

Vélemény

Halász Júlia

Csonthéjas gyümölcsfajok termékenyülési viszonyainak genetikai háttere

c. akadémiai doktori értekezéséről és a tézisekről
amit az MTA doktori cím elnyerésére nyújtott be

1. A teljesítmény általános bírálata:

Halász Júlia kicsivel kevesebb, mint húsz év kutatómunka eredményeit foglalta össze értekezésében és nyújtotta be kérelmét az MTA doktori cím elnyerésére. Akadémia doktori értekezését megalapozó kutatásait az Kertészeti Egyetem klasszikusnak mondható professzoraival (Nyéki József, Pedryc Andrzej) kezdte, akikről nagyon tisztelettudóan emlékezett meg. Az sem elhanyagolható, hogy a munka jelentős részét férjével szoros kutatási kapcsolatban folytatja. A genetikai vizsgálatoknak az alap- és elméleti kutatáson túl, komoly gyakorlati eredménye és gazdasági haszna is van, gondolok itt a virágzásbiológia ismeretek alapján végzett csonthéjas gyümölcsösök telepítésére.

Az értekezés felépítése klasszikus szerkesztésű, hét fejezetből áll (Bevezetés, Irodalmi áttekintés, Célkitűzések, Anyag és módszer, Eredmények, Megvitatása, Következtetések). Ez után találjuk a bírálat szempontjából nagyon fontos 'Új tudományos eredmények' fejezetet. A bíráló számára nagyon fontos, hogy az eredmények megvitatása külön fejezetbe került, mint ahogy az a legtöbb tudományos lapban is követelmény. Halász Júliának nem volt szüksége arra, hogy a megvitatás részt összevonja az eredmények fejezettel, mert bőségesen volt mit kiemelni, megvitatni, hiszen kutatási eredményeivel a nemzetközi szakirodalmat színvonalas új eredményekkel gazdagította.

Felvethető, hogy túl sok fajjal foglalkozik az értekezés, de ezt az indokolja, hogy az értekezés témája nem a különböző fajokra, hanem a csonthéjasok termékenyülési viszonyainak genetikai feltárására koncentrált és ez fogja össze a kutatási témát, nem a fajok szerinti taglalás a dolgozat fő témája.

A jelölt 13 impaktfaktoros folyóiratcikkre alapozta dolgozatát. Ezek közül 8 cikkben első szerző és egyben utolsó szerző. Cikkeit a növény genetika és nemesítés kiváló szaklapjaiban jelentette meg, úgymint a *Frontiers in Plant Science*, *The Plant Journal*. Ezeknek a szaklapoknak az impaktfaktora hat körülvan, sőt ez érték felett.

A genetikai vizsgálatokhoz a legfontosabb hazai kutatóhelyek genotípusait és populációit használták fel. Jelentősen növeli az értekezésben elért eredmények nemzetközi fogadtatását, hogy a mandula, kajszi és babérmeggy esetében, kaliforniai, török, kirgiz, tunéziai és marokkói stb. növényi minták is vizsgálatra kerültek, összevetve ezeket a Kárpát-medencei DNS minták eredményeivel.

Az értekezés nyelvezete jó, gondosan megírt munka, gépelési hiba (49. oldalon fölülről az 5 sorban, „növényegyed” a helyes stb.) alig található benne. Számomra, itt-ott zavaróak a hosszú mondatok, mint pl. a 47 oldalon az utolsó mondat, ami csak 6 sorba fért bele.

A húsz oldalas tézis füzet jól összeállított összefoglalója a 150 oldalas értekezés lényegének. A bírálat szempontjából nagyon fontos a publikációk elemző összeállítása. A már említett, új tudományos eredmények alapját képező folyóiratcikkeken túl, Halász Júlia még öt D1-es, tizenegy Q1-es és hét Q2-es publikációt jegyez társszerzőkkel. Ebben az összesen 23 impaktfaktoros dolgozatban 11 helyen szerepel a szerzői névsorban meghatározó helyen. Ezek az adatok azt mutatják, hogy Halász Júlia MTA doktori cím elnyerésére beadott pályázata megfelelő tudományos alapon nyugszik.

Az általános bírálat összegzéseként megállapítható, hogy a kutatás széles genetikai alapokkal folyt és ebből adódóan az eredmények több csonthéjas faj genetikai alapú virágzásbiológiai eltérésére, egyezőségére és kapcsolatára világít rá. Megadva ezzel a további kutatás és a felvetődő kérdések tisztázásának lehetőségét.

2. Az értekezés részletes bírálata:

Az értekezés témáját a csonthéjas gyümölcsfa fajok genetikai kutatása szempontjából tudománytörténeti fontosságúnak tartom, mert a szerző a növényi genom, a környezet és a szelekció kölcsönhatás vizsgálatára helyezi a fő hangsúlyt. Ezen felül - mint már említettem – a kutatásnak fontos növénynemesítési- és gyakorlati munkában felhasználható (gyümölcsös telepítés) eredménye van.

A **bevezetés** rövid, célratorően rávezeti az olvasót az idegen- és öntermékenyülés vizsgálatának fontosságára, különös figyelmet fordítva a gyakorlati célú szempontokra. A célkitűzéseket célszerű lett volna a bevezetés végére hozni, mert ez a fejezet kissé elrejtve található az értekezés egyharmadánál, a 46-47. oldalon.

A 35 oldalas **irodalmi áttekintés** részletes, az érintett kutatási témákhoz kapcsolódó nemzetközi irodalmat a vizsgált növényfajok szerint jól áttekinti. A kutatott témák különlegessége (különösen a molekuláris genetikai eredmények), hogy az irodalmi

összeállítás túlnyomóan az utolsó 30-40 évből tartalmaz hivatkozásokat. Jelezve azt, hogy a kutatott tématerületek az utóbbi harminc-negyven évben jöttek létre. Ezzel szemben idézi az időszámítás előtti mesterséges beporzásra utaló emberi tevékenységet is, ami művészeti alkotásokon figyelhető meg. A több százéves kutatási „hezitálás” mutatja, hogy napjainkra ért meg a metodika (molekuláris) és tudás, hogy a virágzásbiológia rejtelmeket, ezeknek genetikai hátterét feltárjuk. A 2. ábra szépen összefoglalja az inkompatibilitási rendszerek négyféle csoportját. Kérdésem, hogy az ábra saját szerkesztésű, vagy átvett irodalmi adat. Nem találtam rá hivatkozást.

A 29. oldalon és máshol is, a magyar nyelv használata szempontjából zavart, hogy a bottleneck szót, szó szerint fordította le, az helyett, hogy az ennél sokkal érthetőbb szűk keresztmetszet fordítást választotta volna. A 44. oldalon az ábra aláírás hivatkozásánál elmaradt a második szerző (Halász) kiírása. Kétszerzős cikk esetén mindkettő szerzőt ki kell írni.

A hét oldalas **anyag és módszer** fejezet jól összefoglalta a kísérletek módszertani hátterét. Szeretném hangsúlyozni, hogy a szerző jól kihasználta a módszerek leírása helyett az irodalmi hivatkozásokat és így nem nyúlt hosszúra a fejezet. A kísérleti anyagoknál jól látható a nemzetközi kooperációban (olasz, török, kirgiz, tunéziai stb.) lévő lehetőség, amibe a hazai kísérleti anyagokon végzett vizsgálati eredmények jól behelyezhetők.

Az értekezés lényegi részét az **eredmények** fejezet adja, ami oldalszámban meghaladta a negyvenet. A vizsgált csonthéjas fajok alapján öt fő kísérleti témát foglalt össze a jelölt, amelyek logikusan követik egymást. **Mandula** esetében látható, hogy nemzetközi viszonylatban hiánypótló hazai kutatásról van szó. Nagyszámú (32) fajta és hibrid *S*-gén alapú markerezését végezték el. Öt új, termesztett mandulafajtában előforduló *S-RN-áz* allélt azonosítottak. Jellemezték ezek exon-intron szerkezetét és kimutatásukhoz specifikus markert fejlesztettek. Ebben a kutatásban jól látható, hogy a publikációnak milyen nemzetközi kooperációs hatása van. Az amerikai USDA, Parlier cég náluk végeztette tíz új mandula fajtájuk *S*-genotípus jellemzését. A mandulafajták genetikai variabilitásának jellemzését összefoglaló 16. ábrát egyoldalásra kellett volna szerkeszteni, hogy a fajták nevét jobban lehessen olvasni. A **kajszival** végzett genetikai vizsgálatok eredményének a leírása a leghosszabb, 18 oldal. Felvethető az is, hogy ebből a témából egyedül is megszületethetett volna az értekezést, de a genetikai vizsgálatok kiterjesztése más csonthéjas fajokra, gazdagabbá tette az értekezést és a tudományos fajsúlyja is nagyobb (magas impaktfaktorú dolgozatok születtek más csonthéjas fajok eredményeiből is). Az 5.2. fejezetben tudományos szempontból izgalmas *S*-allél földrajzi utazásba kapcsolódunk be. Először török-, majd észak-

afrikai kajszi fajták- és egyedek *S*-allél gyakoriságát ismertette a jelölt. A kajszi öntermékenyülését előidéző *SFBC*-allél törökországi gyakorisága kelet felől nyugati irányba növekszik. A marokkói és tunéziai minták elemzése után a kajszi inter-inkompatibilitási csoportjainak számát 15-tel bővítették ki. A kajszinál elért eredmények közül a bíráló számára a legjelentősebb új eredmény, hogy új öntermékenyülést előidéző kajszi *S*-allélt (*SFBC*₂) azonosítottak. Igazolták és elsőként írták le, hogy a kajszi *SFBC*- és *SFBC*₂-haplotípusok funkcióvesztését *Mutator* szupercsaládba tartozó, nem-autonóm DNS-transzpozon inszerciója okozza és a szakirodalomban *Falling Stones* (*FaSt*) elnevezésre tettek javaslatot. Az elnevezés kicsit még a zenei rock and roll világába is visszavisz bennünket, de szakmai szempontból, nagyon jó az elnevezés. **Meggy**nél 10 különböző *S*-haplotípust, vagy ezek funkcióképtelen változatait azonosították, eddig nem vizsgált 26 magyar meggyfajta-, ill. szelektált klónnál. Ezentúl megállapították, hogy a meggy festőlevősége nem alkalmas a fajták rokoni relációjának feltárására. **Házi szilvánál** a 'Nemtudom' és 'Besztercei' esetében egy közös *S*-*RN-áz* allélt azonosítottak, amelyet korábban kökényfajtákban is kimutattak. Különösen érdekes, de várható eredmény volt, hogy a magyar specialitásnak mondható 'Nemtudom' szilvában kismértékű genetikai variabilitást állapítottak meg, ami a viszonylag szűk körű elterjedését figyelembe véve nem megfelelő. A továbblépés szempontjából viszont fontos megállapítás tettek, hogy a szelekciós programokban erre különös figyelmet kell fordítani és a variabilitást lehetőleg növelni kell. A legmagasabb impakfaktorú közleményük **Babérmeggy** esetében született, lévén elsőként azonosítottak huszonhárom *S*-*RN-áz* allélt, melyek szekvenciáit a C2-C5 régióban határozták meg.

A huszonnégy oldal terjedelmű **megvitatás** fejezettel egyetértek. Nagy öröm volt áttekinteni a saját eredményeik megvitatását a publikált nemzetközi eredményekkel összevetve. Az elért eredményeket a publikált dolgozatokban nemzetközi szakemberek bírálták (lektorok), a tudomány mai állása szerint elfogadhatóak, helytállóak. Ebből adódóan nem kívánom a dolgozatban leírt eredményeket vitatni. A jelölt is utal rá és a tudományban egyébként is megszokott, hogy az eredmények újabb vizsgálati adatok után módosulhatnak, változhatnak. Ezért itt most nem kívánok vitát nyitni néhány dolog felett. Elmondhatjuk, hogy a molekuláris módszerekkel történő virágzásbiológiai feltárás kutatásában (genetikai) még most kezdődött az alapvetések korszaka. A következő publikációk még sok új eredményt hoznak majd.

Az **új tudományos eredmények** a 125. oldalon találhatóak 11 pontban összefoglalva. A jelölt eredményeit megismerve az általa felsorolt pontokat új eredményként elfogadom, de javaslom, hogy a nyilvános védésen sokkal rövidebb formában foglalja össze és csak az új

eredmények lényegét tüntesse fel. A 11. pontot hétre redukáltam, bízva abban, hogy lényeges eredményt nem hagytam ki. Figyelemmel a nyilvános védés jegyzőkönyvének szűkebb terjedelmére, a következő *új eredményeket* javaslom elfogadni:

ÚJ TUDOMÁNYOS EREDMÉNYEK

1. Öt új, természetett mandulafajtában előforduló *S-RN-áz* allélt azonosítottak. Jellemezték exon-intron szerkezetüket és kimutatásukhoz specifikus markert fejlesztettek. Mandulában három új inter-inkompatibilitási csoportot írtak le.
2. A kajszii eddig leírt inter-inkompatibilitási csoportjainak számát 15-tel bővítették. Az *S*-lókusz vizsgálatával megállapították, hogy az észak-afrikai kajszii genotípusok genetikai variabilitása felülmúlja az európai fajtakör variabilitását.
3. SSR és *S*-lókusz alapú molekuláris markerezés adataival igazolták, hogy kajszinál a genetikai variabilitás csökkenésének fő oka az öntermékenyülési képesség megjelenése volt. A genetikai diverzitás csökkenése arányos a relatív idővel, ami az öntermékenyülés kialakulása óta eltelt.
4. Új, öntermékenyülést előidéző kajszii *S*-allélt (*SFB_{C2}*) azonosítottak. Igazolták és elsőként írták le, hogy a kajszii *SFB_C*- és *SFB_{C2}*-haplotípusok funkcióvesztését *Mutator* szupercsaládba tartozó, nem-autonóm DNS-transzpozon inszerciója okozza és a szakirodalomba *Falling Stones (FaSt)* névre tettek javaslatot.
5. Meggynél eddig nem vizsgált 26 genotípusból 10 különböző *S*-haplotípust vagy ezek funkcióképtelen változatát azonosították. Megállapították, hogy a gyümölcs festőlevősége nem alkalma a fajták rokoni kapcsolatának feltárására.
6. Azonosítottak egy közös *S-RN-áz* allélt a 'Nemtudom'- és a 'Besztercei' szilva genotípusokban, melyet korábban kökényfajtákban mutattak ki. Igazolták a 'Nemtudom' szilva kismértékű genetikai variabilitását, ezért javaslatot tettek a szelekciós nemesítés kiszélesítésére.
7. Az extrém poliploid *Prunus laurocerasus* L. fajban elsőként azonosítottak 23 *S-RN-áz* allélt, melyek szekvenciáit meghatározták. A 20 funkcióképes allél mellett funkcióképtelen allélok is leírtak. Eredményeik alátámasztják a tetraploid meggy öntermékenyülését meghatározó modell működését más ploidszintű fajok esetében is.

3. Nyilatkozat:

Az értekezés és a tézisek részletes áttanulmányozását követően megállapítottam, hogy az MTA doktori cím elnyerésére beadott munka **hiteles, saját adatokat tartalmaz**. A hitelességet a megjelent nemzetközi publikációk dokumentálják, melyekre az értekezés épült.

Halász Júlia tudományos teljesítménye minden vonatkozásban eléri az MTA doktora címmel szemben támasztott követelményeket. **Javaslom az értekezés és a tézisek**

elfogadását és a mű nyilvános vitára bocsátását. Sikeres nyilvános védés esetén javaslom az MTA doktora cím odaítélését.

4. Az értekezés témájával kapcsolatos kérdések

1. kérdés

Az öninkompabilitásnak az evolúcióban fontos szerepe van. Ez a rendszer a „spontán” genetikai variabilitást tartja fenn. Evolúciós előnynek, evolúciós hajtóerőnek nevezhetjük az öninkompabilitást. Ennek fényében nehezen értelmezhető a kompatibilitás, az öntermékenyülés kialakulása. A jelenséget az evolúció sírgödrének nevezhetjük, lévén a variabilitás – ami az evolúció motorja – jelentős csökkenése az eredmény. Kérdésem az, hogyan képzelhető el, hogy az öninkompatibilitás genetikai kontrollja ilyen sebezhető? Kísérletei során tanulmányozva a genetikai szabályozást, mi a véleménye az evolúciónak erről a „gondatlanságáról”, hogy önmaga, azaz a variabilitás ellen is kialakulhatnak genetikai események?

2. kérdés

A 48. oldalon megemlíti a BCE egykori szigetcsépi ültetvényét. Hogyan sikerült a szigetcsépi genetikai tartalékokat, genotípusokat megmenteni? Beszélhetünk-e genetikai tartalékokban esett kárról? (Ez mint MNE tagot különösen érdekel.)

3. kérdés

Az 1. ábrán bemutatta, hogy a *Prunus laurocerasus* L. a filogenetikai fán nagyon korán, mintegy 50 millió évvel korábban kialakult és elvált a *Prunus* nemzetség többi fajától és létrejött egy extra magas (dokozaploid) kromoszóma számú ($2n=176$) faj. Hogyan képzelhető el, hogy a *Prunus*-oknál létrejöhetett genetikailag azóta is homogén faj, míg más nemzetségeknél kisebb számú genom megduplázódás is komoly genetikai és fenotípusos katasztrófákhoz vezet? Mi a spekulációja? Milyen genetikai szabályozás, esetleg a rendszer kontrolljában lévő „hiba” vezethetett ehhez a jelentős változáshoz és fajkialakuláshoz?

Szeged, 2024. szeptember 20.

Pauk János
MTA doktora
egyetemi magántanár