

**A szőlő szelekciója portugál módszerrel
Szelekciós módszerek a szőlő (*Vitis vinifera* L.)
genetikai variációjának megőrzésére**

VÉRTES GÁBOR SÁNDOR, FAZEKAS ISTVÁN, LUKÁCSY GYÖRGY

MATE Szőlészeti és Borászati Intézet

E-mail: Vertes.Gabor.Sandor@phd.uni-mate.hu

Összefoglalás

A klónszelekció lehetővé teszi a vírusos betegségek elleni védekezést és a genotípusok agronómiai, szőlészeti vagy borászati szempontok szerinti kiválasztását. A klónszelekció legnagyobb hátránya, hogy a genetikai sokféleség elszegényedik, és a termelőket kiteszi a klónok környezeti instabilitásának (genotípus x környezet kölcsönhatás). A klónszelekció a szőlőültetvények növényi anyagának szinte egyedüli szaporítási módjává vált, és ezáltal veszélyezteti a szőlő genetikai sokféleségét. A főbb szőlőfajták esetében bizonyos genetikai sokféleséget intézményi gyűjteményekben tartanak fenn. A megőrzésnek ez a módja azonban nem eléggé fejlett, költséges és továbbra is sérülékeny. A fajtán belüli sokféleség megőrzésének költségghatékony módja a tömeges szelekció korlátozott arányú fenntartása a szőlőszaporításban. Maga a klónszelekció is hozzájárulhat - korlátozottabb módon - a genetikai források megőrzéséhez. A szőlőfajták megőrzésének és szelekciójának egy másik megközelítése a Portugáliában követett módszer. Ezt a stratégiát egy ősi portugál fajta megőrzése/kiválasztása példázza. A munka a fajta fajtán belüli sokféleségének reprezentatív mintájának „*ex situ*” megőrzésével kezdődik, ami a gyakorlatban egy több száz klónt tartalmazó, a mennyiségi tulajdonságok véletlenszerű variációjának csökkentésére alkalmas kísérleti terv alapján végzett nagyszabású szántóföldi kísérletnek felel meg. E tulajdonságok (terméshozam és mustminőségi tulajdonságok) értékeléséből számszerűsítik a fajtán belüli diverzitást, és elemzik az egyes tulajdonságok esetében előre jelzett genotípusos hatások tartományát. Különböző tömegszelekciókat (poliklonális szelekciókat) végeznek az új szőlőültetvények tervezésére és telepítésére. Ezek a különböző tömeges szelekciók nagy gazdasági hasznot és a sokféleség megőrzését is biztosítják, kiegészítve mindazt, amely a gazdaságban végzett megőrzési munkát elindította.

Kulcsszavak: klón, klónszelekció, variabilitás, egyedszelekció, tömegszelekció

Bevezetés

A borkészítés céljából termesztett szőlők többsége a *Vitis vinifera* L. fajhoz tartozik. A fajon belül minden egyes ősi fajta olyan egyedek populációjából áll, amelyek genetikai szinten nem teljesen azonosak. Ezért a szőlőfajtákon belül olyan jellemzők tekintetében, mint a termékenység, a bogyó mérete vagy az érési időszak alatt a cukor felhalmozására való képesség, nagy a változatosság. Egy adott szőlőtőkéből kiindulva a rügyek egymást követő szaporításával nagyszámú, genetikai szempontból szigorúan azonos egyedeket lehet előállítani, ezeket az azonos genommal rendelkező egyedek csoportját a biológiában „klónnak” nevezik. Az 1870-es évektől kezdve a klónszelekció célja olyan szőlőtőkék szaporításának megvalósítása volt, amelyek a nemesítő által kitűzött szelekciós céloknak megfelelnek, bizonyos számú előre meghatározott tulajdonságokkal rendelkeznek (egészségesek, rügyeik termékenyek, vitálisan nőnek, termésük a kívánt minőségi paraméterekkel rendelkeznek). A klónszelekciónál párhuzamosan végzik a genetikai és a növényegészségügyi szelekciót, ezért a klónszelekció lehetővé tette az Európában forgalmazott növényi anyag 'tisztítását' és általános minőségének javítását is (Lacombe et al. 2004). A minősített klónok minőségi potenciálja azonban szőlőfajtánként eltérő. Ha ma már nem is szükséges megkérdőjelezni a klónszelekció előnyeit, mégis szükséges rámutatni a szőlőszaporítás e módjának két fontos korlátjára. Ezeknek a korlátoknak arra kell ösztönözniük a szakembereket, hogy a szelekció más, párhuzamosan végzendő módjait is fontolóra vegyék. Először is, el kell ismerni a klónszelekció által elérhető célok korlátait bizonyos szőlőfajták esetében, mint a 'Cabernet franc' és a 'Semillon', de a másodlagos fajták nagy többségénél is ('Petit Verdor', 'Carmenere', 'Cot' vagy 'Malbec' a bordeaux-i régióban...) (Forget et al. 2002). Másodszor, azáltal, hogy a szakemberek a növényanyag javításának egyetlen módjaként a klónszelekciót választják, nagy mértékben szegényítik a szőlőfajtákon belül meglévő genetikai sokféleséget. Ez az elszegényedés tulajdonképpen megszünteti a jövőbeni új klónok szelekciójának minden lehetőségét. Ez a megállapított tény különösen súlyos, mivel a szőlőtermelők igényei idővel változnak. Az 1970-es években a termelőknek termőképés klónokra és magas cukortartalmú szőlőre volt szükségük. Ma már nincs szükség nagy terméshozamra, de a termelők a betegségekkel szemben ellenállóbb klónokat szeretnének (Leeuwen és mtsai 2013). Termesztési időszakonként a termesztési, borászati és piaci igényeknek megfelelően változnak a nemesítési célok. A jövőben a klímaváltozás miatt a termelőknek később érő klónokra, vagy mérsékelt cukortartalmú szőlőre lesz szükségük. Ahhoz, hogy ezeknek az új kritériumoknak megfelelő klónokat lehessen kiválasztani, egyre nagyobb szükség lesz az ilyen szelekciót lehetővé tevő genetikai forrásokra. Ezen források megőrzésére intézményi gyűjtemények léteznek. Ezek a csíraplaszma-tárolók hasznosak, de önmagukban nem tudják garantálni a szőlő teljes genetikai állományának megőrzését. A genetikai erőforrásokat hatékonyan és olcsóbban lehet megőrizni a szőlőtermelők szőlőjében. A genetikai megőrzés és a szelekció azonban nagyon összetett problémát jelent, amely a szőlő- és bortermelés különböző összefüggéseitől függően különböző és egymást kiegészítő megoldásokat igényel. Ezért Portugáliában a szőlőfajták megőrzésének és szelekciójának végrehajtása során eltérő megközelítést követnek. Ez elsősorban az ősi fajtákon belüli sokféleség megértésére összpontosít, azaz annak megismerésére, hogy mekkora a sokféleség az egyes ősi fajtákon belül és az öreg (60-100 éves) ültetvényekben, mely régiókban koncentrálódik, hogyan kell megőrizni és szelekcióval feltárni a leghatékonyabb tudományos módszerekkel. Ezt a megközelítést egy olyan szövetség támogatja, amely

egyetemeket, vállalatokat és a boripart képviselő szervezeteket tömörít (PORVID). A módszertan három ciklusra (lépcsőre) osztható (Gonçalves et al. 2010; Martins 2009; Martins et al. 1990): 1) mintavételezés a variabilitás különböző természetű régiókban (több száz anyanövény ősi szőlőültetvényeken); 2) nagyszabású szabadföldi kísérlet telepítése a mintavételezett növényekkel (100-400, egyenként vegetatív úton szaporított, egy-egy klónból származó növény), amelynek célja a megőrzés, az agronómiai és minőségi tulajdonságok genetikai variabilitásának számszerűsítése és a klónok egy csoportjának tömeges kiválasztása az azonnali felhasználásra, valamint a klónok köztes kiválasztása a 3. ciklusba való belépéshez; 3) a 2. cikusból kiválasztott klónokkal több környezeti kísérletek telepítése a környezeti stabilitás (a genotípus és a környezet közötti alacsony kölcsönhatás) és a borminőség értékelésére összpontosítva.

A klónszelekció története

A szőlő számos szaporítóanyaggal terjedő betegséggel (viroiddal, vírussal, fitoplazmával, baktériummal) fertőzhető. Ezek közül néhány negatívan befolyásolja a tőke életét, szaporíthatóságát, terméshozamot és/vagy a termelt borok minőségét. A szőlő növényt azonban vegetatív szaporítással szaporítják: az anyatókén levő rügyből új egyedeket hoznak létre, fenntartva a genetikai adottságaikat és egészségi állapotukat. Ennek a szaporítási módnak hátránya a vírusok vagy a kapcsolódó betegségek elszaporodása. Ha az anyanövény vírussal fertőzött, az oltással előállított szőlő is fertőzött lesz. Az 1960-as években a kutatók elkezdték tesztelni a szőlőtőkét, hogy ellenőrizzék a vírusmentességet, mielőtt a szaporítást elvégeznék. Az egészséges szőlőtőkék nagyszámú, egymást követő oltással történő szaporításával tiszta (genetikailag homogén) vonalakat és vírusmentes klónokat kaptak. Egy második alkalommal elkezdték bevezetni ebbe a klónszelekcióba a különböző tulajdonságokra vonatkozó kritériumokat, mint például a nagy fűrthozam és a fűrthökben magas cukortartalom, majd olyan összetettebb kritériumokat, mint a szőlő fenolos vegyületek tartalma vagy a termelt borok minősége (Audeguin és mtsai 2000). Mivel ez a szelekciós módszer a vírusos betegségek hatásának csökkentése szempontjából előnyös, a borászati ágazatot irányító szervezetek gyorsan népszerűsítették ezt a szelekciós módszert (a klónszelekciót), mint a szőlőtőkék szelekciójának és szaporításának kvázi egyedüli módját. Az egyes fajták rendkívül korlátozott számú genotípusának (klónjának) szaporítása a genetikai erőforrások gyors erózióját eredményezte. Ez a jelenség ma különösen aggasztóvá válik, amikor a szőlőtermelők a klónszelekció előtt, azaz 1960 előtt ültetett utolsó szőlőtőkét is ki akarják vágni.

Mely szőlőültetvényekről lehet egyedszelekciót végezni?

A szelekcióhoz csak öreg fajta, öreg szőlőültetvényei érdekesek, amelyek nem egyedszelekcióból szaporított anyaggal vannak telepítve. Ez legtöbbször olyan régi parcellákat jelent, amelyeket az 1970-es években, a klónok általánossá válása előtt telepítettek. Azonban feltételezhető, hogy a klónok több évtizedes természetűük során az őket érő mutációs hatásokra genotípusokban gazdagodnak.

Az 1970 előtt telepített szőlőültetvények többsége és az 1960 előtt telepített összes szőlőültetvény megfelel ennek a kritériumnak. Ezek a parcellák hamarosan kivágásra kerülnek, ami sürgőssé teszi genetikai forrásaik megmentésének szükségességét. Különösen érdekes a szelekciót olyan

szőlőültetvényeken végezni, amelyek magas minőségi potenciállal rendelkeznek a borkészítés szempontjából. A szelekciós műveletek során az összes beteg (pl. vírusfertőzött) szőlőt ki kell iktatni. Ezért az erősen fertőzött parcellákon célszerű elkerülni a szelekciót, mert a nagyfokú selejtezési arány növeli a szelekció költségeit (Roby és mtsai 2014).

A tömeges szelekció és az egyedklónszelekció közötti különbség

A tömegszelekció fejlődésének, szerepének a növekedését jól példázza a franciaországi Mercier Novatech cég. A cég kínálatában szerepelnek a bejegyzett védjegyű „UNIK” klónok. A Mericer Novatech az UNIK szelekciós program klónjait tömegszelekcióval állítja elő, létrehozásukhoz 12 évnyi tanulmányozás és értékelés szükséges, ellenben az így szelektált fajtáknak teljeskörű a szőlészeti, borászati és növényegészségügyi értékelése.

A növényi anyag szelekciója többnyire a jelölt parcella részletes és alapos megfigyelésével kezdődik. A bortermelőnek meg kell határoznia saját szelekciós kritériumait: a fürtök morfológiája, terméshozam, bogyóméret stb. A kiinduló állomány kiválasztását követően a kiválasztási kritériumoknak megfelelő szőlőtőkétet megjelölik. A megfigyelések elvégzésének legjobb időpontja a szüretet megelőző hét. Az első évben nagyszámú szőlőtőkétet kell megjelölni, egy parcellában (közel 1 hektáron) több százat. A második évben az összes megjelölt szőlőt szemlélni kell, és közülük csak azokat kell megőrizni, amelyek ismét megfelelnek a kiválasztási kritériumoknak. A harmadik évben ezt a műveletet megismétlik. Minden olyan szőlőtőke, amely a harmadik év után is rendelkezik a jelzésekkel, a három egymást követő évben megmaradtak a kedvező tulajdonságai. Ebben a szakaszban ELISA-vizsgálatokat végeznek az esetleges fertőzöttség ellenőrzésére az alábbi vírusokra kiterjedően: Grapevine FanLeaf Virus (GFLV), Arabis Mosaic Virus (ArMV) és Grapevine Leaf Roll Virus (GLRaV) 1. és 3. szerotípusa. A dugványokat a következő télen egy oltványiskolába küldik, ahol a szőlőtermelő által kért alanyra oltják. Mind az alany, mind a nemesnek tesztelten egészségesnek kell lennie. A hagyományos tömegszelekció esetében általában nincs, vagy csak kevés van nyomon követhetőség az (általában több száz) anyatorzs (alany) és a termesztett (nemes) szőlő között: a rügyeket tömegesen szaporítják. Lehetséges és ajánlott azonban a tömeges szelekcióból származó tömböket az egyes anyatőkéből származó növények sorainak ismétlésével telepíteni. Ez lehetővé teszi, hogy szükség esetén másodsor is elvégezzék az egyszeselekcióhoz vezető szelekciót (Leeuwen és Roby 2013).

Az egyszeselekció esetében az anyatőkék kiválasztása szigorúbb, és legfeljebb néhány tucat anyatőkét választanak ki, amikről származó klónt vonalanként tartanak fenn. Így az oltás során teljes nyomon követhetőséget biztosítanak, ami lehetővé teszi, hogy minden egyes szőlőt az anyanövényéhez kapcsolják. Az előállított fiatal tőkétet blokkokra osztott kísérletbe telepítik randomizáltan. Minden egyes blokkban minden számozott klón (potenciális klónok) jelen van, minden blokkban minden számozott klónból 5 tőke adja az állományt. Amint a tőkék termő korba kerülnek, lehetővé válik, hogy minden egyes számozott klónon ismétlődő méréseket végezzenek, hogy a mérések és megfigyelések eredményeit statisztikákba lehessen foglalni. Számos mérés viszonylag könnyen elvégezhető szüretkor: tőkénkénti termésmennyiség (kg/tőke), fürttömeg (g/fürt), termékenység (rügytermékenység: ATE), bogyótömeg (g/bogyó), a szőlő cukortartalma (ref. %), összes savtartalom (g/l) vagy a *Botrytis cinerea* Pers. fertőzöttség aránya (%). A több tucat potenciális klónt tartalmazó kísérleti parcellán legalább

három termő évben végzett, éves mérések és megfigyelések után lehetővé válik néhány olyan klón azonosítása, amelyek tökéletesen megfelelnek a szőlősgazda kritériumainak, és amelyek szaporíthatók. Ebben a szakaszban válik érdekessé a mikrovinifikáció az előzetesen kiválasztott klónokból készült borok érzékszervi jellemzőinek ellenőrzése céljából.

A kísérleti blokkban jelenlévő klón (néhány tucat egyed) elegendő rügycet biztosít több száz egyed előállításához. Első alkalommal egy blokkot több kiválasztott klónnal kell telepíteni. Ennek a blokknak tökéleiről származó rügycetből oltással új szőlőtőkékéket lehet előállítani. Ezeket a blokkokat azonban rendszeresen ellenőrizni kell, hogy a tőkék (pl. vírusmentesek) maradjanak. Néhány év elteltével a birtok az általa kiválasztott, a terroirhoz és a termelés típusához igazodó klónokat ültetheti. A saját klónválogatás egy olyan folyamat, amelyet nem nehéz elvégezni, de szigorúságot és hosszú távú látásmódot igényel, mivel a klónok 12 év vagy több év után kerülnek előállításra (Roby és mtsai 2014).

Fajtán belüli különbségek meghatározása

A mai napig a Malbec klónok azonosítása csak fenotípusos vagy borászati jellemzés alapján történik Argentínában, de ennek a módszernek jelentős korlátai vannak, és nem teszi lehetővé az említett fajta különböző klónjainak egyértelmű megkülönböztetését. Emellett sokéves megfigyeléseket igényel, amelyek eredményeit gyakran elfedik a környezeti hatások, a kórokozók, a talaj jellemzői, a növények tápanyagellátottsága és nem utolsósorban az éghajlat, amelyek fontos szerepet játszanak a szőlő fenotípusának és borászati minőségének meghatározásában. A különböző szőlőfajták klóndiverzitásának korábbi vizsgálatai molekuláris markerek, például mikroszatellitok használatán alapultak, amelyek közül néhány még alacsony szintű polimorfizmust is képes kimutatni egy-egy klóncsoporton belül (Imazio és mtsai 2002; Pelsy 2010). Ezért ezek a molekuláris markerek nagyon hatékonyak a klónok közötti különbségek megkülönböztetésében. Az S-SAP (Sequence-Specific Amplified Polymorphism) molekuláris markerek használata - amelyek a retrotranszpozonok jelenlétén alapulnak, alternatívája lehet az AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) technológiának - lehetővé tette többek között a különböző szőlőfajták megbízható és reprodukálható klónjainak azonosítását (Aldo és mtsai 2014). A retrotranszpozonok az eukarióta genomban található mobil elemek egyik osztályát alkotják, és meglehetősen gyakoriak a szőlőben is. Jelenlétük gyakran egyes gének aktiválódását vagy deaktiválódását okozza, amelyeknek még fenotípusos szinten is vannak hatásai (pl. 'Szurkebarát'). Széles körben elosznak a genomban, haploid genomként néhány és több ezer példány között. Információs forrásként használják őket, mivel képesek a genom különböző lokuszaiba beépülni, és így egyazon fajta különböző klónjai között inszerció polimorfizmust hoznak létre. Ezeket a markereket használták az alma (Venturi és mtsai 2006), több *Vitis* faj (Moisy és mtsai 2008) klónjainak azonosítására, valamint szőlőfajták és klónok megkülönböztetésére (Grassi és mtsai 2003; Stajner és mtsai 2009). Ezeknek a genomikai szintű, molekuláris markereken alapuló elemzéseknek az eredményei az ampelográfiai elemzéssel és az egyes klónok által termelt borok minőségének értékelésével együtt kulcsfontosságúak az adott klón tiszta és egyértelmű azonosításához, annak érdekében, hogy végül a minőség szempontjából a legjobbat válasszuk ki. Ezzel a felismeréssel az olasz származású Tempus Alba családi pincészet

ambiciózus és úttörő kutatásba kezdett Argentínában a 'Malbec' klónválogatásával kapcsolatban, amely 13 évvel ezelőtt kezdődött abban a meggyőződésben, hogy ez a fajta sokkal differenciáltabb, mint ahogyan azt ma látjuk.

A genetikai források megőrzése

A domesztikáció után egy adott időpontban egy növényt vegetatív módon kezdtek el szaporítani, és a szomatikus mutációk és más DNS-instabilitási mechanizmusok felhalmozódása révén az évszázadok során fokozatosan kialakult a variabilitás, amennyiben a genotípusos változások rögzültek. Ugyanis a természetben szőlőnél nagyon sok a modifikáció, ami genotípusban nem rögzülő változékonyságot jelent (pl. 'Szürkebarát' bogyóinak szektorális csíkozottsága).

A fajtán belüli diverzitás molekuláris megértése és kimutatása számos tanulmány tárgya volt (Maigre és mtsai 2000; Reynolds 2015; Gonçaves és Martins 2019; Gonçaves és Martins 2022; Spring és mtsai 2019; Vitis International Variety Catalogue 2024). A fajtán belüli sokféleségben rejlő lehetőségekről ez utóbbi szempontból már beszámoltak, például Franciaországban (Forget et al. 2002), Németországban (Ruehl et al. 2015), Olaszországban (Stefanini 1999; Gardiman és Bavaresco 2015), Spanyolországban (Hernández és mtsai 2020), Svájcban (Maigre és mtsai 2000; Spring és mtsai 2019) és Portugáliában. Ez utóbbi országban 1978 óta dolgoztak ki módszertant a fajtán belüli sokféleség megőrzésére és értékelésére, valamint a fajtán belüli szelekcióra (Martins et al. 1990; Reynolds 2015; Gonçaves és Martins 2019; Gonçaves és Martins 2022). A szőlőtermesztésben azonban több ezer szinte kizárólag ősi fajtát használnak (Vitis International Variety Catalogue 2024).

A *Vitis* genetikai erőforrások megőrzésének gyakran hivatkozott eszközei a szabadföldi konzerválás, az *in vitro* és a krioprezerválás (Bettoni és mtsai 2021), amelyek fő szempontja általában a fajták közötti sokféleségre összpontosul. A szőlőfajták genetikai sokféleségének megőrzése érdekében intézményi csíraplaszma-tárakat hoztak létre. Ezek kétségtelenül hasznosak, de nem ésszerű kizárólag ezekre a gyűjteményekre támaszkodni a szőlő genetikai erőforrásainak megőrzésében. Felületük és számuk nem elegendő ahhoz, hogy figyelembe vegyék a szőlő széles genetikai sokféleségét. A gyűjtemények kiegészítéseként a genetikai erőforrásokat magán, bortermelő birtokokon meg lehetne őrizni. Anélkül, hogy megkérdőjeleznék az intézményi klónszelekciót, amely bizonyította hatékonyságát, kívánatos lenne a tömeges magánszelekció támogatása az ültetvények kisebb, de jelentős részén, például 5%-án (Leeuwen és Roby 2010). A magán klónszelekciók is hozzájárulhatnak, korlátozottabb módon, a biológiai sokféleség megőrzéséhez. Ezeket a (tömeges vagy egyedi) magánszelekciókat, különös tekintettel a vírusos betegségek és a fitoplazma terjedésének kockázatára, természetesen figyelemmel és ellenőrzésekkel kell kísérni, azonban a termelő számára is hasznos lehet, ha ültetvényében a fentebb taglalt metodika szerint idős ültetvényében a különösen jól teljesítő vagy bármilyen szempontrendszer szerint kívánatos egyedeket megfigyeli, és esetlegesen egy szelekciós folyamatba beemeli. A tömeges szelekció a legegyszerűbb módja a növényanyag magán területen történő, magán kezdeményezésű szelekciójának, de lehetőség van valódi egyedszelekciós program végrehajtására is. Utóbbi nyilvánvalóan jelentősebb technikai és pénzügyi eszközöket igényel, mint a tömeges szelekció, és szerényebben járul hozzá a biológiai sokféleség megőrzéséhez (Roby és mtsai 2014), viszont egyöntetű klónokat ad.

A klónszelekció Magyarországon

Magyarországon a szőlő klónszelekció a Szőlészeti és Borászati Kutatóintézetekben (SZBKI) és néhány agráregyetemen folyt és folyik napjainkban is. A klónszelekció kapcsán érintett intézetek Kecskeméten, Badacsonyan, Pécsen, Egerben és Tarcalon találhatóak.

Kecskeméten két helyszínen is folyt klónszelekció, az egyik Miklóstelep volt a másik pedig Katonatelep. Miklóstelepen 1988-tól megszűnt a szőlőnemesítés, az ottani szelekciós munka átkerült Katonatelepre. Az Intézet 40 klónja található meg a 2023-as Nemzeti Fajtajegyzékben, ebből 21 fehérborszőlő-, 9 vörösborszőlő-, 2 csemege-szőlő- és 8 alanyfajta.

A badacsonyi SZBKI a Badacsonyi borvidék legfontosabb fajtáinak klónszelektálását Németh Márton irányításával Badacsonyan Király Ferenc kezdte meg 1956-ban. Klónszelekciós munkájukban az 'Olasz rizling' és a 'Szurkebarát' voltak a legfontosabbak, de vannak 'Rajnai rizling', 'Budai' klónjaik is. Az Intézet 23 klónja található meg a 2023-as Nemzeti Fajtajegyzékben (NÉBIH 2023), mindegyik fehérborszőlő-fajta.

Az 1949-ben létesített Pécsi Intézetben Németh Márton kidolgozta a klónszelektálás négy lépcsős módszerét, és az SZBKI-ben a klónszelekciós nemesítés országos témafelelőse lett. Több államilag elismert 'Olasz rizling', 'Furmint', 'Hárslevelű', 'Kadarka' klón Pécshez köthető. Az Intézet 42 klónja található meg a 2023-as Nemzeti Fajtajegyzékben (NÉBIH 2023), ebből 30 fehérborszőlő-, 12 vörösborszőlő-fajta.

Az egri SZBKI-ben folyó klónszelekciós munka a borvidéki szinten jelentős fajtákat érintette, céljuk a fajták eredeti értékeinek megőrzése és új, pozitív tulajdonságok kiválasztása. Az Intézet 15 klónja található meg a 2023-as Nemzeti Fajtajegyzékben (NÉBIH 2023), ebből 4 fehérborszőlő-, 11 vörösborszőlő-fajta.

A Tarcali Kutató Állomásán 1950-ben hozták létre. A 'Furmint' és 'Hárslevelű' klónválaszték gazdagítását ennek a kutatóintézetnek köszönhetjük. Az Intézet 5 klónja található meg a 2023-as Nemzeti Fajtajegyzékben (NÉBIH 2023), mindegyik fehérborszőlő-fajta.

A felsőoktatási intézmények közül a volt Kertészeti Egyetem Szőlészeti Tanszékén (illetve jogelődjén) a klónszelekciós munkák 1949-ben Kozma Pál tanszékre kerülésével kezdődtek. A klónokat klóntípus-szelekcióval választották ki. A módszer előnyeiként hangsúlyozták, hogy kiküszöböli a klón- és tömegszelekció hátrányait és hibáit, genetikailag gazdagabb szaporítóanyag előállítását eredményezi. Ennek a munkának volt az eredménye a 'Kadarka' 1958-ban államilag elismert klóntípusa, a Kadarka Kt. 4., amit 1998-ig 'Nemes kadarka'-nak neveztek, valamint a 'Furmint' 1969-ben államilag elismert klóntípusa, a Furmint Kt. 4., amit 1998-ig 'Nemes furmint'-nak neveztek. A 2023-as Nemzeti Fajtajegyzékben már nem szerepel egyetlen tanszéki klón sem (NÉBIH 2023).

A keszthelyi Georgikon a másik felsőoktatási intézmény, ahol 1949-ben kezdődött a klónszelektálás. A klónszelektálást kezdetben Németh Márton négylépcsős, majd később a Luntz Ottokár által kidolgozott három lépcsős módszerrel végezték. Elterjedtebb klónjaik: Olasz rizling G. K. 1 (minősítéskor 'Nemes olasz rizling'), Olasz rizling G. K. 37, Olasz rizling G. K. 18, Rizlingszilváni K. 3, Fehér chasselas K. 16, Piros chasselas K. 18. Alanyfajták klónszelektálásával az 1970-es évektől foglalkoznak a Cserszegtomaji Kísérleti Telepen. Alanyfajták közül a Teleki fajták klónszelektálását végezték. A tanszék 10 klónja található meg a 2023-as Nemzeti Fajtajegyzékben, ebből 9 fehérborszőlő és 1 alanyfajta (NÉBIH 2023).

Összefoglalás

Az intézményi klónszelekció egyik előnye, hogy korlátozza a vírusos betegségek hatását a szőlőültetvények növényanyagában. Hátrányai is vannak, elsősorban a genetikai erőforrások rendkívüli mértékű eróziója. A szőlőültetvények genetikai sokféleségének fenntartására érdekes módszer a szelekció más módjainak, például a tömeges szelekciónak és a termelő által végzett klónszelekciónak az előmozdítása jelentős területeken, mint egy adott borvidék szőlőterületeinek 5%-ánál pl. Portugáliában. Az alternatív szelekció ezen módjai jelentős költséget jelentenek azok számára, akik ezt alkalmazzák. Tekintettel arra, hogy részt vesznek az általános genetikai sokféleség megőrzésében, és ezáltal szolgáltatást nyújtanak a közösségnek, nem lenne téves elképzelés, ha állami támogatást képnélnek el, különösen ingyenes technikai támogatás formájában. Ez a támogatás keretet biztosítana a szőlőszelekció alternatív formáinak és a vírusos betegségek terjedésének megakadályozására is. A tömeges és az egyedszelekcióhoz jó szervezethez is szükség van a stratégiát végrehajtó termelők között. A tömeges szelekció 3–4 évet igényel, a magán klónszelekció pedig több mint 12 évet. A Portugáliában kifejlesztett módszertan szerint lehetséges egy ősi fajtan belüli genetikai variabilitás megőrzése és kamatoztatása a bortermelők céljaihoz igazodó többféle poliklonális anyag szelekciója révén. Ezek a különböző tömeges szelekciók nagy genetikai nyereséget (és ennek megfelelő gazdasági nyereséget) biztosítanak, valamint megőrzik a sokféleséget az ültetvényben. Az ősi szőlőfajták fajtan belüli sokféleségének eróziója okozta súlyos probléma megoldására szolgáló módszerek rendelkezésre állnak, már csak a konszenzus kialakítása és a széles körű alkalmazásuknak kedvező jogszabályi környezet megteremtése hiányzik. A magyarországi klónszelekció nagyrészt kutatóintézetekben folyt és folyik napjainkig. Mindezek mellett kiemelkedő alakjai Németh Márton (Pécs), Kozma Pál (Budapest) és Luntz Ottokár (Budapest). Az SZBKI kutató állomásain az érdemi munkát Badacsonyan: Kiss Ervin, Egerben: Bereznai László, Kecskeméten: Kurucz András, Fűri József és Hajdu Edit, Pécsen: Németh Márton és ifj. Kozma Pál, Tarcalon: Brezovcsik László, végezték. Kozma Pál a klóntípus-, Németh Márton a négylépcsős egyedi szelekció, Luntz Ottokár a háromlépcsős klónszelekciós módszer megalkotója. Őshonos fajtáink megőrzése és jövője érdekében szelekciójuk és engedélyeztetésük kiemelten fontos lenne, mely segítség lehetne a változó környezeti adottságok melletti természetben.

Felhasznált irodalom

1. Aldo, B., Arancibia, C., Catania, C., Cirrincione, M., Cortez Marisol, D.L., Martinez, L., Matus, S. and Richardi, N. 2014. Clonal selection of vitis vinifera cv. malbec: Confluence of science and nature. Ed. Aurand. J.M.: BIO Web of Conferences, 3: 01014. <https://doi.org/10.1051/bioconf/20140301014>.
2. Audeguin, L., Boidron, R., Bloy, P., Grenan, S., Leclair, P. and Boursiquot, J.M. 2000. L'expérimentation des clones de vigne en France. Etat des lieux, méthodologie et perspectives. Bulletin de l'OIV, sz. 829–830: 181.
3. Bettoni, J.C., Marković, Z., Bi, W., Volk, G.M., Matsumoto, T. and Wang, Q.C. 2021. Grapevine Shoot Tip Cryopreservation and Cryotherapy: Secure Storage of Disease-Free Plants. *Plants*, 10(10): 2190. <https://doi.org/10.3390/plants10102190>.
4. Forget, D., Dufour, M.C. and Lusseau, T. 2002. Bilan et Perspectives Pour La Sélection Clonale Des Principaux Cépages Du Bordelais (France). *Progrès Agricole et Viticole (France)*, 119 (9).

5. Gardiman, M. and Bavaresco, L. 2015. The vitis germplasm repository at the cra-vit, conegliano (Italy): Conservation, characterization and valorisation of grapevine genetic resources. *Acta Horticulturae*, 1082: 239–44. <https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2015.1082.33>.
6. Gonçalves, E. and Martins, A. 2019. Methods for Conservation of Intra-Varietal Genetic Variability in Ancient Grapevine Varieties. *BIO Web of Conferences*, 15: 01029. <https://doi.org/10.1051/bioconf/20191501029>.
7. Gonçalves, E.A., Aubyn, St. and Martins, A. 2010. Experimental Designs for Evaluation of Genetic Variability and Selection of Ancient Grapevine Varieties: A Simulation Study. *Heredity*, 104 (6): 552–62. <https://doi.org/10.1038/hdy.2009.153>.
8. Gonçalves, E. and Martins, A. 2022. Chapter 3 - Optimizing conservation and evaluation of intravarietal grapevine diversity. In *Improving Sustainable Viticulture and Winemaking Practices*, Eds. Costa, J.M., Catarino, S. Escalona, J.M. és Comuzzo, P. 45–64. Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-323-85150-3.00020-7>.
9. Grassi, F., Labra, M., Imazio, S., Spada, A., Sgorbati, S., Scienza, A. and Sala, F. 2003. Evidence of a secondary grapevine domestication centre detected by SSR analysis. *TAG. Theoretical and applied genetics. Theoretische und angewandte Genetik*, 107(december): 1315–20. <https://doi.org/10.1007/s00122-003-1321-1>.
10. Hernández, E.B., Reinales, J.P., Domínguez, E.G.E., Reinales, J.P. and Domínguez, E.G.E. 2020. Procesos actuales de selección clonal de vid en La Rioja. *Cuaderno de campo*, 63: 28–33.
11. Imazio, S., Labra, M., Grassi, F., Winfield, M., Bardini, M. and Scienza, A. 2002. Molecular Tools for Clone Identification: The Case of the Grapevine Cultivar ‘Traminer’. *Plant Breeding*, 121(6): 531–35. <https://doi.org/10.1046/j.1439-0523.2002.00762.x>.
12. Lacombe, T., Boursiquot, J.M. and Audeguin, L. 2004. Prospection, conservation et ‘évaluation des clones de vigne en France. *Bulletin de l’OIV*, 77: 799–809.
13. Leeuwen, C. and Roby, J.P. 2010. Diversité génétique de la vigne. Promouvoir plusieurs voies de sélection.
14. Leeuwen, C. and Roby, J.P. 2013. Préservation des ressource génétiques de la vignes. Cohabitation entre sélection clonale institutionnelle, sélection massale et sélection clonale privée. *Revue des oenologues*, 148.
15. Leeuwen, C., Roby, J.P., Alonso-Villaverde, V. and Gindro, K. 2013. Impact of Clonal Variability in *Vitis vinifera* Cabernet franc on Grape Composition, Wine Quality, Leaf Blade Stilbene Content, and Downy Mildew Resistance. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 61(1): 19–24. <https://doi.org/10.1021/jf304687c>.
16. Maigre, D., Brugger, J.J., Gugerli, P. and Pont, M. 2000. Safeguarding, conserving and valorizing the genetic diversity in valais (Switzerland). *Acta Horticulturae*, 528: 59–66. <https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2000.528.6>.
17. Martins, A., Carneiro, L. and Castro, R. 1990. Progress in mass and clonal selection of grapevine varieties in Portugal. *Vitis*, special issue: 485–89.
18. Martins, A. 2009. Genetic diversity of portuguese grapevines: methods and strategies for its conservation evaluation and conservation. *Acenologia*, 112. <http://www.acenologia.com/cienciaytecnologia/variedadesportuguesascien1209.htm>.
19. Moisy, C., Blanc, S. Merdinoglu, D. and Pelsy, F. 2008. Structural Variability of Tvv1 Grapevine Retrotransposons Can Be Caused by Illegitimate Recombination. *TAG. Theoretical and Applied Genetics. Theoretische Und Angewandte Genetik*, 116(5): 671–82. <https://doi.org/10.1007/s00122-007-0700-4>.
20. NÉBIH 2023. Nemzeti Fajtajegyzék.
21. Pelsy, F. 2010. Molecular and Cellular Mechanisms of Diversity within Grapevine Varieties. *Heredity*, 104(4): 331–40. <https://doi.org/10.1038/hdy.2009.161>.
22. Reynolds, A.G. 2015. *Grapevine Breeding Programs for the Wine Industry: Traditional and Molecular Techniques*. Woodhead Publishing Series in Food Science, Technology and Nutrition, Oxford: Woodhead Publishing. 268.

23. Roby, J.P., Leeuwen, C., Gonçalves, E., Graça, A. and Martins, A. 2014. The preservation of genetic resources of the vine requires cohabitation between institutional clonal selection, mass selection and private clonal selection. Ed. Aurand Jean-Marie. BIO Web of Conferences 3: 01018. <https://doi.org/10.1051/bioconf/20140301018>.
24. Ruehl, E., Konrad, H. and Lindner, B. 2015. Conserving and Utilizing Intra-Varietal Variation in Grapevines (*Vitis Vinifera* L.). BIO Web of Conferences 5: 01007. <https://doi.org/10.1051/bioconf/20150501007>.
25. Spring, J.L., Reynard, J.S., Lorenzini, F., Bourdin, G., Viret, O., Favre, G., Burrin, P.M. and Carlen, C. 2019. Sauvegarde de la biodiversité et sélection clonale des variétés traditionnelles et autochtones suisse à Agroscope. Revue suisse de viticulture arboriculture horticulture, 51: 178–81.
26. Stajner, N., Angelova, E., Bozinovic, Z., Mihail, P. and Javornik, B. 2009. Microsatellite Marker Analysis of Macedonian Grapevines (*Vitis Vinifera* L.) Compared to Bulgarian and Greek Cultivars. OENO One, 43(1): 29–34. <https://doi.org/10.20870/oeno-one.2009.43.1.805>.
27. Stefanini, M. 1999. Nuove strategie di selezione clonale per la salvaguardia della variabilità intravarietale: l'esempio del Traminer. Vignevini, 26: 60–67.
28. Venturi, S., Dondini, L., Donini, P. and Sansavini, S. 2006. Retrotransposon Characterisation and Fingerprinting of Apple Clones by S-SAP Markers. TAG. Theoretical and Applied Genetics. Theoretische Und Angewandte Genetik, 112(3): 440–44. <https://doi.org/10.1007/s00122-005-0143-8>.
29. Vitis International Variety Catalogue. 2024. www.vivc.de.

Selection of grapevines using the Portuguese method Selection methods for the conservation of genetic variation in grapevines (*Vitis vinifera* L.)

VÉRTES, G.S., FAZEKAS, I., LUKÁCSY, GY.

MATE Institute of Viticulture and Enology, Budapest

E-mail: Vertes.Gabor.Sandor@phd.uni-mate.hu

Summary

Clonal selection has become almost the only method of plant propagation in vineyards, thus compromising the genetic diversity of the vine. Clonal selection allows the control of viral diseases and the selection of genotypes according to agronomic, viticultural or oenological criteria. It reduces genetic diversity and at the same time producers are exposed to the environmental instability of clones. Some genetic diversity is maintained in institutional collections for the main grape varieties. However, this method of conservation is underdeveloped, costly and remains vulnerable. A limited proportion of mass selection in grape propagation, is a cost-effective way to preserve intra-variety diversity. Clonal selection itself can also contribute, in a more limited way, to the conservation of genetic resources. Another approach to the conservation and selection of grape varieties is the

one followed in Portugal. This strategy is exemplified by the conservation/selection of an ancient Portuguese variety. The work begins with the „ex situ” conservation of a representative sample of the variety’s intraspecific diversity, which in practice corresponds to a large-scale field experiment based on a design of hundreds of clones to reduce random variation in quantitative traits. From the evaluation of these traits (yield and must quality traits), within-variety diversity is quantified and the range of predicted genotypic effects for each trait is analysed. Various mass selections (polyclonal selections) are carried out for the design and planting of new vineyards. These various mass selections also provide high economic benefits and diversity conservation, complementing all the conservation work that has been initiated on the farm.

Keywords: clone, clonal selection, variability, mass selection

Szerzők:

Vértes Gábor Sándor (kapcsolattartó szerző) – PhD hallgató, MATE Szőlészeti és Borászati Intézet, 1118 Budapest, Villányi út 29-43.

Fazekas István – PhD, adjunktus, MATE Szőlészeti és Borászati Intézet, 1118 Budapest, Villányi út 29-43.

Lukácsy György – PhD, adjunktus, MATE Szőlészeti és Borászati Intézet, 1118 Budapest, Villányi út 29-43.