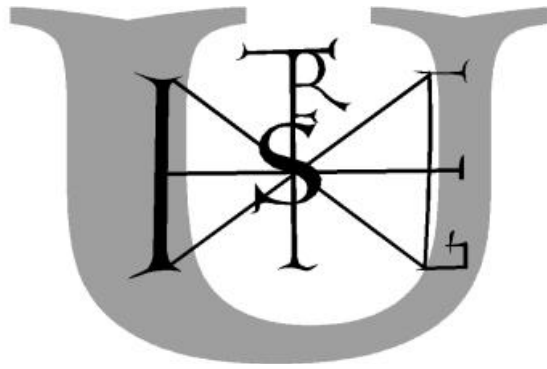




SZENT ISTVÁN EGYETEM

A növényfajták DUS vizsgálatának módszertani fejlesztése

Doktori (PhD) értekezés

Harangozó Tamás

Gödöllő

2014

A doktori iskola megnevezése: Növénytudományi Doktori Iskola

Vezetője: Dr. Helyes Lajos
egyetemi tanár, az MTA doktora,
Szent István Egyetem,
Mezőgazdasági és Környezettudományi Kar,

Tudományterület: 4. Agrártudományok

Tudományág: 4.1. Növénytermesztési és kertészeti tudományok

Témavezetők: Dr. Heszky László
professor emeritus, az MTA rendes tagja

Dr. Veress Zoltán PhD

.....
A témavezető jóváhagyása

.....
A témavezető jóváhagyása

.....
Az iskolavezető jóváhagyása

TARTALOMJEGYZÉK

RÖVIDÍTÉSEK JEGYZÉKE.....	6
1. BEVEZETÉS.....	7
2. IRODALMI ÁTTEKINTÉS.....	11
2.1. A növényfaj és fajta botanikai és jogi meghatározása.....	11
2.2. A fajtavizsgálat kialakulása Magyarországon.....	12
2.3. Az állami elismerés és növényfajta-oltalom hazai rendszere.....	13
2.4. A DUS vizsgálat jogszabályi kerete és feltételei.....	14
2.5. A DUS vizsgálat gyakorlati szempontjai.....	15
2.6. A DUS vizsgálat nemzetközi rendszere, szervezetei.....	17
2.7. Módszertani fejlesztések az UPOV Egyezmény keretei között.....	18
2.8. Morfológiai hasonlóság értékelése.....	19
2.9. A morfológiai és molekuláris hasonlóság együttes vizsgálata.....	21
2.10. Molekuláris technológia alkalmazása a hasonlóság és a származás vizsgálatában.....	22
2.11. Molekuláris technológia alkalmazása a DUS vizsgálatában.....	23
2.12. A klaszteranalízis alkalmazása a hasonlósági vizsgálatokban	24
2.13. Fajtaleírás mátrix, fajtapár távolság, kontroll véletlenszám mátrix.....	25
2.14. A megkülönböztethetőségi küszöbvektor vizsgálata.....	26
3. ANYAG ÉS MÓDSZER.....	29
3.1. Vizsgálati anyagok.....	29
3.1.1. Kalászos növények fajtavizsgálata.....	29
3.1.2. Szőlő fajtakísérletek.....	29
3.1.3. Növényi mintavételezés.....	30
3.1.4. Felhasznált primerek a DNS vizsgálatokhoz.....	30
3.2. Alkalmazott vizsgálati irányelvek.....	30
3.3. Felhasznált kiindulási adatállományok.....	31
3.3.1. A DUS fajtaleírás mátrix.....	31
3.3.2. Allélméret mátrix a molekuláris hasonlósági vizsgálathoz.....	32
3.3.3. Véletlenszámos kontroll fajtaleírás mátrix.....	32
3.3.4. Származtatott mátrixok.....	33
3.3.5. Kifejeződési fokozat értékek.....	33
3.4. Alkalmazott egyváltozós statisztikai paraméterek.....	34
3.5. Alkalmazott többváltozós statisztikai módszerek.....	35
3.5.1. Korrelációanalízis.....	35

3.5.2. Klaszteranalízis.....	36
3.6. Távolság és hasonlóság számítási módszerek a megkülönböztethetőség vizsgálatában.....	36
3.7. A megkülönböztethetőségi küszöb számítási módszere.....	37
3.8. Statisztikai szoftver alkalmazások.....	38
3.9. A vizuális megjelenítés formái.....	38
3.9.1. A fajtapár távolságok gyakoriságának eloszlási hisztogramja.....	38
3.9.2. A dendrogram.....	38
4. EREDMÉNYEK ISMERTETÉSE.....	39
4.1. Statisztikai módszerek alkalmazása a DUS tulajdonságok értékelésében.....	39
4.1.1. A DUS tulajdonságok közötti korreláció meghatározása.....	39
4.1.2. A kifejeződési fokozatok eloszlási gyakoriságának vizsgálata.....	40
4.1.3. Minőségi tulajdonságok eloszlása.....	41
4.1.4. Mennyiségi tulajdonságok eloszlása.....	43
4.2. A véletlenszámos kontroll mátrix továbbfejlesztése.....	46
4.2.1. A véletlenszámos kontroll mátrix értelmezési tartományának változtatása.....	46
4.2.2. A véletlenszám mátrix eloszlásának változtatása.....	48
4.2.3. A véletlenszám mátrix adattípusának változtatása.....	49
4.2.4. A véletlenszámos kontroll mátrix továbbfejlesztése véletlenszámok nélkül.....	50
4.3. Hasonlósági csoportok modellezése véletlenszám mátrixok segítségével.....	56
4.3.1. Egy hasonlósági csoport kimutatása.....	52
4.3.2. Két hasonlósági csoport átfedése.....	53
4.3.3. Három hasonlósági csoport átfedése.....	56
4.4. A véletlenszám hisztogramok és a dendrogramok összehasonlítása.....	56
4.5. A fajtapáros ábrázolás.....	60
4.6. DUS fajtaleírás és véletlenszám mátrixok statisztikai összehasonlítása.....	62
4.6.1. A szőlő fajtaleírás mátrixok összehasonlítása.....	62
4.6.2. Árpa fajtaleírás mátrixok időbeli összehasonlítása.....	63
4.6.3. Árpafajták hasonlósági csoportjainak kimutatása.....	64
4.7. Szőlőfajták morfológiai és molekuláris hasonlóság összehasonlítása.....	66
4.7.1. Fajtapárok molekuláris hasonlósága.....	67
4.7.2. Fajtapárok morfológiai hasonlósága.....	68
4.7.3. Szőlőfajták átlagos hasonlósági indexe.....	70
4.7.4. Molekuláris és morfológiai hasonlósági csoportok meghatározása klaszteranalízissel.....	72
4.8. Fajtaleírás mátrix alkalmazása a DUS megkülönböztethetőség vizsgálatában.....	74

4.8.1. A küszöbérték változtatásának hatása az őszibúza megkülönböztethetőségre a hasonlóság függvényében.....	74
4.8.2. Homogén küszöbvektor vizsgálata.....	78
4.8.3. Heterogén küszöbvektorok vizsgálata a küszöbérték kumulatív növelésével.....	80
4.8.4. Heterogén küszöbvektorok vizsgálata a küszöbérték csökkentésével és növelésével.....	82
4.9. Új tudományos eredmények.....	85
5. KÖVETKEZTETÉSEK ÉS JAVASLATOK.....	87
6. ÖSSZEFOGLALÁS.....	91
7. SUMMARY.....	94
8. MELLÉKLETEK.....	97

RÖVIDÍTÉSEK JEGYZÉKE

AFLP:	<i>Amplified Fragment Length Polimorphism</i>
BMT:	<i>Working Group on Biomolecular Techniques and DNA Profiling in particular</i>
CPVO:	<i>Community Plant Variety Office</i> (EU Közösségi Növényfajta Hivatal)
DNS:	<i>Dezoxiribonukleinsav</i>
DUS:	<i>Distinctness, Uniformity, Stability</i> (megkülönböztethetőség, egyöntetűség, állandóság)
EU:	<i>Európai Unió</i>
EK:	<i>Európai Közösség</i>
MgSzH:	<i>Mezőgazdasági Szakigazgatási Hivatal</i>
NÉBIH:	<i>Nemzeti Élelmiszerlánc-biztonsági Hivatal</i>
NMF:	<i>Nem Megkülönböztethető Fajtapár</i>
OMMI:	<i>Országos Mezőgazdasági Minősítő Intézet</i>
PCR:	<i>Polimeraz Chain Reaction</i>
RAPD:	<i>Random Amplified Polymorphic DNA</i>
SNP:	<i>Single Nucleotid Polimorphism</i>
SSR:	<i>Single Sequence Repeat</i>
TGP:	<i>Test Guideline Protocol (UPOV)</i> (DUS vizsgálati útmutató)
TP:	<i>Test Protocol (CPVO)</i> (DUS vizsgálati útmutató)
TWA:	<i>Technical Working party of Agricultural crops</i>
UPGMA:	<i>Unweighted Pair Group Method with Arithmetic mean</i>
UPOV:	<i>International Union for the Protection of New Varieties of Plants</i> (Növényfajták oltalmára létesült Nemzetközi Egyezmény)

1. BEVEZETÉS

A szelekcióra alapozott korai nemesítési módszerek alkalmazásával az új növényfajták előállítása még lassú folyamat volt. A tudományos alapokon nyugvó keresztezéses módszerekkel nemesített fajták, majd a heterózishatás felismerése után előállított hibrid fajták térhódítása jelentős fajtaszám növekedést eredményezett a nemzeti fajtajegyzékeken. A szántóföldi kultúrák közül elsősorban a kukorica, napraforgó és őszi káposztarepce hibridfajták elterjedése növelte jelentősen a fajtaszámot, de a kalászos növények nemesítése is jelentős fajtaszámot eredményezett az elmúlt évtizedek során.

A fajták nemesítésébe fektetett hatalmas összegek a genetikai információ felértékelődését eredményezte. Ez a folyamat vezetett arra a felismerésre, hogy a növényanyag genetikai értékét, a benne rejlő nemesítési munkát - a „know-how”-t - szellemi tulajdonnak kell tekinteni. A korszerű, magas biológiai értékű fajták gyors elterjedése felvetette a hatékony jogvédelem megteremtésének szükségét. A növényfajták, illetve a nemesítők jogi védelmét a *fajtaoltalmi rendszer* biztosítja. A növényfajta oltalom gyakorlati érvényesítése érdekében szükségessé vált egy olyan azonosítási rendszer kidolgozása, amely egyértelműen, - a növények biológiai sajátosságait figyelembe véve - teremt megbízható alapot az adott fajta azonosíthatóságára és megkülönböztethetőségre.

A jogi védelem létrehozása érdekében nemzetközi összefogással kialakításra került az úgynevezett *DUS vizsgálat* hármas követelményrendszere, melyet számos nemzeti hatóság napjainkban már az új növényfajták állami elismerése és a fajtaoltalom feltételeként egyaránt széles körben alkalmaz. A hármas követelmény – a *megkülönböztethetőség (Distinctness)*, *egyöntetűség (Uniformity)* és *állandóság (Stability)* jelenti a *garanciát* a fajták egyértelmű azonosításához és egymástól való megkülönböztetéséhez. A fajtaoltalomban és a szaporítóanyag forgalmazásban ez ma már fontos tényező.

A DUS vizsgálat tudományos elveken alapuló módszertan szerint végzett kisparcellás fajtaösszehasonlító vizsgálat. Az új nemesítésű fajtákat (fajtajelölteket) a rendelkezésre álló ismert fajtákkal kell összehasonlítani úgy, hogy a nemzetközileg elfogadott vizsgálati irányelvben rögzített morfológiai, morfometriai - esetenként fenológiai - tulajdonságokhoz tartozó úgynevezett *kifejeződési fokozat* értékekből kell a megfelelőt kiválasztani. Minden egyes felvételezett tulajdonsághoz egy többnyire 1 és 9 közötti szám, mint kifejeződési fokozat érték tartozik. A többéves vizsgálat során felvételezett kifejeződési fokozat értékek kiértékelése és véglegesítése után kapott kódsorozat (számvektor) jelenti a fajta úgynevezett DUS leírását. A kifejeződési fokozatok pontos meghatározását, az alkalmazás metodikáját a *DUS vizsgálati irányelv* tartalmazza.

A fajtavizsgálat eredményeként tehát olyan számszerűsített leírás készül minden új fajtáról, mely egyértelműen - és jogilag érvényesíthetően - azonosítja az új fajtákat, illetve egyértelműen megkülönbözteti az összes többitől. A DUS vizsgálat módszertana alapvetően a hármas DUS

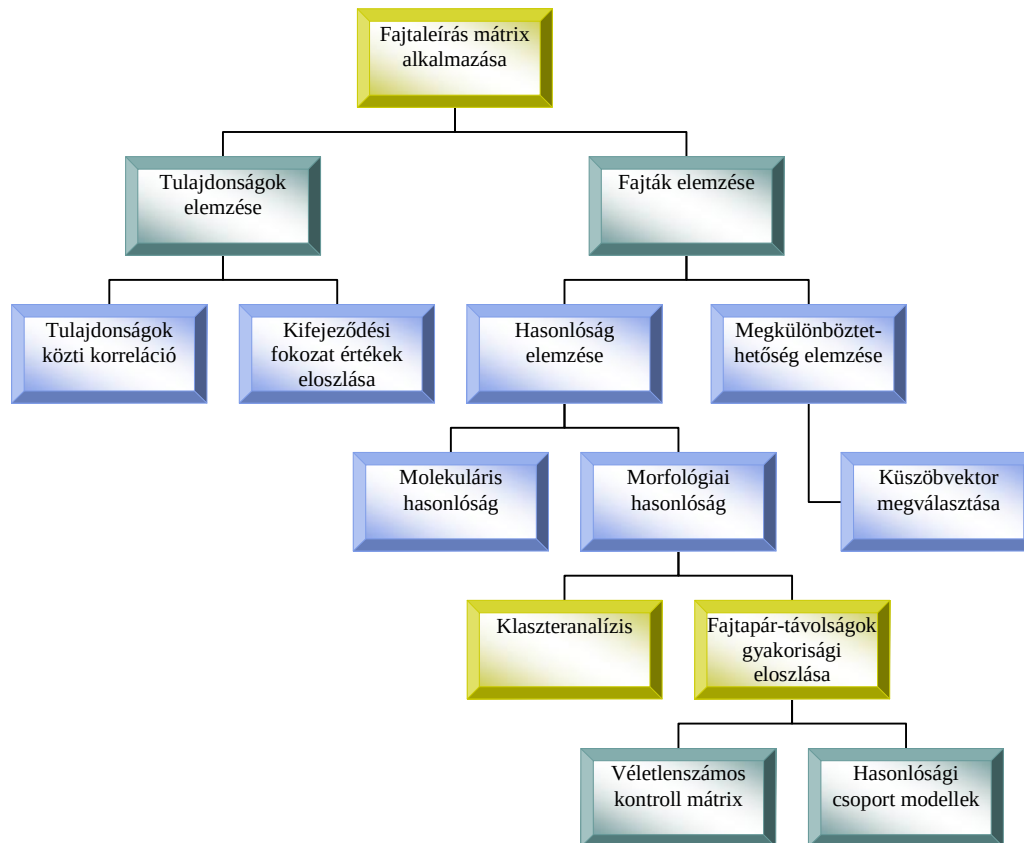
követelmény vizsgálatára koncentrálni, de nem tartalmaz további iránymutatást a fajtaleírások elemzésére, a fajták közötti hasonlóság vagy távolság meghatározására. Elemző munkám tárgyának ezért ezt a területet választottam.

A fajtaleírásokból összeállított *fajtaleírás mátrixok* alkalmasak a mátrix oszlopait alkotó tulajdonságok, és a sorokat alkotó fajták közötti kapcsolatok részletesebb statisztikai elemzésére. A fajták közötti hasonlóság vonatkozásában a mátrixok belső összefüggéseket tartalmazhatnak, melyek statisztikai módszerekkel feltárhatók. A fajtaleírás mátrix a hasonlósági vizsgálatokon túl a megkülönböztethetőség alapját képező morfológiai távolság elemzésére is alkalmas.

A megkülönböztethetőség vizsgálata során lényeges kérdés, hogy milyen távolságot határozunk meg a kifejeződési fokozatok között, amely alapján a két fajta az adott tulajdonság vonatkozásában megkülönböztethetőnek tekinthető. A *morfológiai távolság* fogalma konkrét kifejeződési fokozat különbségekre alapul. Ennek megválasztása eldönti a megkülönböztethetőséget, így a fajták közötti távolság vizsgálata és pontos megállapítása fontos része a vizsgálati módszertannak. A fajtavizsgálat során a *megkülönböztethetőség megállapítása* mellett a fajták közötti *hasonlóság* is lényeges szempont, mivel a hasonlósági viszonyok ismerete, illetve a hasonló fajták vagy csoportok azonosítása segíti a megkülönböztethetőségi vizsgálat eredményességét is. A munkám egyik célja a *fajtaleírás mátrixok* használhatóságának bemutatása, illetve konkrét példákkal az alkalmazás lehetőségeinek ismertetése. A hasonlóság és a megkülönböztethetőség szélesebb körben történő elemzése pontosabb és hatékonyabb fajtavizsgálati módszertant eredményez, ami hozzájárul ahhoz, hogy ki lehessen szűrni a nagyobb odafigyelést igénylő speciális eseteket, a hasonló, illetve a nem vagy nehezen megkülönböztethető fajtapárokat. A fajtaleírás mátrixok elemzésére alapozott módszertani fejlesztés munkámban érintett területeit az 1. ábra foglalja össze.

A fajtaleírás mátrix elemzése egyrészt a DUS tulajdonságok (mátrix oszlopok) közötti kapcsolat, másrészt a fajták (mátrix sorok) közötti kapcsolat elemzését jelenti. A DUS vizsgálat nemzetközileg elfogadott vizsgálati irányelveinek kidolgozottsága, részletessége, a megfelelően megválasztott és kellő megkülönböztető erővel rendelkező tulajdonság alapvetően meghatározza a fajtakísérleti munka minőségét, így a megkülönböztethetőségi döntés hatékonyságát.

Néhány fajta megkülönböztethetősége még nem nehéz feladat, de a növekvő fajtaszám egyre nehezebbé teszi a fajtaszortiment áttekinthetőségét. A rendelkezésre álló tulajdonságok vagy kifejeződési fokozatok száma, illetve azok értelmezési tartománya adott fajtaszám felett megnehezítheti a megkülönböztethetőség megállapítását. A növényfajta szám növekedése függvényében a vizsgálati irányelvek időszaki felülvizsgálatra kerülnek, mely során a DUS tulajdonságok közötti kapcsolat, valamint a tulajdonságon belüli kifejeződési fokozat értékek ismerete segítséget jelenthet.



1. ábra. Módszertani fejlesztés érintett területei

A fajtaleírás mátrix a fajták közötti hasonlóság elemzésére is alkalmas. A hasonlósági viszonyok statisztikai elemzésére a klaszteranalízis széleskörűen alkalmazott többváltozós statisztikai módszer. A DUS szempontból lényeges hasonló fajtapárok tételes kimutatására azonban csak korlátozottan alkalmas, ezért szükség van olyan új módszerekre, amelyek kiegészítik a jelenlegi statisztikai alkalmazást. A fajtaleírás mátrix sorait alkotó fajták páros összehasonlítása alapján $n*(n-1)$ fajtapár távolság számítható. A fajtapárok morfológiai távolságainak gyakorisági eloszlását sorba rendezés és kategorizálás után koordináta rendszerben ábrázolva, előállítható a fajtapár távolságok megoszlási gyakorisága alapján készült *hisztogram*. A fajtapár távolságok gyakorisági eloszlási hisztogramjának részletes elemzése és alkalmazása új irányt jelent a módszertani fejlesztések lehetőségei között.

A hisztogram a hasonlósági viszonyok függvényében változatos formát mutathat. A fajták közötti hasonlóság kvalitatív jellemzéséhez, illetve a hasonlósági csoportok és ténylegesen hasonló fajtapárok kimutatásához referenciát jelent a *véletlenszámos kontroll mátrix*. A véletlenszámos kontroll mátrix a valós DUS fajtaleírás mátrixszal azonos méretű, és 1-9 közötti véletlenszámokból áll. Mivel nem tartalmaz hasonló csoportokat referenciaként használható a DUS mátrixok elemzéséhez.

Az új fajták összehasonlító DUS vizsgálata jelenleg csak a morfológiai tulajdonságokra épül, azonban a jövőben egyre nagyobb szerephez juthatnak a *genetikai* adatok is, amennyiben ezek gyakorlati felhasználása megtalálja a helyét a jelenlegi fajtavizsgálati rendszerben. A *molekuláris markerekkel kapcsolatos* eredmények már eljutottak arra a szintre, hogy a fajtakísérlet területén is érdemes az alkalmazás lehetőségeinek elemzése. A molekuláris és morfológiai távolság értékek eltérő számítási háttere miatt a DNS vizsgálat DUS vizsgálatba illesztése nem megoldott, a fajták közötti molekuláris hasonlóság azonban értelmezhető és elemezhető.

A DUS vizsgálat során alkalmazott vizsgálati irányelvek egyértelmű különbségtételt írnak elő két fajta között. A megkülönböztethetőség megállapítása *a fajták páros összehasonlításán* alapul. Ez a feltétel a minőségi jellegű tulajdonságok (például a virágszín) esetén az egyértelmű különbezáróság már egy kifejeződési fokozat eltérésnél megállapítható. A mért, vagy mennyiségi tulajdonságoknál a megkülönböztethetőség megállapítása már nehezebb feladat, mert egy kifejeződési fokozat eltérés matematikailag megkülönböztethetőséget jelent, vizuálisan azonban nem feltétlen jelent egyértelmű eltérést. Az ilyen tulajdonságoknál az megkülönböztethetőségi kritériumot a tulajdonsághoz tartozó *megkülönböztethetőségi küszöbérték* jelenti. A küszöbérték megválasztása alapvetően meghatározza a megkülönböztethetőséget, ezért munkámban ezzel a kérdéssel is foglalkoztam.

A DUS fajtaleírásokból összeállított mátrixok felhasználásával a fajtakísérletek módszertani továbbfejlesztéséhez összefoglalva az alábbi *célokat tűztem ki*:

- A kísérletek tervezéséhez, valamint a vizsgálati irányelv hatékonyabb alkalmazásához és fejlesztéséhez a DUS tulajdonságok közötti kapcsolat, illetve a tulajdonságon belüli kifejeződési fokozatok eloszlásának elemzése alapján *módszertani javaslat* kidolgozása.
- A fajtapár távolságok gyakorisági eloszlási hisztogramjának értelmezése érdekében a *véletlenszámos kontroll fajtaleírás mátrix* továbbfejlesztési lehetőségeinek részletes vizsgálata az értelmezési tartomány, az adattípus (nominális, ordinális) és az eloszlástípus (normál, egyenletes) változtatásával.
- A fajták közötti hasonlóság feltárása érdekében véletlenszámos fajtaleírás *modellek kialakítása*, és a különféle fajtacsoport modellek értékelése.
- A modellekhez kapcsolódó hisztogramok összehasonlítása a klaszteranalízis eredményével, illetve a modellek alapján a *valós fajtaleírás mátrixok elemzése*.
- A szőlő morfológiai és molekuláris hasonlósága közötti kapcsolat elemzése, a fajtapárok és hasonlósági csoportok összehasonlítása.
- A *megkülönböztethetőség és hasonlóság viszonyának elemzése*, illetve a küszöbérték megválasztásának hatásvizsgálata a megkülönböztethetőség függvényében.

2. IRODALMI ÁTTEKINTÉS

2.1. A növényfaj és fajta botanikai és jogi meghatározása

A fajtavizsgálatok tárgya a nemesítői munka eredményeként létrejött új növényfajta, amely fajtajelölként kerül be a vizsgálati rendszerbe. A fajtavizsgálatokban minden esetben egy adott növényfaj új, és már ismert termesztett fajtái vesznek részt. A növényfajta rendszertanilag fajon belüli kategória, használata a termesztett vagy kultúrnövényekhez kapcsolódik. A faj és fajta fogalmát több megközelítésben is értelmezi a szakirodalom.

A *növényfaj (species)* fogalmának bevezetése Linné nevéhez kapcsolódik, aki evolúciós bizonyítékok hiányában a fajokat még állandó egységnek tekintette. Botanikai szempontból a természetes növényvilág általánosan elfogadott taxonómiai alapegysége a *faj*, melynek a közös származású, valamennyi lényeges tulajdonságban megegyező, azonos elterjedésű olyan egyedek csoportját tekintjük, amelyek tulajdonságai öröklődőek (Terpó 1986).

A kultúrnövény az emberi tevékenység által termesztésbe vont növényfaj. A természetes fajokból a nemesítési munka során fokozatosan új, morfológiai és gazdasági értékmérő tulajdonságait tekintve egyre több egymástól eltérő változat jelent meg, melyek a termesztési célhoz, az éghajlati viszonyokhoz vagy az alkalmazott agrotechnológiához legjobban illeszkedtek. A kultúrnövények lényeges tulajdonsága tehát, hogy az ember számára hasznos, értékes tulajdonsággal rendelkeznek. A kultúrnövény fajokon belül a különböző változatok megjelölését a *fajta (varietas)*, mint fajon belüli rendszertani kategória szolgálja. A fajtához szorosan kapcsolódik a fajtanév is. A fajon belül számos taxonómiai egység ismert, azonban a kultúrnövények esetében gazdasági és kereskedelmi szempontból csak a fajta kategória terjedt el.

A fajta fogalmának jogi meghatározása a szabadalmi védelem, növények esetében a *fajtaoltalom* kapcsán vált lényeges kérdéssé. A 2002. évi LI. törvény szerint: „a fajta az a legkisebb besorolású, önálló növényrendszertani egységen belüli növénycsoport, amely csoport - függetlenül attól, hogy kielégít-e az oltalmazhatósági feltételeket - adott genotípusból vagy genotípusok kombinációjából kifejeződött jellemzők által meghatározható, bármely más növénycsoporttól legalább egy ilyen kifejeződött jellemző tekintetében megkülönböztethető, és jellemzőit megőrző szaporításra alkalmas egységet alkot. ”

A fajtaoltalom mellett a fajtavizsgálatok másik célja az *állami elismerés*, ami a vetőmagvak és szaporítóanyagok forgalmazásához kapcsolódik. A növényfajták állami elismeréséről szóló 2003. évi LII. törvény a fentiekén túl kiemeli a nemesítői tevékenységet is. A törvény meghatározása szerint „a növényfajta a növények egy botanikai taxonon belül ismert legalacsonyabb szintű csoportja, amely nemesítői tevékenység eredményeként jött létre, és egy genotípus vagy

genotípusok kombinációja által meghatározott tulajdonságokkal jellemezhető, más növénycsoportoktól legalább egy tulajdonság kifejeződése alapján megkülönböztethető, valamint továbbszaporítása során tulajdonságait változatlanul megőrzi, és ez által ugyanazon egységnek tekinthető”.

2.2. A fajtavizsgálat kialakulása Magyarországon

A XIX. század végétől a hazai nemesítés tudományos alapokra épült, és a szántóföldi, illetve a kertészeti növényeknél konkrét gazdasági érték növelését célozta. Az alkalmazott nemesítési módszerek között a *keresztezéses és szelekciós* módszerek voltak jellemzőek. A keresztezéses nemesítés a genetikai változatosság feltárását célozta, majd a szelekció ebből a kívánt tulajdonsággal rendelkező egyedek kiválasztását jelentette. A legjobb szelekciós vonalak képezték a különféle fajták alapjait. A fajtakísérletezés történeti háttérét legátfogóbban Bódis (1992) dolgozta fel. A fajtakísérletezés kezdetének centenáriuma összeállított kiadvány alapján az új nemesítésű búza fajták gazdasági értékét Mokry Sámuel már 1887-ben *összehasonlító kísérletekkel* próbálta meghatározni. Cserháti Sándor 1887-ben, Réti János pedig már 1888-ban többféle akkori kukorica tájfajta termésmennyiségét értékelte megállapítva, hogy „az eredeti Székely kukorica kat. holdanként 4 mázsával kevesebbet termett, mint a Bodzai kukorica”.

Cserháti Sándor 1891-ben Magyaróváron megalapította a Növénytermelési Kísérleti Állomást, ezzel a következő évben útjára indította a *hazai fajtavizsgálatok* - akkori szóhasználattal - a fajtakísérletek rendszerét. Fajtavizsgálatok Magyarországon az alábbi - nem teljeskörűen felsorolt - intézmények keretei között folytak:

- 1891: Növénytermelési Kísérleti Állomás
- 1936: Növénynemesítő Intézet
- 1968: Országos Mezőgazdasági Fajtakísérleti Intézet (OMFI)
- 1983: Növénytermesztési és Minősítő Intézet (NÖMI)
- 1988: Mezőgazdasági Minősítő Intézet (MMI)
- 1996: Országos Mezőgazdasági Minősítő Intézet (OMMI)
- 2007: Mezőgazdasági Szakigazgatási Hivatal (MgSzH)
- 2012: Nemzeti Élelmiszerlánc-biztonsági Hivatal (NÉBIH).

A XX. század első felében kialakultak a mai fajtakísérleti rendszer alapjai. 1915-től hivatalosan regisztrálják az új fajtákat, elsőként 1916-ban Székács Elemér búzafajtáit. Az 1920-as évektől megjelentek a magyar nemesítésű bánkúti fajták ('Bánkúti 1201', 'Bánkúti 1014' és 'Bánkúti 1242'). Villax Ödön munkássága eredményeként 1941-től jogilag is egységes rendszerbe foglalták a növényfajták minősítését és a vetőmagvak minősítését. A II. világháború után, 1951-től indult újra a

növényfajták állami hatósági vizsgálata a gazdasági érték megállapításával. A fajtavizsgálat még sokáig csak a *gazdasági értékvizsgálatot* jelentette.

A kisparcellás összehasonlító vizsgálatok eredményeinek kiértékelése a fajták gazdasági értékének jellemzése komoly matematikai és statisztikai kiértékelést igényelt, utalva ezzel a vizsgálat kísérleti jellegére. Az 1960-as évektől a hibridek elterjedése és a fajtaszám emelkedés miatt a kiértékelés és a kísérletek szervezése tudományos módszertani fejlesztések nélkül nehézségekbe ütközött volna. A statisztikai módszerek kidolgozása és alkalmazása terén abban az időben kiemelkedő volt Sváb János, és Wellisch Péter munkássága (Bódis 1992).

A növényfajták kisparcellás összehasonlító vizsgálatát a múlt század óta használt terminológia szerint *fajtakísérletnek* is nevezzük. A szakma jelenleg is használja a fajtakísérlet fogalmát a fajtavizsgálat szinonimájaként.

A nemzetközi előírásoknak megfelelő *DUS vizsgálat* őszibúzánál kezdődött 1986-ban, azóta a szántóföldi és kertészeti kultúrnövényekből több mint 100 faj vizsgálatba vonására került sor. Jelenleg a fajtavizsgálatok sikeres lezárása után az új növényfajták állami elismerésben részesülnek, és felkerülnek a Nemzeti Fajtajegyzékre. A Fajtajegyzéken szereplő növényfajták néhány kivételtől eltekintve 2004. óta az Európai Unió Közös Katalógusára is felkerülnek, ezáltal *uniós szintű forgalmazási lehetőséggel* bírnak. Eredményes DUS vizsgálat alapján nemzeti vagy közösségi fajtaoltalmi jog megszerzése is kezdeményezhető.

2.3. Az állami elismerés és fajtaoltalom hazai rendszere

„A növényfajta a biológiai alapok részeként nagymértékben meghatározza a növénytermesztés eredményességét, ezért minden ország arra törekszik, hogy a lehetséges legjobb fajtaválasztékot teremtsen meg termelői számára. Csak a jogszabályban előírt feltételeknek megfelelő, értékes fajta kerülhet a köztermesztésbe, s az ilyen fajta fenntartását, vetőmag-előállítását és forgalmazását a *növénytermesztési hatóság* szigorúan ellenőrzi. Az állami elismerés összességében a fajta termesztőinek, illetve az előállított termények, termékek felhasználóinak érdekeit szolgálja azáltal, hogy a hazai termesztésre alkalmas, kiegyenlített állományú fajtát állandó minőségben garantálja” (Izsáki 2004).

A növényfajták DUS és/vagy gazdasági érték vizsgálata az állami elismerés és/vagy fajtaoltalom céljából történik. Magyarországon a fajtavizsgálatok túlnyomó többsége az *állami elismerést* szolgálja. A növényfajták állami elismerése 1996. óta törvényi szinten szabályozott hatósági feladat. Az EU csatlakozás feltételeként a jogharmonizáció keretében módosított törvény 2003-ban lépett hatályba. Az állami elismerési kötelezettség 82 szántóföldi növényfajra terjed ki, amelyek jegyzékét a mindenkor hatályos miniszteri rendelet melléklete tartalmazza.

A növényfajta az ipari szabadalmakhoz hasonlóan szabadalmi védelemben részesülhetnek. Az ipari szabadalmakra vonatkozó iparjogvédelmi előírások a biológiai sajátosságokkal rendelkező növényekre nem alkalmasak, ezért a növények esetében külön fajtaoltalmi eljárás kidolgozására volt szükség (2100/94/EK Tanácsi Rendelet). A fajtaoltalom, a fajta hasznosításához fűződő nemesítői jogot biztosítja. A *fajtaoltalom* megadása célból DUS vizsgálatot kell végezni, ez megegyezik az állami elismerés céljából végzett DUS vizsgálattal, annak eredménye fajtaoltalmi célra is felhasználható. Pozitív DUS vizsgálati eredmény alapján a kijelölt hatóság - jelenleg Szellemi Tulajdon Hivatala - megadja a nemzeti fajtaoltalmat.

Az EU közösségi fajtaoltalmat az EU Közöségi Növényfajta Hivatala (CPVO) garantálja. A CPVO-hoz 2004. óta a magyar nemesítők közvetlenül is beadhatják a fajtaoltalmi kérelmet, de lehetőség van a magyar hatóságon keresztül is intézkedni. A fajtaoltalom vagy állami elismerés céljából végzett DUS vizsgálat az alkalmazott módszertan szempontjából egységes. Amennyiben nemzetközi vizsgálati irányelv rendelkezésre áll, akkor azt kell alkalmazni, annak hiányában a nemzeti hatóság által kidolgozott irányelv a DUS vizsgálat alapja.

2.4. A DUS vizsgálat jogszabályi kerete és feltételei

A fajtavizsgálat célja, hogy a kereskedelmi forgalomba olyan vetőmag és szaporítóanyag kerüljön, mely biztosítja a fajtaazonosságot, a növényállomány egyöntetűségét valamint azt, hogy a tovább szaporítható növények esetén az utód generációk is megőrizték a szülők genetikai állományát. A fajtaazonosság, vagyis a többi fajtától való egyértelmű megkülönböztethetőség, az egyöntetűség és a stabilitás vizsgálatát a DUS vizsgálatnak. A fajtavizsgálatnak tágabb értelme van, annak a gazdasági értékvizsgálat is része. Munkámban azonban csak a DUS vizsgálattal foglalkoztam.

A jogszabályi előírás szerint Magyarországon „egy fajta akkor kaphat állami elismerést és vehető fel a Nemzeti Fajtajegyzékre, ha megkülönböztethető (Distinct), egynemű (Uniform), állandó (Stable), megfelelő gazdasági értéke van (a jogszabályban meghatározott fajok fajtái esetén), továbbá bejegyezhető fajtanévvel rendelkezik. A megkülönböztethetőség fajtaoltalmi jogi definíciója szerint két fajta akkor *megkülönböztethető*, ha egy vagy több lényeges tulajdonsága tekintetében határozottan eltér minden más növényfajtától, melynek létezése közismert a bejelentés benyújtásának időpontjában. A növényfajta *közismert*, ha azt Magyarországon vagy valamely tagállamban nemzeti fajtajegyzékre vétel céljából bejelentették, vagy ha a bejelentés eredményeként Nemzeti Fajtajegyzékre vették, illetve a Közöségi Fajtajegyzékben szerepel. Közismert fajtának azokat kell tekinteni, amelyek a bejelentés időpontjában bármely ország nemzeti fajtajegyzékén vagy fajtaoltalmi jegyzékén szerepelnek, vagy erre a célra bejelentették, továbbá amelyek szaporítóanyaga nyilvánosan hozzáférhető” (2003. évi LII. törvény).

Az UPOV Egyezmény (1991) szerinti megfogalmazás alapján „*megkülönböztethető* a fajta, ha határozottan eltér bármely más, a bejelentés napján közismert fajtától. Egy másik fajtát - bejelentése napjától - különösen akkor kell *közismertnek* tekinteni, ha arra vonatkozóan nemesítői jog megadása vagy hivatalos fajtajegyzékbe történő bejegyzés iránt - bármely országban - bejelentést nyújtottak be, feltéve, hogy a bejelentés - az esettől függően - a nemesítői jog megadását vagy e másik fajtának a hivatalos fajtajegyzékbe történő bejegyzését eredményezi. *Egynemű* (uniform) a fajta, ha azoknak a változásoknak a figyelembevételével, amelyeknek a bekövetkeztére a szaporítás sajátosságai alapján számítani lehet, lényeges jellemzői kielégítően azonosak. *Állandó* (stabil) a fajta, ha lényeges jellemzői ismételt szaporítás után, vagy - meghatározott szaporítási ciklus esetén - minden szaporítási ciklus végén, változatlanok maradnak” (2002. évi LI. törvény).

Izsáki (2004) megfogalmazása alapján a fajta akkor felel meg a DUS követelményeknek: „Egy fajta akkor tekinthető megkülönböztethetőnek, ha egy vagy több fontos tulajdonságban minden más, a bejelentés időpontjában ismert fajtától kellő mértékű eltérést mutat, s ha a különbség, amely legalább egy vizsgálati helyen megállapításra került, világos és következetes. Egy fajta akkor tekinthető *egyöntetűnek* (uniform), ha egyedei a mutációból vagy eseti keveredésből és más okból előforduló eltérő típusoknak, valamint a termékenyülési viszonyoktól függő változatoknak olyan alacsony gyakoriságát tartalmazza, amely lehetővé teszi a pontos leírást, a megkülönböztethetőség megállapítását és biztosítja a fajta állandóságát. Egy fajta akkor tekinthető állandónak (stabilnak), ha lényeges tulajdonságai tekintetében az ismételt szaporítások után, vagy minden egyes ciklus végén megegyezik az eredeti fajtaleírásban foglaltakkal”.

Mivel a DUS vizsgálat 2–3 éves ciklusa nem ad megfelelő lehetőséget az állandóság egyértelmű bizonyítására, ezért az UPOV Egyezmény ajánlása alapján minden egyöntetű fajtát állandónak kell elfogadni. Az állandóság tényleges vizsgálata a későbbi időpontban bekért vetőmagnak a tartós tárolóban elhelyezett vetőmaggal történő összehasonlítása során valósítható meg. A fajták DUS vizsgálata mellett a jogszabályban meghatározott fajoknál a gazdasági érték vizsgálatot is el kell végezni.

2.5. A DUS vizsgálat gyakorlati szempontjai

A DUS vizsgálatban a megkülönböztethetőség olyan módszertani alapokra épül, amely biztosítja, hogy olyan pontosan definiált leírás szülessen az új fajtákról, mely egyértelműen és jogilag érvényesíthetően elkülöníti a fajtákat egymástól. A számszerűsített fajtaleírás biztosítja a fajta azonosíthatóságát, a kereskedelmi forgalom és a jogi védelem érdekében. A fajtavizsgálati módszertan a morfológiai, morfometriai, illetve fenológiai tulajdonságok értékelésére alapul. A tulajdonságok értékelése *kifejeződési fokozatok* segítségével történik. A tulajdonságokra jellemző,

hogy több kifejeződési fokozattal rendelkeznek. A fajtavizsgálat során a kisparcellás összehasonlító kísérletekben a kifejeződési fokozatokat kell az új fajta (fajtajelölt) esetében megállapítani. A kifejeződési fokozatok tulajdonságokként vannak meghatározva.

A *morfológiai tulajdonságokat* különböző mérési skálák segítségével lehet értékelni. Podani (1997) a skálák 4 típusát különbözteti meg: nominális, ordinális, intervallum és arány skála. A DUS vizsgálatban alkalmazott morfológiai tulajdonságokat típusuk alapján az UPOV eredetileg három kategóriába sorolja: minőségi (qualitative), mennyiségi (quantitative), átmeneti, úgynevezett ál-minőségi (pseudo-qualitative) jellegű tulajdonságok csoportjába (UPOV TGP 1/3). A csoportok jellemzői a következők:

- **Minőségi tulajdonságok:** Diszkrét (nem folytonos) eloszlásúak, a fokozatok száma elvileg korlátozás nélküli (például a virágszín), de többnyire 1-9 közé besorolható. Az egyes növényeken vagy a növények összességén vizuális megfigyeléssel (bonitálással) állapíthatók meg. A minőségi tulajdonságokat gyakran csak egy gén határozza meg. A tulajdonságok kifejeződési fokozatai egymástól függetlenek, a fokozatok sorrendjének nincs jelentősége. A környezet rendszerint nem befolyásolja az ilyen tulajdonságokat.
- **Mennyiségi tulajdonságok:** A kifejeződési fokozatok egydimenziós lineáris skálán mérhetőek, és folyamatos eloszlást mutatnak. DUS fajtaleírás céljára az eloszlást az 1–9 skála teljes vagy részleges fokozataira osztják (például a növénymagasság). A felosztás, amennyire lehetséges, a morfológiai változatosság teljes szélességére egyenletesen történik. Ezek a tulajdonságok az egyes növényen vagy a növényállományon méréssel, számolással stb. vételezhetők fel. Ezek általában többgénés (poligén) tulajdonságok, melyeket a környezeti tényezők jelentősen befolyásolni tudnak.
- **Ál-mennyiségi tulajdonságok:** Átmeneti, minőségiként kezelt mennyiségi tulajdonságok (pseudo-quantitative) esetén a kifejeződés legalább részben folytonos, azonban egynél több dimenzióban változik (például a levél alakja). A mennyiségi tulajdonságokhoz hasonlóan itt is minden egyes kifejeződési fokozatot meg kell jelölni, hogy a tulajdonság variációit megfelelően le lehessen írni (UPOV TGP 8/4).

A hagyományos morfológiai, morfometriai tulajdonságok mellett az utóbbi években megjelentek negyedikként a speciális tulajdonságok. Ezek jellemzői:

- **Speciális tulajdonságok:** Kórokozókkal és kártevőkkel, valamint gyomirtó szerekkel szembeni rezisztencia, beltartalmi tulajdonságok, biokémiai és molekuláris tulajdonságok tartoznak ide (UPOV TGP 12/1).

A *DUS vizsgálat* általában 2 helyszínen kerül beállításra. A fő hely mellett a második hely tartalék. Ha a főhelyen a növényállománnyal történik valami, akkor a kísérlet felvételezése a tartalék helyen

folytatódhat. Az öntermékenyülő növények DUS kísérletét kétismétléses, az idegentermékenyülő növényeket 4 ismételtsben vizsgálják véletlen blokk elrendezésben (Pepó 2011).

2.6. A DUS vizsgálat nemzetközi rendszere, szervezetei

A modern nemesítés egyik célkitűzése az egységes és minél *homogénebb* genetikai állomány elérése volt, ami hozzájárult az ipari méretű növénytermelés elterjedéséhez. A termesztés szempontjából kedvezőbb a homogén genetikai háttér, azonban az a *diverzitás* csökkenésével is együtt jár. A morfológiai és ezen keresztül a genetikai változatosság fenntartása azonban fontos feladat a nemesítés szempontjából. Az öntermékenyülő növényfajoknál homogén genetikai hátteret egyszerűbb elérni, mint az idegentermékenyülő növényeknél.

Az idegentermékenyülő növényeknél a hibrid fajták megjelenésével és elterjedésével már egyértelműen a *genetikailag egységes növényanyag*ról lehet beszélni. A hibrid nemesítés egyrészt a heterózishatást kihasználva jelentős terméstoppletet eredményezett, másrészt az utántermesztést gazdaságtalanná tette. A hibrid fajtákban rejlő genetikai és gazdasági potenciál jelentősen felértékelte a nemesítésre fordított munka szerepét. A szellemi tulajdon védelme érdekében egy jogilag is érvényesíthető vizsgálati rendszer kidolgozása vált szükségessé. Ezt az igényt nemzetközi összefogás támogatta, aminek eredményeként 1961-ben létrejött az új növényfajták oltalmazásáról szóló UPOV Egyezmény. Az Egyezmény megteremtette a fajtaoltalmi szempontrendszer kidolgozását célzó nemzetközi szervezetet is. Az UPOV szervezetét azzal a céllal hozták az alapító országok létre, hogy egy olyan hatékony növényfajta-oltalmi rendszer alakuljon ki, amely elősegíti a mezőgazdaság, illetve a társadalom javát szolgáló új növényfajták nemesítését és védelmét. Az Egyezmény lehetővé tette továbbá, hogy az aláíró tagállamok az új növényfajták nemesítőit elismerjék, és részükre - az oltalommal védett növényfajták esetében - kizárólagos hasznosítási jogot biztosítsanak. Az UPOV Egyezmény tagállamai e kötelezettség teljesítésének érdekében nemzeti jogszabályokat is alkottak, amelyek alapján egyre több növényfaj esetében vált lehetővé a fajtaoltalom megadása (Kókai-Kunné 2012).

Az UPOV Egyezmény szövege az 1968. évi hatályba lépést követően 1972-ben, 1978-ban és 1991-ben került jogi felülvizsgálatra. Jelenleg az 1991. évi jogi normaszöveg hatályos. Ezt a magyar jogrendszer a 2002. évi LI. törvény elfogadásával vette át. A szervezethez Magyarország 1983-ban csatlakozott, azóta van lehetőség a növényfajták nemzetközi érvényű oltalmazására.

Az UPOV Egyezmény keretei között a tagállamok létrehozták az Egyezmény szerveit és a módszertani fejlesztés fórumait. Az UPOV Egyezmény legfőbb szerve a Tanács, ez alatt működik a Konzultációs Bizottság és az UPOV Iroda. A Tanács a tagállamok képviselőiből áll, és hatáskörébe tartozik többek között a szervezet igazgatási és pénzügyi rendjének, valamint a szervezet

tevékenységének meghatározása, a beszámolók megvitatása, az egyes intézkedések felülvizsgálata, az UPOV Egyezmény módosításának előkészítése, továbbá a szervezet munkáját szolgáló határozatok kiadása.

Az UPOV Technikai Bizottság munkacsoportjai az egyes növényfajok fajtakísérleteihez szükséges DUS vizsgálati irányelveket (Test Guideline) dolgozzák ki és vizsgálják időszakonként felül. A Technikai Bizottságnak több munkacsoportja van. Ezek a szántóföldi és kertészeti növények DUS vizsgálati irányelveinek fejlesztésével, a számítógépes adatfeldolgozás módszertanával, biokémiával és molekuláris technika alkalmazási lehetőségének vizsgálatával foglalkoznak. Az UPOV tagállamok az egyes munkacsoportok által kidolgozott, és a felsőbb szintű döntéshozó fórumok által jóváhagyott egységes vizsgálati irányelvek alapján végzik a fajtakísérleti vizsgálatokat (Szabó 2011).

1994-ben az EU Bizottság létrehozta a Közösségi Növényfajta Hivatalt (CPVO). A külön intézmény létrehozását a 2100/94/EK Tanácsi Rendelet írta elő. A létrehozás egyik legfontosabb indoka, hogy az ipari tulajdonjogi szabályozás harmonizációja a növényfajták vonatkozásában közösségi szinten nem történt meg, és ezért azt továbbra is a tagállamok szabályozzák, jogszabályaik tartalma azonban nem egységes.

Magyarországon a 2004. évi EU csatlakozást követően szükségessé vált a közösségi fajtaoltalom beépítése a hazai jogrendbe. A fajtavizsgálatokban a DUS vizsgálatra vonatkozó változást az jelentette, hogy a közösségi fajtaoltalom céljából végzett vizsgálathoz a Közösségi Növényfajta Hivatal által előírt Test Protocol (TP) határozza meg a vizsgálati tulajdonságokat. Az UPOV TG és a CPVO TP vizsgálati útmutató közötti alapvető különbség, hogy az UPOV TG alkalmazása csak ajánlás, míg a CPVO TP használata minden tulajdonság vonatkozásában kötelező a DUS vizsgálatot az EU közösségi fajtaoltalom megszerzése esetén.

2.7. Módszertani fejlesztések az UPOV Egyezmény keretei között

Az UPOV Egyezmény által létrehozott Technikai Bizottság munkacsoportjai (Technical Working Parties) lehetőséget biztosítanak a DUS vizsgálat irányelveinek fejlesztésére, illetve a kísérletek tervezése és kivitelezése során felmerülő szakmai kérdések megvitatására, további módszertani javaslatok kidolgozására. A vizsgálati irányelvek fejlesztése az érintett szakterületi munkacsoporton belül történik. A módszertani fejlesztési javaslatokat a munkacsoportok együttesen vitatják meg, majd terjesztik elő az UPOV magasabb fórumai részére jóváhagyás céljából.

A molekuláris technológia eredményeinek alkalmazhatóságát a Biokémiai és Molekuláris Technológia munkacsoport (BMT) és ezek eseti albizottságai végzik. Az UPOV szervezete számos olyan kiegészítő információs dokumentum (TGP) összeállításával segíti a nemzeti hatóságok

munkáját, amelyek a DUS vizsgálat Általános Útmutatójához (General Introduction) kapcsolódnak. Az információs dokumentumokat minden Technikai Bizottsági munkacsoport megtárgyalja, majd a végleges dokumentumot az UPOV Tanácsnak felterjeszti jóváhagyás céljából. A 15 darab tematikus dokumentumot az 1. táblázat foglalja össze.

1. táblázat. UPOV Vizsgálati Irányelvek fejlesztését célzó tematikus dokumentumok jegyzéke 1-15

Információs dokumentum sorszáma	Dokumentum címe
TGP/0	TGP dokumentumok jegyzéke
TGP/1	Általános Útmutató és kapcsolódó magyarázatok
TGP/2	UPOV által elfogadott DUS vizsgálati Irányelvek
TGP/3	Közismert fajtákkal kapcsolatos tudnivalók
TGP/4	Fajtagyűjtemények létrehozása és fenntartása
TGP/5	Tapasztalat és együttműködés a DUS vizsgálatokban
TGP/6	DUS vizsgálat kivitelezése
TGP/7	Új DUS vizsgálati irányelv összeállítása
TGP/8	Fajtavizsgálat megtervezése és a DUS vizsgálat során alkalmazott szakmai technikák
TGP/9	Megkülönböztethetőség vizsgálata
TGP/10	Egyöntetűség vizsgálata
TGP/11	Állandóság vizsgálata
TGP/12	Tájékoztató a fiziológiai tulajdonságokról
TGP/13	Tájékoztató új fajták és fajtakörök esetén
TGP/14	Az UPOV dokumentumokban alkalmazott szakkifejezések összefoglaló magyarázata
TGP/15	Útmutató a biokémiai és molekuláris markerek alkalmazásáról a DUS vizsgálatokban

Az UPOV hivatala a nemzeti fajtaoltalmi hatóságok munkáját több adatbázissal segíti. A DUS szakemberek rendelkezésre áll a fajok botanikai neveit kódolva tartalmazó adatállomány, illetve a fajtanevekből álló online adatbázis, ami lehetővé teszi a megfelelő fajtanév azonnali ellenőrzését. Az adatbázisok mellett a megkülönböztethetőség kiértékelésére is készült nemzetközi előírás, ami COYD (Combined Over Years Distinctness) néven vált ismerté (UPOV TGP/8).

2.8. Morfológiai hasonlóság értékelése

A növényfajok közötti eligazodást a *rendszerinti csoportosítás* nagymértékben megkönnyíti. A növényfajok Linné szerinti botanikai rendszerezése az egyes növényi részek fenotípusos (morfológiai) megjelenési formáit veszi alapul. A növényfajták leírása is a legfontosabb *morfológiai tulajdonságok* megadásával kezdődött. Goethe (1887) a szőlőfajtákat például a bogyó alakja, a levél szőrözöttsége és karéjosottsága alapján tudta jellemezni és elkülöníteni. A fajtára jellemző gazdasági vagy morfológiai tulajdonság a fajta elnevezésében is gyakran megjelent. A fajtaneveket jellemzően valamilyen termesztéshez vagy a feldolgozáshoz kapcsolt mennyiségi paraméterrel

jellemezték, ami a morfológiai vagy fenológiai jellemzőkre utalt (pl. korai, bőtermő, hosszúszerű). A morfológiai tulajdonságok közül leggyakrabban még a szín és a forma volt használatos.

A rendszertani és a populációgenetikai ismeretek fejlődésével, illetve újabb fajok bevonásakor a kérdés az volt, hogy milyen kritériumok alapján lehet a fajokat egy kategóriába sorolni. Rokon fajok könnyen kereszteződhetnek, vagy például egyes fajok a földrajzi elterjedés következtében eltérő megjelenési formákat mutatnak. A természetes fajok morfológiai változatosságát, a genetikai diverzitást, a kereszteződés, az ökológiai adaptáció stb. eredményezi. A *morfológiailag változatos fajok* rendszertani besorolása nem egyszerű feladat. Ezekben az esetekben a *genetikai háttér* vizsgálata nyújthat segítséget (Utelli et al. 2000).

Növényfajok esetében Bulinska-Radomska és Lester (1985) *Lolium*, *Festuca* és *Vulpia* egymáshoz közeli, és jól kereszteződő fajokat a virágzat morfológiai tulajdonságai alapján tudtak elkülöníteni. A levél és a termés morfológia ismerete még a kihalt fajok vizsgálatában is segíthet (Denk és Oh 2005). A fazon belüli rendszertani egységek morfológiai elkülönítését Bisht et al. (2005) ázsiai mungóbab kultúr- és vad változatainak vizsgálatával végezték. Megállapították, hogy a morfológiailag változatos növényfajok rendszertani besorolását akkor célszerű változtatni, ha a fazon belül mért morfológiai változatosság meghaladja a fajok közötti változatosság szintjét. Giles és Lefkovitch (1991) a nagy morfológiai változatossággal rendelkező *Hordeum patagonium* fenotípust 3 alfajra tudták bontani. Piergovanni et al. (2006) 19 különféle bab tájfaját tudtak elkülöníteni morfológiai bélyegek alapján. Szintén tájfajtaikkal foglalkozott Ruiz de Gallareta és Alvarez (2001) is, akik kukorica tájfajtaiknál a morfológiai tulajdonságokat és a környezeti tényezőket egyaránt figyelembe vették a hasonlósági csoportok kialakítása során.

A fajtaszintű elkülönítés vonatkozásában Stepansky et al. (1999) sárgadinnye 54 morfológiailag eltérő fajtáját tudták csoportosítani, Szabó et al. (2005) pedig kihalt dinnyefajták azonosításával foglalkoztak. A virág és levél morfológia alapján Caradus et al. (1989) 104 különféle fehérhere fajtát tudtak megkülönböztetni. A gabonaféléknél ősibúza fajták genetikai változatosságát több szerző is elemezte (Richard et al. 1992, Prasad et al. 2000). Őszi búza esetében Magyarországon a genetikai háttér, a változatosság, diverzitás témakörében több publikáció jelent meg (Cseuz et al. 1995). A termés morfológiai adatait Lágler et al. (2005) felhasználták több középkori kölesfajta vizsgálata során. Cirokfajták esetében a morfológiai változatosságot Ayana és Endashaw (1999) vizsgálták, Teshome et al. (1999) pedig 177 cirok fajtát 3 fajtakörbe tudtak sorolni.

A természetes növények morfológiai hasonlósági viszonyaival, több tudományterület is foglalkozik. A növényrendszertan, az ökológia, a növényi populációgenetika vagy a származástan (filogenetika) alapvetően épít a morfológiai tulajdonságok vizsgálatára (Podani és Schmera 2006). *Scrophularia* fajokban Kamada et al. (2007) a génáramlást vizsgálták morfológiai bélyegek felhasználásával. A morfológiai bélyegeket a *filogenetika* a leszármazási viszonyok elemzésére, a

numerikus taxonómia pedig a rendszertani osztályozásra használja. A morfológiai bélyegek kifejeződését számos környezeti tényező befolyásolhatja. A földrajzi elterjedés során a növényfajok alkalmazkodnak a helyi klimatikus körülményekhez, ami eltérő fenotípusban is megnyilvánulhat. Medrano et al. (2008) megállapították, hogy a fajok morfológiai hasonlósága arányos a földrajzi távolsággal.

Fajon belül két fajta viszonylatában a legáltalánosabb reláció a *hasonlóság*. Hasonlóság esetén az összes vizsgált tulajdonságot együtt tekintve megállapítható, hogy nem térnek el egymástól jelentős mértékben. A hasonlóság (similarity) ellentéte a különbözőség (dissimilarity). A legszűkebb kategória a megkülönböztethetőség (distinctness), ami egy adott viszonyítási pontot jelent a hasonlósági-különbözőségi skálán. A százalékosan kifejezett hasonlósági skálán 100% -os hasonlóság esetén a különbözőség 0% és fordítva. A hasonlóság (S) és különbözőség (D) egymásba alakíthatók az alábbi képlet szerint: $S = 1 - D$ (Sneath és Sokal 1973).

A DUS vizsgálat fontos szempontja a megkülönböztethetőség, ami a fajták közti hasonlóság egyik lényeges pontja. A fajták közti *hasonlóság vizsgálata* a fajtapárok távolságára épül, azonban ebben az esetben az elemzés célja nem választ adni egy eldöntendő kérdésre. A hasonlóság vizsgálata a fajta tágabb értelemben vett megközelítését jelenti. A fajon belüli hasonlósági viszonyok ismerete és feltárása az adott faj komplexebb megismerését szolgálja. A hasonló fajták ismerete segíti az összehasonlító fajták kiválasztását, a hasonlósági viszonyban lévő csoportok azonosítását, továbbá lehetővé teszi a morfológiai és genetikai változatosság elemzését, nyomon követését is. A fajtavizsgálat mellett a *hasonlóságot értékelő módszertan* a nemesítők részére is szolgáltat hasznos információt a fajtának a fajpopulációjában való elhelyezése szempontjából.

2.9. A morfológiai és molekuláris hasonlóság együttes vizsgálata

A természetes növényfajok származástani vizsgálataiban során a botanikusok hosszú ideig a morfológiai adatokat használták, a növényi szervek morfológiája alapján következtetve a fajok rendszertani besorolására. Mivel a rendszertani osztályozás a leszármazást is figyelembe veszi, ezért lényeges, hogy a vizsgált *fenotípus genetikai háttere* is megfelelő bizonyossággal ismert legyen. A genotípus pontos ismerete tehát lényeges kérdés a rendszertani kategória pontos meghatározása során. A *fenotípus és genotípus* közötti kapcsolatot először az elektroforézis eredmények bizonyították. A növényi enzimfehérjék eltéréseire épülő elektroforézis vizsgálat a morfológiai eredményeknél pontosabb képet adott a fajok megkülönböztethetőségéről (Gottlieb 1977). Az *elektroforézis vizsgálatokat* a kukorica és napraforgó fajtavizsgálatban ma is alkalmazzuk. Az enzimvizsgálat azonban a kellő polimorfizmus hiányában szűk alkalmazási terület maradt. A *molekuláris markerek* megjelenése ezzel szemben sokkal szélesebb vizsgálati lehetőséget

kínált. Ezek a módszerek ma már a növénygenetikai tudományos kutatás fő területeit jelentik. A hasonlósági vizsgálatokban az elektroforézises vizsgálatokhoz képest a *molekuláris technológiák* elterjedése minőségi előrelépést jelentett. A tudományos kutatásban a molekuláris technológiát jellemzően a molekuláris markerezési eljárások jelentik. A kutatók legtöbbször az AFLP, az RADP és az SSR markerekkel foglalkoztak az elmúlt két évtizedben. A legújabb kutatások már a fehérjét kódoló aktív génekben előforduló SNP markerek alkalmazhatóságát hangsúlyozzák.

Yu et al. (2005) hímsteril repcefajták vizsgálata során nem találtak szoros korrelációt a morfológiai, a molekuláris (RAPD), valamint az izoenzim vizsgálatok eredményei között. Lopez et al. (2008) vizsgálataik alapján a koriander fajták fenotípusos és biokémiai, illetve a molekuláris és biokémiai hasonlósága között gyenge kapcsolatot találtak, a fenotípusos és molekuláris adatok között pedig semmilyen korrelációt nem tudtak bizonyítani. Ezzel szemben Renhua et al. (2000) 111 rizsfajta vizsgálatával a morfológiai bélyegek és a molekuláris adatok alapján az *Oryza japonica* és *indica* fajtaköröket egyértelműen szét tudták választani.

Az *elektroforézis és morfológiai hasonlósági* eredmények eltérését *Hordeum chilense* faj vizsgálatával Fernandez et al. (1987) írták le. Lombard et al. (2002) az egyöntetűség vizsgálataiban a repce hibridek szülővonalában a molekuláris (AFLP) és morfológiai adatok egyaránt használhatók voltak. Az együttes alkalmazhatóságot erősítették meg Geleta et al. (2004) eredményei is paprika szülővonalak hasonlósági vizsgálata során. Giancola et al. (2002) szójafajták genetikai távolságának meghatározására morfológiai bélyegeket és több molekuláris módszert (RAPD, AFLP, SSR) alkalmaztak. A kutatók a legszorosabb összefüggést a morfológiai tulajdonságok és az SSR marker eredményei között találták. A morfológiai és molekuláris hasonlóságot szőlőnél is többen vizsgálták (Cervera et al. 2000, Zulini et al. 2005). Martinez et al. (2003) az európai és amerikai 'Criolla' fajtákat mindkét módszerrel sikeresen különítették el.

Az úgynevezett származtatott fajták bizonyítása a fajtaoltalom szempontjából bír jelentőséggel, amire Elena és Weitz (2006) hívták fel a figyelmet. Gilliland et al. (2000) a morfológiai tulajdonságok és a molekuláris megközelítés (AFLP) felhasználásával dolgoztak ki egy módszert a *Lolium* származtatott fajták kimutatására.

2.10. Molekuláris technológia alkalmazása a hasonlóság és a származás vizsgálatában

A *molekuláris technológia* elterjedésével nagy mennyiségű genetikai információ áll rendelkezésre szinte minden jelentős növényfajnál. A molekuláris eredmények elsősorban a fajták azonosítását vagy elkülönítését, illetve a leszármazási viszonyok felderítését szolgálták. A molekuláris marker segítségével végzett szelekció hatékonyan alkalmazható tájfajták, vad fajok populációinak feltárására (Bedő 2011). A molekuláris technológia szőlő esetén a szinonim és homonim fajtanevek

tisztázásában is szerepet kapott González et al. (2007). A fajtaelnevezések kérdésével számos szakirodalmi munka foglalkozott. A 'Furmint' fajta például megegyezik a horvátországi 'Moslavac' fajtával, amit Maletic et al. (1999) tisztáztak. Regner et al. (1999) megállapították, hogy a 'Blauer Portugieser' azonos a 'Portugues Azul' fajtával. A borvidékek közötti genetikai különbségek lehetővé tették egyes fajták pontos földrajzi eredetének tisztázását (Sefc et al. 1999).

SSR markerekkel a régi magyar fajták jól elkülöníthetőek voltak és a származási viszonyokat is sikerült tisztázni (Galbács et al. 2009). Fajtakülönbség igazolására is van példa, Jahnke et al. (2007) igazolták, hogy a 'Kéknyelű' fajta nem azonos az olasz 'Picolit' fajtával. A molekuláris adatok azonban nem minden esetben használhatók eredményesen. A fajtaklónok annyira közeli genetikai hátteret jelentenek, hogy *SSR* markerekkel nem mindig lehet eredményt elérni az elkülönítésben (Imazio et al. 2000). A 'Pinot' fajták (Regner et al. 2000), illetve a 'Garnacha' fajták (Ortiz et al. 2004) különféle színváltozatai esetén is megegyezett a DNS ujjlenyomat, így a mikroszatellit markerek nem tették lehetővé a színvariánsok szétválasztást.

A *mikroszatellit markerekre* alapuló molekuláris profilokkal kapcsolatban egyik kritikai pont, hogy a fenotípusra nincs hatással, ezáltal a hatékony jogvédelem akadályokba ütközne a kizárólagos alkalmazás esetén. A legújabb kutatások szerint a DNS polimorfizmus (SNPs) a kifejeződő génekben fordulnak elő, így hatással vannak a fenotípusos megjelenésre. Ilyen jellegű markerek vélhetően alkalmasak lesznek a fenotípusos megkülönböztethetőségre is (van der Linden et al. 2005, és Cooke 2005). Búzafajták esetében például a vernalizációs gén jelenlétének kimutatása egyértelműen szétválasztja a tavaszi és őszi típusokat (Cockram et al. 2006).

2.11. Molekuláris technológia alkalmazása a DUS vizsgálatában

A fajtakísérleti eredmények kiértékelése jelenleg még a morfológiai tulajdonságokra épül, azonban a jövőben egyre nagyobb szerephez juthatnak a *molekuláris markerekkel* kapott adatok. A *PCR technológia* és a *molekuláris alapú kutatások* tudományos eredményei már a DUS vizsgálat területén is érzékelhető változásokat eredményeznek.

A molekuláris technológia kizárólagos alkalmazásnak azonban vannak még korlátai. Ilyen például, hogy az oltalom érdekében:

- biztosítani kell minden tulajdonságra vonatkozóan az egyöntetűséget,
- a fajta fogalom tartalmi oldalának érvényre kell jutnia,
- minimalizálni kell az alkalmazott markereket.

Az egyöntetűség (uniformitás) a morfológiai vizsgálatok során vizuálisan egyszerűen értékelhető, azonban a molekuláris markerek esetében ez nehezebb feladat. A morfológiai és molekuláris adatok összehasonlítása, a kettő közötti lehetséges kapcsolat keresése a hasonlósági és származási kutatás

egyik fontos állomása. A *mikroszatellit marker technológiák* elterjedésével a kutatásnak egy új irányvonalát jelenti a különböző molekuláris markerezési módszerekkel (például AFLP, RAPD és SSR) végzett vizsgálatok eredményeinek összehasonlítása.

A jelenlegi nemzetközi álláspont szerint nem valószínű, hogy rövidtávon a molekuláris technológia felválthatja a kisparcellás DUS kísérleteket, de számos ponton kiegészítheti azt (Harangozó et al. 2013b). A molekuláris vizsgálatok úgy egészítik ki a jelenlegi morfológiai alapú DUS vizsgálatot, hogy *gyors előszűrést* tesznek lehetővé a referenciafajtákkal való összehasonlításban (Ibanez és Vélez 2005). A származtatott fajták a fajtaoltalom szempontjából érdekesek, ezek vizsgálatában már használható a molekuláris technológia. Szőlő esetében Vélez et al. (2008), búzafajtáknál pedig Law és Cooke (2005) végzett ilyen jellegű vizsgálatot.

2.12. A klaszteranalízis alkalmazása a hasonlósági vizsgálatokban

A *klaszteranalízis* széleskörűen alkalmazott többváltozós statisztikai módszer a hasonló tulajdonságokkal rendelkező csoportok feltárására, vagy egy csoportban a fajta helyzetének meghatározására. A klaszteranalízis eredménye olyan csoportok, melyek nagy belső homogenitással és kismértékű csoportok közötti heterogenitással rendelkeznek. Sikeres osztályzás esetén, a csoporton belüli egységek geometriai ábrázolással egymáshoz közel esnek, míg a csoportok egymástól távolabb helyezkednek el (Hair et al. 1998).

A statisztikai értékelés alapvetően kétféle klaszteranalízis módszert alkalmaz. A *hierarchikus* módszereknél a csoportok kialakítása páros összehasonlításon alapuló távolságértékek alapján történik, ebben az esetben az eredmény bemutatására a *dendrogram* alkalmas. A dendrogram a fajták általános hasonlósági viszonyát jól jellemzi (Jolliffe et al. 1989). A dendrogramok alapján azonban a hasonlósági viszonyokra csak korlátozottan lehet következtetni (Harangozó et al. 2011). A másik analízis módszer a *modell alapú eljárások*, melyeknél a klaszterszám meghatározása után, egy adott leíró paraméter alapján a klaszterek valószínűségi eloszlásainak meghatározását végzik (Mohammadi és Prasanna 2003).

A hierarchikus vagy távolság alapú klaszteranalízis két eljárása az *agglomeratív és divizív módszer*. Mindkét módszer alkalmas a hasonlóság vizsgálatára (Harangozó et al. 2013a). Kalászos növények esetében Murphy et al. (1986) a klaszteranalízist széles körben alkalmazható elemzési módszernek tartották. A klaszteranalízis során számos algoritmust dolgoztak ki, azonban Jain et al. (1986) megállapították, hogy kellő belső kapcsolat hiánya esetén ez a detektálási módszer nehezen alkalmazható.

A *nem hierarchikus módszereket* akkor érdemes használni, ha sok adatunk van és a kapott eredmények kevésbé függenek a kiugró adatoktól és a kiválasztott távolságmértéktől. Ha azonban

nem hierarchikus módszert választunk, előre meg kell adni a klaszterek számát és a klaszter középpontokat. A *hierarchikus módszerek* végrehajtása nagy adatbázis esetében hosszadalmas lehet, és e módszerek érzékenyebbek a kiugró értékekre. Előnye azonban, hogy lehetővé teszi a klaszterek grafikus megjelenítését dendrogram formájában, ami jelentős segítséget nyújt a klaszterek számának kiválasztásánál és az eredmények értelmezésénél. Sajtos és Mitev (2007) a hierarchikus és a nem hierarchikus módszereket egyszerre javasolta alkalmazni úgy, hogy egy hierarchikus algoritmussal meghatározzuk a klaszterek számát és a klaszterközéppontokat, majd a nem hierarchikus eljárással újracsoportosítjuk az adatokat.

2.13. Fajtaleírás mátrix, fajtapár távolság, hasonlósági csoportok, kontroll véletlenszám mátrix

A DUS fajtaleírások alapján fajtaleírás mátrixok készíthetők, melynek adatbázisba foglalják a DUS eredményeket és egyben további értékelések alapanyagát adják, mivel a soraik, és oszlopaik közt összefüggések állapíthatóak meg, azaz feltárható a fajtaleírás mátrixokban rejlő belső információ (Veress 1999a). Ennek felderítésében alapvetően fontos a fajták közti távolságok meghatározása, mely távolságfüggvény segítségével adható meg minden fajtapárra (Veress 2000). Az összes fajtapár távolságértékét nagyság szerint rendezve kapjuk meg a fajtapárok közti távolságok eloszlását, amely alapot ad a fajták hasonlósági csoportjainak meghatározásához. Az ún. véletlenszámos kontroll mátrix a vizsgált fajtaleírás mátrix sorok és oszlopok számában megegyezik, de az egyes cellák értékeit random módon adjuk meg úgy, hogy bizonyos peremfeltételeknek eleget téve paramétereiben az eredeti fajtaleírás mátrixhoz közelítsen (Veress 1999b).

A véletlen számos kontroll mátrix segítségével kísérlet történt a fajták „legideálisabb” hasonlósági csoportösszetétele meghatározására, illetve a kontroll és az eredeti fajtaleírás mátrix távolságeloszlása összehasonlításával a fajtapopulációt leíró fajtaleírás mátrix belső összefüggéseire (populáció genetikai hátterének szélességére) lehetett következtetni (Veress 1999a).

A véletlenszámos kontroll mátrix módszert továbbfejlesztve kalibrációs sorozatok (Veress és Harangozó 2011) összeállításával, illetve a hasonlósági csoportok modellezésével (Harangozó és Veress 2011) sikerült a fajtaleírás mátrix belső információit a számszerűsítés irányába is megközelíteni. Mivel a klaszteranalízis módszerek is a távolságra épülnek, ezért a távolság értékek hisztogramja összehasonlítható volt a klaszteranalízis eredményével (Harangozó és Veress 2012).

2.14. A megkülönböztethetőségi küszöbvektor vizsgálata

A növényfajták DUS vizsgálata során a megkülönböztethetőséget a vizsgálati irányelvben meghatározott tulajdonságok *kifejeződési fokozatainak* értékelésével állapítjuk meg. A megkülönböztethetőség fogalmi meghatározása a hasonlóságnál egyszerűbbnek tűnik, mivel a gyakorlatban könnyebben számszerűsíthető. Az UPOV Egyezmény még elég általánosan fogalmaz a megkülönböztethetőség vonatkozásában, („határozottan eltér bármely más, a bejelentés napján közismert fajtától”) az EU Közöségi Növényfajta Hivatal (CPVO) által kiadott DUS vizsgálati irányelvek szerint a bonitált tulajdonságoknál az egyértelmű megkülönböztethetőség feltétele, hogy a kifejeződési fokozatok legalább egy tulajdonságnál, legalább egy értékkel térjenek el egymástól. A tényleges DUS vizsgálati döntésekben azonban a megkülönböztethetőség ennél összetettebb elv szerint kerül megállapításra (Harangozó et al. 2007).

Az UPOV Fajtavizsgálati Kézikönyv megkülönböztethetőség megállapításával foglalkozó része (UPOV TGP1/3) már felveti annak lehetőségét, hogy a mennyiségi tulajdonságoknál a környezeti tényezők változékonysága miatt az egyértelmű megkülönböztethetőséghez szükség lehet nagyobb különbségre is, mint egy vagy két kifejeződési fokozat. Mivel a megkülönböztethetőséghez többnyire több fokozat érték különbségre van szükség az egyértelmű megkülönböztethetőséghez, ezért a tulajdonságokhoz azoknak típusa alapján egyenként kell a küszöbértéket megállapítani.

Az eltérés mértékének számszerű megállapítása érdekében került bevezetésre a *bonitálási küszöb és megkülönböztethetőségi küszöbszázalék* (Csapó és Veress, 1997). Jelenlegi gyakorlat szerint, ha két fajta bármely tulajdonságának kifejeződési fokozata közti különbség meghaladja az előre meghatározott megkülönböztethetőségi küszöbértéket, akkor a két fajtát egymástól megkülönböztethetőnek tekintjük. A megkülönböztethetőség megállapításának kulcspontja éppen az a küszöbérték, melynek megválasztása alapvetően meghatározza a megkülönböztethetőséget.

A megkülönböztethetőség további finomítást jelent a tulajdonságonkénti kifejeződési fokozat különbséghez rendelt súlyértékek összegzésével kapott érték, illetve egy előre meghatározott kritikus küszöbérték viszonyától függ (Veress 1999b). Két fajta relatív morfológiai távolságán ($D_{\text{táv}}$) a fajtapár kifejeződési fokozat különbségek összegének a lehetséges maximális különbség összeghez való viszonyát értjük. A $d_{\text{küszöb}}$ értéknek a megkülönböztethetőséghez szükséges *kifejeződési fokozat különbséget* definiáltuk. (Harangozó és Veress 2007).

A DUS vizsgálatban szereplő fajták és tulajdonságok általános vizsgálatának egyik módszerét képezi az ún. *megkülönböztethetőségi százalék* módszer (Veress és Lázár 1997). E módszernél a küszöbértékek változtatásával lehet a tulajdonságokat és szerepüket vizsgálni. A módszer alkalmazásával a megkülönböztethetőséget először az ősibúza, őszi árpa és cirok fajoknál értékelte Garzó et al. (1997), akik a küszöbérték megválasztását a tulajdonság kifejeződésének környezeti

stabilitásához kötötték. A megkülönböztethetőségi százalék módszer segítségével a tulajdonságok tipizálására is történt kísérlet (Lázár et al. 1998).

Az Országos Mezőgazdasági Minősítő Intézet által kiadott búza, durum búza és árpa DUS vizsgálati módszere kézikönyv (OMMI 1996) a $d_{\text{küszöb}}$ megkülönböztethetőségi küszöbértéket tulajdonságonkénti bontásban minimum távolság néven adja meg. A megkülönböztethetőségi küszöbértéket a bonitált tulajdonságok esetén egyszerűen lehet alkalmazni, mért adatok esetén a választása előzetes vizsgálatokat igényel (Harangozó és Veress 2009).

A megkülönböztethetőséghez általában elegendő, ha egy tulajdonságnál egyértelmű a különbség. Előfordulhat azonban, hogy a kifejeződési fokozatok közti különbség nehezen értékelhető, ezért a metodikai szakirodalom a *distinctness plus* fogalmat is bevezette (UPOV TWC 21/4 2003). A megközelítés lényege, hogy a tulajdonságok súlyozásával érheti el egy fajta a kritikus megkülönböztethetőségi szintet. Ebben az esetben több DUS tulajdonság a saját részeredményével együttesen járul hozzá a megkülönböztethetőséghez.

A küszöbvektort alkotó küszöbértékek csökkentése vagy növelése az adott tulajdonságoknál jelentős hatást is gyakorolhat a megkülönböztethetőségre (Harangozó et al. 2008). Azon tulajdonságok esetén, amelyeket a környezeti tényezők kevésbé befolyásolnak kisebb küszöb érték alkalmazása is elegendő (Garzó et al. 1997).

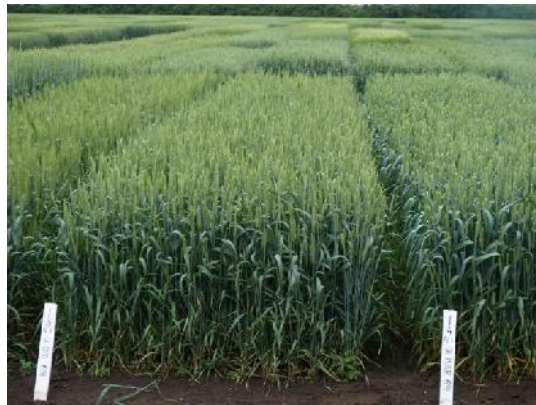
3. ANYAG ÉS MÓDSZER

3.1. Vizsgálati anyagok

A fajtakísérletek az OMMI és jogutódjai, az MgSzH és a NÉBIH Növényfajtakísérleti Állomásain kerültek beállításra.

3.1.1. Kalászos növények fajtavizsgálata

Az őszi búza és árpa fajtakísérletek az Tordasi Növényfajtakísérleti Állomáson folytak. A kalászos növények kisparcellás DUS vizsgálata 2 vagy szükség esetén 3 évig tartottak. A vizsgált fajtajelöltek mellett a hozzájuk hasonló fajták és a példafajták is megtalálhatók voltak. Az UPOV majd később a CPVO vizsgálati protokollja szerinti DUS tulajdonságok felvételezését a tenyésztőidőszakban a témavezető szakember a kísérleti parcellákon (1. fotó) vizuális megfigyelésekkel és mérésekkel végezte el. A kalászra és szemre vonatkozó tulajdonságoknál a mérésekre és megfigyelésekre a betakarítást követően került sor.



1. fotó. Őszibúza kísérleti parcella Tordason

3.1.2. Szőlő fajtakísérletek

A szőlő fajtakísérletek a Helvéciai Növényfajtakísérleti Állomáson kerültek beállításra. A szőlő DUS vizsgálata 6-8 évig is eltarthat, mivel a termőre fordulást meg kell várni, a fürt és bogyó tulajdonságok csak ekkor válnak értékelhetővé (2. fotó).



2. fotó. Szőlő fürtvizsgálata Helvéción

3.1.2. Növényi mintavételezés

A növényi mintavételezés a molekuláris vizsgálatokhoz volt szükséges. A molekuláris vizsgálatokhoz friss növényi hajtásokat a Helvéci és a Domoszlói Fajtakísérleti Állomáson szedtem. A kijelölt fajtákból a fajtaazonosítást követően vágtam a szükséges mennyiségű és méretű zöld hajtást május hónapban. A hajtásokat műanyag zacskóba helyezve, felcímkézve szállítottam a Szent István Egyetemre, ahol a felhasználásig hűtőtárolást kaptak.

3.1.4. Felhasznált primerek a DNS vizsgálatokhoz

A szőlőfajták molekuláris vizsgálata a Szent István Egyetem Genetika és Biotechnológia Tanszékén történt. Az elemzéshez az SSR markerek allélmérete alapján összeállított mátrix adta a kiindulási adatállományt. A szőlőfajták molekuláris hasonlóságának értékeléséhez az allélméreteket 9 SSR primer felhasználásával állapítottuk meg, melyeket az European GenRes szőlő molekuláris adatbázis (<http://www.genres.de/eccdb/vitis/>) javasolt. A felhasznált primerek a VVMD5, VMD32, VMD7, VVS2, VVMD25, VrZAG62, VMD27, VVMD28 és VrZAG79 voltak. A DNS vizsgálatot az allél méret meghatározásáig Halász et al. (2005) által korábban leírt módszer szerint végeztük. A PCR készülék a GeneAmp 9700 thermal cycler (ABI Perkin-Elmer) volt. Az allélméretet ALFexpress II DNA Fragment Analyzer (Amersham Biosciences) műszerrel határoztuk meg. Az allélméreteket sztenderdizálását a GrapeGen06 project adatbázisa tette lehetővé.

3.2. Alkalmazott vizsgálati irányelvek

A DUS tulajdonságok felvételezéséhez a vizsgálat időpontjában hatályos DUS vizsgálati irányelvet kell alkalmazni. A DUS fajtaleírások az alábbi DUS tulajdonságokat és a kifejeződési fokozat értékeket tartalmazó UPOV vizsgálati irányelv előírásai szerint lettek összeállítva:

- Búza: UPOV TG 3/11 irányelv,

- Árpa: UPOV TG 19/10 irányelv
- Szőlő: UPOV TG 50/8 irányelv.

A 2004. évi EU csatlakozást követően az elfogadott CPVO DUS vizsgálati protokollt kell alkalmazni, ezért a fajták leírása során az UPOV és CPVO tulajdonságok együttes felvételezésére került sor. Az alkalmazott CPVO vizsgálati protokollok az alábbiak voltak:

- Búza: CPVO TP-003 irányelv,
- Árpa: CPVO TP-019 irányelv,
- Szőlő: CPVO TP-50 irányelv.

3.3. Felhasznált kiindulási adatállományok

A DUS vizsgálatokban a kifejeződési fokozatok megállapítása után kapott fajtaleírásokból úgynevezett DUS fajtaleírás mátrix állítható össze. A DUS fajtaleírás mátrix sorait a fajták, oszlopait pedig a fajtavizsgálati irányelv szerinti DUS tulajdonságok alkotják, munkámban az elemzések alapját ezek a mátrixok képezik. A mátrix cellái a tulajdonságok kifejeződési fokozat értékeit - 1 és 9 közötti egész számokat - tartalmazták. A statisztikai elemzésekben a fajtaleírás mátrixok több típusát alkalmaztam:

- Morfológiai tulajdonságok alapján összeállított DUS fajtaleírás mátrix,
- Allélméret mátrix a molekuláris hasonlóság vizsgálathoz,
- Véletlenszámos kontroll fajtaleírás mátrix,
- Származtatott mátrixot.

3.3.1. A DUS fajtaleírás mátrix

A DUS vizsgálat eredményeként összeállított fajtaleírás mátrix két típusa az éves felvételezések alapján összeállított fajtaleírás mátrix, illetve a többéves eredményből összeállított hivatalos, végső DUS fajtaleírás mátrix. Az éves vizsgálat alapján összeállított fajtaleírás mátrix az adott évben kísérletbe állított fajtajelölteket, referenciafajtákat és a példafajtákat tartalmazza, a végleges DUS fajtaleírás mátrix pedig csak a regisztrált fajtákat.

A DUS fajtaleírás mátrixot a tulajdonságok és a fajták közötti összefüggések elemzése során egyaránt felhasználtam. A DUS tulajdonságok korreláció analíziséhez és a kifejeződési fokozat értékek gyakorisági eloszlásának elemzéséhez a három év felvételezési adatállományát, összesen 350 őszebúza fajta 588 db éves DUS leírását vettem alapul. Az értékelésbe vont tulajdonságok száma 24 volt. A fajtaszám és a leírások száma azért nem egyező, mert számos fajta esetében több év eltérő adatát is figyelembe vettem. Éves DUS leírást még az árpafajták idősoros vizsgálatánál

alkalmaztam, ahol a 2003-2006. között vizsgált 44 árpafajta 28 DUS tulajdonságát tartalmazó mátrixot vettem alapul.

A végső DUS fajtaleírás mátrixot az alábbi esetekben alkalmaztam:

- 44 árpafajta 28 mennyiségi tulajdonsága alapján összeállított mátrixot a valós és véletlenszámos kontroll mátrix összehasonlítása során,
- 38 szőlőfajta 39 mennyiségi tulajdonsága alapján összeállított mátrixot a morfológiai és molekuláris hasonlóság elemzése, illetve a távolságértékek gyakoriságának elemzése során,
- 61 fajta 20 mennyiségi tulajdonsága alapján összeállított mátrixot a megkülönböztethetőségi vizsgálatok során.

3.3.2. Allélméret mátrix a molekuláris hasonlósági vizsgálatához

A műszeresen meghatározott és standardizált allélméret mátrix a diploid jelleg következtében $2 \times 9 = 18$ oszlopot és 38 sort (fajta) tartalmazott. A további statisztikai vizsgálat alapját ez az allélméret mátrix képezte. A bináris átkódolást kellett végezni melynek oka, hogy a felhasznált szoftver csak bináris mátrix alapján tudta a molekuláris hasonlóságot kalkulálni.

3.3.3. Véletlenszámos kontroll fajtaleírás mátrix

A DUS fajtaleírás mátrix belső kapcsolattal rendelkezik, amennyiben tartalmaz hasonló fajtaikat vagy hasonlósági csoportokat. A véletlenszámos kontroll belső kapcsolat nélküli, egyenletes eloszlásban 1 és 9 közötti értéket felvevő mátrix, mely a hasonló fajtapárok kimutatása céljából került kidolgozásra. A véletlenszámos mátrixok esetében a tulajdonság minőségi, vagy mennyiségi jellegét figyelmen kívül hagytam. A véletlenszámos kontroll mátrix továbbfejlesztett változatait a különböző eloszlástípusok és véletlenszám értelmezési tartományok jelentették. A hasonlósági csoportok modellezése céljából egy vagy több szűkített értelmezési tartományon értelmezett véletlenszámos fajtaleírást definiáltam. A véletlenszám mátrix generálás egyik lényeges követelménye a mátrix mérete. Túl kis méret esetén ugyanis a statisztikai paraméterek nem megbízhatóak és a szórás is jelentős lehet, nagy méretnél pedig a számítógépes adatfeldolgozás válik lassúvá. A megfelelő méret kialakításához 6 különböző mátrix nagyságot vizsgáltam. A távolság értékek eloszlási hisztogramját a módusszal ($\bar{x}$) és a szórással (s) jellemeztem (2. táblázat). A páros összehasonlítás számítógépes kalkulációjának idejét is figyelembe véve az 50 soros mátrixot tekintettem a további vizsgálatokhoz kedvező méretűnek. További finomítás eredményeként az 50 tulajdonság helyett a 30 is elegendőnek bizonyult, mivel a statisztikai paraméterek nem változtak lényegesen, de az adatfeldolgozási idő csökkent. A véletlenszámos kontroll mátrix távolság értékek mátrixát a 1. melléklet tartalmazza.

2. táblázat. Különböző méretű véletlenszám mátrixok eloszlási hisztogramjainak statisztikai paraméterei

Mátrix méret	Módusz (x)	Szórás (s)
5 x 5	32,0	8,7
10 x 10	39,0	7,4
20 x 20	36,0	6
30 x 30	36,0	4,4
50 x 50	37,0	3,5
100 x 100	36,0	2,3

3.3.4. Származtatott mátrixok

A fajtaleírás mátrixokat alkotó kifejeződési fokozat értékek fajtánként egy-egy számvektort alkotnak. A fajták morfológiai távolságát páros összehasonlítással határoztam meg, a fajtapárok morfológiai távolságát a tulajdonságonkénti kifejeződési fokozatérték különbségek összege jelentette. A morfológiai távolságot a mennyiségi tulajdonságok esetén értelmeztem. A minőségi tulajdonságok esetén a kifejeződési fokozatok közötti távolság függvény nem definiálható, ezért az ilyen tulajdonságok a statisztikai elemzésben nem vettek részt.

A fajtapárok morfológiai távolságát az úgynevezett *távolság mátrix* mutatja be, mely az átlóra szimmetrikus felépítésű és 0,00 diagonál értékekkel rendelkezik. A származtatott mátrixok másik formája a *hasonlósági mátrix*. Ennek értékei 0,00-1,00 közöttiek, ez is szimmetrikus felépítésű, azonban az átló 1,00 értéket tartalmaz. A fajták páros összehasonlítását a megadott paraméterek alapján elvégezve a kapott eredmény táblázat a morfológiai távolság értékeket tartalmazta.

A származtatott mátrixok különleges esete a molekuláris hasonlóság. Ennek vizsgálata során a kiindulási allélméret mátrix alapján képeztem *bináris mátrixot*. A molekuláris hasonlóságot ugyanis az alkalmazott szoftver nem az allélméret, hanem az abból képzett bináris mátrix segítségével tudta kiszámítani. A molekuláris hasonlósági vizsgálathoz a meghatároztuk fajtánként a 9 allélméret párt, melyeket manuálisan MS Excel segítségével átkonvertáltam bináris kóddá. A továbbiakban a bináris kód mátrix szolgált input adatállományként a klaszteranalízis elvégzésére.

3.3.5 Kifejeződési fokozat értékek

A DUS tulajdonságok kifejeződési fokozat értékei 1 és 9 közötti egész számok. A minőségi tulajdonságok esetében egytől kezdődően az előforduló fokozat értékek rendelkezésre állnak a felvételezés során. A minőségi tulajdonságok külön esete a bináris tulajdonság, ahol legtöbbször 1

vagy 9 értéket lehet választani (tulajdonság jelen van: 1, hiányzik: 9). A mennyiségi tulajdonságok esetében a mért és bonitált értékeket kell megfelelően átkódolni. A vizsgálati irányelvek kifejeződési fokozatoktól függően többnyire az 1-3-5-7-9 értékeket adják meg lehetőséget biztosítva a köztes értékek alkalmazására.

Az egyenletes eloszlású véletlenszám mátrixok esetében a megadott értelmezési tartományban minden egész szám egyenlő valószínűséggel megjelenhet a mátrixban. A normál eloszlás vizsgálata esetében az 1-9 értelmezési tartomány megmaradt, azonban a kifejeződési fokozat értékek közül az 5-ös képviselte a legnagyobb arányt, az 1 és a 9 pedig a legkisebbet. Ezt az eloszlást az egyenletes elosztás transzformációjával oldottuk meg úgy, hogy a kifejeződési fokozat értékek az 5 fokozat köré csoportosuljanak. A kifejeződési fokozatok véletlenszerűvé alakítása MS Excel táblázat segítségével történt egy véletlenszámos segédoszlop beillesztésével.

3.4. Alkalmazott egyváltozós statisztikai paraméterek

A fajtaleírás mátrixok vizsgálata során a fajtapárok távolságát és hasonlóságát egyaránt elemeztem. A mátrixot alkotó n darab fajta (n darab mátrix sor) összesen $n \cdot (n-1)/2$ darab fajtapárt alkot. Az összehasonlítás eredményeként kapott fajtapár távolság értékeket sorba rendezést követően a távolság értékek gyakorisági eloszlását *hisztogram* formájában mutattam be. A hisztogramokat egyváltozós, úgynevezett *leíró (deskriptív) elemzéssel* értékeltem. A leíró statisztika alkalmazott mutatószámai a következők voltak:

- középérték mutató: módusz,
- szóródási mutatók: szórás, terjedelem, maximum és minimum értékek,
- torzulási mutatók: csúcsosság és ferdeség.

A helyzeti középértékek egy adott intervallumon belül helyezkednek el, helyzetük nem feltétlenül függ minden értéktől. A hisztogramok elemzésében általam használt helyzeti középérték a módusz volt, mely a sokaság tipikusnak tekinthető, azaz leggyakrabban előforduló értéke, az eloszlási diagramon a gyakoriság maximumhelye. A módusz értéke az x tengelyen az a pont (x), ahol az adott kifejeződési fokozat a legnagyobb gyakorisággal ($Y_{\max}$) fordul elő.

A szóródás az adatok egymástól vagy valamely középértéktől való eltérését jelzi. A szóródásnak több mutatószámát is használtam az adatok elemzésére. A szóródás terjedelme az adatállomány intervallumát jelzi, mely a legkisebb és a legnagyobb érték közötti különbséget adja meg. Az adatállomány terjedelme a hisztogram szélességét jelzi. A szórás az átlagtól vett eltérés négyzetek átlagának négyzetgyöke, ami azt mutatja meg, hogy a távolság értékek átlagosan mennyivel térnek el a számtani átlagtól. A *ferdeség* azt jelzi, hogy a hisztogram valamelyik irányba hosszabban elnyúlik, mint a normál eloszlás grafikus görbéje. A *csúcsosság* azt jelzi, hogy a hisztogram

móduszához tartozó $Y_{\max}$ érték magasabban vagy alacsonyabban van, mint a normál eloszlás görbéjének csúcsa. A középérték és szóródási mutatók a véletlenszámos kontroll mátrixok kalibrálása és értelmezése során bírnak jelentőséggel. A torzulási mutatókat a DUS tulajdonságok vizsgálatánál, a kifejeződési fokozat értékek eloszlási gyakoriságok elemzése során alkalmaztam.

3.5. Alkalmazott többváltozós statisztikai módszerek

A fajtakísérletek során keletkezett fajtaleírás adatállományok elemzésére *többváltozós statisztikai eljárásokat* is alkalmaztam. A többváltozós statisztikai módszerek gyors elterjedését a számítógépes adatfeldolgozás fejlődése tette lehetővé. A többváltozós statisztikai elemző módszerek közül a DUS tulajdonságok vizsgálata során *korreláció analízist*, a morfológiai és molekuláris fajták közötti hasonlóság és a véletlenszám mátrixok értékelése során pedig *klaszteranalízist* alkalmaztam.

3.5.1. Korrelációanalízis

A korreláció mindig két változó közötti kapcsolat szorosságát jellemzi. A korreláció számításához a *Pearson-féle korrelációs együtthatót* és a *Spearman-féle rangkorrelációs együtthatót* alkalmaztam. A korrelációs együtthatók esetében a teljes pozitív összefüggés esetén a korreláció értéke $r = 1$, teljes negatív összefüggés esetén $r = -1$, míg függetlenség esetén $r = 0$. A korrelációs együttható összetartozó értékpárok lineáris kapcsolatát jellemző, dimenzió nélküli szám.

A parciális korreláció azt méri, hogy két változó milyen kapcsolatban áll egymással a többi változó hatásának kiszűrése esetén. Ezt a mutatót a DUS tulajdonságok egymás közötti viszonyának elemzése során alkalmaztam. A rangkorreláció számítást a molekuláris és morfológiai hasonlóság elemzése során alkalmaztam, ahol a rendezett mintában minden elem értékét a rendezésben elfoglalt sorszámaival helyettesítettem, és az együttható a két sorrend közötti kapcsolat erősségét mutatta meg.

3.5.2. Klaszteranalízis

Az új fajtajelöltek mellé kiválasztásra kerülő hasonló fajták meghatározásában a fajták hasonlóságának ismerete lényeges szempont. A hasonlósági viszonyok meghatározásának széleskörűen alkalmazott statisztikai módszere a klaszteranalízis. A klaszteranalízis eredményeként kapott dendrogramról leolvasható a fokozatosan egymáshoz kapcsolódó fajták, a csoportot alkotó klaszterek. A klaszteranalízissel kapcsolatban ki kell emelni, hogy eredménye a távolság és csoportképzési beállításoktól nagymértékben függ, továbbá a folyamatos csoport-összevonások miatt nem mutat meg minden fajtapárra vonatkozó összefüggést. A hasonlósági csoportok

kialakítására leggyakrabban a hierarchikus klaszteranalízist alkalmazzuk. Munkám során az agglomeratív és divizív hierarchikus klaszterezési eljárást egyaránt alkalmaztam. A *divizív eljárás* az adatállományt egyre kisebb egységekre bontja a csoportszám fokozatos növelésével. Ezt a módszert a szőlőfajták molekuláris és morfológiai hasonlóságának vizsgálata során alkalmaztam. Divizív osztályozás esetén a hasonlósági csoportok elkülönülése volt a cél, itt a csoporton belüli kapcsolati hierarchiának nem volt jelentősége. Ebben az esetben azt vizsgáltam, hogy meddig alkotnak egységes csoportot a hasonló fajták, a csoport szám növelése ugyanis egyre kisebb és szétváló csoportokat eredményez a belső kapcsolat erősségének függvényében.

Az *agglomeratív módszer* esetén az egyedi fajtákból kiindulva képeztem egyre nagyobb csoportokat, klasztereket. Az egyre bővülő hasonlósági csoportok összekapcsolásával alakult ki az ábrákon bemutatott *dendrogram* forma. Itt az egymással kapcsolódó különböző hasonlósági szinteken összekapcsolódó kisebb nagyobb csoportok alapján következtettem a hasonlóságra. Agglomeratív eljárást a *véletlenszámos mátrixok* esetében alkalmaztam, ahol a szétváló hasonlósági csoportok szemléltetése volt a fő cél.

Mindkét klaszterezési eljárás a fajták páros összehasonlításából indul ki. A morfológiai távolság számításához City block (Manhattan) távolságképzési függvényt alkalmaztam, melynek általános képlete x és y fajta esetén:

$$d(x,y) = \sum_i |x_i - y_i|$$

ahol x_i az x fajta y_i az y fajta i -dik tulajdonság kifejeződési fokozat eleme.

A távolságképzést követően a csoportképzés algoritmusának a szakirodalomban leginkább elterjedt *csoportátlag* (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic mean) *algoritmust* alkalmaztam Sokal és Michener (1958) alapján. Ennek lényege, hogy a leghasonlóbb csoport összevonása a klasztert alkotó fajták átlagos távolság értékeinek összevetésével történik. A klaszteranalízis során az alkalmazott program a távolság és csoportképzési beállításoknak megfelelően kialakította a hasonlósági csoportokat. Az input adatállomány a morfológiai vizsgálat során a fajtaleírás mátrix volt a kifejeződési fokozat értékekkel, míg a molekuláris vizsgálatok esetében bemenetként a bináris mátrixszá alakított allélméret táblázat szolgált.

3.6. Távolság és hasonlóság számítási módszerek a megkülönböztethetőség vizsgálatában

A fajták közötti távolságot a köztük számított morfológiai távolság értéke adja meg. Ennek számítása *páros összehasonlítással* történt. A páros összehasonlítás során minden esetben a két fajta adott tulajdonságához tartozó kifejeződési fokozatok közötti értéket vettem alapul. Mivel a távolság fogalmát ordinális jellegű tulajdonságok esetében lehet értelmezni a korábban leírtak alapján, ezért a hasonlósági számításokban ilyen típusú tulajdonságokat vettem figyelembe. Az összes

tulajdonságnál a különbségek összege megadja a két fajta *abszolút távolságát*. A távolság érték mellett alkalmaztam a *relatív távolság* értéket is, mely százalékban fejezi ki két fajta távolságát.

A *relatív távolság* számításhoz alkalmazott képlet általános formája:

$$D_{\text{táv}} = \sum_{x=1}^n dx / \sum_{x=1}^n dx_{\text{max}} \quad \text{ahol}$$

$D_{\text{táv}}$ a fajtapár relatív távolsága,

dx a tulajdonságonkénti tényleges kifejeződési fokozat különbség abszolút értéke,

dx_{max} a tulajdonságonkénti maximális kifejeződési fokozat értéke és

n a tulajdonságok száma.

A fajtapár távolság $D_{\text{táv}}$ értékei azt fejezik ki, hogy az adott fajtapár a rendelkezésre álló maximális különbség mekkora részét képviseli. Ezt a különbözőségi értéket hasonlósági százalékká alakítva kaptam meg a *hasonlósági százalék* (S%) értékeket. A hasonlósági számításhoz alkalmazott képlet általános formája $S\% = (1 - D_{\text{táv}}) * 100$.

A genetikai hasonlóság számítása az allélméret adatokból indult ki. A feldolgozáshoz az allélméretekből bináris kiindulási mátrixot készítettem. Az allél jelenléte 1, a hiánya pedig 0 értéket jelentett. Az allélméret *bináris mátrixszá* alakítása során egy adott lókuszban az összes előforduló allélméretet figyelembe vettem. A bináris mátrix alapján a számítógépes program a fajták közti hasonlóságot a kiválasztott Jaccards' index alapján közvetlenül számította, melynek képlete:

$$\text{Jaccard's hasonlóság: } \frac{a}{(a + b + c)} \quad \text{ahol:}$$

a: az allél mindkét fajtánál előfordul,

b: az allél az 1. fajtánál jelen van, a 2. fajtánál nincs jelen,

c: az allél az 2. fajtánál jelen van, a 1. fajtánál nincs jelen.

3.7. A megkülönböztethetőségi küszöb számítási módszere

A megkülönböztethetőség számítása szintén a kifejeződési fokozatokban megmutatkozó különbségeket veszi alapul, azonban a kifejeződési fokozatok közötti dx értékkülönbséget az adott tulajdonságra megállapított $d_{\text{küszöb}}$ megkülönböztethetőségi küszöbértékhez viszonyítottam. Ha a megkülönböztethetőség súlyozásától eltekintünk, és ha legalább egy kifejeződési fokozatban az értékkülönbség nagyobb vagy egyenlő ezzel a $d_{\text{küszöb}}$ küszöbértékkel, akkor a fajtapár két tagja egymástól megkülönböztethetőnek tekintetem. Ebben az esetben a fajtapár DI megkülönböztethetőségi értéke $DI=1$ értéket ($dx \geq d_{\text{küszöb}}$), ellenkező esetben $DI=0$ értéket kapott ($dx < d_{\text{küszöb}}$).

3.8. Statisztikai szoftver alkalmazások

A statisztikai értékeléshez a számításokat és az ábrák grafikus megjelenítését egyaránt SPSS 11.0 (Software Package for Social Sciences) programmal és MS Excel 2003 programmal végeztem.

Az SPSS 11.0 alkalmazása során input adatokat MS Excel formátumból közvetlenül importáltam. A statisztikai számítás paraméterezése után a kapott eredmények részben táblázatos, részben vizuális diagram formájában kerülnek bemutatásra.

A véletlenszámok generálásához az MS Excel RND funkcióját alkalmaztam. Az alkalmazott függvény 1 és 9 közötti véletlenszám generáláshoz: „=VÉL()*8+1”, a tizedesek száma pedig 0 beállítással. Az MS Excel 2003 a véletlenszám mátrixokat egyenletes eloszlás szerint töltötte fel.

3.9. A vizuális megjelenítés formái

3.9.1. A fajtapár távolságok gyakoriságának eloszlási hisztogramja

Az eloszlás általános értelemben valamely részsokaságnak az egész sokasághoz viszonyított nagyságát mutatja. A tulajdonságok vizsgálata során a kifejeződési fokozatok gyakorisági eloszlását, a fajták közti hasonlóság vizsgálatánál pedig a páros összehasonlítás után kapott morfológiai távolságok gyakorisági eloszlását *hisztogram* formájában ábrázoltam. A hisztogram az eloszlások koordináta rendszerben oszlopdiagram formában történő ábrázolását jelenti.

A kifejeződési fokozat értékek gyakorisági eloszlása esetén a hisztogramoknál a kifejeződési fokozatok száma tulajdonságonként 1 és 9 között változott. A fokozat értékek eloszlása a vizsgált fajták függvényében változott, és minden egyes tulajdonságnál jellegzetes eloszlási görbét mutatott. A hisztogramon az x tengely a kifejeződési fokozat értéket az y tengely pedig a *darabszámot* vagy százalékos arányt jelezte. A görbe alakjának értékelését a normál eloszlástól való eltérés formájában a *ferdeség* és *csúcsosság* paraméterekkel jellemeztem. A távolság értékek hisztogramja esetében a görbe a minimális és maximális távolság értékek között változott. A véletlenszám mátrixok esetében az x tengely a páros összehasonlítás során kapott *távolság érték kategóriákat*, az y tengely pedig a *távolság értékek gyakoriságát* mutatta.

3.9.2. A dendrogram

A hierarchikus klaszteranalízis választott algoritmus az összevonások sorozatával kialakítja az egymáshoz kapcsolódó fajták rendszerét. A kapcsolatok és csoportok legszemléletesebb megjelenítését a dendrogram jelenti. A dendrogramról leolvasható a *kapcsolódó fajták viszonya*, illetve az a *távolság érték*, ahol az összekapcsolódás megtörténik.

4. EREDMÉNYEK ISMERTETÉSE

4.1. Statisztikai módszerek alkalmazása a DUS tulajdonságok értékelésében

4.1.1. A DUS tulajdonságok közötti korreláció meghatározása

Az UPOV DUS vizsgálati irányelvek kijelölnek úgynevezett csoportosító tulajdonságokat, melyeket minden esetben felvételezni kell. Emellett számos szabadon választható tulajdonság is rendelkezésre áll, amit az adott fajta leírásához lehet alkalmazni. A DUS tulajdonságok közötti korreláció ismerete lényeges szempont a vizsgálandó tulajdonságok kiválasztása során. A tulajdonságok közötti korreláció elemzéséhez őszibúza fajták DUS leírásokat vettem alapul. Az elvégzett korreláció analízis után kapott táblázatot a 2. melléklet tartalmazza.

A 99%-os valószínűségi szinten szignifikáns két legjellemzőbb korrelációs kapcsolatot a táblázatból kiemelve a 3. és 4. táblázat mutatja be. A 3. táblázatban jól látható, hogy a viaszossághoz kapcsolódó tulajdonságok 0,32–0,81 között korrelálnak egymással. A *levélhüvely viaszossága* és a *kalásztartó szártag viaszossága* között a korreláció a legnagyobb (0,81), míg a *kalász viaszossága* és a *kalásztartó szártag viaszossága* között 0,72 korrelációs együttható figyelhető meg.

3. táblázat. Őszibúza viaszosság tulajdonságainak Pearson-féle korrelációs együtthatói

Pearson korreláció	<i>levélhüvely viaszossága</i>	<i>levéllemez viaszossága</i>	<i>kalász viaszossága</i>	<i>kalásztartó szártag viaszossága</i>
<i>levélhüvely viaszossága</i>	-			
<i>levéllemez viaszossága</i>	0,61	-		
<i>kalász viaszossága</i>	0,59	0,32	-	
<i>kalásztartó szártag viaszossága</i>	0,81	0,51	0,72	-

A másik esetben a *szálka/szálkacsonk hossza* és a *kalászkapelyva fog hossza* közötti korreláció nagyon magas lett (0,82). Érdekes megfigyelni a *kalász hossza* és a *kalász tömörsége* tulajdonságok között fennálló -0,62 negatív korrelációt (4. táblázat).

4. táblázat. Őszibúza kalász tulajdonságainak Pearson-féle korrelációs együtthatói

Pearson korreláció	<i>kalász hossza</i>	<i>szálka/szálkacsonk hossza</i>	<i>kalászkapelyva fog hossza</i>
<i>kalász hossza</i>	-		
<i>kalász tömörsége</i>	-0,62	-	
<i>kalászkapelyva fog hossza</i>	-0,01	0,82	-

Az egymással erősen korreláló négy viaszossághoz kapcsolódó tulajdonságot tovább vizsgáltam, mivel a *kalásztartó szártag viaszossága* tulajdonság mind a 3 másik tulajdonsággal erős korrelációban áll. Elképzelhető ilyen esetben, hogy az egyik tulajdonság együttesen hat a többire, aminek hatását érdemes kiküszöbölni. Egy-egy tulajdonság hatásának kiküszöbölésére a parciális korreláció vizsgálat alkalmas. Az 5. táblázat eredménye azt mutatja, hogy a *kalásztartó szártag viaszossága* tulajdonság hatását kiszűrve a korreláció mértéke jelentősen csökkent a másik három tulajdonság között. Eszerint valós korreláció (0,40) csak a *levéllemez viaszossága* és a *levélhüvely viaszossága* tulajdonságok között áll fenn. Ez a példa azt igazolja, hogy hasonló tulajdonságok erős korrelációja esetén érdemes parciális korreláció vizsgálatot is elvégezni. Az eredményt értékelve megállapítható, hogy sikerült olyan tulajdonságokat kimutatni, melyek között, jelentős korreláció figyelhető meg, ezért a tulajdonságok együttes alkalmazását célszerű átgondolni.

5. táblázat. Őszibúza viaszossággal kapcsolatos 3 tulajdonság parciális korrelációs együtthatói

Parciális korreláció	<i>levélhüvely viaszossága</i>	<i>levéllemez viaszossága</i>	<i>kalász viaszossága</i>
<i>levélhüvely viaszossága</i>	-		
<i>levéllemez viaszossága</i>	0,40	-	
<i>kalász viaszossága</i>	0,01	0,08	-

4.1.2. A kifejeződési fokozatok eloszlási gyakoriságának vizsgálata

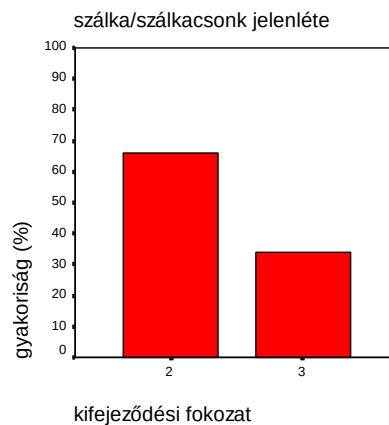
A DUS vizsgálati irányelvek összeállítása során a kifejeződési fokozatok úgy kerülnek megállapításra, hogy a rendelkezésre álló példafajtákkal minél szélesebb skála legyen lefedhető. A fajta jellemző tulajdonságai azonban idővel változhatnak. Az újabb fajták vizsgálata során előfordulhat, hogy adott tulajdonságnál a fokozat értékek eltolódnak valamely érték irányába, ezáltal egyre kevesebb kifejeződési fokozat érték jellemzi az újabb fajtákat. Ennek eredményeképp a teljes tartomány egyre kisebb része kerül felvételezésre. Ez a jelenség mind a minőségi, mind a mennyiségi tulajdonságok esetén előfordulhat. A DUS tulajdonságok közötti kapcsolat elemzése mellett a tulajdonságon belüli kifejeződési fokozat értékek vizsgálatát is elvégeztem.

A kifejeződési fokozatok gyakorisági eloszlását bemutató hisztogram alakjából következtetni lehet a hasonló fajtacsoportok jelenlétére, illetve a morfológiai változatosság mértékére. A felvett értékek tulajdonság típusonkénti vizsgálatát őszibúza DUS fajtaleírások segítségével végeztem. A kifejeződési fokozatok néhány jellemző gyakorisági eloszlását a kapott hisztogramok segítségével mutatom be minőségi és mennyiségi tulajdonságok esetén.

4.1.3. Minőségi tulajdonságok eloszlása

Az őszibúza esetében az értékelt minőségi tulajdonságok értéktartománya 2-3 fokozat értékből állt. A *szálka/szálkacsonk jelenléte* tulajdonság esetén a három lehetséges kifejeződési fokozatból csak kettő fordult elő:

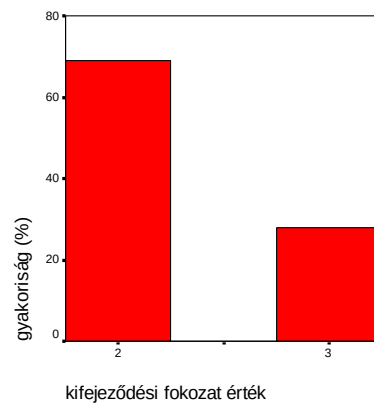
- 2. fokozat érték: *csak szálka jelenléte*
- 3. fokozat érték: *csak szálkacsonk jelenléte*. (2. ábra)



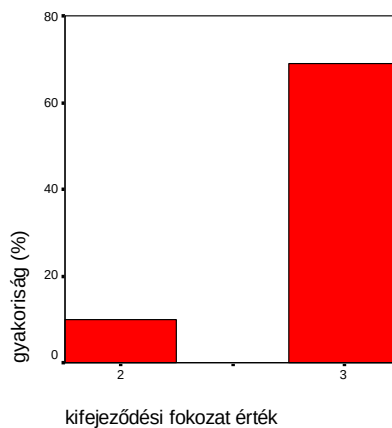
2. ábra. Az őszibúza *szálka/szálkacsonk jelenléte* tulajdonság kifejeződési fokozatok eloszlása

Az ilyen eloszlást mutató tulajdonság alapján a fajták könnyen két csoportra oszthatók, így megállapítható, hogy mely fajtákat nem kell nagy valószínűséggel figyelembe venni a kísérlet tervezésekor a hasonló fajták kiválasztásához. Néhány meghatározó minőségi tulajdonsággal a fajtaszortiment gyakorlatilag könnyen kategorizálható.

Ennek igazolására a teljes adatállományból kiválasztottam 79db Martonvásáron nemesített fajtát (MV fajták) és 97db Szegeden nemesített fajtát (GK fajták). A tulajdonságok megoszlási arányait figyelve megállapítható volt, hogy a GK fajták 70%-ára a 2. kifejeződési fokozat (szálkacsonk jelenléte) (3. ábra), az MV fajták 70%-ára pedig a 3. kifejeződési fokozat (szálka jelenléte) volt jellemző (4. ábra). Az összehasonlítás igazolta, hogy adott tulajdonság egy-egy kifejeződési fokozata akár egész fajtakör azonosítására is alkalmas lehet.

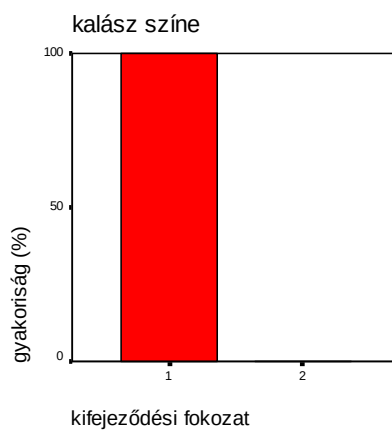


3. ábra. A *szálka/szálkacsonk jelenléte* tulajdonság eloszlása GK *őszibúza* fajták esetében



4. ábra. Az *őszibúza szálka/szálkacsonk jelenléte* tulajdonság eloszlása MV fajták esetében

A *kalász színe* esetében is a lehetséges fokozat értékek száma 2 db, azonban itt az összes értékelte fajta csak egy értéket vett fel. Ebben az esetben az eloszlás konstans, ilyen minőségi tulajdonság felvételezése csak eltérő jelleg esetén szükséges. (5. ábra).



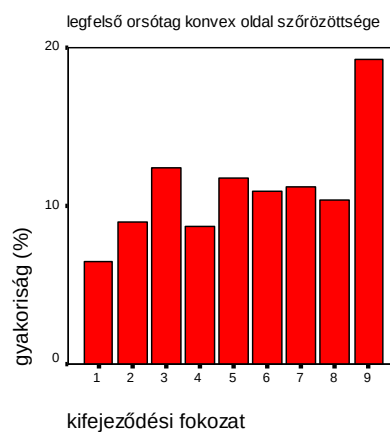
5. ábra. Az *őszibúza kalász színe* tulajdonság kifejeződési fokozatok eloszlása

4.1.4. Mennyiségi tulajdonságok eloszlása

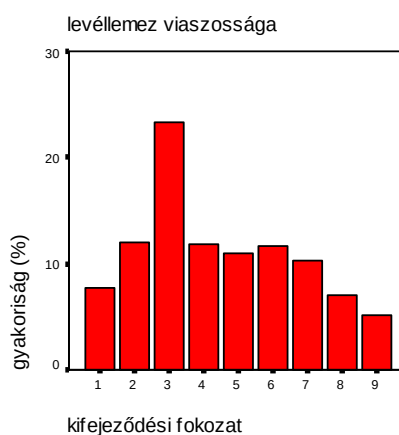
Az őszibúza mennyiségi tulajdonságai közül azokat emeltem ki, amelyeknél a fajták az értelmezési tartományban jelentős mértékben felvettek kifejeződési fokozat értékeket. A ténylegesen felvett fokozat értékek eloszlási gyakoriságait áttekintve a kapott hisztogram alakja szerint 3 jellemző eloszlási minta volt megfigyelhető:

- közel egyenletes eloszlás
- közel normál eloszlás
- atipikus eloszlás.

Egyenletes eloszlás tiszta formában nem volt megfigyelhető. Közel egyenletes eloszlás két tulajdonságnál, a *legfelső orsótag konvex oldal szőrözöttsége* (6. ábra) és a *levéllemez viaszossága* (7. ábra) esetén figyeltem meg azzal a megjegyzéssel, hogy az egyenletes eloszlás egy csúccsal kombinálódott. A DUS vizsgálat szempontjából ez a legmegfelelőbb eloszlás típus, ami a kifejeződési fokozat paramétereinek helyes megválasztását jelzik.

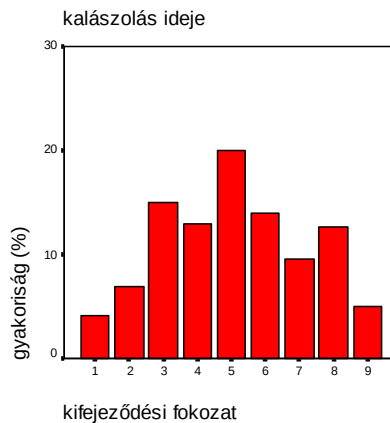


6. ábra. Az őszibúza *legfelső orsótag konvex oldal szőrözöttsége* tulajdonság kifejeződési fokozatainak gyakorisági eloszlása

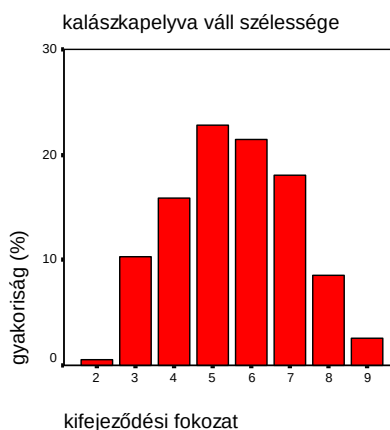


7. ábra. Az őszibúza *levéllemez viaszossága* tulajdonság kifejeződési fokozatainak gyakorisági eloszlása

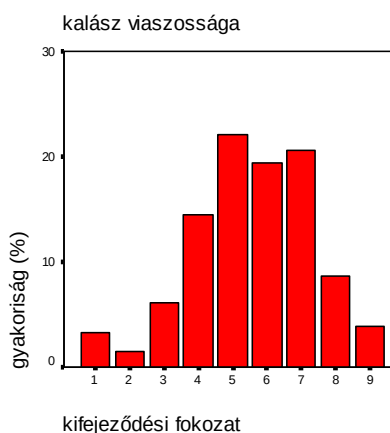
Közel normál eloszlásúnak tekinthető a *kalászolás ideje* (8. ábra), a *kalászkapelyva vállszélessége* (9. ábra), illetve a *kalász viaszossága* (10. ábra) tulajdonságok hisztogramjai. Ezen hisztogramoknál a szélső értékek gyakorisága kisebb, a felvett kifejeződési fokozat értékek középre rendeződése figyelhető meg, de még mindig megfelelő értéktartománnyal rendelkeznek.



8. ábra. Az őszibúza *kalászolás ideje* tulajdonság kifejeződési fokozatainak gyakorisági eloszlása

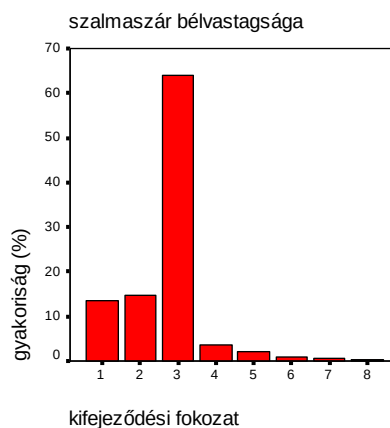


9. ábra. Az őszibúza *kalászkapelyva váll szélessége* tulajdonság kifejeződési fokozatainak gyakorisági eloszlása



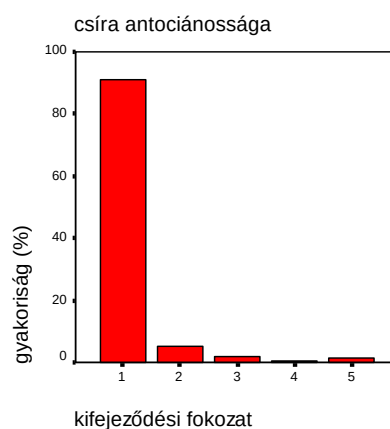
10. ábra. Az őszibúza *kalász viaszossága* tulajdonság kifejeződési fokozatainak gyakorisági eloszlása

Az atipikus eloszlást mutató hisztogramok esetében valamely kifejeződési fokozat érték gyakorisága jelentősen meghaladja a többi értékét. Ilyen hisztogramok jellemző leíró statisztikai paramétere a ferdeség és a csúcsosság. Atipikus eseteknek a 0,5-nél nagyobb abszolút értékű ferdeségi és/vagy 1-nél nagyobb csúcsossági mutatóval rendelkező hisztogramokat tekintettem. A 7. ábrára visszatekintve a *levéllemez viaszossága* tulajdonság 3. kifejeződési fokozata már jelzi az eltolódás (csúcsosodás) kezdetét. A magas csúcsossági érték azon tulajdonságokra jellemző, ahol a középső, tehát 3-6 közötti kifejeződési fokozat valamelyike a jellemző, domináns érték, de a többi érték is még előfordul, például a *szalmaszár bélvastagsága* tulajdonságnál (11. ábra).



11. ábra. Az őszibúza *szalmaszár bélvastagsága* tulajdonság kifejeződési fokozatainak gyakorisági eloszlása

A kiemelkedő ferdeségi értékkel rendelkező hisztogramok valamely szélsőérték erős dominanciáját jelzik melynek példáját a 12. ábra mutatja be. A *csíra antociánossága* tulajdonság esetében az előforduló kisszámú 2., 3., 4. és 5. kifejeződési fokozat értékek és az 1. kifejeződési fokozat érték dominanciája a morfológiai változatosság alacsony szintjét jelzik.



12. ábra. Az őszibúza *csíra antociánossága* tulajdonság kifejeződési fokozatok eloszlása

A kifejeződési fokozatok gyakorisági eloszlásának vizsgálata megmutatta, hogy a felvett értékek milyen hisztogramot eredményeznek. A hisztogram alakja szerint következtetni lehet a tulajdonság mögött húzódó morfológiai változatosságra. A közel egyenletes eloszlású kifejeződési fokozatokkal rendelkező tulajdonságok esetében a rendelkezésre álló fokozat értékek kihasználtsága fajtavizsgálati szempontból megfelelőnek tekinthető, a tulajdonság optimális megkülönböztethetőségi erővel rendelkezik. Az eloszlási mintázatok időbeli változásának tendenciája az egyenletestől a normál vagy az atipikus eloszlás irányába tarthat. A kiugró csúcsossággal vagy ferdeséggel jellemzett mintázatok már az adott tulajdonság változatosságának beszűkülését jelentik.

4.2. A véletlenszámos kontroll mátrix továbbfejlesztése

A klaszteranalízis mellett, annak kiegészítéseként szükség van olyan statisztikai módszerre, mely alkalmas a fajtapárok közvetlen vizsgálatára. A DUS vizsgálatban ugyanis a fajtapárok morfológiai távolsága és hasonlósága fontos szempont. A fajtaleírás mátrixban rejlő belső kapcsolati rendszert jelentő hasonlósági csoportok függvényében a fajtapár távolságok gyakorisági eloszlása változatos mintát mutathat. A hasonlósági viszonyok komplexitásának növekedésével a gyakoriságokat bemutató hisztogramot egyre nehezebb értelmezni. A hisztogram értékeléséhez tehát szükség van számos referencia pontra.

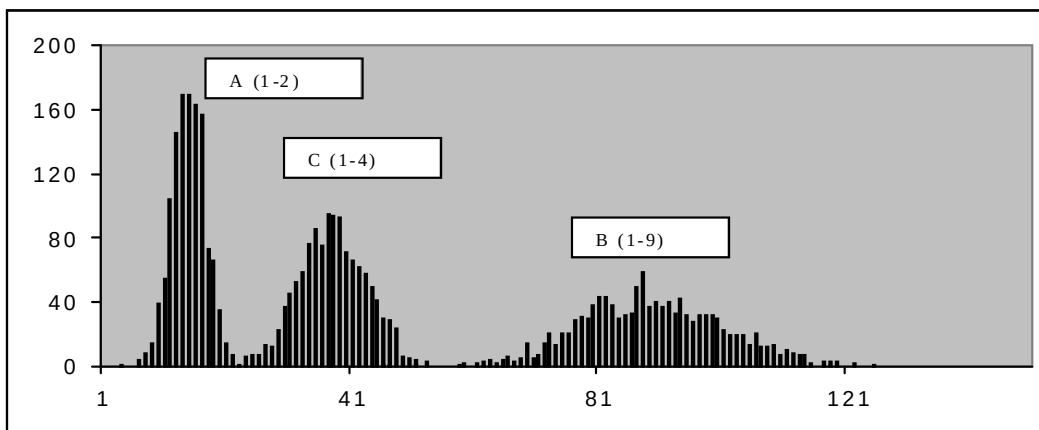
A fajtaleírás mátrixok két jellemző paramétere az adott tulajdonsághoz tartozó kifejeződési fokozat értékek értelmezési tartománya, illetve azok eloszlása. Az egyszerű 1-9 véletlenszámos kontroll mátrix továbbfejlesztését az értelmezési tartomány változtatása, az eloszlások (normál és egyenletes) és az adattípusok (nominális, ordinális) változtatása jelentette. A véletlenszámos mátrix létrehozása az eredeti DUS fajtaleírás adatállomány felhasználásával is történhet. A véletlenszámos mátrix továbbfejlesztését a véletlenszámos hasonlósági csoportok kialakítása is jelentette. A megfelelő számú referencia lehetővé teszi a véletlenszámos hisztogramok felhasználását valós DUS fajtaleírás mátrixok értékelésére.

4.2.1. A véletlenszámos kontroll mátrix értelmezési tartományának változtatása

Az értelmezési tartomány változtatása a morfológiai változatosságot modellezi. A véletlenszámos kontroll mátrix értelmezési tartomány változatát 3 modell mutatja be. Az értelmezési tartomány egy adott hasonlósági szintet képvisel. A csökkenő kifejeződési fokozat tartomány kisebb adatváltozatosságot, a hasonlóság növekedését jelenti. Az **A** mátrix a minimális (1-2), a **B** mátrix a maximális (1-9), a **C** mátrix pedig egy közepes szintű (1-4) morfológiai változatosságot mutat be. A három mátrix számítása külön-külön történt, de mivel nincs érdemi átfedés a hisztogramok között,

ezért a szemléletesség kedvéért egy ábrában mutatom be az **A**, **B** és **C** mátrixok hisztogramját. (13. ábra)

Az **A** mátrix keskeny magas csúcsot eredményezett, mivel a tulajdonságonkénti különbség érték csak 0 és 1 lehetett. A 30 tulajdonság esetén két fajta eltérése 0 és 30 között változhatott. Az összesen 1225 pár esetén a leggyakoribb $Y_{\max}=169$ távolság érték $x=15$ módusznál volt, a távolságok intervalluma pedig 4 és 19 között változott. A **B** mátrix jelentette a maximális változatosságot, itt a kifejeződési fokozat tartomány 1 és 9 között változott. A **B** mátrix felel meg egyébként a véletlenszámos kontroll mátrix alapesetének. A **B** mátrix hisztogramja a 13. ábra jobb oldalán lapos, elnyúlt formájú. Az elméleti maximális távolság különbség két fajta között itt 240 lehetett, a gyakorlatban az intervallum 46 és 125 között változott. A leggyakoribb érték 88 volt 59 darabbal ($Y_{\max}=59$). A **C** mátrix egy köztes megoldást jelent, ahol a kifejeződési fokozatok 1 és 4 közötti véletlen számokból álltak. A **C** mátrix a 13. ábra közepén található, jól látszik annak köztes jellege. A maximális 0-90 közötti intervallumból a gyakoriságok 24 és 53 között változtak. Az módusz értéke $x=37$, az $Y_{\max}$ érték pedig 95 volt. A hisztogramokat összehasonlítva megállapítható, hogy szélességük, vagyis a fajtapár távolságok intervalluma, csúcsosságuk ($Y_{\max}$) és x tengely pozíciójuk (módusz) alapján számszerűsíteni lehet a kiindulási mátrix adatállományt, és következtetni lehet a belső változatosságra. A 3 hisztogram legjellemzőbb statisztikai paramétereit a 6. táblázat foglalja össze. Érdekes megfigyelés, hogy a fajtapárok távolságértékeinek számtani átlaga épp a módusz értékkel esik egybe, ami szimmetriát feltételez.



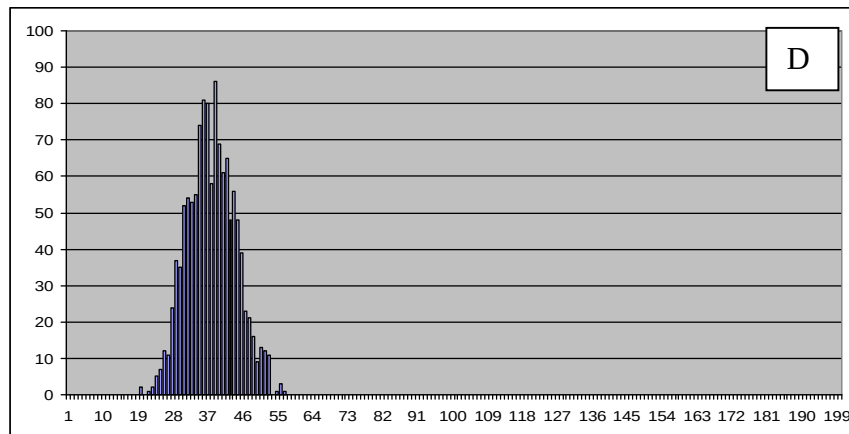
13. ábra. Három morfológiai változatosságot reprezentáló véletlenszámos mátrix hisztogramja

6. táblázat. Három véletlenszámos mátrix hisztogramjainak statisztikai paramétereit

	Mátrix A (1-2)	Mátrix B (1-9)	Mátrix C (1-4)
intervallum min.	4	46	24
intervallum max.	19	125	53
módusz	15	88	37
$Y_{\max}$	169	59	95
mátrix átlag	15	88	37

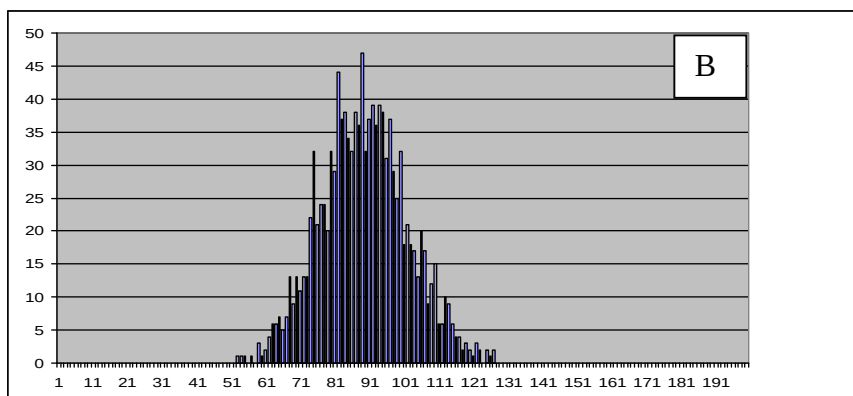
4.2.2. A véletlenszám mátrix eloszlásának változtatása

Az eddigi mátrixok egyenletes eloszlásból indultak ki, így a véletlenszámok egyforma gyakorisággal kerültek a mátrixok celláiba. A kifejeződési fokozatok eloszlásának vizsgálatánál azonban látható volt, hogy a valóságban egyenletes (vagy ahhoz közelítő) és normál eloszlást követő tulajdonságok egyformán előfordulnak. A **D** véletlenszámos mátrix esetében az adatállomány nem egyenletes, hanem normál eloszlást követ az 5-ös kifejeződési fokozat köré tömörülő hasonlósági csoportból állva. A **D** mátrix hisztogramját a 14. ábra mutatja be.



14. ábra. Normál eloszlású 1-9 véletlenszámos fajtaleírás mátrix gyakorisági hisztogramja

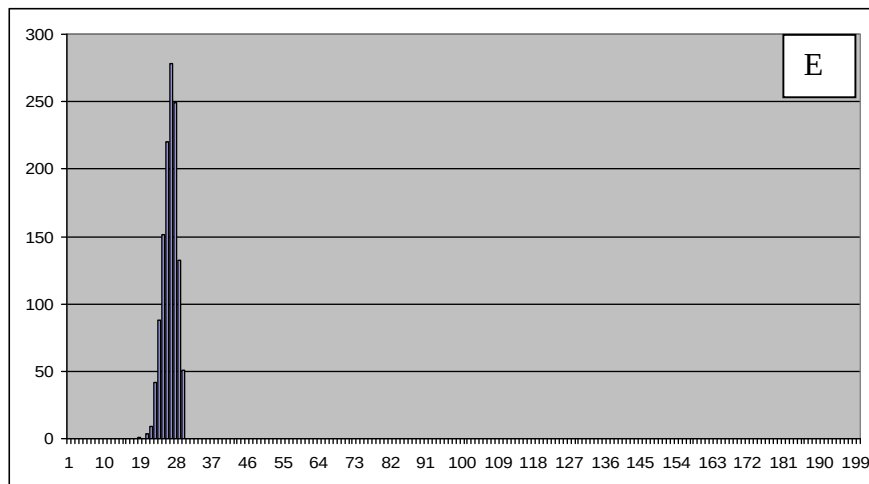
Ezt a hisztogramot a kiindulási véletlenszámos kontroll mátrix **B** hisztogramjához (15. ábra) hasonlítva jól látható, hogy nagy különbség adódott a két hisztogram alakja és pozíciója között. A normál eloszlást követő tulajdonságoknál a szélső értékek (1 és 9) csökkentett aránya miatt kevesebb a kicsi és nagy fajtapár távolság, amit jól mutat a hisztogram keskenyebb alakja is. Az egyenletes eloszlásnál a módusz értéke $x=88$, $Y_{\max}=47$, a szórás $s=52,32$ volt, míg a normál eloszlásnál a módusz értéke $x=38,5$, $Y_{\max}=86$, a szórás pedig $s=28,16$.



15. ábra. Egyenletes eloszlású 1-9 véletlenszámos fajtaleírás mátrix gyakorisági hisztogramja

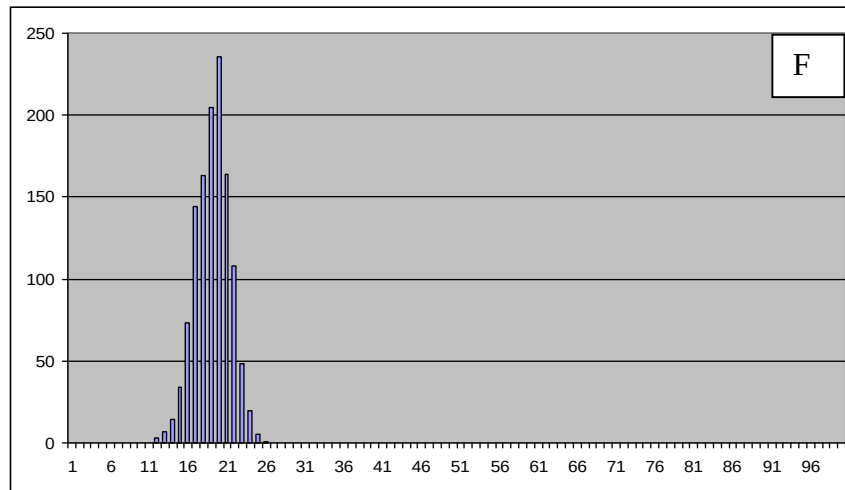
4.2.3. A véletlenszám mátrix adattípusának változtatása

A modellezett nominális tulajdonság típusnál a különbség tulajdonságokként csak 1 vagy 0 lehet. Ha a két fajtánál az adott kifejeződési fokozat érték megegyezik, akkor 1, minden más esetben 0. A nominális típusnál nem létezik tényleges távolság, így itt a maximum különbség megegyezik a tulajdonságok számával ($m=30$). Az **E** mátrix esetében az 1-9 közötti értékek egyenletes eloszlást követtek. A kapott hisztogram igen keskeny, módusza $x=24,5$, $Y_{\max}=272$, szórása pedig $s=7,78$ (16. ábra).



16. ábra. Nominális adattípusú egyenletes eloszlású mátrix gyakorisági hisztogramja

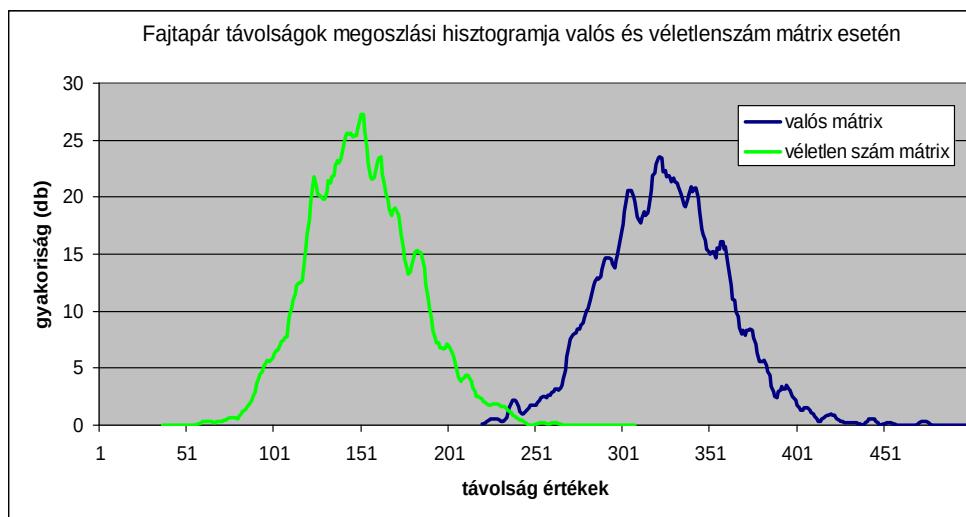
Az **F** mátrix a **D** analógiájára szintén nagyrészt az 5-ös köré tömörülő hasonlósági csoportból indult ki. A normál eloszlású nominális tulajdonság hisztogramja esetén a módusz érték az x tengelyen $x=19,00$ a szórás pedig $s=9,90$ (17. ábra). A két nominális hisztogramot összehasonlítva látható, hogy a két hisztogram alakja éppen ellentétesen változott az előző ordinális mátrixokhoz képest. A normál eloszlású lett a szélesebb és az origótól távolabb elhelyezkedő. Ennek oka, hogy normál eloszlás esetén az 5 érték megnövelt aránya miatt nagyobb lett az 5 értékek egyezésének száma. A bemutatott modell mátrixok tiszta formában szemléltetik a valóságban előforduló különböző eloszlás típusokat, illetve néhány lényeges hasonlósági csoport típust.



17. ábra. Nominális adattípusú normál eloszlású mátrix gyakorisági hisztogramja

4.2.4. A véletlenszámos kontroll mátrix továbbfejlesztése véletlenszámok nélkül

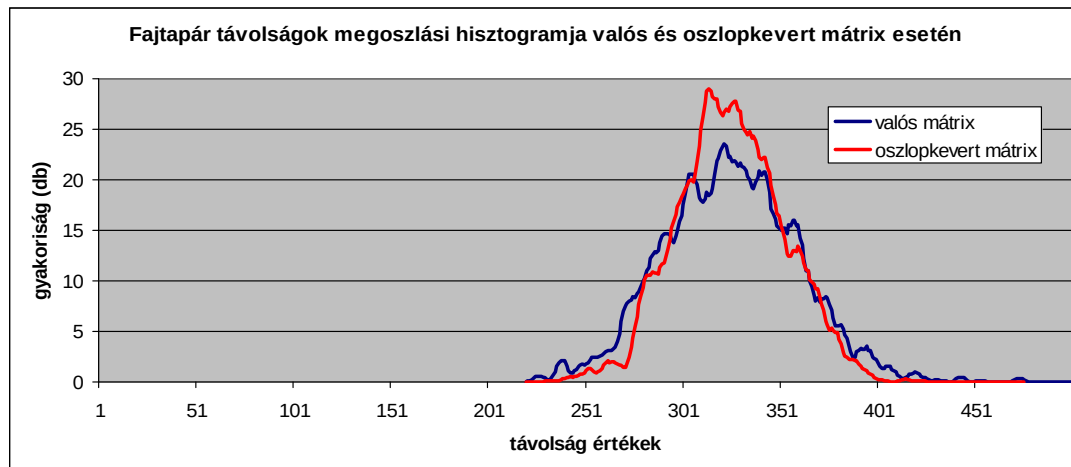
A valós DUS mátrix hisztogramját egy vele megegyező véletlenszámos kontroll mátrix hisztogramjával összehasonlítva azonosíthatóak azok a fajtapárok, melyek esetében a kis távolság érték, vagyis a nagyfokú hasonlóság már nem a véletlenszerűségből adódik. Őszibúza DUS fajtaleírás mátrixot egyenletes eloszlású 1-9 véletlenszámos kontroll mátrix eloszlási gyakoriság függvényét összevetve (18. ábra) azonban látható, hogy a két mátrix módusza egymástól távol esik.



18. ábra. Fajtapár távolságok eloszlási hisztogramja valós és véletlenszám mátrix esetén

Ennek oka, hogy a DUS fajtaleírásoknál a legtöbb tulajdonságnál a fajták nem mindig a teljes 1-9 értékkészletet veszik fel, illetve lehetnek torzulások is a kifejeződési fokozat arányokban, mint ahogy ezt korábban már bemutattam. Az őszibúza fajtaleírás mátrixban az oszlopokon belüli kifejeződési fokozat értékek véletlenszerű összekeverésével megszüntethető a belső kapcsolati

rendszer, azaz a meglévő hasonlósági viszony. Az értékeléshez a tényleges DUS fajtaleírás alapján készített hisztogramot az oszlopkevert mátrix hisztogramjához hasonlítottam (19. ábra).



19. ábra. Fajtapár távolságok eloszlási hisztogramja valós és oszlopkevert mátrix esetén

A 3 hisztogram statisztikai paramétereit a 7. táblázatban foglaltam össze. A véletlenszámos kontroll mátrixnál (C) a távolság értékek 11 és 52 között változtak, és normál jellegű eloszlást mutat a hisztogram. Ezzel szemben a tényleges DUS fajtaleírásnál (A), ahol feltételezhető a hasonlósági csoportok jelenléte, ott a távolság értékek 44 és 94 közé estek. A szélesebb intervallum arra utal, hogy vannak olyan elkülönülő fajták, melyek a többitől összességében nagyobb távolságra vannak. A hisztogramok móduszát nézve jól látszik, hogy az a tényleges DUS adatokat tartalmazó mátrix esetén (A) jóval nagyobb ($x=64$). A véletlenszámos hisztogramnál (C), ahol nincs hasonlóság jelen, ott a módusz érték $x=28$.

7. táblázat. A DUS, az oszlopkevert és a véletlenszámos mátrix hisztogramjainak statisztikai paramétere

paraméter	A	B	C
	DUS fajtaleírás mátrix	Oszlopkevert mátrix	Véletlenszámos kontroll mátrix
Módusz	64,00	62,00	28,00
Szórás	6,98	5,54	6,09
Variancia	48,68	30,65	37,11
Ferdeség	0,16	0,03	0,25
Csúcsosság	0,32	0,00	0,01
Terjedelem	50,00	38,00	41,00
Minimum	44,00	46,00	11,00
Maximum	94,00	84,00	52,00

A középső (B) oszlop az oszlopkevert mátrix adatait mutatja be. Ebben az esetben minden egyes tulajdonságnál, vagyis oszloponként a kifejeződési fokozat érték véletlenszerűen rendelődött hozzá a fajtához. A (B) és (C) oszlopok adatait összehasonlítva látható, hogy az oszlopkevert (B) mátrix módusza nem sokat változott, tehát a keverés nem mozdította el lényegesen az (A) hisztogramot az

x tengelyen. Az oszlopkevert mátrix szórása csökkent, így homogénebbé vált a hisztogram. Az oszlopkevert mátrix (**B**) által meghatározott hisztogram tehát pontosabb viszonyítási pontot jelent a valós mátrixok értékelésében (**A**) azzal, hogy nem torzítja el a hisztogram alakját és pozícióját annyira, mint az egyszerű 1-9 közötti véletlenszámos mátrix (**C**). A két hisztogram közelítése az eredményezte, hogy a véletlenszám mátrix belső struktúrája követte a valós mátrix értékkészletét és megoszlását egyaránt úgy, hogy annak teljes véletlenszerűsége megmaradt.

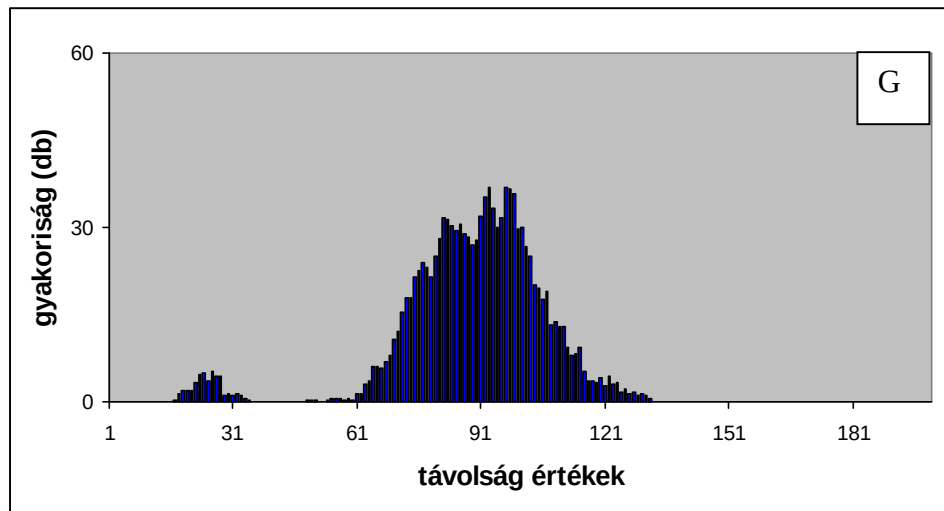
4.3. Hasonlósági csoportok modellezése véletlenszám mátrixok segítségével

A fajtaleírás mátrix belső struktúrája összetett is lehet, egy vagy több elkülönülő fajtacsoportokat tartalmazva. Ilyen esetekben a fajtapár távolságok gyakorisági hisztogramja komplexebb képet mutat a különböző hasonlósági csoportok kölcsönhatása következtében. Az összetettebb képet mutató hisztogram elemzése referenciák nélkül nem egyszerű feladat. Ennek érdekében véletlenszámos referencia mátrixokat alakítottam ki. A hasonlósági csoportok néhány egyszerű alaptípusa modellként szolgált a referencia hisztogramok meghatározásához. A hasonlósági csoportokat a véletlenszámos kontroll mátrix adatállományán belül úgy generáltam, hogy a hasonlósági csoportot csökkentett véletlenszám értelmezési tartomány képviselte. A modellek az alábbi hasonlósági csoportokat alkották:

- egy hasonlósági csoport,
- két hasonlósági csoport átfedéssel,
- három hasonlósági csoport.

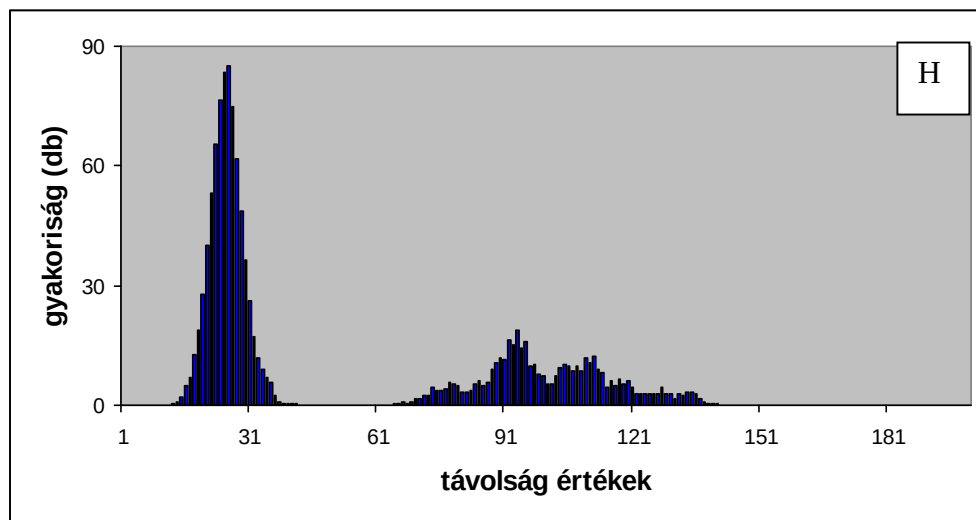
4.3.1. Egy hasonlósági csoport kimutatása

A következő modellekkel a hasonlósági csoportok kimutatását vizsgáltam. A **G** mátrixot úgy állítottam össze, hogy 10 sor esetében az értékek egy hasonlósági csoportot alkotva 1 és 3 között változtak, a fennmaradó 40 sor esetében pedig maradt a kiindulási 1-9 értelmezési tartomány. A páros összehasonlítás után kapott hisztogram két csúcsot eredményezett. A bal oldali kisebb csúcs elsősorban a hasonlósági csoporton belüli eloszlásokat mutatja, a jobb oldali nagy csúcs pedig a 40 sorét. A hisztogram jobb szélén megfigyelhető még a két csoport közötti nagyobb különbségek megjelenése is. (20. ábra).



20. ábra. 10 elemű hasonlósági csoport (G mátrix) gyakorisági hisztogramja

A **H** mátrix esetében az arányokat felcserélve 40 sornál 1-3 (hasonlósági csoport), 10 sornál pedig 1-9 volt az értelmezési tartomány. A hisztogram ebben az esetben egy keskeny magas oszlopot eredményezett a baloldalon, és egy lapos elnyúlt alakút a jobb oldalon. A bal oldali görbe jól jellemzi a 40 sor belső kapcsolatát, utalva az **A** mátrix formájára. A jobb oldali hisztogram rész a 10 sor belső távolságait, és a két csoport közötti nagyobb különbségek eloszlását tükrözi (21. ábra).



21. ábra. 40 elemű hasonlósági csoport (H mátrix) gyakorisági hisztogramja

4.3.2. Két hasonlósági csoport átfedése

Adott fajta szortimentben több hasonló fajtacsoport is előfordulhat. Egy jól elkülönülő csoport kimutatása egyszerűbb feladat. Több csoport esetén lehetséges, hogy ezek jól elkülönülnek egymástól vagy részlegesen egybeolvadnak. A véletlenszám mátrixok ilyen jellegű modellezésre is

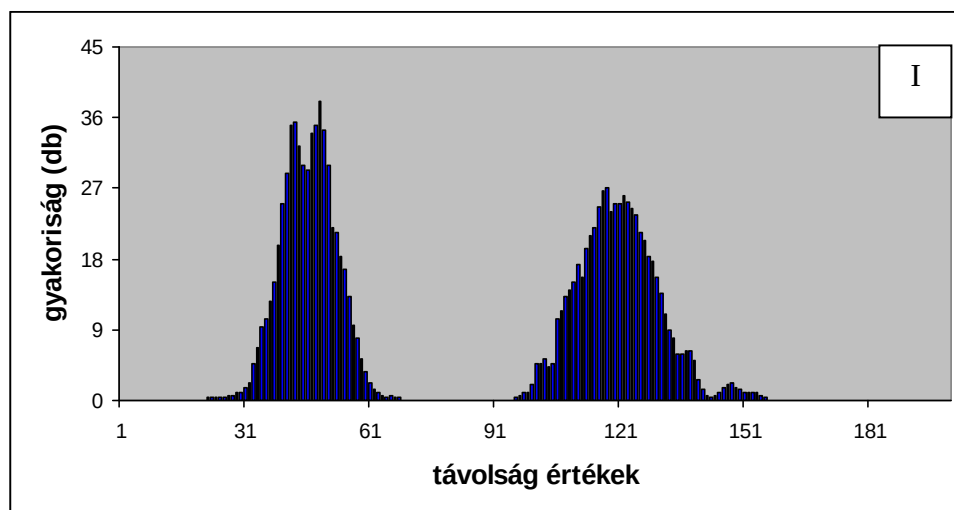
alkalmasak. A következő 3 mátrix összeállítása a hasonlósági csoportátfedés hatását mutatja be. Itt a fajtákat (sorokat) két egyenlő részre osztottam úgy, hogy az értelmezési tartományok növelésével az átfedés egyre nagyobbá váljon. Az **I**, **J** és **K** modelleknél a kifejeződési fokozat értékek és az átfedések beállítása az alábbiak szerint történt:

I mátrix értelmezési tartománya: 1-5 és 5-9 átfedés = 1 érték érték = 5

G mátrix értelmezési tartománya: 1-6 és 4-9 átfedés = 3 érték érték = 4,5,6

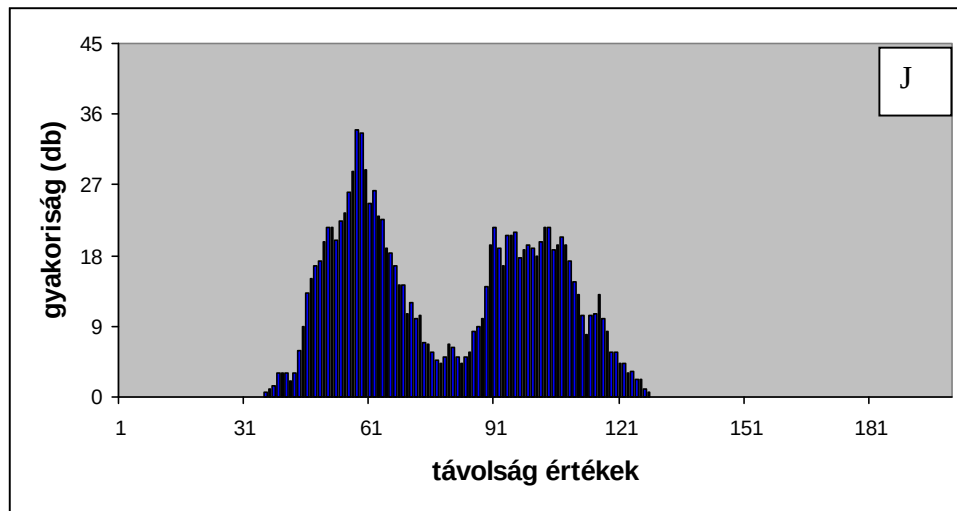
H mátrix értelmezési tartománya: 1-7 és 3-9 átfedés = 5 érték érték = 3,4,5,6,7

Az **I** mátrix felét 1 és 5 közötti, a másik felét 5 és 9 közötti véletlenszámokkal töltöttem fel. Ebben az esetben az átfedést csak az 5-ös érték jelentette. Az adatállomány páros összehasonlítása két hasonló csúccsal rendelkező, egymástól jól elkülönülő hisztogramot eredményezett. A 22. ábrán a bal oldali csúcs a két adatsor belső hasonlósági értékeiből, a jobb oldali pedig a két hasonlósági csoport egymás közötti távolság értékeiből tevődik össze (22. ábra).



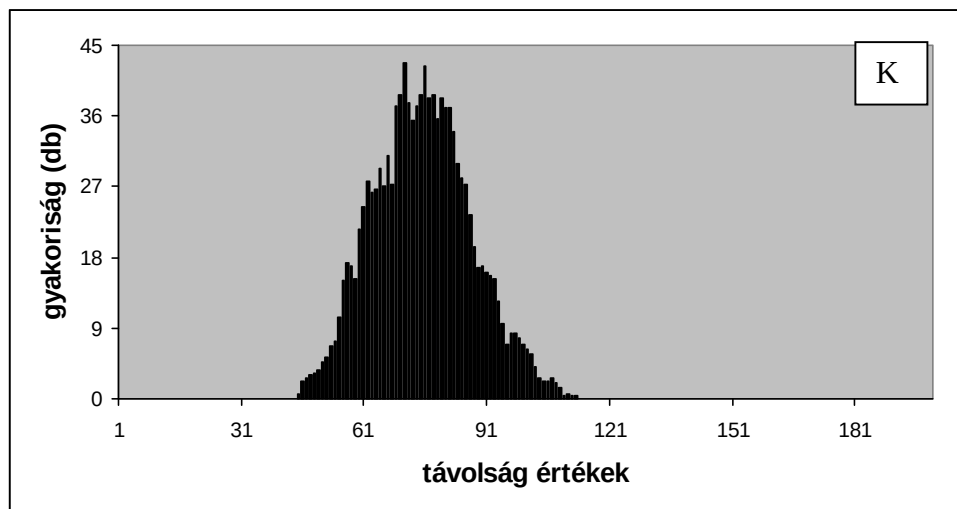
22. ábra. 1-5 és 5-9 fokozat értékekkel rendelkező véletlenszám mátrix (I) eloszlási hisztogramja

A **J** mátrix esetében a két értelmezési tartomány 1 és 6 között, illetve 4 és 9 között volt, így az átfedést 3 érték (4, 5 és 6) jelentette. A hisztogram itt is két hasonló csúccsal rendelkezik, az előzővel közel azonos alakban. Az átfedés növelése viszont azt eredményezte, hogy a csúcsok közelebb kerültek egymáshoz (23. ábra). Ennek oka, hogy kevesebb számú nagy távolság adódott az összehasonlítás során.



23. ábra. A 1-6 és 4-9 fokozat értékekkel rendelkező véletlenszám mátrix (J) eloszlási hisztogramja

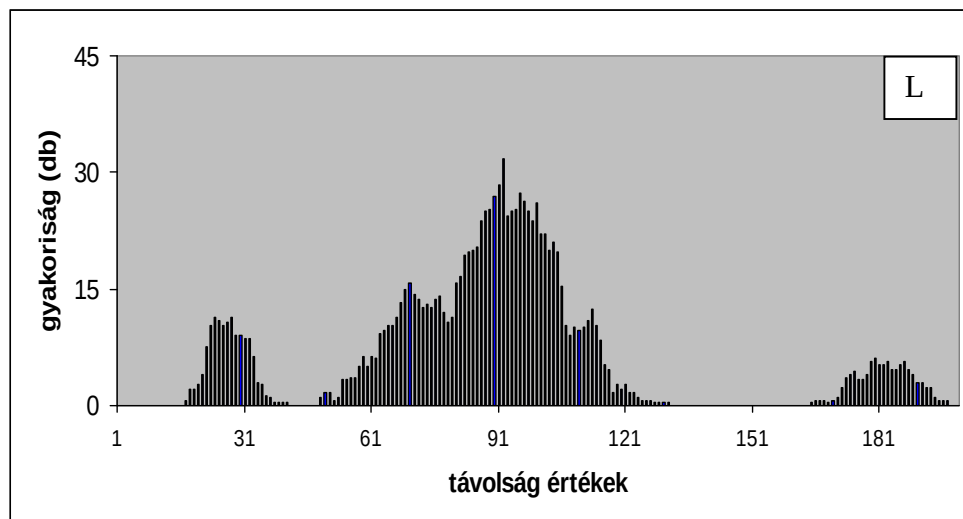
Az adatállományok átfedését tovább növelve, a **K** mátrix esetében ez már 5 értéket jelentett (3 4, 5, 6 és 7). A kapott hisztogramon megfigyelhető, hogy ilyen mértékű átfedés esetén már a csoportokon belüli, és az egymás közti távolságértékek csúcsai egybeolvadtak (24. ábra). A módusz helyzete és a görbe aszimmetriája azonban egyértelműen jelzi a hasonlósági csoportok jelenlétét. Ezt a tényt megerősíti a **B** mátrix hisztogramjával történő összehasonlítás is. A **B** mátrix módusza $x=88$, a **K** mátrixé pedig $x=76$ volt. A hasonlósági csoport jelenléte tehát az origó felé tolta a hisztogram móduszát.



24. ábra. A 1-7 és 3-9 fokozat értékekkel rendelkező véletlenszám mátrix (K) eloszlási hisztogramja

4.3.3. Három hasonlósági csoport átfedése

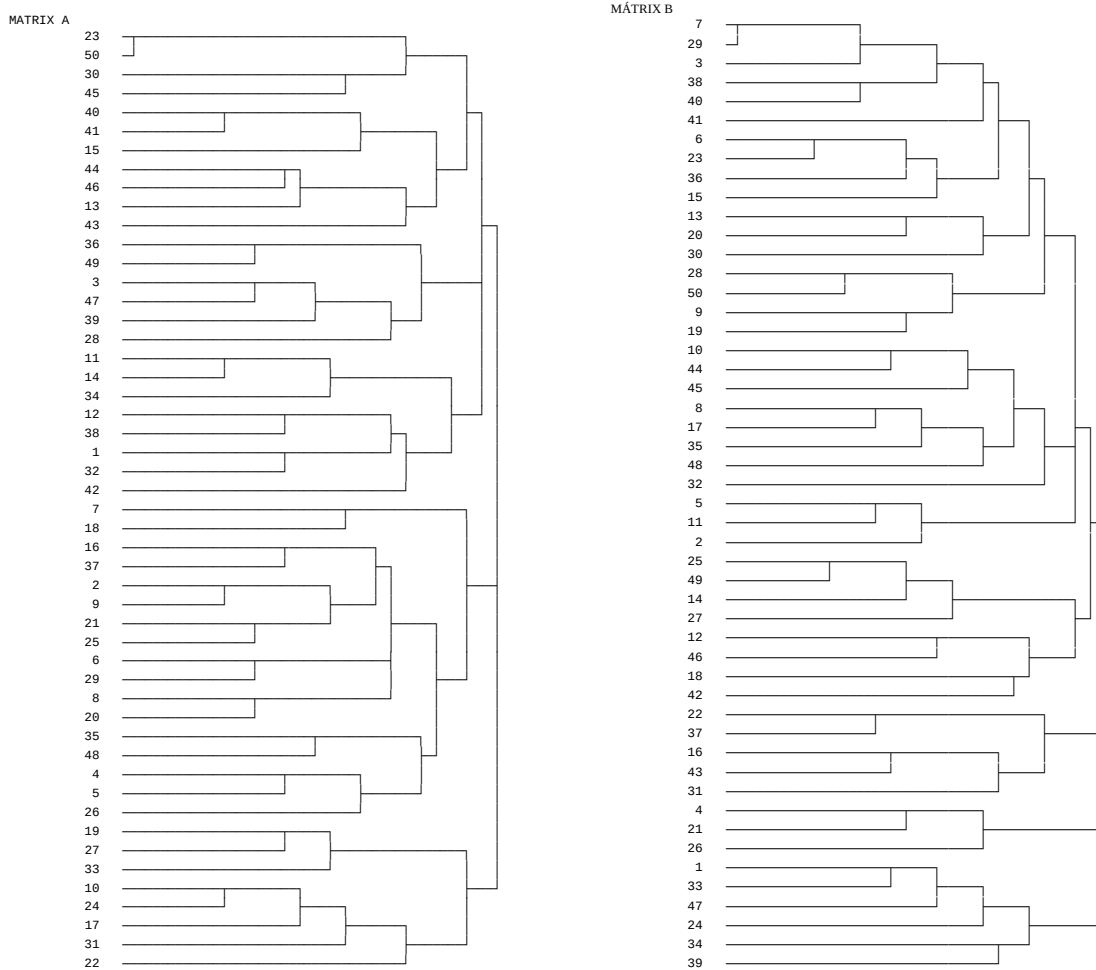
Az **L** modell már 3 hasonlósági csoportot modellez úgy, hogy a csoportok nincsenek átfedésben. A 3x10 fajta 1-3, 4-6 és 7-9 közötti értékeket vett fel, a maradék 20 fajta pedig 1-9 közötti értékeket. Az eloszlási hisztogram érdekes képet mutatott. A 25. ábra bal és jobb szélén egy-egy kisebb csúcs figyelhető meg, középen pedig egy nagy csúcs két kisebbel egybeolvadva a két oldalán. A bal oldali csúcs $x=25$ körüli módusz értéknél jelzi a 3 hasonlósági csoport belső egymás közötti távolság értékeit. A jobb oldali kisebb csúcs $x=180$ módusznál az 1-3 és 7-9 közötti jelentős távolság különbségekre utal. A nagy csúcs a 20 fajta belső távolság értékeinek eloszlását jelzi. Ettől közvetlenül balra található kis csúcs jelzi az 1-3/4-6, és a 4-6/7-9 csoportok közötti távolság különbségeket. A jobb oldali még kisebb csúcs az 1-3 illetve a 7-9 csoport és a 20 többi fajta közötti nagyobb távolságokat mutatja.



25. ábra. Az 1-3, 4-6 és 7-9 közötti fokozatértékekkel rendelkező véletlenszám mátrix (**L**) eloszlási hisztogramja

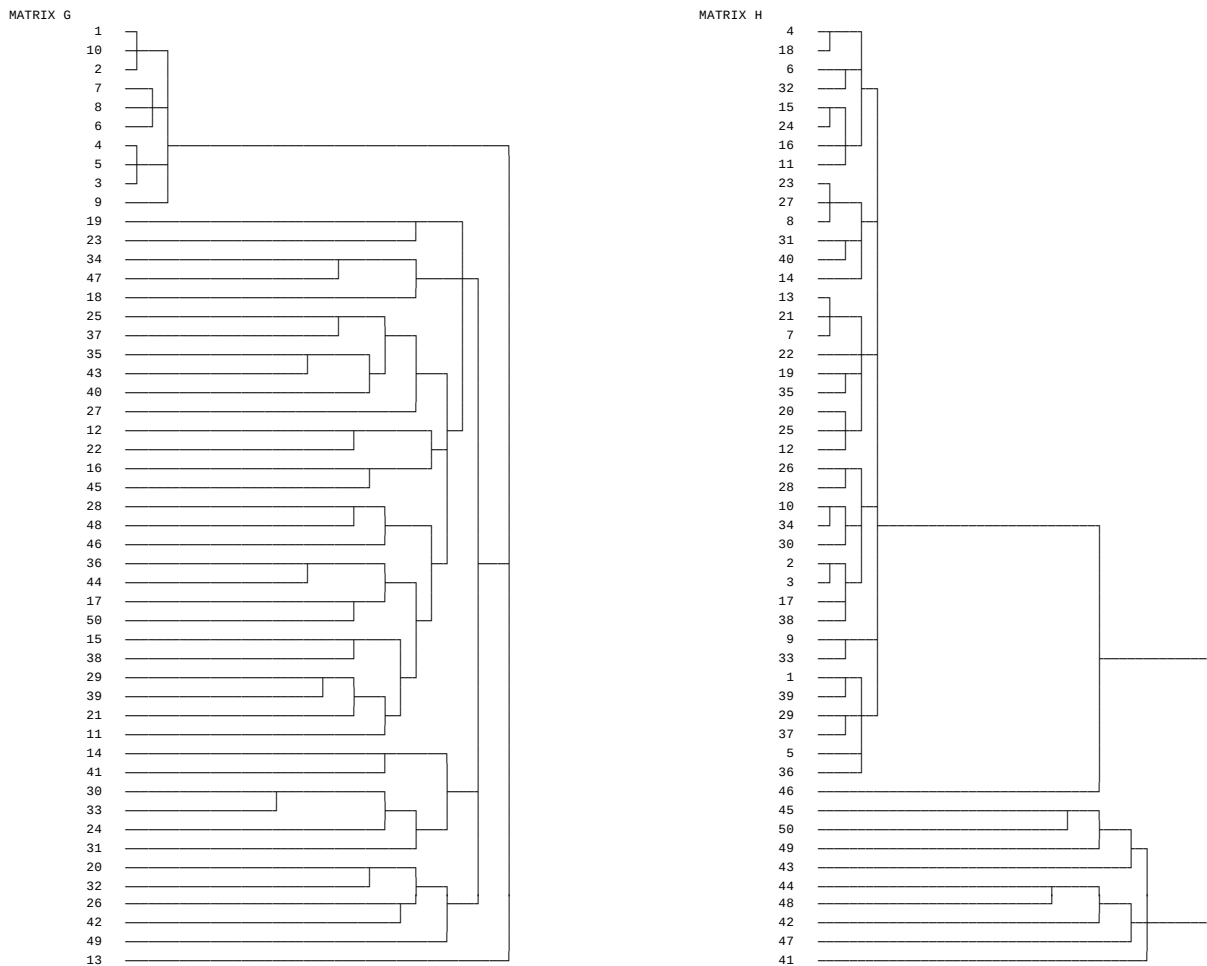
4.4. A véletlenszám hisztogramok és a dendrogramok összehasonlítása

A 4.2.1. fejezetben bemutatott **A** és **B** mátrixok klaszteranalízisét elvégezve, a kapott dendrogramok egyértelműen jelzik, hogy mindkét mátrix homogén állományú, egyértelmű szétválasztási pontokat nem lehet találni. Egyik dendrogram sem jelez hasonlósági csoportot, ami nyilvánvaló is a véletlenszám mátrix alapján (26. ábra).



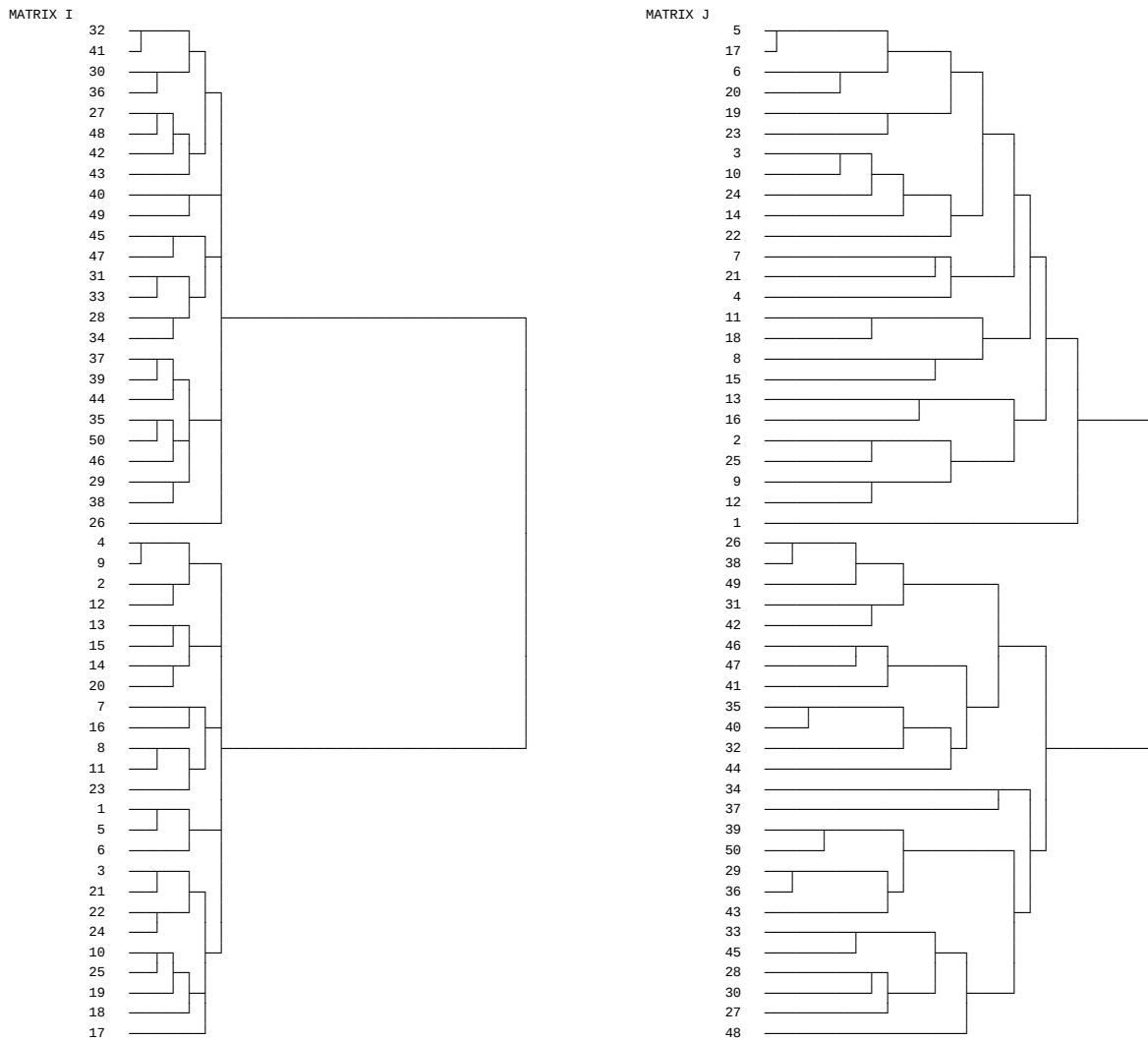
26. ábra. Az 1-2 és 1-9 véletlenszámos mátrixok (**A** és **B**) által meghatározott dendrogramok

A klaszteranalízist a **G** és a **H** mátrix esetében is elvégezve jól látható, hogy mindkét dendrogramon a két adatállomány egyértelműen elkülönül. A **G** mátrix dendrogramja esetében a 10 darab a **H** mátrix esetében a 40 hasonló fajta a kis távolság érték következtében hamar egységes klasztert alkotott. Az 1 és 3 közötti értelmezési tartományú csoport gyakorlatilag mindkét esetben zárt csoportot alkot (27. ábra).



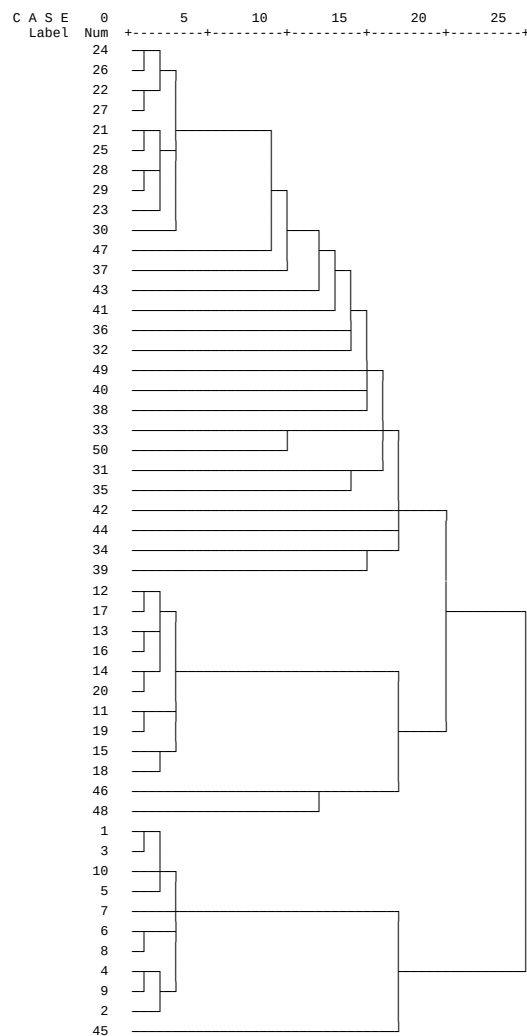
27. ábra. A 10 és 40 elemű hasonlósági csoport (G és H mátrix) dendrogramja

Az **I** és **a J** mátrixok esetében a dendrogramokról leolvasható, hogy a két hasonlósági csoport mindkét esetben egyértelműen elvált egymástól (28. ábra). A két-két csoport azonban homogén, tovább nem bontható, ami abból adódik, hogy nem tartalmaznak további belső hasonlóságot. A dendrogram alakja utal az adatállomány összetételére is. Ha a két hasonlósági csoport nincs átfedésben, akkor a kisebb csoporton belüli távolságok miatt hamar kialakul az egymáshoz végső kapcsolódás, rövid nóduszokat eredményezve a dendrogramon. Az átfedés növekedésével a csoportok egyre nagyobb távolságoknál kapcsolódnak össze, azonban a **J** mátrix hisztogramjánál a két csoport még egyértelműen megkülönböztethető, mint ahogy a hisztogram esetében is. Megállapítható tehát, hogy a hisztogramok és a dendrogramok között analógia és a tendenciák egyértelműen felismerhetők.



28. ábra. Az 1-5 és 5-9 (**I**), valamint az 1-6 és 4-9 (**J**) fokozat értékekkel rendelkező véletlenszám mátrix dendrogramja

A legkomplexebb modell mátrix a legutolsó **L** mátrix volt 3 hasonlósági csoporttal. A hisztogramon jól látszott a 3 csúcs, amit a hasonlósági csoportok alakítottak ki. A 29. ábrán jól látszik a dendrogramon is az a 3 hasonlósági csoport, melyek kis távolság esetén hamar zárt csoportokat alkottak.

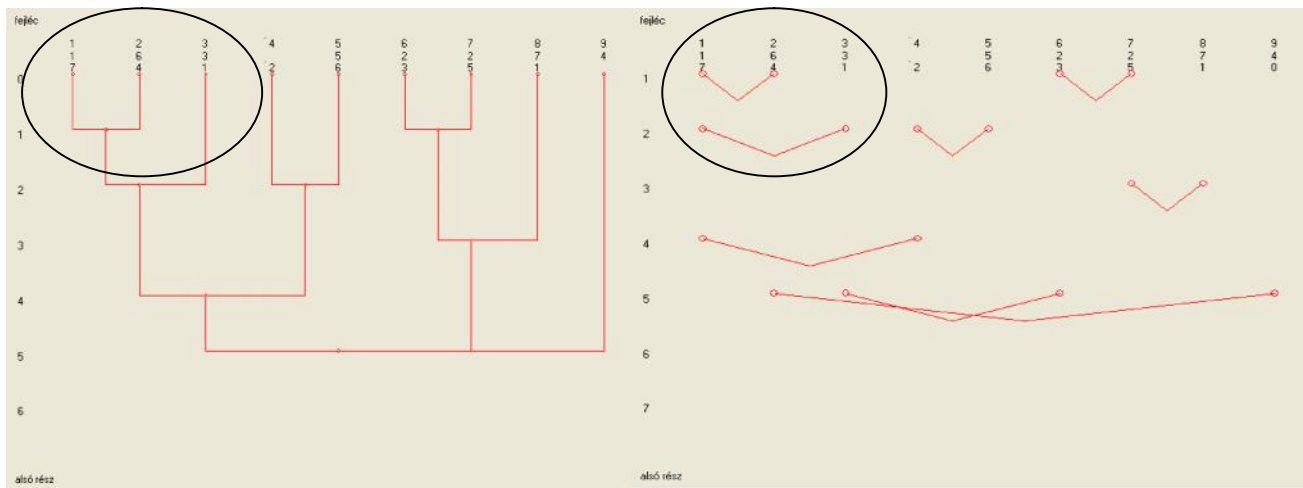


29. ábra. Az 1-3, 4-6 és 7-9 közötti fokozatértékekkel rendelkező **L** véletlenszám mátrix dendrogramja

4.5. A fajtapáros ábrázolás

A DUS fajtaleírás mátrixot alkotó hasonlósági csoportok meghatározása a fajták páros összehasonlítására épülő klaszteranalízissel történik. A hasonló fajtacsoportok leggyakoribb vizuális megjelenítési formája a dendrogram. A hierarchikus klaszteranalízis sajátja, hogy a távolság számítás és csoportképzés megválasztása többféle dendrogram formációt eredményez. A dendrogram jól szemlélteti az egymáshoz kapcsolódó csoportokat, de a csoportok szétválasztása nem mindig egyértelmű. A kapott dendrogramról a csoportokon túl az egyes fajták pozíciója is leolvasható, de konkrét fajtapárok viszonylatában esetenként nehéz információt szerezni. A problémát az jelenti, hogy a dendrogram felépítéséhez a csoportképzés számítási algoritmusa szerint a fajtapár távolság alapadatok az összevonási számítások során felülíródnak, így a kiindulási értékek a következő csoport kialakítása során az átlagolás miatt gyakorlatilag elvesznek. Ez a tény megnehezíti a tényleges fajta-fajta kapcsolatok csoporton belüli feltárását. A növényfajták

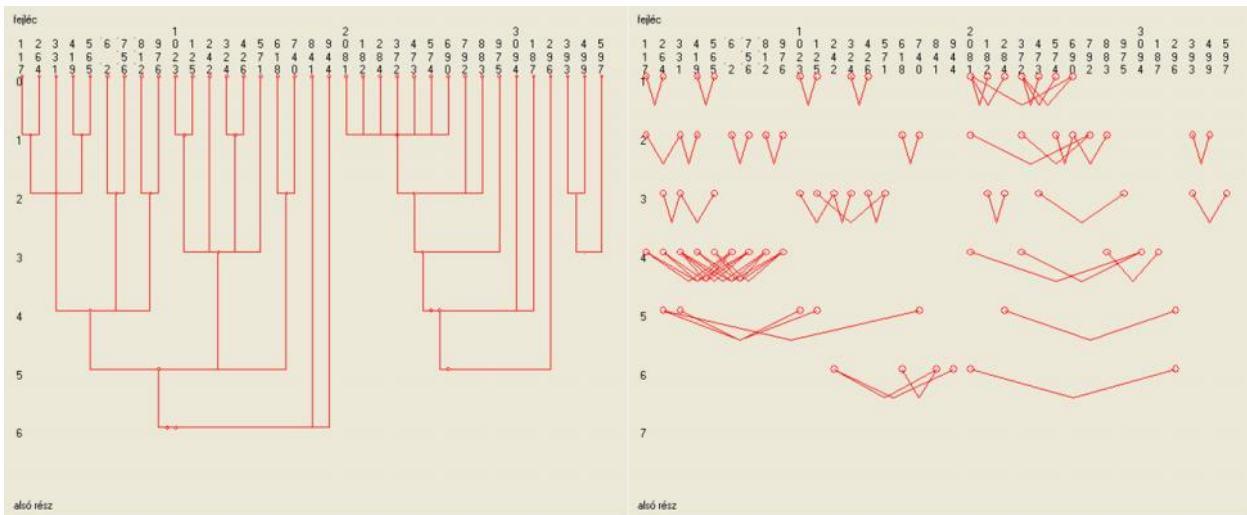
hasonlósági csoportjainak tanulmányozása során kidolgoztunk egy olyan új ábrázolási módszert, amely a kiindulási hasonlósági értékeket megtartva mutatja be a meghatározott hasonlósági szintekhez tartozó fajtapárokat. Az ábrázolás lényege, hogy a fajtapárok nem kapcsolódnak össze hierarchikusan egyre nagyobb csoportot alkotva, hanem a kidolgozott módszer szerint a távolság mátrix adatállományából kiindulva a különböző szintekhez tartozó fajtapárokat egyedileg mutatja be. Ezt a módszert neveztük el fajtapáros ábrázolásnak. A dendrogramos és fajtapáros ábrázolási mód képét 9 fajtával és 8 fajtapárral a 30. ábra mutatja be.



30. ábra. Dendrogramos és fajtapáros ábrázolás 9 fajtával és 8 fajtapárral

A fajtapáros ábrázolás előnye a 30. ábrán bekarikázott 3 fajta példáján keresztül jól szemléltethető. Az x tengelyen a második és harmadik sorban, mindkét esetben a példának vett fajták kódszámai szerepelnek, az y tengelyen pedig a hasonlósági szintekhez rendelt távolság értékek. Két fajta annál hasonlóbb, minél kisebb a számított távolságuk. A bal oldali dendrogramon az első távolság szinten összekapcsolódik a 17. és 64. számú fajta. A 2. távolság szinten a párhoz a 31. fajta kapcsolódik. A fajtapár távolság szempontjából itt nem megállapítható, hogy a 31. fajta a 17. vagy a 64. fajtához hasonlít jobban. Ezt a problémát oldja meg a fajtapáros ábrázolás, mert a jobb oldali ábrán egyértelműen leolvasható, hogy a 2. hasonlósági szinten a 17. és a 31. fajták állnak hasonlósági viszonyban. A 64. és a 31. fajták csak valamely távolabbi szinten találkoznak. A dendrogram megjelenítését és értelmezését a fajtaszám növelése nem befolyásolja. A fajtapáros ábrázolás előnye, hogy a legnagyobb hasonlósági szinteken egyértelműsíti a fajtapárok hasonlósági viszonyát. Az egyre növekvő távolság szintekhez tartozó fajtapár szám egyre nagyobb, ezért a közepes szinteken a fajtapáros ábrázolás már nehezebben használható.

A fajtapáros ábrázolás nagy fajtaszámmal azonban már nehezen áttekinthető (31. ábra), ezért a klaszteranalízist úgy egészítheti legoptimálisabban ki, ha a dendrogramról leolvasott kisebb hasonlósági csoportra alkalmazzuk. A dendrogram egy-egy hasonlósági csoport további elemzésére kiegészítő módszernek azonban alkalmas.



31. ábra. Dendrogramos és fajtapáros ábrázolás 35 fajtaival és 49 fajtapárral

4.6. DUS fajtaleírás és véletlenszám mátrixok statisztikai összehasonlítása

A véletlenszámos modellek többféle egyszerűsített helyzeteket szimuláltak, a valós mátrixok összefüggései általában összetettebbek vagy a hasonlósági csoportok nem egyértelműen elkülönülők. A véletlenszám mátrixok referenciaként felhasználhatóak egy valós mátrixot alkotó fajtasortiment elemei közötti hasonlóság mértékének megállapításában. A véletlenszámos hisztogramok segítségével a tényleges fajtaleírás mátrixok kiértékelését két növényfaj, a szőlő és az árpa gyakorlati példáin keresztül mutatom be. A valós fajtaleírás mellé kontrollként egy egyenletes és egy normál eloszlást követő azonos méretű véletlenszám mátrixot generáltam. A hisztogramok összehasonlítását a módusz értékek (x) és a szórások (s) összehasonlításával végeztem el.

4.6.1. A szőlő fajtaleírás mátrixok összehasonlítása

A mintának választott szőlő DUS fajtaleírás mátrix 38 fajtát és 39 mennyiségi DUS tulajdonságot tartalmazott. A fajtapár távolságok gyakorisági eloszlását azonos méretű egyenletes és normál eloszlású véletlenszámos kontroll mátrix hisztogrammal hasonlítottam össze. A valós DUS hisztogram módusza $x=14$ lett, ezzel a normál eloszlású véletlenszámos görbe pozíciójával ($x=16$) esik közel egybe (8. táblázat). Az egybeesés arra utal, hogy a fajták között egyértelmű és jól elkülönülő csoportosulás nem figyelhető meg, továbbá a vizsgált tulajdonságok nagy része néhány kifejeződési fokozat érték köré koncentrálódik. A DUS mátrixra vonatkozó szórás értéke $s=3,5$, ami nem jelent lényeges eltérést a véletlenszámos mátrixhoz képest.

8. táblázat. 39 szőlőfajta DUS és véletlenszámos hisztogramjainak módusz és szórás értékei

Mátrix típus	Módusz (x)	Szórás (s)
Tényleges DUS fajtaleírás mátrix	14,0	3,5
Egyenletes eloszlású véletlenszám mátrix	36,0	5,3
Normál eloszlású véletlenszám mátrix	16,0	2,0

A fajta szortimentből egy 12 fajtaból álló hasonlósági csoportot kiemelve ismét elvégeztem a páros összehasonlítást, ahogy a vele azonos méretű véletlenszám mátrix esetében is. A DUS leírás mátrix hisztogramja ebben az esetben is a módusz alapján a normál eloszlású véletlenszám mátrix hisztogramjához hasonlított. A teljes fajtasorhoz képest viszont jelentős pozíció elmozdulás és szórás csökkenés figyelhető meg, amit a homogénebb és szűkebb kifejeződési fokozat értelmezési tartomány eredményezett (9. táblázat).

9. táblázat. 12 hasonló szőlőfajta DUS és véletlenszámos hisztogramjainak módusz és szórás értékei

Mátrix típus	Módusz (x)	Szórás (s)
Szőlő hasonlósági csoport DUS fajtaleírás	9,0	1,9
Egyenletes eloszlású véletlenszám mátrix	36,0	5,9
Normál eloszlású véletlenszám mátrix	14,0	1,8

4.6.2. Árpa fajtaleírás mátrixok időbeli összehasonlítása

A 2003-2006. között DUS vizsgálatba vont árpafajták felhasználásával éves fajtaleírás mátrixokat készítettem (3. melléklet). Az adatállományok páros összehasonlítása után egy-egy egyenletes és normál eloszlású véletlenszám mátrixot is generálva kiszámoltam a fajtapár távolságok gyakoriságait. A 4 db éves DUS fajtaleírás mátrix és a 2 db véletlenszámos kontroll mátrix alapján számított hisztogramok módusz és szórás értékeit a 10. táblázat mutatja be. Az árpafajták éves DUS vizsgálati hisztogramjait a véletlenszámos kontroll hisztogramokkal összehasonlítva látszik, hogy a DUS fajtaleírás mátrixok a normál eloszlású véletlenszámos hisztogrammal mutatnak hasonlóságot. Mivel sem a középérték sem a szórás érték nem változott jelentős mértékben a 4 év során, így megállapítható, hogy a vizsgálatba vont fajták hasonlósági viszonya ilyen időtávon nem mutat változást.

10. táblázat. Árpafajták valós és véletlenszámos hisztogramok vizsgált paraméterei

Mátrix típus	Módusz (x)	Szórás (s)
2003. évi fajtaleírás mátrix	15,0	5,3
2004. évi fajtaleírás mátrix	17,0	6,1
2005. évi fajtaleírás mátrix	16,0	5,5
2006. évi fajtaleírás mátrix	16,0	5,9
Egyenletes eloszlású véletlenszám mátrix	36,0	5,3
Normál eloszlású véletlenszám mátrix	16,0	2,6

4.6.3. Árpafajták hasonlósági csoportjainak kimutatása

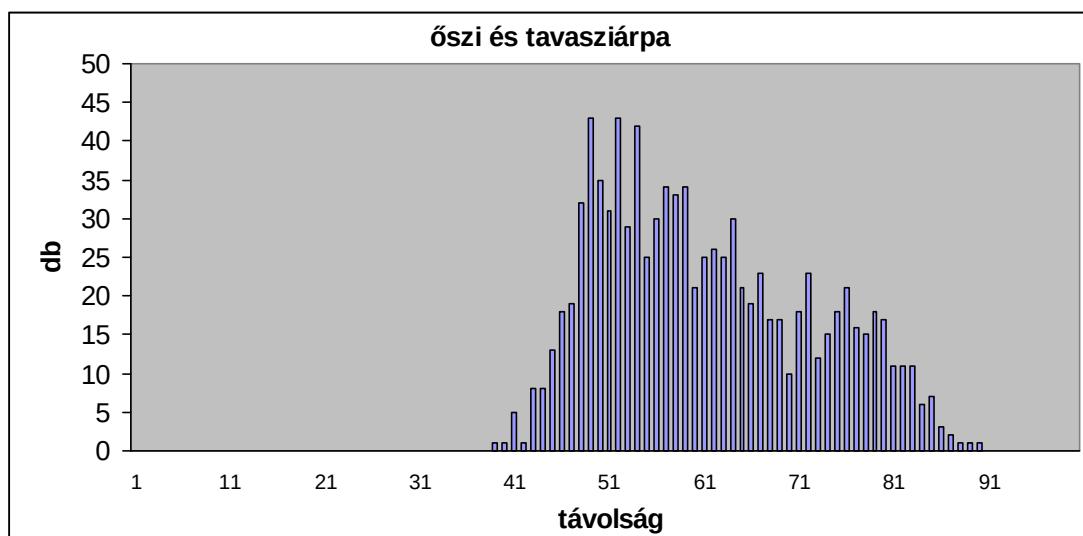
Érdekes képet mutattak az árpafajták páros összehasonlítása alapján kapott hisztogramok. A tavaszi és ősziárpa fajták a morfológiai tulajdonságok szerint ugyanis jól elkülönülnek egymástól. Az elkülönülés igazolására 27 ősziárpa és 17 tavasziárpa fajtából, a végleges DUS fajtaleírások felhasználásával fajtaleírás mátrixot állítottam össze (4. melléklet). A két fajtakört együtt összehasonlítva kétcsúcsos hisztogramot kaptam. Az együttes hisztogramot a 32. ábra mutatja be.

Az ábrán jól látható, hogy a hisztogram az $x=59$ és $x=76$ távolság értékeknél egy nagyobb és egy kisebb csúccsal rendelkezik. A 33. ábra referenciaként bemutatja a véletlenszámos kontroll mátrixhoz tartozó hisztogram alakját. Az ősziárpa fajtákat külön kiemelve, a hisztogram összeállítását elvégezve megállapítható, hogy $x=62$ -nél volt a legnagyobb fajtapár darabszám (34. ábra). A tavaszi árpa fajták saját hisztogramja $x=76$ esetén mutatott csúcsot (35. ábra).

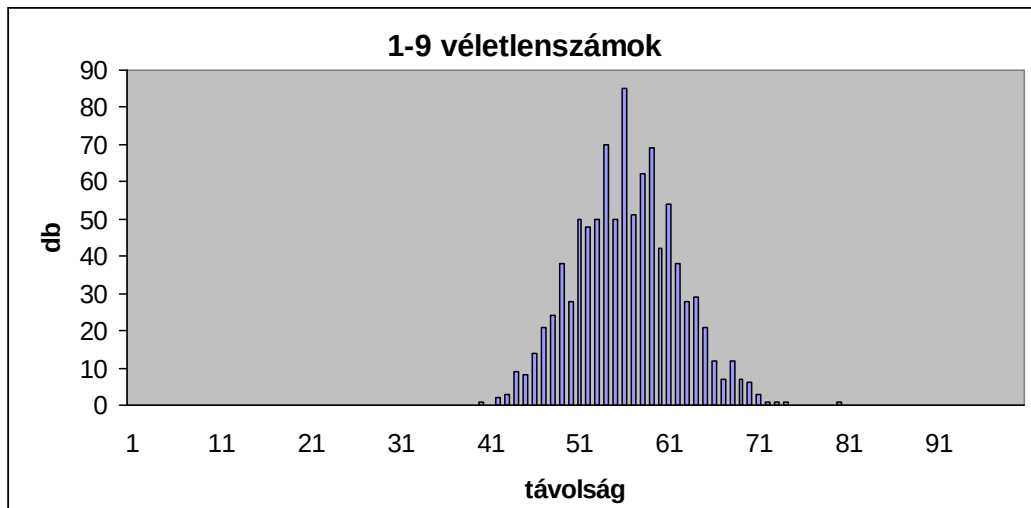
Visszatekintve a 32. ábrára megállapítható, hogy a nagyobb csúcsot baloldalon az ősziárpa fajták hasonlósági csoportja, míg a jobb oldali kisebb csúcsot a tavaszi árpa fajták hasonlósági csoportja alakította ki. A négy hisztogram statisztikai paramétereit a 11. táblázat foglalja össze.

11. táblázat. Árpafajták DUS és véletlenszámos hisztogramjainak statisztikai paramétereit

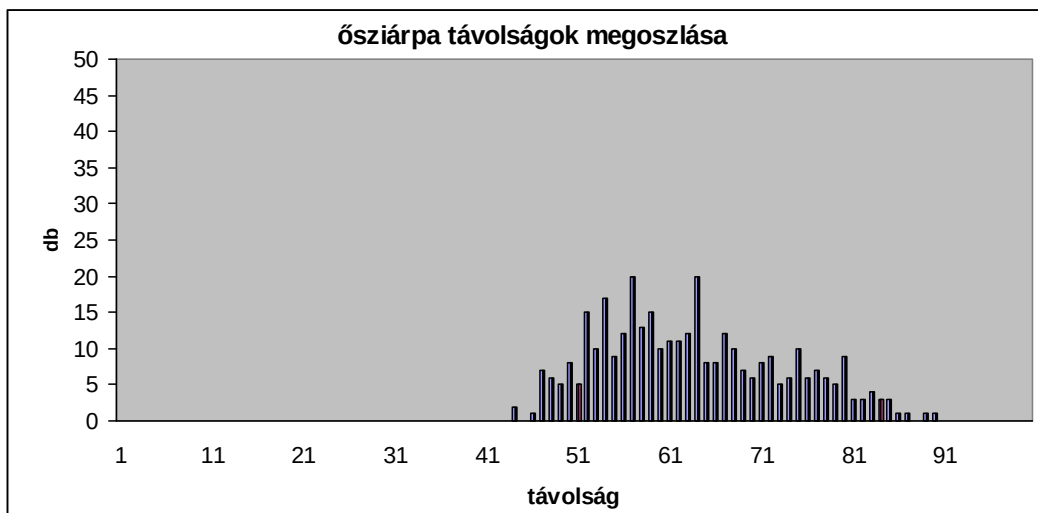
	1-9 véletlenszámosok	tavaszi és ősziárpa	ősziárpa	tavaszi árpa
Fajtapár (db)	946	946	351	136
Fajta (db)	44	44	27	17
Módusz (x)	56	59	62	76
Szórás (s)	5,74	11,168	10,07	4,82
Intervallum	40	51	46	23
Minimum	40	39	44	65
Maximum	80	90	90	88



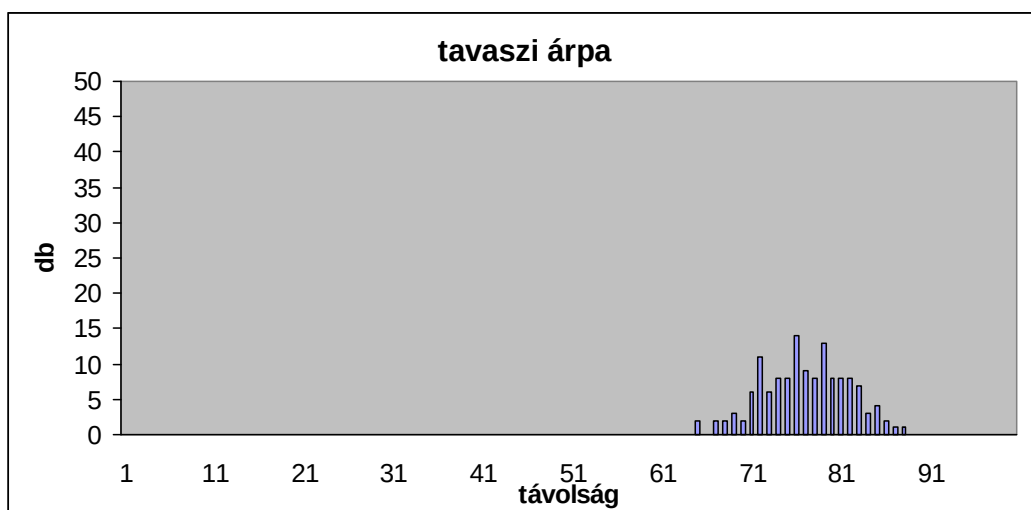
32. ábra. Árpafajták együttes eloszlási hisztogramja



33. ábra. Az 1-9 véletlenszámú mátrix hisztogramja



34. ábra. Ősziarpa fajták eloszlási hisztogramja



35. ábra. Tavaszi árpa fajták eloszlási hisztogramja

4.7. Szőlőfajták morfológiai és molekuláris hasonlóságának összehasonlítása

A PCR technológia fejlődése új utat nyitott a fajtavizsgálatok módszertani fejlesztésének irányába is. A DNS vizsgálat a rokonsági viszonyok kimutatására, a fajták elkülönítésére vagy azonosságuk igazolására egyaránt alkalmas módszer. A molekuláris vizsgálat nagy előnye, hogy elegendő néhány növényi rész hozzá, és az eredmény rövid idő alatt rendelkezésre áll. A DUS megkülönböztethetőségi vizsgálatokhoz a molekuláris módszerek használata jelenleg mégsem alkalmazott, mivel a megkülönböztethetőséghez szükséges molekuláris és morfológiai távolság viszonya nem teljesen tisztázott. A morfológiai tulajdonságok esetében ugyanis a kifejeződési fokozatok között meg lehet állapítani azt a minimum kifejeződési fokozat távolságot, ami a megkülönböztethetőséget eredményezi, és ez nem egyenértékű a molekuláris távolsággal. A molekuláris és morfológiai hasonlóság genetikai háttere ugyanis jelentős különbséget mutat. A morfológiai tulajdonságok kifejeződését funkcionális gének határozzák meg, a molekuláris marker alapú (SSR) módszerek pedig a nem kódoló DNS szakaszok allélméret adatait használják fel. A hasonlóság fogalma azonban értelmezhető mind a molekuláris, mind a morfológiai adatokra. A fehér borszőlő fajták közötti hasonlóságot a fajtapár távolság értékek elemzésével, illetve divizív klaszteranalízissel állapítottam meg. A fajták vizsgálatában a földrajzi eredetet és a származást is figyelembe vettem (12. táblázat).

12. táblázat. A vizsgált szőlőfajták és keresztezési képletük

Sorszám	Fajta	Keresztezési képlet	Sorszám	Fajta	Keresztezési képlet
1	Bianca	Seyve V. B. x Bouvier	20	Olaszrizling	Nem ismert
2	Budai	Nem ismert	21	Orpheus	(<i>V. amurensis</i> x <i>V. vinifera</i>) x Irsai Olivér
3	Chardonnay	Nem ismert	22	Pátia	Olaszrizling x Tramini
4	Chasselas blanc	Nem ismert	23	Pelso	(Olaszrizling x Ezerjő) x Pinot gris
5	Csabagyöngye	Madeleine angevine x ?	24	Pinot blanc	Nem ismert
6	Csillám	Seyve V. B. x Csabagyöngye	25	Pinot gris	Nem ismert
7	Ezerjő	Nem ismert	26	Rajnai rizling	Nem ismert
8	Furmint	Nem ismert	27	Rizlingszilváni	Rajnai rizling x Zöldszilváni
9	Generosa	Ezerjő x Tramini	28	Rozália	Olaszrizling x Tramini
10	Göcseji zamatos	Seyve V. B. x Medoc	29	Rózsakő	Kéknyelű x Budai
11	Hárslevelű	Nem ismert	30	Sauvignon blanc	Nem ismert
12	Irsai Oliver	Pozsonyi x Csabagyöngye	31	Sziren	(Kadarka x Ottonel) x Irsai Olivér
13	Jubileum 75	Ezerjő x Pinot gris	32	Taurus	(<i>V. amurensis</i> x <i>V. vinifera</i>) x Afuz Ali
14	Kabar	Hárslevelű x Bouvier	33	Tramini	Nem ismert
15	Királyleányka	Leányka x	34	Trilla	Pozsonyi x Muscat lunel
16	Korona	Juhfark x Irsai Olivér	35	Villard blanc	Nem ismert
17	Kövidinka	Nem ismert	36	Vulcanus	Pinot gris x Budai
18	Leányka	Nem ismert	37	Zalagyöngye	Seyve V. B. x Csabagyöngye
19	Odysseus	(<i>V. amurensis</i> x <i>V. vinifera</i>) x Pinot gris	38	Zeus	Ezerjő x Bouvier

A 12. táblázatban bemutatott szőlőfajták DUS tulajdonságát tartalmazó mátrixot az 5. melléklet mutatja be. A morfológiai adatokból először morfológiai távolságot, majd ebből hasonlóságot számítottam. A molekuláris adatok esetében az allélméretek felhasználásával bináris mátrixot állítottam össze (6. melléklet), melyből Jaccard hasonlósági index alkalmazásával kiszámítottam a fajtapárok molekuláris hasonlóságát. A további elemzés alapja a két hasonlósági mátrix volt (7. melléklet).

4.7.1. Fajtapárok molekuláris hasonlósága

A fajtapárok molekuláris hasonlósági értékeit csökkenő sorrendbe rendezve megállapítottam, hogy a hasonlóság 0% és 100% között változott (13. táblázat). A 'Csabagyöngye'/'Generosa', a 'Göcseji zamatos'/'Pinot blanc', a 'Rozália'/'Furmint' és a 'Csabagyöngye'/'Pelso' pároknál 0% volt a hasonlóság, ezeknél a fajtapároknál közös allél nem fordult elő.

Magas hasonlósági értéket kaptam a 'Rózsakő'/'Zeusz' (72,2%) párnál, illetve a 'Pátia'/'Tramini', az 'Irsai Olivér'/'Csabagyöngye', és a 'Generosa'/'Tramini' párok esetében (50,0-60,0%). A Pinot gris'/'Pinot blanc' fajtapár molekuláris hasonlósága 100% volt. Ennek oka, hogy a két fajta lényegében csak a bogyószínből különbözik egymástól, így mind a 9 SSR marker esetében az allél méretek megegyeztek.

Megfigyelhető volt az is, hogy az ismert szülő utód kapcsolattal rendelkező új keresztezésű fajták párpai esetében ('Irsai Olivér'/'Csaba-gyöngye', 'Generosa'/'Tramini', 'Pátia'/'Tramini') a hasonlóság nagyságrendje 50-60% körül alakult. A 13. táblázat a további, kisebb hasonlósági értékeket kategorizálva és összesítve mutatja be.

13. táblázat. Fajtapárok molekuláris hasonlósága, kiemelve a legmagasabb értékeket

Fajta 1	Fajta 2	Molekuláris hasonlóság (%)
		Legmagasabb értékek
Pinot blanc	Pinot gris	100,0
Rózsakő	Zeus	72,2
Pátia	Tramini	55,0
Irsai Olivér	Csabagyöngye	52,6
Generosa	Tramini	52,6
	Összevont kategóriák	Fajtapárok száma
	40,1 - 50,0	20
	30,1 - 40,0	41
	20,1 - 30,0	163
	10,1 - 20,0	361
	0,0 - 10,0	113

4.7.2. Fajtapárok morfológiai hasonlósága

A fajtapárok morfológiai hasonlósága 45,4% és 89,4% között változott (14. táblázat). A hasonlóság mértéke 48 fajtapár esetén meghaladta a 80,0%-ot. A fajtapárok nagy többsége (650 pár) 50,0-70,0% között változott, és 5 fajtapár mutatott 50,0% alatti hasonlóságot. Kiemelkedő volt a 'Pátia'/'Kabar' (89,4%) és a 'Trilla'/'Csillám' (87,0%) fajtapár hasonlósága, pedig ezeknél nem igazolható szülő utód jellegű kapcsolat. A 'Trilla'/'Csillám' fajtapár 29,6% molekuláris hasonlóságát ezzel összevetve megállapítható, hogy a morfológiai hasonlóság a molekuláris hasonlóságtól egész távol esik. Leszármazási kapcsolat a 'Pátia'/'Rozália' párnál található, itt a két fajta közös szülővel rendelkezik ('Olaszrizling'x'Tramini'). Megfigyelhető még a 14. táblázatban, hogy a 'Pátia' a 'Kabar' és a 'Pinot blanc' fajták morfológiai hasonlóság szempontjából hármas egységet képeznek. A két adatsort hasonlóság szerint sorba rendezve és a Spearman-féle rangkorreláció számítását elvégezve az eredményül kapott érték 0,06 lett. Ez gyakorlatilag a morfológiai és molekuláris adatok közötti rangsor kapcsolat hiányát jelenti. A szőlőfajtákkal végzett fajtapár összehasonlítás megerősíti azt a tény, mely szerint a morfológiai hasonlóság legtöbbször nem esik egybe a molekuláris hasonlósággal. Ha azonban a fajtapár hasonlóság értékelése során lényeges szempont a leszármazási viszony ismerete, akkor kiegészítő módszernek javasolható.

14. táblázat. Fajtapárok morfológiai hasonlósága

Fajta 1	Fajta 2	Morfológiai hasonlóság (%)
		Legmagasabb értékek
Pátia	Kabar	89,4
Pinot blanc	Pinot gris	88,6
Trilla	Csillám	87,0
Pátia	Pinot blanc	86,1
Kabar	Pinot blanc	85,3
Chasselas blanc	Csabagyöngye	85,0
Pátia	Rozália	83,0
	Összevont kategóriák	Fajtapárok száma
	80,1 -100,0	42
	70,1- 80,0	282
	60,1 - 70,0	281
	50,1 - 60,0	87
	40,1 - 50,0	5

A fajtapárok molekuláris és morfológiai hasonlóságát együttesen is elemeztem. A 15. táblázatban a kétféle hasonlósági érték alapján a fajtapárokat 4 csoportba soroltam az alábbiak szerint:

1. csoport: Nagy molekuláris és nagy morfológiai hasonlóság (egybeesés)

2. csoport: Nagy molekuláris és kis morfológiai hasonlóság (jelentős különбözőség)
3. csoport: Kis molekuláris és nagy morfológiai hasonlóság (jelentős különбözőség)
4. csoport: Kis molekuláris és kis morfológiai hasonlóság (egybeesés)

Nagyfokú hasonlóságot az átlag + szórás feletti értékek, a kismértékű hasonlóságot pedig az átlag–szórás alatti értékek jelentetik. Az átlag±szórás intervallumba eső fajtapárokat nem csoportosítottam. Az 1. csoportba sorolt fajtapároknál a párokat alkotó fajták származásuk szerint két kisebb csoportra bonthatóak a 15. táblázat eredménye alapján:

- Pinot eredetű fajták: ‘Pinot gris’, ‘Pinot blanc’, ‘Sauvignon blanc’ és ‘Chardonnay’
- Chasselas eredetű fajták: ‘Irsai Olivér’, ‘Csabagyöngye’ és ‘Zalagyöngye’.

Szülő utód kapcsolat a ‘Chardonnay’/‘Pinot blanc’, a ‘Csabagyöngye’/‘Irsai Olivér’, ‘Csabagyöngye’/‘Zalagyöngye’ fajtapároknál volt megfigyelhető.

A 2. csoportba sorolt párok morfológiailag igen hasonlóak, az SSR markerek alapján viszont különböztek egymástól. Néhány új keresztezésű fajta (‘Korona’, ‘Kabar’, ‘Trilla’, ‘Rozália’ ‘Odysseus’) párkombinációja tartozik ebbe a csoportba.

A 3. csoportban morfológiai különбözőség jelentős molekuláris hasonlósággal párosul. Itt a ‘Csillám’, az ‘Orpheus’, a ‘Furmint’, a ‘Hárslevelű’ és a ‘Jubileum 75’ alkotott több párt. Két pár esetén (‘Generosa’/‘Tramini’ és ‘Hárslevelű’/‘Kabar’) megfigyelhető szülő utód kapcsolat, ami igazolhatja a magas molekuláris hasonlóságot.

A 4. csoportban a ‘Taurus’, és a ‘Csabagyöngye’ fajták öt párkombinációban szerepelnek a ‘Budai’, a ‘Tramini’ és a ‘Zeus’ fajtákkal. A ‘Taurus’ interspecifikus fajta, mely vélhetően megőrizte a *Vitis amurensis* genetikai állományát és így jelentős molekuláris és morfológiai távolságot tart a többi vizsgált fajtától.

Az 1. és 4. csoportba tartozó fajtapárok esetében egybeesik a molekuláris és morfológiai hasonlóság szintje, amit az szülő–utód kapcsolatok, a fajták közös vagy teljesen eltérő eredete, illetve a fajkeresztesítés hatása magyaráz. A 2. és 3. csoportba sorolt fajtapárok rávilágítanak arra, hogy a morfológiai és molekuláris hasonlóság nagymértékben különbözhet. Ennek oka, hogy a morfológiai tulajdonságok kifejeződését meghatározó gének és az SSR marker gének egymástól függetlenül öröklődhetnek.

15. táblázat. Fehér borszőlő fajtapárok molekuláris és morfológiai hasonlóságainak csoportosítása

		MORFOLÓGIAILAG	
MOLEKULÁRISAN		hasonló	különböző
	hasonló	<i>Csoport (1)</i> Chardonnay Pinot blanc Chardonnay Pinot gris Chasselas blanc Irsai Olivér Csabagyöngye Chasselas blanc Csabagyöngye Irsai Olivér Csabagyöngye Zalagyöngye Kabar Pátria Odysseus Pinot blanc Pátria Pinot blanc Pátria Rozália Pelso Rozália Pinot blanc Pinot gris Pinot blanc Rozália Pinot blanc Sauvignon blanc Pinot gris Sauvignon blanc Rajnai rizling Tramini Sauvignon blanc Tramini	<i>Csoport (3)</i> Bianca Jubileum 75 Chasselas blanc Kövidinka Csillám Hárslevelű Csillám Jubileum 75 Furmint Korona Furmint Orpheus Generosa Tramini Hárslevelű Kabar Hárslevelű Korona Orpheus Hárslevelű Orpheus Kövidinka Orpheus Vulcanus
		<i>Csoport (2)</i> Chasselas blanc Taurus Ezerjő Rozália Göcseji zamatos Rozália Kabar Odysseus Kabar Rozália Korona Odysseus Korona Rozália Pinot blanc Trilla Pinot gris Trilla	<i>Csoport (4)</i> Csabagyöngye Tramini Csabagyöngye Zeus Taurus Budai Taurus Tramini Taurus Zeus

4.7.3. Szőlőfajták átlagos hasonlósági indexe

A fajtapárok vizsgálatánál egy-egy adott pár kombinációt jellemzett egy hasonlósági érték. Egy fajta összes párkombinációját együtt vizsgálva láthatóvá válik, hogy maga az adott fajta hogy viszonyul hasonlóság szempontjából a többihez. A fajták hasonlóságát az *átlagos hasonlósági index* fejezi ki, ami a fajta n-1 párkombinációhoz tartozó hasonlósági értékek átlaga. Nagy index érték azt jelenti, hogy az adott fajta sok másikkal van hasonlósági kapcsolatban. Egy adott csoportban az ilyen fajta akár az egész csoportot is reprezentálni tudja.

A molekuláris és morfológiai hasonlósági indexet fajtánként számítottam ki, majd az index értékeket csökkenő sorrendbe rendeztem úgy, hogy az azonos értékek azonos sorszámot kaptak. A fajtákat a molekuláris és morfológiai sorrend különbség alapján foglaltam táblázatba (16. táblázat). A molekuláris és morfológiai pozíció sorrend érdekes eredményt mutatott. A 'Furmint', az 'Ezerjő', a 'Generosa', a 'Zeus' és az 'Orpheus' fajták esetében jelentős (13-15 hely) különbség adódott a

molekuláris hasonlóság javára. Ez azt jelenti, hogy ezek a fajták molekulárisan sok másik fajtára hasonlítanak, de morfológiailag inkább a nagyobb távolságok jellemzőek. Ezzel szemben a Trilla', az 'Odysseus', a 'Rizlingszilváni' és a 'Rozália' fajtáknál fordított a helyzet, itt a különbség 20 és 25 hely között változott a morfológiai hasonlóság javára. Molekulárisan ezek a fajták jelentős távolságokkal rendelkeztek a többihez képest. A hasonlósági index alkalmas a fajták pozícionálására olyan szempontból, hogy a hasonlóság szempontjából centrális és perifériális jellegűnek lehet tekinteni az adott fajtát.

16. táblázat. Szőlőfajták molekuláris és morfológiai hasonlósági index különbségek szerinti sorrendje

Fajta	Molekuláris rangsor	Morfológiai rangsor	Rangsor különbség
Rozália	27	2	25
Odysseus	26	4	22
Rizlingszilváni	28	6	22
Trilla	29	9	20
Göcseji zamatos	30	13	17
Pelso	25	8	17
Kabar	18	3	15
Királyleányka	31	16	15
Chardonnay	19	7	12
Korona	17	5	12
Olaszrizling	17	5	12
Taurus	32	21	11
Csillám	21	12	9
Pátria	9	1	8
Szirén	24	16	8
Sauvignon blanc	20	13	7
Csabagyöngye	26	22	4
Leányka	15	11	4
Pinot blanc	7	3	4
Rajnai rizling	11	10	1
Villard blanc	24	25	-1
Zalagyöngye	23	24	-1
Irsai Olivér	15	17	-2
Bianca	15	19	-4
Budai	22	26	-4
Vulcanus	8	14	-6
Pinot gris	7	15	-8
Ezerjó	10	23	-13
Generosa	6	19	-13
Furmint	16	30	-14
Zeus	12	26	-14
Orpheus	14	29	-15
Chasselas blanc	2	18	-16
Kövidinka	13	32	-19
Rózsakő	1	20	-19
Jubileum 75	5	28	-23
Tramini	3	27	-24
Hárslevelű	4	31	-27

4.7.4. Molekuláris és morfológiai hasonlósági csoportok meghatározása klaszteranalízissel

A fajtapárok hasonlósági értékeiből kiindulva klaszteranalízissel alakítottam ki hasonló fajtacsoportokat. A klaszteranalízishez a divizív módszert alkalmaztam, mert ez egyértelműen elválasztotta a hasonlósági csoportokat. Az agglomeratív eljárás esetén a fokozatosan egybekapcsolódó klaszterek “szétvágása” ugyanis nehezebb feladat lett volna. A molekuláris és morfológiai hasonlósági mátrixokból kiindulva külön-külön klaszteranalízist végeztem. A klaszterek számát 4 és 12 között határoztam meg, mert ez az intervallum elég tág ahhoz, hogy jól nyomon követhető legyen a csoportok egyre nagyobb mértékű szétválása. Táblázatos formába a 4, a 8 és a 12 klaszteres megoldásokat rendeztem. A 4 klaszteres megoldásról megállapítható, hogy mindkét adatsornál még túl nagy csoportok keletkeztek. A 8 klaszteres megoldásnál már jól értelmezhetően szétdarabolódtak a hasonló csoportok. A klaszterszámot tovább növelve, a 12 klaszteres megoldásnál már csak a nagyon szoros kapcsolatban álló csoportok maradtak egybe. Mivel ezeket a csoportokat (klasztereket) már egyértelműen hasonlóknak lehet tekinteni, ezért ezt a megoldást tekintettem kiindulási pontnak az értékeléshez. A 12 klaszteres osztályozás esetén *nagyobb* (6-13 elemű) és *kisebb* méretű (2-4 elemű) csoportok, illetve *egyedi* fajták alkották a klasztereket. Látható az is a 17. táblázatban, hogy a két adatsor fajtacsoportjai között csak részleges az átfedés.

A molekuláris hasonlósági adatok klaszteranalízisének eredményeként két nagy csoport képződött, melyekben földrajzi eredet szerint jól szétváltak a fajták. Az 1. klaszterben főként nyugati típusú (*occidentalis*) fajták, a 4. klaszterben pedig pontuszi fajták találhatók. A 8 kisebb csoportról megállapítható, hogy jól tükrözték a szülő utód kapcsolatokat az alábbiak szerint:

- 2. klaszter: ‘Budai’ és ‘Kabar’ (nincs kapcsolat)
- 3. klaszter: ‘Csabagyöngye’, ‘Zalagyöngye’, ‘Irsai Olivér’ (‘Csabagyöngye’ utódok)
- 5. klaszter: ‘Zeus’, ‘Generosa’, ‘Ezerjő’, ‘Rózsakő’ (‘Ezerjő’ utódok)
- 6. klaszter: ‘Göcseji zamatos’, ‘Villard blanc’ (közvetlen szülő-utód kapcsolat)
- 7. klaszter: ‘Leányka’, ‘Királyleányka’ (közvetlen szülő-utód kapcsolat)
- 9. klaszter: ‘Pelso’, ‘Rozália’, ‘Olaszrizling’ (‘Olaszrizling’ utódok)
- 10. klaszter: ‘Rajnai rizling’, ‘Rizlingszilváni’ (közvetlen szülő-utód kapcsolat)
- 11. klaszter: ‘Szirén’ és ‘Trilla’ (nincs kapcsolat).

A ‘Szirén’-‘Trilla’ kapcsolat a 11. klaszterben, illetve a ‘Budai’-‘Kabar’ kapcsolat a 2. klaszterben nem magyarázható rokonsági viszonyal. A 8. klasztert az ‘Odysseus’, a 12. klasztert pedig a ‘Taurus’ önálló fajtaként képviselte. A 12. klaszterben a ‘Rizlingszilváni’ és a ‘Taurus’ hasonlóságát rokonsági szempontból semmi nem indokolja (17. táblázat).

17. táblázat. 38 szőlőfajta divizív klaszteranalízise molekuláris és morfológiai jellegre

Molekuláris Klaszterek				Morfológiai Klaszterek			
Klaszter sorszáma				Klaszter sorszáma			
Fajták	12 klaszter esetén	8 klaszter esetén	4 klaszter esetén	Fajták	12 klaszter esetén	8 klaszter esetén	4 klaszter esetén
Nagy csoportok				Nagy csoportok			
Bianca	1	1	1	Chardonnay	3	3	1
Chardonnay	1	1	1	Csillám	3	3	1
Jubileum75	1	1	1	Göcseji zamatos	3	3	1
Pátria	1	1	1	Kabar	3	3	1
Pinot blanc	1	1	1	Leányka	3	3	1
Pinot gris	1	1	1	Odysseus	3	3	1
Sauvignon blanc	1	1	1	Olaszrizling	3	3	1
Tramini	1	1	1	Pátria	3	3	1
Csillám	4	4	1	Pinot blanc	3	3	1
Chasselas blanc	4	4	1	Pinot gris	3	3	1
Furmint	4	4	1	Rozália	3	3	1
Hárslevelű	4	4	1	Szirén	3	3	1
Korona	4	4	1	Trilla	3	3	1
Kövidinka	4	4	1	Jubileum75	8	6	4
Orpheus	4	4	1	Pelso	8	6	4
Vulcanus	4	4	1	Rajnai rizling	8	6	4
Kis csoportok				Sauvignon blanc	8	6	4
Csabagyöngye	3	3	2	Tramini	8	6	4
Irsai Olivér	3	3	2	Zeus	8	6	4
Zalagyöngye	3	3	2	Kis csoportok			
Ezerjő	5	4	1	Bianca	1	1	1
Generosa	5	4	1	Korona	1	1	1
Rózsakő	5	4	1	Villard blanc	1	1	1
Zeus	5	4	1	Zalagyöngye	1	1	1
Olaszrizling	9	1	1	Csabagyöngye	4	1	1
Pelso	9	1	1	Chasselas blanc	4	1	1
Rozália	9	1	1	Irsai Olivér	4	1	1
Budai	2	2	2	Taurus	4	1	1
Kabar	2	2	2	Budai	2	2	2
Göcseji zamatos	6	3	2	Ezerjő	2	2	2
Villard blanc	6	3	2	Rózsakő	2	2	2
Szirén	11	7	2	Rizlingszilváni	12	3	1
Trilla	11	7	2	Vulcanus	12	3	1
Királyleányka	7	5	3	Egyedi fajták			
Leányka	7	5	3	Furmint	5	2	2
Rajnai rizling	10	6	3	Hárslevelű	7	5	2
Rizlingszilváni	10	6	3	Kövidinka	10	7	2
Egyedi fajták				Generosa	6	4	3
Taurus	12	8	4	Királyleányka	9	4	3
Odysseus	8	1	1	Orpheus	11	8	3

A morfológiai hasonlóság klaszter elemzése két nagyobb csoportot (3. és 8. klaszter), 4 kisebb csoportot (1, 2, 4, 12. klaszter) és 6 egyedi fajtát eredményezett. A 3. klaszterben vegyes szülő utód kapcsolatú és földrajzi eredetű fajták együtt jelentek meg. A 'Pinot gris' vagy 'Chardonnay' fajták a nyugati (occidentális) fajtakörbe tartoznak a 'Leányka' viszont pontuszi eredetű. A 'Pátria', a

'Rozália' az egyik szülőjével az 'Olaszrizlinggel' együtt található. A másik nagy csoport a 8. klaszter is heterogénnek tekinthető szülő utód kapcsolat szempontjából. A 'Rajnai rizling'- 'Sauvignon blanc'- 'Tramini' hármas még érthető együttállása mellett a 'Pelso' és a 'Jubileum 75' fajták valóban csak morfológiai bélyegek hasonlósága alapján kerültek egy klaszterbe.

A kisebb fajtacsoportot az 1. 2. 4. és 12. klaszterek alkották. Az 1. klaszterben a morfológiai hasonlóságot részben visszaigazolja a fajták rokonsága, mert a 'Bianca' és a 'Zalagyöngye' egyaránt a 'Villard blanc' leszármazottja. A 4. klaszter is hasonló képet mutat, itt a 'Taurust' leszámítva a 'Csabagyöngye' és az 'Irsai Olivér' egyaránt 'Chasselas blanc' leszármazott. A 2. klaszter három fajtája is egységesen pontuszi eredetű. Az egyedi fajták érdekes képet mutatnak. A 'Furmint', a 'Hárslevelű' és a 'Kövidinka' a hasonló eredetű 'Budai' és 'Ezerjő' fajtákkal egy csoportot alkotott, 4 klaszter esetén. Ezt követően a csoportszám növelésével egyedi fajtákká váltak. A 'Generosa', 'Orpheus' és 'Királyleányka' fajták a 4 klaszteres bontás esetén még önálló klasztert alkottak, majd a csoportszám növelésével önállókká váltak. (17. táblázat)

A fajták közötti molekuláris hasonlóság elemzése új irányt jelenthet a módszertani fejlesztés terén. A fajták közötti hasonlóság megállapítása gyors és egyszerű folyamat, érdemes megállapítani annak ellenére, hogy a morfológiai és molekuláris hasonlóság alapvetően más genetikai hátteret feltételez. A morfológiai alapú vizsgálat ugyanis nem veszi figyelembe a származási hasonlóságot, amit a molekuláris eredmények egyértelműbben igazolhatnak vissza.

4.8. Fajtaleírás mátrix alkalmazása a DUS megkülönböztethetőség vizsgálatában

A megkülönböztethetőséget a fajtapár kalkulált távolság értéke és a megkülönböztethetőségi küszöbérték viszonya határozza meg. A gyakorlati vizsgálatok során minden egyes vizsgált tulajdonság esetén külön-külön állapítjuk meg a megkülönböztethetőséget úgy, hogy a kifejeződési fokozatok közti különbségeket egyesével viszonyítjuk egy meghatározott küszöbértékhez ($d_{\text{küszöb}}$). Eszerint, ha egy tulajdonságnál a kifejeződési fokozat különbség eléri a küszöbérték szintjét, akkor a fajtapárt megkülönböztethető. A megkülönböztethetőséget tehát minden esetben a megválasztott küszöbérték nagysága határozza meg. A fajtaleírás mátrixot a megkülönböztethetőségi küszöb vizsgálatára, a megkülönböztethetőség „finomhangolására” alkalmaztam.

4.8.1. A küszöbérték változtatásának hatása az őszibúza megkülönböztethetőségre a hasonlóság függvényében

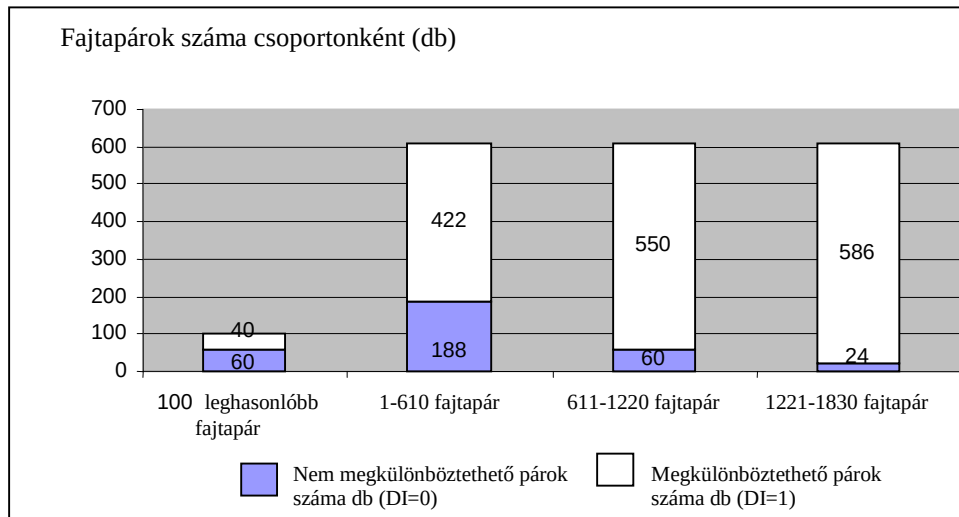
Az elemzésben három $d_{\text{küszöb}}$ érték alkalmazásának hatását vizsgáltam a fajtapárok megkülönböztethetőségére. Modellnövény az őszibúza volt, a kiindulási fajtaleírás mátrix 61

fajtából és 20 mennyiségi DUS tulajdonságból állt (8. melléklet). A 20 vizsgált DUS tulajdonság ábrákon (x tengelyen) alkalmazott kódolása a következő volt:

- | | |
|---|---|
| 1. csíra antociánossága | 11. kalász tömörsége |
| 2. növekedési típus | 12. kalász hossza |
| 3. visszahajló zászlóslevelű növények gyakorisága | 13. szálka/szálkacsonk hossza |
| 4. kalászképződés ideje | 14. legfelső orsótag konvex oldal szőrözöttsége |
| 5. levélhüvely viaszossága | 15. kalászkapelyva váll szélessége |
| 6. levéllemez viaszossága | 16. kalászkapelyva váll alakja |
| 7. kalász viaszossága | 17. kalászkapelyva fog hossza |
| 8. kalásztartó szártag viaszosság | 18. kalászkapelyva fog alakja |
| 9. növény magasság | 19. kalászkapelyva belső szőrözöttség |
| 10. szalmaszár bélvastagsága | 20. szem fenolos elszíneződése |

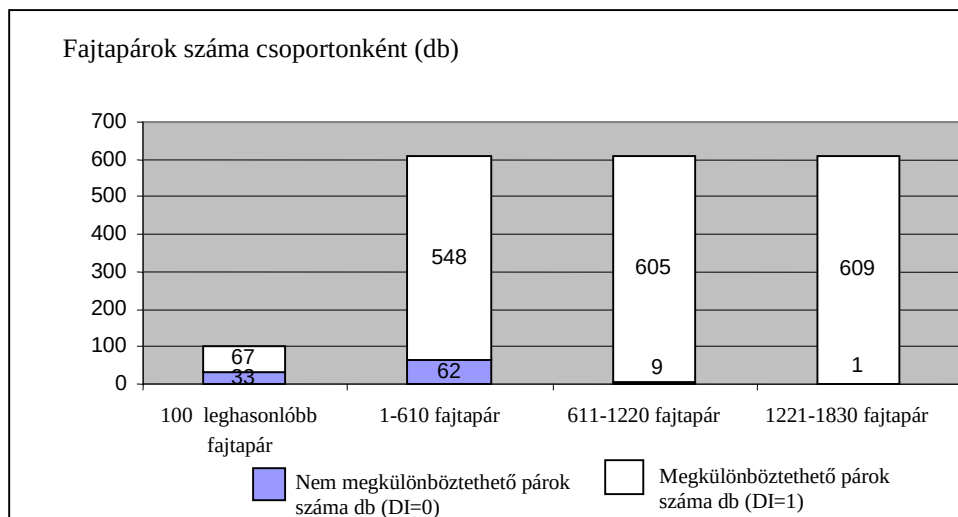
A fajtavizsgálatok során a $d_{\text{küszöb}}$ megkülönböztethetőségi küszöbértéket tulajdonságonként egyedileg kell meghatározni. Az elemzés első részében az egyszerűség kedvéért a $d_{\text{küszöb}}$ értékét egységesnek vettem minden tulajdonságra. Ez a különbség az általános összefüggések feltárását azonban nem zavarta. A fajtapárokat akkor tekintettem egymástól megkülönböztethetőnek, ha a kifejeződési fokozat értékek különbsége minden tulajdonságnál meghaladta a küszöbérték szintjét.

Az alkalmazott képlet: $|dx_i - dx_j| \geq d_{\text{küszöb}}$, ahol dx az adott tulajdonságra jellemző kifejeződési fokozat érték i és j fajtapár esetén. A nem megkülönböztethető fajtapárokat NMF rövidítéssel jelöltem. Mivel az őszibúza fajtavizsgálat a tapasztalati $d_{\text{küszöb}}=3$ küszöbértéket alkalmazza leggyakrabban, ezért az elemzésben ezt tekintettem kiindulási állapotnak. A modellekben a $d_{\text{küszöb}}=3$ mellett a $d_{\text{küszöb}}=2$ és a $d_{\text{küszöb}}=4$ értékeket választottam az elemzés tárgyának. Az első esetben a küszöbértéket minden tulajdonságnál $d_{\text{küszöb}}=4$ értékre állítottam. Ez a feltétel azt jelentette, hogy adott fajtapár esetén legalább négy kifejeződési fokozat különbség kellett a megkülönböztethetőséghez. A páros összehasonlítást elvégezve a megkülönböztethető fajtapárokhoz $DI=1$ értéket, a nem megkülönböztethető fajtapárokhoz $DI=0$ értéket rendeltem. Ilyen feltétel mellett a 36. ábrán látható, hogy az első leghasonlóbb 610 párból 188 pár (30 %) volt nem megkülönböztethető. Ebből a csoportból a 100 leghasonlóbb fajtapárt kiemelve viszont ez az arány duplájára, 60%-ra nőtt. A második csoportot a közepes hasonlóságú fajtapárok alkották, itt a nem megkülönböztethető fajtapárok száma 60 volt. A harmadik csoport (1221-1830 fajtapárok) a legkevésbé hasonlóak, ennél a csoportnál a nem megkülönböztethető fajtapárok száma a legalacsonyabbnak adódott (24 db). Az arányokból jól látszik, hogy a nem megkülönböztethető párok a leghasonlóbbak között sokkal gyakrabban fordultak elő.



36. ábra. A fajtapárok megkülönböztethetősége $d_{\text{küszöb}}=4$ értéknél

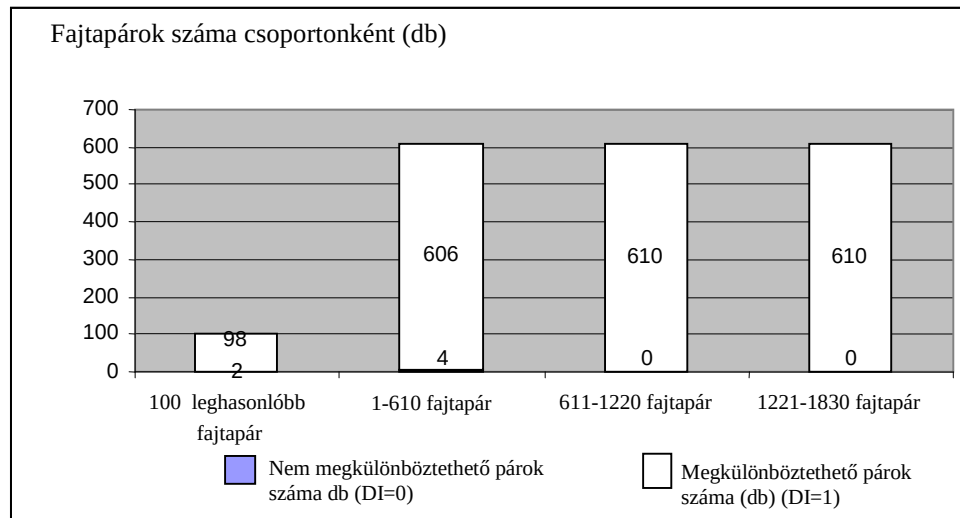
A második esetben a küszöbértéket 3-ra állítottam. Ebben az esetben jelentős változást figyelhető meg a megkülönböztethető és nem megkülönböztethető párok viszonyában. A leghasonlóbb első harmad (610 pár) vonatkozásában jelentős csökkenés látható, mivel a megkülönböztethetetlen párok száma már csak 62 darab (10%) lett. A még szűkebb részben a 100 leghasonlóbb fajtapárnál pedig 33 pár volt nem megkülönböztethető. A második (611-1220) és harmadik (1221-1830) harmadban a megkülönböztethetetlen párok aránya $d_{\text{küszöb}}=3$ esetén már minimálisra csökkent (9 pár, illetve 1 pár) (37. ábra).



37. ábra. A fajtapárok megkülönböztethetősége $d_{\text{küszöb}}=3$ értéknél

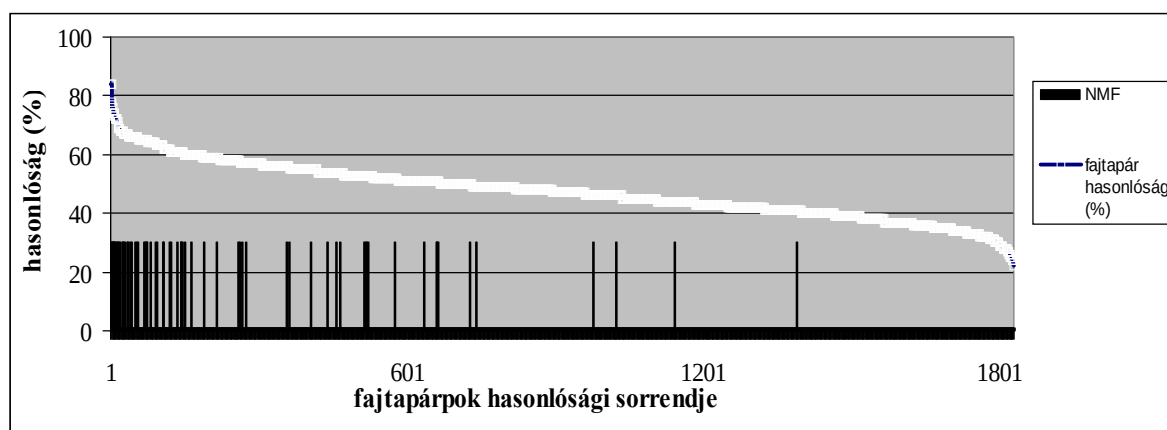
A harmadik esetben a küszöbértéket tovább csökkentettem 2-re. Itt a megkülönböztethetőséghez szükséges és elégséges volt legalább egy tulajdonságnál két kifejeződési fokozat különbség. A 38. ábrán az első oszlopban a leghasonlóbb 610 pár esetében már csak 4 megkülönböztethetetlen pár

maradt, melyből 2 pár a 100 leghasonlóbb fajtapár között volt. A másik két hasonlósági csoportban egyáltalán nem maradt megkülönböztethetetlen fajtapár.



38. ábra. A fajtapárok megkülönböztethetősége $d_{\text{küszöb}}=2$ értéknél

A 39. ábra a nem megkülönböztethető fajtapárok eloszlási gyakoriságát (felső kék görbe) és a sorba rendezett nem megkülönböztethető fajtapárok eloszlását mutatja be. Az ábra jól szemlélteti azt a kiindulási feltételezést, hogy a megkülönböztethetetlen párok a leghasonlóbbak köré koncentrálnak. A fajtakísérleti munka során érdemes tehát részletesen megvizsgálni azon konkrét eseteket, ahol a megkülönböztethető fajtapárok a leghasonlóbb fajtapárok közé esnek (pl. $s\% > 70$ és $DI=1$).



39. ábra. Nem megkülönböztethető fajtapárok gyakorisági eloszlása a hasonlóság ($s\%$) függvényében ($d_{\text{küszöb}}=3$) esetén

4.8.2. Homogén küszöbvektor vizsgálata

Ha a küszöbvektor csak egyféle $d_{\text{küszöb}}$ értékből áll, akkor a küszöbvektor homogén, ha több értékből áll, akkor heterogén típusú. A kétféle küszöbvektorra egyszerű értelmező példát a 18. táblázat mutat be. A küszöbvektorok elemzéséhez továbbra is őszibúza DUS fajtaleírásokat vettem alapul. A rendelkezésre álló őszibúza DUS fajtaleírás mátrix adatállományából kiemeltem két jellemző fajtacsoportot. Az egyik adatállomány a Martonvásáron nemesített fajtákból (Mv), a másik pedig a Szegeden nemesített fajtákból (Gk) állt. A vizsgált tulajdonságokhoz tartozó $d_{\text{küszöb}}$ megkülönböztethetőségi küszöbértékek együttesen egy $D_{\text{küszöb}}$ küszöbvektort alkotnak.

18. táblázat. Példa homogén és heterogén küszöbvektorra

DUS tulajdonság	homogén küszöbvektor	heterogén küszöbvektor
kalászföld ideje	3	4
levélhüvely viaszossága	3	3
levéllemez viaszossága	3	3
kalász viaszossága	3	4
kalásztartó szártag viaszossága	3	4

A megkülönböztethetőség megállapítását $D_{\text{küszöb}}=1$ és 7 közötti küszöbvektorokkal végeztem el. A küszöbvektoronkénti NMF számokat és ezek arányát a 19. táblázat mutatja be.

19. táblázat. A nem megkülönböztethető fajtapárok száma és aránya a GK és MV fajtáknál $D_{\text{küszöb}}=1-7$ küszöbvektor alkalmazása esetén

A $D \times x$ küszöbvektor értéke	Nem megkülönböztethető fajták száma a GK fajtáknál (db)	Nem megkülönböztethető fajtapárok aránya a GK fajtáknál (%)	Nem megkülönböztethető fajták száma az MV fajtáknál (db)	Nem megkülönböztethető fajtapárok aránya az MV fajtáknál (%)
1	0	0	0	0
2	0	0	2	0
3	15	0,9	24	3,4
4	43	7,5	43	11,7
5	47	22,8	49	37,8
6	49	46,3	49	58,3
7	50	72	50	76,9

Az eredmények alapján a $D_{\text{küszöb}}=1$ és $D_{\text{küszöb}}=2$ küszöbvektor esetén gyakorlatilag minden fajtapár megkülönböztethető volt. A $D_{\text{küszöb}}=3$ küszöbvektor esetén kezdenek ténylegesen megjelenni a NMF-ok. Ebben az esetben és a $D_{\text{küszöb}}=4$ esetén mindkét fajtakörnél a NMF arány megfelelően kezelhető szintű. A $D_{\text{küszöb}}=7$ esetén a fajtapárok 72%-a már nem megkülönböztethető.

Azonban, ha a fajtapárok mellett a nem megkülönböztethető fajták számát is figyelembe veszem, akkor a $D_{\text{küszöb}}=4$ esetében a fajtaszámban bekövetkező ugrás olyan nagymértékű volt, (15-

ről 43 darabra a szegedi fajtnál, illetve 24-ről 43 darabra a martonvásári fajtnál), hogy a $d_{\text{küszöb}}=4$ küszöbértékek gyakorlati alkalmazása szinte lehetetlen. A táblázat utolsó sorában szereplő $D_{\text{küszöb}}=7$ küszöbvektor esetén a 942 darab NMF-ban (72%) már mind az 50 fajta valamely párkombinációban szerepelt.

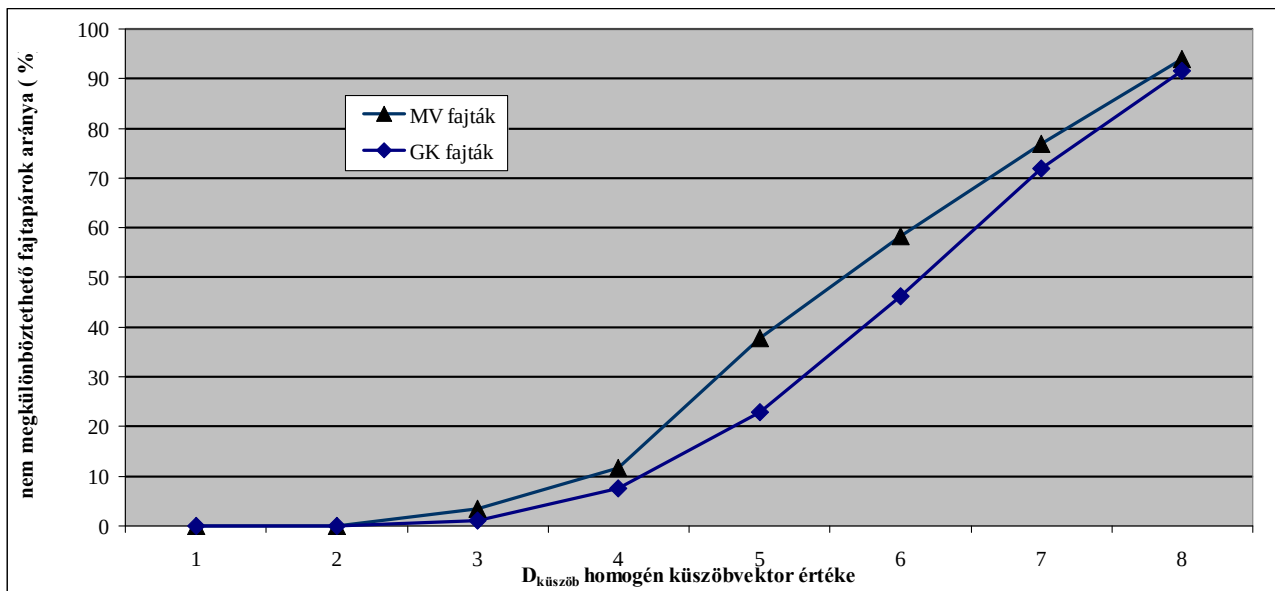
A 19. táblázat eredménye jól visszatükrözi azt a gyakorlati alkalmazást, mely szerint a $D_{\text{küszöb}}=3$ küszöbvektor tekinthető az őszibúza megkülönböztethetőség megállapításához optimális értéknek. A $D_{\text{küszöb}}=3$ küszöbvektor szintje alatt nehéz NMF-t találni, $D_{\text{küszöb}}=4$ érték felett pedig a nem megkülönböztethető fajták nagy száma kezelhetetlen kísérleti szempontból.

A martonvásári fajta esetében a $D_{\text{küszöb}}$ küszöbvektor növelésével a NMF növekedési üteme gyorsabbnak bizonyult. Ennek magyarázata, hogy az 50 vizsgált martonvásári fajta összességében egymáshoz hasonlóbb volt a szegedi fajtakörhöz képest. Ezt a tényt alátámasztja az is, hogy a vizsgált 20 DUS tulajdonságnál a tényleges kifejeződési fokozat tartományok összegét az MV fajtnál kisebbnek találtam. Az összegzéshez alkalmazott számítási módszer:

$$\text{MV fajta esetén: } \sum_{i=1}^{20} x_i = 113$$

$$\text{GK fajta esetén: } \sum_{i=1}^{20} x_i = 122 \quad \text{ahol } x_i = x_{i \text{ max}} - x_{i \text{ min}}.$$

Az x_i érték az i -edik tulajdonság kifejeződési fokozat értékét jelenti. A NMF aránya a $D_{\text{küszöb}}$ függvényében vonaldiagrammal ábrázolva látható, hogy a két görbe hasonló képet mutat, amit a két függvény értékeinek korrelációja ($r=0,986$) is megerősít (40. ábra). Az eredmények alapján megállapítható, hogy a $D_{\text{küszöb}}$ küszöbvektor növelése esetén a NMF számának alakulása szempontjából a két vizsgált adatállomány közel azonos módon viselkedett. A függvény alakja úgy változik, hogy a küszöbértékek növelése a megkülönböztethető fajtapárok számát csökkenti, a nem megkülönböztethetőek számát pedig növeli. A homogén küszöbvektorok alkalmazásának jelentősége, hogy bármely vizsgált fajnál általános képet kaphatunk a NMF számának várható alakulásáról az összes vizsgált tulajdonságot együtt kezelve.

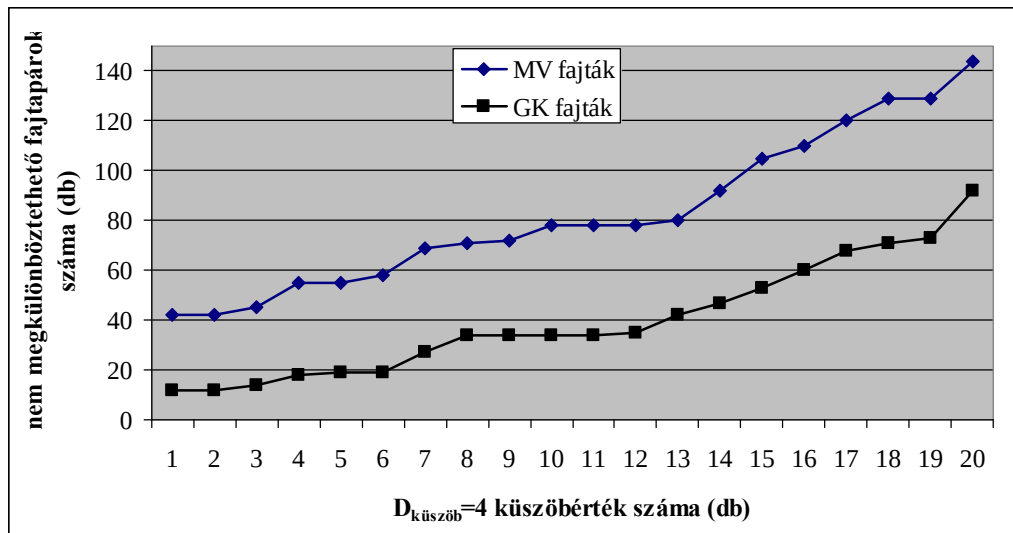


40. ábra. A nem megkülönböztethető fajtapárok aránya a $D_{\text{küszöb}}$ homogén küszöbvektor függvényében GK fajták és MV fajták esetén

4.8.3. Heterogén küszöbvektorok vizsgálata a küszöbérték kumulatív növelésével

A homogén küszöbvektorok alkalmazása a megkülönböztethetőség mértékének és arányának kalibrálásához nyújtott segítséget. A heterogén küszöbvektor alkalmazásával a DUS tulajdonságokat egyedileg lehet vizsgálni. Először a $D_{\text{küszöb}} = 3 \rightarrow D_{\text{küszöb}} = 4$ átmenet alakulását elemeztem a $d_{\text{küszöb}}$ értékek kumulatív növelésével. A kumulatív növelés azt jelentette, hogy a $D_{\text{küszöb}} = 3$ kiindulási küszöbvektort alkotó 20 darab tulajdonságonkénti $d_{\text{küszöb}}$ értéket egyesével növeltem 3-ról 4-re.

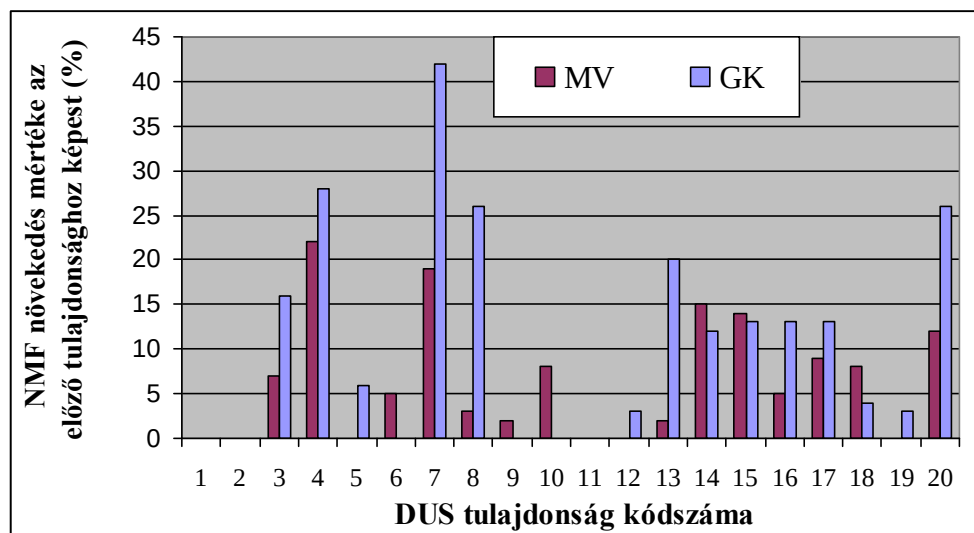
Így, a $D_{\text{küszöb}} = 3$ -es szintről a 20 küszöbvektor alkalmazásával eljutva a $D_{\text{küszöb}} = 4$ szintig, minden egyes köztes küszöbvektor kombináció esetén meghatároztam a hozzá tartozó NMF számot. Az eredmény azt mutatta, hogy az MV fajtáknál 1 darab $d_{\text{küszöb}} = 4$ küszöbértékhez tartozó 42 darab NMF-től a 20 darab $d_{\text{küszöb}} = 4$ küszöbértékhez tartozó 144 darab NMF-ig lehetett eljutni. Ugyanezt a GK fajták esetében is kiszámítva 14 darab NMF-től 92 darab NMF-ig jutottam. A NMF számokat tulajdonságonként ábrázolva látható, hogy a két görbe közel párhuzamosan egymás alatt fut (41. ábra).



41. ábra. A nem megkülönböztethető fajtapárok száma $D_{\text{küszöb}}=3-4$ kumulatív küszöbvektor alkalmazása esetén a GK és MV fajtáknál

A NMF változást az adott tulajdonságot megelőző tulajdonsághoz viszonyítva látható, hogy mely tulajdonságoknál jelentett a $d_{\text{küszöb}}$ érték növelése kiugró NMF % változást (42. ábra).

A GK fajtáknál a küszöbérték 3-ról 4-re növelése a 4. 7. 8. 13. és 20. tulajdonságoknál, az MV fajtáknál pedig a 4. és 7. tulajdonságoknál eredményezett kiemelkedőnek tekinthető NMF szám változást. A *kalászföldes ideje* (4.) és a *kalász viaszossága* (7.) tehát olyan DUS tulajdonságok, amelyeknél a küszöbérték megválasztása jelentősen befolyásolja mindkét fajtacsoportnál a megkülönböztethetőséget.

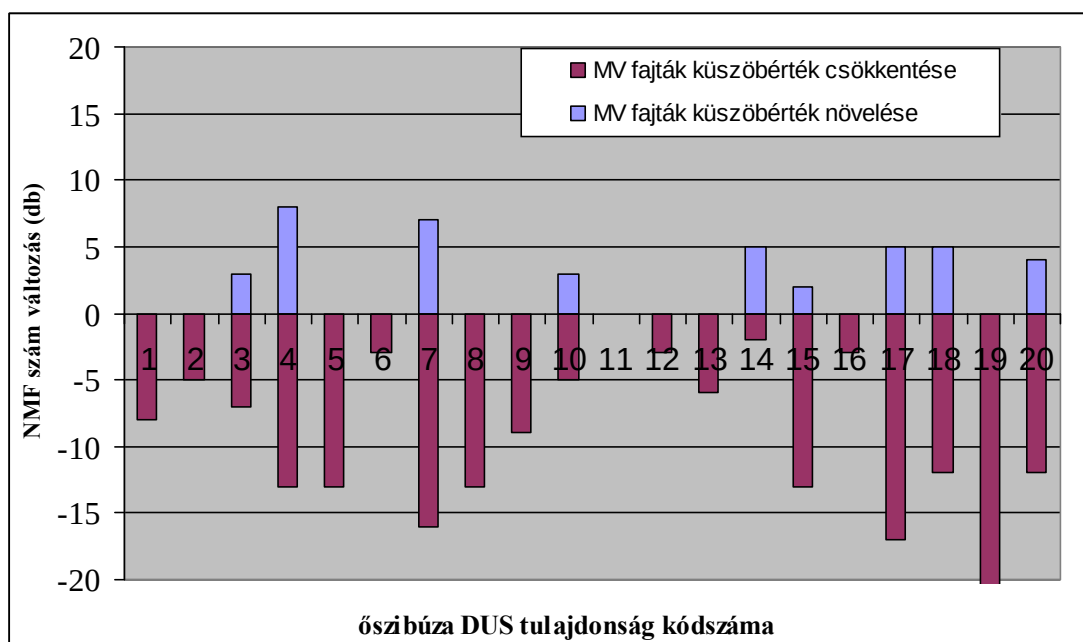


42. ábra. A nem megkülönböztethető fajtapárok számának változása a megelőző tulajdonsághoz képest $D_{\text{küszöb}}=3-4$ esetén

4.8.4. Heterogén küszöbvektorok vizsgálata a küszöbérték csökkentésével és növelésével

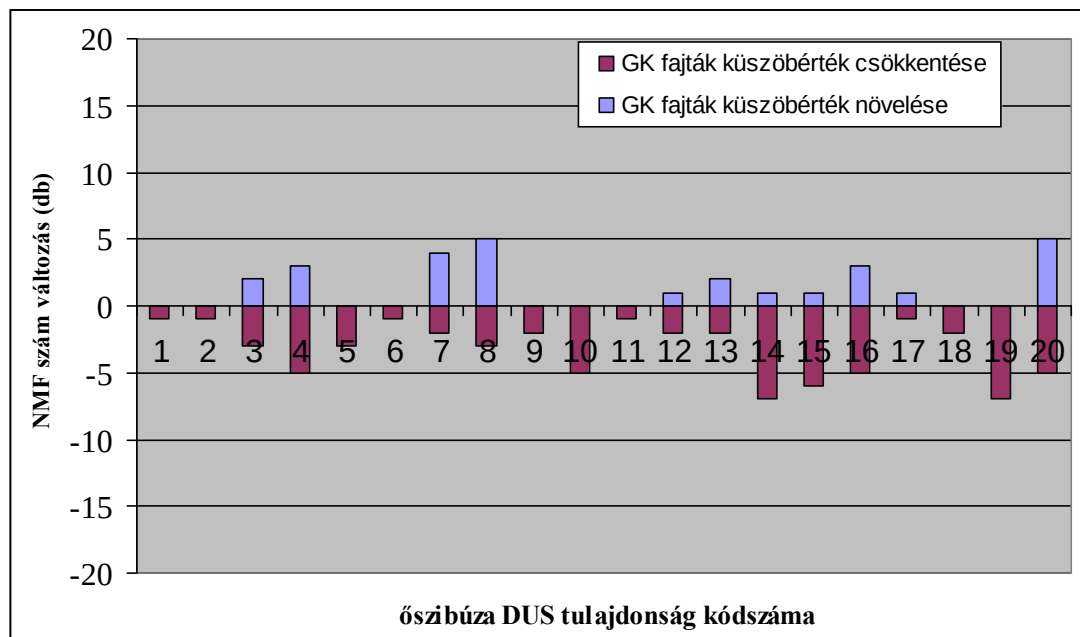
A második esetben a kiindulási küszöbvektor 3-as értékeit minden egyes tulajdonságnál először 2-re, majd 4-re cseréltem. Az adott $D_{\text{küszöb}}$ alkalmazásával a NMF szám alakulása jelezte, hogy a vizsgált tulajdonság miként reagált a $d_{\text{küszöb}}$ változtatására.

A 43. és 44. ábrán tulajdonságonként láthatóak a NMF arányok. A küszöbérték növelése NMF arány-növekedést, a küszöbérték csökkentése pedig NMF arány csökkenést jelent. A 43. ábra bemutatja, hogy az MV fajták esetén az egyes tulajdonságoknál a $d_{\text{küszöb}}$ küszöbérték növelése, illetve csökkentése milyen mértékben növelte a NMF számát a kiindulási $D_{\text{küszöb}}=3$ alapesethez képest. A $d_{\text{küszöb}}$ küszöbérték növelése 9 tulajdonságnál NMF növekedést, 19 tulajdonságnál pedig csökkenést eredményezett. Jól látható, hogy a küszöbérték csökkentésére a tulajdonságok sokkal nagyobb mértékben reagáltak, mint a küszöbérték növelésére. Megállapítható továbbá, hogy a *kalász tömötsége (11.)* tulajdonságnál a küszöbérték változtatása egyáltalán nem eredményezett NMF szám változást.



43. ábra. A nem megkülönböztethető fajtapárok száma $D_{\text{küszöb}}=3$ vektor ± 1 értékkel történő változtatása esetén az MV fajtáknál

A 44. ábrán látható, hogy a GK fajtáknál 11 tulajdonság esetében tapasztalható NMF szám növekedés a $d_{\text{küszöb}}=4$, és 20 tulajdonságnál NMF csökkenés a $d_{\text{küszöb}}=2$ alkalmazása esetén.



44. ábra. A nem megkülönböztethető fajtapárok száma $D_{\text{küszöb}}=3$ vektor ± 1 értékkel történő változtatása esetén a GK fajtáknál

A két adatállomány összevetése alapján megállapítható, hogy a küszöbérték növelése egyik adatállomány esetén sem eredményezett egyértelmű és általános NMF növekedést. A küszöbérték csökkentése ezzel szemben egy tulajdonságot leszámítva minden esetben látható változást eredményezett a NMF számában. A küszöbérték csökkentésre a NMF szám két tulajdonság kivételével nagyobb mértékben változott, mint annak növelésére. Az is megállapítható továbbá, hogy a GK fajták NMF arányának változása nagyobb mértékű, mint az MV fajták esetében.

Az egyes tulajdonságokat külön-külön tekintve néhány hasonlóság és különbség megfigyelhető a két fajtakör között. A *kalászkolász ideje* (4.), a *kalász viaszossága* (7.), a *kalászkapelyva belső szőrözöttsége* (19.) és a *szem fenolos elszíneződése* (20.) tulajdonságok bizonyultak a küszöbérték változtatásra legérzékenyebbeknek. Mivel a $d_{\text{küszöb}}$ küszöbérték a fajták páros összehasonlításában a kifejeződési fokozatok közötti különbségen alapul, ezért ahol a küszöbérték változtatása, vagyis a kifejeződési fokozatok különbségének nagysága jelentősen befolyásolhatja a megkülönböztethetőséget, ott a kifejeződési fokozat megállapítása nagy jelentőséggel bír. A *csíra antociánossága* (1.), a *növekedési típus* (2.), a *levéllemez viaszossága* (6.) és a *kalász tömötsége* (11.) tulajdonságok az előzőekkel ellentétben elég stabilnak mutatkoztak.

Az alkalmazott módszer segítségével a két fajtakör közötti DUS tulajdonságban rejlő különbség feltárására is lehetőség adódott. A legszembevetőbb különbségek a *kalásztartó szártag viaszossága* (8.), a *szalmaszár bélvastagsága* (10.), a *legfelső orsótag konvex oldal szőrözöttsége* (14.), a *kalászkapelyva váll alakja* (16.) és a *kalászkapelyva fog alakja* (18.) tulajdonságok között

mutakoztak. A két fajtakör 20 értékelt DUS tulajdonsága a változtatásra való érzékenysége alapján az alábbi osztályozás szerint csoportosítható:

- A) Egyáltalán nem érzékeny
- B) Csak csökkentésre érzékeny
- C) Mindkettőre érzékeny, de a csökkentésre jobban
- D) Mindkettőre érzékeny, de a növelésre jobban
- E) Mindkettőre erősen érzékeny

Az egyes nevesített tulajdonságokra vonatkozó kategóriákat a 20. táblázat mutatja be külön a GK és MV fajtákra.

20. táblázat. Őszibúza 20 DUS tulajdonságának érzékenységi kategóriái a küszöbérték változtatása alapján GK és MV fajták esetén

DUS tulajdonság	Kategória GK 1-10	Kategória MV 1-10	DUS tulajdonság	Kategória GK 11-20	Kategória MV 11-20
1. csíra antociánossága	B	B	11. kalász tömötsége	B	A
2. növekedési típus	B	B	12. kalász hossza	C	B
3. visszahajló zászlóslevelű növények gyakorisága	C	C	13. szálka/szálkacsonk hossza	E	B
4. kalászföldes ideje	C	C	14. legfelső orsótag konvex oldal szőrözöttsége	C	D
5. levélhüvely viaszossága	B	B	15. kalászkapelyva váll szélessége	C	C
6. levéllemez viaszossága	B	B	16. kalászkapelyva váll alakja	C	B
7. kalász viaszossága	D	C	17. kalászkapelyva fog hossza	E	C
8. kalásztartó szártag viaszosság	D	B	18. kalászkapelyva fog alakja	B	C
9. növény magasság	B	B	19. kalászkapelyva belső szőrözöttség	B	B
10. szalmaszár bélvastagsága	B	C	20. szem fenolos elszíneződése	E	C

4.9. Új tudományos eredmények

Kutatómunkám során az alábbi új tudományos eredményeket értem el:

1. Igazoltam, hogy a DUS tulajdonságok közötti kapcsolat a fajtaleírás mátrix oszlopainak korreláció analízisével jól feltárható, ez a statisztikai módszer alkalmas a szorosan kapcsolt DUS tulajdonságok azonosítására.
2. A kifejeződési fokozatok gyakorisági eloszlásának elemzésével igazoltam, hogy az eloszlási hisztogramok alapján megállapítható az adott tulajdonság gyakorlati alkalmazhatósága. Az eloszlások értékelése a DUS vizsgálati irányelv fejlesztését hatékonyan segíti.
3. Véletlenszámos kontroll mátrix továbbfejlesztésével bizonyítottam, hogy a kifejeződési fokozatok értelmezési tartományának, eloszlás és adattípusának változtatása jelentősen befolyásolja a fajtapár távolságok gyakorisági eloszlását, és a kapott hisztogramok statisztikai paraméterei számszerűsített referenciát jelentenek a DUS fajtaleírás mátrixok értékeléséhez.
4. Kidolgoztam a DUS fajtaleírás mátrix véletlenszerűen oszlopkevert változatát, amely a véletlenszámos kontroll mátrix továbbfejlesztett változataként hozzájárul a hasonló fajtapárok pontosabb kimutatásához.
5. Példák segítségével igazoltam, hogy a hasonlósági csoportokat tartalmazó véletlenszámos fajtaleírás mátrix hisztogramja és a klaszteranalízissel kapott dendrogram között jól értelmezhető kapcsolat van, és a kifejlesztett fajtapáros ábrázolási módszer külön információt is szolgáltat a klaszteranalízis eredményéhez.
6. Meghatároztam 38 fehér borszőlő fajta molekuláris és morfológiai hasonlóságát. A morfológiai és molekuláris hasonlóság vonatkozásában megerősítettem, hogy azok összességében nem korrelálnak egymással, azonban fajtapártól függően egybeesés és jelentős különbség is adódhat. A bevezetett átlagos hasonlósági index segítségével jellemeztem a fajták hasonlósági pozícióját.
7. Munkámban igazoltam, hogy a fajtapárok hasonlóságának növekedésével a nem megkülönböztethető fajtapárok száma a küszöbérték megválasztás függvényében jelentősen növekedhet, továbbá a megkülönböztethetőségi küszöbérték tulajdonságonkénti változtatása eltérően befolyásolja a nem megkülönböztethető fajtapárok számát, ami alapján az egyes DUS tulajdonságokat kategorizálni tudtam.

5. KÖVETKEZTETÉSEK ÉS JAVASLATOK

A DUS vizsgálat a növényfajták állami elismerése vagy fajtaoltalma céljából végzett kisparcellás fajtaösszehasonlító vizsgálat, amelynek eredményeként minden új fajtára elkészül a fajta számszerűsített leírása. A morfológiai tulajdonságok kifejeződési fokozataira épülő fajtaleírásnak a *hasonlósági vizsgálatban* és a *megkülönböztethetőség* megállapításában egyaránt fontos szerepe van. Az évek alatt elkészített fajtaleírások mátrixba rendezhetőek, amelyek kellő számú fajta és tulajdonság esetén alkalmasak statisztikai elemzésre. A DUS vizsgálatok hatékonyságának növelése érdekében a kísérletek tervezéséhez, a vizsgálati irányelv fejlesztéséhez, a fajták közötti hasonlóság megismeréséhez és a megkülönböztethetőség pontos meghatározásához több módszertani fejlesztést javasoltam.

A DUS vizsgálati irányelv összeállításának és időszaki felülvizsgálatának lényeges kérdései a felvételezésre kerülő morfológiai tulajdonságok, a hozzájuk tartozó kifejeződési fokozatok és azok értékelése, továbbá a példafajták meghatározása. A fajtaleírás mátrix oszlopait alkotó tulajdonságok közötti kapcsolat megfelelő számú vizsgált fajta esetén korreláció analízis segítségével megállapítható. A tulajdonságok erős – 70 % feletti - korrelációja esetén célszerű eldönteni, hogy szükséges-e az ilyen tulajdonságok együttes alkalmazása. Több tulajdonság együttes korrelációja esetén az összeadódó hatás kiszűrése érdekében javasolt a parciális korreláció számítás elvégzése, így láthatóvá válik a tulajdonságok közötti tényleges korreláció. A korreláció analízis alkalmazását az UPOV szakmai munkabizottsága részére is érdemes lesz javasolni, mert általánosan, számos növényfaj esetében alkalmazható módszer a DUS tulajdonságok felülvizsgálata során.

A morfológiai tulajdonságok közötti kapcsolat vizsgálata mellett lényeges kérdés a tulajdonságon belüli *kifejeződési fokozat értékek eloszlásának* vizsgálata is. Őszibúza fajtaleírás mátrixot vizsgálva tulajdonságonként a kifejeződési fokozatok többféle eloszlás mintát követtek. A minőségi tulajdonságoknál a kifejeződési fokozatok közötti egyértelmű különbségek következtében a fajták könnyen csoportosíthatóak. A vizsgált mennyiségi DUS tulajdonságok értelmezési tartománya széles volt, a kifejeződési fokozat értékek gyakorisági eloszlása többféle mintát követett. Az egyenleteshez közeli eloszlás optimálisnak tekinthető, ilyenkor a legnagyobb a fenotípusos változatosság. Ezt a gyakorlatban tiszta formában nem tapasztaltam, legtöbb esetben az eloszlás valamilyen csúcsponttal rendelkezett. Az eloszlási görbe csúcsosodása a morfológiai változatosság fokozatos beszűkülését jelezte, ami összhangban van Veress (1999a) megállapításával. A felvett kifejeződési fokozat értékek csökkenése idővel megnehezíthetik a fajták megkülönböztethetőségét, amire már Huw et al. (2003) is felhívták a figyelmet szintén őszibúza DUS tulajdonságok fokozat értékeinek eloszlását vizsgálva. A szélső értékek felé erősen eltolódó kifejeződési fokozat értékek esetén célszerű a fokozatok átgondolása. A tulajdonságonként jellemző kifejeződési fokozat értékek

ismerete minden növényfaj esetében lényeges tájékozódási pontot jelent a fajtajelöltek vizsgálatánál.

A fajtaleírás mátrix alkalmasnak bizonyult a sorokat alkotó fajták közötti összefüggések, hasonlósági viszonyok megismerésére is. A DUS vizsgálat során a referencia fajták kiválasztásakor szükség van a konkrét fajtapár kapcsolatok ismeretére is. A hasonlóság kimutatására széleskörűen alkalmazott klaszteranalízis eredményeként kapott dendrogram a hasonló csoportokról átfogó képet ad, de a fajtapárookra vonatkozó következtetés levonására csak korlátozottan alkalmas. A klaszteranalízissel kapott hasonlósági csoportok részletesebb vizsgálatához segítséget jelent a *fajtapáros ábrázolás*, ahol adott távolság szintekhez tartozó párok kerültek grafikusan bemutatásra. A fajtapáros ábrázolás előnye, hogy egy klaszteranalízis alapján kiválasztott hasonlósági csoport esetében egyértelműen megállapítható a tényleges fajta-fajta hasonlósági kapcsolat. A módszer fejlesztését a *szoftveres alkalmazás* további finomítása jelenti.

A DUS fajtaleírás mátrixban a fajták közti gyengébb vagy szorosabb hasonlósági kapcsolat függvényében a fajtapár távolságok eloszlási hisztogramjának alakja és koordinátarendszerben elfoglalt pozíciója jelentős változatosságot mutathat. Egyszerűbb esetben jellegzetes csúcsos eloszlási minta a jellemző, de több egymástól eltérő hasonlósági csoport jelenléte már komplexebb eloszlási formát alakíthat ki. A hisztogram értelmezése alapján a mátrixot alkotó fajták közötti morfológiai változatosság vagy a hasonlósági csoportok jelenléte értékelhető.

A DUS fajtaleírás mátrixok értelmezése céljából az egyszerű 1-9 számokkal egyenletesen feltöltött véletlenszámos kontroll mátrix több továbbfejlesztett változatát vizsgáltam. A véletlenszámos mátrix értelmezési tartományának, eloszlás típusának változtatása alapvetően meghatározta a kapott hisztogram alakját és koordináta rendszerben elfoglalt pozícióját. Megállapítható volt, hogy minél jobban közelíti az eredeti 1-9 kiindulási hisztogram alakját és pozícióját egy valós DUS mátrix hisztogramja, annál nagyobbak, és így kedvezőbbnek tekinthető annak morfológiai változatossága. Ezzel szemben a keskeny és csúcsos, az origóhoz közeli módusszal rendelkező hisztogram a változatosság csekély mértékére utal. A véletlenszámos kontroll mátrix felhasználható olyan kalibrációs sorozat összeállítására, amely adott DUS leírás mátrixból képzett hisztogram számszerű értékelését is lehetővé teszi.

A nem véletlenszerűségből adódóan hasonló fajtapárok meghatározására Veress (1999a) a valós és véletlenszámos hisztogramok egybevetítését javasolta. A DUS fajtaleírás mátrixban a kifejeződési fokozat értékek tulajdonságokként adott értelmezési tartománnyal és eloszlással rendelkeznek, a véletlenszámos kontroll mátrix pedig egyenletes eloszlású 1-9 véletlenszámokból áll. Ezért az őszibúza DUS fajtaleírás és véletlenszámos mátrix hisztogramja nem esett egybe. Módszeremmel a teljes DUS fajtaleírás adatállományt megtartva sikerült véletlenszerűséget előállítani az egyes oszlopok kifejeződési fokozat értékeinek összekeverésével. Az oszlopkeveréses

módszerrel a belső kapcsolati rendszer egyszerűen megszüntethető, és így az eredeti DUS fajtaleírás mátrix és annak véletlenszerűvé alakított változata alapján összeállított hisztogramok már jobban illeszkednek egymásra. A módszerrel a ténylegesen hasonló fajtapárok azonosíthatóak további részletes vizsgálat céljából.

A hasonlósági csoportokat tartalmazó DUS fajtaleírás mátrixok változatos hisztogram alakzatot eredményezhetnek. A fajták páros összehasonlítása során az egymáshoz hasonló fajták távolság értékei kisebbek, a fajtacsoportok közötti hasonlóság pedig jellemzően nagyobb értékeket eredményez. A hasonlósági csoportokat tartalmazó DUS fajtaleírások hisztogramjának értelmezése céljából többféle véletlenszámos fajtaleírás mátrix modellt állítottam össze. A véletlenszámos modellek különböző hisztogram csúcsok formájában egyértelműen megmutatták a hasonlósági csoporton belüli, és a csoportok közötti megnövekedett távolságérték gyakoriságokat. A modellekhez kapcsolódó hisztogram mintázatok segítik konkrét DUS fajtaleírás mátrixok esetében a kapott hisztogram értelmezését.

Napjainkban a mikroszatellit markerek alkalmazásával a fajták genetikai háttere, származása már hatékonyan vizsgálható. A molekuláris technológia alkalmazása jelenleg nem része a DUS megkülönböztethetőségi vizsgálat módszertanának, azonban a fajták közti hasonlóság elemzésére alkalmas. A DUS vizsgálatban a megkülönböztethetőség megállapítása a fajtapárok morfológiai távolsága alapján történik. A fajtapárok molekuláris és morfológiai hasonlósága esetenként egybevághat, azonban korrelációt nem mutattak (Lopez et al. 2008). Eredményünk megerősítette, hogy szőlőfajták esetén a molekuláris és morfológiai hasonlósági csoportokban sem lehetett egyértelmű átfedést kimutatni. Az viszont jól kitűnt, hogy a szülő utód kapcsolatokat a molekuláris hasonlóság jobban visszatükrözte. A kétféle hasonlóság elemzésével azonosítani lehetett azon fajtákat, melyeknél a kétféle hasonlóság egybeesik, illetve jelentősen különbözik. Ez a kiegészítő információ hozzájárul a szőlő fajtasortiment részletesebb megismeréséhez, a hasonlósági viszonyok árnyaltabb megítéléséhez. A kétféle hasonlóság eredménye alapján továbblépést a kétféle távolság közös értelmezése jelentheti.

A megkülönböztethetőség vizsgálata során lényeges kérdés, hogy két fajta összehasonlítása során milyen minimális morfológiai távolság esetében lehet megkülönböztethetőségről beszélni. Két fajta között a megkülönböztethetőség feltétele valamely tulajdonság esetén meghatározott minimális kifejeződési fokozat érték különbség, vagyis távolság megléte, ezt a küszöbértéknek, az összes tulajdonság vonatkozásában pedig küszöbvektornak nevezzük. Ennek megválasztása nagy tapasztalatot igényel, mert vizsgálatom eredménye szerint nagymértékben befolyásolni tudja a fajtapárok megkülönböztethetőségét. A küszöbvektort minden növényfajnál tulajdonságonként javasolta meghatározni Garzó et al. (1997). Ezt eredményeim megerősítik, mivel a tulajdonságok eltérően reagáltak a küszöbérték változtatására. Esetenként a változtatás a nem megkülönböztethető

fajtapárok számában jelentős módosulást eredményezett, ezért a módszertan részeként javasolható egy kalibrációs elemzés, mely feltárja a megkülönböztethetőség változási dinamikáját, segítve ezzel a küszöbértékek finomhangolását a pontosabb szakmai döntés meghozatala érdekében.

6. ÖSSZEFOGLALÁS

Az új növényfajtákat a szaporítóanyag forgalmazása előtt állami elismerésben kell részesíteni. A fajtaregisztrációs eljárás része a DUS vizsgálat, amely a megkülönböztethetőség (Distinctness), az egyöntetűség (Uniformity) és az állandóság (Stability) vizsgálatát jelenti. A megkülönböztethetőség megállapítása morfológiai tulajdonságok segítségével, nemzetközi módszertan alapján, kisparcellás összehasonlító vizsgálattal történik. A DUS vizsgálat módszertana alapvetően a DUS hármas követelményére épül, viszont nem tartalmaz iránymutatást a fajtaleírások további elemzésére, a fajták közötti hasonlóság vagy a morfológiai távolság részletes meghatározására. Munkámban e területeken próbáltam a fejlesztés tudományos alapokon nyugvó új lehetőségeit feltárni. A DUS vizsgálat során, a morfológiai tulajdonságok kifejeződése alapján egy számszerűsített fajtaleírás készül, amely egyértelműen azonosítja az adott új fajtát. A fajtaleírások mátrixba rendezhetőek, ahol a sorok a fajtákat, az oszlopok a vizsgált tulajdonságokat jelentik, a mátrix cellákat pedig a kifejeződési fokozat értékek alkotják.

A DUS vizsgálat gyakorlati módszertanának továbbfejlesztése, kiegészítése érdekében munkám célja a fajtaleírás mátrixok felhasználásával a DUS tulajdonságok közötti összefüggések elemzése és értékelése, a fajták közötti hasonlóságra vonatkozó információ kinyerése, továbbá a megkülönböztethetőségi vizsgálat fejlesztése volt. A morfológiai hasonlóság mellett a molekuláris hasonlósággal is foglalkoztam.

A morfológiai tulajdonságok felvételezése a NÉBIH Növényfajtakísérleti Állomásain, a molekuláris vizsgálatok pedig a Szent István Egyetemen történtek. A DUS fajtaleírás mátrixokat egy- és többváltozós statisztikai módszerekkel elemeztem. A DUS tulajdonságok közötti viszonyt és a fokozat értékek eloszlását közvetlenül a fajtaleírások adatállománya alapján értékeltem, a fajták közötti távolságot pedig páros összehasonlítással határoztam meg. A fajtapárok morfológiai távolságának tulajdonságonként a kifejeződési fokozat érték különbségek összegét vettem. A morfológiai hasonlóságot a fajtapár távolság értékekből, a molekuláris hasonlóságot pedig a mikroszatellit markerek allélmérete alapján számítottam.

A DUS tulajdonságok közötti összefüggéseket őszibúza fajtaleírás mátrix korreláció analízisével tártam fel. Azon tulajdonságok alkalmazását, melyek egymástól jelentősen függnek, a kísérlet tervezés és a DUS vizsgálati irányelv metodikai felülvizsgálata során javasolt részletesen értékelni. A tulajdonságok közötti kapcsolat mellett a tulajdonságon belüli kifejeződési fokozat értékek eloszlási gyakoriságát is vizsgáltam. A gyakorisági eloszlási hisztogram megmutatta az adott morfológiai tulajdonság változatosságát. A minőségi tulajdonságoknál a fajták csoportosíthatósága könnyen megoldható. A mennyiségi tulajdonságoknál az eloszlást értékelve megállapítottam, hogy a kapott hisztogram alakja alapján a tulajdonságok fokozat értékei közel egyenletes, normál vagy

valamilyen atipikus eloszlást követtek. Az atipikus kifejeződési fokozat eloszlást valamely kiugró fokozat érték jellemzi, ami a csúcosságot vagy ferdeséget eredményezi. Ilyen esetben a tulajdonság megkülönböztethetőségi ereje alacsony szintű.

A fajták közti hasonlósági megállapítása leggyakrabban klaszteranalízis segítségével történik. A klaszteranalízis eredménye nem minden esetben alkalmazható konkrét fajtapárok értékeléséhez. A morfológiai távolságok gyakorisági eloszlása alapján készített hisztogram új lehetőségként jó kiegészítést jelent a hasonló fajtapárok azonosítására, illetve a hasonló csoportok kimutatására és jellemzésére. A DUS fajtaleírás mátrix többféle hasonlósági csoporttal rendelkezhet. A hasonlósági csoportok jelenlétének kimutatására az 1 és 9 közötti véletlenszámokból összeállított véletlenszámos kontroll mátrix nyújt segítséget. A véletlenszámos kontroll mátrix értelmezési tartományának változtatása mellett az egyenletes és a normál eloszlás, illetve a nominális adattípus hisztogramját is vizsgáltam. A mátrix oszlopokban található kifejeződési fokozat értékek véletlenszerű összekeverésével megoldottam, hogy az eredeti DUS fajtaleírás mátrix eloszlása és adatállománya megmaradjon, mégis véletlenszerű legyen a mátrix. Ez a megoldás segíti a hasonló fajtapárok pontosabb meghatározását. A különféle kalibrációs hisztogramok alakjuk és x tengely pozíciójuk alapján megfelelő vizuális és számszerű támpontot nyújtanak a DUS fajtaleírás mátrixok értékeléséhez.

A véletlenszámos mátrixok a hasonlósági csoportok részletesebb kimutatására is alkalmasak. A hisztogram alakjának értelmezése érdekében hasonlósági csoportokat tartalmazó véletlenszámos mátrix modelleket alakítottam ki, ahol a hasonló fajták csoportjait csökkentett értelmezési tartományú véletlenszámos sorok alkottak. A különféle modell mátrixok jellegzetes hisztogramot eredményeztek, melyek csúcsai jelezték a hasonlósági csoportok jelenlétét.

A hasonlósági csoportok hisztogramját a klaszteranalízis eredményeként kapott dendrogrammal összehasonlítva megállapítottam, hogy a dendrogram és a hisztogram között az analógia felismerhető, és együttesen jól illusztrálták a hasonlósági csoportok jelenlétét. A kidolgozott fajtapáros ábrázolás jól kiegészíti a dendrogramot, amikor tételes fajtapár hasonlóság vizsgálat szükséges. A modelleknél kapott hisztogram mintákkal szőlő és árpa DUS fajtaleírás mátrixokat hasonlítottam össze, és eredményeim igazolták, hogy a DUS fajtaleírás mátrixok hisztogramjait a modellek segítségével jól lehet értelmezni.

A molekuláris és morfológiai hasonlóság elemzésére SSR mikrosatellit markerekkel végzett DNS vizsgálat eredményét és szőlőfajták végső DUS fajtaleírását vettem alapul. Azonos fajtasoron összehasonlítottam a fajtapárok molekuláris és morfológiai hasonlóságát. A fajtapárok sorrendjének összehasonlítása alapján a kétféle hasonlóság általánosan nem esik egybe, konkrét esetekben azonban kimutatható egybeesés és jelentős különbözőség is. A hasonló fajtacsoportokat hierarchikus klaszteranalízis segítségével mutattam ki, érdemi csoport-egybeesést itt sem lehetett

találni. A molekuláris hasonlósági eredmények alapján megállapítottam, hogy a szülő utód kapcsolatokat a molekuláris hasonlóság jobban visszatükrözte.

A megkülönböztethetőség a hasonlóság egy szűkebb értelmezése, egy adott kijelölt pontot jelent a hasonlósági skálán. A megkülönböztethetőség alapja adott tulajdonságnál a kifejeződési fokozat érték különbségre vonatkoztatott küszöbérték. A minőségi tulajdonságok esetén a küszöb érték 1, a mennyiségi tulajdonságok esetén azonban ez változó lehet. Az összes tulajdonság küszöbértéke együtt küszöbvektort alkot. Ószibúza fajták leírás mátrix felhasználásával igazoltam, hogy a mennyiségi jellegű tulajdonságok küszöbértékeinek egységes növelésével a nem megkülönböztethető fajtapárok száma jelentősen emelkedik, mégpedig a legnagyobb hasonlósággal bíró fajtapárok között. A tulajdonságonként a küszöbérték eltérő lehet, így nagysága tulajdonságonként változtatható, ami pontosabb megkülönböztetést tesz lehetővé. A küszöbérték tulajdonságonkénti változtatása nagymértékben befolyásolhatja a nem megkülönböztethető fajtapárok számát. A nem megkülönböztethető fajtapárok számának változása alapján az egyes tulajdonságok eltérő mértékben reagáltak a küszöbérték változtatására, ezért a tulajdonságokat osztályozni lehetett érzékenységük alapján.

Munkám eredményei bizonyítják, hogy a fajtaleírás mátrixok elemzésével a DUS vizsgálati módszertan számos területen fejleszthető. A DUS tulajdonságok elemzése hozzájárul a vizsgálati irányelv megfelelő alkalmazásához és fejlesztéséhez, a vizsgálati irányelvek felülvizsgálati eljárása során pedig a pontos szakmai állásfoglalás kialakításához. A hasonlósági viszonyok feltárásával egy-egy nagyobb fajtaszortiment áttekinthetőbb lesz, és a megfelelő csoportosíthatóság segíti a példafajták jobb kiválasztását a kísérletek tervezése során.

7. SUMMARY

New plant varieties are subject to state registration before marketing propagating material. DUS test is part of the variety registration procedure, it means testing of distinctness, (Distinctness) uniformity (Uniformity) and stability (Stability). Determination of distinctness is based on assessment of morphological traits (DUS characteristics) in small plot comparative trial according to international Test Protocols. DUS methodology basically includes guidance on the conformity to the triple criteria of DUS, but does not provide guidance on further analysis of variety descriptions and details on determination of intervarietal similarity or dissimilarity. New opportunities based on scientific approach were revealed in the study for improving variety testing. DUS test ends with complement of variety description as the unique numerical identification of the variety concerned. Variety descriptions can be arranged into matrix, where rows are the varieties, columns are the characteristics and the matrix cells include the state of expression values.

The aim of my study was the assessment and evaluation of the link between DUS traits, to reveal intervarietal similarity information out of the variety description matrices and to improve the testing of distinctness in order to develop DUS methodology.

Morphological characteristics were observed at NÉBIH Plant Variety testing Stations, molecular analysis was carried out at Szent István University. Variety description matrices were analysed by univariate and multivariate statistical tools. Correlation and distribution of DUS traits were evaluated directly by the state of expression values of the matrices, intervarietal similarity was calculated by pairwise comparison. Morphological similarity was calculated from distances, molecular similarity was calculated from allele size of microsatellite markers. Morphological distance was calculated as the sum of state of expression differences at each characteristic.

The correlation among DUS characteristics of winter wheat varieties was revealed by correlation analysis. Application of highly related DUS traits was proposed to consider during test planning and methodology revision. Distribution frequency of the state of expression values within traits was also studied. The histogram of the distribution frequencies revealed morphological diversity of the characteristic concerned. Varieties can be easily classified on the basis of qualitative characteristics. Assessment of quantitative characteristics of winter wheat showed that state of expression values had near uniform, normal or atypical histogram shapes. The atypical histograms were characterized by significant skewness and kurtosis level. The discrimination power of such characteristic is low thus revision of the state of expression interval is proposed in such cases.

Detection of intervarietal similarity is mostly carried out by cluster analysis. Result of cluster analysis is sometimes not suitable to direct variety pair assessment. The histogram compiled by the distribution frequency of morphological distances can be a good alternative for identification and

characterization of similarity groups. A DUS variety description matrix may have several similarity groups. The 1-9 random number control matrix can contribute to the detection of similarity groups. Its different versions with normal and uniform distributions, nominal and ordinal data types as well as different ranges of state of expression values were studied. Randomization of the state of expression values within each column (trait) of the matrix resulted in a new type of random number control matrix saving the original data ranges and distributions. This solution contributed to the better detection of effective similar variety pairs. The shape and ordinate position of different calibration histograms provided suitable visual and numerical reference to the assessment of any DUS variety description matrices.

Random number matrices were also available for detailed detection of similarity groups. Random number matrix models were created in order to evaluate the shape of histograms. Similarity groups were defined by reduced state of expression value ranges. Different models resulted in specific histograms, their peaks referred to the presence of similar groups.

Histograms of the similar groups were compared to the dendrograms obtained in cluster analysis. The presence of similar groups was properly reflected by both the histograms and dendrograms. The elaborated pairwise plotting scheme was proved to be proper complementation of the dendrogram when similarity of individual variety pairs are assessed. Grapevine and barley DUS variety descriptions were compared to the random number models. Histogram peaks of the DUS variety description matrices were proved to be easier understood by the use of reference models.

Results of DNA analysis carried out by the use of SSR microsatellite markers and final DUS descriptions of white grapevine varieties were applied for the calculation of morphological and molecular similarity. Molecular and morphological similarity were compared on variety pairs of the same variety assortment. The two similarities did not coincide according to the order of variety pairs however, individual coincidences and noteworthy differences were obtained. Similar groups were revealed by hierarchical cluster analysis, but remarkable coincidence of molecular or morphological similarity groups was not found. It was confirmed that molecular results reflected better parent progeny relation.

The notion of distinctness is a stricter interpretation of similarity, it means a designated point on the similarity scale. The basis of distinctness is a threshold value related to the difference between state of expression values at all traits. The threshold value was set 1 at qualitative characteristics and it can alter at quantitative characteristics. Threshold values of the characteristics form threshold vector. One unit increase of the threshold vector value in winter wheat qualitative characteristics resulted a significant increase in the number of non distinct variety pairs and they were among the most similar ones. The threshold value is trait specific so it can be set for each one. The individual

definition gives a more refined decision on distinctness. The increase of the threshold value by trait had significant impact on non distinct variety pairs. Each trait reacted differently to the increase of the threshold value thus, they could be classified by their sensitivity.

Results of my study proved that methodology of DUS test can be improved on many fields by the analysis of variety description matrices. Analysis of DUS characteristics contributed to the appropriate application of DUS test protocols, to its improvement and to reliant proposals in the revision procedure of Test Pprotocols. Larger variety assortments can be easier overviewed if they are classified by similar groups and appropriate grouping improves the selection of example varieties during DUS test planning.

8. MELLÉKLETEK

M I. Irodalom jegyzék

- Ayana A., Endashaw B. (1999): Multivariate analysis of morphological variation in sorghum (*Sorghum bicolor* (L.) Moench) germplasm from Ethiopia and Eritrea. *Genetic Resources and Crop Evolution* 46, (3) 273-284.
- Bedő Z. (2011): Félintenzív búza nemesítése kontinentális klímájú környezetben. 2011. február 10. Budapest. MTA akadémiai székfoglaló előadás tézisek.
- Bisht I. S., Bhat K. V., Lakhanpaul S., Latha M., Jayan P. K., Biswas B. K., Singh A. K. (2005): Diversity and genetic resources of wild Vigna species in India. *Genetic Resources and Crop Evolution* 52, (1) 53-68.
- Bódis L. (1992): A magyar növény fajtakísérletezés centenáriuma. Országos Mezőgazdasági Minősítő Intézet belső kiadványa, Budapest
- Bulinska-Radomska Z., Lester R. N. (1985): Relationships between three species of *Festuca* sect. *bovinae* (Poaceae) *Plant Systematics and Evolution* 149, (1-2) 135.
- Caradus J.R., MacKay A. C., Woodfield D.R., van den Bosch J., Wewala, S. (1989): Classification of a world collection of white clover cultivars. *Euphytica* 42, 183–196.
- Cervera M. T., Rodriguez I., Cabezas J., Chavez A. J., Martínez-Zapater J. M., Cabello F. (2001): Morphological and Molecular Characterization of Grapevine Accessions Known as Albillo. *American Journal of Enology and Viticulture* 52, (2) 127-135.
- Cockram J., Chiapparino E., Laurie D., Norris C., O'Sullivan D. (2006): Functional SNP Markers for the Vernalization Requirement in Barley: A Potential 'Option 1' Approach. UPOV BMT 10/6 meeting document, Soul, South Korea November 21- 23. 2006.
- Cooke R. (2005): SNPS in barley: a potential "OPTION 1" approach. UPOV BMT 9/9 meeting document, Washington D.C., USA, June 21-23. 2005.
- Csapó, J. Veress, Z. (1997): A napraforgó DUS vizsgálata, a nyári vizsgálati szakasz értékelése. *Növénytermelés* 46, (1) 85-91.
- Cseuz L., Csósz M., Falusi J., Bóna L. (1995): Génmegőrzési tevékenység a GKI Búza Igazgatóságán. Növénytermelési Tudományos Napok konferencia Összefoglalók. 71.
- Denk T. I., Oh C. (2005): Phylogeny of Schisandraceae based on morphological data: evidence from modern plants and the fossil record. *Plant Systematics and Evolution* 256, (1-4) 115.
- Elena J., Weitz A. (2006): The use of molecular techniques in variety identification. UPOV BMT 10/10 meeting document, Soul, South Korea November 21- 23. 2006.
- Fernández J. A., Sanz J., Jouve N. (1987): Biochemical variation to determine phylogenetic relationships between *Hordeum chilense* and other American species of the genus *Hordeum* (Poaceae). *Plant Systematics and Evolution* 157, (3-4) 105-119.

Galbács Zs., Molnár S., Halász G., Hoffmann S., Kozma P., Kovács L., Veres A., Galli Zs., Szőke A., Heszky L., Kiss E. (2009): Identification of grapevine cultivars using microsatellite-based DNA barcodes. *Vitis* 48, 17-24.

Garzó L., Barcs L., Veress Z. (1997): Néhány szántóföldi növény DUS-vizsgálata, a vizsgálatokban szereplő tulajdonságok típusokba osztása (őszi búza, őszi árpa, cirok). *Növénytermelés* 46, (6) 631-642.

Geleta F., Labuschagne M.T., Viljoen C.D. (2004): Relationship between heterosis and genetic distance based on morphological traits and AFLP markers in pepper. *Plant Breeding* 123, (5) 467-473.

Giancola S., Poltri S. M., Lacaze P., Hopp H. E. (2002): Feasibility of integration of molecular markers and morphological descriptors in a real case study of a plant variety protection system for soybean. *Euphytica* 127, (1) 95-113.

Giles B. E., Lefkovich L. P. (1991): Subgroups in the *Hordeum patagonicum* complex (*Poaceae*). *Plant Systematics and Evolution* 174, 47-66.

Gilliland T. J., Coll R., Calsyn E., De Loose M., van Eijk M. J. T., Roldán-Ruiz I. (2000): Estimating genetic conformity between related ryegrass (*Lolium*) varieties. 1. Morphology and biochemical characterisation. *Molecular Breeding* 6, (6) 569-580.

Goethe H. (1887): Handbuch der Ampelographie (Rebenkunde). Beschreibung und Klassifikation der bis jetzt kultivierten Rebenarten und Traubenvarietäten mit Angabe ihrer Synonyme, Kulturverhältnisse und Verwendungsart. Verlag von Paul Parey, Berlin.

González M. F., Martínez J., Mena A. (2007): Morphological and molecular characterization of Grapevine Accessions Known as Moravia/o (*Vitis vinifera* L.). *American Journal of Enology and Viticulture* 58, (4) 544-547.

Gottlieb L. D. (1977): Electroforetic evidence and plant systematics. *Annals of the Missouri Botanical Garden* 64, 161-180.

Hair J. E., Anderson R. E., Tatham R. L., Black W. C. (1998): Multivariate data analysis and reading. 4th edition, Prentice-Hall, England p. 730.

Halász G., Veres A., Kozma P., Kiss E., Balogh A., Galli Zs., Szőke A., Hoffmann S., Heszky L. (2005): Microsatellite fingerprinting of grapevine (*Vitis vinifera* L.) varieties of the Carpathian Basin. *Vitis* 44, 173-180.

Harangozó T., Veress Z., Heszky L. (2007): Hasonlóság és megkülönböztethetőség összefüggései a növényfajták DUS vizsgálatában *Növénytermelés* 56. (5-6) 279-286.

Harangozó T., Veress Z. (2007): Új ábrázolási módszer a növényfajták hasonlósági vizsgálatához. *Növénytermelési Tudományos Napok konferencia Összefoglalók* 127.

Harangozó T., Veress Z., Garzó L., Somogyi F., Heszky L. (2008): Őszibúza DUS tulajdonságainak értékelése. *Növénytermelési Tudományos Napok konferencia Összefoglalók* 35.

Harangozó T., Veress Z. (2009): A küszöbvektor hatása a megkülönböztethetőségre a növényfajták DUS vizsgálatában. *Növénytermelés* 58, (1) 25-38.

- Harangozó T., Veres A., Kis Erzsébet: (2011) SSR markereken alapuló hasonlósági számítási módszerek a szőlőben. Növénynemesítési Tudományos Napok konferencia Összefoglalók 35.
- Harangozó T., Veress, Z. (2011): Távolság hisztogramok felhasználása DUS fajtaleírás mátrixok értékelésére Növénynemesítési Tudományos Napok konferencia. Összefoglalók 165.
- Harangozó T., Veress Z. (2012): Comparing dissimilarity frequency distributions and dendrograms of cluster analysis in case of plant variety description matrices. *Cereal Research Communications* 40, (1) 107–115.
- Harangozó T., Perneszy Gy., Veress A., Heszky L., Kiss E. (2013a): Assessment of morphological and molecular similarity of Hungarian white grape varieties. *Acta Biologica Hungarica* 64, (2) 231-248.
- Harangozó T., Perneszy Gy., Veres A., Kiss E. (2013b): Államilag elismert fehér borszőlő fajták molekuláris hasonlóságának elemzése. Növénynemesítési Tudományos Napok konferencia Összefoglalók 96.
- Huw J., Jarman R. J., Austin L., White J., Cooke R. J. (2003): The management of variety reference collections in distinctness, uniformity and stability testing of wheat. *Euphytica* 132, 175-184.
- Ibáñez, J., Vélez M.D. (2005) : A microsatellite-based system for the protection of grapevine varieties. UPOV BMT 9/11 meeting document. Washington D.C., USA, June 21-23. 2005.
- Imazio S., Labra M., Grassi F., Winfield M., Bardini M., Scienza A. (2002): Molecular tools for clone identification: the case of the grapevine cultivar ‘Traminer’. *Plant Breeding* 121, (6) 531-535.
- International Union for the Protection of New Varieties of Plants (UPOV) (2002): General introduction to the examination of Distinctness, Uniformity and Stability and the development of harmonized descriptions of new varieties of plants. Document TG/1/3.
- International Union for the Protection of New Varieties of Plants (UPOV) (2009): Guidance on certain physiological characteristics. UPOV Document TGP 12/1.
- International Union for the Protection of New Varieties of Plants (UPOV) (2003): GAIA software: Crop Expert Phenotypic Distances Between Varieties. TWC 21/4 meeting document. Tjele, Denmark June 10-13. 2003.
- International Union for the Protection of New Varieties of Plants (UPOV) (2002): Use Of Statistical Procedures In Distinctness, Uniformity And Stability Testing. UPOV Document TGP/8/4.
- Izsáki Zoltán (szerk.) (2004): Szántóföldi növények vetőmag- termesztése és kereskedelme Mezőgazda Kiadó, Budapest p. 666
- Jahnke G., Korbuly J., Májer J., Györffyné Molnár J. (2007): Discrimination of the grapevine cultivars Pícolit and Kéknyelű with molecular markers. *Scientia Horticulturae* 114, 71-73.
- Jain N. C., Indrayan A., Goel L. R. (1986): Monte Carlo comparison of six hierarchical clustering methods on random data. *Pattern Recognition* 19, (1) 95-99.

- Jolliffe I. T., Allen O. B., Christie B. R. (1989): Comparison of Variety Means Using Cluster Analysis and Dendrograms. *Experimental Agriculture* 25, 259-269.
- Kamada T., Yamashiro T., Maki M. (2007): Intraspecific morphological and genetic differentiation in *Scrophularia grayana* (Scrophulariaceae). *Journal of Plant Research* 120, (3) 581.
- Kókai-Kunné Szabó Ágnes Katalin (2012): A növényfajta-oltalom hazai és közösségi szabályozása PhD értekezés, Miskolci Egyetem
- Law J. R., Cooke R. J. (2005): Essential derivation & diversity issues in winter wheat. UPOV BMT 9/10 meeting document, Washington D.C. USA, June 21-23. 2005.
- Lágler R., Gyulai G., Humphreys M., Szabó Z., Horváth L., Bittsánszky A., Kiss J., Holly L., Heszky L. (2005): Morphological and molecular analysis of common millet (*P. miliaceum*) cultivars compared to a DNA sample from the 15th century (Hungary). *Euphytica* 146, 77-85.
- Lázár L., Puskás Á., Veress Z. (1998): A kukorica DUS-vizsgálata és jellemző tulajdonságai. *Növénytermelés* 47, (1) 25-32.
- van der Linden G., van Kaauwen M., Voorrips R., Kochieva E., Vosman B. (2005): The potential of snp markers in expressed genes for identification of potato varieties and determination of distinctness. UPOV BMT/9/13 meeting document. Washington D.C., USA, June 21-23. 2005.
- Lombard, V., Tireau, Blouet, B. F., Zhang, D., Baril, C. P. (2002): Usefulness of AFLP markers to estimate varietal homogeneity of rapeseed inbred line varieties in the context of plant registration and protection. *Euphytica* 125, (1) 121-127.
- Maletic E., Sefc K. M., Steinkellner H., Kontic J. K., Pejic I. (1999): Genetic characterization of Croatian grapevine cultivars and detection of synonymous cultivars in neighboring regions. *Vitis* 38, 79-83.
- Martínez L., Cavagnaro P., Masuelli R., Rodríguez J. (2003): Evaluation of diversity among Argentine grapevine (*Vitis vinifera* L.) varieties using morphological data and AFLP markers. *Electronic Journal of Biotechnology*.
URL: <http://www.ejbiotechnology.info/content/vol6/issue3/full/11/index.html>.
- Medrano M., Castellanos M. C., Herrera C. M. (2008): Subindividual variation and genetic versus environmental effects on seed traits in an European *Aquilegia*. *Botany* 86, (11) 25-32.
- Mohammadi S. A., Prasanna B.M. (2003) Analysis of genetic diversity in crop plants- Salient Statistical Tools and Considerations. *Crop Science* 43, 1235-1248.
- Murphy J. P., Cox T.S., Rodgers D.M. (1986): Cluster analysis of red winter wheat cultivars based upon coefficients of parentage. *Crop Science* 26, (4) 672-676.
- Országos Mezőgazdasági Minősítő Intézet (1996): A búza, durum búza és árpa DUS vizsgálati módszere. Budapest, őszibúza I. melléklet 6-9. oldal.
- Ortiz J. M., Martín J. P., Borrego J., Chávez J., Rodríguez I., Muñoz G., Cabello, F. (2004): Molecular and morphological characterization of a *Vitis* gene bank for the establishment of a base collection. *Genetic Resources and Crop Evolution* 51, (4) 403- 409.

- Lopez P. A., Widrlechner M. P., Simon P. W., Satish R., Boylston T. D. (2008): Assessing phenotypic, biochemical, and molecular diversity in coriander (*Coriandrum sativum* L.) germplasm. *Genetic Resources and Crop Evolution* 55, 247–275.
- Pepó P. (2011): Növénynevelés. Debreceni Egyetem, Nyugat-Magyarországi Egyetem, Pannon Egyetem. p. 99
- Piergiovanni A. R., Taranto G., Losavio F. P., Pignone D. (2006): *Common Bean (Phaseolus vulgaris* L.) Landraces from Abruzzo and Lazio Regions (Central Italy). *Genetic Resources and Crop Evolution* 53 (2) 313-322.
- Podani J., Schmera D. (2006): On dendrogram based measures of functional diversity. *OIKOS* 115, 179-185.
- Podani J. (1997): Bevezetés a többváltozós biológiai adatfeldolgozás rejtelmeibe. Scientia Kiadó, Budapest
- Prasad M., Varshney R. K., Roy J. K., Balyan H. S., Gupta P. K. (2000): The use of microsatellites for detecting DNA polymorphism, genotype identification and genetic diversity in wheat. *Theoretical and Applied Genetics* 100, (3-4) 584-592.
- Regner F., Eiras-Dias J. E., Stadlbauer A., Blahous D. (1999): „Blauer Portugieser”, the dissemination of a grapevine. *Ciencia é Técnica Vitivinícola* 14, (2) 37-44.
- Regner F., Stadlbauer A., Eisenheld C., Kaserer H. (2000): Genetic relationship among Pinots and related cultivars. *American Journal of Enology and Viticulture* 51, 7-14.
- Renhua L., Jiang T. B., Xu C.G., Li X.H., Wang X.K. (2000): Relationship between morphological and genetic differentiation in rice (*Oryza sativa* L.). *Euphytica* 114, (1) 1-8.
- Richard A., Vierling H., Nguyen T. (1992): Use of RAPD markers to determine the genetic diversity of diploid, wheat genotypes. *Theoretical and Applied Genetics* 84, (7-8) 835-838.
- Ruiz de Galarreta J. I., Alvarez A. (2001): Morphological classification of maize landraces from northern Spain. *Genetic Resources and Crop Evolution* 48, (4) 391-400.
- Sajtos L., Mitev A. (2007): SPSS kutatási és adatelemzési kézikönyv. Alinea Kiadó, Budapest p. 402.
- Sefc K. M., Regner F., Turetschek E., Glossl J., Steinkellner H. (1999): Identification of microsatellite sequences in *Vitis riparia* and their applicability for genotyping of different *Vitis* species. *Genome* 42, 367–373.
- Sneath P. H. A., Sokal R. R. (1973): Numerical taxonomy: the principles and practice of numerical classification. San Francisco, Freeman, p. 573.
- Sokal R., Michener C. (1958): A statistical method for evaluating systematic relationships. *University of Kansas Science Bulletin* 38, 1409–1438.
- Stepansky A., Kovalski I., Perl-Treves R. (1999): Intraspecific classification of melons (*Cucumis melo* L.) in view of their phenotypic and molecular variation. *Plant Systematics and Evolution* 217, 313-333.

- Szabó Á. (2011): A növényfajták oltalmára létesült nemzetközi egyezmény és a növényfajta-oltalmat érintő nemzetközi szabályok. *Sectio Juridica et Politica*, Miskolc, Tomus XXIX/2. 569–594.
- Szabó Z., Gyulai G., Tóth Z., Heszky L. (2005): Morphological and molecular diversity of 47 melon (*Cucumis melo*) cultivars compared to an extinct landrace excavated from the 15th century. *Euphytica* 146, 77-85.
- Terpó A. (szerk.) (1986): Növényrendszertan az ökonómbotanika alapjaival. Mezőgazdasági Kiadó, Budapest p. 362
- Teshome A., Fahrig L., Torrance J. K., Lambert J. D., Arnason T. J., Baum B. R. (1999): Maintenance of Sorghum (*Sorghum bicolor*, *Poaceae*) landrace diversity by farmers' selection in Ethiopia. *Economic Botany* 53, 79-88.
- Utelli A. B., Roy B. A., Baltisberger M. (2000): Molecular and morphological analyses of European *Aconitum* species (*Ranunculaceae*). *Plant Systematics and Evolution* 224, (3-4) 195-212.
- Velez M.D., Fernández M.P., de Andrés M.T., Lijavetzki D., Borrego J., Martínez-Zapater J.M., Ibáñez J. (2008): The assessment of essential derivation in grapevine. UPOV BMT 11/16 meeting document, Madrid, Spain, September 16-18. 2008.
- Veress Z., Lázár L. (1997): A DUS vizsgálatokban szereplő tulajdonságtípusok vizsgálata a megkülönböztethetőségi százalékos módszerével, kukorica adatokkal. *Növénytermelés* 46, (4) 401-411.
- Veress Z. (1999a): Új értékelési módszerek kidolgozása és alkalmazása a DUS-ra alapozott fajtavizsgálatban. PhD értekezés, SZIE Gödöllő
- Veress Z. (1999b): Hasonlósági csoportok a fajtaazonosítási vizsgálatokban (Similarity groups in DUS tests). *Növénytermelés* 48, (5) 471–483.
- Veress Z. (2000): Távolságfüggvények és alkalmazásuk a fajtaazonosításban. Az agrobiodiverzitás megőrzése és hasznosítása. Jánossy Andor emlékére tartott szimpózium kiadványa 2000. május 4-6. 68-69.
- Veress Z., Harangozó T. (2011): Study of new application of plant variety descriptions used in DUS test. *Cereal Research Communications* 39, (4) 598-606.
- Yu C. Y., Hu S. W., Zhao H. X., Guo A. G., Sun G. L. (2005): Genetic distances revealed by morphological characters, isozymes, proteins and RAPD markers and their relationships with hybrid performance in oilseed rape (*Brassica napus* L.). *Theoretical and Applied Genetics* 110, (3) 511-518.
- Zulini L., Fabro E., Peterlunger E. (2005): Characterisation of the grapevine cultivar Picolit by means of morphological descriptors and molecular markers. *Vitis* 44, 35-38.

M II. Felhasznált jogszabályok

„Az új növényfajták oltalmára létesült Nemzetközi Egyezmény Genfben, 1991. március 19-én felülvizsgált szövegének kihirdetéséről” szóló 2002. évi LI törvény

„A növényfajták állami elismeréséről, valamint a szaporítóanyagok előállításáról és forgalomba hozataláról” szóló 2003. évi LII törvény

2100/1994/EC Council Regulation on Community plant variety rights (*OJ L 227, 1.9.94, p. 1*)

M III. Felhasznált adatállományok

1. melléklet. 50x 30 elemű véletlenszámos kontroll mátrix távolság értékei

Case	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50
1	0	105	90	86	99	89	77	82	84	86	109	87	103	98	70	89	89	108	89	84	85	89	91	65	88	113	100	95	86	94	93	78	64	90	83	95	97	85	85	91	67	93	90	80	83	94	65	106	86	102
2	105	0	75	81	70	84	102	91	103	101	66	112	86	93	89	92	84	99	84	95	98	84	76	86	65	98	109	88	85	105	78	105	103	75	84	84	72	92	80	96	102	92	95	97	102	77	92	97	93	89
3	90	75	0	84	69	75	63	70	72	92	73	101	71	94	84	79	89	88	79	76	81	99	77	95	76	85	102	79	58	90	89	104	94	100	79	81	95	61	103	71	81	75	72	84	89	78	81	94	96	74
4	86	81	84	0	81	71	85	96	108	100	95	77	79	96	74	95	99	86	93	96	67	87	65	97	80	83	108	89	92	80	91	98	76	88	97	83	117	93	101	93	87	87	98	94	81	78	101	88	88	98
5	99	70	69	81	0	96	84	83	93	87	62	86	64	91	81	100	74	85	90	79	84	88	80	80	85	74	107	76	73	99	80	97	83	79	72	78	88	86	82	84	92	84	77	73	80	75	94	69	93	95
6	89	84	75	71	96	0	78	89	105	91	96	88	92	73	73	72	98	93	88	89	94	98	56	88	63	82	85	102	83	75	84	93	81	105	84	70	104	88	110	74	90	104	77	81	68	83	80	87	79	77
7	77	102	63	85	84	78	0	77	77	85	98	88	74	85	81	76	88	89	80	73	72	100	70	86	93	98	99	86	45	77	102	95	75	91	94	76	112	78	88	78	78	87	73	86	95	74	87	101	87	
8	82	91	70	96	83	89	77	0	70	86	99	93	79	90	84	71	63	88	83	82	89	89	85	99	68	89	78	101	64	98	73	82	100	94	73	105	81	85	85	81	87	79	72	78	89	90	81	72	72	82
9	84	103	72	108	93	105	77	70	0	88	87	93	79	108	86	83	75	78	67	88	101	91	101	95	98	115	102	75	66	92	101	74	100	100	89	105	81	73	101	73	83	79	90	72	97	102	81	76	92	72
10	86	101	92	100	87	91	85	86	88	0	79	87	95	90	96	87	79	78	93	76	99	87	87	97	68	105	86	83	66	82	91	92	78	94	73	85	89	97	87	99	115	87	92	64	83	92	79	80	68	88
11	109	66	73	95	62	96	98	99	87	79	0	90	84	85	89	110	86	93	88	103	104	102	82	96	75	96	97	86	81	101	86	117	99	99	84	70	76	78	102	76	90	90	107	81	90	83	96	99	85	79
12	87	112	101	77	86	88	88	93	93	87	90	0	80	87	91	92	84	85	108	91	90	94	76	98	75	88	73	102	87	81	106	91	95	101	96	84	88	106	104	80	92	86	97	91	80	71	102	85	83	99
13	103	86	71	79	64	92	74	79	79	95	84	80	0	85	89	96	82	89	72	67	84	96	84	106	75	86	105	82	61	81	102	93	105	105	78	72	92	82	86	68	90	78	99	75	92	81	100	83	87	85
14	98	93	94	96	91	73	85	90	108	90	85	87	85	0	76	85	95	88	93	84	93	89	65	85	66	103	74	95	78	74	79	94	106	114	89	73	85	93	91	71	105	101	106	90	93	92	97	92	66	74
15	70	89	84	74	81	73	81	84	86	96	89	91	89	76	0	87	71	76	91	86	81	97	67	81	82	87	96	101	86	84	95	88	88	84	83	69	99	75	97	85	75	103	106	72	83	84	77	78	80	86
16	89	92	79	95	100	72	76	71	83	87	110	92	96	85	87	0	104	101	92	71	80	76	70	74	73	92	97	100	77	75	80	93	87	101	90	92	86	90	88	100	94	102	65	87	76	87	80	77	99	85
17	89	84	89	99	74	98	88	63	75	79	86	84	82	95	71	104	0	71	82	89	106	88	94	90	87	88	89	90	77	113	92	83	97	77	64	98	80	102	82	84	102	78	105	73	84	99	82	73	87	89
18	108	99	88	86	85	93	89	88	78	78	93	85	89	88	76	101	71	0	97	76	87	75	75	113	88	91	74	91	78	88	81	88	90	86	81	91	91	91	89	93	95	79	104	70	91	80	87	78	78	92
19	89	84	79	93	90	88	80	83	67	93	88	108	72	93	91	92	82	97	0	81	92	88	84	100	93	100	117	74	75	93	90	89	97	103	82	88	88	76	78	76	90	76	101	75	100	91	72	91	107	69
20	84	95	76	96	79	89	73	82	88	76	103	91	67	84	86	71	89	96	81	0	75	67	65	91	78	81	98	85	74	70	73	94	82	96	79	87	79	93	75	83	91	77	76	84	95	78	73	78	106	90
21	85	98	81	67	84	94	72	89	101	99	104	90	84	93	81	80	106	87	92	75	0	96	78	100	81	68	111	74	75	87	78	93	75	91	100	90	122	86	86	92	84	100	81	95	96	97	80	83	99	93
22	89	84	99	87	88	98	100	89	91	87	102	94	96	89	97	76	88	75	88	67	96	0	70	96	79	100	97	92	93	91	68	83	85	105	76	92	62	102	84	92	98	84	83	83	82	97	84	91	101	109
23	91	76	77	65	80	56	70	85	101	87	82	76	84	65	67	70	94	75	84	65	78	70	0	92	63	78	87	94	71	67	72	103	75	85	90	62	92	88	82	74	82	82	89	79	66	73	82	81	89	87
24	65	86	95	97	80	88	86	99	95	97	96	98	106	85	81	74	90	113	100	91	100	96	92	0	99	112	103	106	93	91	100	95	81	81	80	98	100	92	80	98	92	106	87	89	88	91	80	87	105	93
25	88	65	76	80	85	63	93	68	98	68	75	75	66	82	73	87	88	93	78	81	79	63	99	0	99	82	85	76	76	73	94	86	92	77	73	81	97	93	71	105	93	78	88	77	76	89	82	58	86	
26	113	98	85	83	74	82	98	89	115	105	96	88	86	103	87	92	88	91	100	81	68	100	78	112	99	0	99	90	97	113	98	109	87	99	94	102	102	98	92	100	98	106	85	89	86	83	92	81	107	89
27	100	109	102	108	107	85	99	78	102	86	97	73	105	74	96	97	89	74	117	98	111	97	87	103	82	99	0	113	80	92	97	100	100	92	99	97	91	101	113	93	107	95	112	80	97	102	113	94	62	94
28	95	88	79	89	76	102	86	101	75	83	86	102	82	95	101	100	90	91	74	85	74	92	94	106	85	90	113	0	75	97	96	97	85	109	90	84	96	86	80	86	96	92	99	77	90	105	88	87	95	59
29	86	85	58	92	73	83	45	64	66	66	81	87	61	78	86	77	77	78	75	74	75	93	71	93	76	97	80	75	0	76	85	84	80	88	83	71	93	69	85	67	75	71	90	66	83	86	81	70	80	72
30	94	105	90	80	99	75	77	98	92	82	101	81	81	74	84	75	113	88	93	70	87	91	67	91	76	113	92	97	76	0	95	94	76	96	105	91	105	85	89	79	97	95	92	88	91	90	79	78	90	80
31	93	78	89	91	80	84	102	73	101	91	86	106	102	79	95	80	92	81	90	73	78	68	72	100	73	98	97	96	85	95	0	103	91	107	72	102	92	100	88	98	82	82	75	95	90	85	72	95	95	107
32	78	105	104	98	97	93	95	82	74	92	117	91	93	94	88	93	83	88	94	93	83	103	95	94	109	100	97	84	94	103	0	98	90	73	103	93	87	87	87	89	111	102	80	93	88	83	82	92	96	
33	64	103	94	76	83	81	75	100	100	78																																								

2. melléklet. 588 őszibúza fajtaleírás Pearson-féle korrelációja

[illegible]

 Szignifikáns korreláció SzD 1% szinten 0,30 felett

3. melléklet. 27 őszárpa 2003-2006 éves DUS fajtaleírása

fajta sorszám	év	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28
1	2003	6	9	2	8	6	7	2	3	3	6	1	5	4	5	7	4	4	2	3	3	2	9	1	1	1	2	2	1
2	2003	3	9	0	5	9	4	0	7	5	6	2	5	2	2	7	5	3	0	0	3	2	9	1	8	9	2	1	1
3	2003	3	9	1	8	7	5	1	4	4	7	2	5	3	4	7	4	4	0	0	3	2	9	1	7	1	2	1	1
4	2003	7	9	5	5	6	7	2	2	5	3	2	5	3	3	7	3	3	0	0	3	2	9	1	9	9	2	1	1
5	2003	4	1	0	8	5	4	0	4	7	4	1	5	4	7	7	4	3	2	2	2	2	9	1	4	1	2	2	1
6	2003	6	9	1	9	7	5	1	3	6	7	2	5	2	5	7	3	3	0	0	3	2	9	1	9	9	2	1	1
7	2003	5	9	1	5	6	3	1	3	3	5	2	5	2	3	7	3	3	0	0	2	2	9	1	9	9	2	1	2
8	2003	5	1	1	8	7	5	1	8	2	2	1	3	5	4	7	3	3	2	3	2	2	9	1	5	1	1	1	1
9	2003	4	9	1	9	7	4	1	9	6	3	1	5	4	5	7	4	4	2	2	1	2	9	1	6	1	2	1	1
10	2003	5	1	1	7	7	4	1	2	4	4	1	5	4	4	7	3	5	2	2	2	2	9	1	6	1	2	1	2
11	2003	3	9	1	5	7	3	1	7	5	6	1	5	3	7	7	4	5	2	2	2	2	9	1	1	1	2	1	1
12	2003	5	1	1	8	7	5	1	3	3	5	1	5	3	7	7	3	4	2	2	2	2	9	1	3	1	2	1	1
13	2003	3	9	1	1	9	3	1	6	2	5	2	5	2	2	7	3	3	0	0	2	2	9	1	7	9	2	1	1
14	2003	5	9	1	3	9	3	1	6	2	4	2	5	2	3	7	2	3	0	0	2	2	9	1	8	9	2	1	1
15	2003	5	9	3	6	6	5	3	6	3	4	1	5	3	8	7	4	4	2	2	3	2	9	4	2	1	2	1	1
16	2003	5	9	1	4	6	5	1	2	5	7	2	5	2	4	7	5	4	0	0	3	2	9	1	9	9	2	1	1
17	2003	6	9	3	5	7	4	5	4	3	3	1	5	3	6	7	4	6	2	2	2	2	9	3	1	1	2	1	1
18	2003	3	1	3	5	9	3	6	6	5	3	1	5	3	6	7	4	4	2	3	3	1	9	1	1	1	2	1	1
19	2003	7	9	1	5	9	4	1	5	4	3	1	5	4	5	7	6	5	2	1	2	2	9	1	2	9	2	2	1
20	2003	5	9	1	9	4	4	1	3	4	6	2	5	2	3	7	4	3	0	0	2	2	9	1	9	9	2	3	1
21	2003	5	9	1	7	6	5	1	4	5	4	2	5	2	5	7	3	3	0	0	2	2	9	1	9	9	2	1	1
22	2003	4	9	1	5	7	5	1	2	6	5	1	5	3	7	7	5	5	1	1	2	2	9	1	3	1	2	1	1
23	2003	3	1	1	7	7	5	1	5	3	7	1	5	3	9	7	3	3	2	2	2	2	9	1	1	1	2	1	1
24	2003	6	9	1	3	5	4	1	4	1	4	2	5	2	4	7	3	3	0	0	3	2	9	1	9	9	2	1	3
25	2003	6	9	1	2	8	6	1	5	2	4	1	3	5	4	7	5	6	2	2	2	1	9	1	6	1	2	1	1
26	2003	5	9	1	3	7	4	1	3	5	8	2	5	2	3	7	3	3	0	0	3	2	9	1	9	9	2	1	1
27	2003	6	9	2	8	8	5	1	3	4	8	1	5	4	5	7	3	3	2	2	2	2	9	1	1	1	2	1	1

fajta sorszám	év	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28
1	2004	5	9	2	5	3	9	3	3	5	7	1	4	4	7	5	5	5	2	2	2	2	9	1	2	1	2	1	1
2	2004	5	9	1	3	9	4	1	8	5	4	2	5	3	4	7	4	4	0	0	2	2	9	1	9	9	2	3	1
3	2004	3	9	1	8	7	5	1	4	4	7	2	5	3	4	7	4	4	0	0	3	2	9	1	7	1	2	1	1
4	2004	4	9	8	3	3	6	4	1	5	5	2	5	3	4	7	3	3	0	0	3	2	9	4	9	9	2	1	1
5	2004	4	1	1	7	8	3	1	6	5	4	1	5	4	7	7	4	4	2	3	2	2	9	1	5	1	2	1	1
6	2004	5	9	1	4	3	3	1	3	3	7	2	5	3	2	7	5	5	0	0	3	2	9	1	9	9	2	1	1
7	2004	4	9	1	7	4	1	1	6	4	3	2	5	2	3	7	3	3	0	0	2	2	9	1	9	9	2	1	2
8	2004	5	1	1	8	7	6	1	9	4	5	1	4	6	5	5	3	3	2	2	1	2	9	1	8	1	1	1	1
9	2004	4	9	1	3	5	4	1	2	7	5	1	5	4	6	5	4	4	2	3	1	2	9	1	8	1	2	1	1
10	2004	5	1	1	6	7	2	1	4	7	5	1	5	5	5	7	3	3	2	2	2	2	9	1	5	1	2	1	3
11	2004	2	9	1	3	5	2	1	5	6	4	1	5	4	7	7	5	5	2	2	1	2	9	1	2	1	2	1	1
12	2004	6	1	1	7	4	7	1	5	5	7	1	5	4	9	5	4	4	2	2	2	2	9	1	3	1	2	1	1
13	2004	3	9	1	4	9	2	1	6	4	4	2	5	2	3	7	3	3	0	0	2	2	9	1	8	9	2	1	1
14	2004	2	9	1	3	8	2	1	6	4	4	2	5	2	4	7	3	3	0	0	1	2	9	1	8	9	2	1	1
15	2004	4	9	8	9	6	6	5	3	5	5	1	5	4	8	5	5	5	2	2	2	2	9	7	2	1	2	2	1
16	2004	3	9	1	6	5	3	1	2	5	7	2	5	2	4	7	4	4	0	0	2	2	9	1	9	9	2	1	1
17	2004	3	9	5	5	6	4	5	5	5	2	1	5	5	6	7	5	6	2	2	2	2	9	8	2	1	2	2	1
18	2004	4	1	7	7	5	3	7	7	6	4	1	5	4	6	7	4	4	2	2	3	1	9	1	1	1	2	1	1
19	2004	4	9	3	5	8	4	3	7	5	2	1	5	4	5	7	6	5	2	2	1	2	9	3	2	9	2	2	1
20	2004	4	9	1	5	5	5	1	3	4	4	2	5	2	4	7	4	3	0	0	1	2	9	1	8	9	2	3	1
21	2004	5	9	1	3	5	2	1	6	5	6	2	5	3	3	7	3	3	0	0	1	2	9	1	9	9	2	1	1
22	2004	3	9	1	9	4	4	1	1	5	5	1	5	4	8	7	3	3	1	1	2	2	9	1	2	1	2	1	1
23	2004	3	1	1	8	6	4	1	5	6	5	1	5	4	7	6	3	3	2	2	1	2	9	1	2	1	2	1	1
24	2004	2	9	2	3	6	2	2	5	2	3	2	5	2	2	7	3	3	0	0	3	2	9	2	9	9	2	1	3
25	2004	6	9	1	3	7	7	1	3	5	8	1	5	6	5	7	5	5	2	2	2	1	9	1	9	1	2	2	1
26	2004	3	9	2	4	5	2	2	4	6	6	2	5	2	4	7	2	3	0	0	3	2	9	4	9	9	2	1	1
27	2004	3	9	5	5	6	6	2	2	6	8	1	5	4	7	7	3	3	2	3	1	2	9	1	2	1	2	1	1

fajta sorszám	év	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28
1	2005	3	9	1	5	6	8	1	2	4	6	1	5	4	6	7	5	4	2	2	2	2	9	1	2	1	2	1	1
2	2005	5	9	1	4	9	7	1	7	3	6	2	5	3	3	7	4	4	0	0	2	2	9	1	9	9	2	3	1
3	2005	3	9	1	6	6	7	1	5	4	6	2	5	4	3	7	3	3	0	0	3	2	9	1	9	1	2	1	1
4	2005	5	9	4	3	3	8	2	2	6	4	2	5	3	3	7	3	3	0	0	2	2	9	4	9	9	2	1	1
5	2005	3	1	1	6	3	2	1	4	4	7	1	5	4	8	5	4	3	2	2	1	2	9	1	7	1	2	1	1
6	2005	4	9	1	3	7	5	1	3	4	6	2	5	3	3	7	3	3	0	0	3	2	9	1	9	9	2	2	1
7	2005	4	9	1	2	5	3	1	3	2	3	2	5	3	3	7	3	3	0	0	2	2	9	1	8	9	2	1	2
8	2005	4	1	1	8	8	7	1	7	2	4	1	5	6	4	5	3	3	2	2	1	2	9	1	7	1	1	1	1
9	2005	4	9	1	7	3	7	1	3	6	3	1	5	3	8	3	4	4	2	2	2	2	9	1	8	1	2	1	1
10	2005	3	1	1	6	5	5	1	2	3	8	1	5	5	4	7	3	3	2	2	2	2	9	1	8	1	2	1	3
11	2005	2	9	1	3	7	2	1	7	3	4	1	5	4	7	5	4	4	2	2	2	2	9	1	2	1	2	1	1
12	2005	6	1	1	5	8	7	1	4	4	5	1	5	4	8	7	4	4	2	2	2	2	9	1	4	1	2	1	1
13	2005	4	9	1	2	7	4	1	4	2	4	2	5	3	3	5	3	3	0	0	2	2	9	1	8	9	2	1	1
14	2005	4	9	1	2	7	3	1	5	2	4	2	5	3	3	5	4	4	0	0	2	2	9	1	8	9	2	1	1
15	2005	4	9	6	8	5	7	3	3	2	4	1	5	3	8	6	3	3	2	2	2	2	9	9	6	1	2	1	1
16	2005	4	9	1	4	8	7	1	2	4	6	2	5	3	4	7	4	3	0	0	2	2	9	3	9	9	2	1	1
17	2005	4	9	5	5	5	6	6	3	3	3	1	5	3	7	7	5	5	2	2	2	2	9	7	4	1	2	2	1
18	2005	3	1	4	5	6	3	3	5	3	6	1	5	4	6	5	4	4	2	2	2	1	9	1	2	1	2	1	1
19	2005	4	9	2	6	8	7	2	8	2	3	1	5	4	6	5	6	6	2	2	2	2	9	3	4	9	2	2	1
20	2005	4	9	1	5	5	5	1	3	3	5	2	5	3	4	5	3	3	0	0	2	2	9	1	9	9	2	3	1
21	2005	4	9	1	3	7	5	1	5	4	5	2	5	3	3	7	3	3	0	0	2	2	9	1	9	9	2	2	1
22	2005	5	9	1	5	4	7	1	1	4	8	1	5	3	9	5	7	7	1	1	2	2	9	1	5	1	2	1	1
23	2005	3	1	1	5	3	4	1	3	5	4	1	5	3	8	5	4	5	2	2	2	2	9	1	1	1	2	1	1
24	2005	3	9	1	5	7	4	1	2	1	4	2	5	3	2	7	3	3	0	0	2	2	9	2	9	9	2	1	3
25	2005	4	9	1	2	9	8	1	4	2	5	1	5	5	5	7	5	5	2	1	2	1	9	1	9	1	2	2	1
26	2005	3	9	2	1	9	5	2	3	4	8	2	5	3	2	7	2	2	0	0	3	2	9	3	9	9	2	1	1
27	2005	5	9	5	7	6	7	3	2	5	6	1	5	4	6	7	4	4	2	2	2	2	9	1	3	1	2	1	1

fajta sorszám	év	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28
1	2006	4	9	1	5	6	8	1	2	3	4	1	5	5	5	7	5	5	2	1	2	2	9	2	3	1	2	1	1
2	2006	4	9	1	3	9	6	1	7	3	5	2	5	3	4	7	4	4	0	0	2	2	9	1	9	9	2	3	1
3	2006	4	9	1	5	9	8	1	5	3	6	2	5	3	5	7	2	2	0	0	3	2	9	1	9	1	2	1	1
4	2006	5	9	7	4	4	7	2	1	3	4	2	5	3	3	7	2	2	0	0	3	2	9	2	9	9	2	1	1
5	2006	3	1	1	6	7	1	1	5	4	3	1	5	4	7	7	3	4	2	2	1	2	9	1	9	1	2	1	1
6	2006	5	9	1	5	5	3	1	5	3	8	2	5	3	4	7	3	3	0	0	3	2	9	1	9	9	2	1	1
7	2006	4	9	1	4	6	2	1	4	4	4	2	5	3	4	7	3	3	0	0	1	2	9	1	9	9	2	1	2
8	2006	5	1	1	8	6	8	1	9	1	2	1	5	6	5	6	3	3	2	3	1	2	9	1	7	1	1	1	1
9	2006	2	9	1	5	5	5	1	6	4	5	1	5	4	6	7	4	3	2	3	1	2	9	1	9	1	2	1	1
10	2006	5	1	1	5	7	4	1	2	5	4	1	5	5	6	7	3	3	2	2	2	2	9	1	6	1	2	1	3
11	2006	1	9	1	3	9	1	1	7	4	4	1	5	4	6	7	3	3	2	2	2	2	9	1	2	1	2	1	1
12	2006	7	1	1	5	7	9	1	3	3	4	1	5	3	9	6	5	5	2	3	2	2	9	1	3	1	2	1	1
13	2006	3	9	1	2	9	3	1	4	4	5	2	5	3	4	7	3	3	0	0	2	2	9	1	9	9	2	1	1
14	2006	2	9	1	2	9	2	1	6	4	4	2	5	2	4	7	3	3	0	0	2	2	9	1	9	9	2	1	1
15	2006	4	9	6	8	5	7	3	3	2	4	1	5	3	8	6	3	3	2	2	2	2	9	9	6	1	2	1	1
16	2006	3	9	1	4	8	5	1	2	3	8	2	5	3	4	7	4	4	0	0	2	2	9	2	9	9	2	1	1
17	2006	3	9	5	7	5	6	5	2	2	2	1	5	4	6	7	4	4	2	2	2	2	9	9	3	1	2	1	1
18	2006	3	1	5	6	7	2	3	6	5	3	1	5	3	7	7	3	3	2	2	3	1	9	1	1	1	2	1	1
19	2006	5	9	1	8	9	7	1	6	2	3	1	5	4	5	7	5	5	2	1	1	2	9	3	4	9	2	1	1
20	2006	3	9	1	7	5	5	1	5	3	7	2	5	3	4	7	3	3	0	0	1	2	9	1	9	9	2	3	1
21	2006	3	9	1	5	6	4	1	6	4	7	2	5	3	4	7	3	3	0	0	2	2	9	1	9	9	2	1	1
22	2006	3	9	1	9	5	7	1	1	3	7	1	5	4	7	7	6	5	1	1	2	2	9	1	3	1	2	1	1
23	2006	3	1	1	9	5	7	1	2	3	7	1	5	4	7	7	6	5	1	1	2	2	9	1	3	1	2	1	1
24	2006	3	9	1	4	6	3	1	3	1	5	2	5	3	3	7	3	3	0	0	3	2	9	2	9	9	2	1	3
25	2006	3	9	1	2	9	8	1	4	2	5	1	5	5	5	7	5	5	2	1	2	1	9	1	9	1	2	2	1
26	2006	3	9	1	4	7	4	1	4	4	7	2	5	3	3	7	3	3	0	0	3	2	9	3	9	9	2	1	1
27	2006	4	9	4	8	7	7	3	3	3	7	1	5	4	6	7	3	3	2	2	1	2	9	1	2	1	2	1	1

4. melléklet. 27 őszi és 17 tavaszi árpafajta végső DUS fajtaleírása

fajta sorsszám	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28
Őszi 1	5	9	2	5	6	8	2	2	4	6	1	5	4	6	7	5	5	2	2	2	2	9	1	2	1	2	1	1
Őszi 2	4	9	1	4	9	5	1	7	4	5	2	5	3	3	7	4	4	0	0	2	2	9	1	9	9	2	3	1
Őszi 3	3	9	1	6	7	7	1	5	4	7	2	5	3	4	7	3	3	0	0	3	2	9	1	8	1	2	1	1
Őszi 4	5	9	6	4	4	7	2	2	5	4	2	5	3	3	7	3	3	0	0	3	2	9	3	9	9	2	1	1
Őszi 5	3	1	1	7	6	3	1	5	5	4	1	5	4	7	7	4	4	2	2	2	2	9	1	7	1	2	1	1
Őszi 6	5	9	1	5	6	4	1	3	4	7	2	5	3	4	7	3	3	0	0	3	2	9	1	9	9	2	1	1
Őszi 7	4	9	1	4	5	2	1	4	3	4	2	5	3	3	7	3	3	0	0	2	2	9	1	9	9	2	1	2
Őszi 8	5	1	1	8	7	7	1	8	2	3	1	4	6	4	6	3	3	2	3	1	2	9	1	7	1	1	1	1
Őszi 9	4	9	1	6	5	5	1	5	6	4	1	5	4	6	6	4	4	2	3	1	2	9	1	8	1	2	1	1
Őszi 10	5	1	1	6	7	4	1	2	5	5	1	5	5	5	7	3	3	2	2	2	2	9	1	6	1	2	1	3
Őszi 11	2	9	1	3	7	2	1	7	5	4	1	5	4	7	7	4	4	2	2	2	2	9	1	2	1	2	1	1
Őszi 12	6	1	1	6	7	7	1	4	4	5	1	5	4	8	6	4	4	2	2	2	2	9	1	3	1	2	1	1
Őszi 13	3	9	1	2	9	3	1	5	3	5	2	5	3	3	7	3	3	0	0	2	2	9	1	8	9	2	1	1
Őszi 14	3	9	1	3	8	3	1	6	3	4	2	5	2	4	7	3	3	0	0	2	2	9	1	8	9	2	1	1
Őszi 15	4	9	6	8	6	6	3	3	3	4	1	5	3	8	6	4	4	2	2	2	2	9	8	5	1	2	1	1
Őszi 16	4	9	1	4	7	5	1	2	4	7	2	5	3	4	7	4	4	0	0	2	2	9	2	9	9	2	1	1
Őszi 17	4	9	5	5	6	5	5	3	3	3	1	5	4	6	7	5	5	2	2	2	2	9	7	3	1	2	2	1
Őszi 18	3	1	5	6	7	3	4	6	5	4	1	5	4	6	7	4	2	2	2	3	1	9	1	1	1	2	1	1
Őszi 19	5	9	2	6	8	6	2	6	3	3	1	5	4	5	7	6	5	2	2	2	2	9	3	3	9	2	2	1
Őszi 20	4	9	1	7	5	5	1	3	4	6	2	5	3	4	7	4	3	0	0	2	2	9	1	9	9	2	3	1
Őszi 21	4	9	1	5	6	4	1	5	5	6	2	5	3	4	7	3	3	0	0	2	2	9	1	9	9	2	1	1
Őszi 22	4	9	1	7	5	6	1	1	5	6	1	5	4	8	7	5	5	1	1	2	2	9	1	3	1	2	1	1
Őszi 23	3	1	1	7	5	5	1	4	4	6	1	5	4	8	6	4	4	2	2	2	2	9	1	2	1	2	1	1
Őszi 24	3	9	1	4	6	3	1	4	1	4	2	5	3	3	7	3	3	0	0	3	2	9	2	9	9	2	1	3
Őszi 25	4	9	1	2	8	7	1	4	2	5	1	5	5	5	7	5	5	2	2	2	1	9	1	9	1	1	2	1
Őszi 26	3	9	2	3	7	4	2	4	5	7	2	5	3	3	7	3	3	0	0	3	2	9	3	9	9	2	1	1
Őszi 27	4	9	4	7	7	6	2	3	5	7	1	5	4	6	7	3	3	2	2	2	2	9	1	2	1	2	1	1
Tavaszi 1	6	1	6	5	7	4	3	4	2	5	1	5	4	5	6	3	3	2	2	2	2	9	1	8	1	2	1	3
Tavaszi 2	6	1	4	4	7	5	2	3	1	6	1	5	4	5	6	3	5	2	2	2	2	9	3	1	1	2	1	3
Tavaszi 3	5	1	6	3	7	5	4	3	1	4	1	5	5	4	8	3	3	2	2	2	2	9	6	1	1	2	1	3
Tavaszi 4	7	1	6	7	7	4	4	3	2	7	1	5	4	6	6	3	3	2	2	2	2	9	1	1	1	2	1	3
Tavaszi 5	6	1	9	7	6	5	4	3	1	5	1	5	5	5	6	3	3	2	2	2	2	9	5	1	1	2	1	3
Tavaszi 6	6	1	6	5	8	4	4	1	2	7	1	5	4	7	7	3	3	2	2	2	2	9	5	1	1	2	1	3
Tavaszi 7	5	1	6	5	7	5	3	3	2	6	1	5	4	6	6	3	3	2	2	2	2	9	5	1	1	2	1	3
Tavaszi 8	4	1	4	3	8	4	4	5	2	6	1	5	4	6	5	3	3	2	2	2	2	9	6	1	1	2	1	3
Tavaszi 9	3	1	6	5	8	4	3	5	2	8	1	5	4	6	7	3	5	2	2	2	2	9	5	3	1	2	1	3
Tavaszi 10	7	1	6	6	7	5	3	5	2	7	1	5	5	6	6	3	3	1	0	2	2	9	1	1	1	2	1	3
Tavaszi 11	6	1	6	5	8	4	3	7	2	6	1	5	4	5	6	3	5	1	0	2	2	9	5	1	1	2	1	3
Tavaszi 12	7	1	7	5	6	5	5	5	2	6	1	5	4	6	5	3	3	2	2	2	2	9	5	1	1	2	1	3
Tavaszi 13	5	1	5	5	8	5	3	5	1	6	1	5	4	6	7	3	3	2	2	2	1	9	5	1	1	2	1	3
Tavaszi 14	7	1	7	4	7	7	5	5	2	5	1	5	5	5	6	5	3	1	0	2	2	9	5	1	1	2	1	3
Tavaszi 15	7	1	5	7	8	5	3	7	1	7	1	5	3	5	8	3	3	2	2	2	2	9	3	1	1	2	1	3
Tavaszi 16	5	1	4	5	7	6	4	3	2	6	1	5	5	5	7	3	3	2	2	2	1	9	4	1	1	2	1	3
Tavaszi 17	6	1	7	7	7	5	4	1	2	7	1	5	4	5	5	3	3	2	2	2	2	9	4	1	1	2	1	3

	CPVO DUS Tulajdonság		CPVO DUS Tulajdonság
1.	Növény: növekedési típusa	15.	Szálkák: hosszúsága (a kalászhoz viszonyítva)
2.	Alsó levél: levélhüvely szőrözöttsége	16.	Kalászorsó: legalsó orsótag hossza
3.	Zászlólevél: fülecske antociános színeződés erőssége	17.	Kalászorsó: legalsó orsótag görbülete
4.	Növény: visszahajló zászlólevelű növények előfordulása	18.	Kalász: steril kalászkák kifejlődése
5.	Zászlólevél: levélhüvely viaszossága	19.	Steril kalászkák: állása (a kalász középső harmadában)
6.	Kalászkalás ideje: (első kalászkák megjelenése a kalászkák 50 %-ánál)	20.	Középső kalászkák: a kalászpelyva és a szálka hossza a szemhez viszonyítva
7.	Szálkák: antociános színeződésének erőssége	21.	Szem: talpserte szőrözöttsége
8.	Kalász: viaszossága	22.	Szem: pelyva
9.	Kalász: állása	23.	Szem: fedőpelyva erecske antociános színeződése
10.	Növény: magassága (szár és kalász szálkák nélkül)	24.	Szem: fedőpelyva erecske fogazottsága
11.	Kalász: sorosság	25.	Szem: hasi barázda szőrözöttsége
12.	Kalász: alakja	26.	Szem: szemsüveg elhelyezkedése
13.	Kalász: tömörsége	27.	Csupasz-szem: aleuron réteg színe
14.	Kalász: hossza (szálkák nélkül)	28.	Életforma

5. melléklet. Szőlő DUS fajtaleírások

Fajta sorszáma /DUS tulajdonság	Csak Termőfajtáknál: rügyakadás kezdeté (arúgyek 50 %-a a fiatal hajtás: vitorla gyapjaszőrűségének sűrűsége	Fiatal hajtás: vitorla gyapjaszőrűségének antociános	Fiatal levél: a főerek közötti gyapjaszőrűk sűrűsége a fiatal levél: a főereken lévő szerszőzők sűrűsége a levéllemez Hajtás: állás (közvetlen előtti)	Hajtás: izköz színe a hálón (jól megvilágítva)	Hajtás: izköz színe a hálón (közvetlen napfény nélküli)	Hajtás: kacs hosszúság	Kifejtett levél: lemez mérete	Kifejtett levél: levéllemez színének hőszíne	Kifejtett levél: karékok száma	Kifejtett levél: felső oldalból mélysége	Kifejtett levél: felső oldalból karéjainak helyzete	Kifejtett levél: vállból karéjainak helyzete	Kifejtett levél: fogak hosszúsága	Kifejtett levél: a fogak hosszúságának és szélességének	Kifejtett levél: a főerek antociános színeződése a levéllemez színén	Kifejtett levél: az erek közötti gyapjaszőrűségének sűrűsége a fonákon	Kifejtett levél: a főerek szerszőrűségének sűrűsége a fonákon	Kifejtett levél: levélhíj hosszúsága a levél középső főerehez	Csak termőfajták esetében: a bogyóérés kezdete (zsindülés)	Fürt: méret (a fürtkocsány nélkül)	Fürt: tömörség	Fürt: kocsány hossza	Bogyó: méret	Bogyó: Leválaszthatóság a kocsány	Bogyó: héj vastagsága	Bogyó: hús szilárdsága	Bogyó: hús levsége
1	3	3	1	2	1	3	3	1	4	4	2	2	2	2	2	2	2	2	3	3	4	4	3	2	7	1	2
2	5	7	1	6	7	2	2	1	5	5	3	5	2	6	4	4	5	7	2	5	6	6	5	2	3	1	3
3	3	3	1	3	1	3	2	1	5	5	4	1	1	3	3	3	1	2	3	3	7	5	3	2	3	1	3
4	2	3	1	2	2	3	2	1	7	5	4	2	3	3	5	3	5	1	1	6	5	5	5	2	3	2	3
5	7	2	1	1	1	3	1	1	4	5	3	2	4	1	7	5	5	1	1	3	4	4	6	5	3	2	4
6	5	7	1	8	1	2	2	1	6	5	4	3	4	1	5	3	3	8	5	2	3	6	6	5	2	3	1
7	3	3	3	2	1	4	1	2	7	5	3	3	5	2	5	3	3	5	1	3	3	5	5	5	2	3	1
8	6	8	1	7	7	2	2	1	4	7	3	2	1	1	7	5	5	2	5	7	6	7	5	5	2	3	1
9	6	5	1	4	1	1	2	1	6	6	3	3	5	1	2	4	3	6	4	7	3	4	5	5	3	2	4
10	7	2	1	2	1	5	2	1	4	5	3	3	5	3	7	6	3	2	1	3	4	5	7	5	4	2	6
11	7	8	1	8	5	1	2	1	7	5	2	2	2	1	3	3	4	3	5	6	8	4	7	4	2	5	1
12	2	2	1	2	5	3	3	1	4	4	4	3	5	3	4	3	3	1	1	3	5	5	3	2	4	2	2
13	6	6	1	6	5	3	3	1	3	3	5	3	5	2	4	3	3	8	5	4	2	5	3	7	3	4	2
14	5	5	1	4	1	4	1	1	5	4	4	2	4	3	4	3	3	1	3	2	3	4	6	5	4	2	6
15	3	5	2	4	5	4	3	2	4	5	1	2	2	1	2	4	3	2	2	6	2	4	6	4	3	2	5
16	5	4	1	2	1	3	3	2	5	5	3	3	5	2	3	4	5	3	1	5	5	5	5	3	2	6	
17	6	8	5	7	5	1	2	1	3	6	3	2	1	1	3	5	4	4	6	1	1	6	5	6	4	1	
18	3	4	2	1	3	3	1	2	3	5	3	3	5	5	1	2	5	5	1	1	3	2	5	3	7	3	
19	3	3	1	1	3	1	1	5	4	4	3	5	1	3	4	3	3	1	3	4	5	5	6	5	3	2	
20	7	5	1	4	1	3	1	1	5	5	2	2	3	1	4	4	5	1	2	1	3	6	3	7	4	3	
21	1	6	4	2	1	2	3	2	5	7	3	1	1	1	3	4	2	5	1	4	4	4	3	5	3	2	
22	5	5	1	3	1	4	2	1	5	5	3	2	3	1	3	3	3	1	3	2	5	5	6	5	5	2	
23	4	7	3	5	3	4	1	1	5	5	4	3	6	1	3	3	2	1	3	5	2	6	4	7	4	3	
24	4	6	1	3	1	5	2	1	5	5	5	3	5	2	4	3	3	1	1	1	2	5	4	6	4	3	
25	4	5	3	3	1	5	2	1	5	5	6	3	4	2	4	3	3	2	1	1	2	4	3	7	3	1	
26	6	5	3	4	3	3	3	2	3	5	6	3	5	2	7	4	3	3	3	5	3	7	3	3	2	5	
27	4	3	1	3	3	3	1	1	4	6	5	4	6	3	5	3	4	2	2	3	2	3	6	7	5	3	
28	5	7	1	4	1	3	2	1	4	5	5	3	5	1	4	4	3	3	3	4	6	7	5	3	2	7	
29	6	7	3	6	3	3	2	1	5	5	4	3	6	2	6	4	6	7	4	5	2	5	5	6	4	2	
30	4	7	5	5	1	4	1	1	5	4	4	3	5	3	4	4	3	1	4	3	3	4	3	7	3	2	
31	5	2	1	1	1	5	2	1	5	6	3	3	4	3	3	3	3	1	1	1	2	4	7	6	5	2	
32	2	3	3	1	1	2	2	1	7	6	3	3	6	3	4	3	5	3	1	1	3	4	6	4	6	3	
33	4	7	4	5	3	4	1	1	4	3	7	2	3	1	7	3	3	3	4	3	2	3	7	3	3	2	
34	5	2	1	1	1	4	1	1	4	5	3	3	5	2	4	6	5	1	1	1	2	4	5	7	4	3	
35	6	3	1	3	1	3	3	1	5	5	2	2	1	1	3	5	6	3	1	3	3	7	6	5	6	5	
36	6	5	2	3	6	2	2	1	5	5	5	3	6	2	7	3	4	2	2	6	2	6	5	7	5	3	
37	5	4	1	2	3	3	3	1	6	5	5	2	2	1	4	4	5	2	1	5	3	7	4	7	5	2	
38	6	8	5	7	4	3	2	1	4	5	5	4	5	1	5	4	3	4	3	1	6	4	7	3	3	2	

6. melléklet. Szőlőfajták bináris mátrixa, mely 9 SSR primer felhasználásával nyert adatokból készült

	VMD32										VVS2										VMD28										VMD27									
	241	243	251	253	255	257	259	265	267	273	130	134	136	138	144	146	148	150	152	154	156	220	230	236	238	240	246	248	250	252	260	262	270	280	176	180	182	184	186	188
Bianca	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Budai	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Chardonnay	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Csabagyöngye	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Csillám	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
Ezerjó	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
Fehér chasselas	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
Furmint	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
Genesoa	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
G.Zamatos	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
Hárslevelű	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
Irsai Olivér	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
Jubileum 75	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
Kabar	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
Királyleányka	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
Korona	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
Kövídinka	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
Leányka	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
Odysseus	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
Olaszrizling	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
Orpheus	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
Pátia	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
Pelso	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
Pinot blanc	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
Pinot gris	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
Rajnai izling	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
Rizlingszilvánt	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
Rozália	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
Rózsakő	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
Sauvignon blanc	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
Szién	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
Taurus	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
Tramini	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
Trilla	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
Villard blanc	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
Vulcanus	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
Zalagyöngye	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
Zeusz	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0</											

	VMD25							VMD7									VMD5							VRZAG79								VRZAG62											
	242	244	252	254	258	260	272	237	241	243	245	247	251	253	255	259	261	228	230	234	236	238	240	242	240	242	246	248	252	254	256	258	262	264	184	190	192	196	198	200			
Bianca	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0			
Budai	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0			
Chardonnay	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1		
Csabagyöngye	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0		
Csillám	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0		
Ezerjó	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0		
Fehér chasselas	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0		
Furmint	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0		
Generosa	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0		
G.Zamatos	0	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0		
Hárslevelű	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0		
Isai Olivér	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0		
Jubileum 75	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	
Kabar	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	
Királyleányka	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0		
Korona	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1		
Kovidinka	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	1		
Leányka	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0		
Odysseus	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	
Olaszrizling	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	
Orpheus	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0		
Pátria	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	
Pélső	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	
Pinot blanc	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0
Pinot gris	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0
Rajnai őzling	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	
Rizlingszilváni	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	
Rozália	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	
Röszkő	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	
Sauvignon blanc	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0
Szürén	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Taurus	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0
Tramini	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	
Trilla	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	
Villard blanc	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	
Vulcanus	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	
Zalagyöngye	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0
Zeusz	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0

7. melléklet. Molekuláris (felső háromszög) és morfológiai (alsó háromszög) hasonlósági érték fehér borszőlő fajták esetén

	Bianca	Budai	Chardonnay	Csabagyöngye	Csillám	Ezerjő	Fehér chasselas	Furmint	Generosa	Göcseji zamatos	Hárslevelű	Irsai Olivér	Jubileum75	Kabar	Királyleányka	Korona	Kövidinka	Leányka	Odysseus	Olaszrizling	Orpheus	Pátia	Pelso	Pinot blanc	Pinot gris	Rajnai rizling	Rizlingszilváni	Rozália	Rózsakő	Sauvignon blanc	Szirén	Taurus	Tramini	Trilla	Villard blanc	Vulcanus	Zalagyöngye	Zeus
Bianca		0.25	0.18	0.16	0.19	0.19	0.28	0.13	0.15	0.10	0.22	0.14	0.29	0.21	0.07	0.19	0.10	0.18	0.10	0.19	0.17	0.27	0.11	0.31	0.31	0.22	0.07	0.16	0.15	0.23	0.10	0.03	0.25	0.10	0.18	0.29	0.29	0.14
Budai	0.50		0.11	0.17	0.20	0.15	0.25	0.28	0.12	0.20	0.24	0.25	0.16	0.23	0.22	0.20	0.07	0.19	0.03	0.16	0.14	0.19	0.08	0.10	0.10	0.29	0.12	0.08	0.21	0.15	0.11	0.04	0.17	0.11	0.15	0.32	0.21	0.15
Chardonnay	0.79	0.61		0.11	0.14	0.22	0.22	0.21	0.14	0.06	0.17	0.14	0.23	0.13	0.07	0.27	0.26	0.03	0.18	0.19	0.30	0.13	0.11	0.40	0.40	0.26	0.15	0.11	0.14	0.10	0.21	0.15	0.19	0.10	0.13	0.28	0.14	0.10
Csabagyöngye	0.71	0.64	0.76		0.16	0.19	0.32	0.19	0.00	0.26	0.15	0.53	0.22	0.19	0.17	0.12	0.15	0.11	0.16	0.08	0.24	0.07	0.00	0.07	0.07	0.11	0.13	0.00	0.12	0.07	0.25	0.13	0.04	0.16	0.20	0.12	0.47	0.07
Csillám	0.78	0.59	0.76	0.72		0.19	0.33	0.21	0.15	0.19	0.32	0.19	0.29	0.13	0.11	0.23	0.27	0.14	0.07	0.15	0.21	0.18	0.11	0.10	0.10	0.14	0.03	0.12	0.19	0.14	0.22	0.07	0.20	0.10	0.18	0.29	0.11	0.19
Ezerjő	0.56	0.80	0.69	0.71	0.62		0.23	0.31	0.48	0.10	0.43	0.10	0.15	0.17	0.15	0.28	0.18	0.22	0.14	0.15	0.21	0.27	0.15	0.21	0.21	0.18	0.07	0.07	0.48	0.19	0.14	0.11	0.25	0.19	0.14	0.19	0.07	0.45
Fehér chasselas	0.73	0.62	0.75	0.85	0.77	0.68		0.17	0.24	0.19	0.32	0.33	0.15	0.17	0.11	0.23	0.32	0.27	0.14	0.35	0.31	0.22	0.11	0.17	0.17	0.14	0.11	0.16	0.41	0.14	0.22	0.07	0.15	0.19	0.27	0.48	0.19	0.28
Furmint	0.53	0.82	0.61	0.59	0.62	0.72	0.54		0.14	0.13	0.46	0.21	0.22	0.24	0.33	0.36	0.25	0.17	0.13	0.06	0.29	0.17	0.10	0.13	0.13	0.17	0.07	0.00	0.22	0.13	0.09	0.14	0.10	0.13	0.06	0.22	0.14	0.17
Generosa	0.64	0.74	0.69	0.64	0.68	0.74	0.67	0.64		0.03	0.33	0.07	0.20	0.18	0.07	0.15	0.23	0.23	0.24	0.25	0.14	0.39	0.32	0.32	0.32	0.19	0.16	0.27	0.50	0.29	0.07	0.07	0.53	0.11	0.14	0.20	0.07	0.48
Göcseji zamatos	0.72	0.62	0.68	0.70	0.84	0.63	0.76	0.60	0.68		0.10	0.23	0.11	0.21	0.11	0.10	0.14	0.14	0.07	0.11	0.17	0.06	0.07	0.00	0.00	0.18	0.15	0.04	0.15	0.14	0.18	0.03	0.03	0.19	0.27	0.11	0.24	0.14
Hárslevelű	0.56	0.71	0.58	0.59	0.54	0.72	0.54	0.74	0.69	0.54		0.18	0.23	0.30	0.11	0.50	0.21	0.21	0.14	0.19	0.30	0.36	0.11	0.17	0.17	0.17	0.00	0.07	0.28	0.22	0.13	0.11	0.24	0.10	0.13	0.33	0.14	0.27
Irsai Olivér	0.75	0.62	0.73	0.81	0.74	0.62	0.79	0.52	0.65	0.76	0.54		0.11	0.26	0.20	0.19	0.14	0.27	0.10	0.24	0.17	0.18	0.07	0.06	0.06	0.18	0.15	0.07	0.19	0.03	0.32	0.15	0.11	0.28	0.14	0.24	0.29	0.14
Jubileum75	0.58	0.76	0.61	0.53	0.57	0.67	0.55	0.63	0.69	0.62	0.63	0.67		0.22	0.12	0.19	0.33	0.10	0.24	0.11	0.22	0.28	0.16	0.43	0.43	0.28	0.21	0.27	0.15	0.35	0.19	0.12	0.45	0.11	0.19	0.15	0.25	0.15
Kabar	0.73	0.65	0.81	0.73	0.76	0.75	0.76	0.59	0.73	0.77	0.60	0.76	0.70		0.10	0.21	0.17	0.21	0.03	0.14	0.13	0.30	0.19	0.16	0.16	0.21	0.14	0.07	0.18	0.13	0.21	0.07	0.28	0.17	0.09	0.14	0.22	0.17
Királyleányka	0.75	0.65	0.73	0.65	0.66	0.63	0.66	0.65	0.73	0.66	0.67	0.71	0.67	0.74		0.11	0.11	0.35	0.03	0.07	0.07	0.03	0.08	0.10	0.10	0.15	0.22	0.04	0.21	0.11	0.03	0.12	0.08	0.11	0.11	0.04	0.16	0.15
Korona	0.77	0.67	0.71	0.74	0.75	0.67	0.78	0.58	0.76	0.76	0.61	0.76	0.66	0.75	0.73		0.18	0.22	0.07	0.15	0.26	0.18	0.11	0.10	0.10	0.27	0.07	0.04	0.15	0.14	0.14	0.15	0.11	0.19	0.18	0.29	0.15	0.10
Kövidinka	0.59	0.65	0.60	0.46	0.56	0.63	0.48	0.73	0.63	0.54	0.72	0.50	0.65	0.61	0.64	0.59		0.13	0.22	0.10	0.35	0.17	0.15	0.17	0.17	0.17	0.24	0.11	0.28	0.18	0.26	0.15	0.19	0.14	0.26	0.28	0.14	0.22
Leányka	0.76	0.61	0.77	0.69	0.78	0.59	0.78	0.59	0.67	0.72	0.51	0.73	0.64	0.70	0.76	0.77	0.59		0.10	0.28	0.13	0.21	0.15	0.09	0.09	0.21	0.24	0.11	0.39	0.10	0.13	0.15	0.15	0.22	0.17	0.14	0.14	0.32
Odysseus	0.80	0.63	0.76	0.72	0.77	0.67	0.77	0.52	0.73	0.79	0.57	0.79	0.63	0.79	0.71	0.83	0.58	0.80		0.11	0.26	0.18	0.15	0.36	0.36	0.14	0.15	0.16	0.24	0.14	0.22	0.15	0.15	0.19	0.06	0.15	0.11	0.19
Olaszrizling	0.77	0.61	0.80	0.67	0.62	0.64	0.70	0.64	0.72	0.73	0.66	0.65	0.66	0.81	0.75	0.74	0.65	0.77	0.75		0.22	0.33	0.32	0.18	0.18	0.19	0.12	0.47	0.20	0.07	0.10	0.12	0.26	0.15	0.10	0.30	0.11	0.15
Orpheus	0.74	0.53	0.69	0.61	0.62	0.56	0.65	0.51	0.69	0.60	0.53	0.63	0.59	0.63	0.72	0.72	0.60	0.66	0.72	0.66		0.13	0.19	0.16	0.16	0.17	0.14	0.11	0.22	0.10	0.17	0.23	0.07	0.10	0.17	0.32	0.18	0.17
Pátia	0.76	0.67	0.82	0.72	0.75	0.74	0.75	0.64	0.74	0.76	0.66	0.70	0.66	0.89	0.76	0.79	0.68	0.72	0.81	0.82	0.67		0.19	0.30	0.30	0.13	0.11	0.36	0.23	0.22	0.13	0.07	0.55	0.14	0.10	0.23	0.07	0.27
Pelso	0.62	0.70	0.73	0.63	0.64	0.72	0.69	0.63	0.72	0.66	0.65	0.67	0.72	0.79	0.77	0.72	0.64	0.76	0.74	0.76	0.65	0.78		0.23	0.23	0.19	0.17	0.42	0.26	0.20	0.07	0.17	0.27	0.11	0.07	0.12	0.04	0.20
Pinot blanc	0.73	0.67	0.78	0.68	0.74	0.68	0.74	0.54	0.70	0.77	0.55	0.74	0.70	0.85	0.72	0.78	0.61	0.75	0.82	0.80	0.67	0.86	0.80		1.00	0.17	0.14	0.29	0.22	0.31	0.13	0.14	0.45	0.03	0.09	0.22	0.18	0.17
Pinot gris	0.70	0.62	0.80	0.67	0.72	0.67	0.74	0.52	0.68	0.74	0.50	0.71	0.68	0.80	0.72	0.72	0.58	0.75	0.74	0.78	0.68	0.78	0.77	0.89		0.17	0.14	0.29	0.22	0.31	0.13	0.14	0.45	0.03	0.09	0.22	0.18	0.17
Rajnai rizling	0.64	0.69	0.67	0.59	0.70	0.64	0.67	0.61	0.71	0.75	0.56	0.68	0.79	0.73	0.73	0.72	0.62	0.76	0.72	0.76	0.66	0.71	0.76	0.75	0.80		0.48	0.15	0.14	0.22	0.21	0.24	0.29	0.22	0.21	0.28	0.23	0.14
Rizlingszilváni	0.68	0.70	0.78	0.76	0.74	0.70	0.77	0.62	0.68	0.77	0.55	0.80	0.67	0.79	0.69	0.73	0.54	0.76	0.77	0.72	0.57	0.73	0.76	0.77	0.77	0.75		0.17	0.16	0.15	0.15	0.17	0.22	0.15	0.15	0.07	0.16	0.11
Rozália	0.72	0.75	0.75	0.67	0.72	0.78	0.69	0.65	0.78	0.79	0.65	0.72	0.73	0.82	0.72	0.78	0.66	0.72	0.84	0.78	0.67	0.83	0.79	0.84	0.77	0.81	0.80		0.12	0.21	0.07	0.04	0.42	0.12	0.07	0.17	0.04	0.12
Rózsakő	0.58	0.82	0.61	0.63	0.63	0.74	0.65	0.69	0.74	0.67	0.66	0.60	0.79	0.7	0.67	0.72	0.68	0.66	0.67	0.69	0.59	0.69	0.80	0.70	0.67	0.77	0.70	0.75		0.19	0.14	0.07	0.26	0.19	0.14	0.20	0.11	0.72
Sauvignon blanc	0.65	0.65	0.72	0.63	0.66	0.68	0.71	0.55	0.70	0.74	0.55	0.71	0.72	0.82	0.69	0.68	0.61	0.72	0.74	0.76	0.67	0.73	0.84	0.79	0.80	0.78	0.72	0.80	0.73		0.06	0.07	0.36	0.07	0.22	0.15	0.24	0.19
Szirén	0.71	0.59	0.74	0.74	0.78	0.66	0.76	0.53	0.66	0.81	0.54	0.76	0.58	0.81	0.65	0.79	0.55	0.69	0.78	0.71	0.63	0.84	0.67	0.81	0.76	0.61	0.75	0.73	0.59	0.68		0.15	0.11	0.27	0.21	0.19	0.14	0.14
Taurus	0.72	0.59	0.72	0.78	0.74	0.63	0.82	0.50	0.70	0.71	0.59	0.76	0.52	0.69	0.61	0.75	0.53	0.72	0.77	0.68	0.67	0.68	0.64	0.72	0.74	0.63	0.77	0.71	0.63	0.66	0.76		0.08	0.11	0.11	0.16	0.16	0.03
Tramini	0.66	0.63	0.67	0.56	0.87	0.66	0.62	0.59	0.59	0.63	0.54	0.62	0.72	0.75	0.68	0.59	0.63	0.64	0.67	0.67	0.64	0.71	0.76	0.72	0.75	0.79	0.70	0.76	0.69	0.80	0.58	0.54		0.11	0.15	0.21	0.12	0.30
Trilla	0.75	0.60	0.76	0.70	0.87	0.62	0.79	0.57	0.67	0.84	0.49	0.76	0.60	0.77	0.67	0.78	0.58	0.83	0.79	0.80	0.59	0.76	0.71	0.80	0.80	0.68	0.79	0.76	0.65	0.72	0.81	0.77	0.60		0.14</			

8. melléklet. A Megkülönböztethetőségi vizsgálathoz alkalmazott őszibúza fajtaleírás mátrix

Fajta	DUS Tulajdonság																			
	1. csíra antociánossága	2. növekedési típus	3. visszahajló zászlóselevení növények gyakorisága	4. kalászföld ideje	5. levelelővél viaszossága	6. levelelővél viaszossága	7. kalász viaszossága	8. kalászföld szártag viaszossága	9. növény magasság	10. szálmászár belvassagsága	11. kalász tömörsége	12. kalász hossza	13. szálla/szálcsonk hossza	14. legfelső orsótag konvex oldal szőrözöttsége	15. kalászkapelyva váll szélessége	16. kalászkapelyva váll alakja	17. kalászkapelyva fog hossza	18. kalászkapelyva fog alakja	19. kalászkapelyva belső szőrözöttség	20. szem fenolós elszíneződése
1	1	4	9	4	7	4	6	7	8	1	3	3	5	8	7	6	3	8	3	7
2	1	3	8	3	7	4	7	7	6	3	3	4	5	8	3	5	8	3	3	9
3	1	3	8	3	9	6	7	7	5	2	4	3	5	8	2	8	6	3	3	7
4	1	3	8	4	7	3	7	7	3	4	3	5	4	9	4	5	6	3	3	7
5	1	3	7	2	9	3	7	9	4	2	4	2	5	8	3	9	6	3	5	6
6	1	4	8	4	9	6	8	8	4	3	3	5	8	9	7	4	3	3	5	8
7	1	5	8	3	9	3	9	9	5	1	3	4	4	9	8	4	2	1	5	1
8	1	4	9	3	9	7	5	8	3	3	3	5	8	5	7	5	3	3	3	7
9	1	5	8	3	7	2	6	6	3	2	4	4	6	8	3	5	4	3	3	2
10	1	4	9	2	9	8	5	9	5	1	3	6	3	9	8	7	2	1	3	6
11	1	5	7	3	9	4	7	8	2	2	3	4	6	8	4	5	5	3	3	4
12	1	6	9	4	7	3	7	6	4	1	3	5	8	9	4	5	3	1	5	1
13	2	4	7	5	9	8	7	8	5	3	4	3	4	3	7	5	3	5	3	5
14	1	3	8	3	6	5	4	6	5	3	3	4	6	7	7	1	3	1	5	5
15	1	4	8	6	8	3	7	7	6	1	3	5	3	7	7	1	3	1	5	7
16	1	4	8	5	7	3	6	7	4	3	3	3	7	5	5	3	2	3	5	3
17	1	3	8	5	9	7	7	8	6	3	3	7	3	3	9	6	1	3	3	7
18	1	3	8	5	7	2	5	7	2	3	3	4	5	5	4	5	4	3	4	3
19	1	3	9	5	9	5	8	9	2	3	3	5	5	9	9	5	2	2	7	8
20	1	3	8	6	7	3	7	7	6	2	3	6	5	2	3	5	8	3	4	7
21	1	4	8	3	5	2	7	6	5	1	3	4	6	9	8	4	2	3	7	2
22	1	2	8	4	9	9	4	9	4	2	4	2	3	8	6	3	3	5	7	6
23	1	3	8	1	9	3	9	9	5	2	3	3	4	9	5	5	4	3	3	2
24	1	4	9	4	8	6	4	7	6	3	3	6	4	6	9	7	1	3	3	8
25	1	3	8	4	7	3	6	7	5	2	3	4	6	3	3	7	4	3	3	8
26	1	3	9	2	9	6	6	8	3	7	3	5	7	7	5	5	3	3	5	5
27	1	4	9	5	4	1	4	4	3	1	4	3	5	6	6	1	2	5	4	1
28	1	4	7	9	9	7	8	9	5	3	3	7	2	3	7	7	2	5	5	8
29	1	3	9	4	8	3	8	8	7	1	3	6	3	9	6	6	3	3	4	6
30	2	1	6	4	9	8	5	7	6	1	3	4	4	4	5	7	2	3	5	5
31	1	3	9	4	8	4	5	7	6	3	2	7	6	9	7	7	3	5	3	7
32	1	3	9	7	8	4	7	8	7	3	2	7	7	3	4	5	3	3	3	8
33	1	4	9	5	9	8	6	7	4	1	3	5	6	3	6	5	3	2	3	7
34	1	3	7	6	8	7	7	8	5	1	3	5	5	1	6	6	3	3	4	8
35	1	3	8	3	6	5	5	5	4	1	3	5	7	4	5	6	2	2	3	8
36	1	5	9	2	9	3	7	8	4	1	3	6	4	5	7	6	3	1	5	7
37	1	5	9	5	9	3	3	8	5	3	3	6	5	5	3	6	8	3	3	9
38	1	2	7	2	7	2	6	6	4	3	3	4	4	9	4	5	5	3	3	5
39	1	1	7	1	5	3	3	4	5	5	3	4	6	9	4	5	5	3	3	7
40	1	3	8	5	9	2	4	7	6	3	3	6	6	9	4	5	7	3	3	8
41	2	4	9	5	8	5	6	7	4	3	3	5	5	8	4	5	6	3	3	7
42	1	3	8	5	7	3	7	7	4	4	3	5	5	9	6	5	5	3	3	7
43	3	5	9	6	8	3	4	8	4	3	3	5	5	8	4	5	5	3	3	6
44	1	4	8	4	9	4	5	7	7	2	3	5	6	2	3	1	3	3	3	3
45	1	3	8	3	7	3	5	7	4	2	2	7	5	6	3	5	7	3	3	7
46	1	3	8	3	9	4	6	9	5	2	3	4	5	6	3	7	5	3	3	7
47	5	3	8	3	9	6	7	9	3	3	3	4	5	8	3	5	4	3	3	7
48	2	3	8	4	8	2	7	8	5	3	3	5	6	5	5	5	5	3	3	8
49	1	3	7	4	9	3	7	7	3	4	3	5	4	8	5	5	5	3	3	7
50	1	5	9	4	8	2	7	8	6	1	3	7	5	9	7	5	2	1	7	5
51	1	4	9	2	9	4	7	7	6	1	2	7	7	9	5	6	3	3	3	5
52	1	2	8	4	3	2	1	2	4	3	3	4	5	9	3	5	8	3	3	5
53	1	2	8	3	3	2	3	4	6	2	3	5	5	8	4	5	6	3	3	7
54	1	3	8	4	8	4	8	8	5	4	3	5	4	9	6	5	5	3	3	6
55	1	4	9	4	7	3	4	7	4	3	3	4	7	8	3	6	6	3	3	8
56	1	4	9	4	9	3	6	7	5	2	3	5	5	6	4	5	6	3	3	7
57	1	3	9	6	7	2	5	7	5	1	3	7	4	9	7	5	3	1	5	7
58	1	3	8	4	9	3	3	5	6	3	3	6	6	2	4	1	3	2	3	7
59	1	3	9	5	9	6	5	8	3	3	3	5	6	7	4	6	7	3	3	6
60	1	4	9	4	8	3	6	8	4	3	3	5	6	3	7	5	3	3	3	7
61	1	3	8	4	8	3	6	8	4	3	3	6	5	4	3	5	5	3	3	8

M. IV. Köszönetnyilvánítás

Szeretném megköszönni tanszéki témavezetőmnek, Dr. Heszký László akadémikusnak, valamint munkahelyi témavezetőmnek, Dr. Veress Zoltánnak a témavezetést, és a disszertációban tárgyalt tudományos eredmények eléréséhez nyújtott szakmai irányítást.

Nagyon köszönöm Dr. Kiss Erzsébet egyetemi tanár tanszékvezetőnek és Dr. Veres Anikó egyetemi adjunktusnak a szőlő molekuláris vizsgálatában nyújtott segítségét.

A NÉBIH Növénytermesztési és Kertészeti Igazgatóságáról köszönöm Pernes György kollégámnak a szőlőfajták vizsgálatához szükséges adatok, valamint Somogyi Ferenc kollégámnak a kalászos növényekkel kapcsolatos fajtakísérleti adatok rendelkezésre bocsátását.

Köszönöm családomnak a támogatást és megértést, illetve az értekezés átolvasásában nyújtott segítséget.