr. Cseke Klárának és Lados Botondnak, akik kitartó segítséggel támogatták kutatásom. Szeretném megköszönni Farkas Máténak a mintagyűjtés során nyújtott segítséget. Valamint köszönettel tartozom Molnár Csillának a kutatásomhoz elengedhetetlen labormunkáért. Végül szeretném megköszönni a NYÍRERDŐ Nyírségi Erdészeti Zrt.-nek és a NEFAG Pusztavacsi Erdészeti Zrt.-nek, hogy a területükön végezhettem a kutatásom.

8. Irodalomjegyzék

- Abri, T., Cseke, K., Keseru, Z., Porcsin, A., Szabo, F. M., & Redei, K. (2023). Breeding and improvement of black locust (*Robinia pseudoacacia* L.) with a special focus on Hungary: a review. *IForest - Biogeosciences and Forestry*, 16(5), 290–298. <https://doi.org/10.3832/ifor4254-016>
- Agrárminisztérium Erdőrendezési Főosztály. (2024). Magyarország erdeinek összefoglaló adatai 2023. *Agrárminisztérium Erdőrendezési Főosztály, Budapest*.
- Bartha, D., Csiszár, Á., & Zsigmond, V. (2006). Fehér akác. In B.-D. Zoltán & M. Botond (Eds.), *Biológiai inváziók Magyarországon. ÖZÖNNÖVÉNYEK II.* (p. 410).
- Bartha, D., Csiszár, Á., & Zsigmond, V. (2008). Black locust. *Robinia Pseudoacacia*, 63–76.
- DeGomez, T., & Wagner, M. R. (2001). Culture and Use of Black Locust. *HortTechnology Horttech*, 11(2), 279–288. <https://doi.org/10.21273/HORTTECH.11.2.279>
- Earl, D. A., & vonHoldt, B. M. (2012). STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. *Conservation Genetics Resources*, 4(2), 359–361. <https://doi.org/10.1007/s12686-011-9548-7>
- Evanno, G., Regnaut, S., & Goudet, J. (2005). Detecting the number of clusters of individuals using the software structure: a simulation study. *Molecular Ecology*, 14(8), 2611–2620. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2005.02553.x>
- Gálos, B., & Führer, E. (2018). A klíma erdészeti célú előrejelzése. *Erdészettudományi Közlemények*, 8(1), 43–55.
- Gálos, B., Mátyás, C., & Jacob, D. (2012). Az erdőtelepítés szerepe a klímaváltozás hatásának mérsékelésében. *Erdészettudományi Közlemények*, 2(1), 35–45.
- Guo, Q., Li, X., Yang, S., Yang, Z., Sun, Y., Zhang, J., Cao, S., Dong, L., Uddin, S., & Li, Y. (2018). Evaluation of the Genetic Diversity and Differentiation of Black Locust

- (*Robinia pseudoacacia* L.) Based on Genomic and Expressed Sequence Tag-Simple Sequence Repeats. In *International Journal of Molecular Sciences* (Vol. 19, Issue 9). <https://doi.org/10.3390/ijms19092492>
- Guo, Q., Wang, J.-X., Su, L.-Z., Lv, W., Sun, Y.-H., & Li, Y. (2017). Development and Evaluation of a Novel Set of EST-SSR Markers Based on Transcriptome Sequences of Black Locust (*Robinia pseudoacacia* L.). In *Genes* (Vol. 8, Issue 7). <https://doi.org/10.3390/genes8070177>
- Huntley, J. C. (1990). *Robinia pseudoacacia* L. black locust. *Silvics of North America*, 2, 755–761.
- Huo, X., Han, H., Zhang, J., & Yang, M. (2009). Genetic diversity of *Robinia pseudoacacia* populations in China detected by AFLP markers. *Frontiers of Agriculture in China*, 3(3), 337–345. <https://doi.org/10.1007/s11703-009-0034-x>
- Jakobsson, M., & Rosenberg, N. A. (2007). CLUMPP: a cluster matching and permutation program for dealing with label switching and multimodality in analysis of population structure. *Bioinformatics*, 23(14), 1801–1806. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btm233>
- Keresztesi, B. (1983). Breeding and cultivation of black locust, *Robinia pseudoacacia*, in Hungary. *Forest Ecology and Management*, 6(3), 217–244. [https://doi.org/10.1016/S0378-1127\(83\)80004-8](https://doi.org/10.1016/S0378-1127(83)80004-8)
- Keresztesi, B. (1984). *Az akác*. Akadémiai Kiadó.
- Lian, C., & Hogetsu, T. (2002). Development of microsatellite markers in black locust (*Robinia pseudoacacia*) using a dual-suppression-PCR technique. *Molecular Ecology Notes*, 2(3), 211–213. <https://doi.org/10.1046/j.1471-8286.2002.00213.x-i2>
- Lian, C., Oishi, R., Miyashita, N., & Hogetsu, T. (2004). High somatic instability of a microsatellite locus in a clonal tree, *Robinia pseudoacacia*. *Theoretical and Applied Genetics*, 108(5), 836–841. <https://doi.org/10.1007/s00122-003-1500-0>
- Mishima, K., Hirao, T., Urano, S., Watanabe, A., & Takata, K. (2009). Isolation and

characterization of microsatellite markers from *Robinia pseudoacacia* L. *Molecular Ecology Resources*, 9(3), 850–852. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2008.02306.x>

Molnár, S., & Bariska, M. (2002). *Magyarország ipari fái. Wood species of Hungary*. Szaktudás Kiadó Ház.

Peakall, R., & Smouse, P. E. (2012). GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research—an update. *Bioinformatics*, 28(19), 2537–2539. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts460>

Pritchard, J. K., Stephens, M., & Donnelly, P. (2000). Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. *Genetics*, 155(2), 945–959. <https://doi.org/10.1093/genetics/155.2.945>

Yang, X., Zhang, K., Wang, J., Jia, H., Ma, L., Li, Y., & Duan, J. (2020). Assessment of genetic diversity and chemical composition among seven black locust populations from Northern China. *Biochemical Systematics and Ecology*, 90, 104010. <https://doi.org/10.1016/j.bse.2020.104010>

9. Mellékletek

1. melléklet A vizsgált faegyedek adatai

ID	Erdőrészlet	Koordináták (WGS84)		Tszfm. (m)	H (m)	Mellmagassági átmérő két irányból (cm)	
		Szélesség	Hosszúság			D1.3_1	D1.3_2
Ófehértó 1/C - 1	Ófehértó 1/C	47.9575	22.0278	142	13,6	18,3	19,1
Ófehértó 1/C - 10	Ófehértó 1/C	47.9568	22.0284	139	20,7	14,1	15,1
Ófehértó 1/C - 11	Ófehértó 1/C	47.9571	22.0284	139	14,9	10,1	10,0
Ófehértó 1/C - 12	Ófehértó 1/C	47.9572	22.0282	138	13,2	12,4	12,9
Ófehértó 1/C - 13	Ófehértó 1/C	47.9573	22.0282	138	20,2	19,8	20,0
Ófehértó 1/C - 14	Ófehértó 1/C	47.9574	22.0284	137	17,2	16,8	17,0
Ófehértó 1/C - 15	Ófehértó 2/G	47.9576	22.0283	136	12,5	18,8	18,6
Ófehértó 1/C - 16	Ófehértó 2/G	47.9577	22.0280	137	15,1	17,1	17,8
Ófehértó 1/C - 17	Ófehértó 2/G	47.9577	22.0281	143	16,0	14,3	14,8
Ófehértó 1/C - 18	Ófehértó 1/C	47.9574	22.0281	140	14,4	10,5	9,8
Ófehértó 1/C - 19	Ófehértó 1/C	47.9574	22.0279	136	16,1	14,0	13,7
Ófehértó 1/C - 2	Ófehértó 1/C	47.9573	22.0279	137	14,9	15,2	15,7
Ófehértó 1/C - 21	Ófehértó 1/C	47.9573	22.0277	138	20,7	14,1	14,3
Ófehértó 1/C - 22	Ófehértó 1/C	47.9573	22.0275	142	11,1	12,3	12,8
Ófehértó 1/C - 23	Ófehértó 1/C	47.9572	22.0271	134	16,6	13,1	13,8
Ófehértó 1/C - 24	Ófehértó 1/C	47.9571	22.0271	136	13,7	10,9	10,3
Ófehértó 1/C - 3	Ófehértó 1/C	47.9570	22.0281	138	17,0	12,9	12,1
Ófehértó 1/C - 4	Ófehértó 1/C	47.9569	22.0281	140	15,2	15,4	14,1
Ófehértó 1/C - 5	Ófehértó 1/C	47.9567	22.0282	138	12,0	12,1	11,9
Ófehértó 1/C - 6	Ófehértó 1/C	47.9565	22.0284	140	10,5	11,0	11,3
Ófehértó 1/C - 7	Ófehértó 1/C	47.9565	22.0285	139	11,2	8,5	9,5
Ófehértó 1/C - 8	Ófehértó 1/C	47.9565	22.0286	138	16,3	11,9	11,6
Ófehértó 1/C - 9	Ófehértó 1/C	47.9567	22.0285	137	14,3	11,6	11,7
Ófehértó 15/D - 1	Ófehértó 15/D	47.9532	22.0539	144	5,3	5,3	5,5
Ófehértó 15/D - 12	Ófehértó 15/D	47.9537	22.0542	138	18,1	21,3	21,8
Ófehértó 15/D - 2	Ófehértó 15/D	47.9533	22.0538	140	4,2	4,2	4,2
Ófehértó 15/D - 3	Ófehértó 15/D	47.9534	22.0537	140	15,7	16,4	16,1
Ófehértó 15/D - 4	Ófehértó 15/D	47.9531	22.0540	139	5,0	4,4	4,5
Ófehértó 15/D - 5	Ófehértó 15/D	47.9531	22.0542	139	4,8	4,2	4,0
Ófehértó 15/D - 6	Ófehértó 15/D	47.9532	22.0541	138	3,3	3,0	2,9
Ófehértó 15/D - 7	Ófehértó 15/D	47.9533	22.0542	139	17,2	17,0	17,2
Ófehértó 15/D - 8	Ófehértó 15/D	47.9533	22.0541	140	20,5	15,3	16,0
Ófehértó 2G - 1	Ófehértó 2/G	47.9578	22.0463	144	17,9	15,6	17,0
Ófehértó 2G - 10	Ófehértó 2/G	47.9584	22.0444	145	18,5	17,7	15,1
Ófehértó 2G - 11	Ófehértó 2/G	47.9584	22.0448	142	21,1	27,9	27,2
Ófehértó 2G - 12	Ófehértó 2/G	47.9584	22.0450	139	21,5	22,8	20,7
Ófehértó 2G - 13	Ófehértó 2/G	47.9584	22.0453	152	21,2	17,5	17,4
Ófehértó 2G - 14	Ófehértó 2/G	47.9584	22.0456	149	22,2	30,4	31,9
Ófehértó 2G - 15	Ófehértó 2/G	47.9585	22.0460	148	20,5	21,7	20,4

Ófehértó 2G - 16	Ófehértó 2/G	47.9585	22.0463	140	19,7	22,0	20,4
Ófehértó 2G - 17	Ófehértó 2/G	47.9609	22.0458	143	18,9	18,7	18,8
Ófehértó 2G - 18	Ófehértó 2/G	47.9607	22.0458	141	15,0	17,1	16,4
Ófehértó 2G - 19	Ófehértó 2/G	47.9606	22.0459	144	19,6	15,4	15,8
Ófehértó 2G - 2	Ófehértó 2/G	47.9578	22.0460	150	18,7	17,7	17,4
Ófehértó 2G - 20	Ófehértó 2/G	47.9604	22.0459	144	18,8	27,1	26,1
Ófehértó 2G - 21	Ófehértó 2/G	47.9603	22.0459	140	19,1	23,3	23,3
Ófehértó 2G - 22	Ófehértó 2/G	47.9602	22.0460	138	18,8	19,5	18,4
Ófehértó 2G - 23	Ófehértó 2/G	47.9601	22.0460	138	19,2	18,4	19,6
Ófehértó 2G - 24	Ófehértó 2/G	47.9600	22.0461	137	19,0	18,5	18,3
Ófehértó 2G - 25	Ófehértó 2/G	47.9597	22.0461	138	17,0	13,9	13,9
Ófehértó 2G - 26	Ófehértó 2/G	47.9609	22.0458	141	19,3	15,3	15,2
Ófehértó 2G - 27	Ófehértó 2/G	47.9609	22.0455	142	16,6	18,7	19,4
Ófehértó 2G - 28	Ófehértó 2/G	47.9609	22.0454	143	20,6	20,1	20,4
Ófehértó 2G - 29	Ófehértó 2/G	47.9608	22.0452	141	17,7	21,2	19,2
Ófehértó 2G - 3	Ófehértó 2/G	47.9579	22.0457	148	19,3	16,7	16,7
Ófehértó 2G - 30	Ófehértó 2/G	47.9611	22.0458	145	16,3	17,7	16,9
Ófehértó 2G - 31	Ófehértó 2/G	47.9614	22.0458	140	18,4	18,6	17,6
Ófehértó 2G - 32	Ófehértó 2/G	47.9616	22.0457	143	18,3	18,0	17,0
Ófehértó 2G - 4	Ófehértó 2/G	47.9579	22.0453	144	20,5	15,6	15,7
Ófehértó 2G - 5	Ófehértó 2/G	47.9577	22.0448	142	13,9	16,1	16,1
Ófehértó 2G - 6	Ófehértó 2/G	47.9576	22.0443	143	17,9	20,0	19,8
Ófehértó 2G - 7	Ófehértó 2/G	47.9577	22.0441	140	15,8	25,5	25,4
Ófehértó 2G - 8	Ófehértó 2/G	47.9582	22.0440	140	22,3	26,7	26,9
Ófehértó 2G - 9	Ófehértó 2/G	47.9583	22.0441	142	21,4	19,1	18,4
Pusztavacs 81/G - 1	81/G Pusztavacs	47.1368	19.5253	146	12,8	17,3	16,7
Pusztavacs 81/G - 10	81/G Pusztavacs	47.1372	19.5243	145	18,9	21,7	21,5
Pusztavacs 81/G - 11	81/G Pusztavacs	47.1372	19.5241	144	17,9	20,1	20,6
Pusztavacs 81/G - 12	81/G Pusztavacs	47.1373	19.5240	144	23,4	27,3	27,6
Pusztavacs 81/G - 2	81/G Pusztavacs	47.1368	19.5251	140	18,4	4,0	19,8
Pusztavacs 81/G - 3	81/G Pusztavacs	47.1368	19.5248	148	24,1	35,4	36,2
Pusztavacs 81/G - 4	81/G Pusztavacs	47.1366	19.5249	144	19,1	25,3	26,4
Pusztavacs 81/G - 5	81/G Pusztavacs	47.1367	19.5248	145	10,4	7,8	7,4
Pusztavacs 81/G - 6	81/G Pusztavacs	47.1368	19.5247	145	18,5	33,1	32,5
Pusztavacs 81/G - 7	81/G Pusztavacs	47.1369	19.5245	143	15,3	14,9	16,0
Pusztavacs 81/G - 8	81/G Pusztavacs	47.1369	19.5244	143	18,7	29,3	30,0
Pusztavacs 81/G - 9	81/G Pusztavacs	47.1370	19.5243	145	17,1	20,0	19,2
Pusztavacs 82/A - 1	82/A	47.1421	19.5244	145	4,5	2,9	3,0

Pusztavacs 82/A - 10	Pusztavacs 82/A	47.1414	19.5252	145	3,7	2,8	2,7
Pusztavacs 82/A - 11	Pusztavacs 82/A	47.1412	19.5254	148	5,6	4,8	4,6
Pusztavacs 82/A - 12	Pusztavacs 82/A	47.1411	19.5253	144	19,5	13,5	13,4
Pusztavacs 82/A - 13	Pusztavacs 82/A	47.1411	19.5256	148	21,5	19,3	19,9
Pusztavacs 82/A - 14	Pusztavacs 82/A	47.1411	19.5258	146	25,5	33,8	31,3
Pusztavacs 82/A - 15	Pusztavacs 82/A	47.1410	19.5258	147	18,0	22,8	23,4
Pusztavacs 82/A - 2	Pusztavacs 82/A	47.1420	19.5244	147	4,5	3,9	3,8
Pusztavacs 82/A - 3	Pusztavacs 82/A	47.1419	19.5244	148	3,0	2,4	2,6
Pusztavacs 82/A - 4	Pusztavacs 82/A	47.1418	19.5247	148	4,3	3,2	3,0
Pusztavacs 82/A - 5	Pusztavacs 82/A	47.1418	19.5247	147	4,5	4,0	3,9
Pusztavacs 82/A - 6	Pusztavacs 82/A	47.1418	19.5249	148	5,5	5,6	5,4
Pusztavacs 82/A - 7	Pusztavacs 82/A	47.1415	19.5248	148	3,9	2,6	2,6
Pusztavacs 82/A - 8	Pusztavacs 82/A	47.1416	19.5250	147	4,7	3,4	3,5
Pusztavacs 82/A - 9	Pusztavacs 82/A	47.1414	19.5253	148	4,2	4,2	4,3