

AKADÉMIAI DOKTORI ÉRTEKEZÉS TÉZISEI

**Csonthéjas gyümölcsfajok termékenyülési
viszonyainak genetikai háttere**

HALÁSZ JÚLIA

Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem



BUDAPEST

2023

BEVEZETÉS

A jövedelmező gyümölcsstermesztés alapja a gyümölcsfák termésbiztonsága, ami a megfelelő mennyiségű és minőségű termés elérését jelenti. A végeredmény összetett, számos genetikai és környezeti tényezőtől egyaránt függ. A korszerű növénynemesítés olyan fajták előállítását célozza meg, amikkel a felmerülő nehézségek kiküszöbölhetők vagy hatásuk mérsékelhető. A klímaváltozás következtében hazánkban is egyre gyakrabban mutatkoznak kedvezőtlen időjárási körülmények (virágzáskor vagy a termésfejlődés korai szakaszában bekövetkező fagy, aszály vagy szüret idején jelentkező bőséges csapadék stb.), amik jelentős mértékű károkat okozhatnak. A termés kialakulásához vezető út első és legfontosabb lépése a megfelelő termékenyülés, ami kizárólag öntermékenyülő vagy egymást kölcsönösen jól termékenyítő fajták társításával biztosítható. Ugyan a virágzási időszakban bekövetkező fagy vagy a megporzó rovarok számára túl alacsony hőmérséklet végső soron a termékenyülés elmaradásával is járhat, viszont, ha genetikailag összeférhetetlen (inkompatibilis) fajták alkotnak egy ültetvényt, akkor még optimális körülmények között sem következhet be a termékenyülés. Az ültetvénytervezésénél döntő fontosságú az egyes fajták termékenyülési viszonyainak pontos ismerete. Ez önmagában nem elégséges, de elengedhetetlen feltétele a terméskötődésnek.

A magasabb rendű növényekre és állatokra jellemző termékenyülési folyamat egyik legjelentősebb különbsége, hogy a zárvatermő növények többségénél a hím- és nőivarú szaporítószervek ugyanazon az egyeden, legtöbbször ugyanabban a virágban található meg. Ebből

következik, hogy a saját pollennel történő megtermékenyülésnek nincs fizikai akadály. Az öntermékenyülési képesség elő is fordul a természetes populációk körében, de leginkább a beporzó rovarok nélküli területeken, szélsőségesen mostoha körülmények között, általában rövid életsiklusú növényekre jellemző, ahol ez a túlélés egyetlen esélye. Mivel azonban az öntermékenyülés a legmagasabb fokú rokonpárosodást jelenti, a genetikai sokféleség beszűküléséhez vezet, és a homozigóta állapotba kerülő lókuszek súlyos genetikai leromlást is előidézhetnek. Mindezek a káros következmények alapvetően veszélyeztetik a faj evolúciós sikerességét, túlélését. Ennek megakadályozására alakultak ki azok a mechanizmusok, amelyek a hímnős virágok esetében képesek meggátolni a saját vagy vele azonos genetikai háttérű pollennel történő termékenyülést. A genetikai variabilitás fenntartása érdekében ezek a különféle működési alapokon nyugvó mechanizmusok egymástól függetlenül, többször is kialakultak az evolúció során. A rendszerek háttérében álló gének és molekulák feltérképezése rendkívül fontos és hasznos a gyümölcsstermesztést támogató kutatásokban, hiszen tudnunk kell a termesztett fajtáról a termékenyülési fenotípusát, továbbá az ismeretek közvetlenül felhasználhatók a fajta-előállító nemesítési folyamat során is. A nemesítés hatékonysága célzott genetikai markerek használatával fokozható, de fejlesztésükhöz a fenotípust kialakító genetikai háttér részletes ismerete szükséges. Az idegentermékenyülés a természetes populációkban előnyös tulajdonság, de az árutermő ültetvényekben egy öntermékenyülő fajtánál nem kell pollenadóról gondoskodni, ami nemcsak a termőterület kihasználását

segíti, de az ültetvény munkaszervezését is sokkal hatékonyabbá teszi. Az elmúlt évtizedekben éppen ezért a gyümölcsnemesítési programok egyik fő célkitűzésévé vált az öntermékenyülő fajták létrehozása. Mivel a gyümölcsfák szaporítása vegetatív úton történik, a szaporítóanyag nem az öntermékenyülés következtében jön létre.

A termékenyülési rendszer genetikai alapjainak feltárása több, mint 30 évvel ezelőtt kezdődött el és azóta is kiemelt jelentőségű szakterület a gyümölcsfákkal foglalkozó kutatási programok között, amit jól tükröz az évente megjelenő tudományos közlemények nagy száma. Ezek a vizsgálatok gyakorlati jelentőségükön túlmenően a fajok kialakulásáról, kultúrevolúciós történetükről és rokoni kapcsolataikról is nagyon sok információval szolgálnak. PhD disszertáciomban (2007) a kajszifajták termékenyülését meghatározó *S*-allél-rendszer genetikai jellemzésével foglalkoztam. Ezt követően a vizsgálandó fajok körét kibővítve, a Magyarországon termesztett minden csonthéjas gyümölcsfaj számos fajtájával dolgoztam. Eleinte diploid, később a nagyobb komplexitású genommal rendelkező poliploid fajok *S*-lókuszát vizsgáltam. Az MTA doktori disszertáciomban a PhD fokozatom elnyerését követő 15 év eredményeit szeretném bemutatni a növekvő ploideaszintnek megfelelő sorrendben, valamint föltárni, hogy miként befolyásolta az öntermékenyülő jelleg felbukkanása az egyes fajok genetikai variabilitását és kultúrevolúcióját.

CÉLKITÚZÉS

Dolgozatom a csonthéjas gyümölcsfajok *S*-lókusz és SSR-alapú genetikai vizsgálatát a diploidoktól a magasabb ploidszintű fajokig ívelően fogja át. Munkámat a PhD értekezésem után a diploid gyümölcsfajok genetikai analízisével kezdtem (ezek közé tartozik a mandula és a kajszi), majd a nemzetközi szinten is újdonságnak tekinthető, magasabb ploidszintű gyümölcsfajok vizsgálatával folytattam. Ezek között kiemelt figyelmet fordítottam a hazánk gyümölcstermesztési ágazatában jelentős szerepet játszó tetraploid meggyre és hexaploid házi szilvára, valamint egy extrém ploidfokú, Törökországban termesztett fajra, a dokozaploid babérmeggyre. A vizsgált fajok esetében az alábbi célkitűzések nyomán dolgoztunk:

Mandula

- a kelet-európai és magyar fajták, illetve nemesítési alapanyagként felhasználható hibridek *S*-allél-összetételének meghatározása
- a fajták inter-inkompatibilitási csoportokba sorolása
- új *S*-allélok jellemzése, megbízható kimutatási módszerek kidolgozása
- a magyar mandulafajták genetikai hátterének felmérése SSR-alapú markerekkel, valamint összehasonlító elemzése más földrajzi régiókból (Közép-Ázsiától Kaliforniáig) származó mandulákkal

- a termékenyülést meghatározó lókuszt és az SSR markerekkel jellemzett genetikai variabilitás közötti összefüggések feltárása

Kajszi

- a török és magyar kajszi közti kapcsolat feltárása a termesztett és vadon élő egyedek *S*-lókuszának variabilitása alapján
- az észak-afrikai kajszifajták és -egyedek által hordozott *S*-allélok gyakorisága
- az *S*-allélok előfordulásának földrajzi régiók szerinti feltérképezése
- az öntermékenyülésért felelős *S*-allél kialakulási helyének meghatározása a földrajzi gyakorisági adatok alapján
- az öntermékenyülés molekuláris hátterének tisztázása
- az öntermékenyülés kialakulásának hatása a faj genetikai variabilitására és kultúrevolúciójára

Meggy

- a funkcióképtelen allélok azonosítása magyar meggyfajtákban és szelektált hibridekben
- az *S*-genotipizálás módszereinek optimalizálása, a hatékonyság növelése
- az ismeretlen eredetű magyar meggyfajták lehetséges származásának tisztázása az *S*-genotípus és SSR-markerek alapján; az azonos gyümölcstípusú fajták genetikai rokonságának tisztázása

Szilva

- a Kelet-Magyarországon vadon termő „Nemtudom” néven ismert szilvafák variabilitásának jellemzése az *S*-lókusz alapján
- az eredetvédett szatmári szilvapálinka alapját adó ‘Nemtudom P3’ és ‘Besztercei Bt.2’ fajták *S*-genotípusának összehasonlítása

Babérmeggy

- az extrém ploidszintű babérmeggy faj *S*-allél-polimorfizmusának felmérése 50 morfológiailag eltérő egyed vizsgálatával
- a detektált allélok jellemzése, leírása
- a szekvenciák elemzése alapján a kevésbé tanulmányozott *P. laurocerasus* és más *Prunus S-RN-ázok* evolúciós történetének, filogenetikai kapcsolatainak részletesebb megismerése

Mivel az *S*-lókuszról nyert adatok nem csak a termékenyülési jellegzetességekről adnak közvetlenül információt, hanem az egyes fajok genetikai variabilitásával és evolúciós hátterükkel is összefüggésbe hozhatók, célkitűzéseink utolsó tétele az volt, hogy az öt faj vizsgálata során elért eredmények átfogó értékelésével feltárjuk, hogyan hatott az öntermékenyülési képesség megjelenése a csonthéjas gyümölcsfajok ma ismert genetikai alapjainak kialakulására.

ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK

1. Öt új, termesztett mandulafajtákban előforduló *S-RN-áz* allélt azonosítottunk (S_{31H} , S_{36} – S_{39}), jellemeztük exon-intron szerkezetüket, melynek alapján kimutatásukhoz specifikus markert dolgoztunk ki.
2. Meghatároztuk 32 kelet-európai és kaliforniai mandulafajta, illetve nemesítési alapanyag *S*-genotípusát, leírtunk három új inter-inkompatibilitási csoportot (XXI, XXII és XXVIII).
3. Igazoltuk, hogy a kajszi öntermékenyülését előidéző *SFBc*-allél törökországi gyakorisága keltről nyugati irányba növekszik, kialakulásának legvalószínűbb területe Közép-Törökország.
4. Török és tunéziai fajták *S*-genotípusának meghatározását követően a kajszi inter-inkompatibilitási csoportjainak számát jelentős mértékben, 15-tel bővítettük (az általunk leírt új III–XVII. CIG csoportok megalkotásával).
5. Az *S*-lókusz vizsgálatával megállapítottuk, hogy az észak-afrikai országokban termesztett kajszi genetikai variabilitása felülmúlja az európai fajtakör variabilitását, amit az elterjedési útvonalukon és jelenlegi termőhelyükön megnyilvánuló eltérő szelekciós hatások eredményeztek.
6. SSR és *S*-lókusz alapú molekuláris markerezési adatokkal igazoltuk, hogy kajszi esetében a genetikai variabilitás csökkenésének fő oka az öntermékenyülési képesség megjelenése volt (pl. marokkói oázisok, Európa). A genetikai diverzitás csökkenése arányos azzal a relatív időtartammal, ami

az öntermékenyülés kialakulását követően eltelt. A mandula esetében, ahol az első öntermékenyülés mindössze néhány évtizede ismert, a mandula genetikai sokféleségének eróziója más tényezőkre (pl. a kiváló tulajdonságú szülőnövények többszöri felhasználása, alapító hatás) vezethető vissza.

7. Azonosítottunk egy új, öntermékenyülést előidéző kajszi *S*-allélt (*SFBC*₂). Igazoltuk, hogy a kajszi *SFBC*- és *SFBC*₂-haplotípusok funkcióvesztését egy *Prunus*-specifikus, *Mutator* szupercsaládba tartozó, nem-autonóm DNS-transzpozon inszerciója okozza, melyet elsőként írtunk le, jellemeztük a szerkezetét és *Falling Stones* (*FaSt*) névvel jelöltünk. A *FaSt*-elem az AT-motívumokban gazdag eukromatin régiókban nagy számban fordul elő, közelmúltbeli aktivitását szekvencia alapú és filogenetikai elemzéssel bizonyítottuk.
8. Meggy esetében meghatároztuk az *S-RN-áz* gén első intronrégióját jellemző méreteket, amivel növelhető a meggy által hordozott cseresznye- és csepleszmeggy-eredetű *S*-allélok azonosításának megbízhatósága, így csökkenthető a diagnosztikai eljárás idő- és költségigénye.
9. Összesen 10 különböző *S*-haplotípust (*S*₁, *S*₄, *S*₆, *S*₉, *S*₁₂, *S*₁₃, *S*₁₄, *S*₂₆, *S*₃₅ és *S*₃₆) vagy ezek funkcióképtelen változatait azonosítottuk 26 korábban nem vizsgált magyar meggyfajta és néhány szelektált klón *S*-allél-készletének meghatározásával. Megállapítottuk, hogy a gyümölcs festőlevúsége nem alkalmas a fajták rokoni kapcsolatainak feltárására.
10. Azonosítottunk egy közös *S-RN-áz* allélt (*S*₁₈) a Nemtudom és Besztercei szilva genotípusában,

melyet korábban kökényfajtákban is kimutattunk. Igazoltuk, hogy az északkelet-magyarországi régióban vadon növény Nemptudom szilva állományait kismértékű genetikai variabilitás jellemzi, ami indokolja a közelmúltban megkezdett szelekciós nemesítési programok folytatását.

11. Az extrém poliploid *Prunus laurocerasus* L. ($2n=22x$) faj esetében elsőként azonosítottunk 23 *S-RN-áz* allélt (S_1-S_{20} , S_{5m} , S_{13m} , és S_{18m}), melyek szekvenciáit a C2-C5 régióban meghatároztuk. A 20 funkcióképes allél mellett három funkcióképtelen allél jellemeztünk, eredményeink közvetett módon alátámasztják a tetraploid meggy öntermékenyülését meghatározó modell működését más ploidszintű fajok esetében is.

KÖVETKEZTETÉSEK

Gyakorlati hasznosulás

A csonthéjas gyümölcsfajták termékenyülési rendszerét irányító *S*-lókusz minél alaposabb megismerése közvetlenül a gyakorlatban felhasználható eredménnyel jár. A molekuláris vizsgálatok adatai ma már szinte az összes önmeddő gyümölcsfaj esetében a fajtaleírások részét képezik, amit ültetvények létesítésekor megbízható információként kezelnek a gyakorlatban. A nemesítési folyamat során az öntermékenyülési képességet kimutató molekuláris markerek használatával a célzott tulajdonságot hordozó magoncok kiválogathatók, a szelekció sokkal hatékonyabbá tehető. Mind diploid, mind a poliploid fajok esetében a keresztezési partnerek *S*-genotípusának ismerete előre vetíti az utódpopuláció hasadási arányait.

A dolgozatomban tárgyalt minden faj esetében kaptunk arról visszajelzést, hogy eredményeinket már hasznosítják a gyakorlatban. Az egyik legnevesebb kaliforniai mandulanemesítő műhely, az USDA Agricultural Research Service (Parlier) képviselőjében Dr. Craig Ledbetter felkérésére az intézet 10 új fajtajelöltjének *S*-genotípusát mi határoztuk meg. Azóta 2021-ben új ÖT fajtaként fogadták el a ‘Yorizane’ (Gold Nut™) hibridet, melynek fajtaleírásában már szerepel az *S*-allél-összetétele. Ennek alapján a részlegesen inkompatibilis (egy közös inkompatibilitási allélt hordozó) megporzó fajták is elkerülhetők az ültetvényekben, így a pollenszemek 100%-a genetikailag kompatibilis lesz, ami tovább fokozhatja a termékenyülést.

A gyümölcsfajták forgalmazásával és marketingjével foglalkozó Artevos német cég számára szintén teszteltünk mandulafajtákat az S_F -allél kimutatása érdekében, illetve meggy fajtajelölteket is az interinkompatibilitás megállapításához. Több magyarországi kajszitermesztőnek bocsájtottuk rendelkezésére az újonnan forgalomba kerülő nemzetközi fajták S -genotípusát a hazai ültetvényszerkezet tervezéséhez, illetve szaktanácsot nyújtottunk a potenciális porzópartnerek kijelöléséhez olyan esetekben, amikor a termesztő a külföldi faiskolából beszerzett, felületesen megismert fajtát nagy területen eltelepítve néhány év elteltével egy gyönyörűen virágzó, de alig termő ültetvényben találta magát. A *Journal of Visualized Experiments* folyóiratban 2020-ban megjelent kajszitermékényülési vizsgálatokat összefoglaló, nemzetközileg egységes protokoll az általunk tervezett és optimalizált primereket ajánlja a genetikai analízishez (Herrera és mts., 2020). Egy hazai meggynemesítési program 2017 óta megjelenő összes fajtajelöltjét vizsgáltuk és S -genotípusukat, interinkompatibilitásukat meghatároztuk. Az észak-kelet magyarországi régióban vadon előforduló Nemtudom szilvaegyedek fajtaazonossága nem minden esetben volt meggyőző, ennek tisztázását az S -allél-összetételük meghatározásával segítettük. A babérmeggy egyedekről származó adatainkat egy török gyümölcsnemesítési programban használják. A témában megjelent magyar nyelvű ismeretterjesztő cikkeinket a termesztők tájékoztatására szántuk, egy angol nyelvű virágzásbiológiai szakkönyvbe írt, a gyümölcsfák önmeddőségének molekuláris biológiai hátterét és ennek

gyakorlati alkalmazását áttekintő fejezeteinket nemzetközi PhD programokban tankönyvként használják.

Hozzájárulás a csonthéjas gyümölcsfajok genetikai alapjainak megismeréséhez

Gazdasági jelentőségén túlmenően az inkompatibilitásért felelős gének elemzése számos alapvető információval gazdagította a gyümölcsfákkal kapcsolatos genetikai ismereteinket. Az öntermékenyülés megjelenése legtöbb esetben az *S*-lókuszban bekövetkezett mutáció(k)nak volt köszönhető. Az öntermékenyülő fenotípus megjelenése a termesztés során kiválasztott fajták népszerűségére éppúgy döntő hatással volt mindegyik faj esetében, ahogy a faj kultúrevolúcióját is befolyásolta. A diploid fajoknál bekövetkező mutáció a fenotípusra közvetlenül hat, míg a poliploidoknál egy ideig latens módon van jelen, így az eltérő ploidszintű növényeknél másképpen formálta a termesztett faj genetikai alapjait az öntermékenyülést kialakító mutáció megjelenése. Nemcsak a ploidszint, hanem az öntermékenyülési képesség kialakulásának időbelisége is alapvető változásokat eredményezett. A mandulánál evolúciós időben mérve újnak számító tulajdonság miatt még nem következhetett be palacknyak-effektus, hiszen a homozigótaság növekedésével a beltenyésztéses leromlás további gátat képez. Mandula esetében csak a humán szelekció hatása eredményezett kismértékű változást a faj genetikai hátterében.

A kajszi öntermékenyülési képessége azonban sokkal régebben alakult ki, feltehetően Törökország középső, kontinentális éghajlatú területein, ahol egy általunk elsőként azonosított transzpozon ugrásának

köszönhetően jött létre. Szerencsés véletlen, hogy a kialakulásához közeli régiókba átjutva olyan környezeti tényezők közé került az új képességet eredményező, mutáns allél, mely szelekciós előnyt jelentett az azt hordozó egyedek számára. Csodálatos felismerni, hogy az őszibarack faj kialakulása mögött feltehetően ugyanilyen molekuláris változások álltak.

Munkahelyem jogelőd intézményének, a Magyar Királyi Kertészeti Tanintézet legendás professzorának, Mohácsy Mátyásnak a közel 70 éves sorai a tudományos igazság újabb és újabb rétegeit tárják fel napjainkban a molekuláris genetika szédítő fejlődésével: „Nagy tévedés lenne azt hinni, hogy a virágbiológiai jelenségek ismerete csak tudományos értékű, mert ellenkezőleg, éppen ezek az ismeretek nyújtják nekünk a legértékesebb útmutatásokat a gyakorlati termesztésben.” Eredményeink felhívják a figyelmet arra, hogy a termékenyülési fenotípus megváltozása egyaránt mélyreható következményekkel jár a gyümölcsfák termesztésére, nemesítésére és genetikai alapjainak alakulására vonatkozóan. Ezek a kutatások szerepet játszanak a különböző molekuláris hálózatok feltárásában és a kultúrnövények evolúciós kapcsolatainak feltérképezésében is. Munkám során mindig örömet jelentett, hogy az ültetvényben jelentkező problémák közvetlen, gyakorlati megoldásától a ma ismert gyümölcsfajok kialakulását irányító folyamatok megértéséig vezetett ez a kalandos utazás. Olyan titkokra pillanthattunk rá elsőként, amelyek feltárását munkánk kezdetekor nem is remélhettük.

**Az új tudományos eredmények alapját az alábbi
lektorált folyóiratcikkek képezik:**

MANDULA

1. **Halász, J.**, Fodor, Á., Hegedűs, A., Pedryc, A. (2008): Identification of a new self-incompatibility allele (S_{31}) in a Hungarian almond cultivar and its reliable detection. *Scientia Horticulturae*, 116(4), 448–451. IF 0,859 Q1
2. **Halász, J.**, Fodor, A., Pedryc, A., Hegedűs, A. (2010): S-genotyping of Eastern European almond cultivars: identification and characterization of new (S_{36} – S_{39}) self-incompatibility ribonuclease alleles. *Plant Breeding*, 129(2), 227–232. IF 1,391 Q1
3. Mercure, E., **Halász, J.**, Hegedűs, A., Ledbetter, C. (2013): Yield, pollination aspects and kernel qualities of almond (*Prunus dulcis*) selections trialed in the southern San Joaquin valley. *Journal of the American Pomological Society*, 67(3), 126–136. IF 0,2
4. **Halász, J.**, Kodad, O., Galiba, G. M., Skola, I., Ercisli, S., Ledbetter, C. A., Hegedűs, A. (2019): Genetic variability is preserved among strongly differentiated and geographically diverse almond germplasm: an assessment by simple sequence repeat markers. *Tree Genetics and Genomes*, 15(1), 1–13. IF 2,081 D1

KAJSZI

1. **Halász, J.**, Pedryc, A., Ercisli, S., Yilmaz, K. U., Hegedűs, A. (2010): S-genotyping supports the genetic relationships between Turkish and Hungarian apricot

- germplasm. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 135(5), 410–417. IF 0,905 Q1
2. **Halász, J.**, Hegedűs, A., Szikriszt, B., Ercişli, S., Orhan, E., Ünlü, H. M. (2013): The *S*-genotyping of wild-grown apricots reveals only self-incompatible accessions in the Erzincan region of Turkey. *Turkish Journal of Biology*, 37(6), 733–740. IF 1,216 Q2
 3. Kodad, O., Hegedűs, A., **Halász, J.** (2013): Self-(in) compatibility genotypes of Moroccan apricots indicate differences and similarities in the crop history of European and North African apricot germplasm. *BMC Plant Biology*, 13(1), 1–11. IF 3,942 D1
 4. Lachkar, A., Fattouch, S., Ghazouani, T., **Halász, J.**, Pedryc, A., Hegedűs, A., Mars, M. (2013): Identification of self-(in) compatibility *S*-alleles and new cross-incompatibility groups in Tunisian apricot (*Prunus armeniaca* L.) cultivars. *The Journal of Horticultural Science and Biotechnology*, 88(4), 497–501. IF 0,509 Q2
 5. Kodad, O., **Halász, J.**, Hegedűs, A., Messaoudi, Z., Pedryc, A., Socias i Company, R. (2013): Self-(in)compatibility and fruit set in 19 local Moroccan apricot (*Prunus armeniaca* L.) genotypes. *The Journal of Horticultural Science and Biotechnology*, 88(4), 457–461. IF 0,509 Q2
 6. **Halász, J.**, Kodad, O., Hegedűs, A. (2014): Identification of a recently active *Prunus*-specific non-autonomous Mutator element with considerable genome shaping force. *The Plant Journal*, 79(2), 220–231. IF: 5,972 D1

MEGGY

1. **Halász, J.**, Balogh, E., Makovics-Zsohár, N., Hegedűs, A. (2019): *S*-genotyping of Hungarian sour cherry cultivars. *Acta Horticulturae* 1231, 161–166.
2. Hrotkó, K., Feng, Y., **Halász, J.** (2020): Spontaneous hybrids of *Prunus fruticosa* Pall. in Hungary. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 67(2), 489–502. IF 1,071 Q2

HÁZI SZILVA

Halász, J., Szendy, G., Ivanovska, B., Tóth, E.Gy., Hegedűs, A. (2023): The self-incompatibility locus and chloroplast DNA regions of *Prunus domestica* reflect the origin and genetic diversity of traditional cultivars. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 148(5):230–239. IF 1,90 Q1

BABÉRMEGGY

Halász, J., Molnár, A. B., Ilhan, G., Ercisli, S., Hegedűs, A. (2021): Identification and molecular analysis of putative self-incompatibility ribonuclease alleles in an extreme polyploid species, *Prunus laurocerasus* L. *Frontiers in Plant Science*, 12, 715414. IF 6,627 D1

Az értekezés témaköréhez közvetlenül nem kapcsolódó egyéb jelentősebb lektorált folyóiratcikkek:

D1 besorolású

1. **Halász J.**, Pedryc A., Hegedűs A. (2007): Origin and dissemination of the pollen-part mutated Sc-haplotype that confers self-compatibility in apricot (*Prunus armeniaca*). *New Phytologist*, 176: 792–803. IF 5,249
2. **Halász, J.**, Hegedűs, A., György, Zs., Pállinger, É., Tóth, M. (2011): S-genotyping of old apple cultivars from the Carpathian basin: methodological, breeding and evolutionary aspects. *Tree Genetics & Genomes*, 7(6): 1135–1145. IF 2,335
3. Szikriszt, B., Doğan, A., Ercisli, S., Akcay, M.E., Hegedűs, A., **Halász, J.** (2013): Molecular typing of the self-incompatibility locus of Turkish sweet cherry genotypes reflects phylogenetic relationships among cherries and other *Prunus* species. *Tree Genetics & Genomes* 9(1): 155–165. IF 2,397
4. Balogh, E., **Halász, J.**, Soltész, A., Erős-Honti, Z., Gutermuth, A., Szalay, L., Höhn, M., Vágújfalvi, A., Galiba, G., Hegedűs, A. (2019): Identification, structural and functional characterization of dormancy regulator genes in apricot (*Prunus armeniaca* L.). *Frontiers in Plant Science*, 10: 402. IF 4,106
5. Lénárt, J., Gere, A., Causon, T., Hann, S., Dernovics, M., Németh, O., Hegedűs, A., **Halász, J.** (2020): LC–MS based metabolic fingerprinting of apricot pistils after self-compatible and self-incompatible pollinations. *Plant Molecular Biology*, 105(4): 435–447. IF 3,302

Q1 besorolású

1. **Halász, J.**, Hegedűs, A., Hermán, R., Stefanovits-Bányai, É., Pedryc, A. (2005): New self-incompatibility alleles in apricot (*Prunus armeniaca* L.) revealed by stylar ribonuclease assay and S-PCR analysis. *Euphytica*, 145: 57–66. IF 0,884
2. Hegedűs, A., Szabó, Z., Nyéki, J., **Halász, J.**, Pedryc, A. (2006): Molecular analysis of S-haplotypes in peach, a self-compatible *Prunus* species. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 131(6): 738–743. IF 1,043
3. Pedryc A., Ruthner Sz., Hermán R., Krska B., Hegedűs A., **Halász J.** (2009): Genetic diversity of apricot revealed by a set of SSR markers from linkage group G1. *Scientia Horticulturae*, 121: 19–26. IF 1,197
4. Hegedűs, A., Engel, R., Abrankó, L., Balogh, E., Blázovics, A., Hermán, R., **Halász, J.**, Ercisli, S., Pedryc, A., Stefanovits-Bányai, É. (2010): Antioxidant and antiradical capacities in apricot (*Prunus armeniaca* L.) fruits: variations from genotypes, years and analytical methods. *Journal of Food Science*, 75(9): C722–C730. IF 1,733
5. Hegedűs, A., Lénárt, J., **Halász, J.** (2012): Review of sexual incompatibility in tree fruit species: molecular interactions and evolutionary dynamics. *Biologia Plantarum*, 56: 201–209. IF 1,692
6. Hegedűs, A., Taller, D., Papp, N., Szikriszt, B., Ercisli, S., **Halász, J.**, Stefanovits-Bányai É. (2013): Fruit antioxidant capacity and self-incompatibility genotype of Ukrainian sweet cherry (*Prunus avium* L.) cultivars highlight their breeding prospects. *Euphytica*, 191: 153–164. IF 1,643

7. Sorkheh, K., Kiani, S., Azimkhani, R., Mehri, N., **Halász, J.** (2017): Nut set evaluation in inter-specific almond × peach backcross progenies for self-compatibility selection in almond breeding programme. *Euphytica*, 213(8): 191. IF:1,626
8. Sorkheh, K., Azimkhani, R., Mehri, N., Chaleshtori, M. H., **Halász, J.**, Ercisli, S., Koubouris, G. C. (2018): Interactive effects of temperature and genotype on almond (*Prunus dulcis* L.) pollen germination and tube length. *Scientia Horticulturae*, 227: 162–168. IF: 1,883
9. Balogh, E., **Halász, J.**, Szani, Zs., Hegedűs, A. (2018): Correspondence between maturity date and molecular variations in a NAC transcription factor of diploid and polyploid *Prunus* species. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 42: 136-144. IF: 1,731
10. **Halász, J.**, Hegedűs, A., Karsai, I., Tósaki, Á., Szalay, L. (2021): Correspondence between *SOCI* genotypes and time of endodormancy break in peach (*Prunus persica* L. Batsch) cultivars. *Agronomy*, 11(7), 1298. IF 3,949
11. Hegedűs, A., Eusebio, G.E., Ivanovska, B., **Halász, J.** (2023): Molecular characterization of the eukaryotic translation initiation factor 4E isoform, eIF(iso)4E, in traditional cultivars of *Prunus domestica*. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry* (in press) IF 2,669

Q2 besorolású

1. **Halász J.**, Hegedűs A., Szabó, Z., Nyéki, J., Pedryc, A. (2007): DNA-based *S*-genotyping of Japanese plum and pluot cultivars to clarify incompatibility relationships. *HortScience*, 42: 46–50. IF 0,794

2. Agar, G., **Halász, J.**, Ercisli, S. (2011): Genetic relationships among wild and cultivated blackberries (*Rubus caucasicus* L.) based on AFLP markers. *Plant Biosystems*, 145(2): 347–352. IF 1,418
3. Tóth, M., Ficzek, G., Király, I., Kovács, Sz., Hevesi, M., **Halász, J.**, Szani, Zs. (2012): ‘Artemisz’, ‘Cordelia’, ‘Hesztia’ and ‘Rosmerta’: new Hungarian multiresistant apple cultivars. *HortScience*, 47(12):1795–1800. IF 0,938
4. Yilmaz, K.U., Basbug, B., Gurcan, K., Pinar, H., **Halász, J.**, Ercisli, S., Uzun, A., Cocen, E. (2016): *S*-genotype profiles of Turkish apricot germplasm. *Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca*, 44(1):67–71. IF: 0,547
5. Makovics-Zsohár, N., Tóth, M., Surányi, D., Kovács, S., Hegedűs, A., **Halász, J.** (2017): Simple sequence repeat markers reveal Hungarian plum (*Prunus domestica* L.) germplasm as a valuable gene resource. *HortScience*, 52(12): 1655–1660. IF 0,830
6. Höhn, M., Szelényi, M., **Halász, J.** (2019): Low Level of Genetic Variation and Signs of Isolation in the Native Hungarian Sea Buckthorn Population Compared to Cultivated Specimens. *Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca*, 47(3): 699–705. IF 0,648
7. Wöhner, T. W., Emeriewen, O. F., Wittenberg, A. H., Schneiders, H., Vrijenhoek, I., **Halász, J.**, et al., Flachowsky, H. (2021): The draft chromosome-level genome assembly of tetraploid ground cherry (*Prunus fruticosa* Pall.) from long reads. *Genomics*, 113(6), 4173–4183. IF 4,310