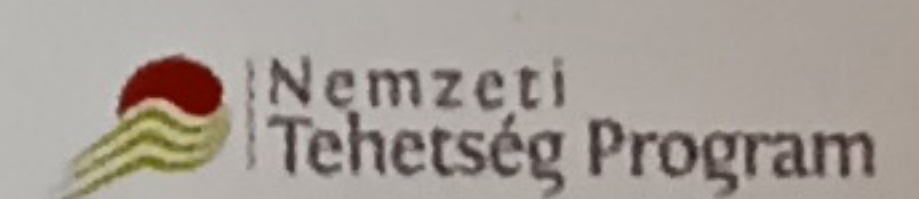
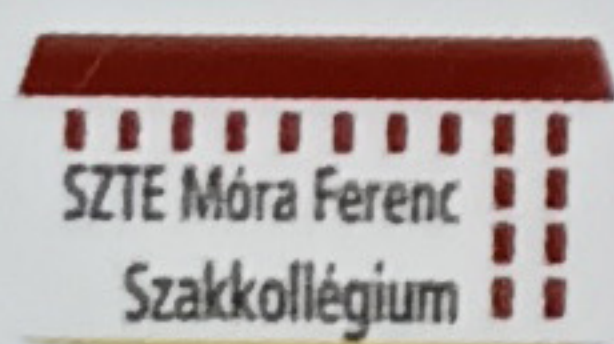
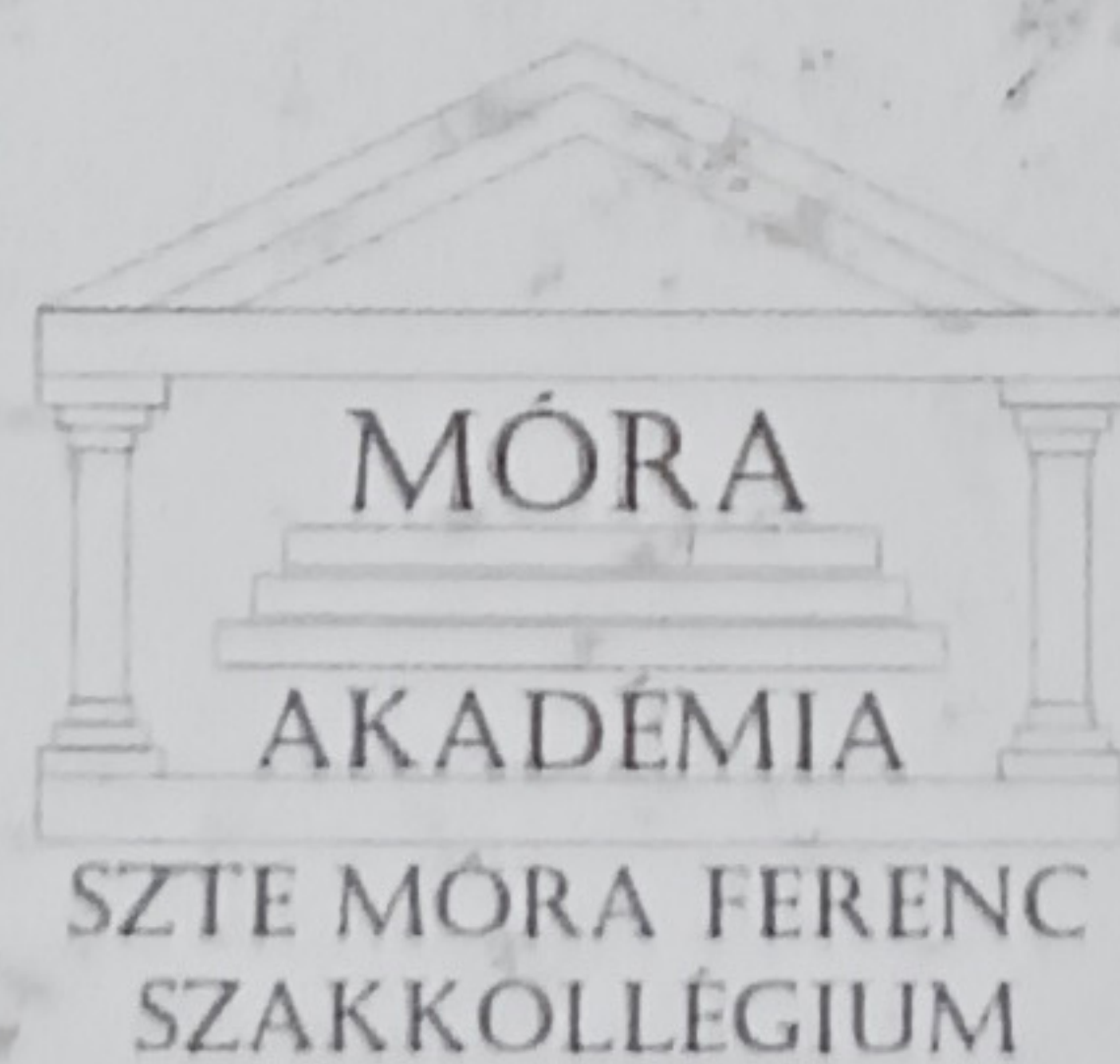


Móra Ferenc Szakkollégium



V. Móra Kárpát-medencei Interdiszciplináris Szakkollégiumi Konferencia

2021. november 26-27.



Nagy Valentina (SZTE Móra Ferenc Szakkollégium)

Extracelluláris vezikulák MMP-9 tartalma, mint lehetséges biomarker a GBM diagnosztizálására és nyomon követésére

A glioblasztóma multiforme (GBM) az egyik leggyakoribb és legagresszívebb központi idegrendszeret érintő rosszindulatú agydaganat. A tumoros szövet behatol az egészséges sejtek közé, ezért nehezen határolható el a környező sejtektől. Sebészeti eltávolítása nehéz, alacsony túlélési prognózissal és nagy proliferációs rátával jellemezhető. A jelenlegi GBM diagnosztikai módszerek drágák (MRI), illetve invazívak (agyszövet biopszia), nagy szakértelmet követelnek. A betegséget sokszor csak a komoly tünetek megjelenése után tudják diagnosztizálni. Egy kellően specifikus és szenzitív biomarker lehetővé tenné a GBM korai felismerését és a betegség lefolyásának nyomon követését. Előadásomban egy ígéretes tumor biomarkerrel, a mátrix metalloproteináz-9 (MMP-9) fehérjével foglalkozom. Kutatásunk során szérumból izolált kisméretű extracelluláris vezikulák (sEV) MMP-9 tartalmát hasonlítottuk össze a különböző betegcsoportok esetében.

Rajki Eszter (SZTE GYTK Kabay János Szakkollégium)

T4 kovalens fúzió, mint a membránfehérjék hatékonyabb kristályosításának lehetősége

A membránfehérjék szerkezetének tanulmányozására a röntgenkristallográfia a leggyakrabban alkalmazott módszer, azonban ezen proteinek kristályosítása sokszor akadályokba ütközik. Célunk, hogy a *Haemophilus influenzae* H⁺/fukóz transzporterét egy kristályosítást elősegítő fehérjével, a T4 lizozimmal összekapcsoljuk, majd a fúziós fehérje szerkezetét tanulmányozzuk klónozással, expresszással, tisztítással és kristályosítással követően.

Rekombináns DNS technológia alkalmazásával a fehérjét pTTQ18 vektorba klónoztuk, mely során kovalens fúzióval kapcsoltuk C-terminálisan a T4 lizozimot. Ennek sikerességéről DNS szekvenálással győződünk meg. A vektort BL21(DE3) sejtekbe transzformáltuk, majd IPTG-val expressziót indukáltunk. Ezt gélelektroforézissel ellenőriztük. Elvégeztük a fehérjetermelés optimalizációját. A kinyert fehérjét affinitás kromatográfiával tisztítottuk, összehasonlítva a Ni-NTA és a Talon gyanták hatékonyságát. A további tisztítást méretkizárásos folyadékkromatográfiával és ioncserélő kromatográfiával végeztük.

Megállapítottuk, hogy a célfehérje-T4 lizozim kovalens fúzió eredményes volt, az összeépített gén megfelelően expresszáldott. A fehérjét affinitás kromatográfia, gélszűrés és ioncserélő kromatográfia alkalmazásával tudtuk megfelelően elválasztani a szennyezőktől. A fehérje expresszió és tisztítás optimalizálása során megállapítottuk, hogy a legnagyobb mennyiségű fehérjét 0,5 mM IPTG koncentráció, 12 órás indukció, 37 °C, LB táptalaj alkalmazása esetén nyertük.

Sánta Ádám (SZTE Móra Ferenc Szakkollégium)

PCNA monoubikvitinációt gátló kismolekula inhibitorok *in vivo* vizsgálata

A genetikai információ dezoxiribonukleinsav (DNS) formájában tárolódik minden élő organizmusban. Genomunk épségét folyamatosan fenyegetik különféle károsító hatások, amelyek rendkívül sokfélék lehetnek. A DNS sérülése elkerülhetetlen, ugyanis egyetlen sejtben akár több tízezer hiba jöhet létre naponta. Ezek kijavítására számos, konzervált hibajavító mechanizmus fejlődött ki, amelyekkel a sejtek megpróbálják kikerülni a folyamatos bázisvesztést vagy módosítást, illetve a különféle mutációk létrejöttét. Ennek ellenére a keletkezett hibák nem mindig kerülnek kijavításra, így a következő sejtgenerációban ezek már