



INTÉZMÉNYI TUDOMÁNYOS DIÁKKÖRI KONFERENCIA

2022. november 23.

**GENETIKAI VIZSGÁLAT A HAZAI MAGYAR TÖLGY
(*QUERCUS FRAINETTO*) POPULÁCIÓK
ERDŐGAZDÁLKODÁSBAN ÉS TERMÉSZETVÉDELEMBEN
BETÖLTÖTT SZEREPÉRŐL**

**GENETIC STUDY ON THE ROLE OF THE HUNGARIAN OAK
(*QUERCUS FRAINETTO*) POPULATIONS IN FOREST MANAGEMENT
AND NATURE CONSERVATION**

Készítette: Nyirádi Ivett
VS1X18
Természetvédelmi mérnöki mesterképzés
Levelező tagozat
MATE Georgikon Campus

Témavezető: Dr. Alföldi Zoltán, egyetemi docens
MATE Georgikon Campus, Vadgazdálkodási és
Természetvédelmi Intézet, Természetvédelmi
Biológia Tanszék

Lehetséges OTDK szekció: Agrártudományi szekció

**Készthely
2022.**

Tartalom

1. Bevezetés	3
2. Célkitűzés.....	3
3. Irodalmi áttekintés	4
3.1. A magyar tölgy (<i>Quercus frainetto</i> Ten.).....	4
1.1. A tölgyek taxonómiája.....	6
1.2. Az európai fehér tölgyek hibridizációja	8
1.3. A genetikai vizsgálatok lehetőségei	11
1.4. Barcoding markerek	12
4. Anyagok és módszerek	13
4.1. A mintavételi helyszínek kiválasztása és a mintavételezés módja	13
4.1.1. Vonyarcvashegy 6 B és C.....	14
4.1.2. Hegyesd 8 D	17
4.2. A labormunkálatok	19
4.3. A szekvenciák elemzése	20
5. Eredmények és értékelésük.....	21
6. Összefoglalás	25
Köszönetnyilvánítás	27
Irodalomjegyzék.....	28
Ábrajegyzék	30

1. Bevezetés

A természeti környezetünkben tapasztalható, a globális felmelegedéshez köthető változások hatásai egyre jobban foglalkoztatják a szakembereket. A természeti erőforrásokkal gazdálkodók azok, akik közvetlenül tapasztalják a gyors, nagy léptékű változásokat és akik egyben a legtöbbet tehetnek ezen negatív változások mérsékléséért az átgondolt, tudományos alapokon nyugvó munkájuk által.

A gazdálkodói tevékenységek egyre kiszolgáltatottabbá válnak az időjárási szélsőségeknek, a generációk óta bevett gyakorlatban változtatásra van szükség. Nem kivétel ez alól az erdőgazdálkodás sem, hiszen az évtizedes léptékekben történő gondolkodás megköveteli a termesztett fajok, termőhelyek és az azokban feltételezhetően bekövetkező változások előrejelzésének képességét.

A tölgyek (*Quercus* spp.) közötti génáramlás, gyakori hibridizáció jelensége régóta foglalkoztatja az erdészeti tudományos közösséget. Az így létrejövő egyedek, populációk különleges állományok lehetnek: az átmeneti formák megjelenése, a termőhelyi szélsőségeket jobban tűrő egyedek kialakulása érdekes kérdéseket vet fel az erdőgazdálkodók és a természetvédelem szempontjából is.

A magyar tölgy (*Quercus frainetto* Ten.) erdőgazdálkodási jelentősége hazánkban elhanyagolható, azonban bizonyos esetekben a számára kedvező élőhelyeken gyakorlati szakemberek felfedezni vélik elsősorban olyan tölgyesekben, amelyek a magyar tölgy számára is kedvező termőhelyi körülmények között élnek. Felmerülhet a kérdés, hogy ezek az egyedek miként kerültek ezen erdőrészekbe, milyen mértékben hibridizálódnak az állomány többi egyedével, illetve milyen jelentősége lehet ennek akár természetvédelmi, akár erdőgazdálkodási szempontból.

A dolgozat az Erdészeti Tudományos Intézettel közös munka keretein belül készült el.

2. Célkitűzés

A kutatás célja egyfelől a magyar tölgy (*Quercus frainetto*), mint a klímaváltozás szempontjából potenciális fafaj hazai tölgy állományokban betöltött szerepének, erdészeti és természetvédelmi jelentőségének bemutatása.

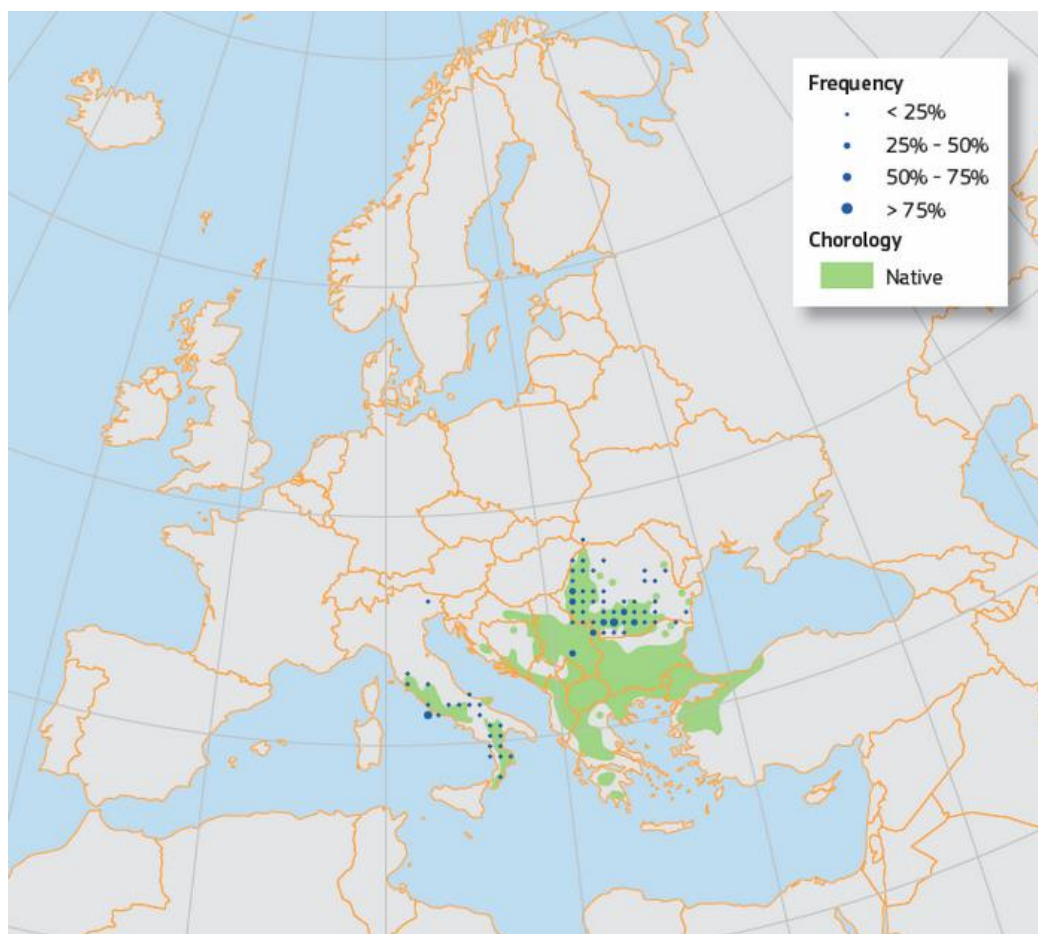
A kutatás további célja olyan, a szakirodalomban megtalálható univerzálisan használatos barcoding markerek tesztelése, amelyekkel a fajok feltételezhetően azonosíthatóak, illetve az esetleges hibridizáció is kimutatható közöttük. Ehhez két hazai magyar tölgyes állományból

vett mintákat vontuk részletes vizsgálat alá. A dolgozat célja ezen állományok részletes ismertetése is.

3. Irodalmi áttekintés

3.1. A magyar tölgy (*Quercus frainetto* Ten.)

Eredetileg balkáni elterjedésű faj, amely a szubmediterrán hegyvidékeken érzi jól magát. Elterjedésének nyugati határa a Kárpát-medence, eredeti elterjedését tekintve Kis-Ázsiától Dél-Olaszországig húzódik. Kedvezőek számára a déli kitettségű, fényes hegyoldalak, ahol többnyire cserrel (*Quercus cerris* L.) és molyhos tölggel (*Quercus pubescens* Willd.) együtt található. Többnyire kb. 350 m tengerszint feletti magasságban érzi jól magát, de bizonyos esetekben közel 700 m-es magasságban is megtelepszik. Bár az elnevezése „magyar”, valójában nem őshonos, ennek ellenére jelenlétét korábban feltételezték a Bükkben, Börzsönyben, a budai Kamaraerdőben, a Velencei-hegységben, Zselicben és a Keszthelyi-hegységben. Korábbi vizsgálatok azt mondják, hogy az összes előfordulása a Kárpát-medencében betelepítés eredménye, a zselici állományról folynak találgatások az őshonosságot illetően. (KERESZTESI, 1967)



1. ábra A magyar tölgy (*Quercus frainetto*) elterjedési területe (EUFORGEN ADATBÁZIS ALAPJÁN)

Gyökérzete hasonló a kocsánytalan tölgyéhez (*Quercus petraea* (Matt.) Liebl.), és kiválóan sarjad róla. Törzse a termőhelytől függően változik: a számára kedvező területeken sudár, szép törzsalakú, míg silányabb termőhelyeken hasonlóan formát ölt, mint a molyhos tölgy, bár kissé kevésbé elfekvő. Kérge vörösesbarna, finoman repedezett, kézzel morzsolható. Hajtásai zöldebarnák, az éves hajtások erősen szőrösek. Rügyei hegyesek és nagyok, finoman szürkésen szőrösek, az ágak végén halmozottan állnak. A levelei szinte teljesen ülők, 12-20 cm hosszúak és 8-16 cm szélesek is lehetnek, amelytől a korona tömöttnek hat. A levélalap cimpás és elkeskenyedő, a levél 7-9 karéjból áll, erősen öblös, gyakran a főérig szeldelt. A levél színe érdes tapintású, sötétzöld színű és fénylő, az ereknél csillagszőrökkel. A fonák a főerek mentén erősen szőrös, egyébként halványzöld, csillagszőrös. A porzós virág barkái kb. 6-12 cm-esek, kopasz vagy enyhén pelyhes kocsányon lógnak, a portok hosszúkás és a sima vége benyomódott. A termős virágok csoportosan állnak, alig 1-1,5 cm-es kocsányon találhatóak. A virágokat hosszúkás murva öleli, a magház gömbölyded, a bibe hátragörbülő. A makkok csoportosan teremnek, kisebbek, mint a kocsánytalan tölgyé, de hasonlóan elliptikus vagy tojásdad, a csúcsi résnél nyomott, kopasz és világos barnán csíkos. A kupacs csésze alakú, molyhos, többnyire szürkés vagy rozsdasárga. A kupacspikkelyek széle pillás. Hamarabb válik termővé, mint a kocsánytalan tölgy. Jelenlegi álláspont szerint nincs erdőgazdálkodási jelentősége. Fája tartós, szárazon nagyon kemény és nagy térfogatsúlyú. Nehezen hasad és hajlamos a beszakadásra, nehéz megmunkálni. Többnyire bányászati választékban volt használatos. (KERESZTESI, 1967)



© tree-guide.com

2. ábra Magyar tölgy (*Quercus frainetto*) levél színe (TREE-GUIDE.COM)



© tree-guide.com

3. ábra Magyar tölgy (*Quercus frainetto*) levél fonákja (TREE-GUIDE.COM)

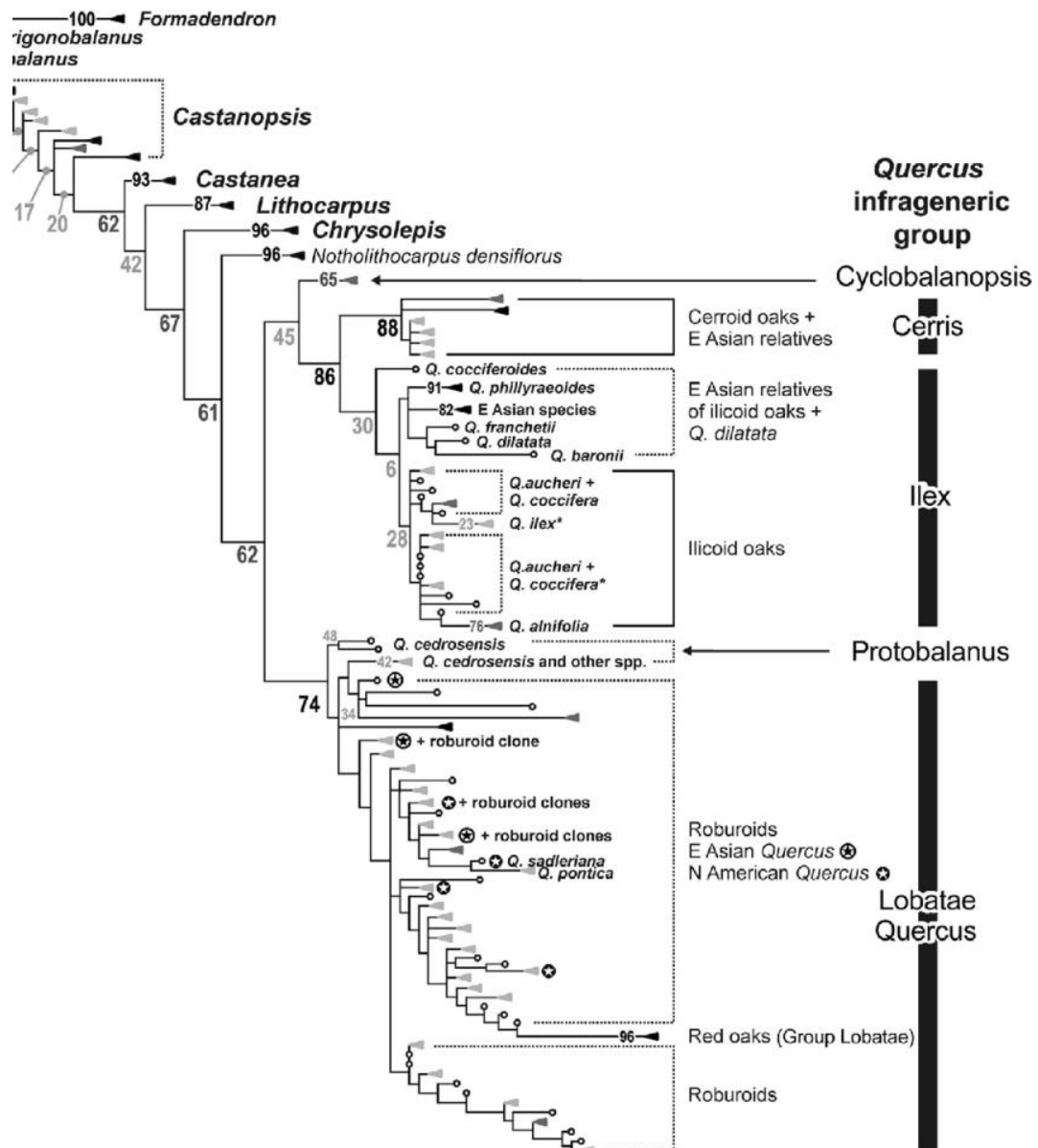
1.1. A tölgyek taxonómiája

A tölgy nemzetség (*Quercus* L.) az északi hemiszféra legdiverzebb és egyik legjelentősebb csoport, amely cca. 400 fajt számlál az észak- és közép-amerikai, kolumbiai, észak-afrikai és az eurázsiai régióban. Számos szakember foglalkozott a nemzetség fajainak besorolásával, ezért több különböző felosztás is született az évtizedek alatt, azonban egy általánosnak mondható, nemzetségen belüli csoportosítást általánosan elfogadottnak tekinthetünk:

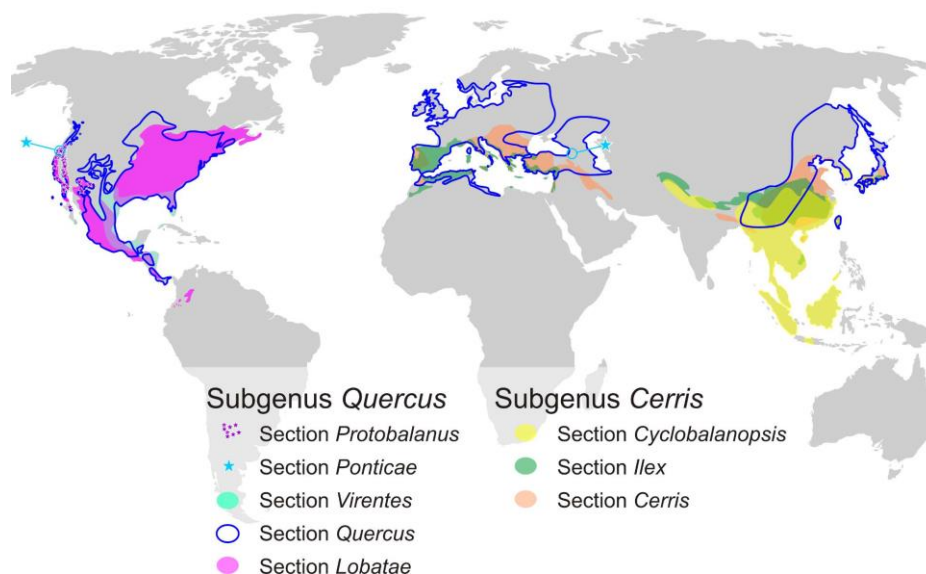
- *Cerris* (*Q. sect. Cerris* Loudon)
- *Cyclobalanopsis* (*Cyclobalanopsis* Ørsted)
- *Lobatae* (*Q. sect. Lobatae* Loudon)
- *Ilex* (*Q. sect. Ilex* Loudon)
- *Protobalanus* (*Q. subg. Protobalanus* Trelease)
- *Quercus*

(DENK & GRIMM, 2010)

A magyar tölgy (*Quercus frainetto* Ten.) a *Quercus* subgenusba sorolható, amelyet láthatunk a 6. ábrán, míg a 4. ábra a csoportok egymással való kapcsolódását mutatja. A különböző csoportok elterjedési területét az 5. ábra mutatja.



4. ábra Az összes *Fagaceae* (a *Fagus* kivételével) ITS-mátrixon alapuló, sűrített ML-fa (maximum likelihood tree). (DENK & GRIMM, 2010)



5. ábra A *Quercus* nemzetség szekcióinak földrajzi elkülönülése (DENK ÉS MTSAL., 2017)

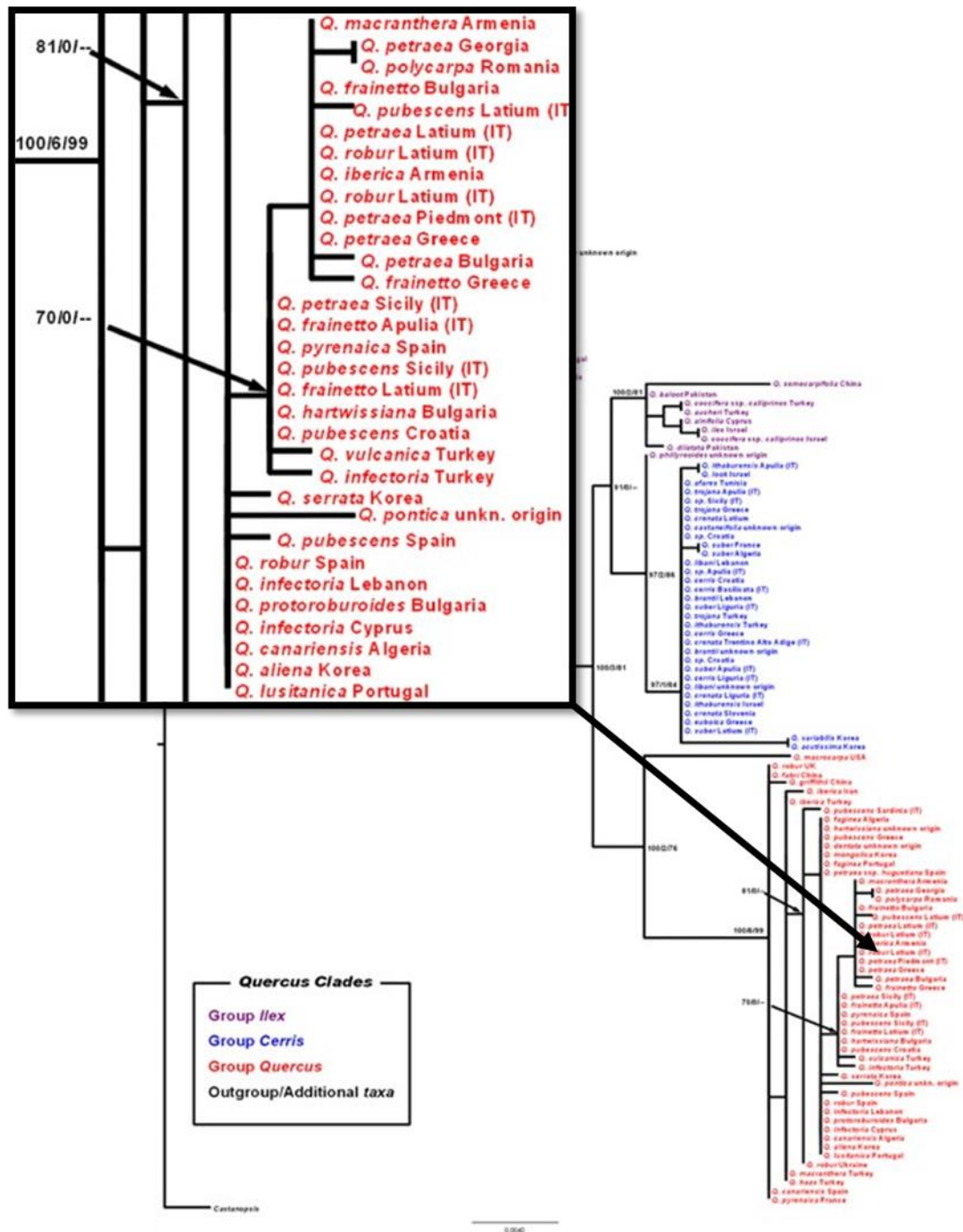
1.2. Az európai fehér tölgyek hibridizációja

A természetes úton lezajló hibridizációs folyamatoknak és introgresszióknak fontos evolúciós szerepe van: ezúton létrejöhetnek új fajok, illetve a meglévők genetikai variabilitását is módosítja. A természetes módon létrejött hibridizáció nem kimondottan gyakori, azonban bizonyos családok és nemzetségek esetében többször előfordul, erre jól ismert példa a tölgy (*Quercus* spp.) nemzetség bizonyos fajai, a hazánkban is honos fehér vagy nemes tölgyek közötti hibridizáció. (MÁTYÁS, 2002)

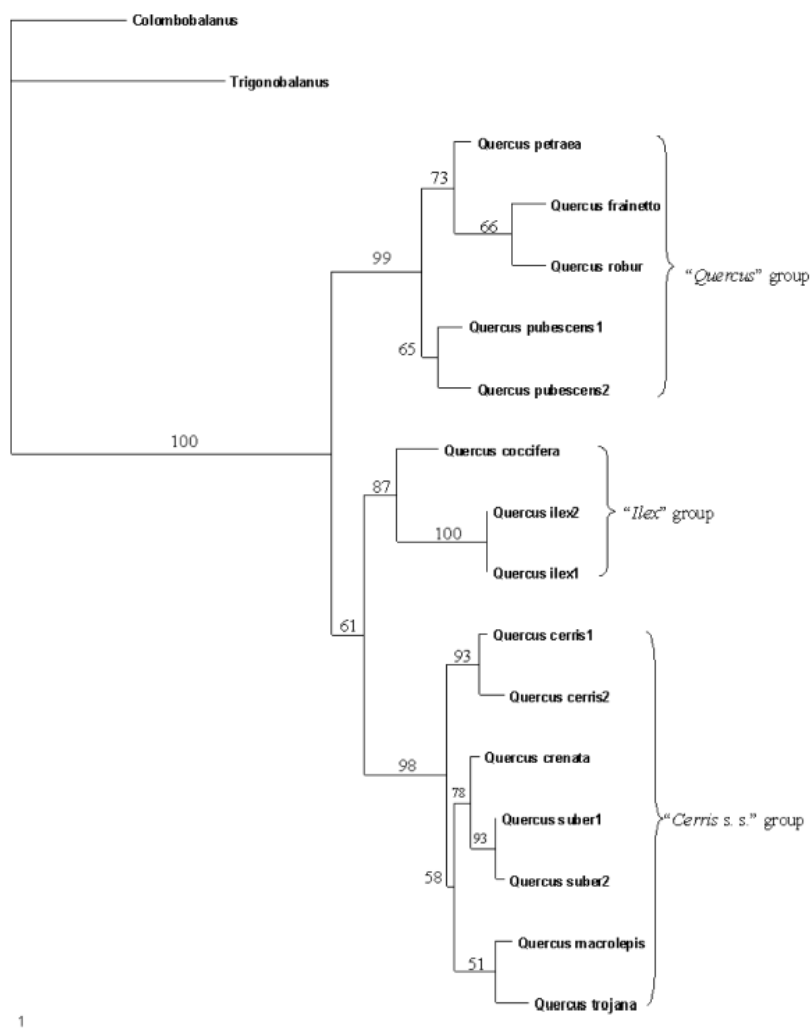
Korábban a hibridizáció egyértelmű bizonyítékként tekintettek az átmeneti morfológiájú egyedek természetes megjelenésére, azonban a „szülők” széles variabilitása miatt nem lehet egyértelműen csak a morfológiai bélyegekből megállapítani, hogy az adott egyed hibrid-e. (CURTU ÉS MTSAL., 2007) A morfológiai határok elmosódása és a változatosság oka lehet az introgresszió, vagyis a fajok közötti folyamatos és többirányú génáramlás (átkereszteződés és visszakereszteződés), amely elegyes tölgy állományok esetében gyakorta előforduló folyamat. (KISS-SZIGETI, 2012)

Az újabb vizsgálatok szerint az európai fehér vagy nemes tölgyek (*Quercus* csoport; ide sorolható több kisebb faj mellett a legnagyobb elterjedési területtel bíró *Q. robur*, *Q. petraea*, *Q. pubescens*, és a *Q. frainetto* is) esetében bizonyíthatóan van helyi introgresszió a morfológiailag egymástól különböző fajokat tartalmazó tölgyes populációkban. (SIMEONE ÉS MTSAL., 2016) Rokonság szempontjából a magyar tölgyet érdekes módon BELLAROSA ÉS MTSAL. (2004) ITS szekvencián alapuló genetikai kutatása alapján (ld.: 7. ábra) közelebb helyezhetjük a kocsányos tölgyhöz, mintsem a molyhos tölgyhöz, ami a morfológiai bélyegek

tekintetében, főként a molyhosság szempontjából, érdekes. A levélforma, karéjok mélysége, a mellékkaréjok gyakorisága és a nagyon rövid levélnyél viszont valóban nagyon emlékeztet a kocsányos tölgy levéltípusára. Ez a vizsgálat ugyanakkor csak mediterrán és legfőképpen olaszországi mintákra fókuszált, amely a magyar tölgy legnyugatibb és jóval elkülönültebb (izoláltabb) elterjedési területe.



6. ábra A magyar tölgy elhelyezkedése a törzsfán SIMEONE ÉS MTSAL. (2013) kutatása szerint



1

7. ábra Rokoni kapcsolatok (BELLAROSA ÉS MTSAI., 2004)

A *Quercus* nemzetség taxonómiai vizsgálatának egyik lehetséges formája a mikromorfológiai bélyegek elemzése. Egyes esetekben, pl. a molyhos és a kocsánytalan tölgy közötti hibridizáció mértékét meg lehet állapítani a csillag- illetve a nyalábszörök megjelenési formájából és a kombinált előfordulások szerint. (KÉZDY, 2002) Szintén levélmorfológiai vizsgálatokkal, de több mérési pont együttes elemzésével, vagyis ún. morfometriai méréssel is lehetséges a különböző tölgy fajok elkülönítése és ezáltal elvben a hibridek meghatározása is. (BOROVICS, 1999). Bár ezek a módszerek olcsóbbak és egyszerűbben kivitelezhetőek, valójában csak a genetikai vizsgálatok azok, amelyek pontos képet tudnak adni az egyeden és a populáción belüli genetikai tulajdonságokról.

A genetikai változatosságot először izoenzim technikákkal vagy anyagcseretermékek elemzésével tudták áttekintően vizsgálni, azonban ezek a módszerek az alapos genetikai feltérképezést nem tették lehetővé. A 80-as években a polimeráz enzim alkalmazhatóságának felismerése új utat nyitott a genetikai vizsgálatok terén. A polimeráz enzim felelős az élő

szervezetben a DNS szál megkettőződéséért a sejtosztódás során. Ennek a természetes folyamatnak a mesterséges leképezése a PCR módszer (polymerase chain reaction, azaz polimeráz láncreakció), amelynek során a polimeráz enzim segít abban, hogy egy kiválasztott szakaszt lemásolhassunk, és tetszőleges mennyiségben „másolhassunk” további vizsgálatok elvégzéséhez. (MÁTYÁS, 2002)

1.3. A genetikai vizsgálatok lehetőségei

A hibrideket legbiztosabban különböző DNS vizsgálati módszerekkel vagy más néven markerezési technikákkal lehet kimutatni, amire elterjedt módszer az ún. mikroszatellit elemzés. Ezeket SSR (simple sequence repeat) régióknak nevezzük, egy, a magasabb rendű szervezetekben gyakorta előforduló, nagy változatosságot mutató rövid 1-5 bázispárból álló motívum láncszerű ismétlődései. Több mikroszatellit marker együttes alkalmazása lehetővé teszi, hogy egyedi szintű genetikai mintázatot kapjunk, amely egyfajta genetikai ujjlenyomatként az egyedek azonosítására alkalmas. Ha ezzel a módszerrel egy-egy faj több egyedét vizsgáljuk, akkor képet alkothatunk a rokonsági viszonyokról, illetve a bekövetkező hibridizációról, introgresszióról is. Ez a markertípus megtalálható az organelum genomokban is. Fafajok esetében a kloroplasztisz DNS markerek alkalmazása a rokonsági kapcsolatok feltárására is jól működő módszer, ami jelen esetben a kutatás során fontos szempont lesz. (MÁTYÁS, 2002)

MUIR ÉS MTSAL., 2000 kettő, a hazai erdőgazdálkodásban is jelentős fafajt, a kocsányos (*Quercus robur* L.) és a kocsánytalan (*Quercus petraea* (Matt.) Liebl) tölgyet vizsgálták. Tudták, hogy a két faj közötti génáramlás mértéke nagy, és kíváncsiak voltak, hogy a termőhelyi igényekben nyilvánvaló különbségek ellenére mennyire „válk szét” a két faj. A két faj faji státuszának kérdését a mikroszatellit analízissel vizsgálták, amellyel lehetséges megkülönböztetni a közeli rokon fajokat. A földrajzi különbségek figyelembevétele érdekében mindkét fajból egy-egy populációnyi egyedről vettek mintát öt olyan helyszínen, amelyek a fajok európai elterjedési területét szinte teljesen lefedték. Az allélfrekvenciákon alapuló hozzárendelési teszt segítségével meg tudták határozni annak a 46 mintának a faji státuszát, amelyeknek vagy egyértelmű *Q. robur* vagy *Q. petrae* fenotípusa volt, a levélmorfológia jellemzői alapján. A morfológiai és molekuláris bizonyítékok az esetek 78%-ában egyezést mutattak. Az esetek maradék 22%-ában az elemzés vagy nem volt értelmezhető (7%), vagy hibrid státuszt jelzett (15%). A molekuláris elemzésünk összességében azt mutatta, hogy a két faj különálló rendszertani egységeket alkot, amelyek a mikroszatellitek

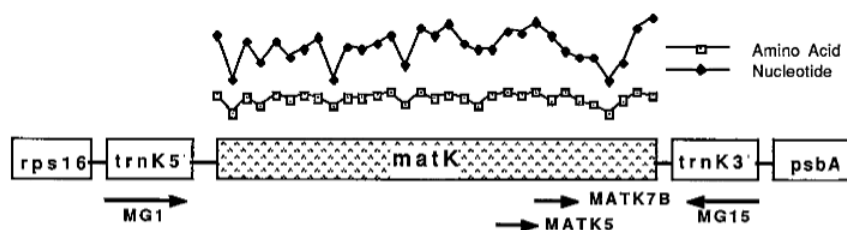
segítségével különválaszthatók. A fajok közötti nagyfokú génáramlás ellenére a fennmaradó faji különbségek továbbra is kérdést vetnek fel a tudósokban. (MUIR ÉS MTSAL., 2000)

Fajok azonosítására szintén elterjedt megoldás az ún. DNA barcoding, azaz egyfajta DNS „vonalkódolás”, ahol egy hosszabb-rövidebb DNS szekvenciát alkalmazunk markerként. A procedúra során a PCR amplifikációt DNS szekvenálás követi, majd a szekvencia analízis, amikor is egy hasonlóságon alapuló adatbázissal történő összehasonlító elemzéssel állapítjuk meg a fajt. A barcode markerek lehetnek egy-lókuszosak (egyetlen szekvencia átírat), amik család és nemzetség szintű határozáshoz a legalkalmasabbak, ennél pontosabbak a több-lókuszos barcode markerek, amikor több DNS régió átíratát elemezzük együttesen. A kloroplasztisz markerekhez képest pedig a nukleáris eredetű markerek lehetnek informatívabbak és alkalmasabbak akár egyetlen lókusz alapján a faji szintű azonosításra. (YU, ÉS MTSAL., 2020)

1.4. Barcoding markerek

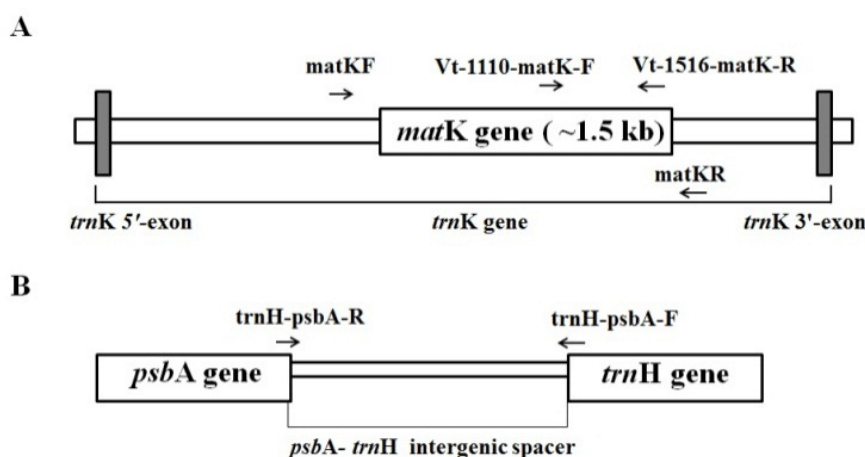
A korábban említetteknek megfelelően a DNS- „vonalkódolás” során egy rövid DNS-szekvenciát molekuláris markerként használnak a növény- és állatfajok közötti sokféleség megállapítására. A szisztematikus növényi molekuláris vizsgálatokhoz leggyakrabban használt szekvencia-lókusz a nukleáris riboszómális cisztron *internal transcribed spacer* (ITS) régiója, nyersfordításban a „belső átírt elválasztó” régió. (SELVARAJ ÉS MTSAL., 2008) Gyakran használják DNS-barcoding-hoz az ITS2 (internal transcribed spacer 2) régiót, mivel számos értékes tulajdonsággal rendelkezik; jellemző az univerzális primerek tervezéséhez rendelkezésre álló konzervált régiók, az egyszerű amplifikáció és a még a közeli rokon fajok megkülönböztetéséhez elegendő variabilitás. Az azonban nem teljesen egyértelmű, hogy képes-e megkülönböztetni a fajokat egy átfogó mintakészletben. (YAO ÉS MTSAL., 2010)

A matK (Maturase K) gén (korábban orfK), 1500 bázispár hosszú, a kloroplasztisz trnK intronjában helyezkedik el. A molekuláris rendszertanban (filogenetika) és evolúciós folyamatok lekövetéséhez gyakran használják. Növényfajok esetében az univerzális primerek sok esetben nem működnek megfelelően, ezért nemzetségenként szükséges az újratervezésük, pontosításuk az eredményes PCR kivitelezésére. (HILU & LIANG, 1997) (YU ÉS MTSAL., 2011)



8. ábra A PCR amplifikációs primerek elhelyezkedése HILU ÉS LIANG (1997) kutatásában

A legtöbb növényi DNS-barcode régió a kloroplasztisz genomban található: vagy a kódoló szekvenciákban (mint például az *rbcLa* és a *matK*), vagy az intergenikus régiókban (mint például a *trnH-psbA*), bár néhány nukleáris lokuszt is használtak DNS-barcodeként, például a már említett riboszómális DNS ITS-t. Növényi egyedenként általában egynél több vonalkódott szekvenálnak és használnak fel a rendszertani besoroláshoz. (LOERA-SÁNCHEZ ÉS MTSAL., 2020)



9. ábra A kloroplasztisz *matK* gén (az ábrán A-val jelölve) és a *psbA-trnH* intergenikus spacer (az ábrán B-vel jelölve) általános szerkezete és a PCR-primerek lágyulási pozíciói PHOOLCHAROEN & SUKRONG (2013) vizsgálatában

4. Anyagok és módszerek

4.1. A mintavételi helyszínek kiválasztása és a mintavételezés módja

A mintavételezés során az erdőrészekben belül azokat az egyedeket kerestük, amik levelük, kérgük alapján magyar tölgynek tűntek, továbbá tudatosan kerestünk mellé egyéb, a társulásban dominánsan jelenlévő fajokat is (kocsánytalan tölgy, molyhos tölgy).

A terepi bejárás során a kiválasztott fákról több levelet gyűjtöttünk különböző magasságokból, amiket utána részben préseltünk későbbi herbáriumi tároláshoz, részben pedig fagyasztóba tettünk a DNS vizsgálatokhoz. A vizsgálathoz szükséges minta gyűjtéséhez kiindulásként a gyakorlati erdőgazdálkodó szakemberek segítségét kértük, mert ők azok, akik

a legtöbbet tartózkodnak a potenciálisan magyar tölgyet tartalmazó állományokban, és akik első kézből releváns információkkal szolgálhatnak az egyedek hollétét illetően.

A Keszthelyi-hegység a magyar tölgy termőhelyi preferenciáit figyelembe véve megfelelő élőhelyet tud biztosítani a fajnak, ezért az illetékes erdőgazdálkodó (Bakonyerdő Zrt.) segítségével két helyszínről sikerült mintát vennünk:

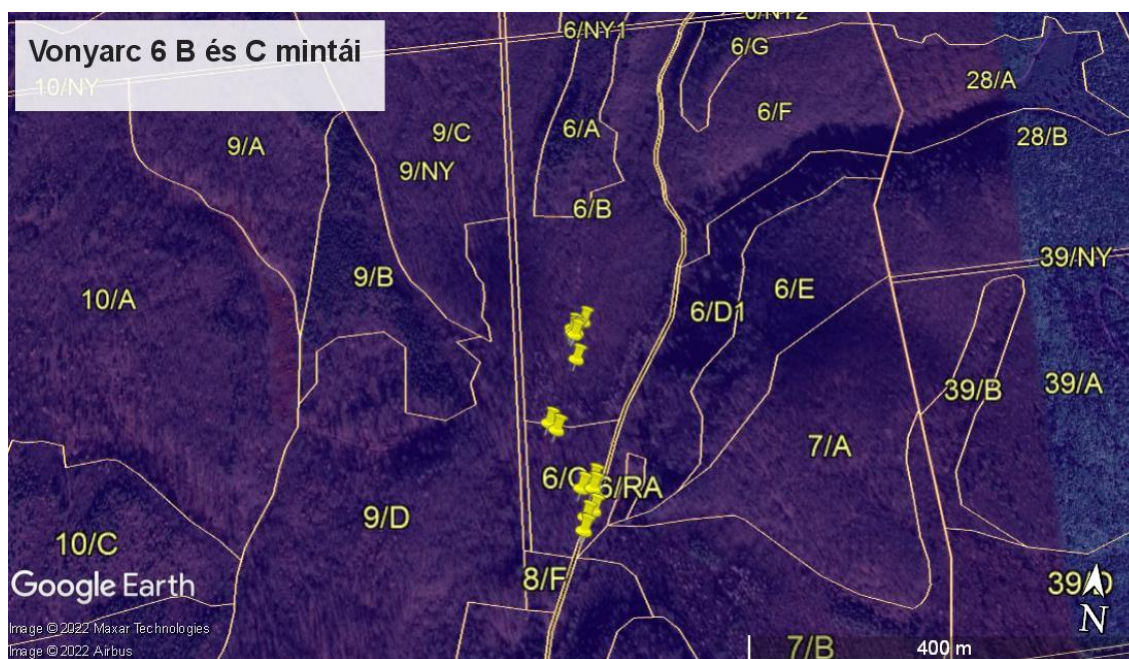
- Vonyarcvashegy 6 B és C erdőrészlet (8,81 + 1,17 ha, azaz 9,98 ha összesen)
- Hegyesd 8 D erdőrészlet (3,33 ha)

A mintavételt vegetációs időszakban végeztük, és minden olyan fáról vettünk leveles hajtást, aminél feltételeztük, hogy magyar tölgygel van dolgunk, illetve hogy esetleg hibridet látunk. Ezeken felül molyhos tölgy, kocsánytalan tölgy és cser fajok egyedeiről is vettünk levélmintát a helyi genetikai mintázat összehasonlítása érdekében.

Az erdőrészletekről adatokat az online elérhető Erdőtérkép adatbázisból kérdeztem le (<https://erdoterkep.nebih.gov.hu/>)

4.1.1. Vonyarcvashegy 6 B és C

Elsődlegesen természetvédelmi rendeltetésű erdő található a részletekben, a Natura 2000 hálózat része és védett természeti terület. Természetszerű természetességi állapotú kocsányos tölgyes-cseres állományok találhatók bennük. A két részlet tulajdonságaiban nem különül el egymástól.



10. ábra Vonyarc 6 B és C mintái

1. táblázat Vonyarcvashegyen gyűjtött fajok koordinátái és a laborban adott DNS azonosítók

DNS azonosító	Faj	Koordináta	
Q3622	<i>Quercus frainetto</i>	46.7834209	17.3197323
Q3623	<i>Quercus frainetto</i>	46.7833213	17.3195815
Q3624	<i>Quercus frainetto</i>	46.7833332	17.3197454
Q3625	<i>Quercus frainetto</i>	46.7830381	17.3196871
Q3626	<i>Quercus frainetto</i>	46.7829023	17.3196804
Q3627	<i>Quercus frainetto</i>	46.7839722	17.3189979
Q3629	<i>Quercus petraea</i>	46.7831125	17.3197843
Q3632	<i>Quercus pubescens</i>	46.7847164	17.3192901
Q3633	<i>Quercus pubescens</i>	46.7850007	17.3192171
Q3634	<i>Quercus pubescens</i>	46.7850264	17.3191850
Q3635	<i>Quercus pubescens</i>	46.7850314	17.3192456
Q3636	<i>Quercus pubescens</i>	46.7850723	17.3191727
Q3637	<i>Quercus pubescens</i>	46.7850781	17.3191823
Q3638	<i>Quercus pubescens</i>	46.7851675	17.3193294

2. táblázat Vonyarcvashegy 6 B erdőrészlet leírása

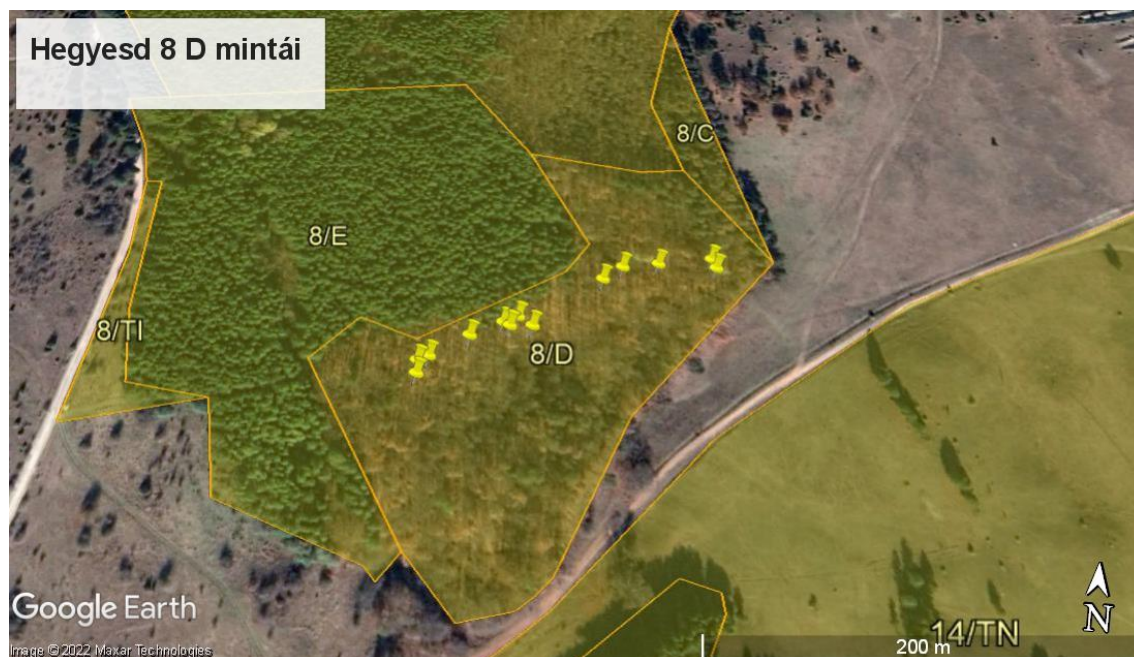
Illetékes megyei kormányhivatal	VEMKH
Körzet	Keszthelyi-hegység körzet
Helység /kód/	Vonyarcvashegy (9406)
Tag	6
Részletjel /kód/	B (20)
Erdőgazdálkodó kód	57
Terület	8,81 ha
Erdészeti táj	Keszthelyi-dolomitvonulat
Tulajdonforma	Állami tulajdon
Elsődleges rendeltetés	Természetvédelmi
További rendeltetés 1	Natura 2000
További rendeltetés 2	
Értékbecsléséhez fatermőképesség adat (Ftk)	7,5 m3/ha/év (erdőrészlet első fafajsorána megállapított fatermőképessége)
Értékbecsléséhez fakészlet adat (V)	208 m3/ha (erdőrészlet fajlagos fakészlete)
Natura2000	Része a hálózatnak
Faállomány típus	Egyéb lomb elegyes-cseres
Természetességi állapot	Természetszerű erdő
Természetességi alapelvárás	Természetszerű erdő
Erdősítési kötelezettség alá vont terület	
Védettség	Védett természeti terület
Tűzveszélyesség	Közepesen veszélyeztetett terület
Következő tervezés éve	2022

3. táblázat Vonyarcvashegy 6 C erdőrészlet leírása

Illetékes megyei kormányhivatal	VEMKH
Körzet	Keszthelyi-hegység körzet
Helység /kód/	Vonyarcvashegy (9406)
Tag	6
Részletjel /kód/	C (30)
Erdőgazdálkodó kód	57
Terület	1,17 ha
Erdészeti táj	Keszthelyi-dolomitvonulat
Tulajdonforma	Állami tulajdon
Elsődleges rendeltetés	Természetvédelmi
További rendeltetés 1	Parkerdő
További rendeltetés 2	Natura 2000
Értékbecsléséhez fatermőképesség adat (Ftk)	8,6 m ³ /ha/év (erdőrészlet első fafajsorának megállapított fatermőképessége)
Értékbecsléséhez fakészlet adat (V)	250 m ³ /ha (erdőrészlet fajlagos fakészlete)
Natura2000	Része a hálózatnak
Faállomány típus	Kocsányos tölgyes-cseres
Természetességi állapot	Természeteszerű erdő
Természetességi alapelvárás	Természeteszerű erdő
Erdősítési kötelezettség alá vont terület	-
Védettség	Védett természeti terület
Tűzveszélyesség	Közepesen veszélyeztetett terület
Következő tervezés éve	2022

4.1.2. Hegyesd 8 D

Elsősorban faanyagtermelő állomány található benne. Az erdőrészlet része a Natura 2000 hálózatnak, viszont nem védett természeti terület. Ebben az erdőrészletben természeteszerű természetességi állapotú cseres-molyhos tölgyes állományok találhatók, amely két fafaj kimondottan gyakran fordul elő együttesen a magyar tölgygel.



11. ábra Hegyesd 8 D mintái

4. táblázat Hegyesden gyűjtött fajok koordinátái és a laborban adott DNS azonosítók

DNS azonosító	Faj	Koordináta	
Q3639	<i>Quercus frainetto</i>	46.9255142	17.5259454
Q3640	<i>Quercus frainetto</i>	46.9255683	17.5259079
Q3641	<i>Quercus frainetto</i>	46.9255155	17.5255134
Q3644	<i>Quercus frainetto</i>	46.9253961	17.5251103
Q3648	<i>Quercus frainetto</i>	46.9250841	17.5246373
Q3649	<i>Quercus frainetto</i>	46.9250756	17.5244745
Q3650	<i>Quercus frainetto</i>	46.9248696	17.5239360
-	<i>Quercus frainetto</i>	46.9248385	17.5238631
-	<i>Quercus frainetto</i>	46.9247668	17.5238749
Q3642	<i>Quercus petraea</i>	46.9254807	17.5252481
Q3643	<i>Quercus petraea</i>	46.9251318	17.5245242
Q3645	<i>Quercus pubescens</i>	46.9250022	17.5241991
Q3647	<i>Quercus pubescens</i>	46.9250906	17.5244242

5. táblázat Hegyesd 8 D erdőrészlet leírása

Illetékes megyei kormányhivatal	VEMKH
Körzet	Tapolcai körzet
Helység /kód/	Hegyesd (8581)
Tag	8
Részletjel /kód/	D (40)
Erdőgazdálkodó kód	55
Terület	3,33 ha
Erdészeti táj	Déli-Bakony
Tulajdonforma	Állami tulajdon
Elsődleges rendeltetés	Faanyagtermelő
További rendeltetés 1	Natura 2000
További rendeltetés 2	-
Értékbecsléséhez fatermőképesség adat (Ftk)	3,7 m3/ha/év (erdőrészlet első fafajsorának megállapított fatermőképessége)
Értékbecsléséhez fakészlet adat (V)	253 m3/ha (erdőrészlet fajlagos fakészlete)
Natura2000	Része a hálózathoz
Faállomány típus	Cseres-molyhos tölgyes
Természetességi állapot	Természeteszerű erdő
Természetességi alapelvárás	Természeteszerű erdő
Erdősítési kötelezettség alá vont terület	-
Védettség	Nem védett terület
Tűzveszélyesség	Közepesen veszélyeztetett terület
Következő tervezés éve	2026

4.2. A labormunkálatok

A gyűjtött minták (friss leveles hajtások) az Erdészeti Tudományos Intézet sárvári laborjába kerültek, ahol Dr. Cseke Klára és munkatársai végezték el rajta a molekuláris genetikai labormunkálatokat. A vizsgálatok során a , illetve a SIMEONE ÉS MTSAL. (2013) által közölt módszertant követték a matK, trnH-psbA és egy ITS2 (5.8S – 25S) régió szekvenálására. Mivel az irodalomban közölt három barcoding markerrégiót korábban más *Quercus* fajok esetében is sikerrel alkalmazták, ezt a módszert választottuk elsőként a saját mintáink azonosíthatóságának tesztelésére. A szekvenálást PCR-rel készítették elő, amely során az irodalomban megadott, specifikus primerpárok segítségével felszaporították (szakszóval amplifikálták) a mintáinkból kinyert egyedi DNS-ekből a vizsgálni kívánt szakaszokat.

A DNS barcoding költséges mivolta miatt a tesztelés első körében csak néhány minta került szekvenálásra, fajonként és állományonként. Ezek a következők voltak: Q3625, Q3630, Q3635, Q3644, Q3645, Q3646.

Szintén a költséghatékonyság miatt, a szekvenálást egyelőre csak egy irányból, mindhárom esetben a Forward primer irányából kértük. A szekvenálásra a BIOMI Kft-nél került sor.

4.3. A szekvenciák elemzése

A szekvenálást végző cég által megküldött nyers szekvenciák értékelését ezután önállóan végeztem.

Első lépésként ellenőriztem a szekvenciaregiók helyességét egy nemzetközi adatbázisban megtalálható, hasonló szekvenciákkal történő összevetéssel. Ehhez az NCBI Nucleotide BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) funkcióját használtam, amely ingyenesen elérhető online felületen kutatási célokra (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>). A laborfázist mindhárom régióra egy-egy kiválasztott szekvenciával ellenőriztem

Descriptions	Graphic Summary	Alignments	Taxonomy					
Sequences producing significant alignments								
Download		Select columns	Show 100					
☒ select all 100 sequences selected								
GenBank Graphics Distance tree of results MSA Viewer								
Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
☒ Quercus pontica chloroplast matK gene for maturase K and partial trnK gene intron_isolate Keda_4	Quercus pontica	1192	1192	97%	0.0	100.00%	693	LT718140.1
☒ Quercus pontica chloroplast matK gene for maturase K and partial trnK gene intron_isolate Keda_3	Quercus pontica	1192	1192	97%	0.0	100.00%	693	LT718139.1
☒ Quercus pontica chloroplast matK gene for maturase K and partial trnK gene intron_isolate Keda_2	Quercus pontica	1192	1192	97%	0.0	100.00%	693	LT718138.1
☒ Quercus pontica chloroplast matK gene for maturase K and partial trnK gene intron_isolate Keda_1	Quercus pontica	1192	1192	97%	0.0	100.00%	693	LT718137.1
☒ Quercus petraea chloroplast matK gene for maturase K and partial trnK gene intron_isolate Kintrishi_2	Quercus petraea	1192	1192	97%	0.0	100.00%	693	LT718104.1
☒ PREDICTED: Quercus robur maturase K (LOC126725877).mRNA	Quercus robur	1192	1192	97%	0.0	100.00%	3363	XM_050430881.1
☒ Quercus robur genome assembly_chromosome_5	Quercus robur	1192	2306	97%	0.0	100.00%	89215487	OW028769.1
☒ Quercus petraea genome assembly_organelle_plastid	Quercus petraea	1192	1192	97%	0.0	100.00%	161306	LT996899.1
☒ Quercus petraea chloroplast matK gene for maturase K and partial trnK gene intron_biomaterial 1993.0	Quercus petraea	1192	1192	97%	0.0	100.00%	693	HE583723.1

12. ábra A matK régió ellenőrzése 97%-os egyezést mutató rokon fajokkal

Descriptions	Graphic Summary	Alignments	Taxonomy					
Sequences producing significant alignments								
Download Select columns Show 100								
select all 100 sequences selected								
GenBank Graphics Distance tree of results MSA Viewer								
Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
Quercus petraea genome assembly organelle plastid	Quercus petraea	966	966	94%	0.0	99.81%	161306	LT996899.1
Quercus dalechampii PsbA gene, partial cds, and psbA-trnH intergenic spacer, complete sequence, plastid	Quercus dalech...	966	966	94%	0.0	99.81%	656	MT465751.1
Quercus frainetto genomic DNA containing psbA-trnH IGS, isolate from Italy Latium	Quercus frainetto	966	966	94%	0.0	99.81%	572	HE591272.1
Quercus robur chloroplast psbA gene (partial), psbA-trnH IGS and trnA-His gene (partial), country Italy Emilia	Quercus robur	966	966	94%	0.0	99.81%	572	FN687491.1
Quercus hartwissiana genomic DNA containing psbA-trnH IGS, isolate from Bulgaria Rila	Quercus hartwis...	965	965	94%	0.0	99.81%	571	HE591273.1
Quercus fabri chloroplast complete genome	Quercus fabri	961	961	94%	0.0	99.62%	161227	MK922346.1
Quercus mongolica isolate BOP09302 chloroplast complete genome	Quercus mongol...	961	961	94%	0.0	99.62%	161191	MK105460.1
Quercus dentata isolate BLL76 chloroplast complete genome	Quercus dentata	961	961	94%	0.0	99.62%	161300	MK105453.1
Quercus mongolica chloroplast complete genome	Quercus mongol...	961	961	94%	0.0	99.62%	161194	NC_043858.1
Quercus mongolica chloroplast complete genome	Quercus mongol...	961	961	94%	0.0	99.62%	161194	MK089571.1
Quercus dentata isolate BLL89 chloroplast complete genome	Quercus dentata	961	961	94%	0.0	99.62%	161300	MK105455.1
Quercus dentata isolate BLL77 chloroplast complete genome	Quercus dentata	961	961	94%	0.0	99.62%	161300	MK105454.1
Quercus pubescens PsbA gene, partial cds, and psbA-trnH intergenic spacer, complete sequence, plastid	Quercus pubesc...	961	961	94%	0.0	99.62%	572	MT465756.1

13. ábra A psbA-trnH régió ellenőrzése 94%-os egyezést mutató rokon fajokkal

Descriptions	Graphic Summary	Alignments	Taxonomy
--------------	-----------------	------------	----------

Sequences producing significant alignmentsDownloadSelect columnsShow100?

☒ select all100 sequences selected

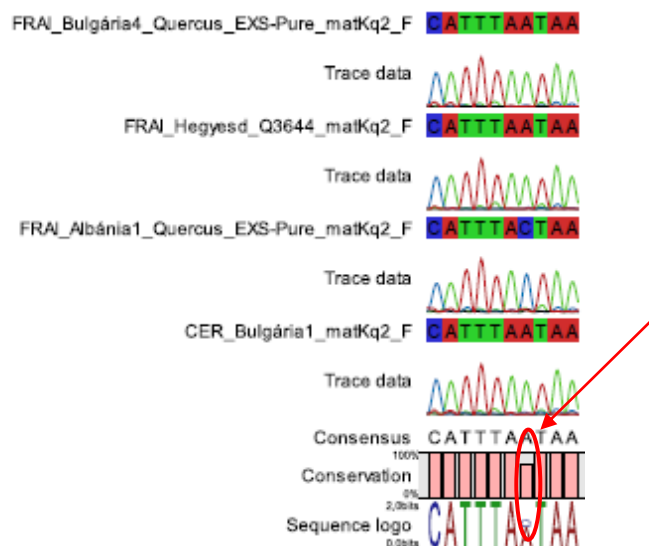
[GenBank](#)[Graphics](#)[Distance tree of results](#)[MSA Viewer](#)

Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
Quercus petraea subsp. petraea 18S rRNA gene (partial). ITS1_5.8S rRNA gene ITS2_25S rRNA gene (partial)	Quercus petraea	612	612	95%	1e-170	98.02%	693	FM244054.1
Quercus infectoria subsp. infectoria 18S rRNA gene (partial). ITS1_5.8S rRNA gene ITS2_25S rRNA gene (partial)	Quercus infectoria	608	608	95%	2e-169	97.74%	554	FM244081.1
Quercus infectoria subsp. infectoria 18S rRNA gene (partial). ITS1_5.8S rRNA gene ITS2_25S rRNA gene (partial)	Quercus infectoria	608	608	95%	2e-169	97.74%	555	FM244079.1
Quercus robur genome assembly_chromosome_1	Quercus robur	606	13104	95%	6e-169	97.73%	55127264	QW028765.1
Quercus pubescens 18S rRNA gene (partial). ITS1_5.8S rRNA gene ITS2_25S rRNA gene (partial). clone vi...	Quercus pubescens	606	606	95%	6e-169	97.73%	690	FM244255.1
Quercus pubescens 18S rRNA gene (partial). ITS1_5.8S rRNA gene ITS2_25S rRNA gene (partial). clone vi...	Quercus pubescens	606	606	95%	6e-169	97.73%	690	FM244259.1
Quercus pubescens 18S rRNA gene (partial). ITS1_5.8S rRNA gene ITS2_25S rRNA gene (partial). clone vi...	Quercus pubescens	606	606	95%	6e-169	97.73%	553	FM244260.1
Quercus robur subsp. robur 18S rRNA gene (partial). ITS1_5.8S rRNA gene ITS2_25S rRNA gene (partial)	Quercus robur s...	606	606	95%	6e-169	97.73%	691	FM244248.1
Quercus robur subsp. robur 18S rRNA gene (partial). ITS1_5.8S rRNA gene ITS2_25S rRNA gene (partial)	Quercus robur s...	606	606	95%	6e-169	97.73%	557	FM244247.1
Quercus pyrenaica 18S rRNA gene (partial). ITS1_5.8S rRNA gene ITS2_25S rRNA gene (partial). clone py...	Quercus pyrenaica	606	606	95%	6e-169	97.73%	692	FM244224.1
Quercus pyrenaica 18S rRNA gene (partial). ITS1_5.8S rRNA gene ITS2_25S rRNA gene (partial). clone py...	Quercus pyrenaica	606	606	95%	6e-169	97.73%	557	FM244205.1
Quercus pyrenaica 18S rRNA gene (partial). ITS1_5.8S rRNA gene ITS2_25S rRNA gene (partial). clone py...	Quercus pyrenaica	606	606	95%	6e-169	97.73%	692	FM244204.1
Quercus pyrenaica 18S rRNA gene (partial). ITS1_5.8S rRNA gene ITS2_25S rRNA gene (partial). clone py...	Quercus pyrenaica	606	606	95%	6e-169	97.73%	693	FM244199.1
Quercus pyrenaica 18S rRNA gene (partial). ITS1_5.8S rRNA gene ITS2_25S rRNA gene (partial). clone py...	Quercus pyrenaica	606	606	95%	6e-169	97.73%	693	FM244197.1

14. ábra Az 5.8S régió ellenőrzése 95%-os egyezést mutató rokon fajokkal

5. Eredmények és értékelésük

A nyers szekvenciákat egy QIAGEN CLC Genomic Workbench nevű program segítségével elemeztem. A programba importált mintákat markerenként szétválogattam, majd átneveztem a jobb szemléltethetőség érdekében. A szekvenciákat ezután markerégióként külön-külön illesztettem (alignment készítése). Az illesztésben kapott konszenzusos nukleotidsorrendben megfigyelhetők azok a pontok, amelyekben eltérés volt tapasztalható egyes minták esetében. A továbbiakban ezeket a mintasorban kimutatható SNP-ként (single-nucleotide polymorphism) jelöltem meg.

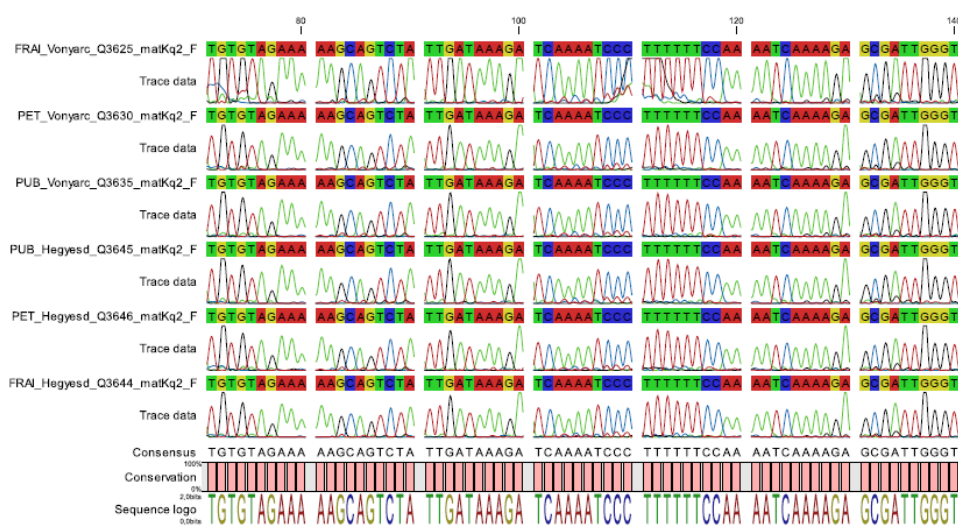


15. ábra SNP jelölése

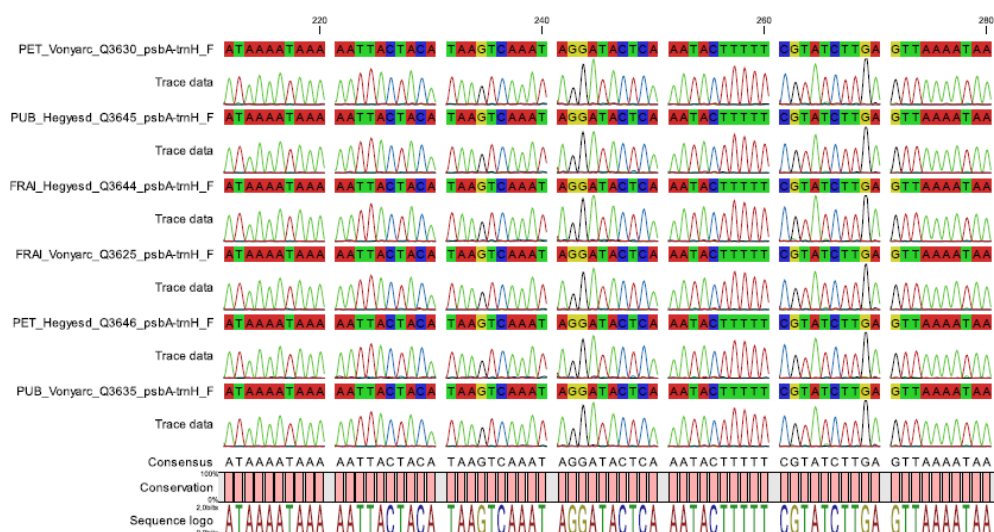
A saját gyűjtésű és a külföldi minták esetében a matK régióban összesen 630 bázis hosszúságú (60-700) szekvencián a minták között 48 helyen volt megfigyelhető valamilyen pontmutáció (SNP).

A psbA-trnH régióban összesen 500 bázis hosszúságú (60-560) szekvencián a minták között 15 helyen volt megfigyelhető valamilyen pontmutáció (SNP).

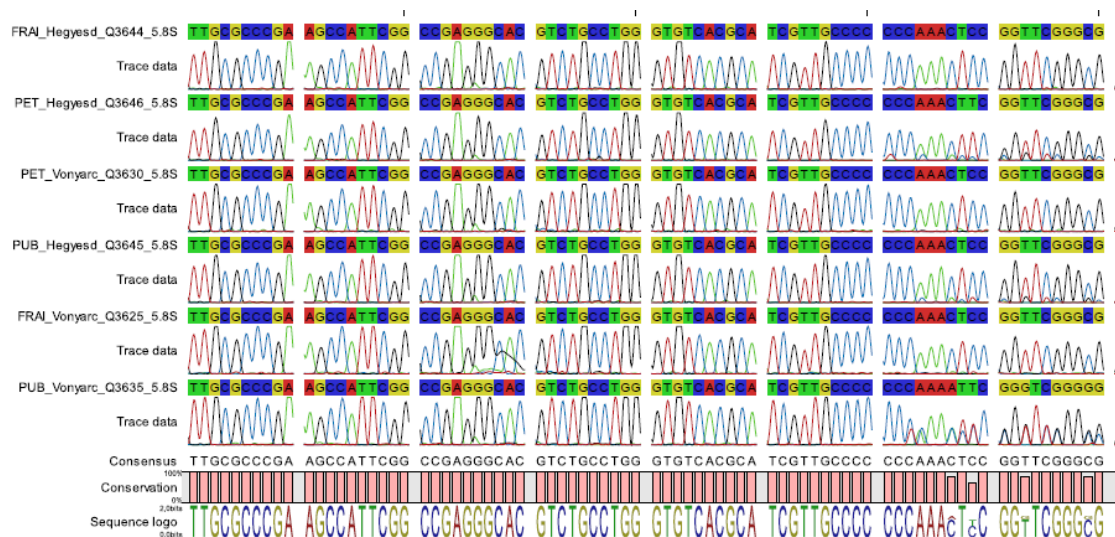
Az 5.8S régióban összesen 340 (60-400) bázis hosszúságú szekvencián a minták között 96 helyen volt megfigyelhető valamilyen pontmutáció (SNP).



16. ábra A matK régió összevetése különböző szekvenciákban az általunk gyűjtött mintákban. Látható, hogy szinte teljesen egyeznek a minták erre a markerre vizsgálva.

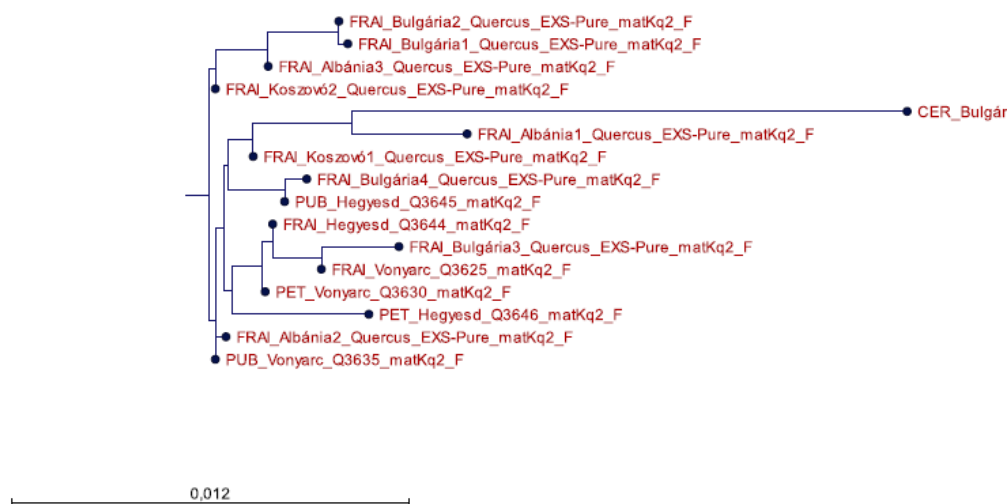


17. ábra A psbA-trnH régió összevetése különböző szekvenciákban, az általunk gyűjtött mintákban. Itt is hasonlóan jelentős egyezést látunk.

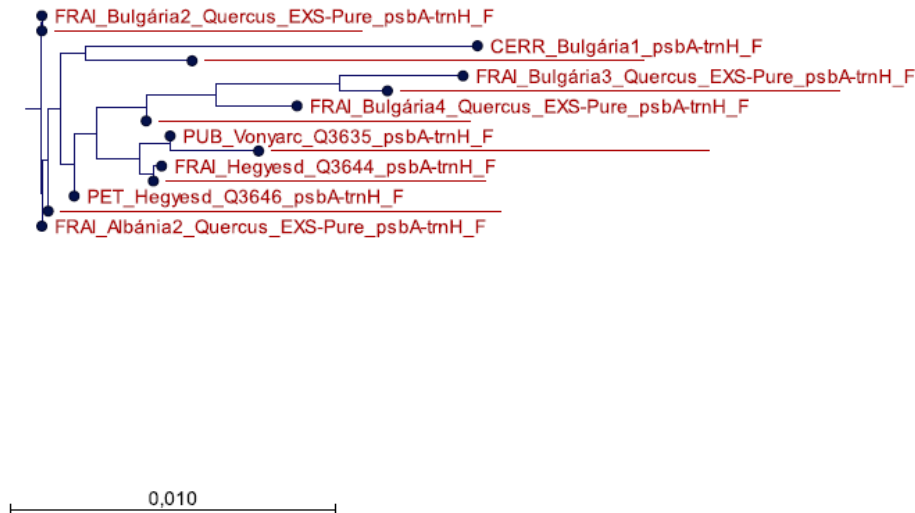


18. ábra Az 5.8S régióval is nagymértékű az egyezés a mintáink között

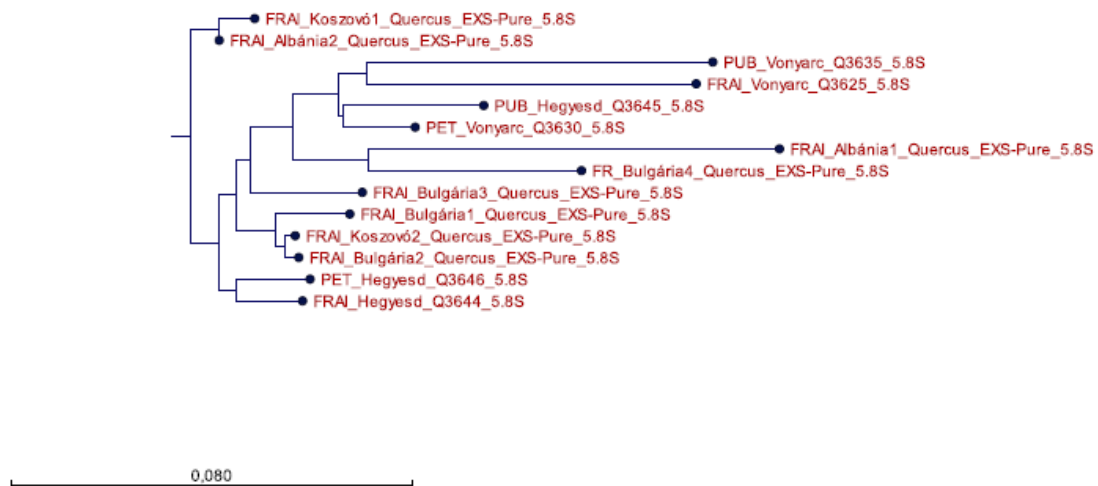
A szemléletes összehasonlítás érdekében nem csak az általam gyűjtött, hanem korábbi, albán, bolgár és koszovói szekvenciákat is feltöltöttünk a programba. Ennek segítségével azt is láthatjuk, hogy a hazai minták mennyire egyeznek a külföldiekkel, mennyiben lehetnek rokonok. Ennek szemléltetésére a CLC program alapbeállításaival egy dendrogramot készítettünk (Neighbor Joining tree), amelyen szemléltethető a genetikai távolság alapján a minták csoportosulása.



19. ábra Dendrogram a matK régióról a külföldi referencia mintákkal együtt



20. ábra Dendrogram a psbA-trnH régióról a külföldi referencia mintákkal



21. ábra Dendrogram az 5.8S régióról a külföldi referencia mintákkal

A saját gyűjtésű minták esetében sem az azonosnak vélt, sem pedig a különböző fajok között nem tapasztalhatunk számottevő eltérést. A távolabbi *Quercus frainetto* mintákban már megjelent az a variáció, amit eredetileg szerettünk volna a vonyarcvashegyi és a hegyesdi minták esetében kimutatni. Valószínűsíthető, hogy a vonyarcvashegyi és a hegyesdi egyedek azonos természetes állományból származnak, amely több okból is lehet: elképzelhető, hogy kevert makktételként érkeztek egykor, vagy ténylegesen itteni, őshonos állományok. Ha a vizsgált magyar tölgyeket telepítés eredményeiként lennének a helyszíneken, akkor valószínűleg jóval kisebb lenne köztük a hasonlóság és inkább a külföldi referencia mintákkal alkotnának csoportot, míg a hazai egyéb tölgy fajok pedig elkülönülnének.

Megállapítható, hogy a genetikai távolság a minták között kicsi.

6. Összefoglalás

Az erdőgazdálkodásban tapasztalható termőhelyi változások olyan hatással vannak a fafajokra és az élőhelyeikre, hogy a természetvédelmi és az erdészeti szakemberek is gondolkodnak a változtatás lehetőségén: új fafajok alkalmazása, az eddigiek tűrőképességének megértése, vizsgálata stb. A kutatás témája ezen apropóból keletkezett, amely során gyakorlati szakemberek terepi tapasztalatait és az ezen témában jártas kutatók eredményeit, elméleti tudásanyagát összevetve igyekeztünk megállapítani, hogy a jelenleg erdőgazdálkodási jelentőséggel nem bíró magyar tölgy (*Quercus frainetto* Ten.) milyen mértékben van jelen kettő olyan állományban, ahol a fajhoz hasonló megjelenésű egyedek megfigyelhetők.

A vizsgálatot a Bakonyerdő Zrt. által javasolt erdőrészekben történt mintagyűjtéssel kezdtük, ahol leveles hajtásokat gyűjtöttünk feltételezett magyar tölgy (*Quercus frainetto*), molyhos tölgy (*Quercus pubescens*) és kocsánytalan tölgy (*Quercus petraea*) példányokról, illetve hibrideknek tűnő fákról.

A laborvizsgálatok az Erdészeti Tudományos Intézet sárvári központjában Dr. Cseke Klára tudományos főmunkatárs koordinálása alatt mentek végbe. A szekvenciák elemzésére a QIAGEN CLC Genomic Workbench nevű programot használtam, az eredmények kiértékelésében Dr. Cseke Klára segített.

A dolgozatomban közölt eredmények kapcsán talán legfontosabb kiemelni azt a tényt, hogy ilyen jellegű genetikai vizsgálatokra sem hazánkban, sem a régióban nem került még sor. Munkám során az egyik elsődleges cél ennek megfelelően az volt, hogy körbejárjuk a szakirodalomban közölt barcoding markerek alkalmazásának lehetőségét hazai vonatkozásban. Kijelenthetjük, hogy az általunk első tesztelésre kiválasztott három markerrégió jól kimutatható a saját gyűjtésű mintáinkban is, a laborfázis tehát jól kivitelezhetőnek bizonyult. Ugyanakkor első eredményeink felvetnek természetesen további kérdéseket is, amelyek további vizsgálatokat igényelnek. Mivel csak néhány mintaegyedet tudtunk ezúttal bevonni a molekuláris vizsgálatokban, érdemes lehet további minták esetében is elvégezni a szekvenciaelemzést. Mivel a két plasztisz marker (matK és trnH-psbA) kevésbé bizonyult informatívnak, további nukleáris markerrégiók tesztelése is szóba jöhet, mint például a SIMEONE ÉS MTSAL (2018) által közölt 5S-IGS marker. Ezen kívül, más DNS markerezési technikák is rendelkezésre állnak, amelyek hasonló költséggel, de nagyobb mintaszám elemzésével szintén segíthetnek a hazai állományok taxonómiai és földrajzi eredetének tisztázásában.

Az eredmények tekintetében összefoglalásképpen azt mondhatjuk, hogy érdemes behatóbban foglalkozni a témával, mivel a faj ilyen mértékű jelenléte mindenképpen a korábbi gyakorlattól való elrugaszkodás lehetőségét mutatja. A lokálisan érzékelhető, erdőrészlet szinten látható klímabeli változások olyan kérdéseket vetnek fel, amik mind az erdőgazdálkodók, mind a természetvédelem számára jelentős lehet: pl. lehetne-e alkalmazni a magyar tölgyet olyan termőhelyeken, ahol eddig főként a molyhos tölgyes-cseres állományok tudtak megmaradni, annak ellenére, hogy nem őshonos fafajról beszélünk, és ha igen, ez mennyire szolgálja az erdőgazdálkodó és a természetvédelem érdekeit?

A jövőben mintavételezésre szánt területek esetében elsősorban azokra az élőhelyekre koncentrálunk, amelyek termőhelyi viszonyai a magyar tölgy számára kedvező feltételekkel bírhatnak. Ilyen területek elsősorban az ÁNÉR besorolás szerint a:

- Molyhos tölgyes bokorerdők (M1; Natura 2000: 91H0 - Pannonian woods with *Quercus pubescens* s.l)
- Mész- és melegkedvelő tölgyesek (L1; Natura 2000: 91H0 - Pannonian woods with *Quercus pubescens* s.l)
- Cseres-kocsánytalan tölgyesek (L2a; Natura 2000: 91M0 - Pannonian-Balkanic turkey oaksessile oak forests)
- és esetleg még: Cseres-kocsányos tölgyesek (L2b; Natura 2000: 91M0 - Pannonian-Balkanic turkey oak-sessile oak forests)

(BÖLÖNI ÉS MTSAI., 2011)

A becsült előfordulás mellett az erdőgazdaságok, nemzeti parkok helyi megfigyelései különösen fontos információkkal szolgálhatnak a számunkra, ezért az itt dolgozó szakemberek bevonását kiemelten fontosnak tartjuk egy előzetes, leltározó jellegű felmérés elkészítéséhez.

Köszönetnyilvánítás

Szeretném megköszönni belső konzulensemnek, Dr. Alföldi Zoltánnak, hogy értékes szemléletmódjával és szervezőképességével segítette a dolgozat létrejöttét. Hálás vagyok a belém vetett bizalomért és örülök, hogy együtt dolgozhattunk!

Dr. Cseke Klárának, az Erdészeti Tudományos Intézet tudományos főmunkatársának köszönöm, hogy a távolság ellenére mindig számíthattam a segítségére, hálás vagyok azért a tudásért, amit a közös munka során tőle kaptam. Köszönöm, hogy fáradhatatlanul terelgetett ezen a számomra újdonságokkal teli, izgalmas úton. Nélküle ez a dolgozat nem jöhetett volna létre, megtiszteltetés volt együtt dolgozni!

Köszönöm az Erdészeti Tudományos Intézet mindazon munkatársainak, akik bármilyen formában hozzájárultak a munkához és segítettek minket a kutatásban.

Köszönöm a BAKONYERDŐ Zrt. munkatársainak, hogy a témaválasztást szakmai tapasztalatukkal elősegítették és biztosították számunkra a terepi mintagyűjtés feltételeit. Külön szeretném megköszönni Hoffmann Pálnak, a Keszthelyi Erdészet igazgatójának, hogy összehozott Klárát és engem a közös munkához.

Irodalomjegyzék

- Bellarosa, R., Simeone, C., M., Papini, A., & Schirone, B. (2004). Utility of ITS sequence data for phylogenetic reconstruction of Italian *Quercus* spp. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 34 (2005), 355.-370.
- Borovics, A. (1999). Separability of pedunculate and sessile oak aggregate: a contribution to the hybrid and small species estimation. *Erdészeti Kutatások*.
- Bölöni, J., Molnár, Z., & Kun, A. (2011). *Magyarország élőhelyei; Vegetációtípusok leírása és határozója - ÁNÉR 2011*. Vácrátót: MTA ÖBKI.
- Curtu, A. L., Gailing, O., & Finkeldey, R. (2007). Evidence for hybridization and introgression within a species-rich oak (*Quercus* spp.) community. *BMC Evolutionary Biology*.
- Denk, T., & Grimm, G. W. (2010). The oaks of western Eurasia: Traditional classifications and evidence from two nuclear markers. *Taxon*, 351-366.
- Denk, T., Grimm, G. W., Manos, P. S., Deng, M., & Hipp, A. (2017. 07 25). An updated infrageneric classification of the oaks: review of previous taxonomic schemes and synthesis of evolutionary patterns.
- Hilu, K. W., & Liang, H. (1997). The matK gene: sequence variation and application in plant systematics. *American Journal of Botany* 84., 830.-839.
- Hungarian oak*. (2022). Forrás: Tree-Guide: <http://www.tree-guide.com/hungarian-oak>
- Keresztesi, B. (1967). *A tölgyek*. Budapest: Akadémiai Kiadó.
- Kézdy, P. (2002). Taxonómiai vizsgálatok a hazai molyhos tölgy alakkörön (*Quercus pubescens* s.l.) mikromorfológiai bélyegek segítségével. *Kitaibelia*, 109-117.
- Kiss-Szigeti, N. (2012. 11 9-11.). Tölgy hibridek vizsgálata Magyarország középhegységeiben. *XIII. RODOSZ Konferencia*. Kolozsvár.
- Loera-Sánchez, M., Studer, B., & Kölliker, R. (2020). DNA barcode trnH-psbA is a promising candidate for efficient identification of forage legumes and grasses. *BMC Research Notes volume 13, Article number: 35 (2020)*.
- Mátyás, C. (2002). *Erdészeti-természetvédelmi genetika*. Budapest: Mezőgazda Kiadó.

- Muir, G., Fleming, C. C., & Schlötterer, C. (2000). Species status of hybridizing oaks. *Nature*, 1016.
- Phoolcharoen, W., & Sukrong, S. (2013). Molecular Analysis of Vitex Species Using Candidate DNA Barcoding and PCR-RFLP of the matK Gene for Authentication of *Vitex glabrata*. *Natural Product Communications*.
- Quercus frainetto* - Hungarian oak. (2022). Forrás: The Bulgarian Flora Online: https://bgflora.net/families/fagaceae/quercus/quercus_frainetto/quercus_frainetto_en.html
- Selvaraj, D., Sarma, Kumar, R., & Sathishkumar, R. (2008). Phylogenetic analysis of chloroplast matK gene from *Zingiberaceae* for plant DNA barcoding. *Bioinformation*, 24.-27.
- Simeone, M. C., Cardoni, S., Piredda, R., Imperatori, F., Avishai, M., Grimm, G. W., & Denk, T. (2018). Comparative systematics and phylogeography of *Quercus* Section *Cerris* in western Eurasia: inferences from plastid and nuclear DNA variation. *PeerJ*.
- Simeone, M. C., Grimm, G. W., Papini, A., Vessella, F., Cardoni, S., Tordoni, E., . . . Denk, T. (2016. 04 21). Plastome data reveal multiple geographic origins of *Quercus* Group Ilex.
- Simeone, M. C., Piredda, R., Papini, A., Vessella, F., & Schirone, B. (2013). Application of plastid and nuclear markers to DNA barcoding of Euro-Mediterranean oaks (*Quercus*, *Fagaceae*): problems, prospects and phylogenetic implications . *Botanical Journal of the Linnean Society*, 478-499.
- Yao, H., Song, J., Liu, C., Luo, K., Han, J., Li, Y., . . . Chen, S. (2010. 10 01). Use of ITS2 Region as the Universal DNA Barcode for Plants and Animals. Forrás: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0013102>
- Yu, J., Wu, X., Liu, C., Newmaster, S., Ragupathy, S., & Kress, W. J. (2020). Progress in the use of DNA barcodes in the identification and classification of medical plants. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 208.
- YU, J., XUE, J.-H., & ZHOU, S.-L. (2011). New universal matK primers for DNA barcoding angiosperms. *Journal of Systematic and Evolution*.

Ábrajegyzék

1. ábra A magyar tölgy (<i>Quercus frainetto</i>) elterjedési területe (<i>Quercus frainetto</i> - Hungarian oak, 2022).....	4
2. ábra Magyar tölgy (<i>Quercus frainetto</i>) levél színe (TREE-GUIDE.COM)	5
3. ábra Magyar tölgy (<i>Quercus frainetto</i>) levél fonákja (TREE-GUIDE.COM).....	6
4. ábra Az összes <i>Fagaceae</i> (a <i>Fagus</i> kivételével) ITS-mátrixon alapuló, sűrített ML-fa (maximum likelihood tree). (DENK & GRIMM, 2010)	7
5. ábra A <i>Quercus</i> nemzetség szekcióinak földrajzi elkülönülése (DENK ÉS MTSAL, 2017)	8
6. ábra A magyar tölgy elhelyezkedése a törzsfán SIMEONE ÉS MTSAL. (2013) kutatása szerint	9
7. ábra Rokoni kapcsolatok (BELLAROSAA ÉS MTSAL, 2004)	10
8. ábra A PCR amplifikációs primerek elhelyezkedése HILU ÉS LIANG (1997) kutatásában ...	13
9. ábra A kloroplasztisz matK gén (az ábrán A-val jelölve) és a psbA-trnH intergenikus spacer (az ábrán B-vel jelölve) általános szerkezete és a PCR-primerek lágyulási pozíciói PHOOLCHAROEN & SUKRONG (2013) vizsgálatában	13
10. ábra Vonyarc 6 B és C mintái	14
11. ábra Hegyesd 8 D mintái	18
12. ábra A matK régió ellenőrzése 97%-os egyezést mutató rokon fajokkal	20
13. ábra A psbA-trnH régió ellenőrzése 94%-os egyezést mutató rokon fajokkal	20
14. ábra Az 5.8S régió ellenőrzése 95%-os egyezést mutató rokon fajokkal	21
15. ábra SNP jelölése	21
16. ábra A matK régió összevetése különböző szekvenciákban az általunk gyűjtött mintákban. Látható, hogy szinte teljesen egyeznek a minták erre a markerre vizsgálva.....	22
17. ábra A psbA-trnH régió összevetése különböző szekvenciákban, az általunk gyűjtött mintákban. Itt is hasonlóan jelentős egyezést látunk.	22
18. ábra Az 5.8S régiónál is nagymértékű az egyezés a mintáink között	23
19. ábra Dendrogram a matK régióról a külföldi referencia mintákkal együtt	23
20. ábra Dendrogram a psbA-trnH régióról a külföldi referencia mintákkal.....	24
21. ábra Dendrogram az 5.8S régióról a külföldi referencia mintákkal	24
1. táblázat Vonyarcvashegyen gyűjtött fajok koordinátái és a laborban adott DNS azonosítók	15
2. táblázat Vonyarcvashegy 6 B erdőrészlet leírása	16
3. táblázat Vonyarcvashegy 6 C erdőrészlet leírása	17
4. táblázat Hegyesden gyűjtött fajok koordinátái és a laborban adott DNS azonosítók	18
5. táblázat Hegyesd 8 D erdőrészlet leírása.....	19