



36. ORSZÁGOS
TUDOMÁNYOS DIÁKKÖRI
KONFERENCIA 2023



Biológia Szekció

PROGRAMFÜZET ÉS REZÜMÉKÖTET

EÖTVÖS LORÁND TUDOMÁNYEGYETEM
TERMÉSZETTUDOMÁNYI KAR
2023. ÁPRILIS 24-26.



ELTE | TTK
TERMÉSZETTUDOMÁNYI KAR

36. Országos Tudományos Diákköri Konferencia
Biológia Szekció

Programfüzet és rezümékötet

Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar
Budapest, 2023

*36. Országos Tudományos Diákköri Konferencia Biológia Szekció
Programfüzet és rezümékötet*

*Eötvös Loránd Tudományegyetem, Budapest
2023. április 24-26.*

Szerkesztők:

Sarkadi Fanni
Csíkos Sándor
Borbély Noémi

Szerkesztésben közreműködött:

Lenzinger Dorina

Kiadja:

Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar
1117 Budapest, Pázmány Péter sétány 1/A

Felelős kiadó:

Dr. Kacs Kovics Imre dékán

ISBN 978-963-489-583-1

Tartalomjegyzék

Elnöki köszöntő a 36. Országos Tudományos Diákköri Konferencia résztvevőinek	5
Dékáni köszöntő	7
Szervezők listája	8
Az OTDT Biológia Szakmai Bizottság vezetése	9
Az OTDT Biológia Szakmai Bizottság tagjai	9
Bírálok és zsűritagok listája	10
A konferencia támogatói	12
Részletes program	16
Roska Tamás Tudományos Előadás	20
„Énekeljete az elmétekkel” – Roska Tamásra emlékezve	20
A Roska Tamás Tudományos Előadás idei nyertese: Lenkei Rita	21
Közösségi és sportprogramok	23
Középiskolás programok	24
A tagozati ülések programja	26
Az előadások rezüméi	48
Állatökológia, faunisztika, taxonómia tagozat	49
Bioinformatika és evolúcióbíológia tagozat	60
Biokémia és szerkezeti bíológia tagozat	67
Biotechnológia tagozat	77
Etológia, viselkedésökológia, humánbíológia tagozat	86
Genetika I. (Populációgenetika, genomika) tagozat	97
Genetika II. (Modellorganizmusok) tagozat	106
Hidrobiológia tagozat	116
Immun- és orvosi bíológia tagozat	125
Mikrobiológia I. tagozat	134
Mikrobiológia II. tagozat	143
Molekuláris és sejtbíológia I. tagozat	151
Molekuláris és sejtbíológia II. tagozat	160
Neurobíológia tagozat	169
Neurofiziológia tagozat	179
Növényélettan tagozat	189

Növényökológia tagozat.....	199
Természetvédelmi biológia tagozat.....	209
Tumor- és orvosi biológia tagozat.....	219
Szerző hallgatók listája.....	228
Témavezetők listája.....	231
A konferencián képviselt intézmények listája.....	234

Elnöki köszöntő a 36. Országos Tudományos Diákköri Konferencia résztvevőinek



2023 áprilisában több mint 5000 magyarországi és határokon túli egyetemista találkozik a 36. OTDK tizenhat szekciójában egymással és tudományterülete legkiválóbb képviselőivel. Ez Magyarország legnagyobb egybefüggő tudományos konferenciája. Fórum, de verseny is. Szület. A munka gyümölcse.

Maga a munka azonban nem most, hanem akár évekkel ezelőtt kezdődött, amikor egy tanár témát javasolt a tehetséggel kitűnő diákjának, vagy a diák kereste meg tanárát, hogy szeretne valamilyen, a

kötelező tananyagon túli személyes tapasztalathoz jutni jövőre hivatásához kapcsolódóan.

A tudományos diákkörök, a TDK-k több mint 70 éve látnak el tehetséggondozó feladatokat a hazai felsőoktatásban. A TDK mozgalom és kultúra. Alapja a diák-tanár szakmai műhelymunka, Kárpát-medencei keretét az Országos Tudományos Diákköri Tanács, az OTDT adja.

A magyarországi és a határokon túli felsőoktatási intézményekben évente több tízezer fiatal vesz részt a tudományos diákköri tevékenységben, végez kutatómunkát, hogy aztán annak eredményeit az intézményi/kari TDK-konferencián is bemutassa. Ezeken a konferenciákon a legjobbak szereznek jogosultságot a két évente rendezett OTDK-ra. Itt a különböző intézményekből jövő, hasonló területen kutató fiatalok megismerik egymást és egymás eredményeit, és közösen visszajelzést is kapnak a szakma legjobbjaitól.

A szóban is kifejtett szakmai értékelésen túl a zsűrik a bemutatott dolgozatokat - nem a bemutató diákokat! - rangsorolt helyezésekkel is elismerik. Az OTDK helyezéseknek rangja van Magyarországon és külföldön is. Fontos részei az önéletrajzoknak, akár hazai (pl. UNKP, KDP) vagy nemzetközi ösztöndíjpályázatoknál, akár állásinterjúkon, akár a továbbtanulásnál.

Az 500-550 OTDK tagozat első helyezettjei pályázhatnak egy „fődíjra” is. Ez a teljes hallgatói életpályát elismerő *Pro Scientia* Aranyérem-család. Az OTDK évében legfeljebb 48 *Pro Scientia* és legfeljebb két *Pro Arte* Aranyéremmel, illetve a dolgozattal résztvevő eredményes középiskolásoknak alapított legfeljebb egy *Junior Pro Scientia* Aranyéremmel ismeri el az OTDT a hallgatói kiválóságot. A kitüntetést negyedszázada, 1989-ben adtuk át először, azóta összesen 810 fiatal nyerte el.

A diákok mellett fontos a felkészítő oktatók megbecsülése is. Erre szolgál az OTDT Mestertanár Aranyérme, amivel a legalább 10 éves, eredményes TDK-s tehetséggondozó tevékenységet ismerjük el.

A TDK és az OTDK az elmúlt években jelentős minőségi és mennyiségi fejlődésen ment keresztül.

A 36. OTDK-t megelőző első, „házi” fordulóban 14264 pályamunkát mutattak be diákjaink a 2134 intézményi TDK-konferencián. Közülük került ki a mostani OTDK-ra benevezett 4867 dolgozat. Értékelésükben az elmúlt hetekben több mint 3000 bíráló és 1500 zsűritag vett/vesz részt.

E jeles kollégáink – csakúgy mint az intézményi felkészítő és szervező kollégák – munkájukat önkéntesen, ingyenesen végzik. Ezzel támogatják a jövő értelmiségét, legtöbbször ezzel törlesztik azt a „kölcst”, amit egykori tanáraiktól hasonló helyzetben ők maguk kaptak. Talán nem fölösleges ezt kiemelni a fiatalságnak, de nem csak nekik, a mai, értékválsággal küzdő világunkban. Köszönet mindannyiuk munkájáért!

Négy éve, 2019-től az OTDK funkciói tovább bővültek. Jelentős számú középiskolást hívunk a konferenciára megfigyelőként, ezzel segítve, hogy megismerkedjenek fiatal kutatókkal és a kutatói életpálya kezdeti szakaszával. Emellett a kutatóvá válás következő lépcsőjének bemutatására elindítottuk a Roska Tamás Tudományos Előadást, amelynek megtartására a doktori képzésben résztvevő fiatalok pályázhatnak, és szekciónként egy fő nyerheti el az előadás jogát. Az OTDK-n tehát megjelent a tehetséggondozás folytonossága a középiskoláktól a doktori iskoláig. Végül, de nem utolsósorban, fontos felhívásként és társadalmi üzenetként, a tudományos konferencián megjelentek a sportprogramok.

A 36. OTDK ismét kizárólagosan személyes jelenléttel zajlik, lehetőséget teremtve a párbeszédre, a beszélgetésekre, a közös élmények megszerzésére. Kívánom, hogy diákként, tanárként, támogató kollégaként mindenki találjon örömet az együtt létben, és mindenki tudjon hazavinni legalább egy olyan üzenetet, jó emléket, amit azután jó érzéssel köt még sokáig 2023-hoz és konferenciájának városához!

Dr. Weiszbürg Tamás
az OTDK elnöke

Dékáni köszöntő



Az Eötvös Loránd Tudományegyetem Természettudományi Kara nevében szeretettel köszöntöm a XXXVI. Országos Tudományos Diákköri Konferencia (OTDK) Biológia Szekciójának résztvevőit! Egyetemünk legutóbb 2011-ben láthatta vendégül az OTDK Biológia Szekcióját, így különös öröm számomra, hogy karunkon köszönthetem a biológia és a természettudományok iránt elkötelezett hallgatók újabb nemzedékét.

A Magyar Örökség díjjal kitüntetett TDK mozgalom már 70 éve működik Magyarországon. A diákköri munka során a tehetséggondozás egy kivételes formája valósul meg: létrejön a tanár és a diák konstruktív együttműködése, mely hagyományos értelemben vett tudományos műhelymunkát biztosít, így ezzel minőségi többlettudást, kutatási és alkotási lehetőséget ad a tehetséges és érdeklődő egyetemistáknak.

Bár a Tudományos Diákköri Konferencia versengés – hiszen a pályamunkákat és az előadásokat zsűri értékeli, a legjobb dolgozatok pedig díjazásban részesülnek –, emellett hangsúlyos szerepet kap a rendezvény tudományos konferencia jellege is. Az előadók többsége számára talán ez a legelső alkalom, amelyen széles szakmai nyilvánosság előtt adhat számot kutatási eredményeiről.

Nagy örömömre szolgál, hogy a konferenciára az ország minden pontjáról, sőt a határon túlról is érkeznek mind előadó hallgatók, mind a szakmai zsűrizésben részt vevő egyetemi oktatók és kutatók. Megkönnyebbülés, hogy az idei OTDK-t – a két pandémiás alkalom után – immár újra jelenléti formában rendezhetjük. Kívánom, hogy a személyes találkozások új szakmai együttműködések alapjait vethessék meg.

Jelen kötet a 19 tagozatban folyó konferencia 180 előadásának kivonatát tartalmazza, egyúttal bepillantást engedve a hazai természettudományos műhelyek biológia szakterületén folyó legszínvonalasabb kutatásaiba. Az előadások a biológia szinte teljes spektrumát felölelik, a molekuláris biológiától az ökoszisztémák vizsgálatáig, a laborkutatásoktól az elméleti és számítógépes elemzésekig, a terepi felmérésekig.

A konferenciához az előadó hallgatóknak sok sikert és értékes tapasztalatot, további kutatómunkájukhoz motiváló inspirációt, hallgatóságunknak pedig tudással gazdagító és egyúttal kellemes élményt kívánok!

Dr. Kacs Kovics Imre

egyetemi tanár, az ELTE Természettudományi Kar dékánja

Szervezők listája

A 36 OTDK Biológia Szekció Ügyvezetésének tagjai

Dr. Müller Viktor

egyetemi docens, oktatási
dékánhelyettes
ügyvezető társelnök

Dr. Varga Máté

egyetemi docens
ügyvezető társelnök

Dr. Vásárhelyi Zsóka

ügyvivő szakértő
ügyvezető titkár

Dr. Lőrincz Péter

egyetemi adjunktus
ügyvezető társtítkár

Sarkadi Fanni

PhD-hallgató
hallgatói képviselő

Csíkó Sándor

PhD-hallgató
helyettes hallgatói képviselő

A konferencia szervezésében részt vevő hallgatók és munkatársak

Barta Karola

Becz Álmos

Borbély Noémi

Csoma Balázs

Farkas Helga Hajnalka

Horváth Patrik

Kneifel Tünde

László Márk

Matolcsi Fruzsina

Marx Anita

Meixner Dalma

Mikulecz Benjámin

Nagy Trisztán

Oláh Szilvia

Osváth Magdolna

Simon Barbara

Sóti Adél

Szabó Nóra

Tarcsa Virág

Zsichla Levente

Az OTDT Biológia Szakmai Bizottság vezetése

Tiszteletbeli elnök

Varga Zoltán

professor emeritus

Debreceni Egyetem, Természettudományi és Technológiai Kar

Elnök

Padisák Judit

akadémikus, egyetemi tanár

Pannon Egyetem, Mérnöki Kar

Alelnökök

Hornung Erzsébet

professor emerita, az MTA doktora

Állatorvostudományi Egyetem

Müller Viktor

egyetemi docens, oktatási

dékánhelyettes

Eötvös Loránd Tudományegyetem,

Természettudományi Kar

Titkár

Strenger-Kovács Csilla

egyetemi docens

Pannon Egyetem, Mérnöki Kar

Az OTDT Biológia Szakmai Bizottság tagjai

Babeş-Bolyai Tudományegyetem,
Biológia és Geológia Kar

Markó Bálint

rektorhelyettes, egyetemi tanár

Debreceni Egyetem,
Természettudományi és Technológiai
Kar

Magura Tibor

egyetemi tanár

Eszterházy Károly Katolikus Egyetem,
Természettudományi Kar

Marschall Marianna

intézetigazgató főiskolai tanár

Magyar Agrár- és Élettudományi
Egyetem, Genetika és Biotechnológiai
Intézet

Hoffman Orsolya Ivett

tudományos főmunkatárs

Nyíregyházi Egyetem,
Környezettudományi Intézet

Dobróné Tóth Márta

főiskolai docens

Pázmány Péter Katolikus Egyetem,
Információs Technológiai és Bionikai Kar

Iván Kristóf

egyetemi docens, dékán

Pécsi Tudományegyetem,
Természettudományi Kar

Horváth Győző

egyetemi adjunktus

II. Rákóczi Ferenc Kárpátaljai Magyar
Főiskola

Kohut Erzsébet

docens

Sapientia Erdélyi Magyar
Tudományegyetem

Máthé István

egyetemi docens

Selye János Egyetem

Nagy Melinda

egyetemi docens, rektorhelyettes

Szegedi Tudományegyetem,
Természettudományi és Informatikai
Kar

Hamari Zsuzsanna

egyetemi docens

Soproni Egyetem,
Erdőmérnöki Kar

Király Gergely

egyetemi adjunktus

Újvidéki Egyetem, Magyar Tannyelvű
Tanítóképző Kar, Szabadka

Borsos Éva

docens

Horák Rita

docens

Pro Scientia Aranyérmesek Társasága

Bugyik Edina

tudományos munkatárs

Bírálok és zsűritagok listája

A Szekció megvalósulását bírálóként vagy zsűritagként segítették:

Ábrahám Hajnalka (ELTE BGGYK/PTE
ÁOK)

Apáti Ágota (ELKH TTK)

Ari Eszter (ELTE TTK)

Áy Éva (NNK)

Bácsi Attila (DE)

Bácsi István (DE)

Bálint Bálint László (DE)

Berta Gergely (PTE)

Bugyik Edina (SE)

Bunford Nóra (ELKH TTK)

Csergő Anna Mária (MATE)

Csire Márta (ELTE FIEK)

Csősz Éva (DE)

Deák Péter (SZTE)

Dudás-Boda Eszter (NSZKK)

Ecsédi Péter (ELTE TTK)

Egyed Balázs (ELTE TTK)

Enyedi Balázs (SE)

Erős Tibor (ELKH BLKI)

Fehér Tamás (ELKH SZBK)

Fóti Szilvia (MATE)

Gáspári Zoltán (PPKE)

Gócza Elen (MATE)

Györgyey János (ELKH SZBK)

Halpern Bálint (MME)

Hangya Balázs (ELKH KOKI)

Hegedűs Tamás (SE)

Héja László (ELKH TTK)

Herczeg Gábor (ELTE TTK)

Holderith Noémi (ELKH KOKI)

Horváth Zsófia (ELKH ÖK)

Jakab Endre (BBTE)

Kaszab Eszter (ELKH ÁTKI)

Kemenesi Gábor (PE)

Keresztény Tibor (MATE)

Kiss Bence (ELTE TTK)	Salamon Pál (EMTE)
Kintses Bálint (ELKH SZBK)	Sándor Noémi (ELTE TTK)
Kovács M. Gábor (ELTE)	Sarkadi Balázs (ELKH TTK)
Kröel-Dulay György (ELKH ÖK)	Sebestyén Anna (SE)
Kurucz Kornélia (PTE)	Simon-Vecsei Zsófia (ELTE TTK)
Lasztóczy Bálint (MediUni Vienna)	Solymosi Katalin (ELTE TTK)
Lendvai Ádám (DE)	Soós Vilmos (ELKH ATK)
Lengyel Attila (ELKH ÖK)	Specziár András (ELKH BLKI)
Macalik Kunigunda (BBTE)	Szabó Áron (ELKH SZBK)
Márialigeti Károly (ELTE TTK)	Szabó Gábor (DE)
Markó Bálint (BBTE)	Székely Anna (Sveriges lantbruksuniversitet)
Mátrai Norbert (NSZKK)	Szeverényi Ildikó (MATE)
Micsonai András (ELTE TTK)	Szövényi Gergely (ELTE TTK)
Miklóssy Ildikó (EMTE)	Takács Krisztina (ELTE TTK)
Molnár László (ELKH BLKI)	Tar Krisztina (DE)
Molnár Mónika (BME)	Tarján Gergely (Medipredict)
Nyitray László (ELTE TTK)	Tory Kálmán (SE)
Oborny Beáta (ELTE TTK)	Török Júlia (ELTE TTK)
Ódor Péter (ELKH ÖK)	Váczai Olivér (Herman Ottó Intézet)
Olasz Ferenc (MATE)	Várallyay Éva (MATE)
Orbán László (MATE)	Vellai Tibor (ELTE TTK)
Pál Magda (ELKH ATK)	Vértessy Beáta (BME/ELKH TTK)
Pap Ildikó (MTM)	Villányi Zoltán (SZTE)
Papp Tamás (ELKH SZTE)	Vilmos Péter (ELKH SZBK)
Pfliegler Valter (DE)	Virányi Zsófia (VetMedUni (AT))
Pintye Alexandra (ELKH ATK)	Weiperth András (MATE)
Pirger Zsolt (BLKI)	Wiener Zoltán (SE)
Pomozi Viola (ELKH TTK)	Wittner Lucia (ELKH TTK)
Rancz Ede (INMED (FR))	

A konferencia támogatói

Fő támogatók



NEMZETI
KUTATÁSI, FEJLESZTÉSI
ÉS INNOVÁCIÓS HIVATAL



KULTURÁLIS ÉS INNOVÁCIÓS
MINISZTERIUM



ELTE
EÖTVÖS LORÁND
TUDOMÁNYEGYETEM



A konferencia sikeres lebonyolításához fő támogatóként járul hozzá a MÁV-START Zrt. és a GYSEV Zrt. is azzal, hogy az Építési és Közlekedési Minisztérium közreműködésével díjmentes vasúti utazás biztosításával támogatják a 36. OTDK-n részt vevő fiatalokat.

Gyémánt fokozatú támogatók



A folyamatos innovációra törekvő és tartós növekedést elérő Ceva egyike a leggyorsabban gyarapodó állategészségügyi vállalatoknak, és világelső az állati vakcinagyártásban.

Innovatív egészségügyi megoldásokat kutatunk, fejlesztünk, gyártunk és szállítunk minden állat számára, beleértve a haszonállatokat, a háziállatokat és a vadon élő állatokat. Megoldásaink magukban foglalnak termékeket, berendezéseket, oktatást, műszaki támogatást, adatelemzést és speciális szolgáltatásokat. 46 országban vannak telephelyeink és több mint 110-ben értékesítjük termékeinket. 13 kutató-fejlesztő központunk, 23 gyártórészlegünk és több mint 6300 alkalmazottunk van világszerte.

A Ceva-Phylaxia a társaságcsoporthoz legnagyobb és legrégebbi telephelye: 110 éve tevékenykedünk az állategészségügyben, haszonállatok számára gyártunk oltóanyagokat. 50 féle vakcinából évente 60 milliárd dózist állítunk elő. A termelés mellett itt található a cégcsoport biológiai kutatási központja.



Az **amerikai Charles River Laboratories (CRL)** több mint 75 éve részese a technológiák fejlődésének és követi az új betegségek megjelenését. Tevékenysége fókuszában a preklinikai kutatásokban való részvétel. Egyszemélyes laboratóriumként indult és a világ legnagyobb megbízásos kutató szervezete lett (CRO). Folyamatos stratégiai célja a jövő gyógyszerfejlesztési igényeinek előrejelzése. Jelenleg több mint 20.000 munkatárssal dolgozik világszerte. Magyarországon 3 telephelyen működik: Budapesten és Szegeden (korábban SOLVO Biotechnology Zrt) és Veszprémben.

A **veszprémi egység egy korszerű toxikológiai laboratóriumként indult: Toxikológiai Kutató Központ Kft. néven.** Tevékenysége: vizsgálatokat végez, melyek célja az ipar, mezőgazdaság, lakossági fogyasztók által használt vegyipari termékek (gyógyszer, gyógyhatású készítmény, növényvédő szer, műtrágya, élelmiszer-adalék, festék, stb) forgalomba hozatalához, engedélyeztetéséhez, törzskönyvezéséhez előírt toxikológiai vizsgálatok lefolytatása. Minősítései: GLP, AAALAC. 2019 óta működik felvásárlás révén **Charles River Laboratories Hungary Kft-ként.**



Ekkor vált a cégcsoport részévé a **szegedi-budapesti telephelyeken működő Solvo Biotechnológiai Zrt (alapítva: 1999).** Fő termékei a gyógyszerkutatással, fejlesztéssel foglalkozó vállalatok és akadémiai intézmények számára kifejlesztett, a gyógyszerek felszívódását és szervezeten belüli eloszlását befolyásoló transzporterfehérjék vizsgálatára alkalmas tesztrendszerek. Piacvezető ezen a területen. 2005-ben megnyerte a Magyar Innovációs Nagydíjat.

2023-tól a két cég egy jogi entitásként működik közel 400 alkalmazottal.

Arany fokozatú támogatók



A Motorpharma biotechnológiai startup (www.motorpharma.com) új hatásmechanizmusú, motorfehérjéket célzó gyógyszerjelölteket fejleszt a

kémiai szintézistől a klinikai vizsgálatokig. A Motorpharma zászlóshajó terméke a világon első nagy hatékonyságú izomrelaxáns gyógyszerjelöltje (MPH-220), amelynek humán klinikai vizsgálatait a Motorpharma amerikai leányvállalata, a Motric Bio (motricbio.com) végzi. Az MPH-220 tudományos és üzleti sikerét az amerikai kiadású Forbes magazin 2022-ben a legjelentősebb magyarországi eseményének választotta.

Ezüst fokozatú támogatók



Az Auro-Science Consulting Kft célja 1990-es megalapulása óta, hogy a hazai felsőoktatást, tudományos kutatást a legmagasabb igényeket is kielégítő berendezésekkel lássa el.

A forgalmazott termékek kiválasztásában alapvető kritériumunk a magas színvonal és a magas szintű terméktámogatás. Kiemelt partnereink a Nikon (mikroszkópia), a PHCBI (korábbi nevén Panasonic Biomedical), az Andor Technologies, a ThermoFisher Scientific (elektron- mikroszkópia, korábbi nevén FEI) és a Hettich (laboratóriumi centrifugák).



Az Experta Kft. a sejt- és molekuláris biológiai kutatás, továbbá a humán-/állatdiagnosztikai laborok számára kínál reagenseket, fogyóeszközöket, illetve készülékeket. Kínálatunkban szerepelnek az MGI világszínvonalú

genomszekvenátorai, laborautomatizálási megoldások, CE-IVD izoláló és qPCR kitek, továbbá laboratóriumi fogyóeszközök. Több termékünk közül is (pl.: Eurogentec qPCR-mixek, Axon szűrős hegyek, Invitek Molecular izoláló kitek) mintalehetőséget biztosítunk megkönnyítve ezzel a választást. Budapesti raktárunkban szűrős hegyekből állandó készlettel rendelkezünk. Üzleti partnereinknek, megrendelőinknek díjmentes szaktanácsadást, terméktámogatást nyújtunk.

A Magyar Ökológusok Tudományos Egyesülete (MÖTE) a magyar ökológus kutatók szakmai civil szervezete, elsődleges célja szakmai és ismeretterjesztő rendezvények szervezése, és az ökológus szakma érdekeinek képviselése.



MAGYAR ÖKOLÓGUSOK TUDOMÁNYOS EGYESÜLETE
HUNGARIAN ECOLOGICAL SOCIETY



Alap fokozatú támogató



Részletes program

A programoknak főleg az Eötvös Loránd Tudományegyetem Lágymányosi Campusa ad helyet a Déli Tömbben (1117 Budapest, Pázmány Péter stny. 1/C). A Campus északról a 4-es és a 6-os villamossal közelíthető meg, míg délről az 1-es villamossal az Infoparkon keresztül.

2023. április 24. – hétfő

9:00 – 19:00	Regisztráció	Infopult
12:00 – 12:30	Zsűritájékoztató	ELTE TTK Természettudományi Múzeum (Biológiai Gyűjtemény)
13:00 – 13:30	Ünnepélyes megnyitó beszédet mondanak:	0-821 Bolyai János terem Dr. Kacs Kovics Imre egyetemi tanár, az ELTE Természettudományi Kar dékánja Dr. Weiszburg Tamás egyetemi tanár, az Országos Tudományos Diákköri Tanács elnöke Dr. Szendrő Péter egyetemi tanár, az Országos Tudományos Diákköri Tanács örökös elnöke Dr. Padisák Judit egyetemi tanár, akadémikus, az OTDT Biológia Szakmai Bizottság elnöke Dr. Müller Viktor egyetemi docens, ügyvezető társelnök és Dr. Varga Máté egyetemi docens, ügyvezető társelnök
13:30 – 14:15	Plenáris előadás előadó: az előadás címe:	0-821 Bolyai János terem Dr. Kacs Kovics Imre, az ELTE TTK dékánja Felfedező kutatástól a biotechnológiai innovációig
14:20 – 14:40	Roska Tamás Tudományos Előadás előadó: az előadás címe:	0-821 Bolyai János terem Lenkei Rita (ELTE Biológia Doktori Iskola) Eb testben eb lélek: az önreprezentáció kísérletes megközelítése kutyán
15:00 – 18:50	Tagozati ülések	
	Bioinformatika és evolúcióbiológia	0-820 Hunfalvy János terem
	Genetika I. (Populációgenetika, genomika)	0-803 Szabó József terem
	Hidrobiológia	0-823 Kitaibel Pál terem
	Immun- és orvosi biológia	0-817 Dudich Endre terem
	Molekuláris és sejtbiológia I.	0-804 Lóczy Lajos terem
	Növényökológia	0-805 Fejér Lipót terem

15:00 – 16:30 Középiskolás program I. | *ELTE TTK Természettudományi Múzeum*
(Biológiai Gyűjtemény)
 Kockázatok és remények – beszélgetés korunk égető problémáiról
 moderátor: Dr. Vásárhelyi Zsóka
 résztvevők: Dr. Kis Anna, Dr. Müller Viktor, Dr. Szövényi Gergely,
 Dr. Vas Virág

19:00 – 21:00 Díszvacsora | *ELTE TTK Északi Tömb Gömbaula*
 Állófogadás és Kocsmakvíz Konferencia-kiadásban

2023. április 25. – kedd

8:30 – 18:30 Regisztráció | *Infopult*

8:30 – 9:00 Zsűritájékoztató | *ELTE TTK Természettudományi Múzeum*
(Biológiai Gyűjtemény)

9:00 – 13:00 Tagozati ülések
 Biokémia és szerkezeti biológia | *0-804 Lóczy Lajos terem*
 Etológia, viselkedéskökológia, humánbiológia | *0-805 Fejér Lipót terem*
 Genetika II. (modellorganizmusok) | *0-803 Szabó József terem*
 Mikrobiológia I. | *0-823 Kitaibel Pál terem*
 Neurobiológia | *0-817 Dudich Endre terem*
 Természetvédelmi biológia | *0-820 Hunfalvy János terem*
 Tumor- és orvosi biológia | *0-818 Soó Rezső terem*

13:00 – 14:00 Ebédszünet

13:30 – 14:00 Zsűritájékoztató | *ELTE TTK Természettudományi Múzeum*
(Biológiai Gyűjtemény)

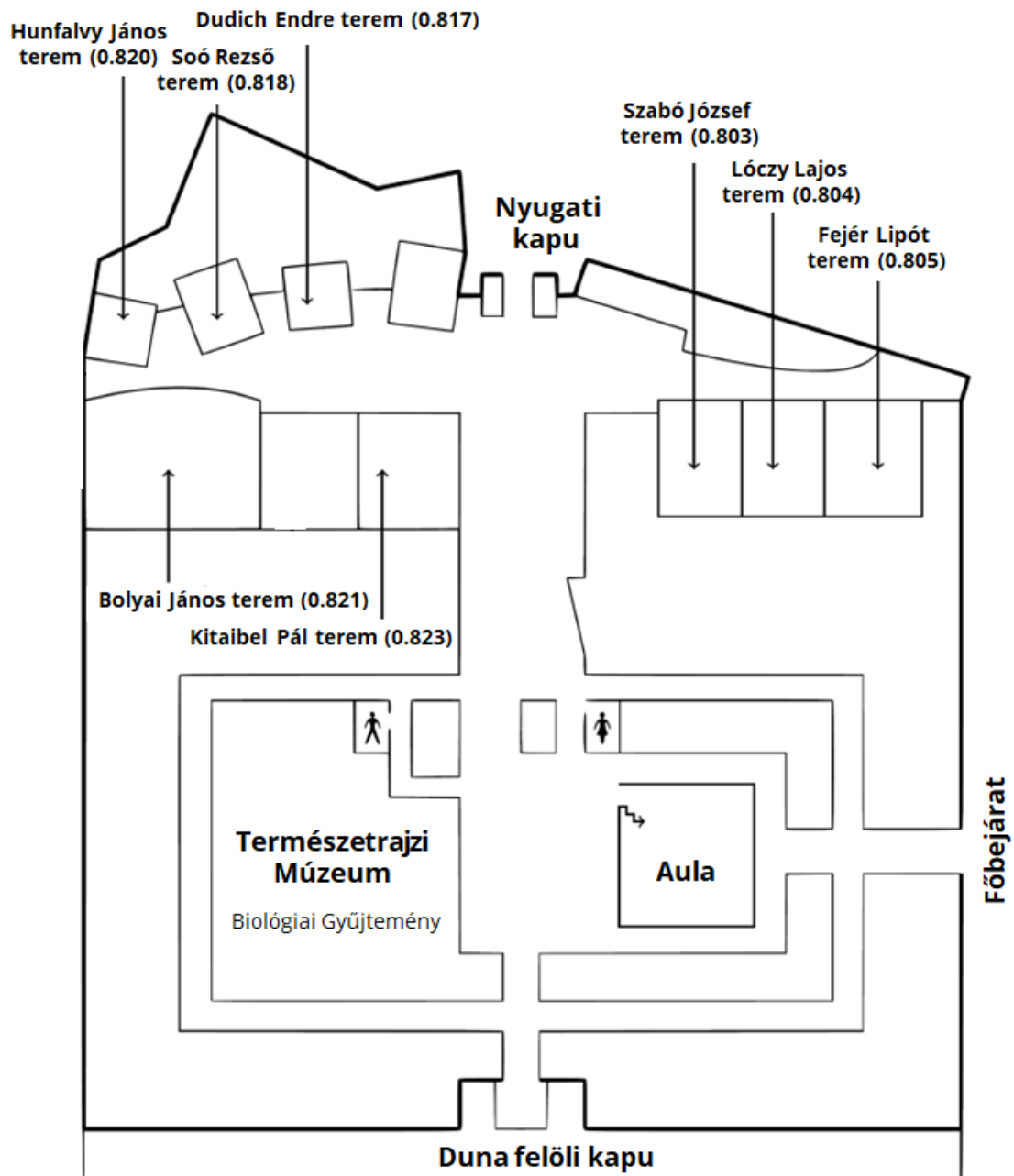
14:00 – 18:00 Tagozati ülések
 Állatökológia, faunisztika, taxonómia | *0-803 Szabó József terem*
 Biotechnológia | *0-818 Soó Rezső terem*
 Mikrobiológia II. | *0-823 Kitaibel Pál terem*
 Molekuláris és sejtből biológia II. | *0-820 Hunfalvy János terem*
 Neurofiziológia | *0-817 Dudich Endre terem*
 Növényélettan | *0-805 Fejér Lipót terem*

- 15:00 – 16:30 Középiskolás program II. | *ELTE TTK Természettudományi Múzeum (Biológiai Gyűjtemény)*
Mit csinál a biológus? – Bemutatók, kérdéssorok és laborlátogatás
részvevők: Barta Karola, Dr. Csizmadia Tamás,
Dr. Vajna Balázs
- 18:00 – 20:00 Aktinálódj! – Sportprogram | *ELTE TTK Lágymányosi Campus*
- 18:30 – 20:30 Főzsűri ülése | *Északi Tömb Kari Tanácssterem*
- 20:00 – 23:30 Záróbuli – Játék és mulatozás | *A Grund (Nagy Templom utca 30.)*

2023. április 26. – szerda

- 9:30 – 11:30 Ünneplés záróprogram | *0-821 Bolyai János terem*
beszédet mond: Dr. Varga Máté egyetemi docens, ügyvezető
társelnök
Dr. Mátyus László egyetemi tanár, dékán, az
Országos Tudományos Diákköri Tanács
alelnöke
Dr. Padisák Judit egyetemi tanár, akadémikus, az
OTDT Biológia Szakmai Bizottság elnöke
az OTDK staféta átadása a 37. OTDK Biológia Szekcióját szervező intézménynek
fogadja: Dr. Fehér Attila egyetemi tanár,
Szegedi Tudományegyetem
díjkiosztás és eredményhirdetés
szponzori előadás
előadó: Dr. Duda Ernő (*Solvo Biotechnológiai Zrt.*)

Az ELTE TTK Déli Tömbjének helyszínrajza



Roska Tamás Tudományos Előadás



„Énekeljetek az elmétekkel” – Roska Tamásra emlékezve

A „Roska Tamás Tudományos Előadás” bevezetéseként próbáljuk meg felidézni, ki volt ő, mire tanít életpéldája?

Nem véletlen, hogy ezt a rangos díjat Roska Tamásról nevezték el.

Roska Tamás Széchenyi- és Bolyai-díjas akadémikus, professzor, a celluláris hullámszámítógép architektúrájának megalkotója, a Pázmány Péter Katolikus Egyetem Információs Technológiai és Bionikai Karának alapító dékánja, a hazai

bionikai képzés megteremtője. Tudományos tevékenységét számtalan hazai és nemzetközi díjjal ismerték el.

A száraz adatok ugyanakkor nem adják vissza az embert, a tudóst, aki fiatalok generációit indította el a világszínvonalú kutatómunka felé.

Tudós és kutató volt a szó teljes értelmében, s erre a „szellemi kalandra” hívta tanítványait, munkatársait. „Valami egészen új kell!” – vallotta mindig. Fontosnak tartotta ugyanakkor, hogy a teljes emberhez forduljon – a minőségi, a „legkiválóbb amerikaival, indiaival és kínaival is versenyző”, kitartó munka mellett az igazi erkölcsi hozzáállást is próbálta élővé tenni. Meggyőződése volt, hogy az ember megértéséhez az „igaz” három különböző dimenzióját együtt szemlélve kerülhetünk közelebb. „Hajlamosak vagyunk a mai korban azt hinni, hogy csak az az igaz, amit a természettudományok megmutatnak. Úgy gondolom, hogy nem. Ha meghallgatjuk Mozart Requiemjét, akkor tudjuk, hogy ez igaz. Vagy, ha elolvassunk egy Arany- verset, vagy ránézünk egy Munkácsy-képre, akkor tudjuk, hogy ez igaz. Vagy, ha látunk valakit, aki a családját nemes értékekre neveli, akkor tudjuk, hogy igaz.”

Hite, lelkesedése, a segítőtársakra is, akiket hívott, villámgyorsan átragadt. Megérintette őket alázatos, önzetlen munkája, elkötelezettsége, s a teljes bizalom, amivel feléjük fordult. Mély emberséggel megélt szolgálatával az egyetemes tudományt és mindenkit, aki találkozott vele, személyesen is gazdagított élete során.

Mindig meglátta a lehetőséget a fiatal tehetségekben és teret adott nekik, hogy kibontakoztat-hassák a bennük rejlő képességeket.

Fontosnak tartotta, hogy „olyan kutató legyen, akinek kaland egy új minőség létrehozása”. „Közben bent van az ember a világ élvonalának a történéseiben.”

Sosem a saját, önös érdekei mozgatták – a tudomány, és egy erkölcsi alapokon nyugvó, az embert szolgáló új társadalom építésén dolgozott.

Saját szakmai területén messze túlmutató tevékenysége legyen inspiráció és példakép az Önök számára, akik a jövő tudósai! Ebben a szellemben hallgassuk üzenetét:

„Ti vagytok családoknak és a nagy közösségnek, ennek a nemzetnek a reménységei. Itt ülnek köztetek a jövő sikeres kutatói, feltalálói, tanárai, felelős vezetői. A család, a tudás, az igazi művészet és a nemes erkölcsi értékek megbecsülése és

támogatása a ti boldogulásotok és az ország felemelkedésének sarkköve. Sokan küzdünk ezért az értékrendért, és bár nem tudjuk mindig elég hitelesen felmutatni, de az értékek tisztelete kötelez bennünket. ... A fenti értékekre épül a XXI. század új gazdasága, a koncepció vezérelte gazdaság. A sikeres szakemberek felkészülésében, a szakmai ismeretek mellett a klasszikus értékek mentén található humán műveltségnek, az irodalomnak, a zenének, a képzőművészetnek ugyancsak fontos szerepe van. Csodálatos élmény e két világ összekapcsolása. Mindezt egy szép Szent Pál-i hasonlattal kifejezve: énekeljetek az elmétekkel! ... Kívánom, hogy sikerüljön nektek. A marsallbot a zsebetekben van.”

A Roska Tamás Tudományos Előadás idei nyertese: Lenkei Rita



Lenkei Rita okleveles biológus, doktorjelölt és az ELTE Etológia Tanszékén működő Családi Kutya Program munkatársa. Fő kutatási területei a kutya-ember kapcsolat, illetve az önreprezentáció vizsgálata. Szakdolgozatát és diplomamunkáját is a kutyák szeparációs viselkedésének kutatásáról írta, mely témát, illetve a kötődés evolúciós és funkcionális vonatkozásait azóta is kutatja. PhD éve alatt a kutyák önreprezentációhoz kapcsolható képességeit vizsgálta, mely során egy olyan keretrendszer kidolgozásán dolgozott, amely figyelembe veszi az adott faj ökológiai környezetét, így lehetőséget ad empirikus, hipotézis alapú vizsgálatok megtervezésére a témában. Jelenleg a disszertációja írása mellett az MTA-ELTE Lendület Társállat Kutatócsoportjában dolgozik, ahol interdiszciplináris módszerekkel vizsgálják, hogy a jelenlegi tartási gyakorlat hogyan befolyásolja a társállatok viselkedését, kognícióját és fiziológiáját. Illetve, hogy a kutya családtag funkciója hogyan befolyásolja tulajdonosaik életét és jólétét.

Eb testben eb lélek: az önreprezentáció kísérletes megközelítése kutyán

Bár ma már elfogadott, hogy a legtöbb nem-humán faj rendelkezik az önreprezentáció legalapvetőbb formáival, mégis vizsgálata során a kutatók többnyire a legösszetettebb képességekre fókuszálnak (pl.: önfelismerés a tükörben). Ezen vizsgálatok azonban gyakran nélkülözik az ökológiai relevanciát az adott fajnál. Az általunk kidolgozott új moduláris keretrendszerben, az önreprezentációt egy sor összetevőből álló kognitív képességek halmazaként vizsgáljuk, amelyek szelekciós nyomásra alakultak ki. Modellfajunk a kutya, ami a szociális és fizikai kihívásokban gazdag emberi környezetben él, így komplex idekötődő képességekkel rendelkezhet.

Az egyik tulajdonság, ami sok fajnál megjelenhet, az az úgynevezett testtudat. Ajtóválasztásos kísérleteink eredményei alapján a kutyáknak előre van egy elvárásuk, hogy egy adott méretű rés elég nagy-e ahhoz, hogy átférjenek rajta. Ha pedig egy olyan résmérettel találkoznak, mely túl kicsi számukra, de alternatív – bár hosszabb – útvonal is rendelkezésükre áll, rögtön azt választják, bizonyítva hogy tisztában vannak a saját testméretükkel. Emellett elsőként írtuk le, hogy a kutyák egy problémamegoldó feladat

(ún. saját test mint akadály teszt) során képesek megérteni a testük és a környezetük közötti kapcsolatot és saját akcióik következményeit.

Az önreprezentáció kutatása igen jelentős, hiszen csak úgy, mint az érzelmekkel kapcsolatos vizsgálatok, alapvetően változtathatják meg az állatokhoz való hozzáállásunkat. De közvetlenül is hozzájárulhatnak a jólétükhöz. Új eredményeinkből kiindulva kidolgoztunk egy ökológiai alapokon nyugvó módszert, az úgynevezett kognitív eltolódás (az érzelmi állapot hatása a kognitív funkciókra) vizsgálatára. Ezen tesztek gyakran alkalmazzák fogságban tartott és haszonállatok jólétének felmérésére. Ellentétben az eddigi módszerekkel az általunk fejlesztett paradigma az állatok természetes viselkedésén alapszik (testük és a környezet közti kapcsolat megértésén), így könnyedén alkalmazható akár terepen is.

Közösségi és sportprogramok

A 36. OTDK Biológia szekciójára a következő közösségi programokkal készülünk:

Kocsmakvíz Konferencia-kiadásban – április 24. 19:00-21:00

Hétfőn este az ELTE TTK Északi Tömb Gömbaulájában díszvacsorával várunk minden résztvevőt, melyet egy kvízzjáték kísér az este folyamán. Tetszőleges csapatokba állva versenyezhettek a nem-csak-biológiai témájú kvízünkön. A nyertes csapatnak ajándékkal is készülünk. A játékra a zsűritagokat is szeretettel várjuk!

Játék és mulatozás a Grundon – április 25. 20:00-23:30

A konferencia záróeseményét a [Grundon](#) (Nagy Templom utca 30.) tartjuk. Rendhagyó módon a záróbulit választható programokkal rendezzük. Lesz társasjátékos szoba, dj-s szoba, és hagyunk helyet azoknak is, akik csak beszélgetni, enni-inni vágnak. A fogyasztás saját kontóra történik.

Április 25-én kedden este 18.00 és 20.00 között sportprogramokat szervezünk a Lágymányosi Campuson a konferencián résztvevőknek, hogy megmozgassuk őket az egészsznapos ücsörgés után!

BiOTDK Futás – április 25. 18:15 - 19:00

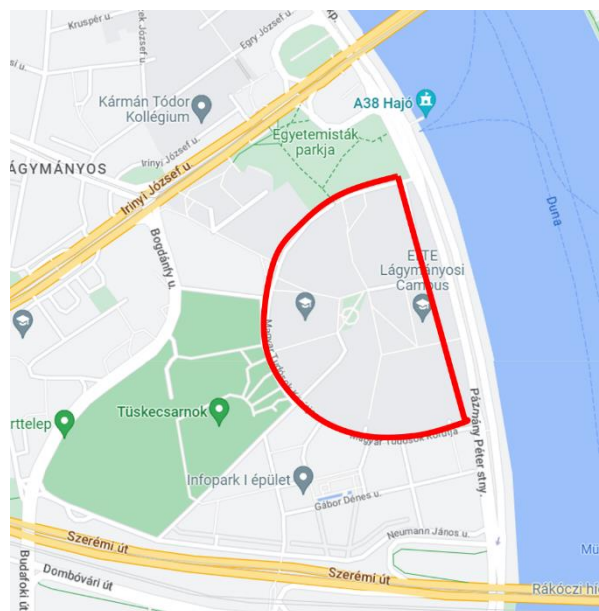
Kapcsolódj be egy közös futásba a hagyományosan évente kétszer megrendezett 5vös 5km-es futóverseny mintájára! A közös bemelegítés után két kört teszünk meg a Magyar Tudósok körútján (2x1,25 km), melyet nyújtással vezetünk le. Találkozunk negyed 7-kor az infopultnál! Futócipőt hozzatok!

Gyorstollasbajnokság – április 25. 18:15 - 20:00

A Lágymányosi campus végtelen füves pusztáin gyorstollasbajnokságot (speedminton) rendezünk. A gyorstollas a tollas, a tenisz és a squash ötvöze, szabadon a nap bármelyik szakaszában játszható. A gyors játékmenet próbára teszi a résztvevők kondícióját és reflexeit. Remek lehetőség az alapos átmozgatásra! Találkozunk negyed 7-kor az infopultnál!

Sport a konferencia egész ideje alatt

A keddi esti sportprogramokon felül a konferencia egész ideje alatt az Infopultnál szabadon kikérhető frizbit, kosárlabdát és gyorstollast biztosítunk azoknak, akik napközben mozogni vágnak. Hozzatok sportruházatot az eseményre!



Középiskolás programok

Kockázatok és remények -- beszélgetés korunk égető problémáiról

Április 24. 15:00-16:00, ELTE TTK Természettudományi Múzeum

A kerekasztal-beszélgetésen közös gondolkodásra hívjuk vendégeinket: mik azok a (biológiát, élővilágot, biotechnológiát) érintő problémák, amik fenyegetést jelenthetnek az emberiség számára, akár rövid, akár hosszú távon? Mit tehetünk a fenyegetések ellen? A program a 36. Országos Tudományos Diákköri Konferencia Biológia Szekciójához kapcsolódik, a beszélgetésre a téma iránt érdeklődő középiskolásokat várjuk. A rendezvény ingyenes, de regisztrációköteles.

A kerekasztal-beszélgetést Vásárhelyi Zsóka biológus moderálja. A kerekasztal-beszélgetés résztvevői:

- **Kis Anna** 2013-ban végezte el az ELTE Meteorológus MSc képzését, éghajlatkutató szakirányon. Doktori fokozatát 2019-ben szerezte meg az ELTE TTK Földtudományi Doktori Iskolájában. Jelenleg az Európában, illetve hazánkban valószínűsíthető éghajlatváltozás elemzésével foglalkozik. Az ELTE Meteorológiai Tanszék tudományos munkatársa, valamint a [masfelfok.hu](https://www.masfelfok.hu) egyik állandó szerzője.
- **Müller Viktor** elméleti biológusként foglalkozik járványok adatainak elemzésével és modellezésével, és a kórokozók evolúciójával. Gyakran és örömmel beszél a tudományról középiskolásoknak, gyakorlott kerekasztal-beszélgető.
- **Szövényi Gergely** biológus, az Állatrendszertani és Ökológiai Tanszék adjunktusa. Fő kutatási területe az egyenesszárnyú rovarok taxonómiája, ökológiája és különösképpen a veszélyeztetett fajaik védelmének tudományos megalapozása.
- **Vas Virág** biológusként végzett az ELTE TTK-n, majd a SOTE-n szerezte PhD fokozatát. Három évet dolgozott Németországban az Ulmi Egyetemen posztdoktori kutatóként. Magyarországra visszatérve, jelenleg az ELKH TTK-ban tumorsejt-biológiával foglalkozik.

Mit csinál a biológus? -- Bemutatkozás, kérdezz-felelek és laborlátogatás

Április 25. 15:00-16:00, ELTE TTK Természettudományi Múzeum

Mit csinál a biológus? Mindenkinek van egy elképzelése... De vajon mennyiben tükrözi ez a valóságot? Ezen a kötetlen programon három biológussal beszélgethetek arról, hogy ők „mit csinálnak” a mindennapjaikban. A bemutatkozásokat beszélgetés, a beszélgetést egy laborbemutató követi.

A program résztvevői:

- **Barta Karola** 3. éves evolúcióbiológus doktorandusz az ELTE-n. Tanulmányait a kolozsvári Babes-Bolyai Tudományegyetemen kezdte, a mesterszakot pedig már az ELTE-n végezte. Kutatásában főként a madarak énekével, mint állati viselkedéssel, és annak evolúciójával foglalkozik. Adatgyűjtés közben főként a pilisi erdőket járja örvös légykapók énekéért, a gyűjtött adatok elemzéséhez pedig Pythonban programozik.
- **Dr. Csizmadia Tamás**, sejtbiológus, az ELTE egyetemi adjunktusa. Munkatársaival és hallgatóival az egyetem Anatómiai, Sejt- és Fejlődésbiológiai Tanszékén a mirigysejtek működésével kapcsolatos kutatásokat végeznek ecetmuslica

(*Drosophila melanogaster*) lárvák és fiatal bábok nyálmirigyeinek felhasználásával. Munkájuk során genetikai, fény- és elektronmikroszkópos módszerekkel tárják fel a folyamatok molekuláris szereplőit. A foglalkozáson ezen módszerek közül az elektronmikroszkóp kerül bemutatásra.

- **Dr. Vajna Balázs**, mikrobiológus, az ELTE egyetemi docense. Az egyetem Mikrobiológiai Tanszékén kollégáival a laskagomba-termesztés mikrobiológiai hátterét, annak biológiai kármentesítésben való hasznosítását, illetve a gombák és baktériumok között kialakuló kapcsolatokat kutatja elsősorban a molekuláris biológia eszköztárával. Ezen felül az évek során elmélyedt az adatok statisztikai elemzésében és értelmezésében is, és igyekszik utóbbiból is minél több ismeretet átadni a hallgatóknak és kollégáinak is.

A tagozati ülések programja



Állatökológia, faunisztika, taxonómia

Április 25. kedd 14:00 – 18:00

0-803 Szabó József terem

Zsűrielnök: **Szövényi Gergely**, *egyetemi adjunktus*, Eötvös Loránd Tudományegyetem

Zsűritagok: **Erős Tibor**, *az MTA doktora, igazgató, tudományos tanácsadó*, ELKH

Balatoni Limnológiai Kutatóintézet

Horváth Zsófia, *osztályvezető, tudományos főmunkatárs*, ELKH Ökológiai
Kutatóközpont

Kurucz Kornélia, *egyetemi adjunktus*, Pécsi Tudományegyetem

Lendvai Ádám, *egyetemi docens*, Debreceni Egyetem

14:00 – 14:20 **Szerényi Szilárd** (*IIRFKMF*)

A Dédai-tó és a Tóvár Ornitológiai Rezervátum ornitofaunájának felmérése

14:20 – 14:40 **Rekecki Tibor** (*UE*)

Az útszéli élőhelyek hatása az állat-gépjármű ütközésekre Törökkanizsa és
Újvidék környékén

14:40 – 15:00 **Takács-Vágó Hunor** (*ATE*)

Euophryini ugrópókok szexuális szelekciójának vizsgálata

15:00 – 15:20 **Ferge Dávid** (*EKKE*)

A magyar szöcskeegér (*Sicista trizona*) időbeli aktivitásmintázatának vizsgálata
tavaszi és nyári kameracsapdás felvételek alapján

15:20 – 15:30 **Szünet**

15:30 – 15:50 **Szolga Dániel** (*PTE*)

Kisemlősök ökofaunisztikai vizsgálata NATURA 2000 erdei és vizes élőhelyek
összehasonlításában, fókuszálva a csalitjáró pocok előfordulására

15:50 – 16:10 **Tisza Ádám Bálint** (*ATE*)

A rákosi vipera (*Vipera ursinii rakosiensis*) és potenciális madár predátorainak
napszakos aktivitás mintázata

16:10 – 16:30 **Kovács Gergő** (*SZTE*)

Hüllőfajok közösség-szerveződése a rákosi vipera két, korábban erdőtelepítéssel
elszigetelt élőhelyét összekötő gyeprekonstrukció területén

16:30 – 16:50 **Takács Péter** (*ELTE*)

Énekesmadarakon élősködő parazita atkafaj(ok) vizsgálata Magyarországon

16:50 – 17:00 **Szünet**

17:00 – 17:20 **Wenner Bálint Zsolt** (*ATE*)

A rézsikló (*Coronella austriaca*) táplálkozása és a prédaelérhetőség hatása
élőhelyválasztására a Felső-Kiskunsági turjánvidéken

17:20 – 17:40 **Szőcs Boróka** (BBTE)

Háziméhek (*Apis mellifera*) testfelszíni gombaflóra összetételének vizsgálata

17:40 – 18:00 **Elek Balázs, Gosztanyi Bence** (PTE)

Mezőgazdasági tájban előforduló erdei egér (*Apodemus*) fajok területhasználata és mozgásmintázata



Bioinformatika és evolúcióbíológia

Április 24. hétfő 15:00 – 17:35

0-820 Hunfalvy János terem

Zsűrielnök: **Gáspári Zoltán**, *egyetemi docens*, Pázmány Péter Katolikus Egyetem

Zsűritagok: **Ari Eszter**, *tudományos munkatárs*, Eötvös Loránd Tudományegyetem

Kaszab Eszter, *tudományos munkatárs*, ELKH Állatorvostudományi
Kutatóintézet

Tarján Gergely, *bioinformatikus*, Medipredict

15:00 – 15:20 **Deutsch Norbert** (ELTE)

DisCanVis: Integrált szerkezeti és funkcionális annotációk vizualizációja a rendezetlen fehérjékben található rákos mutációk hatásának jobb megértéséhez

15:20 – 15:40 **Iván Zsanett Zsófia** (SZTE)

Mitotikus sejtek azonosítása humán daganatos szövetekben mélytanuló algoritmusok használatával

15:40 – 16:00 **Pletikoszity Gábor** (UE)

A DSPP gén proteinkódoló-szekvenciájában fellépő pontmutációk számítógépes elemzése

16:00 – 16:20 **Károlyi Adél** (ATE)

Nemlineáris kooperációs dilemma stohasztikus környezetben

16:20 – 16:35 **Szünet**

16:35 – 16:55 **Fülöp Anna Tácia** (SZTE)

A tumor mutációs szignatúrák hatása az immunfenotípusra

16:55 – 17:15 **Oszoli István** (ELTE)

Az aggregatív többsejtűség kialakulásának csoportszelekciós modellezése

17:15 – 17:35 **Jambrich Márton András** (BME)

A humán transzmembrán fehérje szerkezeti tér vizsgálata a TmAlphaFold adatbázis felhasználásával



Biokémia és szerkezeti biológia

Április 25. kedd 9:00 – 12:50

0-804 Lóczy Lajos terem

- Zsűrielnök: **Vértessy Beáta**, *tanszékvezető egyetemi tanár*, Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi Egyetem, *kutatócsoport-vezető*, ELKH TTK Enzimológiai Intézet
- Zsűritagok: **Csász Éva**, *egyetemi docens*, Debreceni Egyetem
Hegedűs Tamás, *egyetemi kutató, tudományos főmunkatárs*, Semmelweis Egyetem
Nyitrai László, *egyetemi tanár, az MTA doktora*, Eötvös Loránd Tudományegyetem
Tar Krisztina, *egyetemi adjunktus*, Debreceni Egyetem

- 9:00 – 9:20 **Nyiri Márton Péter** (ELTE)
Nanoműanyagok amiloidogén fehérjék szerkezetére gyakorolt hatásának vizsgálata
- 9:20 – 9:40 **Dénes Laura** (ELTE)
RSK (Riboszomális fehérje S6-kináz) aktivitás tanulmányozására alkalmas kísérleti rendszer kidolgozása
- 9:40 – 10:00 **László Dalma** (EMTE)
Ipari léptékben hasznosítható enzimek termelésének korszerűsítése autoindukciós eljárást alkalmazva
- 10:00 – 10:20 **Barta Henriett** (ELTE)
A komplement rendszer gátlása az opportunist kórokozókól származó ecotin ortológok közös jellemzője
- 10:20 – 10:35 **Szünet**
- 10:35 – 10:55 **Sipos András** (SZTE)
A rotifer specifikus biopolimerek képzésének anatómiai háttere és biokémiai jellemzése
- 10:55 – 11:15 **Horváth Barnabás** (SZTE)
A tiloron metabolikus hatásai magas zsírtartalmú diéta esetén *in vivo* egérmodellben
- 11:15 – 11:35 **Farkas Emese Vivien** (DE)
A smoothelin-szerű 1 fehérjét mimikáló peptid hatása az inzulinrezisztens endometriális sejtekre
- 11:35 – 11:50 **Szünet**

11:50 – 12:10 **Maruzs Brigitta Alexandra** (PPKE)

A posztzinaptikus Homer-1 fehérje EVH1 doménjének NMR alapú jelhozzárendelése és dinamika vizsgálata

12:10 – 12:30 **László Szilvia, Tompos Gellért** (EMTE)

SARS-CoV-2 vírus kimutatása RNS extrakció nélkül RT-qPCR-el

12:30 – 12:50 **Szolnoki Zsuzsa Boglárka** (SZTE)

Az elektrontranszportlánc működési zavarai kinurenin aminoszferáz enzimhiányos egerekben



Biotechnológia

Április 25. kedd 14:00 – 17:30

0-818 Soó Rezső terem

Zsűrielnök: **Salamon Pál**, *egyetemi tanársegéd*, Sapientia Erdélyi Magyar Tudományegyetem

Zsűritagok: **Fehér Tamás**, *csoportvezető, tudományos főmunkatárs*, ELKH Szegedi Biológiai Kutatóközpont

Kintses Bálint, *csoportvezető, tudományos főmunkatárs*, ELKH Szegedi Biológiai Kutatóközpont

Molnár Mónika, *egyetemi docens*, Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi Egyetem

14:00 – 14:20 **Papp Rebeka** (SZTE)

Egy új, *Solanum lycopersicum* L.-eredetű defenzin termelése gomba-alapú expressziós rendszerekben

14:20 – 14:40 **Henkrich Miksa** (SZTE)

Intesztinális mikrobiom-elemzési munkafolyamatok optimalizációja

14:40 – 15:00 **Dani Virág Éva** (SZTE)

Patogének túlélésének vizsgálata fotokatalitikus vékonyréteg felületeken

15:00 – 15:15 **Szünet**

15:15 – 15:35 **Haranghy Laura** (SZTE)

Metil-terc-butil-éter mikrobiális lebontásának vizsgálata fluid ágyas bioreaktorban

15:35 – 15:55 **Harmath Andrea** (DE)

Kompetitív in-host assay fejlesztése a *Saccharomyces 'boulardii'* probiotikus élesztő virulenciájának vizsgálatára

15:55 – 16:15 **Bokor Barbara** (PE)

Itakonsav túltermelő *Aspergillus terreus* mikrogomba szekunder metabolit termelésének vizsgálata

16:15 – 16:30 **Szünet**

16:30 – 16:50 **Szolyka Levente** (Szent Miklós Görögkatolikus Gimnázium és Kollégium):

Vanádium(V)-ion hatása a *Saccharomyces bayanus* mikro-, makro-morfológiájára és alkohol kihozatalára

16:50 – 17:10 **Csorba Zsóka** (ELTE)

Feltételesen fotoaktiválható, célzott hatóanyagleadás *in vitro* modellezésére alkalmas sejtes tesztrendszerek fejlesztése

17:10 – 17:30 **Galambos Dóra Viktória** (DE)

Saccharomyces sejtvonalak monokultúrás és kokultúrás fermentációja szacharóz és keményítő szénforráson, nikkel(II)-ionok jelenlétében



Etológia, viselkedésökológia, humánbiológia

Április 25. kedd 9:00 – 13:00

0-805 Fejér Lipót terem

Zsűrielnök: **Markó Bálint**, egyetemi tanár, rektorhelyettes, Babeş-Bolyai Tudományegyetem

Zsűritagok: **Bunford Nóra**, kutatócsoport-vezető, ELKH Természettudományi Kutatóközpont

Herczeg Gábor, tanszékvezető egyetemi tanár, Eötvös Loránd Tudományegyetem

Pap Ildikó, címzetes igazgató, MTM Embertani Tár, MTA Antropológiai Osztályközi Tudományos Bizottság

9:00 – 9:20 **Kozma Ferenc Sándor** (DE)

A kortikoszteron testtömegfüggő hatása örvös légykapó fiókák növekedésére

9:20 – 9:40 **Rácz Dorottya Szilvia** (ELTE)

A kutyaagy szófeldolgozás során mutatott fonetikai érzékenységének vizsgálata éber fMRI segítségével

9:40 – 10:00 **Csonka Veronika** (ATE)

A kárpát-medencei parlagi sasok kelési diszperziójának vizsgálata az ivar és a territórium helyzetének függvényében

10:00 – 10:20 **Gyenesei Katalin Éva** (ELTE)

Győr-Kálvária összevont lelőhely késő vaskori embertani leleteinek biológiai antropológiai vizsgálata

10:20 – 10:30 **Szünet**

10:30 – 10:50 **Dobos Petra** (ELTE)

A méret a lényeg: hogyan függ össze a kutyák önreprezentációja a problémamegoldással

10:50 – 11:10 **Bakos Viktória** (ELTE)

A kutya szociális státusza és kötődése közti összefüggés vizsgálata

11:10 – 11:30 **Ratkai Bonita** (SZTE)

Az élőhelyszigetek hatása a hangyák funkcionális és viselkedésbeli jellegeire

11:30 – 11:50 **Bujnóczki Noémi** (DE)

A tesztoszteron hatása barkóscinege (*Panurus biarmicus*) fiókák növekedésére és az ivari dimorfizmus kialakulására

11:50 – 12:00 **Szünet**

12:00 – 12:20 **Szigeti Balázs** (ELTE)

Fajtaszelekció és morfológia összefüggése a kutyák szeparációs viselkedésével

12:20 – 12:40 **Vig Viktor** (SZTE)

Előzetes antropológiai eredmények a Mohácsi Nemzeti Emlékhely III. tömegsírjának feltárásáról

12:40 – 13:00 **Bensaali-Nemes Flavie** (ELTE)

Kutyák felé irányuló pozitív és negatív kontextusban kiadott emberi hangok akusztikus elemzése



Genetika I. (Populációgenetika, genomika)

Április 24. hétfő 15:00 – 18:30

0-803 Szabó József terem

Zsűrielnök: **Egyed Balázs**, egyetemi adjunktus, Eötvös Loránd Tudományegyetem

Zsűritagok: **Kemenesi Gábor**, egyetemi adjunktus, Pécsi Tudományegyetem

Miklóssy Ildikó, tanszékvezető egyetemi docens, Sapientia Erdélyi Magyar Tudományegyetem

Villányi Zoltán, egyetemi adjunktus, Szegedi Tudományegyetem

15:00 – 15:20 **Anu Bazarragchaa** (DE)

Near-complete genome assembly and annotation of a *Saccharomyces cerevisiae* wine strain utilizing third generation sequencing

15:20 – 15:40 **Cheung Teur Teur Sally** (SZTE)

Genome-centric Metagenomics and Metatranscriptomics Analysis of a Hungarian State-of-art Biogas Plant Microbiome

15:40 – 16:00 **Oláh Eszter** (MATE)

Kiméra aktivátorok a Salmonella Genomi Sziget és az IncA/C plazmidok konjugatív transzferében

16:00 – 16:15 **Szünet**

16:15 – 16:35 **Kiss Petra** (SZTE)

Archaikus DNS módszertanok összehasonlító vizsgálata

16:35 – 16:55 **Turi Orsolya** (ATE):

Mikroszatellita markerkészlet igazságügyi célú fejlesztése a Magyarországon élő dámszarvasok egyedi szintű azonosítására

16:55 – 17:15 **Szőcs Izabella-Szidonia** (BBTE)

Kérészlárvák (Insecta, Ephemeroptera) faji szintű azonosítása integratív módszerek alkalmazásával, esettanulmány a Meleg-Szamos forrásvidékéről (Erdélyi-szigethegység, Románia)

17:15 – 17:30 **Szünet**

17:30 – 17:50 **Szives András** (ATE)

Igazságügyi célú molekuláris genetikai vizsgálatok a kutyák és farkasok elkülönítésére polimorf markerek alapján

17:50 – 18:10 **Németh Dorina Mercédesz** (ATE)

Mikroszatellita markerek rokon fajok közötti tesztelése sólyomfélékben

18:10 – 18:30 **Henkrich Miksa, Járay Tamás** (SZTE)

Mikrobiom elemzés során alkalmazott 16S rRNS gén V1-V3 és V4 amplikon szekvenálási módszerek összehasonlítása



Genetika II. (Modellorganizmusok)

Április 25. kedd 9:00 – 12:50

0-803 Szabó József terem

Zsűrielnök: **Gócza Elen**, az MTA doktora, címzetes egyetemi tanár, tanszékvezető, tudományos tanácsadó, Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem
Zsűritagok: **Orbán László**, tudományos tanácsadó, Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem
Tory Kálmán, egyetemi oktató, Semmelweis Egyetem
Vilmos Péter, csoportvezető, tudományos főmunkatárs, ELKH Szegedi Biológiai Kutatóközpont

9:00 – 9:20 **Ullaga György (ELTE)**

The modelling of RECQL4-related human diseases on zebrafish

9:20 – 9:40 **Szabó Kata Sára (ELTE)**

Molecular basis of sexual dimorphism in paradisefish (*Macropodus opercularis*)

9:40 – 10:00 **Keresztes Fanni (ELTE)**

Savas lebontást szabályozó kis GTPáz fehérjék hatásának elemzése autofágia és öregedési modellekben

10:00 – 10:20 **Hodunov Dávid (ELTE)**

A reporter system measuring the efficiency of DNA error repair mechanisms in zebrafish

10:20 – 10:35 **Szünet**

10:35 – 10:55 **Ősz Fanni (ELTE)**

Caenorhabditis elegans SDHB-1 modell karakterizálása

10:55 – 11:15 **Vincze Virág (SZTE)**

Az axonsérülésre aktiválódó Stat92E transzkripciós faktor kapcsolata az autofágiával és a veleszületett immunitással *Drosophila* gliasejtekben

11:15 – 11:35 **Engel Botond (BME)**

A 4-nitrokinolin 1-oxid mutagenikus hatásának vizsgálata sejttenyészetben

11:35 – 11:50 **Szünet**

11:50 – 12:10 **Borosta Roberta (SZTE)**

Transzgenikus Glyoxalase 1 túltermelő törzsek előállítása és az AGE-RAGE útvonal vizsgálata *Drosophila* Huntigton kór modellben

12:10 – 12:30 **Kovács Márton (ELTE)**

A hősokk transzkripciós faktor HSF-1 transzkripció aktivációs szerepének feltárása a fonálféreg *Caenorhabditis elegans*-ban

12:30 – 12:50 **Virág Nikolett** (SZTE)

A Headcase fehérje funkciójának vizsgálata az ecetmuslica központi nyirokszervének velőállományában



Hidrobiológia

Április 24. hétfő 15:00 – 18:30

0-823 Kitaibel Pál terem

Zsűrielnök: **Török Júlia Katalin**, *habilitált egyetemi adjunktus*, Eötvös Loránd Tudományegyetem

Zsűritagok: **Bácsi István**, *egyetemi docens*, Debreceni Egyetem,
Specziár András, *az MTA doktora, tudományos tanácsadó*, ELKH Balatoni Limnológiai Kutatóintézet,
Weiperth András, *tudományos munkatárs*, Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem

15:00 – 15:20 **Váczy-Földi Máté** (ELTE)

A fragmentáció planktonikus pro- és eukarióta egysejtű közösségekre gyakorolt hatásának kísérletes vizsgálata

15:20 – 15:40 **Kovács Zsolt** (PTE)

A kiszáradás EPT faunára gyakorolt hatásának vizsgálata mecseki kisvízfolyásokban

15:40 – 16:00 **Hócz Szabolcs** (ELTE)

Okozhat-e ivarváltást kételtűekben a kémiai szúnyoggyérítés?

16:00 – 16:15 **Szünet**

16:15 – 16:35 **Bíró Zsolt** (DE)

A Keleti-főcsatorna halfaunája és halközösség alapú ökológiai állapotértékelése

16:35 – 16:55 **Nagy László** (DE)

A Nagykunsági-főcsatorna halfaunája és halközösség-alapú ökológiai állapotminősítése eltérő mintavételi protokollok és módszerek alapján

16:55 – 17:15 **Bartalovics Bea** (PTE)

Jelzik-e a kisvízfolyások időszakosságát az árvaszúnyogok funkcionális csoportjai?

17:15 – 17:30 **Szünet**

17:30 – 17:50 **Békési Csaba** (DE)

A kiszáradás hosszának hatása a kisvízfolyások makroszkopikus vízi gerinctelen közösségeire

17:50 – 18:10 **Kis Patrik** (PTE)

A kiszáradás, mint környezeti stresszor hatása vízi makrogerinctelenek morfológiájára

18:10 – 18:30 **Kovács Dóra** (DE)

Hormonok és mikroműanyagok hatása a nagy mocsáricsigára (*Lymnaea stagnalis*)



Immun- és orvosi biológia

Április 24. hétfő 15:00 – 18:30

0-817 Dudich Endre terem

Zsűrielnök: **Bácsi Attila** *egyetemi tanár, intézetigazgató*, Debreceni Egyetem
Immunológiai Intézet

Zsűritagok: **Enyedi Balázs**, *egyetemi docens*, Semmelweis Egyetem
Pomozi Viola, *tudományos munkatárs*, ELKH Természettudományi
Kutatóközpont
Sándor Noémi, *tudományos munkatárs*, Eötvös Loránd
Tudományegyetem

15:00 – 15:20 **Paller Éva** (ELTE)

Redoxrendszerek hatásának vizsgálata a sugárrezisztenciára emberi sejtvonalban mérve

15:20 – 15:40 **Sólyomvári Csenge** (PTE)

Az Alzheimer-kór patomechanizmusa transzgén egéren vizsgálva: a női nemi hormon progressziót gyorsító hatása.

15:40 – 16:00 **Tóth Anna Henrietta** (DE)

A humán porc öregedésének és a PAC1 receptor expressziójának lehetséges kapcsolata

16:00 – 16:15 **Szünet**

16:15 – 16:35 **Öskü-Opra Júlia** (ELTE)

Perikardiális folyadékban található antitestek antigén specifitásának vizsgálata

16:35 – 16:55 **Matiz Eszter** (SZTE)

Potenciális mitokondriális diszfunkciók a pikkelysömörös tünetmentes bőr keratinocitáiban

16:55 – 17:15 **Sági Stella Márta** (ELTE)

A nyirokrendszer szerepének vizsgálata a nukleozid-módosított mRNS-vakcina által kiváltott immunválaszban

17:15 – 17:30 **Szünet**

17:30 – 17:50 **Szeckó Anikó** (SZTE)

Virális peptid hatásának vizsgálata agyi endotélsejteken

17:50 – 18:10 **Kozma Bence Tamás** (PE)

Antitest-antigén kölcsönhatás kimutatására alkalmas fúziós fehérje előállítása

18:10 – 18:30 **Kocsis Anna** (SZTE)

Sejtenyészetes vér-agy gát vizsgálatok új humán modelljének optimalizálása: endotélsejtek, periciták és agyi organoidok együttes tenyésztése



Mikrobiológia I.

Április 25. kedd 9:00 – 12:30

0-823 Kitaibel Pál terem

Zsűrielnök: **Márialigeti Károly**, az MTA doktora, egyetemi tanár, Eötvös Loránd Tudományegyetem

Zsűritagok: **Olasz Ferenc**, tudományos tanácsadó, Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem

Pintye Alexandra, tudományos munkatárs, ELKH Agrártudományi Kutatóközpont

Székely Anna, egyetemi docens, Swedish University of Agricultural Sciences

9:00 – 9:20 **Kiss Karina** (SZTE)

Spórafelszíni fehérjék szerepe *Mucor lusitanicus* fonalas gomba spórázási folyamataiban

9:20 – 9:40 **Nagrand Erika** (SZTE)

Funkcionális metagenomikai szűrés a különböző környezetekben előforduló Beta-laktamázok detekciója céljából

9:40 – 10:00 **Inhof Áron** (PTE)

A blaTEM gént hordozó *Escherichia coli* és *Klebsiella* törzsek antibiotikum érzékenységének vizsgálata

10:00 – 10:15 **Szünet**

10:15 – 10:35 **Hampuch Péter** (PTE)

K64-es toktípusú *Klebsiella pneumoniae* ellen izolált bakteriofágok jellemzése

10:35 – 10:55 **Szekeres Anna Ágnes** (SZTE)

A whc1 gén szerepének vizsgálata *Coprinopsis cinerea* spóráképzésében

10:55 – 11:15 **Kovács Krisztina** (ELTE)

Egy posztvulkanikus területen létrejött forrásláp, a hargitai Szortyogó borvízláp mikrobaközösségei

11:15 – 11:30 **Szünet**

11:30 – 11:50 **Horváth Flóra Boglárka** (ELTE)

Xenoösztrogénbontó baktériumok izolálása és azonosítása

11:50 – 12:10 **Németh Ábel Csongor** (ELTE)

Egy magyarországi termálkút (Köröm) mikrobialitjainak ásványtani és mikrobiológiai vizsgálata

12:10 – 12:30 **Flaisz Dominika** (SZTE)

A CRISPR/Cas9 genomszerkesztési eljárás jellemzése *Candida parapsilosis* modellszervezetben



Mikrobiológia II.

Április 25. kedd 14:00 – 17:10

0-823 Kitaibel Pál terem

Zsűrielnök: **Kovács M. Gábor**, *egyetemi tanár*, Eötvös Loránd Tudományegyetem

Zsűritagok: **Áy Éva**, Nemzeti Népegészségügyi Központ

Csire Márta, *laborvezető*, ELTE Felsőoktatási és Ipari Együttműködési Központ

Papp Tamás, *egyetemi tanár, dékánhelyettes*, Szegedi Tudományegyetem

Pfliegler Valter, *egyetemi adjunktus*, Debreceni Egyetem

14:00 – 14:20 **Bélteki Dorka** (ELTE)

A T-2 toxin hatása a gombatermesztésre

14:20 – 14:40 **Ábrahám Ágota** (PTE)

A Lloviu cuevavírus betegségökölógiai célú vizsgálata

14:40 – 15:00 **Kopasz Zoltán László** (PTE)

In vitro antivirális hatékonyság vizsgálat optimalizálása Zika vírus esetében

15:00 – 15:15 **Szünet**

15:15 – 15:35 **Eszenyi Bálint Dénes** (SZTE)

Bakteriofágok izolálása és alkalmazása klinikailag releváns multidrog rezisztens *Acinetobacter baumannii* törzsek ellen

15:35 – 15:55 **Merber Richárd, Németh Nelli (SZTE)**

Egy újonnan izolált *Debaryomyces hansenii* törzs killer aktivitásának vizsgálata

15:55 – 16:15 **Mitró Gergő (ELTE)**

Új szarvasmarha-adenovírus első európai kimutatása és előzetes molekuláris jellemzése

16:15 – 16:30 **Szünet**

16:30 – 16:50 **Alzheimer Kevin (SZTE)**

Egy növényekben azonosított, ritkán előforduló peroxiszóma lokalizációs szignál működésének igazolása *Aspergillus nidulans*-ban

16:50 – 17:10 **Szathmári Benedek (SZTE)**

Aspergillus niger konídiumok denzitásfüggő viselkedése



Molekuláris és sejtbiológia I.

Április 24. hétfő 15:00 – 18:30

0-804 Lóczy Lajos terem

Zsűrielnök: **Vellai Tibor**, az MTA doktora, tanszékvezető egyetemi tanár, Eötvös Loránd Tudományegyetem

Zsűritagok: **Deák Péter**, egyetemi docens, Szegedi Tudományegyetem
Sebestyén Anna, tudományos főmunkatárs, Semmelweis Egyetem
Szabó Áron, tudományos főmunkatárs, ELKH Szegedi Biológiai Kutatóközpont

15:00 – 15:20 **Balázs Villő (ELTE)**

Az autofagoszóma-mozgatás molekuláris faktorainak azonosítása ecetmuslicában

15:20 – 15:40 **Németh Barnabás (ELTE)**

The effects of ionizing radiation on tp53 deficient zebrafish embryos

15:40 – 16:00 **Hargitai Dávid (ELTE)**

Az autofagoszóma szekréciós útvonal karakterizálása

16:00 – 16:15 **Szünet**

16:15 – 16:35 **Fodor Kinga (SZTE)**

A Drosophila willistoni robusztus veleszületett immunválaszának egyedi és általános sajátosságai

16:35 – 16:55 **Lenzinger Dorina (ELTE)**

MVB-szerű extracelluláris vezikulák kibocsátásának vizsgálata

16:55 – 17:15 **Németh Dóra** (SZTE)

A tesztisz-specifikus gamma-tubulin gyűrűkomplex funkciójának és összetételének vizsgálata *Drosophila melanogaster*-ben.

17:15 – 17:30 **Szünet**

17:30 – 17:50 **Horváth Enikő** (ELTE)

Az EHD1 fehérje új interakciós partnereinek azonosítása az endoszomális rendszerben

17:50 – 18:10 **Falcsik Gergő** (ELTE)

Rab2 aktivációs célpont jelöltek vizsgálata *Drosophila melanogaster*-ben.

18:10 – 18:30 **Pék Ramóna** (SZTE)

Az alternatív linker hiszton foszforilációjának szerepe *Drosophila*-ban



Molekuláris és sejtbiológia II.

Április 25. kedd 14:00 – 17:30

0-820 Hunfalvy János terem

Zsűrielnök: **Wiener Zoltán**, egyetemi docens, Semmelweis Egyetem

Zsűritagok: **Apáti Ágota**, tudományos főmunkatárs, ELKH Természettudományi Kutatóközpont

Bugyik Edina, tudományos munkatárs, Semmelweis Egyetem

Simon-Vecsei Zsófia, tudományos munkatárs, Eötvös Loránd Tudományegyetem

14:00 – 14:20 **Sándor Alexandra** (SZTE)

Indukált pluripotens őssejt alapú organoidmodell fejlesztése cerebelláris ataxia vizsgálatára

14:20 – 14:40 **Rákóczi Bettina** (SZTE)

A túlzott fruktóz bevitel jelentősen súlyosbítja a magas zsírtartalmú diétával előidézett elhízás során fellépő gyulladásos folyamatokat és metabolikus elváltozásokat egérmodellben

14:40 – 15:00 **Lehoczky Csilla** (PPKE)

A PECAM-1 adhesziós fehérje mechanotranszdukciójának BRAF általi szabályozása humán endotél sejtekben

15:00 – 15:15 **Szünet**

15:15 – 15:35 **Sánta Ádám Tamás** (SZTE)

A Rad6 és a Rad18 fehérjék kölcsönhatását célzó kismolekula inhibitor jelöltek

hatásának vizsgálata a Rad6-Rad18 interakcióra és a PCNA ubikvitinációra
humán sejtekben

15:35 – 15:55 **Geiszelhardt Eszter** (ELTE)

Titán-dioxid különböző kristályszerkezeti formáinak hatása idegi sejttenyészetek
életképességére

15:55 – 16:15 **Dósa Anna** (ELTE)

A K63-kapcsolt poliubiquitin lehetséges szerepe a szekréciós granulum-lizoszóma
fúzióban

16:15 – 16:30 **Szünet**

16:30 – 16:50 **Hampuch Ádám** (PTE)

A H₂S gáztranszmitter hatásai az öregedés biokémiai folyamataira

16:50 – 17:10 **Juhász Gábor** (SZTE)

A Snazarus fehérje funkciójának leírása *Drosophila* nefrocita modellben

17:10 – 17:30 **Susánszki Petra** (SZTE)

A STIM1/ORAI1/SPCA2 fehérjekomplex esszenciális szerepe a CFTR
aktivációjában primer poláris epitél sejtekben



Neurobiológia

Április 25. kedd 9:00 – 12:50

0-817 Dudich Endre terem

Zsűrielnök: **Ábrahám Hajnalka**, *egyetemi docens, intézetigazgató, Pécsi
Tudományegyetem*

Zsűritagok: **Héja László**, *kutatócsoport-vezető, ELKH Természettudományi
Kutatóközpont*

Holderith Noémi, *tudományos főmunkatárs, ELKH Kísérleti
Orvostudományi Kutatóintézet*

Lasztóczy Bálint, *egyetemi adjunktus, Medical University of Vienna*

9:00 – 9:20 **Huynh Ngoc Khai** (PTE)

Characterization of Trpv1-expressing neurons in the mouse supramammillary
nucleus

9:20 – 9:40 **Szendi Vivien** (ELTE)

The role of the lateral septum in maternal adaptation

9:40 – 10:00 **Maácz Fruzsina** (ELTE)

Szumatriptán hatása a P2X7 purinerg receptor mediált jelátvitelre az amfetamin
által kiváltott akut mánia egér modellben

10:00 – 10:20 **Arrasz Nikolett** (ELTE)

A PTH2 neuropeptid szerepe a szociális viselkedésben - vizsgálat PTH2 receptor KO egereken

10:20 – 10:35 **Szünet**

10:35 – 10:55 **Darai Luca** (ELTE)

A mediális prefrontális kéreg projekciós neuronjainak szerepe patkányok szociális viselkedésében

10:55 – 11:15 **Szentkirályi-Tóth Soma** (ATE)

A laterális septum kisszeptin sejtjeinek fejlődéstani vizsgálata

11:15 – 11:35 **Bauer Krisztina Rita** (ELTE)

Depolarizációs mintázatok hatása egér neurális őssejtvonalból differenciáltatott neuronok fejlődésére

11:35 – 11:50 **Szünet**

11:50 – 12:10 **Tóth Katalin Zsófia** (ELTE)

A vér-agy gátat körülvevő makró- és mikroglia vizsgálata, humán fokális kortikális diszplázia esetén

12:10 – 12:30 **Balogh Boglárka** (PTE)

A retina eltévedt idegsejtjei: displaced dúcsejtek eloszlásának változása az emlős retinában

12:30 – 12:50 **Velencei Anna** (ELTE)

A bazális előagyi kolinerg rendszer életkorfüggő változásainak vizsgálata pavlovi kondicionálás során



Neurofiziológia

Április 25. kedd 14:00 – 17:50

0-817 Dudich Endre terem

Zsűrielnök: **Hangya Balázs**, *kutatócsoport-vezető*, ELKH Kísérleti Orvostudományi Kutatóintézet

Zsűritagok: **Molnár László**, *tudományos főmunkatárs*, ELKH Balatoni Limnológiai Kutatóintézet

Rancz Ede, *kutatásvezető*, Institut de Neurobiologie de la Méditerranée

Wittner Lucia, *tudományos főmunkatárs*, ELKH Természettudományi Kutatóközpont

14:00 – 14:20 **Kelemen Atilla Botond** (ATE)

Környezeti változók reprezentációjának kialakulása és tulajdonságai a hippocampusban

14:20 – 14:40 **Csikós Klaudia** (PPKE)

Moduláris implantátumrendszer fejlesztése és preklinikai validációja multimodális agyaktivitás vizsgálatokon keresztül

14:40 – 15:00 **Rauch Enikő** (ELTE)

A keton táplálékkiegészítők hatása az izoflurán indukálta glükózsztint emelkedésre és a felébredésig eltelt időtartamra nőstény WAG/Rij patkányokban.

15:00 – 15:20 **Sandle Joanna Grace** (SZTE)

1-es típusú mGluR aktiváció hatása a serkentő szinaptikus jelátvitelre emberi és rágcsáló agykéregben

15:20 – 15:35 **Szünet**

15:35 – 15:55 **Gazdik Melinda Erika** (ELTE)

A neuronális serkenthetőség és integratív tulajdonságok vizsgálata a subiculumban

15:55 – 16:15 **Csótai Zsófia** (ELTE)

Idegi összejtekből kialakított neuronális sejttrendszerek elektrofiziológiai jellemzése

16:15 – 16:35 **Bakacsi Anna Virág** (ELTE)

A colliculus superior multiszenzoros jelfeldolgozása

16:35 – 16:50 **Szünet**

16:50 – 17:10 **Zsigri Nikolett** (SZTE)

Az éber striátum iktális heterogenitása

17:10 – 17:30 **Kolozsvári Áron Olivér** (PTE)

Ismételt enyhe koponyatraumán átesett patkányok kognitív zavarának enyhítése memantin és alfa7 nikotinos receptor ligandok alkalmazásával

17:30 – 17:50 **Földi Péter** (ELTE)

Noxious stimulus alters neuronal firing in the periaqueductal grey in a cell type-dependent manner



Növényélettan

Április 25. kedd 14:00 – 17:50

0-805 Fejér Lipót terem

Zsűrielnök: **Pál Magda**, az MTA doktora, tudományos tanácsadó, ELKH Agrártudományi Kutatóközpont

Zsűritagok: **Györgyey János**, tudományos főmunkatárs, ELKH Szegedi Biológiai Kutatóközpont

Solymosi Katalin, egyetemi adjunktus, Eötvös Loránd Tudományegyetem

Soós Vilmos, tudományos főmunkatárs, osztályvezető, ELKH

Agrártudományi Kutatóközpont

Várallyay Éva, az MTA doktora, csoportvezető, tudományos főmunkatárs,

Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem

14:00 – 14:20 **Csizmadia Zsombor** (ELTE)

A nitrogén-monoxid szignál jelenléte mezofillumban vashiány, cink- és kadmiumstressz hatására

14:20 – 14:40 **Madár Valentina** (SZTE)

A fitokróm fotoreceptorok foszforilációjának funkcionális vizsgálata *Arabidopsis*-ban

14:40 – 15:00 **Milodanovic Dávid** (SZTE)

A szalicilsav hatása a glutation metabolismusára ER-stressz alatt

15:00 – 15:20 **Hatt Róbert** (PTE)

Auxin által vezérelt fiziológiai válaszok jellemzése UV kezelt növényekben

15:20 – 15:35 **Szünet**

15:35 – 15:55 **Katona Zoltán** (PTE)

A szalicilsav szerepe UV-A indukálta növényi alkalmazkodási válaszok kialakulásában

15:55 – 16:15 **Pálfi Péter** (SZTE)

A hipuzináció gátlására használt ciklopirox hatása a különböző életkorú paradicsom növények fejlődésére

16:15 – 16:35 **Hegedűs Csaba** (ELTE)

A plasztidiális redukción alapuló vasfelvételi mechanizmus vizsgálata nem fotoszintetizáló plasztiszokban

16:35 – 16:50 **Szünet**

16:50 – 17:10 **Dobai Dóra Mária** (SZTE)

A CRISPR/Cas9 rendszer bejuttatása paradicsomba Agrobaktérium-közvetítette transzformációval

17:10 – 17:30 **Radics Nóra** (ELTE)

A vas kompartmentalizációjának változásai levelekben

17:30 – 17:50 **Komjáti Anna** (PTE)

Növényi antioxidáns válaszok különböző természetes UV-kitettség során



Növényökológia

Április 24. hétfő 15:00 – 18:50

0-805 Fejér Lipót terem

Zsűrielnök: **Csergő Anna Mária**, *egyetemi docens*, Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem

Zsűritagok: **Fóti Szilvia**, *egyetemi docens*, Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem
Kröel-Dulay György, *csoportvezető tudományos főmunkatárs*, ELKH Ökológiai Kutatóközpont

Lengyel Attila, *tudományos munkatárs*, ELKH Ökológiai Kutatóközpont

Oborny Beáta, *egyetemi docens*, Eötvös Loránd Tudományegyetem

15:00 – 15:20 **Tóth Balázs** (ELTE)

Lékdinamikai vizsgálatok a Völgyfő Projekt 35 éve magára hagyott tölgyesében

15:20 – 15:40 **Kis Szabolcs** (DE)

Adatok a gyilkos csomorika (*Cicuta virosa* L., Apiaceae) ismeretéhez

15:40 – 16:00 **Li Gábor** (SZTE)

Hogyan befolyásolja a geomorfológiai diverzitás és az erdei lécek jelenléte a karszterületek mikroklimáját és növényzetét?

16:00 – 16:20 **Tóth Benedek György** (SZTE)

Hol erdősítsünk szénmegkötés céljából a vízhiányos sík vidékeken?

16:20 – 16:35 **Szünet**

16:35 – 16:55 **Ferencz Kamilla** (BBTE)

Heteromorf termések: csak csírázási stratégiájukban különböznek vagy befolyásolják a felnőttkori rátermettséget is?

16:55 – 17:15 **Gagyi Réka-Andrea** (BBTE)

Három botanikus kerti inváziós növényfaj megtelepedési kockázatának vizsgálata környékbeli erdőkben

17:15 – 17:35 **Guller Zsófia Eszter** (SZTE)

Felületéssel kezelt alföldi löszparlag regenerációs folyamatainak hosszú távú vizsgálata

17:35 – 17:50 **Szünet**

17:50 – 18:10 **Nyisztor Bence** (Ciszterci Rend Nagy Lajos Gimnáziuma és Kollégiuma)

Felhagyott kőfejtők és környékük fajgazdagságának összehasonlítása edényes növények alapján

18:10 – 18:30 **Varga Gergő** (BBTE)

Hazai inváziós fajok mag-jellegei és csírázásbiológiája

18:30 – 18:50 **Doktor Klára** (IIRFKMF)

A nagymuzsalyi meddőhányó növényzetének vizsgálata



Természetvédelmi biológia

Április 25. kedd 9:00 – 12:50

0-820 Hunfalvy János terem

Zsűrielnök: **Ódor Péter**, az MTA doktora, igazgató, tudományos tanácsadó, ELKH ÖK
Ökológiai és Botanikai Intézet

Zsűritagok: **Halpern Bálint**, LIFE-programvezető, Magyar Madártani és
Természetvédelmi Egyesület

Macalik Kunigunda, egyetemi adjunktus, Babeş-Bolyai Tudományegyetem

Váczai Olivér, vezető természetvédelmi szakértő, Herman Ottó Intézet

9:00 – 9:20 **Pisch Henriett** (PTE)

Cickány és védett rágcsáló fajok területfoglalási dinamikája a Kis-Balatonon

9:20 – 9:40 **Kalocsai Nóra** (PTE)

Kisemlősök rövidtávú közösségi szintű változása mozaikos magassásos élőhelyen a Kis-Balaton területén

9:40 – 10:00 **Rák Gergő Attila** (ATE)

A rákosi vipera (*Vipera ursinii rakosiensis*) denzitására ható legeltetési módok finomléptékű vizsgálata

10:00 – 10:20 **Budai Mátyás** (ATE)

Gyephasznosítási módok hatása három hüllőfaj (*Vipera ursinii*, *Lacerta agilis*, *Lacerta viridis*) abundanciájára a Felső-kiskunsági turjánvidéken

10:20 – 10:35 **Szünet**

10:35 – 10:55 **Horváth Anna (ELTE)**

A Kisszékelyi-völgy természeti értékeinek felmérése

10:55 – 11:15 **Horváthné Dani Brigitta Roxána (ELTE)**

Háztartási mosószeres és a zero waste mosás környezeti hatásának vizsgálata

11:15 – 11:35 **Könczey Boróka (EMTE)**

Tanösvény pókközösségek szerkezetére gyakorolt hatásának tanulmányozása tőzeglápban

11:35 – 11:50 **Szünet**

11:50 – 12:10 **Faddi Eliza Kíra (PTE)**

A szitakötő-együttesek kiszáradás-indukált változásai Európa különböző klímájú területein

12:10 – 12:30 **Göndös Dorottya (OE)**

A Kolon-tó legújabb gémfelmérési adatai egy új módszerrel vizsgálva

12:30 – 12:50 **Szabó Márton Zoltán (SZTE)**

Egy új inváziós növényfaj (*Sporobolus cryptandrus*) hatása ízeltlábú-együttesekre



Tumor- és orvosi biológia

Április 25. kedd 9:00 – 12:30

0-818 Soó Rezső terem

Zsűrielnök: **Takács Krisztina**, *egyetemi docens*, Eötvös Loránd Tudományegyetem

Zsűritagok: **Berta Gergely**, *egyetemi adjunktus*, Pécsi Tudományegyetem

Szeverényi Ildikó, *szenior kutató*, Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem

9:00 – 9:20 **Hajdu Tamara (ELTE)**

Mitokondriális gének szelektív indukciója öngyilkosok parahippokampális kérgében

9:20 – 9:40 **Toldi Teodóra (ELTE)**

Endometriózisos betegek in vitro fertilizációval létrejött blasztocisztáinak vizsgálata time-lapse technika alkalmazásával

9:40 – 10:00 **Dr. Bognárné Huszár Annamária (ELTE)**

Szívizomkárosodás molekuláris markereinek vizsgálata

10:00 – 10:15 **Szünet**

10:15 – 10:35 **Árki Virág** (SZTE)

Az emlőkarcinóma exoszómák által okozott miRNS és mRNS változások a vér-agy gátat alkotó endotélsejtekben

10:35 – 10:55 **Szűcs Kata Dorina** (PPKE)

Új mezotelióma sejtvonalak érzékenységeinek vizsgálata dasatinib és nintedanib kombinált kezelés hatására

10:55 – 11:15 **Onhausz Benita** (SZTE)

Toll-like receptor 4 bélszakasz-specifikus expressziójának vizsgálata 1-es típusú diabéteszes patkányok myentericus neuronjaiban

11:15 – 11:30 **Szünet**

11:30 – 11:50 **Zakár Adrienn** (ELTE)

A blasztocisza fejlődés jellemzői és a humán in vitro fertilizációs kezelések kimenetele közti összefüggések vizsgálata time-lapse technológia alkalmazásával

11:50 – 12:10 **Nagy Valentina** (SZTE)

Plazmából izolált extracelluláris vezikulák Raman spektroszkópiai vizsgálata tumordiagnosztikai célból

12:10 – 12:30 **Szőcs Boróka** (ELTE)

Gépi tanuláson alapuló tumoros szövet felismerés stimulált Raman-szórás mikroszkóp felvételből

Az előadások rezüméi

Állatökológia, faunisztika, taxonómia tagozat

SZERÉNYI SZILÁRD*szerenyi.szilard.b18bi@kmf.org.ua*

Biológia

BSc, 8. félév

II. Rákóczi Ferenc Kárpátaljai Magyar Főiskola

(Beregszász)

*Témavezető:**Dr. Kolozsvári István**docens, UA IIRFKMF***A Dédai-tó és a Tóvár Ornitológiai Rezervátum ornitofaunájának felmérése**

2019. szeptember 15. és 2022. február 12. között ornitológiai megfigyeléseket folytattunk Beregdédán (Ukrajna, Kárpátalja) a Dédai-tó, valamint a Tóvár Ornitológiai Rezervátum területén összesen 110 vizsgálati napon azzal a céllal, hogy felmérjük az élőhelyek madárfaunáját, illetve megvizsgáljuk egy természetes eredetű, de degradálódott, illetve egy mesterségesen létrehozott vizes élőhely fajösszetételét. A madarakat szabad szemmel, távcsővel figyeltük meg, a csapatban repülő vagy úszó egyedek számlálását teleobjektívvel felszerelt fényképezőgéppel készített fényképfelvételek alapján végeztük.

A természetvédelmi oltalom alatt álló Tóvár Ornitológiai Rezervátum területén, mely egy korábban lecsapolt láp volt, összességében magasabb fajszámot regisztráltunk, illetve nagyobb diverzitást mértünk, mint a Dédai-tónál (17 madárfaj). A Tóvár Ornitológiai Rezervátum esetében a rendszeres kiszáradás jelentősen befolyásolja a madárfauna összetételét, ugyanis napjainkra az év nagyobb részében már a szárazföldi fajok dominálnak. Az ilyen hatások nagy veszélyt jelentenek az olyan megfigyelt gázlómadárfajokra, mint a nagy kócsag, szürke gém, bölömbika, fehér gólya vagy a fekete gólya.

A teljes vizsgálati időszak vonatkozásában a legnagyobb egyedszámbeli gyakoriságot a tőkésréce mutatta a tavon (53,18%), illetve a Tóvár Ornitológiai Rezervátumban egyaránt (13,79%). A madárfauna összetételét és szezonális jellemzőit tekintve az őszi, téli és koratavaszi időszakban a vonuló vízimadarak nagyobb számban választják pihenő- és táplálkozóhelyül a Dédai-tó nagy kiterjedésű víztükrét. A nagyobb nyílt vízfelületekhez jobban kötődő dankasirály, nyílfarkú réce, nagy lilik, küszvágó csér, bakcsó és jégmadár kizárólag itt volt megfigyelhető.

A Tóvár Ornitológiai Rezervátum napjainkban kevésbé vonzó pihenő és táplálkozóhely a vízimadarak körében, mint a Dédai-tó, ugyanakkor faunisztikai és a florisztikai vizsgálataink eredményei azt mutatták, hogy egy természetes eredetű élőhely leromlott állapotában nagyobb diverzitást képes mutatni, szélesebb spektrumú és gazdagabb élőhelyi feltételeket tud nyújtani, mint egy szomszédos, mesterséges eredetű. Azokról a területekről, ahol a vizes élőhelyek bizonyos funkcióit részben átvenni képes alternatív élőhely nem áll rendelkezésre, a vízimadarak megritkulásával vagy teljes területelhagyásával kell számolnunk. Az ilyen területek tényleges és hathatós megóvása, lehetőség szerinti regenerációja természetvédelmi szempontból kiemelten fontos.

Állatökológia, faunisztika, taxonómia tagozat

REKECKI TIBOR*tibor927@gmail.com*

Állatorvos Doktor szak

BSc, 9. félév

Újvidéki Egyetem

*Témavezető:**dr. Pajić Mária**egyetemi tanár, RS UE*

Az útszéli élőhelyek hatása az állat-gépjármű ütközésekre Törökkanizsa és Újvidék környékén

Az utak egyik legnagyobb mértékben jelentkező káros hatása a járművek állatokkal való ütközése. Ezek az állat-gépjármű ütközések (ÁGÜ) felbecsülhetetlen kárt okoznak világszerte egyaránt állatoknak és embereknek.

Ezen kutatás célja felmérni az Újvidék és Törökkanizsa környék útszéli élőhelyeinek hatását az állat-gépjármű ütközések megjelenésére. Ezek az adatok segíthetnek az útszéli szakaszok ÁGÜ-k gyakoriságát csökkentő kezelésében.

A kutatás a következő 6 útszakaszon lett végrehajtva: Dunagálos-Begecs (4 km), Begecs-Futak (2 km), Törökkanizsa-Szerbkeresztúr (7 km), Törökkanizsa-Oroszlámos (11 km), Törökkanizsa-Szanád (5 km), Szanád-Csóka (3 km). Ezeknek az útszakaszoknak a hossza összesen 32 km-t tesz ki és rajtuk a terepi munka 2020. november és december folyamán zajlott.

Az ÁGÜ probléma jelentős számban jelentkezik Vajdaságban. Ez pedig óriási gondot okoz nem csak a gyakori, hanem a ritkább állatfajok pusztulása miatt is mint pl. a gyöngybagoly esetében. A statisztikai modell szerint az 1 km-en belüli erdő és a 100 m-en belüli antropogén, vagyis antropogén élőhely voltak kihatással az állatok elhullására az ÁGÜ-k következtében.

Állatökológia, faunisztika, taxonómia tagozat

TAKÁCS-VÁGÓ HUNOR*takacshunor85@gmail.com*

Biológus

MSc, 9. félév

Állatorvostudományi Egyetem

*Témavezető:**Dr. Szűts Tamás**tudományos főmunkatárs, ATE*

Euophryini ugrópókok szexuális szelekciójának vizsgálata

A létért és a saját allélek továbbörökítéséért folyó harcban egy lehetséges stratégia a megtermékenyítésre fókuszálni. A szexuális szelekcióban, ami a természetes szelekció egyik formája, az ivarsejtek megtermékenyítésért folyik a verseny, és sokszor a túlélésben hátrányt jelentő jellegek is megjelenhetnek. Ennek tankönyvi példái a pávakakas impozáns farokdísze, vagy a szarvasok agancsa, de az általam vizsgált ugrópókok is ilyenek: a hímek sokszor a testméretet meghaladó csáprágóval rendelkeznek. A szexuális szelekció ivari dimorfizmust alakíthat ki, aminek az az oka, hogy az egyik nem tagjai (általában nőstények) válogatnak, a másik ivaré pedig (általában a hímek) versengenek.

Kutatásom középpontjában az Új-Guinea szigetén élő, *Bathippus* genuszba tartozó ugrópókok állnak, amelyek extrém szexuális csáprágóméret dimorfizmussal (ESCD) rendelkeznek. A hímek a legtöbb faj esetén hatalmas, az előtestük hosszát többszörösen meghaladó méretű csáprágót viselnek, amikkel egymás közötti harcokban dől el a pározás joga. Vizsgálataim során a tengerszint feletti magasság és ezen extrém energiabefektetés kapcsolatrendszerét szerettem volna vizsgálni. Ehhez egy fajba tartozó más magasságban élő hím példányok csáprágóméretét kellett összehasonlítanom.

A morfo-fajokba történő válogatás során azonban egy olyan problémába futottam, aminek megoldása nélkül az eredeti kérdés megválaszolása nem, vagy csak nagyon általánosan lehetséges. A szelekció egyik kritériuma a változatosság (hiszen a különböző változatok sikerének különbözőnek kell lennie), de a csáprágó alakjában, a rajta található extra fogak számában és alakjában sokkal nagyobb diverzitás volt, mint a taxonómiában hagyományosan használt bélyegeken (hím tapogató). A probléma megoldásához a fogakat elneveztem. Mivel a szexuális szelekció a fajképződés egyik mozgatórugója és a reprodukív izoláció is alapkövetelmény, az még vizsgálatokat igényel, hogy a különböző csáprágójú, de hasonló pározószervű hímek képesek-e ugyanazzal a nősténnyel pározni. A vizsgált példányok közül sok több mint 60 éves, így a DNS kivonás nem lehetséges, új példányok beszerzése pedig meglehetősen nehézkes.

A vizsgálatok során nemcsak az eddig leírt (de csak az eredeti latin nyelvű fajleírások alapján ismert) fajokat találtam meg és illusztráltam őket modern rétegfotózási eljárással, de a tudományra nézve új fajt is sikerült találni. Ezekről morfometriai méréseket végeztem. Az így keletkezett adatokból statisztikai elemzéseket végeztem.

Állatökológia, faunisztika, taxonómia tagozat

FERGE DÁVID*ferge.david16@gmail.com*

Biológia

BSc, 7. félév

Eszterházy Károly Katolikus Egyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Kiss Csaba

tanársegéd, EKKE TTK

A magyar szöcskegér (*Sicista trizona*) időbeli aktivitásmintázatának vizsgálata tavaszi és nyári kameracsapdás felvételek alapján

A magyar szöcskegér (*Sicista trizona*, Frivaldszky, 1865) a Kárpát-medence endemikus faja. Napjainkra az IUCN vöröslstáján a veszélyeztetett fajok közt szerepel, Magyarországon fokozottan védett, „nemzeti kincsként” tekinthetünk rá.

Egy populáció időbeli niche megállapításának egyik módja a napi aktivitási mintázat kiszámítása. Ezekből az aktivitások időbeli átfedéseit és két aktivitási mintázat közötti összefüggéseket tudjuk kiszámítani. Az ezen típusú kutatásokra a kameracsapdás vizsgálatok a legalkalmasabbak. Ennek a technikának az alkalmazásával, olyan nehezen befogható faj esetében is, mint a magyar szöcskegér, lényegesen több detektációs adatot kaphatunk.

A kutatásom fő célja a magyar szöcskegér szezonális és napi aktivitásmintázatának kiszámítása és ábrázolása volt. Hipotéziseim közt szerepelt, hogy tesztelem a 'félénk egér' elméletet is, amely azt jelenti, hogy a magyar szöcskegér kerüli más rágcsálók aktivitási csúcsait és csak akkor lesz detektálható, ha ezen fajok kevésbé aktívak. Négy egymást követő évben (2019-2022) hagyományos vadkamerákat helyeztünk ki Bükki Emlőstani Kutatócsoport Egyesület munkatársaival közösen a Bükki Nemzeti Park Igazgatóság Borsodi-Mezőség Tájvédelmi Körzetében. Ez a terület hazánk második legnagyobb gyepi élőhelye, amelynek északi része egy száraz összefüggő gyepterület, néhol kisebb mocsarakkal megszakítva. Itt található a magyar szöcskegér eddig ismert egyetlen és nagy eséllyel utolsó élőhelye. A kapott kamerafelvételek adatait elsőnek Excel táblázatban foglaltam össze. Az eredményeket az R statisztikai környezetben dolgoztam fel. Az adatokat "activity" és "overlap" csomag használatával, Kernel becslés segítségével és Gauss eloszlást alkalmazva ábrázoltam 10 000-es ismétlésszámmal. Becsültem az átfedési együtthatót, amely kis mintaszám esetén is kiválóan alkalmazható. Az adatok grafikus megjelenítése során valószínűségi sűrűségfüggvényt (PDF) használtam, elemzésüknél küszöbértékekkel dolgoztam, melyeket Wald-teszt segítségével értékeltem ki.

A napi aktivitásgörbék kiértékelése után elmondható, hogy a magyar szöcskegér kizárólag éjszaka aktív, nappali felvételek az állatról egy esetben sem készültek. Az éves és szezonális aktivitási szintjei a kapott PDF-ábrák alapján ténylegesen eltérőnek bizonyultak. Az összehasonlító Kernel becslések után a magyar szöcskegér napi aktivitásmintázata a kutatási területen detektált más kisemlősökhöz viszonyítva, a legtöbb esetben, nagy mértékű egyezést mutat.

Állatökológia, faunisztika, taxonómia tagozat

SZOLGA DÁNIEL*szolgadaniel98@gmail.com*

biológia

BSc, 5. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Horváth Győző**egyetemi docens, PTE TTK**Tóth Dániel**tudományos segédmunkatárs, PTE TTK*

Kisemlősök ökofaunisztikai vizsgálata NATURA 2000 erdei és vizes élőhelyek összehasonlításában, fókuszálva a csaltitjáró pocok előfordulására

A vizes élőhelyek (wetlands) nagyon fontosak a kisemlősközösségek számára. A csaltitjáró pocok a leginkább azokon a nedves réteken érzi jól magát, amik erősen és sűrűn borítottak fűfélékkel és cserjékkel. A jelen dolgozat alapvető célkitűzése az volt, hogy komplex ökofaunisztikai értékelés keretén belül a két kiemelt természetvédelmi területhez kötődő monitorozási eredményeket a védett csaltitjáró pocokra fókuszálva szintetizálja, ami egyben a csaltitjáró pocok erdei és wetland ökoszisztémában megjelenő fogási eredményei alapján összehasonlítja kisemlősközösségekben megjelenő dominanciaviszonyait, más fajokkal történő együttes előfordulását, a kimutatott kisemlősegyüttesek diverzitásának tér- és időbeli különbségét.

A két, nagyban eltérő élőhely közül az erdei élőhely esetében az évek nem gyakoroltak jelentős hatást a kisemlősközösségekre. Ezzel ellentétben az évszakoknak már lényeges befolyásoló szerepe volt. A csaltitjáró pocok egyik élőhelyen sem volt domináns faj, de mind a síkvidéki erdő, mind a magas sásos kisemlős közösségében stabil helyet foglal el, ami alapján megállapítható, hogy jó alkalmazkodóképességekkel rendelkeznek.

Ahogy az már számos nemzetközi szakirodalomban kifejtésre került, a kisemlősközösségek összetétele az erdei élőhelyeken nem véletlenszerű, ugyanis az erdőterület szerkezete és sokfélesége, illetve az egyes fajok táplálékspecializációja határozza meg. A másik, szerkezetileg egyszerűbb felépítésű, bár annál nagyobb jelentőséggel bíró Kis-Balaton területén mind az évek, mind az évszakok szignifikáns hatását mutattuk ki. Ennek oka feltehetően a kevésbé komplex struktúra, amire a kisebb tényezők is nagyobb hatást fejtenek ki, ellentétben az erdei ökoszisztémákkal.

Állatökológia, faunisztika, taxonómia tagozat

TISZA ÁDÁM BÁLINT*tiszapontadam@gmail.com*

Biológia

BSc, 5. félév

Állatorvostudományi Egyetem

*Témavezetők:**Dr. Korsós Zoltán**egyetemi docens, ATE**Mizsei Edvárd**PhD hallgató, Kiskunsági Nemzeti Park Igazgatóság*

A rákosi vipera (*Vipera ursinii rakosiensis*) és potenciális madár predátorainak napszakos aktivitás mintázata

A Kárpát-medencében egykor nagy számban előforduló rákosi viperának (*Vipera ursinii rakosiensis*) mára legtöbb élőhelye megszűnt, és a fennmaradt hazai populációk megléte is természetvédelmi tevékenységeknek köszönhető. Az elmúlt két évtized fajvédelmi intézkedései ellenére egyedsűrűsége nem növekedett kimutathatóan, melynek feltételezhetőleg egyik oka a nagy predációs nyomás. A prédaállatok és ragadozók kapcsolatdinamikájának alapja egy evolúciós verseny, melyben céljuk alkalmazkodni a másik félhez, többek között az aktívan töltött órák tekintetében. Más viperafajoknál megfigyelték, hogy nem használják ki a termoregulációs szempontból alkalmas időablak azon részét, amikor a ragadozómadarak aktivitása magas, amely feltételezhetően egy predátor elkerülő stratégia. A kutatásban célunk volt a viperazsákmányolás direkt észlelése, valamint a rákosi vipera és a lehetséges madár predátorainak napszakos aktivitás-átfedésének vizsgálata, az élőhelyeken nagyobb számban előforduló ragadozómadarak esetében külön fajonként is. A madármegfigyelést a rákosi vipera mindkét kiskunsági élőhelykomplexén, 2021 májusában és szeptemberében végeztük. A madáraktivitást ezen megfigyelési adatok időbeli eloszlása alapján, a viperaaktivitást a 2020-2021-es hulló monitoring rákosi vipera észleléseinek operatív hőmérséklete alapján modelleztük. A madár-megfigyelések során 23 faj 2075 megfigyelését rögzítettük, melyekből 6 alkalommal figyeltünk meg rákosi vipera predációt. A becsült viperaaktivitást az összesített madáraktivitással összehasonlítva mindkét területen és felmérési időszakban jelentős az átfedés. A külön vizsgált madárfajok közül a vörös vércsének (*Falco tinnunculus*) és az egerészölyvnek (*Buteo buteo*) volt a legmagasabb aktivitás-átfedése a viperával. Aktivitásbeli predátor elkerülő viselkedést nem sikerült kimutatni. A kutatás eredményei alátámasztják a rákosi viperára nehezedő magas predációs nyomás meglétét, így felhívják a figyelmet a generalista ragadozók elleni fajvédelmi akciók, pl. élőhelyfejlesztések fontosságára.

Állatökológia, faunisztika, taxonómia tagozat

KOVÁCS GERGŐ*koge003@gmail.com*

Biológia

BSc, 1. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Mizsei Edvárd

projekt koordinátor, SZTE TTIK

Hüllőfajok közösségszerveződése a rákosi vipera két, korábban erdőtelepítéssel elszigetelt élőhelyét összekötő gyeprekonstrukció területén

A rákosi vipera (*Vipera ursinii rakosiensis*) a 20. század elején a faj még gyakorinak számított a Kárpát-medencében, azonban az agrárterületek terjedésével és az Alföld fásítás miatt a számára alkalmas élőhelyek rohamosan összezsugorodtak vagy teljesen el is tűntek. A faj olyannyira megritkult, hogy a 2004-ben becsült egyedszáma alig érte el az 500 példányt. A rákosi vipera védelmi LIFE projekt egyik célja egymástól elszigetelt állományok közötti diszperzió, és ezáltal a génáramlás lehetővé tétele, mivel a beltenyésztettség és genetikai sodródás miatt a kis populációk kihalási kockázata magas. A Bócsa-bugaci homokpusztán ismert két rákosi vipera állományt korábban idegenhonos erdőtelepítés választott el, ahol egy kb. 20 ha területen letermelésre került az erdő és gyeprekonstrukciós munkálatok kezdődtek. Jelen kutatás célja, az élőhelyek összekötését célzó füvesélőhely-rekonstrukció hüllőközösségre gyakorolt hatásának vizsgálata. A rekonstrukciós területen kijelölt mintavételi helyeket a környező referencia vagy cél állapotú gyepeken kijelölt mintavételi kvadrátokhoz hasonlítva vizsgáljuk az alábbi kérdések megválaszolása érdekében: Mely hüllőfajok telepedtek meg a rekonstrukciós területen? Különbözik-e a rekonstrukciós terület hüllő fajkompozíciója a referencia területekétől? Hogyan alakul a hüllőközösségek különbözősége a rekonstrukció óta eltelt évek során? A hüllőfajok élőhelyfoglaltsága alapján a beavatkozási terület két alrészre nem különül el egymástól, amelyek közül az egyik alrészlet a Tolvajos referencia területéhez volt a leghasonlóbb. A beavatkozási terület, a többi referencia területtől a fürgye és a rákosi vipera jelenléte miatt tért el. A hüllőfajok denzitása alapján a beavatkozási terület két alrészre jelentősen elkülönül egymástól, amelyek közül az egyik alrészlet továbbra is a Tolvajos referencia területéhez volt a leghasonlóbb. A rekonstrukcióval érintett beavatkozási területen öt faj spontán megtelepedése volt tapasztalható. A terület leginkább a Tolvajos referencia területéhez vált hasonlóvá, amelyet nyíl homokpusztagyepek jellemeznek, amelyhez élőhelystruktúrában hasonló a jelenleg regenerálódó élőhely a telepített növényfajok alacsony borítása miatti szabad talajfelszínek miatt. Reméljük, az élőhelyrekonstrukció és a monitoring folytatásával sikerül a rákosi viperának alkalmas élőhelyet kialakítani a jövőben sikerül megfigyelni a faj spontán megtelepedését a területen.

Állatökológia, faunisztika, taxonómia tagozat

TAKÁCS PÉTER

takacspeter0822@gmail.com

biológia-angol tanár

Osztatlan, 7. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Berzsenyi Dániel Pedagógusképző Központ

Témavezetők:

Dr. Gyurácz József

tanszékvezető főiskolai tanár, ELTE BDPK

Dr. Erdélyi Károly

állatorvos, Állatorvostudományi Kutatóintézet

Énekesmadarakon élősködő parazita atkafaj(ok) vizsgálata Magyarországon

Jelen vizsgálatom célja egy hazánkban élő parazita, a Trombiculidae családba tartozó *Blankaartia acuscutellaris* atkafaj alaposabb megismerése. E fajról még nem született részletes vizsgálat, dolgozatomban az említett ízeltlábúval kapcsolatban új ismereteket tártam fel. Kutatásomat az MME Gyűrűző és Vonuláskutató Szakosztályának önkéntes madárgyűrűzőinek adatai, valamint saját mintagyűjtéseink alapján végeztem el. Mintavételi helyszínként a Fertő-Hansági Nemzeti Parkban található Mekszikópuszta CES-pont szolgált, a három mintavételi időszakban (2022. június 28-30.; augusztus 3-6.; szeptember 4. és 8.) összesen 23 énekesmadárfaj 648 egyedét fogtuk be függőnyhálókcal. Az ízeltlábúak preparálását és identifikálását az Agrártudományi Kutatóközpontban végeztem el. Az Állatorvostudományi Kutatóintézetben molekuláris biológiai technikákkal ízeltlábúak által terjesztett vírusokat próbáltunk kimutatni az említett atkafajból. Ezek a patogének a következők voltak: nyugat-nílusi vírus (WNV) lineage 1, WNV lineage 2, Usutu vírus (USUV) és Sindbis vírus (SINV.) Megállapítottam, hogy jelenlegi ismereteink szerint Magyarországon 12 madárfaj érintett a *Blankaartia acuscutellaris* által okozott fertőzésben, ezek közül 4 faj esetében e vizsgálat mutatta ki először az atkafertőzésre való fogékonyságukat. Kimutattam, hogy a fogékony fajok közül a barkóscinege (*Panurus biarmicus*) szignifikánsan a legfertőzöttebb (prevalencia: 63,6%). A barkóscinegék korosztályai között szignifikáns különbséget találtam a fertőzésszámok között, az elsőéves, fiatal egyedek (84%-uk fertőzött) ugyanis nagyobb mértékben parazitáltak, mint az adultak (57%-uk fertőzött). Dolgozatomban rámutatok arra, hogy a barkóscinegénél tapasztalt fertőzésszámok valószínűleg szinkronban vannak a parazita életciklusával, ugyanis míg júniusban és augusztusban magas a prevalencia (82,7% és 86,0%), ősszel egyetlen atkás egyed sem fogtunk. A patogénkeresés céljából végzett valós idejű RT-PCR vizsgálatok a dolgozat elkészültéig 100%-os negativitással zárultak (ez 17 WNV és USUV, valamint 24 SINV mintát jelent). További kutatásokra van szükség ahhoz, hogy részletesebben megismerjük a *Blankaartia acuscutellaris* szerepét a mikropatogének természetes ciklusában, illetve az atkafertőzés gazdaegyedek fitnessére gyakorolt hatását.

Állatökológia, faunisztika, taxonómia tagozat

WENNER BÁLINT ZSOLT

wennerbalint2001reg@gmail.com

Biológia

BSc, 5. félév

Állatorvostudományi Egyetem

Témavezetők:

Dr. Korsós Zoltán

egyetemi docens, ATE

Dr. Mizsei Edvárd

projekt koordinátor, Kiskunsági Nemzeti Park Igazgatóság

**A rézsikló (*Coronella austriaca*) táplálkozása és a prédaelérhetőség hatása
élőhelyválasztására a Felső-Kiskunsági turjánvidéken**

A rákosi vipera (*Vipera ursinii rakosiensis*) egykor gyakorinak számított a Kárpát-medencében, ám élőhelyeinek mezőgazdasági művelésbe vonása visszaszorította néhány szigetszerű állományba; jelenleg fő veszélyeztető tényezője a predációs nyomás. A rézsikló (*Coronella austriaca*) egy hüllőspecialista predátor, amelynek ismert viperapredációja is. Mivel a rézsikló gyakorinak számít a rákosi vipera egyik legfontosabb élőhelyén, a Kiskunsági Nemzeti Park területén található Peszéradacsi-réteken, felmerült a rézsiklóállomány áttelepítése a területéről. Hogy a beavatkozást megalapozzuk, egy táplálkozásbiológiai vizsgálatot végeztem, melynek a kérdései a következők voltak: 1) Milyen taxonok alkotják a rézsikló táplálékspektrumát a vizsgált területen? 2) Fogyaszt-e rákosi viperát a rézsikló a vizsgált területen? 3) Indokolt-e a rézsiklóállomány kontrollja a rákosi vipera védelme érdekében? A táplálkozásbiológiai vizsgálat mellett végeztünk egy vizsgálatot a rézsikló élőhelyválasztásával kapcsolatban is, melynek kérdése a következő volt: Hogyan befolyásolja a rézsikló denzitását a prédaelérhetőség a vizsgálati területen? A vizsgálatot az indokolta, hogy a rézsikló finomléptékű élőhelyválasztása nem ismert. A táplálkozásbiológiai kutatás során a rézsiklókat befogtuk, majd legfeljebb 7 napon át elkülönítve tartottuk, majd befogási pontjaikon szabadon engedték. A begyűjtött ürülékeket felbontottam, majd az abban található maradványokat meghatároztam. A befogott kígyók (n=82) közül 58,73% ürített (48 pld.), a leggyakoribb prédák a gyíkok voltak (66,67%). Ezt az emlősök (16,67%), majd az egyenesszárnnyúak (11,11%) követték. Egy-egy esetben találtam bogár- (2,78%) és rézsiklómaradványokat (2,78%). Rákosi vipera maradvány nem került elő, így a vipera védelme nem indokolja a rézsiklóállomány kontrollját. A rézsikló denzitását a mintavételi kvadrátokban az egyes prédafajok denzitása, az összes hüllő együttes denzitása, valamint a hüllőközösség Shannon-diverzitása függvényében a tavaszi és őszi hüllőmonitoring adatai alapján becsült hüllődenzitásokkal számoltuk lineáris kevert modellel. Az élőhelyválasztási vizsgálat eredményei alapján a rézsikló előfordulását a Shannon-diverzitás ($p < 0,0001$), a homoki gyík ($p = 0,033$), valamint a fűgő gyík denzitása ($p = 0,0452$) pozitívan, míg az összesített hüllődenzitás negatívan ($p = 0,0002$) befolyásolta. Eredményeink alapján a rézsikló élőhelyválasztásában meghatározó a hüllőközösség diverzitása, valamint egyes kiemelt prédafajok elérhetősége.

Állatökológia, faunisztika, taxonómia tagozat

SZÓCS BORÓKA

szocs_boroka@yahoo.com

Ökológia és természetvédelem

BA, 8. félév

Babeş-Bolyai Tudományegyetem

Témavezetők:

Dr. Markó Bálint

egyetemi tanár, BBTE Biológia és Geológia Kar

Dr. Sárospataki Miklós

egyetemi docens, MATE KTI

Háziméhek (*Apis mellifera*) testfelszíni gombaflóra összetételének vizsgálata

A méhek a legfontosabb beporzó szervezetek közé tartoznak. A sokat emlegetett „beporzó válság” egyre inkább felhívja a figyelmet a méhekre, különösen a háziméhre (*Apis mellifera*). A háziméh biológiájáról már meglehetősen sokat tudunk, ugyanakkor a méhekkel együtt élő különböző szervezetekről (nagy jelentőségük ellenére) már lényegesen kevesebbet. Így a testfelszínükhöz kötődő gombákról is kimondottan kevés információnk van. Pedig a méhek és a gombák kapcsolata, akár mutualista, akár parazita jellegű, nagyon fontos lehet az egyedek és a kolóniák túlélése szempontjából is. Ahhoz, hogy a méhek testfelszínéhez kötődő gombákat, illetve a méhekkel való kapcsolatuk mibenlétét és jelentőségét megismerjük, mindenekelőtt a méhek gombaflórájának összetételét szükséges feltérképezni. Dolgozatomban a méhek testfelszíni gombaflórájának összetételét vizsgáltam, abból kiindulva, hogy a körülményeknek (pl. stabil és vándoroltatott) és kornak (fiatal és idős) meghatározó szerepe lehet a testfelszíni gombaflóra összetételére vonatkozóan. Összesen 239 gombatelepet tenyésztettünk ki az egyedek testfelszínéről, melyből 47 taxont tudtunk elkülöníteni. A legnagyobb számban az *Alternaria*, *Aspergillus* és *Rhizopus* nemzetségek voltak. Elemzéseink alapján a gombatelepek mennyiségét sem a méhek kora, sem a tartásmódja, sem e kettő interakciója nem befolyásolta. A gombaközösségek diverzitása hasonló volt a kortól és a tartásmódtól függetlenül. Egyes gombataxonok ugyanakkor csak bizonyos tartási rendszerre vagy korkategóriára voltak jellemzőek. Ez utóbbiban, feltehetően, a korfüggő munkamegosztásnak is szerepe lehetett.

Állatökológia, faunisztika, taxonómia tagozat

ELEK BALÁZS*elekbalazs01@gmail.com*

Biológia

BSc, 5. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

GOSZTONYI BENCE*gosztonyibence@gmail.com*

Biológia

BSc, 5. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Horváth Győző**egyetemi docens, PTE TTK**Szűcs Boldizsár**PhD-hallgató, PTE TTK*

Mezőgazdasági tájban előforduló erdeieger (*Apodemus*) fajok területhasználata és mozgásmintázata

A mezőgazdasági tájat egyrésztől nagyfokú fragmentáltság, másrészt a nagy területű monokultúrák okozta térbeli homogenitás okoz jelentős biodiverzitás csökkenést. Bár a kisméltók a mezőgazdasági területeken a rendelkezésre álló élőhelyek teljes skáláján megtalálhatók, táji léptékben a diverzitásuk és a biomasszájuk alacsonyabb, mint a nagyobb, természetes élőhelyeken. Jelen vizsgálatban a felmért mezőgazdasági területen együttesen megjelenő, a Magyarországon előforduló négy erdeiegerfaj (*Apodemus* spp.), a sárganyakú, a közönséges, a kislábú és a pirókerdeieger kisméltós közösségben megjelenő gyakorisági viszonyait, területhasználatát és mozgásmintázatát vizsgáltuk.

Eredményeink alapján a parcella területeken a mezei pocok dominanciája volt jellemző. Az egyes fajpárok együtt előfordulása a parcellák többségében pozitív asszociáltságot mutatott, míg a sövényekben ez nem volt megfigyelhető. A vizsgált fajok mozgástávolságai esetében a rövidtávú mozgás esetén kaptunk szignifikáns különbséget. Az élőhelypreferencia tekintetében megállapítottuk, hogy a sárganyakú és a közönséges erdeieger a sövényeket, míg a kislábú erdeieger a nyílt élőhelyeket preferálta.

Mindezek alapján elmondható, hogy a mezőgazdasági mozaikban mind a féltermészetes sövényeknek, mind a mátrixnak tekinthető művelt parcelláknak fontos szerepe van a kisméltós éltmenetében, de ezeknek a területeknek a fontossága fajonként eltérő.

Bioinformatika és evolúciobiológia tagozat

DEUTSCH NORBERT*deno@student.elte.hu*

Biológia

MSc, 2. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dosztányi Zsuzsanna**Tudományos főmunkatárs, ELTE TTK**Erdős Gábor**Tudományos segédmunkatárs, ELTE TTK*

DisCanVis: Integrált szerkezeti és funkcionális annotációk vizualizációja a rendezetlen fehérjékben található rákos mutációk hatásának jobb megértéséhez

A rendezetlen fehérjék nem rendelkeznek jól definiált térszerkezettel, ugyanakkor kulcsfontosságú szerepet játszanak szinte minden sejten belüli folyamatban. Hibás működésük számos betegséggel hozható kapcsolatba, többek között rákkal is. Az elmúlt időszakban jelentősen kitárult a rendezetlen fehérjékről szerzett tudásunk, és ezzel párhuzamosan a rák genom projektek rengeteg, a betegség kialakulásában fontos genetikai variánst azonosítottak. Ennek ellenére a rendezetlen fehérjék rákban betöltött szerepe máig nem tisztázott. Munkám során létrehoztunk egy komplex webszervert, a DisCanVis-t (<https://discanvis.elte.hu>), amely elősegíti a rák és a rendezetlenség közötti kapcsolat vizsgálatát. Ez az egyedi vizualizációs eszköz a genom szintű információt kombinálja a fehérje szinten lévő strukturális és funkcionális információkkal, több mint harminc különböző annotáció felhasználásával. Dolgozatomban példákon keresztül mutatom be, hogyan használható a webszerver a rák kialakulásában szerepet játszó rendezetlen fehérjék, illetve azok kulcs régióinak azonosításához. A DisCanVis szerver kiindulópontja lehet biomedikai relevanciával rendelkező, de ma még nem jellemzett rendezetlen fehérjék karakterizálásának és elősegítheti újfajta gyógyszercélpontok azonosítását is. A webszerverről és annak használatáról, valamint az eredményekről cikket közzeltünk le 2022. november 30-án a Protein Science tudományos folyóiratban (<https://doi.org/10.1002/pro.4522>).

Munkám során több programnyelv (Python, Javascript, HTML, CSS, SQL) és azok keretrendszereinek (Django, JQuery, Bootstrap, SQLite) használatát haladó szinten elsajátítottam és ezeket használtam a webszerver megalkotásához. Az annotációk több mint felét én gyűjtöttem össze, valamint az összeset én processzáltam és megoldottam az adatok egymásra térképezésének problémáját. Ezeket összehangolva vizualizáltam és új funkciókat vezettem be az adatok megjelenítése során.

Bioinformatika és evolúcióbiológia tagozat

IVÁN ZSANETT ZSÓFIA*ivanzsanett.14@gmail.com*

Biológus

MSc, 4. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Horváth Péter**tudományos főmunkatárs, Szegedi Biológiai Kutatóközpont**Csapóné Dr. Miczán Vivien**tudományos munkatárs, Szegedi Biológiai Kutatóközpont*

Mitotikus sejtek azonosítása humán daganatos szövetekben mélytanuló algoritmusok használatával

Jelenleg az egyik legelterjedtebb biomarker a daganatok prognózisának megállapítása során a mitotikus index, amely arányos a tumor proliferációs képességével és az áttétképzési sebességének mértékével. Azonban ezen index megállapítása a legtöbb esetben szubjektív vizuális kiértékelésen alapul, így nehezen reprodukálható, ami megnehezíti a tumor pontos besorolását. A létező automatikus kiértékelési technikák közül mindezekig egyik sem terjedt el széles körben, köszönhetően a minta- és képkészítési variabilitásokra való érzékenységüknek, valamint, hogy jellemzően egyféle tumortípusra (az emlőrákra) szorítkoztak.

Kutatásunk során egy többféle szövettípuson is eredményesen használható mitotikus sejt detektáló módszer fejlesztése volt a célunk, valamint, hogy a megtalált sejteket tovább tudjuk osztályozni morfológiai tulajdonságaik alapján.

Vizsgálatainkhoz egy emlőtumor mintán alapuló nyíltan hozzáférhető annotált képbázist, a Mitosis Domain Generalization (MIDOG) képfeldolgozási kihívás patológusai által annotált mitotikus sejt adathalmazt használtunk fel kiindulásként, és a You Only Look Once (YOLO) detektor 5-ös verziója segítségével azonosítottuk az osztódó sejteket. Ezután elkészítettünk egy új, annotált mellékvese tumor adathalmazt, amin teszteltük a modell hatékonyságát. A YOLO módszer segítségével képesek voltunk az osztódó sejtek klasszikus mitotikus fázisok szerinti klasszifikációjára is.

A diszkrét csoportokba sorolás alternatívájaként a csoportunk által kifejlesztett regressziós sík (RS) módszer segítségével folytonos skálán is vizsgáltuk a sejtosztódást. Az RS módszer használatával képesek voltunk egy olyan mélytanuló modell létrehozására, amely képes mind az emlő-, mind a mellékvese tumor adathalmazon hatékonyan modellezni a mitózis morfológiai jegyeinek egymásutániságát.

Az általunk kifejlesztett algoritmusok segítségével tehát lehetőség nyílik különböző humán daganatos szövetmintákban a mitotikus sejtek azonosítására és a mitózis fázisainak predikciójára, ezáltal a lézer mikrodisszekciós technika segítségével a jövőben izolálhatók lesznek a különböző mitotikus fázisú sejtek, melyek komplex omikai vizsgálatával közelebb juthatunk a sejtosztódás folyamatának mélyebb megértéséhez, ezáltal újabb daganatterápiás célpontok azonosítására is nyílnak lehetőségek.

Bioinformatika és evolúciobiológia tagozat

PLETIKOSZITY GÁBOR*pletikoszitygabor@gmail.com*

Fogorvosi szak

MSc, 7. félév

Újvidéki Egyetem

*Témavezető:**dr. Stojišić-milosavljević Anastazija
egyetemi tanár, RS UE*

A DSPP gén proteinkódoló szekvenciájában fellépő pontmutációk számítógépes elemzése

A kutatás a fogászatban jelentős DSPP gén standardizált változatának pontmutációit elemzi informatikai környezetben. A gén a dentin mineralizációjában vesz részt, mutációi során a dentindiszplázias rendellenességek lépnek fel, melyek következtében a dentin hipomineralizálttá válik, szerkezete szabálytalan, a dentincsatornák tágak, számuk csökkent és gyakran egymásba csavarodnak. A kutatás lényege, hogy felmérje egy-egy mutációtípus gyakoriságát és helyét a génszekvencián, könnyebbé téve a rendellenesség öröklődésének és kórképének követését. Lebonyolításához egy saját fejlesztésű program lett alkalmazva, amely az adott gén bázisrendjét elemzi, és ez alapján állapítja meg, hogy mekkora eséllyel és hol keletkeznek nonsense mutációk, melyek következtében a fehérjeszintézis idő leáll, vagy el sem kezdődik, missense mutációk, amelyek a keletkező fehérje szerkezetét megváltoztatják, és mutációk, amelyek rejtettek maradnak. Az eredmények a következők: a génnek $1,5026 \times 10^{2730}$ pontmutációja van, amelyből $7,2409 \times 10^{714}$ szinonim. A mutáció leggyakrabban adenint érint, legkisebb valószínűséggel pedig timint. Tripletek közül legnagyobb valószínűséggel szerint kódoló triplet mutálódik, valamint nála jelentkezhet a legtöbb szinonim mutáció. Legkevésbé valószínű a stop kodon mutációja, legkevesebb szinonim mutációkkal pedig a triptofánt és a metionint kódoló tripletek rendelkeznek. Emellett összesen 210 nitrogén alapú bázis és 202 olyan triplet van, amelynél egy mutáció elég nonsense mutáció kialakításához, ebből egy a stop kodon, egy a start kodon, a maradék 200 ilyen triplet pedig elszórtan található a szekvencián. Az eredményekből látható, hogy a gén mutációja számos esetben jelentős szerkezeti változást okoz a keletkező fehérjében, viszont nem elhanyagolhatóak azon mutációk száma, melyek nem okoznak semmilyen morfológiai és funkcionális elváltozást.

Bioinformatika és evolúciobiológia tagozat

KÁROLYI ADÉL*adelcecilia.karolyi@gmail.com*

Biológia

BSc, 5. félév

Állatorvostudományi Egyetem

*Témavezető:**Scheuring István**tudományos tanácsadó, Ökológiai Kutatóközpont - Evolúciótudományi Intézet***Nemlineáris kooperációs dilemma stohasztikus környezetben**

A kooperáció a baktériumoktól kezdve az emberekig a biológiai komplexitás számos szintjén megfigyelhető, a bioszféra működésére és az egész evolúciós történetre kiható jelenség. A közjavak játéka egy olyan biológiailag is releváns kooperációs dilemmát jelenít meg, melyben a kooperátorok minden egyed számára elérhető, de a kooperátoroknak költséget jelentő szolgáltatást vagy anyagot termelnek. Ennek következtében a befektetést nem vállaló csálók minden esetben nagyobb fitnessszel rendelkeznek. A dilemma fő kérdése, hogy hogyan maradnak fenn mégis a kooperátorok. Az önkéntesek dilemmája számos nem lineáris közjó játéknak jó modellje, dolgozatomban a modell viselkedését vizsgáljuk speciális populációdinamikai feltételek mellett. A dilemmának egy olyan számítógépes modelljét elemezzük, ahol nincs több szintű kiválogatódás, illetve a kooperátoroknak semmilyen szintű aggregációja sincs jelen, mégis kialakul egy egyensúly a kooperátorok és defektorok között. A modellek segítségével tehát igazoltuk, hogy ebben az esetben is fenn tud maradni hosszú távon a kooperáció. Továbbá a kölcsönható egyedek számának ingadozása hatással van a modell kvalitatív és kvantitatív viselkedésére. A numerikus vizsgálatok alapján a kölcsönhatásban lévő egyedek számának növekvő varianciája emeli a kooperátorok átlagos gyakoriságát az egyensúlyban. Megmutatjuk, hogy ez a meglepő eredmény összhangban áll az analitikus modell jóslatával is.

Bioinformatika és evolúciobiológia tagozat

FÜLÖP ANNA TÁCIA*fulop.anna.tacia@gmail.com*

Molekuláris bionika mérnök

BSc, 6. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Manczinger Máté**egyetemi adjunktus, SZTE ÁOK*

A tumor mutációs szignatúrák hatása az immunfenotípusra

A HLA általi peptidbemutatás kulcsfontosságú eleme a tumorelles immunválasznak: minél több neopeptid kerül ki a sejt felszínére, annál valószínűbb, hogy a tumor nem kerül el az immunrendszer figyelmét.

A bemutatott neopeptidek száma elsősorban a mutációszámtól függ, hiszen a mutációk számával együtt a neopeptidek száma is nő, ezzel együtt pedig annak esélye, hogy közöttük előfordul olyan, amelyet valamelyik jelenlévő HLA-molekula megköt. Azonban még közel azonos mutációszámmal rendelkező tumorok között is jelentős különbséget tapasztalhatunk immunogenitás tekintetében.

A kutatócsoportunk egyik fő hipotézise szerint nem csak a tumor mutációinak száma, hanem azok minősége is rendkívül fontos szerepet játszik a peptidbemutatás hatékonyságában. A mutációk minőségét az adott tumorra jellemző mutációs szignatúrák írják le, ezek pedig a tumort létrehozó mutagéntől függenek.

Kutatásom során a különböző mutációs szignatúrák által generált neopeptidek és azok HLA-kötésének variabilitását vizsgáltam. Számítógépes szimuláció segítségével nagy változékonyságot prediktáltam az eltérő mutációs szignatúrák neopeptidjeinek aminosavszekvenciáiban, különböző gyakori aminosavcseréket jósolva a különböző mutációs szignatúrákra. Szintén erős variabilitást mutattam ki a különböző HLA-allélok peptidkötő specificitásában az általuk bizonyítottan megkötött peptidek alapján. Végül pedig az eredményeim alapján különböző peptidkötő hatékonyságú mutációs szignatúra-HLA-allél párok létezését várom. Ez alapján várhatóan megállapíthatunk kockázatot jelentő és protektív HLA allélokat különböző tumortípusok esetén, illetve eredményeink segíthetnek előrejelezni az immunterápia sikerességét, ismerve a tumortípust és a beteg HLA-genotípusát.

Bioinformatika és evolúciobiológia tagozat

OSZOLI ISTVÁN*oszolipisti@gmail.com*

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Zachar István Péter**tudományos főmunkatárs, MTA Ökológiai Kutatóközpont, Evolúciótudományi Intézet,
Budapest, Magyarország*

Az aggregatív többsejtűség kialakulásának csoportselektációs modellezése

A többsejtűség kialakulása alaposan kutatott témakör a nagy evolúciós átmenetek közül. Az evolúció során egymástól függetlenül többször kialakult. Két fő típusa a klonális (osztódás után együtt maradó) és az aggregálódó (inger hatására összegyűlő sejtek) többsejtűség.

Kutatásomban a térbeliség szerepét vizsgáltam a csoportselektáció és a többsejtűség kialakulásában. Térbeli modellben vizsgáltam kooperátor és csaló fenotípusok terjedését. Arra kerestem választ, segíti-e a gócképződés a kooperátorok túlélését időben, heterogén környezetben. Két sejtvonal található a modellben, mivel a rövid időhosszok miatt elhanyagoltam a mutációkat. Állandó környezetben a gyorsabban szaporodó csalók (gyorsabb növekedésűek, nem asszociálnak) kiszorítják a kooperátorokat (részt vesznek a csoportképzésben, lassabban szaporodnak). Rossz körülmények között (élelemhiány) a kooperátorok gócot képeznek, mellyel új területre jutnak. Céлом volt megtudni, hogy ha a legjobban asszociált góc kerül át az új élőhelyre, akkor az asszociálódás és gócképződés elég előnyt ad-e a kooperáló sejteknek a túlélésre. A kérdés megválaszolásához kétféleképpen kerültek ki a kolonizáló sejtek: véletlenszerűen és asszociáltság alapján.

Úgy találtam, hogy míg a legtöbb esetben a random sejt kiválasztódásnál a kooperáló sejtek hamar kihaltak, addig a góckereső sejt kiválasztódásnál nagyobb eséllyel éltek túl a következő kolonizációig. Összegzőképpen elmondható, hogy a többsejtűség kialakulásában szerepe van a térbeliségnek és a gócképződésnek.

Bioinformatika és evolúcióbiológia tagozat

JAMBRICH MÁRTON ANDRÁS*jambrich99@gmail.com*

Biomérnöki

MSc, 2. félév

Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi

Egyetem

Vegyésszmérnöki és Biomérnöki Kar

*Témavezető:**Dr. Dobson László**posztdoktori kutató, EMBL/ELKH-TTK*

A humán transzmembrán fehérje szerkezeti tér vizsgálata a TmAlphaFold adatbázis felhasználásával

A feltekeredés (folding) probléma a biológia több mint 60 éves megválaszolatlan kérdése, ami arra keresi a választ, hogyan határozza meg egy fehérje aminosav szekvenciája annak térszerkezetét. A kísérletes technikák fejlődésével a megoldott fehérjeszerkezetek száma exponenciálisan nő, azonban a feltekeredés biofizikai leírására nem létezik olyan modell, ami belátható időn belül képes meghatározni akár csak egyetlen fehérje szerkezetét. A DeepMind 2020-ban kifejlesztett mély gépi tanuláson alapuló módszere, az AlphaFold2 (AF2) hatalmas mértékben javította a szerkezetbecslés pontosságát, és már egy évvel a megjelenése után is megreformálni látszik a szerkezeti biológia területét.

Mind a kísérletes, mind a számítósos módszerek esetén szűk keresztmetszetet jelent a transzmembrán (TM) fehérjék szerkezetének meghatározása. Ezen fehérjék peptidlánca két különböző környezetben halad át, vízzoldható és lipizoldható környezetben. Ezen körülmények között a feltekeredés leírásához speciális biofizikai megfontolásokat kell alkalmazni, amely figyelembe veszi az eltérő fázisokat, továbbá ezen fehérjék kísérletes szerkezetmeghatározása is speciális körülményeket kíván meg. Bár a TM fehérjék a teljes humán proteom 25-30%-át teszik ki, továbbá ezek a leggyakoribb gyógyszer-célpontok, mégis mindössze a megoldott szerkezetek ~4 százaléka tartozik ebbe a csoportba, és a számítógépes becslések pontossága is elmarad ezen fehérjék esetén a globuláris fehérjékhez képest.

Bár az AF2 minden fehérjének képes modellezni a szerkezetét, de mint minden módszer, ez is hibával terhelt lehet. TM fehérjék esetében a hibák egyik fő forrása lehet, hogy a tanítás során az ismert TM szerkezetek száma nagyon alacsony volt. A nemrég fejlesztett TmAlphaFold adatbázis tartalmazza az AF2 által becsült TM fehérje szerkezetek membrán lokalizációját, valamint listázza azokat a szerkezeti hibákat, amelyek téves becslésre utalnak. Ezek az adatok lehetővé teszik az AF2 által becsült TM fehérje szerkezetek proteom szintű analízisét.

Munkám során bemutatom, hogyan változtatta meg az AF2 a humán TM fehérjék szerkezeti terének lefedettségét, továbbá megmutatom, melyek azok a TM fehérjék és fehérjecsaládok, amelyeknél az AF2 pontossága alacsonyabb és nem rendelkeznek kísérletesen megoldott szerkezettel, ugyanis ezen fehérjék szerkezetének megoldásából profitálhat a legtöbbet a szerkezeti biológia és a gyógyszerhatóanyag fejlesztés.

Biokémia és szerkezeti biológia tagozat

NYIRI MÁRTON PÉTER*nymartonp@student.elte.hu*

Biotechnológia

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Kardos József**adjunktus, ELTE TTK**Dr. Micsonai András**adjunktus, ELTE TTK*

Nanoműanyagok amiloidogén fehérjék szerkezetére gyakorolt hatásának vizsgálata

A nanorészecskék a környezetben előforduló nanométeres mérettartományba eső anyagok és anyagtöredékek. Ezen tartományban a molekulák és különböző anyagok között fellépő kölcsönhatások megváltoztathatják a molekulák fizikokémiai paramétereit és tulajdonságait. A nanorészecskék vizsgálata iránti érdeklődés az elmúlt időkben rendkívüli módon megnőtt, köszönhetően annak, hogy egyszerre rejlik bennük rendkívül nagy potenciál és fenyegetés is. Ezek az anyagok képesek hatást gyakorolni a szervezetben és a környezetben előforduló fehérjékre (Hildebrand és mtsai., 2018). A nanorészecskékkel való kölcsönhatás során a fehérjék konformációváltozást szenvedhetnek, részben vagy egészben denaturálódhatnak (Roach és mtsai., 2005). Ezért a fehérjék és nanorészecskék közötti kölcsönhatások kialakulásának következményeit elengedhetetlen megismerni ahhoz, hogy feltérképezhessük környezeti hatásait. Kutatásunk során nanorészecskék fehérjeszerkezetre gyakorolt hatásait vizsgáltuk ThT fluoreszcencia, CD és SRCD spektroszkópia, elektronmikroszkópia és citotoxicitási mérések segítségével. Eredményeink rámutatnak arra, hogy polisztirol nanorészecskék már kis mennyiségben is befolyásolják az Alzheimer-kórban érintett amiloid- β fehérje aggregációjának folyamatát. Azt is feltártuk, hogy a részecskék gyorsan és viszonylag nagy mennyiségben képesek megkötni a fehérje monomer formáját a felszínükön, amely befolyásolja a fehérje aggregációs képességeit.

Biokémia és szerkezeti biológia tagozat

DÉNES LAURA*denes.laura.ekg@gmail.com*

Biotechnológia

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Reményi Attila**tudományos tanácsadó, ELKH Természettudományi Kutatóközpont**Dr. Alexa Anita**tudományos munkatárs, ELKH Természettudományi Kutatóközpont*

RSK (Riboszomális fehérje S6-kináz) aktivitás tanulmányozására alkalmas kísérleti rendszer kidolgozása

A jelátviteli útvonalak a sejtek szabályzásában fontos szerepet betöltő információs hálózatok, amelyek a fehérjék közti kölcsönhatások által továbbítják a sejten kívülről érkező jeleket a belső célpont felé, aminek következtében a sejt működése módosulhat. Az egyik ilyen útvonal a mitogén-aktivált protein kináz (MAPK) kaszkád, amelynek a résztvevői a sejt felszíni receptoroktól a Raf kinázon át az ERK-ig szekvenciálisan aktiválják egymást. Az ERK (extracellular signal regulated kinase) egyik szubsztrátja az RSK fehérje (Ribosomal S6 kinase), amely fontos szerepet tölt be a sejt működésében, többek közt génexpresszió, apoptózis szabályzás és proliferáció tekintetében.

Az OTDK dolgozatom célja egy RSK enzim aktivitás mérésére alkalmas szenzor tervezése, előállítás és optimalizálása, amely szenzor fehérje fragmens komplementáción alapul. A módszer alapja, hogy a NanoBit rendszer (Promega) luciferáz fragmensei olyan kölcsönható fehérjékkel vannak fúzionáltatva, amelyek közt az interakció az RSK foszforilációs eseményt követően történik meg. A Sos1 fehérje (Son of Sevenless homolog 1) ismert RSK szubsztrát, és az általa történő foszforilációját követően a 14-3-3ε fehérjéhez köt. Ennek a kölcsönhatásnak a sejten belül betöltött szerepe az ERK-jelpályára tett negatív visszacsatolásban nyilvánul meg. Ezen három fehérjének a kölcsönhatásait kihasználva terveztem meg a szenzort, állítottam elő a rendszer komponenseit bakteriális expressziós rendszerben és *in vitro* mérésekkel optimalizáltam a mérési körülményeket. A szenzort sikerült optimalizálnom, amely alkalmas RSK aktivitás és RSK inhibitorok jellemzésére, amit szintetikus peptid inhibitorok tesztelésével bizonyítottam.

Biokémia és szerkezeti biológia tagozat

LÁSZLÓ DALMA*laszlodalma@uni.sapientia.ro*

Génsebészeti

BSc, 8. félév

Sapientia Erdélyi Magyar Tudományegyetem

Csíkszeredai Kar

*Témavezetők:**dr. Albert Beáta**egyetemi professzor, RO EMTE CSK**dr. Salamon Pál**egyetemi tanársegéd, RO EMTE CSK*

**Ipari léptékben hasznosítható enzimek termelésének korszerűsítése
autoindukciós eljárást alkalmazva**

A biotechnológia területein alkalmazott módszerek közül kiemelkedően fontos szereppel bír a rekombináns fehérjetermelés. A módszer optimalizálására legalkalmasabb mikroorganizmus az *Escherichia coli* baktérium, mely gazdaságos tápanyagigényét és könnyen kivitelezhető tenyésztési körülményeit figyelembe véve közkedvelt gazdaszervezet. Az autoindukciós módszert alkalmazva növelhetjük az oldott formában termelődött rekombináns fehérje hozamát és megelőzhetjük az indukálás előtt elkezdődő fehérjetermelést. A módszer optimalizálása elősegítheti az ipari léptékű fehérjetermelés hatékonyságának növelését is.

Kutatómunkánk célkitűzései közé tartozott a különböző autoindukciós táplevesekben (ZYM, ZYP, autoindukciós M9) vizsgálni a módszer hatékonyságát. A különböző szénforrás/indukálószer arány változtatásának hatását követve meghatározni a leghatékonyabb expresszió paramétereit.

Kutatásaink során *Escherichia coli* baktérium törzsekbe transzformáltuk a rekombináns fehérje génjét tartalmazó plazmidokat, majd mikrotitráló lemezen végeztük a fermentációt különböző körülményeken, a céltermék hozamának optimalizálása érdekében. A termeltetett rekombináns fehérjék a zöld fluoreszcens fehérje (GFP) illetve az Aurora-kináz A (AURKA) voltak. A termelődött rekombináns fehérjék koncentrációját a GFP fluoreszcens tulajdonságainak köszönhetően, fluorimetriás eljárással mértük. A kísérletek eredményei alapján elmondható, hogy a rekombináns fehérjék oldott formában termelődtek és kivédtük az indukció előtti fehérjetermelést.

Biokémia és szerkezeti biológia tagozat

BARTA HENRIETT*bahenriett@gmail.com*

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Pál Gábor**Docens, ELTE TTK**Nagy Zoltán Attila**PhD hallgató, ELTE TTK*

A komplement rendszer gátlása az opportunisták kórokozókba származó ecotin ortológok közös jellemzője

Az ecotin (*Escherichia coli* tripszin inhibitor) egy kanonikus szerin proteáz inhibitor, amelyet először az *Escherichia coli* periplazmájából izoláltak. Az *E. coli* ecotinról korábban kimutatták, hogy képes gátolni a hasnyálmirigy fő emésztőenzime mellett a véralvadási és fibrinolitikus kaskád egyes tagjait is, azaz szokatlanul széles specifitású. Kutatócsoportunk feltárta, hogy az *E. coli* ecotin gátolja a komplementrendszer három MASP enzimét is: a MASP-1 és MASP-2 gátlása révén az ecotin blokkolja a lektin útvonalat, ami lehetővé teszi az *E. coli* túlélését humán szérumban. Számos kórokozó, köztük a multidrog rezisztencia kialakítására különösen hajlamos ESKAPE csoport tagjai, ecotin ortológokat termel. A patogén ecotinok által megcélzott *in vivo* enzimek és antimikrobiális útvonalak még nem tisztázottak.

Kutatásom célja, hogy azonosítsam ezeket a célpontokat nyolc patogén ecotin ortológjának vizsgálatával. Ecotin-kiütött *E. coli* törzsekben expresszáltam az ortológokat, a rekombináns fehérjéket homogenitásig tisztítottam, és normál humán szérumban teszteltem a három komplement útvonalon. Megállapítottam, hogy legtöbbjük gátolja az ellenanyag-független alternatív és a lektin útvonalakat, míg csak a *P. fluorescens* ecotin fejt ki effektív gátlást az ellenanyagfüggő klasszikus útvonalon. Egyensúlyi gátlási állandó (K_i) formájában meghatároztam az ortológok gátlási hatékonyságát tisztított rekombináns szerin proteázokon. Egyes esetekben szubnanomoláris K_i értéket mértem, amely erős gátlást jelez.

Összességében, bár a gátlási profilok kórokozóként megfigyelt eltérései némileg különböző immunelkerülési stratégiákra utalhatnak, az ecotin ortológok világos közös, központi szerepe, hogy megvédjék a patogéneket a veszélyes immunrendszer támadásaival szemben. Ecotin-blokkoló molekulák kifejlesztésével olyan egyedülálló antibiotikumok fejlesztésére nyílna lehetőség, amelyekkel a szervezetet támadó patogén baktériumok védtelenné válnak a komplementrendszer pusztító támadásával szemben.

Biokémia és szerkezeti biológia tagozat

SIPOS ANDRÁS

sipos2856@gmail.com

Biológus

MSc, 4. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Datki Zsolt László

tudományos főmunkatárs, SZTE-Interdiszciplináris Kutatásfejlesztési és Innovációs

Kiválósági Központ

A rotifer specifikus biopolimerek képzésének anatómiai háttere és biokémiai jellemzése

A rotiferek a természetes vízi környezetben élő, soksejtű, mikroszkopikus méretű állatok. Ezen mikrometazóák egyben validált modelljei a toxikológia, az öregedés- és gyógyszerkutatásoknak. A vizsgált fajok közül (pl. *Euchlanis dilatata* és *Lecane bulla*) többen is képesek egy biopolimer jellegű, exogén, fonalas exudátum termelésére. Ez az általunk elsőként leírt biotermék - nevezetesen a Rotimer - egy fehérje-szerű, komplex felépítésű, multifunkcionális molekula, amelynek képződése egységesen és szigorúan felületi töltés- és ionikus (oldott) kalcium függő folyamat. A Rotimer az adhéziós, antiszeptikus és filtrációs jellegével egyszerre védő hatású és ragasztó jellegű anyag a rotiferek számára. E viszkoelasztikus biomolekula képzését bizonyos mérettartományú mikrorészecskék (partikulumok) indukálják, minek eredményeként létrejön egy hálózatos Rotimer-Induktor Konglomerátum. Kutatásunk alapvető célkitűzése az említett monogonant fajok által kiválasztott biopolimerek anatómiai hátterének és képzésének feltárása, valamint a molekulakomplex biokémiai jellemzése. Munkánk során experimentális monitorozást, fluoreszcens mikroszkópiát és fehérje-gélelektroforézist alkalmaztunk. Eredményeink alapján novumként kijelenthető - a Rotimer felfedezésén túl - hogy sikerült egy valószínűsített magyarázatot adnunk a képzési folyamat anatómiai és fiziko-kémiai hátterére, valamint a fehérje komplex jellegére. Megalapoztuk a további lehetséges regulációs és applikációs lehetőségeket, akár ipari alkalmazás irányába is.

Biokémia és szerkezeti biológia tagozat

HORVÁTH BARNABÁS*horbar19@gmail.com*

Természettudományi és Informatikai Kar

MSc, 4. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Keller-Pintér Anikó**tudományos főmunkatárs, SZTE ÁOK**Köhler Zoltán Márton**kutató, SZTE ÁOK*

A tiloron metabolikus hatásai magas zsírtartalmú diéta esetén *in vivo* egérmodellben

A tiloron széles spektrumú antivirális (influenza, Ebola, SARS-CoV-2) hatása mellett képes fokozni az epitelsejtekben a TGF- β szupercsaládba tartozó BMP-k (bone morphogenetic proteinek) expresszióját. A BMP-k a SMAD1/5/8-at foszforilálják, mely a SMAD4-gyel komplexet képezve többek között a GLUT4 transzkripcióját befolyásolja. A BMP jelút a GLUT4 szintézis növelése mellett a sejtmembránba történő áthelyeződését is szabályozhatja inzulin jelenléte nélkül a PI3K/Akt2/AS160 jelpálya által. Napjaink egyik vezető halálozási oka a 2-es típusú cukorbetegség, melynek kialakulásához nagymértékben hozzájárulhat a helytelen táplálkozás. Munkánk célja a tiloron BMP indukáló és glükózfelvételt befolyásoló hatásának vizsgálata magas zsírtartalmú étrend esetén *in vivo* egérmodellben. Kísérletünk során 12-14 hetes, hím C57BL/6 egereket alkalmaztunk. Az állatokat 3 csoportba osztottuk, egy normál táppal és 2 magas zsírtartalmú táppal etetett (60% zsírtartalom, high fat diet, HFD) csoportba, melyek közül az egyiket a 3. héttől kezdve 3 naponta intraperitoneálisan tiloronnal (25 mg/ttkg) oltottuk. A kísérlet 6 hetes időtartama alatt hetente mértük a testtömeget és vércukorszintet, valamint az utolsó héten a glükóz toleranciát. PET/CT-vel radioaktív glükóz analóg (18FDG) felvételt és a szövet szerinti eloszlását mértük. A kísérleti idő végeztével vizsgáltuk a szerv- és izomtömegeket, a máj lipid akkumulációját, továbbá a fehérjék expresszióját és foszforilációját Western blot technikával. Jelentős súlygyarapodást, emelkedett vércukorszintet és csökkent glükóz toleranciát tapasztaltunk a HFD hatására, melyet a tiloron csökkentett. A HFD fokozta a hasi zsír mennyiségét, továbbá csökkentette a vizsgált vázizmok, szív és máj tibiahosszra normalizált tömegét. A PET/CT eredmények alapján a tiloron javítja a vázizom, zsírszövet, szívizom és máj 18FDG felvételét. Az AS160 foszforilációja és a GLUT4 expresszió fokozódása a tiloron kezelés hatására szignifikánsan megemelkedett. A máj hisztológiai vizsgálata alapján a HFD hatására diffúz, dominánsan mikrovezikuláris steatosis (S3/3) alakult ki a mintákban, a tiloron hatására ezen vezikulák száma és mérete csökkent. Eredményeink alapján a magas zsírtartalmú diétával szembeni számos pozitív hatása felveti a tiloron, illetve az általa indukált jelpálya alkalmazásának lehetőségét az antidiabetikus terápiában, mely további vizsgálatokat igényel.

Biokémia és szerkezeti biológia tagozat

FARKAS EMESE VIVIEN*emese.farkas99@gmail.com*

Biotechnológia

MSc, 3. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezetők:**Dr. Lontay Beáta**egyetemi docens, DE ÁOK**Keller Ilka**PhD hallgató, DE ÁOK***A smoothelin-szerű 1 fehérjét mimikáló peptid hatása az inzulinrezisztens endometriális sejtekre**

A terhesség alatt expresszáldó szteroid hormonok hatására jelentős változások következnek be a simaizomzatban. A progeszteron és a 17β -ösztradiol a megfelelő nukleáris hormonreceptoraihoz kötődik, koordináltan megváltoztatva a génexpressziós mintázatokat a megfelelő célszövetekben. A simaizom kontraktilis aktivitását szabályozó fő mechanizmus a miozin 20kDa könnyű lánc (MLC20) Ca^{2+} /kalmodulin-függő miozin könnyű lánc kináz általi foszforilációja, míg a relaxációt az MLC20 miozin foszfatáz (MP) általi defoszforilációja váltja ki.

A smoothelin-szerű 1 fehérje (SMTNL1) expressziója a terhesség során a méh- és vaszkuláris simaizomban indukálódik. Az emelkedett progeszteronszint hatására az SMTNL1 Ser-301 oldalláncán foszforilálódik a protein kináz A és G által. Emellett az SMTNL1 fehérje citoplazmatikusan képes a MP-hoz kapcsolódni, fehérje-fehérje kölcsönhatás által gátolva a fehérje aktivitását, így szabályozva a sejtek kontraktilitását. Emellett közvetlenül befolyásolja a simaizom és hámsejtek citoskeletális tulajdonságait, ezáltal a trofoblasztok implantációját.

Kutatásomban az Ishikawa endometriális adenokarcinóma sejteket használtam kontroll kezeletlen, kontroll terhes (MPA), illetve gesztacionális diabetes (GDB) állapotokat modellezve. Immunfluoreszcenciás festési eljárást alkalmaztam, ahol a MP MYPT1 szabályozó alegységének, illetve a MLC expressziós és foszforilációs szintű változásait követtem nyomon. Továbbá *in vitro* scratch assay segítségével vizsgáltam az SMTNL1 Ishikawa sejtek migrációjára kifejtett hatását. A kapott eredmények molekuláris hátterét SDS-PAGE és Western Blot analízissel vizsgáltam, ahol a ChemiDoc műszer által regisztrált jelintenzitást az ImageJ program segítségével numerizáltam. Az adatok összegyűjtését és statisztikai elemzését a GraphPad Prism 9 program segítségével végeztem.

Eredményeink összefoglalásaként azt találtuk, hogy az SMTNL1 progeszteron jelenlétében fokozottan csökkenti a MYPT1 expresszióját. Továbbá egy eddig még nem jellemzett úton, annak gátló foszforilációját fokozza, így gátolva a MP holoenzimet; ezzel a MP szubsztrátjának, a MLC20 fokozott foszforilációját eredményezve. Ezáltal a sejtek citoskeletális tulajdonságait módosítva, a migrációt kontroll körülmények esetén protein-protein interakcióval az SMTNL1 gátolja. GDB körülmények esetén az SMTNL1 génexpressziós szinten szabályozza a MYPT1 expresszióját, ráadásul gátló foszforilációját emelve csökkenti a sejtek migrációs kapacitását.

Biokémia és szerkezeti biológia tagozat

MARUZZS BRIGITTA ALEXANDRA*maruzsbrigi@gmail.com*

Információs Technológiai és Bionikai Kar

MSc, 11. félév

Pázmány Péter Katolikus Egyetem

Információs Technológiai és Bionikai Kar

*Témavezetők:**Gáspári Zoltán**Egyetemi docens, PPKE ITK**Péterfia Bálint**Tudományos főmunkatárs, PPKE ITK*

**A poszt-szinaptikus Homer-1 fehérje EVH1 doménjének NMR alapú
jelhozzárendelése és dinamika vizsgálata**

A központi idegrendszer alaki és funkcionális egységei a neuronok, melyek egymással egy rendkívül szerteágazó és kifinomult szinaptikus hálózatot létesítenek. Ezen hálózat tanulmányozásával tudunk részletesebb információkat nyerni olyan alapvető agyi folyamatokról, mint a tanulás vagy a memória. A poszt-szinaptikus denzitás (PSD) egy sűrű fehérjeréteg, mely a serkentő szinapszisokban a fogadó sejt membránja alatt található, ezáltal kulcsfontosságú tényező a szinaptikus folyamatokban. A Pázmány Péter Katolikus Egyetem Molekuláris Biotechnológiai Laboratóriumában ezen struktúra fehérjeit vizsgáljuk.

A Homer és a Shank fehérjék a PSD vázának fő állványfehérjéi közé tartoznak. Jelen kutatás fő témája a Homer1 fehérje EVH1 (Ena/VASP homology domain1) doménja, mely a más fehérjékkel – köztük a Shank prolin gazdag régiójával – történő interakciók kialakításáért felel. Kutatásom fő célja, hogy részletes leírást adjak a domén szerkezetéről és dinamikájáról. Emellett a domén autizmus spektrum zavarral (ASD) összefüggésbe hozható mutációit és az azok által a domén szerkezetében és dinamikájában bekövetkező változásokat is vizsgálom. Ennek eléréséhez egyrészt mágneses magrezonancia (NMR) mérések, illetve azok kiértékelése, másrészt nagytisztaságú, izotópjelölt rekombináns mutáns EVH1 domének előállítása szükséges. A korábban a vad típusú mintáról felvett NMR spektrumok alapján először a főlánc jelhozzárendelését végeztem el, mely az aminosavak nagy százalékának beazonosítását lehetővé tette, így a fehérje belső dinamikájának elemzését is meg lehetett kezdeni ezen eredmények alapján. A mutáns EVH1 konstrukciók előállításához először azok in vitro mutagenézisét kellett elvégezni, melynek eredményeképpen külön-külön az M65I és S97L pontmutánsokat tartalmazó plazmidokat kaptunk. Először jelöletlen, majd 15N jelölt fehérjéket állítottam elő, melyeket *Escherichia coli* baktériumokban termeltem, majd az NMR mérésre alkalmas mintákat kromatográfiás tisztítási lépésekkel állítottam elő. A spektrumok a Debreceni Egyetem Szerves Kémia Tanszékén lettek felvéve. Emellett cirkuláris dikroizmus és triptofán fluoreszcencia spektroszkópiás méréseket is végeztem. A mutáns és vad típusú mintákról felvett eredményeket összehasonlítottam és kiértékeltem. A jövőben a szerkezeti és dinamikai számolásokat szeretném finom hangolni, tovább elemezni a vad típusú és mutáns minták közti különbségeket, továbbá interakciós vizsgálatokat szeretnék végezni a Shank és Drebrin fehérjékkel.

Biokémia és szerkezeti biológia tagozat

LÁSZLÓ SZILVIA*laszloszilvia@uni.sapientia.ro*

Génsebészet

BSc, 6. félév

Sapientia Erdélyi Magyar Tudományegyetem
Csíkszeredai Kar**TOMPOS GELLÉRT***tomposgellert@uni.sapientia.ro*

Génsebészet

BSc, 6. félév

Sapientia Erdélyi Magyar Tudományegyetem
Csíkszeredai Kar*Témavezetők:**dr. Bálint Emese-Éva**egyetemi adjunktus, RO EMTE CSK**dr. Salamon Pál**egyetemi tanársegéd, RO EMTE CSK*

SARS-CoV-2 vírus kimutatása RNS extrakció nélkül RT-qPCR-el

A súlyos akut légzőszervi szindrómát kiváltó SARS-CoV-2 koronavírus 2019. év decemberi megjelenése és gyors terjedése világjárványt okozott. Megnőtt az igény a fertőzöttek molekuláris diagnosztikai módszerrel való azonosítására, amelyre a legmegfelelőbb módszernek a kvantitatív reverz transzkripción alapuló polimeráz-láncreakció (RT-qPCR) bizonyult. Tudományos kutatásunk célja az RNS extrakció optimalizálása a SARS-CoV-2 vírussal fertőzött kórházi betegek diagnosztizálására, amely során a virális RNS extrakciója nélkül is detektálható annak jelenléte. Ezáltal jelentősen csökken a tesztelés idő-, illetve költségigénye, mindeközben egyszerűbb a módszertan, továbbá kisebb környezeti terheléssel is jár ezen folyamat. Munkánk során azt tapasztaltuk, hogy az extrakcióhoz hasonlóan, azon mintákban is, ahol nem történt RNS izolálás, mindössze sejtfeltárás és hígítás, az RT-qPCR reakció folyamata végbement és a SARS-CoV-2 vírusra jellemző három vizsgált gén (E, RdRp, N) kimutatása sikeres volt. Megfigyeltük, hogy a vizsgálandó minták SARS-CoV-2 mennyiségi kimutatására mindhárom fluorofór esetében (FAM, Cal Red 610 és Quasar 670) a nagyobb (12,5×-es) hígítás a kedvezőbb. Esetenként előfordult az is, hogy nagyobb vírusrmennyiséget tudunk kimutatni az extrakció mentes sejtfeltárás során kapott mintákból, az extrakcióval történő sejtfeltáráshoz képest. Konzekvenciaképp elmondható, hogy az extrakció mentes sejtfeltárás során, 12,5×-es hígításban hatékonyan ki lehet mutatni a SARS-CoV-2 vírusra jellemző 3 vizsgált gént (E, RdRp, N), akárcsak az extrakcióval történő RNS izolálással.

Biokémia és szerkezeti biológia tagozat

SZOLNOKI ZSUZSA BOGLÁRKA*b.szolnoki.brs@gmail.com*

Biomérnök

BSc, 5. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Juhász László**tudományos munkatárs, SZTE ÁOK*

**Az elektrontranszportlánc működési zavarai kinurenin aminoszferáz
enzimhiányos egerekben**

Bevezetés: A kinurénsav (KYNA) a triptofán metabolizmus végterméke, a kinurenin aminoszferázok (KAT) által képződik az L-kinurenin (L-KYN) irreverzibilis transzaminációja során. Az exogén KYNA és szintetikus analógjainak (SZR-72 és SZR-104) pleiotróp sejt szintű- és mitoprotektív hatásait szisztémás gyulladásban korábban kimutatták, azonban nem áll rendelkezésre információ, hogy az endogén KYNA képződés csökkenése hogyan befolyásolja az elektrontranszportlánc (ETS) működését. Ezért jelen munkánkban az endogén KYNA szintéziséért felelős KAT enzim hiányának mitokondriális hatásait vizsgáltuk újonnan létrehozott kinurenin aminoszferáz I és II génkiütött (KAT I KO és KAT II KO) egértörzsekben.

Anyag és módszer: Kísérleteinkhez 8-10 hetes C57BL/6N vad típusú (kontroll csoport), KAT I KO és KAT II KO egereket használtunk (n=6/csoport; 25±2 g súlyú hím állatok). Az alaplégzést, komplex I- és II-függő oxidatív foszforilációt (CI és CII OXPHOS), továbbá az ETS IV-es komplexének aktivitását (CIV) nagyfelbontású respirometriával (Oroboros O2k, Ausztria) vizsgáltuk agyi (cerebellum, hippocampus, striatum) és májszöveti homogenizátumokból.

Eredmények: Mindkét KAT enzimhiányos törzsben jelentősen csökkent a CII-függő OXPHOS és CIV aktivitás a cerebellumban a kontroll csoporthoz képest ($P < 0,05$). Hasonlóan, a hippocampus területéről származó mintákban szignifikánsan alacsonyabb alaplégzést és CII-függő OXPHOS kapacitást mértünk a KO csoportokban. Míg a striatum CII OXPHOS csökkenő tendenciát mutatott ($P = 0,059$), a máj oxigénfogyasztásában nem találtunk jelentős különbséget egyik paraméter esetében sem.

Következtetés: Eredményeink alapján feltételezhető, hogy a KAT KO miatt csökkenő endogén KYNA szint hozzájárul az ETS funkció csökkenéséhez, ami a központi idegrendszerben élettani körülmények között is ATP deplációt eredményez.

PAPP REBEKA*papprebus97@gmail.com*

Biológia

MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Tóth Liliána**tudományos munkatárs, SZTE TTIK**Dr. Galgóczi László**egyetemi docens, SZTE TTIK*

Egy új, *Solanum lycopersicum* L.-eredetű defenzin termelése gomba-alapú expressziós rendszerekben

Az utóbbi évtizedekben óriási kihívást jelent a növénypatogén gombák által okozott kártételek leküzdése a mezőgazdaság számára. A probléma megoldására a jelenleg alkalmazott kémiai-alapú növényvédő szerekkel szembeni rezisztencia folyamatos terjedése rávilágított új, az eddigiektől alapjaiban eltérő antifungális stratégiák kifejlesztésének szükségességére. Szakirodalmi adatok alapján, a növények által termelt kisméretű, ciszteinben gazdag gombaellenes hatású defenzinek kiválóan megfelelnek erre a célra. Mezőgazdasági alkalmazásukat azonban megnehezíti az a tény, hogy ipari méretben történő előállításuk a mai napig nem megoldott. Munkánk során két különböző gomba-alapú expressziós rendszer (*Penicillium chrysogenum* és *Pichia pastoris*) kidolgozásával, kísérletet tettünk egy *Solanum lycopersicum* L.-eredetű defenzin (K4CBP6) nagy mennyiségű termelésére. Eredményeink alapján mind a kettő rendszer alkalmas a K4CBP6 defenzin előállítására, azonban a *P. chrysogenum*-alapú rendszerben a megfelelően érett K4CBP6 mellett, egy az N-terminális végen arginin hiányos változat is megfigyelhető volt. Ezzel ellentétben, a *P. pastoris*-alapú rendszerben a K4CBP6-nak az N-terminális végen számos aminosavval hosszabb változata is megfigyelhető volt. A *P. pastoris*-alapú rendszer nagyobb mennyiségben volt képes előállítani a K4CBP6-ot, mint a *P. chrysogenum*-alapú, de az előbbiek alapján, ez utóbbi jobban biztosította a fehérje megfelelő érését. Elektronikus cirkuláris dikroizmus (ECD) spektroszkópiás vizsgálatok kimutatták, hogy a *P. chrysogenum*-alapú rendszer által termeltetett fehérje hordozza a defenzinre jellemző másodlagos szerkezeti elemeket (α -hélix, β -redő, diszulfid-hidak). Az ECD spektrumok alapján megfigyelhető volt az is, hogy az arginin hiányos fehérje másodlagos szerkezetét és feltekeredett állapotát az arginin hiánya nem befolyásolja. Az előállított K4CBP6 antifungális hatékonyságát érzékenységi tesztben vizsgáltuk növénypatogén fonalgombákkal szemben. Ennek során, a *Cladosporium herbarum* esetében gátolt növekedést és a hifák kóros morfológiai elváltozását figyeltük meg az alkalmazott K4CBP6 koncentrációtartományban. Eredményeink alapján a *P. pastoris*-alapú expressziós rendszer inkább alkalmas a K4CBP6 ipari mennyiségben történő előállítására és további módosítások után a fehérje megfelelő érése is megoldható.

T. L. kutatását a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Hivatal (NKFIH) támogatta a PD 134284 azonosítószámú pályázat keretében.

HENKRICH MIKSA*miksa.henkrich@gmail.com*

Biológia

BSc, 7. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Tombácz Dóra**egyetemi docens, SZTE SZAOK Orvosi Biológiai Intézet**Gulyás Gábor**PhD hallgató, SZTE SZAOK*

Intesztinális mikrobiom-elemzési munkafolyamatok optimalizációja

Az intestinális mikrobiom komplex, kiterjedt mechanizmusok útján hatást gyakorol a gazdaszervezet egészségi állapotára. Számos, elsősorban életmódalapú betegség esetén feltételezzük, hogy a bélflóra fontos szerepet játszik a kóros folyamatok kialakulásában. A mikrobiom jobb megismerése új diagnosztikai és terápiás eljárások kidolgozásához és finomításához járulhat hozzá, azonban a kutatómunka során alkalmazott módszerek kidolgozottsága jelenleg még nem kielégítő.

A bél mikrobiom vizsgálata elsősorban a székletmintából izolált DNS- és RNS-állomány alapján zajlik, hiszen ezek szekvenciája számos értékes információt tartalmaz. Probléma ugyanakkor, hogy a mintagyűjtéstől a szekvenálási elemzésig tartó munka során használható különböző módszerek megközelítése eltérő, így fennáll a kockázata annak, hogy ugyanarról a mikrobiomról eltérő információkat nyerjen két eltérő metodikával dolgozó kutatócsoport. Ez a tudományos kutatási folyamatok és a klinikai alkalmazhatóság során szükséges sztenderdizáció útjában áll, hiszen nem garantált, hogy a különböző módszerrel nyert adatokat egymással összevethetőként lehet kezelni.

Hogy az egyes módszerek esetleges torzításait jobban megértsük, kutatócsoportunk megvizsgálta egy kutya székletminta metagenomját összesen négy DNS-izoláló, hat könyvtárkészítő, négy szekvenáló és öt bioinformatikai módszer használatával, ismert összetételű kontroll mikroba mix feldolgozása mellett. Kísérleteink során megállapítottuk, hogy az alkalmazott DNS-izoláló kitek egységnyi mintából eltérő koncentrációjú, tisztaságú és integritású DNS-t vonnak ki, és nem minden kit alkalmas hosszú leolvasással megszekvenálható DNS kinyerésére. Az egyes kitek a Gram-pozitív mikrobák sejtfalának lízisében is eltérő hatékonyságot mutatnak, ez pedig döntően befolyásolja a kapott eredményeket. A 16S rRNS taxonómiai markergén azonosításra használt régiója, a szekvenálás során alkalmazott platform, megközelítés és leolvasási hossz, valamint az alkalmazott bioinformatikai elemző szoftver mind befolyásolta a vizsgált minta taxonómiai összetétel-adatait.

Eredményeink hangsúlyozzák annak fontosságát, hogy a mikrobiom-kutatás során nagy körültekintéssel kell megválasztani a használt módszereket, figyelembe véve az egyes változók eredményekre gyakorolt hatását. A módszertanilag tudatos kutatómunka a mikrobiom-kutatás további nagy fellendüléséhez vezethet, és nagyban segítheti a terület ismereteinek gyógyászati alkalmazását.

DANI VIRÁG ÉVA*dani.virag.eva@med.u-szeged.hu*Biológia - Molekuláris, immun- és
mikrobiológia

MSc, 4. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Csabai Zsolt**egyetemi adjunktus, SZTE ÁOK**Dr. Tombácz Dóra**egyetemi docens, SZTE ÁOK*

Patogének túlélésének vizsgálata fotokatalitikus vékonyréteg felületeken

Az időközönként fellángoló világjárványok végigkísérték az emberiség történetét. Ezek a pandémiás időszakok nyitották fel az emberek szemét fajunk törékenységeire. Korunk egyik legsúlyosabb kérdése a multirezisztens baktériumok terjedése, illetve az új, mutáns vírusok megjelenése, melyek a későbbiekben még több és súlyosabb járványok megjelenését okozhatják. 2019-ben világszerte 1,27 millió haláleset közvetlenül az antibiotikum rezisztens baktériumok miatt következett be. Becslések alapján ez a szám 2050-re 10 millióra is nőhet, ami tömeges járványok megjelenését idézheti elő. E probléma ellen jelenthetnek megoldást az öntisztuló felületek alkalmazása, amelyek képesek eliminálni a különböző patogéneket. A plazmonikus titán-dioxid alapú, polimer nanohibrid film mindössze 1-1,5 μm vastagságú. Látható fénnnyel ($\lambda \geq 435 \text{ nm}$) történő bevilágítás hatására a fotoreaktív filmréteg felületén reaktív oxigén gyökök keletkeznek, melyek sikeresen degradálják a kis szerves molekulákat (benzoesav) és a nagy molekulatömegű fehérjéket (BSA) is. A BSA fehérjében bekövetkezett szerkezetbeli elváltozások miatt feltételeztünk egy lehetséges mikrobaellenes hatást, melyet laborunk *Pseudorabies* vírussal (PRV) le is tesztelt. A PRV az alfaherpeszvírusok közé tartozik, mely korunk legintenzívebben fertőző vírushajaihoz (koronavírus, influenzavírus) hasonlóan épülnek fel. Különböző tűskefehérjék borítják a membránjukat, melyek a sejtbe való be-, illetve kijutásában játszanak szerepet. Mivel a vírus felszínén találhatók ezek a fehérjék, így az immunrendszer ezeket ismeri fel. Vizsgálatunk során a vírusszuspenziót cseppfertőzést imitálva vittük fel a vizsgált felületekre, majd különböző környezeti kondíciókat változtatva határoztuk meg a felületen megmaradt életképes vírusokat. Az előbbiekben említett víruscsaládok minden tagja cseppfertőzéssel terjed, így különböző felületekre kerülve megtartják fertőzőképességüket. A munkánk során megfigyeltük, hogy a fotoreaktív felületre került vírusoknak drasztikusan csökkent a fertőzőképességük a kontroll felületekhez képest, így ez egy ígéretes módszernek tűnik a patogénnel szemben.

HARANGHY LAURA*haranghylaura@gmail.com*

környezetmérnöki

MSc, 4. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Bernula Péter**tudományos munkatárs, Bay Zoltán Alkalmazott Kutatási Közhasznú Nonprofit Kft.**Dr. Perei Katalin**egyetemi adjunktus, SZTE TTIK*

Metil-terc-butil-éter mikrobiális lebontásának vizsgálata fluid ágyas bioreaktorban

A gyorsan fejlődő motorizáció következtében számos területet érint a belsőégésű motorok üzemanyagából származtatható talaj- és talajvízszennyezés. A motorhajtóanyagokhoz kevert adalékok közül kiemelt jelentőséggel bír a metil-terc-butil-éter (MTBE), amely a benzin más komponenseihez mérten vízben jól oldódó vegyület. Az MTBE-szennyezés egyik forrásaként a földalatti tárolótartályokból történő szivárgás említhető meg, melynek következményeként nagy kiterjedésű szennyezőanyag csókák keletkezhetnek.

A bioremediáció költséghatékony és környezetkímélő megoldást kínál az üzemanyagokkal szennyezett területek kármentesítésére. A fluid ágyas bioreaktorok biológiai kármentesítés területén történő alkalmazásával a biodegradáció hatékonysága nagymértékben és célzottan növelhető. A töltet fluidizálása következtében megnövelt érintkezési felületen nagy tömegű biomassza képes megtapadni, amely magas konverziós hatásfokot eredményez.

Munkánk során egy saját fejlesztésű laboratóriumi fluid ágyas bioreaktor legfontosabb paramétereit vizsgáltuk, hogy tapasztalataink hozzájáruljanak egy terepen telepíthető bioreaktor sikeres, gazdaságos megtervezéséhez és üzemeltetéséhez. Kísérleteinkhez egy korábban izolált, az MTBE teljes lebontására képes mikrobiális konzorciumot használtunk. Mikrokozmosz tesztekkel határoztuk meg a baktériumok számára optimális hőmérséklettartományt és a kívánt hatékonyságú biokonverzióhoz elegendő nitrogén és foszfát mennyiségét. Továbbá, a reaktor terhelhetőségének felméréséhez vizsgáltuk a kezelendő víz beadagolás fokozatos növelésének hatását a rendszer stabilitására.

Folyamatos üzemen, az alkalmazott beállítások mellett hosszabb távon is megbízhatóan üzemeltethető terhelést maximálisan 175 l/nap térfogatáramban határoztuk meg, amely meggyőződésünk szerint tovább növelhető. A rendszer 97-99%-os biodegradációs hatásfokkal csökkentette a meghatározott 0,4 mg/l-es határérték alá a kezdeti 12-15 mg/l-es MTBE koncentrációt.

Az általunk tervezett és működtetett reaktor legnagyobb előnye, hogy hatékony és gazdaságos lehetőséget biztosít a terepi megvalósításhoz szükséges üzemeltetési paraméterek optimalizálásához. Az elrendezés alkalmas különféle szennyezőanyagok változatos körülmények között végbemenő lebontásának modellezésére, amely lehetővé teszi az univerzális felhasználást és a további fejlesztések elvégzését (például automatizálást), igazodva a kezelendő területre jellemző viszonyokhoz.

HARMATH ANDREA*harmath198@gmail.com*

Biotechnológia MSc

MSc, 3. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

Témavezető:

Dr. Pfliegler Valter

egyetemi adjunktus, DE TTK

Kompetitív in-host assay fejlesztése a *Saccharomyces 'boulardii'* probiotikus élesztő virulenciájának vizsgálatára

A *Saccharomyces 'boulardii'* probiotikus élesztőt, mely a *Saccharomyces cerevisiae* altípusa (Imre és mtsai., 2019), a bél egészséges működésére, valamint gasztrointesztinális megbetegedések megelőzéséhez és kezeléséhez használják (McFarland és Bernasconi, 1993; Liu és mtsai., 2016). Terápiás szerként is javasolják, mivel belfertőzések esetén jótékony hatása van (Zanello és mtsai., 2009). Ez a probiotikus terápia általánosan biztonságosnak ítélt (GRAS), azonban az utóbbi években beszámoltak több, *S. 'boulardii'* által okozott fungémiáról (Cherifi, 2004; McFarland, 2006; Thygesen, 2012). Napjainkban már genetikailag módosított probiotikum törzsek is létrehozhatók, valamint elképzelhető, hogy a közeljövőben egyre több, úgynevezett designer probiotikum jelenik meg a piacon.

A munkánk alapját egy szabadalom képezi, melyben a *S. 'boulardii'*-t génmódosítás segítségével felhasználták humán immunoglobulinból származó antitest-alapú kötőanyagok konstitutív termeltetésére, valamint ezen kötőanyagok kiválasztására. Az általuk használt módszer a CRISPR/Cas9 volt. Emellett egy másik szakirodalomban leírtak egy olyan plazmidon kódolt színmarkert (mRFP), amelynek élesztőben történő expressziója lila színű telepeket eredményez. Ezen tulajdonság a plazmid fenntartásának gyors szűrését teszi lehetővé *S. cerevisiae* sejtekben (Keppler-Ross és mtsai., 2008). Ezen szabadalom és a lila színmarkergént leíró szakirodalom ötvöztetésével megterveztünk egy törzset, mely a genomba integrálva hordozza az mRFP gént több kópiában.

Először megvizsgáltuk a vizsgált izolátumaink transzpozonkészletét, ezt követően megterveztük a gRNS-eket, amelyek a Cas9 enzimmel komplexet képeznek, specifikus DNS kettős szál törést eredményezve a *S. 'boulardii'* genomban található δ -szekvenciákban. Golden Gate reakciók révén összeállítottunk egy olyan plazmidot, amely kódolja a Cas9 enzimet, a nourseothricin markergént, valamint a gRNS-t. Ezen felül megterveztük az mRFP-t kódoló kazetta amplifikálásához szükséges primereket is, mely folyamatot megelőzően egy Oxford Nanopore szekvenálás, így megtudtuk az mRFP-t kódoló plazmid teljes szekvenciáját, aminek köszönhetően már meg tudtuk tervezni a megfelelő primereket.

BOKOR BARBARA*barbibokor2000@gmail.com*

Műszaki menedzser

MSc, 2. félév

Pannon Egyetem

Gazdaságtudományi Kar

*Témavezető:**Hülberné Beyer Éva Anna**Tanszéki mérnök, PE MK*

Itakonsav túltermelő *Aspergillus terreus* mikrogomba szekunder metabolit termelésének vizsgálata

A biotechnológia lehetőséget kínál számos vegyület – például szerves savak – környezetbarát előállítására. Ezek a fermentációs eljárások általában egy mikroorganizmus szintenyésztését alkalmazzák. Ilyen például az itakonsav glükózból történő előállítása *Aspergillus terreus* mikrogomba felhasználásával. Az itakonsav a vegyipar számára értékes alapanyag, amely kiválthatja a nagy mennyiségben felhasznált, fosszilis eredetű akrilsavat vagy metakrilsavat. Ez az *Aspergillus* törzs az itakonsav mellett kis mennyiségben más, értékes metabolitok előállítására is alkalmas. Ha sikerül ezek termelését fokozni, akkor a fő termék mellett ezen anyagok kinyerése is gazdaságossá válhat.

A kofermentáció – két vagy több mikrobafaj együttes tenyésztése – lehetőséget ad olyan anyagcsere utak aktiválására, amelyek a fajok közötti interakciókra adott válaszok. A folyamat hatékonyabbá teheti már ismert szekunder metabolitok előállítását, illetve akár új, eddig nem ismert metabolit molekulák is nyerhetők vele.

A talajból izolált *Aspergillus terreus* gomba evolúciója során számos *Bacillus* törzssel is kapcsolatba került. A szakirodalomban végeztek már sikeres kofermentációt ilyen mikroorganizmusokkal, mely során a gomba szekunder metabolitjainak mennyisége jelentősen nőtt ezeknek a baktérium törzseknek a jelenlétében.

Az itakonsav nem primer metabolit, a fermentációja hosszú ideig tart, mely során egyéb szekunder metabolitok is megjelennek a fermentáléban. A kutatómunkám során itakonsav előállítására optimalizált fermentációs rendszert módosítottam egy *Bacillus* törzssel, melyet az elvégzett kompatibilitási kísérlet eredménye alapján választottam ki. Vizsgáltam a fő termék és a mellette megjelenő szekunder metabolitok mennyiségének változásait. A kis mennyiségben jelen lévő metabolitok elválasztására nagy hatékonyságú folyadékkromatográfiás módszert alkalmaztam. A kofermentációs rendszer és a gomba axenikus tenyésztésének összehasonlítása során azt tapasztaltam, hogy a baktérium jelenléte negatív hatással van a gomba itakonsav termelésére, továbbá a megjelenő szekunder metabolitok mennyiségét illetően nincs szignifikáns különbség a két rendszer között.

Kulcsszavak: *Aspergillus terreus*, itakonsav, *Bacillus*, kofermentáció, szekunder metabolit

SZOLYKA LEVENTE*leventeszolyka@gmail.com*

Középiskolai hallgató
Szent Miklós Görögkatolikus Gimnázium és
Kollégium

*Témavezető:
Kovácsnai-Oláh Richárd
szakmai szolgáltató, DE TTK*

Vanádium(V)-ion hatása a *Saccharomyces bayanus* mikro-, makro-morfológiájára és alkohol kihozatalára

Kutatócsoportunk részben a fitoremediációs területeken nevelt növények új hasznosítási lehetőségeire fókuszál, különös tekintettel az alkohol-előállításra. Különbség a korábbi technikákhoz képest, hogy nem csak hőenergiát, hanem több célú felhasználásra alkohol is nyerhető. A vanádium a környezetben számos esetben szennyezőként van jelen (meddőhányók, alumínium-gyártás).

Munkánk során célunk volt a vanadát-ion hatásának feltárása a *S. bayanus* morfológiájára és alkohol-kihozatalára. Ezen túl vad élesztőtörzsek izolálása, biokémiai karakterizációja és az így nyert törzsek kondicionáltatása és összehasonlítása a fajélesztőkkel.

A vad törzsek izolálását erjesztett gyümölcsből végeztük. Sikeresen izoláltunk négy élesztőtörzset, amelyeket morfológiai és biokémiai sajátosságok alapján identifikáltunk; megvizsgáltuk a maximális alkohol-kihozatalukat. Ezen eredmények alapján szelektáltunk két magas alkohol-kihozatalú törzset (8,7-9,2 (V/V) %), amelyekre elvégeztük a vanadát-toxicitási tesztet. Ennek alapján megállapítottuk a vanadát-ion minimális teljes növekedés-gátló koncentrációt (MIC) a vizsgált törzsekre. A magasabb alkohol-kihozatalú izolált törzset kondicionáltattuk 130 mg/L vanádium-koncentrációig. A vizsgált törzsekre elvégeztük a fermentációs kísérleteket.

A vad típusú és a fajélesztő törzsek nem mutattak jelentős eltérést a toxicitási tesztek és az alkohol-kihozatal esetében. A kondicionáltatott törzseknél eltérést tapasztaltunk a fermentáció időtartamában, ugyanis ezen törzseknél maximális alkohol-kihozatal 2-3 nappal korábbi alakult ki. A vizsgált törzsek MIC50-értéke 50 és 100 mg/L közé esik.

A kondicionáltatott törzsek morfológiai vizsgálata során a kontrollokban rendre tipikus élesztő sejteket találtunk, míg a kezelt mintákban álhifás formák jelentek meg. Az általunk tanulmányozott sejtvonalak 0-50 mg/L tartományú vanadát-iont tartalmazó fermentációs táptalajon, alkalmasak bioremediációs és hidrometallurgiai felhasználásra.

CSORBA ZSÓKA*csrbzsk@gmail.com*

Biotechnológia

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Németh Krisztina**Tudományos főmunkatárs, ELKH Természettudományi Kutatóközpont, Kémiai Biológia
Kutatócsoport*

**Feltételesen fotoaktiválható, célzott hatóanyagleadás *in vitro* modellezésére
alkalmas sejtes tesztrendszerek fejlesztése**

A fotolabilis védőcsoportok hatásukban átmenetileg inaktivált hatóanyagok (pl. terápiás szerek) fénybesugárzás hatására történő, térben és időben kontrollált felszabadítását és ezzel aktiválását teszik lehetővé. Kutatócsoportunkban olyan bioortogonális funkciót viselő, fotolabilis védőcsoportokat állítottak elő, amelyek csak akkor válnak fényérzékennyé (feltételes fotoaktiválhatóság), ha bioortogonális partnerükkel elreagáltak (Klikk-reakció). A komplementer bioortogonális partnert megfelelő hordozóhoz kötve, a fénnel történő hatóanyag-felszabadítás helye a szervezeten belül irányíthatóvá válik, alkalmassá téve a rendszert célzott hatóanyagleadás megvalósítására. Munkám célja ezen koncepció *in vitro* tesztelésére alkalmas sejtes modellrendszer fejlesztése volt, mely lehetővé teszi a vegyületek célzott sejtbejuttatását, illetve a felszabadítás folyamatának megfigyelését is fluoreszcens mikroszkóppal. Munkám során a rendszer működését először egy bioortogonális funkciót viselő inzulin receptoron demonstráltam. Ezt követően e feltételesen fotolabilis konjugátumokat olyan biológiai hordozóhoz (folsav részletet tartalmazó peptid) kapcsoltam, melyek terápiás szempontból releváns tumormarker receptorfehérjét céloznak meg receptor-ligand kölcsönhatás kihasználásával, majd vizsgáltam alkalmazhatóságukat fluoreszcens mikroszkópiás módszerek segítségével.

GALAMBOS DÓRA VIKTÓRIA*gdori29@gmail.com*

Biomérnöki

BSc, 5. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezetők:**Dr. Máthéné Dr. Szigeti Zsuzsa**egyetemi adjunktus, DE TTK**Kovácsnai-Oláh Richárd**biológus, DE TTK*

***Saccharomyces* sejtvonalak monokultúrás és kokultúrás fermentációja szacharóz és keményítő szénforráson, nikkel(II)-ionok jelenlétében**

Kutatásunk motivációját a fitoremediációs technológia hulladéktermelésének minimalizálása, illetve a termékek optimalizálása adta. A klasszikus módszerben visszanyert hő és fém mellett az általunk kidolgozott eljárásban ipari alkohol is nyerhető. A körülmények megteremtéséhez a kutatócsoportunk Ni(II)-ion jelenlétében vizsgálta a keményítő szénforráson végrehajtott kokultúrás alkoholos fermentációt.

A főkísérlet körülményeinek optimalizálásához számos előkísérletet végeztünk, melyek során vizsgáltuk az általunk használt mikroorganizmusok toleranciáját a Ni(II)-ionra nézve (0-100 mg/L), keményítő hasznosításukat (0-1500 g/L), illetve az általunk használt élesztő sejtvonalak alkoholkivozatalát szacharóz szénforráson (150 g/L). Kutatócsoportunk a pilot kísérletek során összevetette az általunk izolált sejtvonalak vizsgálata során nyert tapasztalatokat ipari, illetve törzskönyvtári sejtvonalak eredményeivel.

A főkísérlet során azt tapasztaltuk, hogy keményítő szénforráson (60 g/L *Amylum maydis*, kénsavval részlegesen hidrolizált) végzett fermentáció Ni(II)-ion jelenlétében (37,5 mg/L), kokultúrás összeállításban 128,05%-kal magasabb alkoholkivozatalt ért el, mint monokultúrásan, mikroaerofil körülmények között. Arra a végkövetkeztetésre jutottunk, hogy a *Bacillus* sp. és *Saccharomyces* sp. (SC_NYH_1) kokultúrás fermentációja további vizsgálatokra javasolt.

A kutatás során felhasználtam munkatársaim által izolált *Saccharomyces* sp. (SC_NYH_1) sejtvonalat, valamint a fermentációs kísérletek során szintén munkatársaim által végzett gázkromatográfiás alkohol koncentráció meghatározás eredményeit. Minden egyéb munkát, felkészítést követően, önállóan végeztem.

Etológia, viselkedésetkológia, humánbiológia tagozat

KOZMA FERENC SÁNDOR*kozmafs@gmail.com*

Biológia

BSc, 5. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezető:**Dr. Lendvai Ádám Zoltán**egyetemi docens, DE TTK*

A kortikoszteron testtömegfüggő hatása örvös légykapó fiókák növekedésére

A fészeklakó madarak növekedési pályáját jelentős mértékben modulálhatja a növekedést meghatározó hormonális és egyéb környezeti tényezők kapcsolata. Recens kutatások feltételezték, hogy a növekedési körülményektől függően a fokozott energiaigényt jelző kortikoszteron eltérő hatással lehet a testtömeg gyarapodására. Eszerint a hipotézis szerint a növekedést befolyásoló hormonális rendszeren keresztül a jobb körülmények között fejlődő fiókák esetén a kortikoszteron serkenti, míg rosszabb körülmények között fejlődő fiókáknál gátolja a növekedést. Ezt a hipotézist teszteltük örvös légykapó fiókák egy terepi kísérletben. A vizsgálat során a fiókat különböző méretkategóriákba soroltuk, és az egyes kategóriákban belül a fiókák felét nem invazív módon kortikoszteronnal kezeltük. A kezelés minden méretkategóriában belül negatívan befolyásolta a növekedés ütemét, míg a fiókák kezdeti testtömege pozitív összefüggést mutatott a növekedési paraméterekkel. A kezelés hatását nem befolyásolta a fiókák kezdeti testtömege. Ugyanakkor sehol nem tapasztaltuk, hogy a kortikoszteron pozitívan hatott volna a növekedésre. A fenti eredményeket a fiókák ivara nem befolyásolta, bár a maximális növekedés szezonális változása eltért a hím és a tojó fiókák között. Kísérletünk nem támogatja a vizsgált hipotézist, és fényt derít arra, hogyan hat a kezdeti testtömeg a növekedésre. Későbbiekben a hipotézis alaposabb teszteléséhez a kísérlet során vett vérmintákból meghatározott plazma IGF-1 szintek, a kezdeti testtömeg, a növekedés és a kezelés adatait tervezzük összevetni. Vizsgálatunk összességében tehát betekintést nyújt a fiókák növekedési pályáját meghatározó tényezőkbe és felveti azt a kérdést, hogy annak kontextus-függő szabályozása milyen hormonális mechanizmusokon keresztül valósul meg.

A vizsgálat során az odúk felkutatását és rendszeres ellenőrzését, a kísérletes kezelést, az adatok rögzítését és a vérvételeket végeztem. Ezek a tevékenységek lefedik a terepi munkálatokat, melyek 64 napig tartottak. Továbbá a vérminták centrifugálását, eltárolását, rendszerezését, az adatok átvitelét elektronikus formába, az ábrák és táblázat készítését, az eredmények kiértékelését és az irodalmi áttekintést végeztem. A statisztikai elemzésekhez és az adatfeldolgozáshoz 33%-ban járultam hozzá.

Etológia, viselkedésetkológia, humánbiológia tagozat

RÁCZ DOROTTYA SZILVIA*dorottyaszilviaracz@gmail.com*

biológus

MSc, 1. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Boros Marianna**tudományos segédmunkatárs, ELTE TTK**Dr. Andics Attila**tudományos főmunkatárs, ELTE TTK*

A kutyaagy szófeldolgozás során mutatott fonetikai érzékenységének vizsgálata éber fMRI segítségével

A beszédfeldolgozás egyes lépései, mint a beszédhangok elkülönítése, illetve a hangsorok felismerése és a hozzájuk tartozó jelentés értelmezése nem humán-specifikusak, hanem például a kutya agyában is megtörténnek. Az emberéhez hasonló fonetikai finomhangoltság meglepte a kutyaénál azonban vitatott. Egy viselkedéses kutatás ugyan igazolni látszik, hogy egy-egy beszédhang cseréjének is jelentés-megváltoztató szerepet tulajdonítanak a kutyák, a kérdést vizsgáló EEG kísérletben viszont ennek ellenkezőjét találták. Ezzel párhuzamosan pedig az is ismeretlen, hogy a korábban azonosított, lexikális feldolgozásban szerepet játszó agyterületek érzékenyek-e a szavak fonetikai részleteire. Kutatásunk célja volt, hogy a kutyaagy beszédfeldolgozását vizsgáljuk, különös tekintettel a fonetikai érzékenységre lexikális feldolgozás során.

A kísérletben tizenkilenc éber, együttműködő kutyának játszottunk le parancsszavakat, azoktól csak egy-egy magánhangzóban eltérő értelmetlen szavakat és fonetikailag különböző nemszavakat, miközben a kiváltott agyi aktivitást funkcionális mágneses rezonancia képalkotás segítségével detektáltuk. A teljes agyat magába foglaló elemzés során kiterjedt bilaterális hallókérgi aktivitást találtunk az összes vokális inger csenddel szembeni összehasonlításakor, ami a paradigmánk helyes működését jelezte. Ezenkívül a region of interest elemzések segítségével azt is megállapítottuk, hogy egyes – korábbi fMRI tanulmányokban azonosított – lexikális feldolgozásért felelős agyterületeken belül mind az eredeti parancsszavak, mind a fonetikailag hasonló alakjaik eltérő módon kerültek feldolgozásra, mint a nemszavak, viszont a tényleges szavak és a fonetikailag hasonló hangsorok által kiváltott aktivitás nem különbözött egymástól. Kísérletünk eredményei tehát megerősítik, hogy egyes ismert, lexikális feldolgozásért felelős régiók a kutyaagyban elkülönítik egymástól a jelentéssel bíró szavakat és az értelmetlen nemszavakat, ezen túlmenően pedig azt is kimutattuk, hogy ezen agyterületek nem érzékenyek a szavak fonetikai részleteire.

A kísérlet során részt vettem az ingerek felvételében, megvágásában és összeállításában. Az adatgyűjtés során MR operátori feladatokat láttam el. Ezek után előkészítettem a funkcionális felvételeket a csoportszintű analízishez (előelemzés, egyéni szintű elemzés), majd elvégeztem a teljes agyra kiterjedő, illetve a region of interest elemzéseket.

Etológia, viselkedésetkológia, humánbiológia tagozat

CSONKA VERONIKA*veronikacsonka1@gmail.com*

Biológia

MSc, 9. félév

Állatorvostudományi Egyetem

*Témavezetők:**Dr. Vili Nóra**adjunktus, ATE**Zsinka Bernadett**PhD hallgató, ATE*

A kárpát-medencei parlagi sasok kelési diszperziójának vizsgálata az ivar és a territórium helyzetének függvényében

A kelési diszperzió, azaz a kikelési helyről az első szaporodási helyre történő átmozgás lehetőséget ad a beltenyésztettség elkerülésére, a rokonok közötti versengés csökkentésére és a kedvezőbb területek megtalálására. Ezen jelenség vizsgálata során nyert információk nagyon hasznosak lehetnek a fajvédelmi programok számára.

Magyarországon az 1980-as évek végén 15-25 parlagi sas (*Aquila heliaca*) pár költött, az állomány azóta többszöröződött. A populáció kis egyedszámról történő gyors növekedése miatt várható magas beltenyésztettség azonban nem volt kimutatható, ami valamilyen rokonelkerülési mechanizmus, például ivarfüggő kelési diszperzió meglétére enged következtetni. Kutatásunkban a diszperziós távolság ilyen jellegű ivarfüggését, valamint a territórium helyzetének esetleges befolyásoló hatását vizsgáltuk.

Elvégeztük 537 parlagi sas fióka és 223 költő madár kilenc mikroszatellita lókuszon alapuló egyedi azonosítását és molekuláris ivarhatározását, majd megkerestük a két korcsoportban az egyező genotípusú egyedeket. Fészekkoordináták alapján kiszámoltuk a diszperziós távolságokat, és megállapítottuk az egyes fészkek körüli lokális denzitást az adott fészkek körüli azévi legközelebbi szomszéd távolságok (NND) mediánjának kétszeresével húzott körben található fészkek száma alapján.

Az egyedi azonosítás során teljes egyezést 30 esetben (8 hím, 22 tojó) találtunk. A kelési diszperzió mediánja hímek esetében 30,36 km (SD = 13,27 km), tojóknál 46,50 km (SD = 55,90 km) volt. Brunner-Munzel-teszt permutációs változata alapján szignifikáns különbség mutatkozott a két ivar diszperziós távolsága között. A költő egyedek fészkei körüli denzitás csökkenést mutatott a kelési helyükhöz képest. A fióka-, illetve felnőttkori denzitás, valamint az ivar diszperzióra gyakorolt hatása sem bizonyult szignifikánsnak.

A hímek és tojók diszperziós távolságának eloszlása különbözött, ami a két ivar eltérő diszperziós stratégiájára, a kelési és költési hely denzitása között megfigyelhető csökkenő tendencia pedig negatív denzitásfüggésre utalhat. A statisztikai elemzést nehezítette a kevés fióka-költő egyezés, amit a szigorú azonossági feltételeken kívül a fiókák elvándorlása, vagy párba állásának esetleges alacsony sikere magyarázhat. Emiatt a továbbiakban fontos lenne bővebb markerkészlettel, valamint a kirepült fiókák mortalitását és költési sikerét figyelembe véve folytatni a vizsgálatot.

Etológia, viselkedésetkológia, humánbiológia tagozat

GYENESEI KATALIN ÉVA*kata637@gmail.com*

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Hajdu Tamás**egyetemi docens, ELTE TTK*

Győr-Kálvária összevont lelőhely késő vaskori embertani leleteinek biológiai antropológiai vizsgálata

A La Tène korszakban (Kr.e. 5. század második fele - Kr.u.1. század kezdete) a Kárpát-medence területén nagyszámú kelta népesség élt. A kelták birtuálisan temetkeztek: a korszak elején a csontvázas, később fokozatosan a hamvasztásos rítus vált dominánssá. A Győr-Kálvária összevont lelőhelyen feltárt, a Kr.e. 4. és a Kr.e. 2. század közé keltezett temetőrészlet 20 korhasztott és 2 hamvasztott egyén maradványait tartalmazta. Az oszteológiai anyag feldolgozásakor klasszikus embertani és makroszkópos paleopatológiai vizsgálatokat végeztem. A demográfiai eredmények a vaskori szériákra jellemző enyhe nőtöbbletet és a gyermekek alacsony számát mutatták. A maradványok megtartása miatt koponya- és hosszúcsontméretek kis számban voltak felvehetőek, az ép koponyák azonban a magyarországi keltákra jellemző morfológiai és metrikus jeleket mutatták. Az őskorban általánosan fellépő patológiás jelenségek (pl. a gerinc degeneratív elváltozásai, traumák, ízületi betegségek) mellett 3 koponyán egy komplex hormonális-anyagcsere megbetegedést is észleltem. Egy nagyméretű, mellékletekben gazdag, árokkal körülvett sírba temetett férfin diffúz idiopathias skeletalis hyperostosis (DISH) nyomai mutatkoztak, melyet főként a gerinc elülső szalagjainak elcsontosodása jellemez. Kialakulásában hajlamosító tényező lehet az elhízás, a mozgásszegény életmód, a magas vérnyomás és a II-es típusú diabetes is, így jelenléte a régészeti adatokkal egybehangzóan mutat az elhunyt magasabb társadalmi státuszára.

Etológia, viselkedésetkológia, humánbiológia tagozat

DOBOS PETRA*dobospetra1@gmail.com*

Biológia

BSc, 5. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Pongrácz Péter**habilitált egyetemi docens, ELTE TTK**Lenkei Rita**PhD hallgató, ELTE TTK*

A méret a lényeg: hogyan függ össze a kutyák önreprezentációja a problémamegoldással

A testtudat az önreprezentáció egyik építőeleme. Az e képességgel bíró egyed tisztában van azzal, hogy saját teste, illetve annak mérete a fizikai környezetben akadályt jelenthet. Meglétét embereken kívül csak pár állatfajnál sikerült eddig igazolni, így nemrégiben Tanszékünkön kutyák esetében is. A kognitív etológiában leggyakrabban használt módszerek azonban erősen leegyszerűsített problémahelyzetekre épülnek, így a természetes környezetben jellemző szituációk modellezésére kevésbé alkalmasak.

Ezért most azt vizsgáltam, hogy miként játszik szerepet a kutya döntéshozási folyamatában a testtudata, mikor egy új térbeli problémával találkozik, melynek egyszerre többféle megoldása is van. Itt az optimális megoldás gyors kiválasztásához a saját testméret jelentette korlátok ismerete nagy előnnyel járna a kutyáknak.

Kísérletemben a családi kutyáknak (N=68) egy 3 méter hosszú kerítés mögül kellett megszerezni a jutalmat. Két megoldás közül választhattak: átbújni egy ajtón, vagy megkerülni a kerítést. Három elrendezést használtam: zárt ajtó; nyitott kis ajtó, melyen a kutya nem fér át; és nyitott nagy ajtó, melyen a kutya átfér. A kis ajtó megközelítése, illetve a nagy ajtó helyett a kerülés nem optimális, azaz „hibás” megoldás.

Eredményeim szerint a kutyák felméri a nyitott ajtó méretét: ha az kicsi, inkább kerülnek; míg, ha az ajtó nagy, a többség egyből átmegy rajta. Minél nehezebb volt a feladat, annál többször néztek a kísérletvezetőre vagy a gazdára: leginkább zárt ajtónál, legkevésbé nyitott nagy ajtónál.

Kísérletemmel sikerült igazolni, hogy a kutyák egy, a természetes környezetben gyakorta előfordulóhoz hasonló, több megoldásos helyzetben is az önreprezentációs képességüket felhasználva döntenek. Próbálgatás nélkül, az akadály és saját testméretük függvényében választanak a megoldási lehetőségek közül.

Etológia, viselkedésetológia, humánbiológia tagozat

BAKOS VIKTÓRIA*bakosvikee@gmail.com*

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Pongrácz Péter**habilitált egyetemi docens, ELTE TTK**Vékony Kata**PhD-hallgató, ELTE TTK*

A kutya szociális státusza és kötődése közti összefüggés vizsgálata

A csoporton belüli hierarchia funkciója a limitált forrásokhoz való hozzáférés szabályozása anélkül, hogy a csoporttagok komolyabb sérüléseket okoznának egymásnak. Családi kutyák esetében általában nincsenek szűkében a klasszikus erőforrásoknak (élelem, pihenőhely), a hierarchiával kapcsolatos viselkedések mégis gyakran megfigyelhetők többkutyás háztartásokban. Úgy gondoljuk, hogy ez összefüggésben áll a gazda, mint fő (és egyben erősen „limitált”) forrás kisajátításával, ezáltal a kutyák kötődési és személyiségi típusaival.

Kutatásomban arra kérdésre kerestem a választ, hogy eltérő kötődési viselkedést mutatnak-e a kutyák a gazdájuk felé attól függően, hogy hol van a helyük az otthoni rangsorban. Feltételezésem szerint egy kötődési tesztben eltérően fog viselkedni az ugyanazon háztartásban élő domináns és alárendelt kutya.

Kísérletemhez a gazda által kitöltött kérdőívvel határoztam meg, hogy az együtt élő kutyák közül melyik a domináns és melyik az alárendelt egyed. Ezt követően minden kutyával elvégeztem a kötődés jellemzésére szolgáló „idegen helyzet tesztet”, mely során több fázisban figyeltem meg a gazdával, egy idegennel, valamint az egyedül mutatott viselkedést.

Kutatásom során végzett viselkedésteszt eredményei azt mutatják, hogy azok a kutyák, amelyek magasabb dominancia pontszámmal rendelkeznek, kevésbé mutatták stressz jeleit a kötődésteszt alatt. Eredményeim alapján elmondható, hogy bár az erős kötődés a gazda felé minden családi kutya esetén megfigyelhető, annak elemeiben a kutyák jelentős egyedi eltérést mutatnak, melyben a kutyák között kialakuló rangsorviszony, illetve annak stabilitása döntő szerepet játszhat.

Etológia, viselkedésetkológia, humánbiológia tagozat

RATKAI BONITA*bonitaratkai@gmail.com*

Biológus

MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

*Dr. Maák István Elek**egyetemi adjunktus, SZTE TTIK*

Az élőhelyszigetek hatása a hangyák funkcionális és viselkedésbeli jellegeire

A napjainkban tapasztalható éghajlatváltozás számos élőhely átalakulását, illetve eltűnését eredményezi, ami nagyban hozzájárul a biodiverzitás csökkenéséhez is. Ennek köszönhetően előtérbe kerülnek azon területek, melyek változatos körülményeket biztosítanak, ezáltal lehetővé téve különféle környezeti preferenciákkal rendelkező fajok fennmaradását, így hozzájárulva a biológiai sokféleség megőrzéséhez. Ilyen térségek a karsztterületek diagnosztikus felszínformái közé tartozó töbrök, melyek északi kitettségű lejtője és alja hűvösebb és nedvesebb, valamint kiegyenlítettebb mikroklímát biztosít, mint a környező mátrixot alkotó plató, így ezen felszínformák élőhelyszigetekként is funkcionálhatnak. Korábbi tanulmányok igazolták, hogy a töbrökben olyan hidegebb és nedvesebb körülményekhez alkalmazkodott növény- és hangyafajok is előfordulnak, melyek különböző funkcionális és viselkedésbeli jellegei eltérnek a környező platón előforduló fajokétól. Arról azonban keveset tudunk, hogy az eltérő környezeti körülmények milyen hatással vannak egy adott faj különböző populációira, melyek mindkét élőhelytípusban megtalálhatóak. Vizsgálatunkban arra kerestük a választ, hogy a töbrök sajátos és kiegyenlítettebb mikroklímájú élőhelyei hogyan befolyásolják az erdei bütyköshangya (*Myrmica ruginodis*) funkcionális, illetve viselkedésbeli jellegeit, melyek kulcsfontosságúak a fajok túlélési és szaporodási sikerének szempontjából. Bár vizsgálataink alapján az eltérő élőhelytípusoknak nem volt szignifikáns hatása a vizsgált erdei bütyköshangya (*M. ruginodis*) kolóniáink funkcionális és viselkedésbeli jelleg-mintázataira, eredményeink azt mutatják, hogy a töbrök sajátos körülményei jelentős hatással vannak ezen faj egyes funkcionális (pl. kolóniaméret, királynők, illetve ivaros alakok száma) és viselkedésbeli (pl. agresszivitás, felfedezőkézség, merészség) jellegeire és azok plaszticitására. Ezen vizsgálat fontos előrelépést jelenthet annak átfogó megismerésére, hogy az egyes fajok miként képesek alkalmazkodni a környezeti változásokhoz. Emellett meghatározó ismereteket szerezhetünk az élőhelyszigetek diverzifikáló hatásáról és működéséről, amelyeknek szerepe egyre inkább felértékelődik a globális klímaváltozás fényében.

Etológia, viselkedésetkológia, humánbiológia tagozat

BUJNÓCZKI NOÉMI*bujnoemi.00@gmail.com*

Biológia

BSc, 5. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

Témavezető:

Dr. Lendvai Ádám Zoltán
egyetemi docens, DE TTK

A tesztoszteron hatása barkóscinege (*Panurus biarmicus*) fiókák növekedésére és az ivari dimorfizmus kialakulására

Egyre pontosabban kezdjük megismerni az ivari dimorfizmus kialakulásában szerepet játszó ultimális hatásokat (például természetes és szexuális szelekció), de ezek proximális hatását alig ismerjük. Vizsgálatunk ezért az ivari dimorfizmus kialakulásában szerepet játszó endokrin rendszerek közötti interakciót vizsgálta. A növekedésre és a sejtek differenciálódására pozitív hatással van az inzulinszerű növekedési faktor-1 (IGF-1), emellett a növekedést befolyásolják a különböző nemi hormonok is. Több rendszertani csoportnál kapcsolatot találtak a nemi hormonok, leginkább az androgének és a növekedést szabályozó mechanizmusok (főként az IGF-1 szintje) között, ám madarak esetében kevés vizsgálatot végeztek ezzel kapcsolatban. Arra a kérdésre kerestük a választ, hogy a barkóscinegék esetében a nemi hormonok jelenléte befolyásolja-e az IGF-1 szintet, majd ezáltal a fiókák növekedését és az ivari dimorfizmus kialakulását. Hipotézisünk az volt, hogy a fiókakori tesztoszteron serkentő hatást fejt ki az IGF-1 szint termelődésére, és ezáltal hozzájárul a hímek intenzívebb növekedéséhez.

A kapott eredmények kiértékelését követően azt találtuk, hogy bár a hím fiókák testtömege gyorsabban gyarapodott, mint a nőstényeké, a tesztoszteron kezelés nem volt hatással sem a hím, sem a nőstény fiókák növekedésére, ezen felül az IGF-1 szintjük változására sem. Ugyanakkor felfedeztünk egy komplex kapcsolatot a kezelés és az IGF-1 szint változása között. A kezelt fiókák plazma IGF-1 szintje a kezelés végére nagyobb ütemben csökkent, mint a kontroll kezelést kapott fiókák esetében.

Ebből kifolyólag a vizsgálatunk nem igazolta a felvetésünket, miszerint az androgén hormonoknak közvetlen hatása van a barkóscinegék testméretbeli ivari dimorfizmusának kialakítására. Az eredmények azonban felvetik annak a lehetőségét, hogy az androgének egy ivarspecifikus módon befolyásolják az IGF-1 szekrécióját, és ezáltal hosszabb távon fejthetik ki hatásukat.

Miután részletes magyarázatot kaptam a kompetitív immunesszé módszer (ELISA) használatáról, a minták elemzését egyedül végeztem. Az adatok elemzését témavezetőm útmutatása mellett hajtottam végre.

Etológia, viselkedésökológia, humánbiológia tagozat

SZIGETI BALÁZS*szigbali2500@gmail.com*

biológus

MSc, 1. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Faragó Tamás**tudományos munkatárs, ELTE TTK*

Fajtaszelekció és morfológia összefüggése a kutyák szeparációs viselkedésével

A kutya domesztikációja és a fajtaszelekció során egyes morfológiai bélyegekre való szelekció kihathatott a viselkedésre és a gazdával kialakított viszonyra is. A kis termet, a bébisémát mutató rövid fej fokozott gondoskodást idéz elő embernél, ami szorosabb kötődést válthat ki a kutyákból, de az ölebeknél a társ funkcióra szelekció szintén okozhatja ezt. Ennek negatív hozadéka lehet a szeparációhoz kapcsolódó viselkedésproblémák megjelenése. Célunk a testméret, illetve fejforma és a szeparációs viselkedések összefüggésének vizsgálata. Feltételezzük, hogy a kisebb termetű, illetve rövidebb fejű egyedek intenzívebb szeparációs viselkedést, valamint stresszt mutatnak. Fejforma alapján rövid-, közép- és hosszúfejű csoportba osztva 145 fajtatiszta kutya viselkedését vizsgáltuk 3 perces szeparáció során. Az egyedüllét alatt mutatott viselkedések időhossza alapján PCA-val 5 viselkedés komponenst alakítottunk ki. A fejforma és marmagasság interakciójának a komponensekkel mutatott kapcsolatát lineáris modellekkel teszteltük. A rövidfejű kutyák a hosszúfejűekhez képest többet próbáltak kijutni a helyzetből és több felfokozott belső állapotra utaló viselkedést mutattak, míg a hosszúfejű egyedek többet voltak a kijárat közelében és többet nyüszítettek, ami passzív stresszt indikál. Általánosságban a rövidfejű és alacsonyabb kutyák többet ültek a teszt során. Eredményeink alátámasztják, hogy kutyákban a morfológiai bélyegekre történt szelektálás hatással lehetett a szeparációs viselkedésre.

Etológia, viselkedésetkológia, humánbiológia tagozat

VIG VIKTOR*vighviktor93@gmail.com*

Biológus MSc

MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Bereczki Zsolt**egyetemi adjunktus, SZTE TTK**Dr. Szabó Árpád**klinikai főorvos, igazságügyi orvosszakértő, SZTE SZAKK Igazságügyi Orvostani Intézet*

Előzetes antropológiai eredmények a Mohácsi Nemzeti Emlékhely III. tömegsírjának feltárásáról

Az 1526-os mohácsi csatához köthető tömegsírok közül az I. és II. számút 1960-ban tárták fel Sátorhelytől keletre Papp László vezetésével. 1976-ban, az emlékhely építómunkálatai közben három újabb tömegsírra bukkantak, melyek feltárását Maráz Borbála vezette. Mivel ezek a feltárások még nem rendelkeztek a csontanyag elmozdításához szükséges engedéllyel, eddig csak a csontvázak felszíni *in situ* vizsgálatára volt lehetőség. A sírokban nyugvó áldozatokat Papp László és Bartucz Lajos 1960-ban a keresztény sereg csatában elesett, ill. a táboraink lerochanása során lemészárolt egyéneknek tartották, míg K. Zoffmann Zsuzsanna 1976-ban elsősorban az utóbbi eseményhez kötötte a maradványokat. 2019-ben a Duna-Dráva Nemzeti Park felkérte a pécsi Janus Pannonius Múzeumot, hogy a csata 2026-ban esedékes 500. évfordulójáig végezze el a III. számú tömegsír feltárását. 2020 szeptemberében a Bertók Gábor által vezetett feltáráshoz csatlakozott a SZTE Embertani Tanszéke is. Megfigyeléseink alapján felvetődött egy, a korábbiaktól eltérő, új elmélet, amely szerint a mintegy 300 egyén maradványát tartalmazó III. tömegsírban főként a csata után a törökök által kivégzett áldozatok nyugszanak. A feltárás jelenleg is zajlik, a kiemelt vázak további vizsgálata laboratóriumban történik. Eddig 21 egyén maradványainak vizsgálatát végeztem el, amely során az antropológia és igazságügyi orvostan általánosan használt módszereit alkalmaztam (sexus és elhalálozási életkor meghatározása, perimortem sérülés-elemzés, paleopatológia stb.). A vizsgált maradványokon számos olyan traumás elváltozást detektáltam, melyek alátámasztani látszanak a tömeges fogolykivégzés elméletét. Dolgozatomban ezen elváltozásokat elemzem. A csata és az azt követő események pontos értelmezéséhez a jövőben elengedhetetlenül szükséges a III. tömegsír teljes leletanyagának vizsgálata, az eredmények statisztikai értékelése, valamint a régészeti és történettudományi adatokkal, új eredményekkel való összevetése és közös értékelése.

Etológia, viselkedésetkológia, humánbiológia tagozat

BENSAALI-NEMES FLAVIE*nemes.flavie@gmail.com*

biológia

BSc, 7. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Andics Attila**tudományos főmunkatárs, csoportvezető, ELTE TTK*

Kutyák felé irányuló pozitív és negatív kontextusban kiadott emberi hangok akusztikus elemzése

Korábbi kutatások kimutatták, hogy a pozitív és negatív kontextusban produkált vokalizációk számos paraméterben különböznek: a negatív hangok hosszabbak, zajosabbak, alaphangfrekvenciájuk mélyebb, és elkerülést válthatnak ki, míg a pozitív hangok rövidebbek, tonálisabbak, magasabbak és megközelítést válthatnak ki. Nem világos azonban, hogy ezeket az akusztikus paramétereket (alaphangfrekvencia, hangadási egységek hossza, tonalitás) hogyan változnak, amikor emberek egyszerű jelentéseket vokálisan közölnek egy másik faj egyedeivel. Feltételezésünk szerint a szakirodalomban leírt akusztikus szabályszerűségek az ember kutya irányába produkált vokalizációiban is kimutathatóak.

52 embert (27 nőt és 25 férfit) teszteltünk kutyáikkal 4 kondícióban, melyek során a gazdáknak egy paraván mögött ülve, kizárólag a „bű” hangsor használatával és hanglejtés változtatásával manipulálhatták a kutya viselkedését. A 4 kondíció a kutya behívása, elzavarása, evésről letiltása és arra biztatása voltak. A kutatás alatt az alanyokkal való kapcsolatfelvételt, a tesztek vezetését végeztem el, valamint az adatelemzésen belül a hangok akusztikai elemzését végeztem.

Az akusztikus elemzés eredményei alapján a vizsgált paraméterek az irodalomnak megfelelően változnak a kondíciókban: a pozitív (behívó és biztató) hangok rövidebbek, magasabbak és tonálisabbak voltak a negatív (elzavaró és tiltó) hangoknál, mindkét esetben.

Ez arra enged következtetni, hogy az ember kutyával való vokális kommunikációja során is megfigyelhetők az emlősöknél általánosan leírt vokális érzelmekódolás szabályszerűségei.

Genetika I. (Populációgenetika, genomika) tagozat

ANU BAZARRAGCHAA*anubazarragcaa@gmail.com*

Biológia

BSc, 5. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezetők:**Dr. Pfliegler Valter Péter
egyetemi adjunktus, DE TTK**Rácz Hanna Viktória
PhD hallgató, DE TTK*

Near-complete genome assembly and annotation of a *Saccharomyces cerevisiae* wine strain utilizing third generation sequencing

In recent years, the rapidly advancing field of genomic sequencing has seen a remarkable achievement in keeping up with laboratory demands, thanks to Moore's Law which still holds true. Among the innovative sequencing technologies developed, Nanopore sequencing from Oxford Nanopore Technologies stands out for its affordability, speed and high quality. In this study, we present the results of our investigation into two pipelines built using the Haslr and Flye software tools, respectively. Haslr is a hybrid assembler that utilizes both second and third generation reads, while Flye is a *de novo* assembler that relies on a long-read assembly algorithm.

Our analysis compared these pipelines to LRSDAY, a long-read sequencing data analysis tool specific to yeasts, and yielded distinct results. Specifically, in somatic chromosomes, Haslr demonstrated superior accuracy compared to Flye, while in mitochondrial chromosomes, Flye was the only tool able to assemble the genetic material. We also conducted gene annotation and generated a heatmap to compare multiple elements such as gene count and CDS contents, as well as TE/LTR, core X and Y prime contents.

Our findings suggest that choosing the appropriate pipeline and software tool is essential for achieving accurate and complete genome assembly. Our work provides valuable insights into the strengths and limitations of different tools and can aid researchers in making informed decisions for their specific research needs.

Genetika I. (Populációgenetika, genomika) tagozat

CHEUNG TEUR TEUR SALLY*sallycheung223@yahoo.com*

Biologist

BSc, 4. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Prof. Dr. Kovács Kornél**emeritus professor, SZTE TTIK**Dr. Wirth Roland**tudományos munkatárs, SZTE TTIK*

Genome-centric Metagenomics and Metatranscriptomics Analysis of a Hungarian State-of-art Biogas Plant Microbiome

Biogas is a promising alternative energy carrier, which can be produced from various types of biowaste. Biogas production is a microbiological process, where a complex microbial community work together in an ordered food chain. Part of the anaerobic microbiota is still unknown, often considered as the microbial “dark matter”, therefore the ability to analyze the functional, metabolic and taxonomy classifications is vitally important for sustainable and stable reactor operation, biowaste management, understanding microbial interactions and effective methane production. Genome-centric metagenomics, based on the development of high throughput DNA sequencing, provides an insight into the composition and hierarchy of the microbial community. Combining this technique with a metatranscriptomic approach can shed light on the life and functional activities of the microbiome. The uncovered information gives a precise, although still incomplete, blueprint for the structure and functional relationships of the multifarious microbial community performing methanogenesis. For example, methanogenic Archaea have higher functional activity within the community than expected from their abundance.

Genetika I. (Populációgenetika, genomika) tagozat

OLÁH ESZTER

sztrspot@gmail.com

Biomérnök

BSc, 9. félév

Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem

Élelmiszertudományi és Technológiai Intézet

Témavezetők:

Dr. Bujna Erika

egyetemi docens, MATE ÉLTI

Dr. Kiss János

tudományos főmunkatárs, MATE GBI

Kiméra aktivátorok a Salmonella Genomi Sziget és az IncA/C plazmidok konjugatív transzferében

A gödöllői székhelyű Genetika és Biotechnológia Intézet kutatócsoportja, a Gazda-patogén Interakció és Mikrobiális Genomika Csoport napjaink egyre sürgetőbb egészségügyi kérdését, a multidrog-rezisztencia gének horizontális transzferének terjedési mechanizmusát vizsgálja. A *Salmonella* fajok egyik legelterjedtebb szerovariánsa, a *S. enterica* ser. Typhimurium DT104-es fágtypus öt antibiotikum ellen hordoz rezisztenciagéneket (ACSSuT fenotípus) az SGI1-nek elnevezett régióban. Az SGI1 egy integratív mobilizálható genetikai elem, tehát autonóm módon nem képes transzferre, kizárólag bizonyos helper plazmidok közreműködésével.

A rezisztenciagének transzferét segítő plazmid és az SGI1 is kódolnak egy-egy hasonló, az FlhDC-családba tartozó heterohexamer regulátorfehérjét, mely kulcsszerepet játszik a konjugációs transzferben. A bemutatott kísérletek során a kétféle alegységből felépülő regulátorok lehetséges interakcióit vizsgáltam: *in vivo* kísérletekkel teszteltem az egyes komponensek kompatibilitását, igazoltam, hogy kialakulhat olyan aktív hibrid fehérjekomplex, mely képes a natív regulátorok komplementációjára, képes indukálni az SGI1 kivágódását, valamint az AcaCD által irányított további gének expresszióját is aktiválja mindkét mobilis genetikai elem. A helper plazmid hét AcaCD-reszponzív promoterét egy β -galaktozidáz mérőplazmid lacZ génje elé klónoztam és az SGI1 négy, szintén AcaCD-irányítás alatt álló promoterével együtt vizsgáltam a kiméra aktivátorok rájuk gyakorolt hatását Jeffrey Miller módszere alapján kidolgozott, mikrotiter-tálca olvasó műszerre optimalizált β -galaktozidáz assay segítségével. Eredményeim azt mutatják, hogy a legerősebb aktivitást a helper plazmid vad típusú aktivátora, a második legerősebbet pedig az AcaD-FlhC kiméra váltja ki, míg az SGI1 konstitutívan expresszálódó, natív regulátora gyakorolja a legkisebb hatást minden vizsgált promoteren, mely jelenségnek fontos szerepe lehet a konjugációs folyamat szabályozása során.

Emellett heterológ génexpresszióra optimalizált, polihisztidin-taggal jelölt rendszerbe vittem át a wt és hibrid aktivátorokat kódoló régiókat a további, a komplexek stabilitására és az alegységek kötődésének erősségére irányuló vizsgálatokhoz. A fehérjetermelés optimalizációjának első lépéseként megállapítottam, hogy a vizsgált négy törzs közül az *E. coli* Rosetta™ (DE3) törzs a legalkalmasabb az aktivátor-alegységek termelésére.

Genetika I. (Populációgenetika, genomika) tagozat

KISS PETRA*kisspetra00@gmail.com*

Molekuláris biológia

MSc, 1. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Neparáczki Endre Dávid**tudományos munkatárs, SZTE TTIK*

Archaikus DNS módszertanok összehasonlító vizsgálata

Az utóbbi néhány évben az újgenerációs szekvenálás alkalmazása révén robbanásszerű fejlődik az archeogenetika tudománya, amely az egykor élt egyének örökítőanyag sorrendjét (archaikus DNS-ét, továbbiakban: aDNS) vizsgálja. Ma már az aDNS kivonatokból nagy biztonságú, teljes genom szekvencia olvasatok kinyerésére vált elérhetővé, annak ellenére, hogy a több száz, vagy akár több ezer éves leletek esetenként csupán csekély mennyiségben tartalmazzak endogén aDNS-t. Az aDNS kivonatokból készült könyvtárak endogén DNS tartalmát rutinszerűen megbecsüljük alacsony lefedettségű shot-gun szekvenálással. A magas endogén aDNS tartalmú minták teljes genom szekvenálásra kerülhetnek, viszont előfordul, hogy a teljes genom szekvenálás során sokkal alacsonyabb endogén arányt kapunk, mint a shot-gun szekvenálással mért érték. Ezért laborunkban ki szeretnénk egészíteni egy új objektív mérőszámmal a könyvtárak minőségbecslését, amire a Picard tools szoftvercsomag szekvenáló-könyvtárak komplexitás értékét választottuk. Mindezek érdekében több extrakciós módszert alkalmazva DNS-t vontunk ki sziklacsontokból és fogakból, majd azokból különböző protokollok alapján újgenerációs szekvenáló-könyvtárakat készítettünk. Ezután a mintákon alacsony lefedettségű shot-gun szekvenálást végeztünk. A nyers szekvencia adatok feldolgozása során a könyvtárak komplexitását is megbecsültük. A mintákból a magas endogén aDNS tartalmúaknak a teljes genom szekvenálását is elvégeztük és összehasonlítottuk a shot-gun szekvenálással kapott értékekkel.

Az alacsony lefedettségű szekvenálás során egy eset kivételével a sziklacsontból kivont, MinElute oszlopokon tisztított, G2GoTaq polimerázzal előamplifikált és Kappa Hifi enzimmel indexált könyvtárak rendelkeztek a legmagasabb endogén DNS tartalommal, így ezek kerültek magasabb lefedettségű szekvenálásra, azonban ezen könyvtárak komplexitása alacsonyabb volt, mint a G2GOTaq polimerázzal indexált könyvtáraké. Mivel az volna a célunk, hogy a lehető legtöbb egyedi molekulát nyerjük vissza magasabb lefedettségű szekvenálás során, tovább vizsgáljuk a Picard tools komplexitás becslésének megbízhatóságát, hogy olyan módszer kombinációt dolgozzunk ki, ahol a legnagyobb a nettó nyereség.

Genetika I. (Populációgenetika, genomika) tagozat

TURI ORSOLYA*torsi2001@gmail.com*

biológia

BSc, 5. félév

Állatorvostudományi Egyetem

*Témavezetők:**Zenke Petra**tudományos főmunkatárs, ATE**Zorkóczy Orsolya**tudományos segédmunkatárs, ATE*

Mikroszatellita markerkészlet igazságügyi célú fejlesztése a Magyarországon élő dámszarvasok egyedi szintű azonosítására

Magyarországon a dámszarvas (*Dama dama*) jelentős populációval rendelkezik, melynek köszönhetően a faj nagy vadgazdálkodási értéket képvisel, emellett kulturális és természetvédelmi jelentősége is van. Bár törvények szabályozzák a populáció vadászatát, ennek ellenére a növekvő mértékű orvvadászatnak olykor a dámszarvas is áldozatul esik. Az ilyen bűncselekményeknél nehéz bizonyítani a gyanúsított bűnösségét. Ebben nyújthat segítséget a helyszínen és a gyanúsított személynél talált biológiai anyagmaradványok genetikai azonosítása, amivel az inkriminált állathoz, illetve a bűneset helyszínéhez köthető az elkövető. Ehhez azonban szükség van olyan genetikai markerekre, melyek lehetővé teszik a dámszarvasok egyedi szintű azonosítását. Kutatásunk célja egy erre alkalmas markerkészlet összeállítása, mely további módszertani fejlesztéssel és validálással jogkövetkezményekkel járó esetek megoldásában lenne alkalmazható, de szélesebb körű használata is lehetséges (pl. populáció szabályozáshoz való információszolgáltatás).

A tesztelni kívánt genetikai markereket (mikroszatellitákat) korábbi, rokon fajokra leírt publikációkból választottuk ki, szükség esetén saját primert tervezve hozzájuk. A fejlesztés során 100 db, ún. „farkas” módszerrel fluoreszcensen megjelölt primerpárt teszteltünk öt magyarországi mintavételi területről származó dámvad szövetmintákon PCR módszerrel és kapilláris gélelektroforézis detektálással.

Eredményeink – összhangban a nemzetközi kutatásokkal - azt mutatják, hogy a magyar dámvad populáció alacsony genetikai diverzitással rendelkezik. Egyelőre 16 marker bizonyult polimorfnek, ezek többsége csak két alléllal rendelkezik, a legpolimorfabb marker pedig öt allélos. Így jelenleg a markerszett még nem alkalmas egyedi szintű azonosításra, az alacsony mintaelemszám miatt statisztikai értéket nem számoltunk a markerkészlet pontos azonosítási képességével kapcsolatban. Mivel eddig kevés számú (markertől függően 16-20) egyeden vizsgáltuk a kiválasztott mikroszatellitákat, így újabb dámvadminták tesztelésével potenciálisan javítható a markerkészlet alkalmazhatósága, illetve további mikroszatelliták vizsgálatával is növelnénk a fejlesztési sikert.

A kutatás során saját munka volt a dámvad szövetmintákból való DNS kinyerés, a primerpárok tervezésének egy része, illetve fejlesztéshez szükséges monoplex és multiplex tesztelések kivitelezése. Az eredmények értelmezésben és elemzésében is aktívan részt vettem.

Genetika I. (Populációgenetika, genomika) tagozat

SZŐCS IZABELLA-SZIDONIA*szocs_izabella@yahoo.com*

Biológia

BA, 6. félév

Babeş-Bolyai Tudományegyetem

*Témavezető:**Dr. Keresztes Lujza**egyetemi docens, RO BBTE*

Kérészlárvák (Insecta, Ephemeroptera) faji szintű azonosítása integratív módszerek alkalmazásával, esettanulmány a Meleg-Szamos forrásvidékéről (Erdélyi-szigethegység, Románia)

A kérészek (Ephemeroptera) a biológiai vízminősítés meghatározó szervezetei. Közösségeik faji szintű szerkezete a víz ökológiai integritásának tükrözi. Kutatásunk célja az integratív módszerek hatékonyságának tesztelése a Meleg-Szamos forrásvidékén élő kérészlárvák esetében. 2021-ben a folyó felső szakaszán 41 mintavételi pontot jelöltünk ki, közel 10000 kérészlárvát gyűjtöttünk standard „Multihabitat” módszerrel. Ezzel párhuzamosan a folyóvizek mentén a kifejlett kérészeket is vizsgáltuk. Összesen 18 kifejlett kérészfajt azonosítottunk, melyekből szövetmintát vettünk, majd ezt további 142 lárvából származó mintával egészítettünk ki. Molekuláris markerként a mtCOI gén 658 bp szakaszát használtuk. Szekvenciáinkat a BOLD algoritmusával taxonómiai egységekbe (OTU) csoportosítottuk, melyek egyedi BIN kóddal lettek jelölve. Eredményeink azt mutatják, hogy a Meleg-Szamos forrásvidékén magas a kriptikus fajok száma.

Genetika I. (Populációgenetika, genomika) tagozat

SZIVES ANDRÁS*andrisszives@gmail.com*

Biológia

BSc, 5. félév

Állatorvostudományi Egyetem

*Témavezető:**Dr. Zenke Petra**tudományos főmunkatárs, ATE*

**Igazságügyi célú molekuláris genetikai vizsgálatok a kutyák és farkasok
elkülönítésére polimorf markerek alapján**

Több évtizednyi távollét után a szürke farkas (*Canis lupus* L., 1758) a 21. század elején rekolonizálni kezdte egykori hazai területeit. Európában az erős emberi jelenlét miatt a farkasok kénytelenek nagy területeken osztozni az emberekkel, ami konfliktusok forrása lehet. Farkas oldalról a háziállat állományok megtizedelésében, emberi oldalról pedig a farkasok elleni illegális vadászatban és a termékeikkel való kereskedelemben mutatkozik meg.

Dolgozatomban a kutyák és farkasok különböző genetikai markerekkel történő elkülönítésének lehetőségeit vizsgáltam a szakirodalomban gyakran említett módszerekkel. Azt vizsgáltam, hogy ezek a módszerek mennyire alkalmasak a terepről begyűjtött, erősen degradálódott mintákból megbízható és reprodukálható eredményeket szolgáltatni. A begyűjtött, illetve rendelkezésre álló farkas és kutya eredetű mintákból meghatározott mitokondriális kontroll régió haplotípusok és a 14 vizsgált mikroszatellita alléleloszlás adatai alapján kimutatható a különbség a farkas- és kutyaminták között.

Az eddigi hazai eredmények is alátámasztják annak lehetőségét, hogy különböző genetikai markerek párhuzamos vizsgálatával – melyek megfelelnek az igazságügyi célú alkalmazás kritériumainak – kellő valószínűséggel alátámasztható egy kérdéses eredetű minta alfaj szintű besorolása. Az uniparentális markerek használata önmagukban nem adnak megbízható eredményeket, de jól kiegészítik a biparentális markerek eredményeit. A dolgozatomban alkalmasnak ítélt markerek együttes használata kellő megbízhatósággal különbözteti meg a két vizsgált csoportot egymástól.

Genetika I. (Populációgenetika, genomika) tagozat

NÉMETH DORINA MERCÉDESZ*nemeth.dorina2001@gmail.com*

Biológia

Osztatlan, 5. félév

Állatorvostudományi Egyetem

Témavezetők:

Vili Nóra

egyetemi adjunktus, ATE

Szabó Krisztián

tudományos munkatárs, ATE

Mikroszatellita markerek rokon fajok közötti tesztelése sólyomfélékben

Napjainkban a természetvédelem egyre nagyobb szerepet játszik a törvényhozásban is. Kiváló példa erre az idén áprilisban kiadott 136/2022. (IV. 7.) Kormányrendelet (a 348/2006. (XII. 23.) Kormányrendelet módosítása), melynek értelmében Magyarországon kötelezővé vált a solymásmadarak genetikai azonosítása, vagyis az egyedek leszármazásának igazolására alkalmas, genetikai markereken alapuló laborvizsgálat eredményének benyújtása.

Jelen kutatás elsődleges célja tehát olyan genetikai markerkészletek összeállítása volt, mely lehetővé teszi a Magyarországon solymászatra engedélyezett madárfajok, vagyis héja (*Accipiter gentilis*), karvaly (*A. nisus*), szirti sas (*Aquila chrysaetos*), Fellegg-sólyom (*Falco biarmicus*), északi sólyom (*F. rusticolus*) és vándorsólyom (*F. peregrinus*) egyedi azonosítását, szükség esetén az egyedek leszármazásának vizsgálatát. Továbbá a készletekkel genotipizált tenyészmadarak rokonsági viszonyainak felmérésére és az állományok beltenyésztettségének becslésére is lehetőség nyílik.

A készlet összeállításához mikroszatellita-markereket, másnéven STR-eket (Short Tandem Repeats – rövid tandem ismétlődések) használtunk. Az előzetes tesztekhez összesen 76 markert választottunk ki, ezekből 24 *Falco*-fajokra, 20 *Aquila*-fajokra és 32 *Accipiter*-fajokra specifikus. Minden markert legalább három és legfeljebb hatvanegy azonos fajba tartozó egyed mintáján teszteltük. A jövőben a solymászatra engedélyezett fajok mellett további Magyarországon előforduló rokonfajok, például kerecsensólyom (*F. cherrug*), vörös vércse (*F. tinnunculus*) és kék vércse (*F. vespertinus*) egyedek mintáit is tervezzük bevonni.

A tesztek eredményeit gélelektroforézissel ellenőriztük, a pontos allélhosszokat kapilláris elektroforézis segítségével állapítottuk meg. A markerek kiválasztásánál figyelembe vettük az azonosított allélok számát és gyakoriságát, valamint a PI-értékeket (Probability of Identity – identitási valószínűség) is. Emellett, egyes esetekben a leszármazás megállapíthatóságát is teszteltük – erre azért volt lehetőség, mert szerepeltek bizonyítottan szülő-utód rokonságban álló egyedekből származó minták a tesztminták között.

A végső készletek 12 *Falco*-markerből, 11 *Aquila*-markerből, és 20 *Accipiter*-markerből állnak, amelyek a jelenlegi adataink alapján kellően nagy felbontással rendelkeznek az egyedek biztos elkülönítéséhez.

Genetika I. (Populációgenetika, genomika) tagozat

HENKRICH MIKSA*miksa.henkrich@gmail.com*

Biológia

BSc, 6. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

JÁRAY TAMÁS*tomijaray@gmail.com*

Biológia

MSc, 4. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Tombácz Dóra**egyetemi docens, SZTE SZAOK**Gulyás Gábor**PhD hallgató, SZTE SZAOK*

**Mikrobiom elemzés során alkalmazott 16S rRNS gén V1-V3 és V4 amplikon
szekvenálási módszerek összehasonlítása**

Kutatócsoportunk az intesztinális mikrobiom elhízásban és társbetegségeiben betöltött szerepét, illetve a mikrobiom táplálkozásban beállt változásokra adott válaszait vizsgálja. Munkánk során különböző egészségi állapotú, eltérő diétás és életmódprogramokat követő humán páciensek mikrobiomját, emellett nagyszámú fajtatiszta, eltérő tápokkal etetett, modellorganizmusként alkalmazott pumi kutya mikrobiomját vizsgáljuk újgenerációs szekvenálási eljárásokkal, székletmintából izolált DNS alapján.

A bélflóra prokarióta tagjainak azonosítására alkalmazott sztenderd módszer a prokarióta 16S rRNS gén variábilis régiók szekvenciájának, mint molekuláris taxonómiai markereknek a használata. Mindazonáltal a 9 variábilis régió kiterjedése, biológiai funkciója és mutációs rátája egymástól eltér, így a különböző V régió szekvenciák különböző taxonösszetételi adatokat mutathatnak egy mintáról.

Jelen munkánk során a 16S rRNS gén V1-től V3-ig tartó szakaszának, illetve a V4 régiónak amplikonjait szekvenáltuk Illumina MiSeq platformon. Az amplikonok izolálása 6 kutya (2 felnőtt és 4 kölyök) 6 hónapon át gyűjtött összesen 20 mintájából történt. V1-V3 szekvenálással 20, V4 szekvenálással 19 mintát elemeztünk. Az amplikon szekvenciákat a DADA2 programmal dolgoztuk fel, mely egyedi amplikon szekvencia variánsként (ASV) kezeli a fellelt szekvenciákat. A szekvenciák taxonómiai azonosítására a SILVA 16S rRNS referencia adatbázist használtuk.

Adataink manuális elemzése során célunk volt megállapítani, hogy a két amplikon szekvenálási módszer által szolgáltatott adatok hogyan és milyen mértékben térnek el egymástól, illetve, hogy a két módszer közül melyik lehet ideálisabb a hosszú távú kutatási alkalmazásra. Eredményeink alapján a V1-V3 szekvenálással sikerült több taxont azonosítani, ám a V4 szekvenálás a vizsgált mikrobiomok nagyobb diverzitását mutatta. Kutatócsoportunk a továbbiakban a V1-V9 régió teljes amplikonjának hosszú leolvasású szekvenálását is teszteli metodikai szempontból.

Mikrobiomikai kutatómunkánk hosszú távú eredményei a táplálkozástudomány és az elhízás biológiájának területén jelenthetnek majd értékes tudományos hozzájárulást, terápiás és prevenciók stratégiák alapját képezhetik, és állategészségügyi relevanciával is bírhatnak.

Genetika II. (Modellorganizmusok) tagozat

ULLAGA GYÖRGY*ullagagyuri@gmail.com*

Biológus

MSc, 5. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Varga Máté**egyetemi docens, ELTE TTK*

A RECQL4-hez köthető emberi betegségek modellezése zebrahalon

A munkám során a RECQL4 helikázzal foglalkoztam. Ez a fehérje részt vesz a DNS hibajavításban, rekombinációban és replikációban, és a mitokondriális genom fenntartásában is. A CRISPR/Cas9 rendszer segítségével több *recql4* mutáns allélt generáltunk zebrahalban (*Danio rerio*), és megkezdjük a feltérképezésüket. Eredményeim azt mutatják, hogy a *recql4* mutánsok egyedi morfológiai elváltozásokat mutatnak, csökkent mozgási képességeik vannak és alacsonyabb a várható élethosszuk.

Genetika II. (Modellorganizmusok) tagozat

SZABÓ KATA*katasara98@gmail.com*

Biológus Mesterképzés

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Varga Máté**egyetemi docens, ELTE TTK*

A paradicsomhal (*Macropodus opercularis*) szexuális dimorfizmusának molekuláris eredete

A 20. század utolsó évtizedeiben a paradicsomhal (*Macropodus opercularis*) az etológiai kutatások egyik kedvelt modellszervezetévé vált. Később azonban kevesebb figyelmet kapott, jelentősége fokozatosan csökkent. Az új genetikai technikák megjelenése és alkalmazása ezen a fajon segíthet, hogy ismét releváns modellállattá váljon.

A paradicsomhalak farokúszójuk hosszát tekintve nemi dimorfizmust mutatnak: a hímeknél ez az úszó hosszabb, mint a nőstényeknél. Mivel a hosszabb farok nem jelent kifejezett előnyt a hímek számára, ezért ez a jelleg a szexuális dimorfizmus klasszikus példájának tűnik. A jelenség mögött meghúzódó molekuláris mechanizmusok feltárása segíthet betekintést nyerni a nemi dimorfikus karakterek genetikai hátterébe és fejlődésébe.

A farokúszók hosszának és mintázatának kialakulását a közelmúltban káliumcsatornákkal és az általuk létrehozott és szabályozott bioelektromossággal hozták összefüggésbe. A paradicsomhalak farokúszójának nemi dimorfizmusát létrehozó molekuláris alapok feltárásához a fenotípusos megfigyelést bioinformatikai és molekuláris biológiai módszerekkel kombináltuk.

A pályamunkámban számszerűsítettem a két nem közötti farokhossz különbséget, majd statisztikailag igazoltam, hogy a hímeké nagyobb. Transzkriptomikai adatok felhasználásával valószínűsítettem, hogy a *kcnb2l* káliumcsatorna okozza ezt a különbséget. Ennek igazolásához kvantitatív PCR kísérleteket terveztem meg. Végül ennek a génnek az enhanszer régióját tanulmányoztam, lehetséges hím-specifikus enhanszer azonosítása végett. És ezzel a régióval megkezdtem transzgenikus zebrahalak generálását.

Genetika II. (Modellorganizmusok) tagozat

KERESZTES FANNI*fanni.024@gmail.com*

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Kovács Tibor**egyetemi adjunktus, ELTE TTK*

Savas lebontást szabályozó kis GTPáz fehérjék hatásának elemzése autofágia és öregedési modellekben

Az autofágia – a sejt önmegsejtése – egy lizoszómális degradációs útvonal, ami felelős a sejt homeosztázisának fenntartásáért, sérült organellek és toxikus fehérjék lebontásáért, majd alkotóelemeik reciklizálásáért. Szerepe kiemelt fontosságú a posztmitotikus szövetek sejtjeiben, mint az idegsejtek, ahol az elpusztult neuronok pótlása nem lehetséges, így autofágia által kell megakadályozni, hogy toxikus fehérjék formák képződjenek és károsítsák a sejteket. Az autofágia hatékonysága a kor előrehaladtával fokozatosan csökken, ami együtt jár neurodegeneratív betegségek kialakulásával. Ezek kezelésére olyan célpontokat kell találni, amelyekkel hatékonyan lehet autofágiát serkenteni idős korban.

A makroautofágia kezdetén létrejön egy citoplazma komponenseket tartalmazó, kettős membránnal rendelkező autofagoszóma. Ez fuzionálhat késői endoszómával vagy lizoszómával. A folyamat végén egy autolizoszóma keletkezik, amely belsejében a savas hidroláz enzimek végzik a lebontást. A fúziós lépés szabályozásában számos kis GTPáz fehérje vesz részt, melyek közül a Rab2, a Rab7 és az Arl8 a legjobban tanulmányozott. Ezen kis G fehérjék eltérő membránokon helyezkednek el, így funkciójukban különböznek és eltérő fúziós lépéseket irányítanak.

Korábbi eredményeink szerint a Rab2 konstitutívan aktív, GTP-kötött (Rab2-CA) formájának idegrendszeri kifejeződése növeli az élettartamot és serkenti az autofágiát neuronokban. A dolgozatomban bemutatott kutatás eredményei alapján a Rab7 és az Arl8 csendesítése negatív hatással van az állatok mozgási és túlélési képességére, emellett gátolja az autofágiát. Az Arl8 folytonosan GTP kötött formája (Arl8-CA) pozitív hatású, képes az élettartamot és a mászási képességet javítani és fokozni a lizoszómális lebontást. Viszont a Rab7 aktiválás (Rab7-CA) negatívan befolyásolja az állatokat minden vizsgált szempontból. A Rab7 aktivációja az autofág vezikulumok közötti fúziós hibát és az axonális transzport útvonal sérülését okozza. A kis G fehérjék kettős aktiválása javítja a mászást és serkenti az autofágiát.

Megállapíthatjuk, hogy mindhárom kis G fehérje (Arl8, Rab7 és Rab2) jelenléte szükséges a normál élettartamhoz, fitnesshez és a megfelelő autofágiához, de aktiválásuk hatása eltérő. Autofágiát aktiváló gyógyszer-molekulák tervezésekor a kis G fehérjék ígéretes új célpontok lehetnek, de a hatóanyagok specifikusságának ismerete kiemelt jelentőségű a lehetséges negatív hatások elkerülése érdekében.

Genetika II. (Modellorganizmusok) tagozat

HODUNOV DÁVID*hodunov@gmail.com*

Biológus

MSc, 6. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Varga Máté**egyetemi docens, ELTE TTK*

**DNS-hibajavító mechanizmusok hatékonyságát mérő riporter-rendszer
zebradánióban**

Tudományos diákköri munkámban egy olyan plazmid-alapú riporter-rendszer létrehozására összpontosítottam, amely segítségével transzgén-független módon lehet a különböző DNS-javítási mechanizmusok gyakoriságát megbecsülni zebradánióban. Ennek, a Semaphore-nak keresztelt riporter rendszernek létrehozását mutatom be dolgozatomban, kitérve a klónozási folyamat nehézségeire, amelyek miatt a rendszer kifejlesztése és optimalizálása a vártnál több időt vett igénybe és alternatív megoldásokat tett szükségessé.

Kísérletes munkám során a teljes konstrukció (Sem66) második felének felépítéséhez szükséges szakaszokat (Sem3, Sem4 és Sem5) PCR segítségével felszaporítottam, majd ezeket a szakaszokat megkíséreltem egyetlen közös plazmidba helyezni. Érdekes módon, a standard klónozási technikák (pl. gélből izolálás, restrikciós klónozás) nem vezettek eredményre, ugyanis – nem teljesen tisztázható okokból – a folyamat során rendre kisebb-nagyobb darabjai elvesztek a teljes szakasznak. Ezen tapasztalatok nyomán változtattunk a tervezési stratégiában, a Semaphore egyes szegmenseit kereskedelmi úton szintetizáltattuk, és az esetleges, nem kívánt rekombinációs eseményeket elkerülendő, többfajta polyA (SV40, rbgl) szakaszt illesztettük a riporter rendszerünkbe. Kísérleteink eredményeként sikerült létrehozni a teljes riporter-rendszert, melynek *in vivo* tesztelését a közeljövőben tervezzük.

Genetika II. (Modellorganizmusok) tagozat

ŐSZ FANNI*oszfanni96@gmail.com*

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Farkas Zsolt**tudományos munkatárs, ELTE TTK*

***Caenorhabditis elegans* SDHB-1 modell karakterizálása**

A pheochromocytoma és a paraganglioma (együtt PPGL) ritka, nagy mértékben örökletes neuroendokrin eredetű tumorok, melyek daganatspecifikus terápiája jelenleg még nem megoldott.

A PPGL tumorok kialakulása az esetek 10-15%-ában a citromsavciklus nem megfelelő működéséhez köthető. Kutatásaim során *Caenorhabditis elegans* modell segítségével a szukcinát-dehidrogenáz enzim B alegységének (SDHB) klinikailag releváns mutációját (Arg244His) vizsgálom, mely gyakran eredményez metasztatizáló daganatot. A szukcinát-dehidrogenáz nemcsak a citromsavciklus működésében, hanem a mitokondriális légzési láncban is fontos szerepet tölt be, nem megfelelő működése pedig szukcinát felhalmozódásához, Warburg-effektus-szerű metabolikus átrendeződéshez és hipoxiához vezet. Tumoros betegségek esetén a hipoxiás környezet gyakran megnöveli a reaktív oxigéngyökök termelődését, ezzel is elősegítve a tumorsejtek növekedését.

A neuroendokrin eredetű, *C. elegans* uterus-t kialakító uv1 sejtekben vizsgálom a szukcinát-dehidrogenáz szerepét, mely segíthet rávilágítani arra, hogy bár az SDHB mutációja örökletes PPGL tumoros betegek minden sejtjében jelen van, daganatok miért csak a neuroendokrin szövetekben alakulnak ki. Továbbá a PPGL tumorokra jellemző a megemelkedett katekolamin (noradrenalin és/vagy dopamin) szekréció, azonban ennek szerepe még nem teljesen ismert.

Kísérleteim során megállapítottam, hogy az Arg244His pontmutációt hordozó *C. elegans*-okban megnövekszik a reaktív oxigéngyökök mennyisége. További kísérleteim, melyek az Arg244His pontmutáció neuroendokrin eredetű uv1 sejtekre, valamint a dopaminerg neuronokra kifejtett hatását célozzák, még folyamatban vannak.

Genetika II. (Modellorganizmusok) tagozat

VINCZE VIRÁG*virag1998@gmail.com*

Biológus

MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Szabó Áron**tudományos főmunkatárs, Szegedi Biológiai Kutatóközpont*

Az axonsérülésre aktiválódó Stat92E transzkripció faktor kapcsolata az autofágiával és a veleszületett immunitással *Drosophila* gliasejtekben

A STAT (jelátalakító és transzkripció aktivátor) fehérjék számos intracelluláris folyamatot szabályoznak, amik jelentős fejlődésbeli, élettani és immunológiai szerepet töltenek be életünkben. A fehérjecsalád tagjainak egy ortológja ismert *Drosophila melanogaster*-ben, a Stat92E transzkripció faktor, ami közvetett módon az axonsérülés során keletkező axontörmelék felvételét is segíti a gliasejtekben, de nem a kanonikus JAK/STAT útvonalon keresztül. Vizsgálataim során olyan folyamatokat kerestem, amik befolyásolják a Stat92E aktivitását. A kísérletek jelentős részét egy sérülés által indukált axondegenerációs modellben végeztem el szárnyban. Kiderítettük, hogy sérülés esetén a sejt membránhatárolt lebontó útvonala, az autofágia hozzájárul a Stat92E megfelelő aktiválódásához gliákban. Az ismert STAT szabályozó fehérjék közül a Su(var)2-10 SUMO ligáz leütése és túltermelése okoz jelentős változást a Stat92E riportere által adott jelben sérülés után szárnyban. Su(var)2-10 leütés után megnő, túltermelésnél pedig kisebb intenzitású lesz a riporteraktivitás. Megfigyeltük, hogy vad típusú állatokban a Su(var)2-10 fehérje szintje jelentősen alacsonyabb sérülés után gliákban, mint autofág mutánsokban. Az autofágia tehát a Su(var)2-10 negatív regulátor lebontásán keresztül hathat. Axonsérülés után válaszként a *Drosophila* veleszületett immunitásában fontos Imd (immundeficiencia) szignalizációs útvonalának egyik komponense, a Kenny is autofágia-függő módon változik gliákban. Az útvonal Relish transzkripció faktora emellett fokozza a Stat92E aktivitását. Mindez mutatja, hogy a Stat92E glián belüli aktiválása egy összetett, több útvonalat összekapcsoló folyamat, amelyben az autofágia és az Imd útvonal is fontos szerepet tölt be.

Genetika II. (Modellorganizmusok) tagozat

ENGEL BOTOND*botienlo@gmail.com*

Biomérnöki szak

MSc, 2. félév

Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi

Egyetem

Vegyészmérnöki és Biomérnöki Kar

*Témavezetők:**Dr. Németh Eszter**tudományos munkatárs, ELKH Természettudományi Kutatóközpont, Enzimológiai Intézet,**Genomstabilitás Kutatócsoport**Dr. Szüts Dávid**tudományos tanácsadó, ELKH Természettudományi Kutatóközpont, Enzimológiai Intézet,**Genomstabilitás Kutatócsoport*

A 4-nitrokinolin 1-oxid mutagenikus hatásának vizsgálata sejtenyészetben

A 4-nitrokinolin 1-oxid (4-NQO) egy vízoldható karcinogén vegyület, a tudományos kutatásokban gyakran alkalmazott mutagén. A 4-NQO két fő módon fejti ki a mutagenikus hatását: egyrészt biotranszformáció révén kialakult metabolitja kovalens kötést képes kialakítani a DNS-sel. Ezen elváltozások fő javító útvonala a nukleotid kivágó javító mechanizmus (NER). Másrészt a felszabaduló reaktív oxigánszármazékok (ROS) reagálnak a DNS bázisaival, első sorban a guanin bázis 8-as helyzetben történő hidroxilációját okozva.

A 4-NQO-t kezdetben UV-sugárzás mimikálására használták, később pedig dohányzás hatására kialakuló tumorokhoz hasonló tumorok kísérleti egerekben történő indukálására. Azonban humán sejtekben nem ismert a 4-NQO teljes genomra gyakorolt pontos hatása, és nem tanulmányozták a 4-NQO mutagenikus hatását a nem kódoló régiókban.

Munkám célja a dohányzás által kiváltott mutagenézis mimikálása 4-NQO segítségével. Ehhez a Genomstabilitás Kutatócsoportban kifejlesztett kísérleti módszereket alkalmaztam. Két választott modellrendszerben, humán (TK6) és csirke (DT40) limfocita sejtvonalakon teszteltem a szer hatását. Előbbi előnye, hogy humán modell, utóbbi pedig azért előnyös, mert számos DNS javítási útvonalakban hibás genotípus is rendelkezésre áll, így szükség esetén azok is vizsgálhatóak. Az IC50 értékeket sejttételekességi mérésekkel határoztam meg. Az izogenikus sejtvonalakat 4 héten keresztül, hetente egy dózis 4-NQO adagolásával kezeltem. A kezelt sejtpopulációkból egy sejt klónozást végeztem, és sejtvonalanként három mintából genomi DNS-t preparáltam. A szer hatására bekövetkezett mutációkat teljes genom szekvenálással határoztuk meg.

Eredményeink alapján a DT40 és TK6 sejtek hasonlóan érzékenyek a 4-NQO-ra, ugyanakkor utóbbiakban több mutációt detektáltunk. Kontrollált biológiai kísérletben igazoltuk, hogy a 4-NQO a dohányzáshoz hasonló mutagenézist okoz, mivel a mutációs mintázat nagy mértékben hasonlít a COSMIC adatbázis humán tumorokban meghatározott 4-es számú, dohányzáshoz köthető mintázatára.

Genetika II. (Modellorganizmusok) tagozat

BOROSTA ROBERTA*roberta.borosta@gmail.com*

Biológia

BSc, 6. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Bodai László

egyetemi docens, SZTE TTK

Transzgenikus Glyoxalase 1 túltermelő törzsek előállítása és az AGE-RAGE útvonal vizsgálata *Drosophila* Huntington-kór modellben

Kutatómunkám középpontjában a Huntington-kór (HD), egy autoszómális domináns öröklődésű, neurodegeneratív megbetegedés molekuláris hátterének vizsgálata állt. Munkámat a betegség transzgenikus *Drosophila melanogaster* modelljében végeztem. Laboratóriumunkban HD és Alzheimer-kór modell rendszereken korábban elvégzett mikroRNS transzkriptomikai vizsgálatok eredményei arra utaltak, hogy a két betegség modellben változást mutató miRNS-ek targetjei között, dúsulást mutatnak az AGE-RAGE jelátviteli útvonalba tartozó gének. TDK dolgozatomban erre alapozva célul tűztem ki, hogy megvizsgáljam, hogy az AGE-RAGE útvonal egyes jelátviteli komponenseit, valamint az útvonal kulcsfontosságú effektor fehérjéjét, a glioxaláz 1 enzimet kódoló gének mutatnak-e transzkripció változást HD modellben. Ehhez kvantitatív RT-PCR-rel vizsgáltam e gének transzkripciójának mértékét mutáns Huntingtint (Htt-Q120) kifejező, illetve egészséges kontroll (Htt-Q25) *Drosophila* mintákban. Kutatásom eredményeképpen azt találtam, hogy a Glyoxalase 1 gén és az útvonal jelátviteli komponensei nem mutatnak transzkripció változást mutáns Huntingtin hatására.

Terveink között emellett szerepelt még a glioxaláz 1 enzimet kódoló Glyoxalase 1 (Glo1) gén klónozása és transzgenikus Glo1 túltermelő *Drosophila* törzs előállítása is. Ezzel célunk az volt, hogy vizsgálni tudjuk a glioxaláz 1 fehérje túltermelésének hatását az HD modellünkben. Ehhez a Glo1 kódoló régióját cDNS-ről PCR-rel amplifikáltuk, majd egy többlépéses klónozási eljárással beklónoztuk *Drosophila* transzformáló vektorba. Olyan vektort választottunk (pTWF.attB), amely lehetővé teszi a transzgén helyspecifikus integrációját a kromoszómába, túltermelését az UAS/GAL4 rendszer segítségével, valamint a termelődő fehérje C terminálison való jelölését FLAG-taggel. Az előállított konstrukcióval sikerült a Glo1 transzgént a második kromoszómán, illetve a harmadik kromoszómán hordozó transzgenikus vonalakat is előállítanunk.

Genetika II. (Modellorganizmusok) tagozat

KOVÁCS MÁRTON

99marton@gmail.com

Biológia

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Barna János

tudományos munkatárs, ELTE TTK

A hősokk transzkripció faktor HSF-1 transzkripció aktivációs szerepének feltárása a fonálféreg *Caenorhabditis elegans*-ban

A HSF1 egy evolúciósan konzervált transzkripció faktor, mely a sejtes stresszválaszban betöltött funkcióján túl jelentős szerepet játszik alapvető biológiai folyamatokban (egyedfejlődés, anyagcsere, öregedés), továbbá egyes betegségekben (neurodegeneratív rendellenességek, karcinogenezis és tumor progresszió). A kiterjedt vizsgálatok ellenére a HSF1 működése ezekben a folyamatokban máig nem teljesen ismert.

C. elegans-ban eddig a hsf-1 két allélja ismert: a nullmutáns ok600 és a transzaktivációs domént nélküli fehérjét kódoló sy441. Míg az ok600 mutáns állatok lárvaletelis fenotípust mutatnak, addig a hsf-1(sy441) mutáns férgek életképesek annak ellenére, hogy a bennük képződő csonka HSF-1 az irodalom szerint nem képes transzkripció aktivációra. Ennek ellentmond kutatócsoportunk új, RNS-szekvenáláson alapuló eredménye, miszerint a hsf-1(sy441) mutánsban hősokkot követően mégis aktiválódnak a HSF-1 célgénjei.

Kutatásunk célja az volt, hogy ezt az eredményt kvantitatív real-time PCR és GFP riporter rendszerek segítségével validáljuk. Célunk továbbá, hogy forward genetikai módszerekkel olyan új hsf-1 mutánsokat izoláljunk, amelyek életképesek, de a hősokk gének transzkripciójának aktiválására képtelenek. Ezért egy olyan transzgén rendszert hoztunk létre, melyben az embrióban apoptózist indukáló egl-1 gén egy hősokk-promóter szabályozása alatt áll. Reményeink szerint az ezen rendszer segítségével izolált új hsf-1 allélok vizsgálata elvezethet a HSF-1 működésének jobb megértéséhez.

Genetika II. (Modellorganizmusok) tagozat

VIRÁG NIKOLETT*vir53078@gmail.com*

Biológia

BSc, 5. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Honti Viktor**tudományos főmunkatárs, ELKH SZBK Genetikai Intézet*

A Headcase fehérje funkciójának vizsgálata az ecetmuslica központi nyirokszervének velőállományában

Az ecetmuslica (*Drosophila melanogaster*) és az emlősök vérsejtképződést szabályozó mechanizmusai között magas szintű homológia figyelhető meg, ezért az ecetmuslica kiváló modell a vérképzés tanulmányozására. A lárva egyik vérsejtképző szerve - a központi nyirokszerv - három régióra osztható. Ez a három terület a: poszterior szignalizációs központ (PSC), a kérgi zóna (CZ) és a velőállomány (MZ). Míg az MZ progenitorokat tartalmaz, a CZ-ben differenciált vérsejtek találhatóak. A PSC maga az őssejt niche, amely szabályozó funkciója révén tartja fenn a progenitorok differenciálatlan állapotát. Érdeklődésünk középpontjában a HECA humán tumorsuppresszor ortológja, a Headcase (Hdc) fehérje áll. A hdc csendesítése a PSC niche-ben olyan speciális vérsejtek - lamellociták - differenciálódásához vezet, amelyek egyébként nincsenek jelen immunindukció nélkül. Ez arra utal, hogy a Hdc nem sejt-autonóm módon suppresszálja a progenitorok korai differenciálódását. Munkánk során a Hdc sejt-autonóm szerepét vizsgáltuk az MZ progenitoraiban. Kísérleteink eredményei arra utalnak, hogy a Hdc az MZ-ben az E-cad fehérjén és az EGFR jelátviteli útvonalakon keresztül hat, ellentétben azzal, amit korábban a PSC-ben tapasztaltak, ahol a Hdc a Hh és az Insulin/mTOR jelátviteli útvonalakon keresztül fejti ki hatását. A hdc csendesítése mind a PSC-ben, mind az MZ-ben ROS emelkedéshez vezetett, ami arra utal, hogy hiánya sejtes stresszt okoz, melynek következménye a progenitorok immunindukció nélkül is bekövetkező differenciálódása. Bízunk benne, hogy a vizsgálataink során szerzett eredmények hozzájárulnak a központi nyirokszervben zajló szabályozási folyamatok alaposabb megismeréséhez.

VÁCZY-FÖLDI MÁTÉ*vaczyfmate@gmail.com*

Biológi

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Horváth Zsófia**tudományos főmunkatárs, Eötvös Loránd Kutatási Hálózat Ökológiai Kutatóközpont Vízi**Ökológiai Intézet, Budapest, Magyarország**Dr. Szabó Attila**tudományos munkatárs, Svéd Agrártudományi Egyetem (SLU) Talaj, Víz és Környezetkutató**Centrum, Uppsala, Svédország*

A fragmentáció planktonikus pro- és eukarióta egysejtű közösségekre gyakorolt hatásának kísérletes vizsgálata

A jelenlegi globális biodiverzitás válság egyik fő oka az élőhelyek elvesztése. Ez azonban nemcsak az elérhető élőhelyek számát csökkenti, hanem a megmaradó élőhelyhálózatokat is érinti. Ennek az élőhely-fragmentációnak a biodiverzitásra gyakorolt közvetlen hatása ugyanakkor kevésbé ismert, mivel a legtöbb esetben nem lehetséges az élőhelyek csökkenésétől függetlenül vizsgálni. Kutatócsoportunk egy mezokozmosz kísérletben vizsgálta a fragmentáció hatását az élőhelyek számának változatlansága mellett. Hat élőhely-hálózatot állítottunk össze 5-5 mezokozmoszból, amelyek közt vízcserével szimuláltuk a diszperziót, majd a hálózatok felében ezt megszüntettük (fragmentáció). Dolgozatom célja a fragmentáció hatásának vizsgálata volt egysejtű pro- és eukarióta közösségek biodiverzitás-mintázataira (alfa, béta, gamma) és összetételére. A kísérlet végén az eukarióták esetében a fragmentált metaközösségekben mind a lokális (alfa), mind a regionális (gamma) diverzitás alacsonyabb volt. Baktériumoknál ez nem volt kimutatható, ugyanakkor esetükben is szignifikáns eltéréseket találtunk a közösségek összetételében. Eredményeim megmutatták, hogy az összeköttetések sérülése egy élőhely-hálózatban akár rövid időn belül is jelentős változásokhoz vezethet, és egysejtű eukarióták esetén mind az egyes élőhelyek, mind a hálózatok biodiverzitását negatívan befolyásolja.

KOVÁCS ZSOLT*kovacs429@gmail.com*

Hidrobiológus

MSc, 1. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Csabai Zoltán**egyetemi docens, PTE TTK**Szloboda Anita**PhD hallgató, PTE TTK*

**A kiszáradás EPT faunára gyakorolt hatásának vizsgálata mecseki
kiszáradásokban**

A klímaváltozás hatásának erősödésével a vízfolyások időszakossága egyre elterjedtebb jelenséggé fog válni a közeljövőben, és olyan éghajlati területeken is meg fognak jelenni ilyen típusú vizek, ahol eddig nem voltak jellemzőek. A kiszáradás makroszkopikus vízi gerinctelen közösségekre gyakorolt hatására Magyarországon eddig kevés kutatás irányult. Kutatásunkban a mecseki Bükkösdi-víz vízgyűjtőjének állandó és időszakos vízfolyásainak EPT-közösségeit hasonlítottuk össze egyedszám és taxonszám alapján. A kérészek, álkérészek és tegzesek a vízi gerinctelenek egyik legérzékenyebb csoportját képezik, ezért feltételeztük, hogy a két vízfolyástípus között különbség lesz kimutatható. Munkánk során korábbi kutatásokhoz hasonló tapasztalataink voltak. Az NMDS szórásdiagramján jól elkülönültek az általunk meghatározott vízfolyás típusok. Az EPT-együttesek egyedszámadatai alapján a csatorna jellegű vízfolyások szignifikánsan különböznek az állandó és a rövid időre kiszáradó középhegységi pataktól. A hosszú időre kiszáradó vízfolyásokra jellemző alacsony egyedszám korábbi kutatások eredményeivel egybevág. A kiszáradó vízfolyásoknál megfigyelhető kiugró értékekre a különböző túlélési stratégiák (medencékbe történő túlélés, szárazságtűrő tojások, sajátos életciklus) magyarázatul szolgálhatnak. A hosszú időre kiszáradó vízfolyások esetében a közösségek taxonszáma alapján különbözött az állandó és rövid időre kiszáradó vízfolyásoktól is. Annak ellenére, hogy a Magyarország területén csak a közelmúltban jelent meg a vízfolyások klímaváltozás által indukált kiszáradása, az EPT-közösségek egyes szerkezeti jellemzői között különbségek mutatkoztak. A vízfolyások kiszáradása a jövőben egyre elterjedtebb jelenség lesz, és valószínűleg ezek a különbségek még határozottabbak lesznek.

HÓCZA SZABOLCS*vacsoth@gmail.com*

Biológia

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Bókony Veronika**tudományos főmunkatárs, ELKH ÁTK Növényvédelmi Intézet*

Okozhat-e ivarváltást kételtűekben a kémiai szúnyoggyérítés?

Az ivarváltás, amikor az egyedfejlődés kezdetén a genetikai ivarral ellentétes fenotípusos ivar alakul ki, vizsgálata ektoterm gerincesek természetes populációiban az utóbbi néhány évben kezdett fellendülni. Többféle környezeti hatás okozhat ivarváltást, köztük endokrin diszruptor kemikáliák is. Ilyen endokrin diszruptorok lehetnek a kémiai szúnyoggyérítésben használt rovarirtószer, melyek különösen a vizes élőhelyek állatvilágát károsíthatják. Két manapság elterjedten használt szintetikus piretroid alapú rovarirtószer, a deltametrin és az etofenprox korábbi kutatások eredménye alapján élettani és viselkedésbeli elváltozásokat okozhat vízi állatokban, azonban egyetlen tanulmány sem vizsgálta még, hogy befolyásolják-e az ivari fejlődést kételtűekben. A kutatásom célja e két piretroid környezetileg releváns koncentrációinak hatásait felmérni az ivararányra és az ivarfüggő mortalitásra erdei békáknál (*Rana dalmatina*). Terepen gyűjtött petékből nevelt ebihalakat mezokozmoszban neveltünk fel úgy, hogy a vízbe 0,03 vagy 0,3 µg /l deltametrin vagy etofenproxot adagoltunk kétszer, majd az átalakult állatok ivarát boncolással állapítottuk meg. Az eredményeink alapján lehetséges, hogy az alacsony koncentrációjú etofenprox kezelés növeli a nőstények mortalitását és/vagy ivarváltást (maszkulinizációt) okoz. Ennek pontos kiderítésére a kísérleti állatok genetikai ivarának vizsgálatára lesz szükség.

Hidrobiológia tagozat

BÍRÓ ZSOLT*zsoltbiro198@gmail.com*

Hidrobiológus MSc

MSc, 3. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezetők:**Dr. Nyeste Krisztián**egyetemi adjunktus, DE TTK**Somogyi Dóra**PhD hallgató, DE TTK***A Keleti-főcsatorna halfaunája és halközösség alapú ökológiai állapotértékelése**

1956-ban elkészült Keleti-főcsatorna fő funkciói a mezőgazdasági területek és tógazdaságok vízellátásának megoldása, lakossági és ipari igények kiszolgálása. Az elmúlt évtizedben jelentősen csökkent a mezőgazdasági vízhasználat, emiatt a csatorna vízhozamát is korlátozták, így mindhárom szakaszán lelassult a víz áramlása. A főcsatorna természetvédelmi szempontból fontos halélőhely, ezt történeti adatok és horgászfogások egyaránt bizonyítják. A főcsatornát több mint két évtizeddel ezelőtt vizsgálták részletesen Halasi-Kovács és munkatársai 1998 és 2001 között, ezért aktuálisnak tartottuk a csatorna halfaunájának újbóli átfogó vizsgálatát. Munkánk során célul tűztük ki a Keleti-főcsatorna teljes hosszszelvényének recens halfaunisztikai vizsgálatát, a halközösség taxonómiai és funkcionális szerkezetének feltárását, az egyes szakaszok halközösség alapú ökológiai állapotminősítését és az eredmények összevetését a korábbi felmérések adataival. Jelen vizsgálatunkat 2021 augusztusában végeztük. Három nagy szakaszra osztottuk fel a főcsatornát, a bukókat használtuk szakaszhatárnak, és összesen 10 mintavételi pontot jelöltünk ki. Az Európai Unió Víz Keretirányelv halak élőlénycsoportra vonatkozó megfelelő mintavételi protokollt használtunk, az állapotminősítést pedig az EQIHRF rendszer segítségével végeztük. Kiválasztottunk négy funkcionális jellemzőt, amik alapján vizsgáltuk a főcsatorna halközösségének funkcionális összetételét. Ezek a táplálkozási habitat, az áramláskedvelés foka, az élőhelyspecializáció, valamint az eredet voltak. A jelen vizsgálat alapján összességében megállapítható, hogy a főcsatorna halfaunája alapvetően hasonló képet mutat, mint 20 éve, és ökológiai állapota is hasonló. A legnagyobb változások a középső és alsó szakaszokon mentek végbe. Több, korábban igazoltan jelen lévő faunaelemet nem találtunk meg, továbbá nőtt az idegenhonos fajok aránya, s megjelent az adventív eredetű folyami géb, mint új faj. A lecsökkent vízhozam és a víz áramlási sebességének csökkenése, valamint a vízínövényzet jelentős térnyerése következtében megnőtt a metafitikus, az euritóp, a generalista és az idegenhonos faunaelemek aránya. Ez a változás leginkább a középső és alsó szakaszokon érezhető a halközösség tekintetében. A csatorna jó ökológiai állapotának elérése érdekében magasabb vízhozamot kellene biztosítani, legalább a vegetációs periódus ideje alatt.

NAGY LÁSZLÓ*nagylaszlo0002@gmail.com*

Hidrobiológus

MSc, 1. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezetők:**Dr. Antal László**egyetemi docens, DE TTK**Dr. Nyeste Krisztián József**egyetemi adjunktus, DE TTK*

A Nagykunsági-főcsatorna halfaunája és halközösség-alapú ökológiai állapotminősítése eltérő mintavételi protokollok és módszerek alapján

A Nagykunsági-főcsatorna négy szakaszán 2022 októberében végeztünk halfaunisztikai felmérést az Európai Unió Víz Keretirányelv (EU VKI), valamint a Nemzeti Biodiverzitás-monitorozó Rendszer (NBmR) protokolljai alapján, valamint végrehajtottuk a főként bentikus fajok vizsgálatára alkalmas elektromos bentikus keretes húzóhálós (elektromos kecsés) mintavételt is. A munkánk egyik fő célja volt, hogy feltárjuk a Nagykunsági-főcsatorna recens halfaunáját, valamint, hogy elemezzük az egyes szakaszok halközösségének funkcionális összetételét és elvégezzük azok halalapú ökológiai állapotértékelését is, amihez két különböző indexet alkalmaztunk. Másik fő célkitűzésünk módszertani jellegű volt, ugyanis elsőik között hasonlítottuk össze ugyanazon vízfolyásszakaszok ilyen jellegű eredményeit az eltérő protokollok, valamint az elektromos kecsés mintavételek alapján. Eredményeink alapján elmondható, hogy a Nagykunsági-főcsatornán összesen 23 faj 3458 egyedét azonosítottuk, ezek közül két faj állt természetvédelmi oltalom alatt és 8 volt adventív eredetű. Az egyes szakaszok funkcionális értékelése az alföldi csatornák esetén megszokott tendenciát mutatták. Az ökológiai állapotértékelés alapján a vízfolyás zöme a mérsékelt, a legalsó szakasza pedig a gyenge kategóriába esett. A korábbi irodalmi adatokkal összevetve jelentős különbségeket nem tapasztaltunk, főként az egyes fajok populációnagyságában találtunk különbséget (pl. megnőtt az idegenhonos fajok aránya). Az EU VKI és az NBmR protokolljai között lényeges különbségeket nem tapasztaltunk. Az elektromos kecsével történő mintavétel fontos új adatokat szolgáltatott, ugyanis sikerült kimutatni a védett halványfoltú küllőt, amiről korábban nem volt irodalmi adat a főcsatornából, illetve hatékonyan sikerült mintavételezni a ponto-kaszpikus gébféléket, melyek a hagyományos partmenti mintavételezés során csak igen kis hatékonysággal monitorozhatók.

BARTALOVICS BEA*beabartalovics@gmail.com*

Hidrobiológia

MSc, 1. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Móra Arnold**egyetemi docens, PTE TTK*

Jelzik-e a kisvízfolyások időszakosságát az árvaszúnyogok funkcionális csoportjai?

Napjaink egyik legfontosabb problémája, hogy a globális klímaváltozás következtében megváltozhatnak az ökoszisztémák. Az édesvízi rendszerek különös érzékenységet mutatnak a klimatikus változásokkal szemben, kiváltképp a kisvízfolyások, amiket a legsérülékenyebb édesvízi rendszerek közé sorolnak az őket érő szerteágazó, több irányból érkező klimatikus és antropogén hatások miatt. Az időszakos vízfolyások eddig javarészt a mediterrán térségben voltak meghatározóak, de egyre gyakrabban megfigyelhetők a kontinentális régióban is. A vízi makrogerinctelenek az egyik legfontosabb élőlénycsoport a vizek ökológiai állapotértékeléséhez. Ebből a szempontból az árvaszúnyogok (Diptera: Chironomidae) családja is meghatározó, hiszen rendkívüli fajgazdagsága miatt jó indikátor-csoportként szolgál. Kutatásunkban arra kerestük a választ, hogy található-e különbség az időszakos és állandó vízfolyások árvaszúnyog-együttesek funkcionális jellemzőiben, a mintavételre a Bükkösi-víz vízgyűjtő területén került sor 2018 szeptemberében. A vizsgált funkcionális csoportok alapján nem lehetett különbséget felfedezni a két vízfolyástípus között. Ennek oka lehet, hogy a mintavételt megelőző időszakban nem volt jelentős kiszáradás, így a különbségek elmosódtak, viszont a kapott eredmények alapján arra lehet következtetni, hogy a vízfolyások egy finomabb csoportosítása esetén jobban megfigyelhető különbségeket kapnánk.

BÉKÉSI CSABA*bekesi.csaba17@gmail.com*

Hidrobiológus

MSc, 1. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezetők:**Dr. Nagy Sándor Alex**tudományos tanácsadó, DE TTK**Dr. Boda Pál**tudományos főmunkatárs, Ökológiai Kutatóközpont, Vízi Ökológiai Intézet, Tisza-kutató
Osztály*

A kiszáradás hosszának hatása a kisvízfolyások makroszkopikus vízi gerinctelen közösségeire

A klímaváltozás miatt a szélsőséges környezeti hatások egyre gyakoribbá válhatnak, melynek eredményeképpen a felszíni vizekben villámáradások, vagy éppen a kiszáradásuk figyelhető meg. A hazai vízügyi gyakorlatban a vízfolyásokat vízhozamuk és vízállásuk alapján állandó, közel állandó, időszakos (kiszáradó) kategóriákba lehet besorolni. A felszíni vizek, így a kiszáradó vízfolyások ökológiai állapotának meghatározása történhet az ott élő makroszkopikus vízi gerinctelen közösségek vizsgálatával, mivel igen gyorsan képesek reagálni és életciklusuk is elég hosszú.

Kutatásunkban azt vizsgáltuk, hogy a kiszáradási periódus hossza hogyan befolyásolja a víztér makroszkopikus vízi gerinctelen közösségét, illetve a kiszáradás utáni első vizes fázisban visszatérő közösség fajkészletét, abundancia viszonyait és közösségszerkezetét. Ezért kiválasztottunk 4 alföldi vízfolyást, melyekből EU VKI mennyiségi mintavételi módszerekkel vett mintákból határoztuk meg a vízi makroszkopikus gerinctelen egyedeket. A kiszáradás hossza szerint 4 kategóriát (0. = állandó, 1. = egyszer, 2. = kétszer, 3. = háromszor kiszáradó) állítottunk fel, melyeknek vizsgáltuk a fajsámát, taxonsámát, egyedsámát, standard egyedsámát. A kategóriákat statisztikai módszerekkel, metrikákkal össze is hasonlítottuk.

Eredményeinkben az időszakos kategóriák között nincsen számottevő eltérés a fajsámok és az egyedsámok arányában. A kiszáradás utáni első vizes fázisban a standard egyedsám lecsökken az időszakos kategóriákban, de nagy különbség itt sem tapasztalható közöttük (0. = 1653; 1. = 675; 2. = 613; 3. = 623). Taxonsámok esetében is hasonló figyelhető meg, viszont itt a 3. kategória értéke nagyobb, mint a 2. kategóriáé (0. = 35; 1. = 25; 2. = 10; 3. = 20).

Az értékek alakulásának egyik magyarázata lehet, hogy a mintavételi időszakok között általunk nem detektált vizes fázisok alakulhattak ki. Természetesen emellett még például a lokális eltérés, a szezonális és az éves diszperziós aktivitás is lehet befolyásoló tényező.

A vizsgálatunkkal többet tudtunk meg a rövid és közepes távú kiszáradások hatásairól, mely azért fontos, mert az előrejelzések alapján először az ilyen típusú kiszáradások fognak terhelésként jelentkezni a vízfolyások esetében.

KIS PATRIK*kis.patrik7@gmail.com*

Hidrobiológus

MSc, 1. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezetők:

Dr. Csabai Zoltán

egyetemi docens, PTE TTK

Pernecker Bálint

tanársegéd, PTE TTK

A kiszáradás, mint környezeti stresszor hatása vízi makrogerinctelenek morfológiájára

A kiszáradás, mint környezeti stresszor számos hatással lehet a vízi makrogerinctelen közösségekre. Megváltoztatja a dominanciaviszonyokat, hatással van a diverzitásra. A makrogerinctelenek ezáltal jó indikátorai a különböző vizes élőhelyeken történő zavarásoknak, így a kiszáradásnak is. Az is megfigyelhető, hogy ezen élőlények különböző adaptációs mechanizmusokkal válaszolnak a rendszeresen bekövetkező kiszáradási eseményekre. Arról azonban kevés információnk van, hogy ezek a víznélküli időszakok milyen morfológiai változásokat indukálhatnak egy időszakos vízfolyás makrogerinctelen populációiban. Ezen kérdéskör megválaszolása érdekében végeztem vizsgálatokat kiszáradó és állandó vízű vízfolyásokból származó *Gammarus roeselii*, *Gammarus fossarum*, *Electrogena ujhelyii* és *Chaetopteryx major* egyedeken. A kiválasztott egyedek számos morfometriai paraméterét szoftveres mérések segítségével határoztam meg, majd az adatsorokat összevetve megállapítottam, hogy jelentkeznek valamilyen különbség a két különböző élőhely egyedeinek megjelenése között. A kiszáradó vízfolyások egyedeinek testmérete nagyobb, mint az állandó vízfolyásban élőké, mely okai lehetnek a kiszáradó vizekben a predációs nyomás növekedése, illetve a kiszáradás elkerülése miatti gyorsabb egyedfejlődés. A *Gammarus roeselii* esetében megfigyelhető, hogy a 7. pereopod basis láb íze keskenyebb az időszakos vízű patakok egyedeinél, amely összefüggésben lehet a kétféle élőhelyen tapasztalható vízsebesség különbözőségével. Az *Electrogena ujhelyii* esetében a kiszáradó vízfolyásokban található egyedek szemének mérete és azoknak a fej középvonalától való távolsága volt nagyobb. Ez valószínűleg azzal magyarázható, hogy az egyedek fejlődése gyorsabb a kiszáradó vízfolyásokban, ugyanis ezen kérészek ugyanabban az időpontban fejlettebb lárvastádiumban voltak, mint az állandó vízű élőhelyen élők. A *Chaetopteryx major* esetén azt tapasztaltuk, hogy az első láb tibia íze rövidebb, de szélesebb a kiszáradó vízfolyásokban. A módosulás oka lehet az, hogy ezeken az élőhelyeken előnyös az izmosabb, szélesebb láb, hogy az állatok be tudják ásni magukat az üledékbe, így ugyanis túl tudják élni a víz nélküli periódusokat. A kiszáradás hatása tehát megfigyelhető a vízi makrogerinctelenek morfológiáján keresztül is.

Hidrobiológia tagozat

KOVÁCS DÓRA*kovacsdoria1998@gmail.com*

Hidrobiológus

MSc, 3. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezetők:**Dr. Nagy Sándor Alex**tudományos főmunkatárs, DE TTK**Dr. Pirger Zsolt**tudományos főmunkatárs, Balatoni Limnológiai Kutatóintézet*

Hormonok és mikroműanyagok hatása a nagy mocsáricsigára (*Lymnaea stagnalis*)

A víz az élet elengedhetetlen feltétele. A rendelkezésünkre álló édesvízkészletek nem végtelenek. A népesség növekedés olyan mértékeket öltött, mint korábban nem volt tapasztalható. A felszíni vizek antropogén hatásoktól terheltek, ilyen antropogén hatás a mikroműanyagok és a hormonok is. A mikroszennyezők akkumulálódhatnak, felhalmozódhatnak a táplálékláncban. A vízbe került anyagok visszahatnak a szennyezés okozóira. A műanyagokat óriási mennyiségben állítják elő, az élővilág azonban a műanyagokat nem képes lebontani, hatalmas károkat okozva mind a vízi, mind a szárazföldi ökoszisztémákban. A mikroszennyezők jelenléte a felszíni vizekben, tengerekben, óceánokban általános problémává vált. A vízhasználat utáni víztisztítások nem minden esetben képesek maradéktalanul eltávolítani. A vizsgálat során arra kerestem a választ, hogy ezen anyagok milyen hatással vannak a *Lymnaea stagnalis* mozgásaktivására.

Immun- és orvosi biológia tagozat

PALLER ÉVA*paller.evi@gmail.com*

Biológia

BSc, 5. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Kocsis Zsuzsa**klinikai sugárbiológus, Országos Onkológiai Intézet*

Redoxrendszerek hatásának vizsgálata a sugárrezisztenciára emberi sejtvonalban mérve

A sugárterápia az egyik leggyakrabban alkalmazott onkológiai kezelés, de a tumorsejtek rezisztenssé válhatnak rá. A terápia a DNS károsításán keresztül hat, aminek körülbelül kétharmadáért a reaktív oxigéngyökök (ROS) felelősek.

A kutatás célja az, hogy feltérképezzük a ROS eltávolításáért felelős redox útvonalakat és ezek fehérjéit sugárrezisztens sejtvonalban.

Ehhez egy frakcionáltan besugárzott sejtvonalat (60Gy) használtunk fel, és ennek tulajdonságait klonogenitási vizsgálatokkal, szulforodamin B módszerrel (SRB) és flow citométer segítségével térképeztük fel.

A vizsgálatok megerősítették, hogy a sejtvonal sugárrezisztenssé vált. Megállapítottuk, hogy a 60Gy vonal a besugárzás után már 4 órával helyreállt oxidatív stressztűrés szempontjából a vad sejtvonallal ellentétben, ami ekkor még nem épült fel a besugárzás okozta ROS-stresszből. Továbbá a 60Gy vonal nagyobb százalékban volt a sejtciklusának G2/M fázisában besugárzás után.

A kutatás eredményei azt mutatják, hogy a besugárzás után 4 óráig érvényesül legjobban redox útvonalak közvetlen hatása (pl. stressztűrés), és a vad és 60Gy vonal között is ebben az időintervallumban figyelhető meg a legnagyobb különbség.

SÓLYOMVÁRI CSENGE*solyomvaaricsenge@gmail.com*

Biológia

BSc, 7. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Zelena Dóra**egyetemi tanár, PTE ÁOK*

Az Alzheimer-kór patomechanizmusa transzgén egéren vizsgálva: a női nemi hormon progressziót gyorsító hatása.

Az Alzheimer-kór (AD) a demencia leggyakoribb típusa, ami egy progresszív neurodegeneratív betegség, mely nőkben, különösen menopauza után, mikor a nemi hormonszintek lecsökkennek sokkal gyakoribb, mivel ezek a hormonok bizonyítottan neuroprotektívek. A menopauza a petefészkek eltávolításával (ovariectomia, OVX) modellezhető az állatokban.

Célunk, hogy igazoljuk az OVX demenciát gyorsító hatását arra érzékeny modellállaton, kognitív tüneteket mutató háromszorosán transzgén (3xTg-AD) nőstény egereken. Mivel irodalmi adatok szerint ezen állatokban 6 hónapos korban mutathatók ki először agyi elváltozások, ezért 3 hónapos állatok petefészkeit távolítottuk el és 1 hónappal később az állatok testösszetételét mágneses magrezonancián alapuló módszerrel mértük, magatartási tesztek végeztünk, majd agymintákat gyűjtöttünk. A fő feladatunk az agyi elváltozások immunhisztokémiai detektálása volt. A feldolgozás során az egéragyat koronálisan metszettük, majd immunhisztokémiai módszerrel festettük, mely során a különböző agyterületeken megjelenő neurofibrilláris kötegeket (tau-fehérjék) és senilis (β -amiloid) plakkokat vizsgáltuk. Mivel a kolinerg rendszer erősen érintett AD-ben, ezért a bazális előagyi kolinerg sejtek számát, valamint az acetilkolin-észteráz pozitív rostok denzitását a szomatoszenzoros kéregben is feltérképeztük. Eredményeink alátámasztották, hogy ugyan magatartási szinten nem volt kimutatható az AD progressziója, de mind a β -amiloid felhalmozódás a bazolaterális amigdalában, mind az acetilkolin-észteráz pozitív rostdenzitás csökkenése kifejezettebb volt OVX hatására. Összességében OVX után a 3xTg-AD egerek már fiatalabb korban is használhatóak lehetnek új terápiás anyagok hatásának vizsgálatára strukturális szinten, de a magatartási hatások felméréséhez későbbi időpontra lehet szükség.

Immun- és orvosi biológia tagozat

TÓTH ANNA HENRIETTA*tothanncz@gmail.com*

Biomérnök

BSc, 2. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezető:**Dr. Juhász Tamás**egyetemi adjunktus, DE ÁOK*

A humán porc öregedésének és a PAC1 receptor expressziójának lehetséges kapcsolata

Bevezetés: A PACAP (hipofízis adenilát cikláz aktiváló polipeptid) nevű neuropeptid bizonyítottan számos szövet fejlődését befolyásolja, ilyen módon a porcdifferenciációt is. A PAC1 egy olyan PACAP receptor, mely közel 1000-szer nagyobb affinitással köti a neuropeptidet VPAC1 és VPAC2 receptorokhoz képest. Valamint azt is tudjuk, hogy aktivációja a Sox9 transzkripciós faktoron keresztül a II-es típusú kollagén és más mátrixalkotó génjének aktivációját is pozitívan befolyásolja.

Célkitűzés: Kísérleteink célja, hogy feltérképezzük a PACAP legfontosabb receptorának szerepét a humán porc öregedése során betöltött funkciójáról.

Anyag és módszer: Munkánk során humán porcmentákat gyűjtöttünk a humán etikai engedélyek betartásával (28996-2/2018/EKU). A mintákból 10 évenkénti korcsoportokat alakítottunk ki, melyeken hematoxilin-eosin (HE), dimetil-metilénkék (DMMK) és picrosirius (PS) szövettani festéseket végeztünk. PAC1 helyét immunhisztokémiával vizsgáltuk konfokális mikroszkópban.

Eredmények: Az általános morfológiai paramétereket HE festéssel ítéltük meg és egy patológus bevonásával megvizsgáltuk a porcszerkezet elfajulását. Lemértük az általános porcvastagságot, mely csökkenő tendenciát mutat a kor előrehaladtával. A DMMK festéssel a porc extracelluláris mátrixának metakromatikus festődésének intenzitását ítéltük meg, mely jelentős csökkenést mutat az idősebb mintákban. A porcspecifikus II-es típusú kollagén lefutását PS festéssel polarizációs mikroszkópban vizsgáltuk. Megállapíthattuk, hogy a kollagénrostok orientációja zavart szenved, a máltai kereszt mintázatában változások következnek be az idősebb betegek ízületi porcában. Immunhisztokémiai vizsgálatainkból kiderült, hogy a PAC1 expressziója a kor előrehaladtával csökken az ízületi porc mindhárom zónájában.

Konklúzió: Eredményeink alapján elmondhatjuk, hogy a PAC1 receptor expressziója és funkciója korreláltható a porc öregedésével, mely így akár egy terápiás célpont is lehet, melynek aktiválásán keresztül javítható a porcmátrix termelése.

Immun- és orvosi biológia tagozat

ÖSKÜ-OPRA JÚLIA*oprajulia92@gmail.com*

Biológia

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Buzás Edit**intézetvezető, SE ÁOK**Pálóczi Krisztina**kutatási munkatárs, SE ÁOK*

Perikardiális folyadékban található antitestek antigén specifitásának vizsgálata

Bár a szívelégtelenségből adódó halálozás és a szívtranszplantációra szoruló betegek száma növekszik, a szív optimális működéséhez elengedhetetlen, homeosztatisz környezet fenntartásában fontos szerepet játszó perikardiális folyadék immunológiai jellemzése egyelőre alig kutatott terület.

Célkitűzésünk az itt található immunológiai környezet mind jobb megismerése. A kutatócsoport előzetes eredményei alapján a perikardiális üreg nagyszámú memória- és aktivált immunsejtet tartalmazó immunkompartment. Fő kérdésünk, hogy mi az az antigén inger, amelynek hatására ezek a leukociták a perikardium területére vándorolnak, majd aktiválódnak. Felfedezhető-e valamilyen mintázat a szívelégtelenségben szenvedő betegek esetében, illetve megfigyelhető-e valamilyen jellegzetes eltérés az egészségesekhez képest?

A kutatásunk során szívelégtelenségben szenvedő páciensek perikardiális folyadékjait vizsgáljuk. A jelenlévő immunkomplexeket kinyerjük, majd tömegspektrometriás vizsgálattal azonosítjuk a komplexben lévő fehérjéket. Ezután, a kapott eredmények bioinformatikai elemzésével igyekszünk a jelenlévő fehérjék közül kiválogatni az antigén jelölt molekulákat további vizsgálatokra.

Vizsgálataink jelentős mennyiségű antitest jelenlétét igazolták a folyadékmintákban. A tömegspektrometriás mérés során több olyan fehérje előfordulása is bizonyítást nyert a mintákban, amik jelenléte összefüggésbe hozható a kardiovasculáris betegségek (CVD) kialakulásával.

Reményeink szerint így képesek leszünk jobban megérteni az immunrendszer szerepét a szívelégtelenségek kialakulásának hátterében.

A hallgató saját eredményei:

- A minták immunprecipitációját a hallgató végezte az anyagok és módszerek részben leírtak szerint. A precipitáció sikeres volt, sikerült antitesteket kinyerni a perikardiális folyadékmintákból.
- A precipitátumok SDS-PAGE és Western blot vizsgálata során IgG és IgM molekulákat detektált.
- A tömegspektrometriás adatok elemzését a hallgató végezte. Ennek során sikeresen azonosított 42 CVD-vel összefüggésbe hozható, antigén jelölt fehérjét.

Immun- és orvosi biológia tagozat

MATIZ ESZTER*matizeszter01@gmail.com*

Biológia

BSc, 5. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Bozó Renáta**tudományos munkatárs, SZTE SZAOK*

Potenciális mitokondriális diszfunkciók a pikkelysömörös tünetmentes bőr keratinocitáiban

Bevezetés: A pikkelysömör a lakosság 1-3%-át érintő, krónikus gyulladásos bőrbetegség, ahol a betegek egészséges megjelenésű, tünetmentes bőrterületein a betegségre hajlamosító tényezők, vagy a nem-léziós állapot fenntartását célzó elváltozások is megjelenhetnek. Ismert, hogy a tünetmentes bőr epidermális keratinocitái stresszhatásokkal szemben fokozottan érzékenyek. Kutatócsoportunk korábbi vizsgálatai arra utalnak, hogy a tünetmentes bőrben megváltozott kifejeződést mutató sejt-stressz folyamatokhoz köthető fehérjék érinthetik a mitokondriális funkciókat.

Célkitűzés: Munkánk során célul tűztük ki mitokondriális folyamatok összehasonlítását a pikkelysömörös tünetmentes és az egészséges bőr epidermális keratinocitái között.

Módszerek: A mitokondriális funkciók vizsgálatához először HaCaT keratinocita sejtvonal alkalmazásával optimalizálási kísérleteket végeztünk nagy felbontású respirométerrel. Ezt követően az egészséges donorok és pikkelysömörös betegek tünetmentes bőrterületeiről származó epidermális keratinocitákban alkalmaztuk az optimalizált módszereket. Ezzel párhuzamosan citospin preparátumokon immunfluoreszcens technikával megjelöltük a mitokondriumokat, és meghatároztuk a festés fluoreszcencia intenzitását.

Eredmények: A pikkelysömörös tünetmentes keratinociták mitokondrium festésének fluoreszcencia intenzitása, és az intenzívebben festődő sejtek aránya is szignifikánsan magasabb volt az egészséges keratinocitákhoz képest. Oxidatív foszforilációban és citokró-m-c felszabadulásban nem tapasztaltunk szignifikáns különbséget. Azonban a tünetmentes keratinociták CCCP-re (oxidatív foszforiláció szétkapcsoló) adott válasza csökkent volt, az oxidatív foszforiláció és „leak” respiráció során mért hidrogén-peroxid termelése pedig szignifikánsan magasabb volt az egészséges keratinocitákhoz képest.

Következtetés: Eredményeink arra utalnak, hogy a pikkelysömörös betegek tünetmentes bőrből származó keratinocitákban eltérő a mitokondriális funkció az egészséges keratinocitákhoz viszonyítva. Magasabb a mitokondriumok száma, bennük potenciális membránkárosodás lehet, és megváltozik a mitokondriumok kapcsoltsága, ami hozzájárulhat a magasabb hidrogén-peroxid termeléshez. Ezek az elváltozások befolyásolhatják a tünetmentes keratinociták stresszhatásokkal szembeni érzékenységét. További vizsgálatainkkal arra keresünk választ, vajon a megfigyelt mitokondriális diszfunkciónak van-e szerepe a pikkelysömörös tünetmentes bőr nem-léziós állapotjának fenntartásában.

Immun- és orvosi biológia tagozat

SÁGI STELLA MÁRTA*sagi.stella98@gmail.com*

Molekuláris, Immun-, és Mikrobiológia

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Kovács Gábor**tanársegéd, SE ÁOK**Dr. Jakus Zoltán Péter**egyetemi docens, SE ÁOK*

A nyirokrendszer szerepének vizsgálata a nukleozid-módosított mRNS-vakcina által kiváltott immunválaszban

Bevezetés: A lipid nanopartikulumba (LNP) csomagolt nukleozid-módosított, hírvívó RNS (mRNS-LNP) technológián alapuló vakcinákat jelentős tudományos érdeklődés övezi, mivel kettő, a vészhelyzetileg elfogadott SARS-CoV-2 elleni vakcina is ezen a technológián alapul. Irodalmi adatok alapján jelentős humorális immunválaszt képesek kiváltani, azonban az ebben szerepet játszó molekuláris és celluláris mechanizmusok a mai napig sem teljesen ismertek. A nyirokrendszer részt vesz számos immunológiai folyamatban, azonban az mRNS-LNP vakcinák indukálta immunválaszban betöltött szerepe további vizsgálatokat igényel.

Célkitűzések: Célunk, hogy jellemezzük a nyirokrendszer szerepét az mRNS-LNP vakcinák által indukált immunválaszban kísérleti egérmodellek segítségével.

Módszerek: Vad típusú egerek talpába fluoreszcensen jelölt LNP-ket injektáltunk, majd vizsgáltuk a fluoreszcenciát az injektálás területén és regionális nyirokcsomóban. Továbbá eGFP mRNS-LNP-t injektálva térképeztük fel annak expresszióját. Szövetmintákat gyűjtöttünk, amelyeket fluoreszcens immunfestéssel vizsgáltunk. A fentieken túl diftéria toxinnal indukálható, lokálisan nyirokérhiányos transzgenikus egértörzsben is követtük az eGFP mRNS-LNP expresszióját. Ezt követően az influenza hemagglutinint kódoló mRNS-LNP vakcinával kezeltünk ép nyirokérrendszerű, vagy nyirokérhiányos régióban állatokat, majd több időpontban gyűjtött szérummintából meghatároztuk a specifikus IgG titert.

Eredmények: Eredményeink alapján a fluoreszcensen jelölt LNP-k elszállítódottak a regionális nyirokcsomókba. Az eGFP mRNS-LNP az injektálás területén és a nyirokcsomóban is kifejeződött. A nyirokerek lokális hiánya gátolta a GFP fehérje expresszióját a regionális nyirokcsomókban. A nyirokérhiányos régióba való mRNS-LNP alapú vakcina injektálása szignifikánsan alacsonyabb specifikus antitest titert eredményezett a kontroll, ép nyirokérrel rendelkező területen vakcinált csoporthoz viszonyítva.

Következtetések: Eredményeink arra utalnak, hogy a nyirokerek részt vesznek az mRNS-LNP-k felvételében és szállításában. Továbbá az ép nyirokérfunkció szükséges a megfelelő humorális immunválasz kialakulásához. Eredményeink hozzájárulhatnak az mRNS-LNP alapú vakcinák kiváltotta, nyirokerektől függő hatásmechanizmusok megértéséhez, illetve a vakcinák optimalizálásához és a lehetséges mellékhatások csökkentéséhez.

Immun- és orvosi biológia tagozat

SZECSKÓ ANIKÓ

szecsckoaniko@gmail.com

Biológus

MSc, 4. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Veszélka Szilvia**tudományos főmunkatárs, Szegedi Biológiai Kutatóközpont**Dr. Mészáros Mária**tudományos munkatárs, Szegedi Biológiai Kutatóközpont*

Virális peptid hatásának vizsgálata agyi endotélsejteken

A központi idegrendszeri betegségek gyógyítása nagy kihívást jelent, mivel az agyi kapillárisok sejtjei által kialakított vér-agy gát nagymértékben akadályozza a terápiás hatóanyagok bejutását az agyba. Erre a problémára megoldást jelenthet a nanopartikulumok (NP) alkalmazása. A sikeres agyi gyógyszerbejuttatáshoz nem elegendő azonban a hatóanyag bezárása NP-be, speciális célzó molekulák alkalmazására is szükség van. Az NP-k felszínéhez kötött célzó ligandok nélkül a terápiás anyagot szállító részecskék gyakran a perifériás szervekben dúsulnak fel, nemkívánatos mellékhatásokat okozva. A Dangué vírus kapszid fehérjéjéből tisztított PepH3 az irodalomban már ismert, sejtbejutást elősegítő peptid. Célunk az volt, hogy megvizsgáljuk, hogy a PepH3 virális peptid önállóan és NP-k felszínéhez kötve képes-e az agyi endotélsejtekben a modellanyag sejtfelvételét növelni és a vér-agy gáton keresztüli transzportját elősegíteni.

Kísérleteinkben fluoreszcensen jelölt PepH3-at, illetve PepH3 peptiddel célzott NP-ket használtunk, melyek belsejébe fluoreszcens festékkel jelölt borjú szérum albumint (Texas Red-BSA, TR-BSA) zártunk. Az előállított NP-k fiziko-kémiai tulajdonságait dinamikus fényszórás méréssel meghatároztuk. Megvizsgáltuk az önálló PepH3, és a PepH3 peptiddel célzott NP-k agyi endotélsejtek életképességre gyakorolt hatását impedanciaméréseken alapuló módszerrel, valamint spektrofluoriméter segítségével meghatároztuk a sejtfelvételüket és a vér-agy gáton keresztüli átjutásukat.

Az előállított NP-k ~100 nm átmérővel rendelkeztek, monodiszperz eloszlást mutattak és enyhén negatív töltéssel rendelkeztek. A részecskék TR-BSA bezárási hatékonysága ~35% volt. Az önálló PepH3 kezelés a vizsgált koncentráció tartományban nem volt toxikus az agyi endotélsejtekre. A PepH3 sejtfelvétele már 30 perc alatt jelentős volt, a vér-agy gáton keresztüli átjutása pedig szignifikánsan magasabbnak bizonyult, mint a marker molekulák penetrációja. A PepH3 peptiddel célzott NP-k 0,1- 3 mg/ml koncentráció tartományban nem befolyásolták az agyi endotélsejtek életképességét. A PepH3 peptid a nanohordozók felszínéhez kötve már 15 perc alatt szignifikánsan megnövelte a sejtfelvételt az endotélsejtekbe és hatékonyan jutott át a vér-agy gáton összehasonlítva a nem-célzott NP-kel.

Eredményeinkből arra következtethetünk, hogy a PepH3 peptid nanohordozók felszínéhez kötve hozzájárulhat hatékonyabb agyi gyógyszerhordozó rendszerek kifejlesztéséhez.

Immun- és orvosi biológia tagozat

KOZMA BENCE TAMÁS*kozma-bence970312@gmail.com*

Bioménöki

BSc, 9. félév

Pannon Egyetem

Mérnöki Kar

*Témavezető:**Dr. Jankovics Hajnalka**Tudományos főmunkatárs, PE MK*

Antitest-antigén kölcsönhatás kimutatására alkalmas fúziós fehérje előállítása

Napjainkra egyre nagyobb a jelentősége az immunanalitikai eljárásoknak mind az orvosi diagnosztikában, mind a molekuláris biológiában. Számos ilyen módszer a specifikus molekulafelismerésen alapul. Ilyen képességekkel többek között a fehérjék rendelkeznek és ennek köszönhetően széles körben használják ezeket olyan immunanalitikai eljárásokban, mint pl. az ELISA (enzim csatolt immunoszorbens próba).

Az ELISA módszerhez elterjedten használatos antitestek nagy hátránya, hogy az előállításuk nehézkes és költséges, ehhez a módszerhez hagyományosan pedig két különböző (elsődleges és másodlagos) is kell belőlük. Az eljárás egyszerűsíthető egyszemélyes antitestek (SdAb) jelzőfehérjéhez, pl. kolorimetriás detektálásra használható torna peroxidáz enzimhez (HRP) fuzionálásával, így a módszer nem igényli másodlagos antitest használatát és rekombináns fehérjeként termeltethető [1]. Az antitest-HRP fehérjét a ko- és poszttranszlációs módosítások biztosítása érdekében emlős sejtekben állítják elő, azonban azok fenntartása költséges, a fehérjék termeltetése időigényes és csak kis kihozatal érhető el velük. Ezzel szemben bebizonyosodott, hogy bizonyos módosítások (pl. glikoziláció) nem befolyásolják a HRP enzim aktivitását [2]. Mivel a hem-csoport *E. coli*-ban is szintetizálódik, és már léteznek a kénhidak megfelelő kiépítésére alkalmas törzsek, a fúziós fehérje előállítása gyorsabb, egyszerűbb és olcsóbb bakteriális rendszerben ígéretesnek tűnik.

A munkám célja, hogy kidolgozzak egy olyan eljárást, amivel a fúziós SdAb-HRP fehérje hatékonyan állítható elő funkcionális formában *E. coli*-ban. A modellfehérjében az SdAb helyére a Z-domént (a protein A IgG-kötő doménje) tettem. Ehhez génszintézeti módszerekkel előállítottam egy olyan gént, amely egybeépítve tartalmazza a specifikus kötőfehérjét a Z-domént és a HRP-t. Ezeket aztán különböző körülmények között próbáltam meg *E. coli* SHuffle sejtekben termeltetni, hogy oldható és enzimatikusan aktív fehérjét kapjak.

[1] Sheng, Y., Wang, K., Lu, Q. et al. Nanobody-horseradish peroxidase fusion protein as an ultrasensitive probe to detect antibodies against Newcastle disease virus in the immunoassay. J Nanobiotechnol 17, 35 (2019). <https://doi.org/10.1186/s12951-019-0468-0>

[2] Škulj S, Barišić A, Mutter N, Spadiut O, Barišić I, Bertoša B. Effect of N-glycosylation on horseradish peroxidase structural and dynamical properties. Comput Struct Biotechnol J. 2022 Jun 8;20:3096-3105. doi: 10.1016/j.csbj.2022.06.008.

Immun- és orvosi biológia tagozat

KOCSIS ANNA*annakocsis.work@gmail.com*

Molekuláris bionika mérnöki BSc

BSc, 7. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Prof. Dr. Deli Mária**tudományos tanácsadó, ELKH Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Biofizikai Intézet, Biológiai**Barrierek Kutatócsoport**Dr. Walter Fruzsina**tudományos munkatárs, ELKH Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Biofizikai Intézet, Biológiai**Barrierek Kutatócsoport*

**Sejtenyészetes vér-agy gát vizsgálatok új humán modelljének optimalizálása:
endotélsejtek, periciták és agyi organoidok együttes tenyésztése**

A modern gyógyszerkutatás során a gyógyszerhatóanyagok agyba való bejutásának és hatásának vizsgálatához nélkülözhetetlenek a sejtenyészetes modellek. A vér-agy gát a központi idegrendszer és a testben keringő vér között dinamikus határfelületet képező sejtek funkcionális egysége, amelynek fő feladata az agy védelme és tápanyagellátása. Azonban ez a gátrendszer nemcsak a káros anyagok, hanem a gyógyszermolekulák bejutását is gátolja az agyba. Az indukált pluripotens őssejt alapú (iPSC) sejtenyészetek képviselik a humán gátrendszer és szervmodellek legújabb generációját. Kutatócsoportunk széleskörű tapasztalattal rendelkezik a vér-agy gát többsejtes *in vitro* modelljeinek létrehozásában. A legmodernebb gyógyszerhatástani vizsgálatok az agyi organoidokon történő tesztelést helyezik a középpontba. Kísérleteink célja az volt, hogy létrehozzunk és optimalizáljunk egy új, komplex sejtenyészetes modellt az általunk gyakorlatlan használt *in vitro* vér-agy gát modell és középagyi organoidok együttes tenyésztésével. A sejtenyészetes vér-agy gát modellhez humán köldökszínór vér eredetű hemopoetikus őssejtekből differenciáltatott endotélsejteket és agyi pericitákat tartottunk együtt. Együttműködő partnereink, a Luxemburgi Egyetem munkatársai egészséges emberekből és Parkinson-kóros betegekből származó őssejtekből létrehozott középagyi organoidokat bocsátottak rendelkezésünkre. Munkánk során optimalizáltuk a tenyésztési körülményeket: (i) az organoidok fenntartását laborkörülményeink között, (ii) a vér-agy gát modell és az organoidok tenyésztéséhez szükséges tápfolyadék arányát, (iii) a megfelelő agyi endotélsejt – organoid arányt és (iv) az együtt tenyésztés időzítését is. A vér-agy gát modell agyi endotélsejt rétegének szorosságát az organoidok jelenlétében az elektromos ellenállás mérésével és permeabilitási vizsgálatokkal vizsgáltuk. A modellben az agyi endotélsejtek morfológiáját a sejtközi kapcsolatok immunfestésével jellemeztük. Emellett megvizsgáltuk az agyi organoidokat alkotó sejtek összetételét is. Kísérleteinkkel sikeresen optimalizáltuk a humán vér-agy gát modell és a középagyi organoidok együttes tenyésztési körülményeit. Az új ko-kultúra modellt eredményesen alkalmaztuk nanopartikulum átjutási kísérletekben. További tervünk, hogy a modellt adaptáljuk biochipek történő, dinamikus körülmények közötti vizsgálatokra is.

KISS KARINA

karinn99.kkn@gmail.com

Biológus

MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:

Prof. Dr. Papp Tamás

egyetemi tanár, SZTE TTIK

Dr. Szébenyi Csilla

tudományos munkatárs, SZTE TTIK

Spórafelszíni fehérjék szerepe *Mucor lusitanicus* fonalas gomba spórázási folyamataiban

A mucormikózis a Mucorales járomspórás gombák által kiváltott megbetegedés. Míg az egészséges immunrendszer hatékonyan képes védekezni a járomspórás gombák által kiváltott fertőzésekkel szemben, addig bizonyos pácienscsoportok körében sérül a természetes immunrendszer alkotta gát, ami lehetőséget biztosít a Mucorales rendbe tartozó gombák számára a kórfolyamat kiváltására. Mivel a fertőzés a gomba sporangiospórái révén valósul meg, így ennek tudatában a *Mucor lusitanicus* ivartalan szaporító képleteinek tanulmányozásával kerestünk választ a cotH gének szerepére e folyamatban. Rhizopus esetében a CotH3 fehérje fontos szerepet tölt be a gomba fertőzési mechanizmusában, amely rávilágíthat a CotH fehérjecsalád esetleges jelentőségére más mucormikózist okozó gombafajok virulenciája esetében is.

Kutatásunk elsősorban a cotH géncsalád átfogó elemzésére és a *M. lusitanicus* virulenciájában betöltött szerepére irányult. A munkánk során a cotH gének CRISPR-Cas9 rendszer általi célzott elrontását és a genetikailag stabil mutánsok fenotípusos változásainak nyomon követését valósítottuk meg. Dolgozatom során célul tűztük ki spórafelszíni proteinekben diszrupciós mutánsok létrehozását, majd a sporuláció folyamatának vizsgálatát. Kutatásunk során továbbá a mutánsok virulenciájában bekövetkező esetleges változásokat *in vitro*, valamint *in vivo* rendszerben szeretnénk volna megvizsgálni.

A mutánsok spóráinak J774.16 makrofágszerű sejtvonal általi fagocitózisát fénymikroszkóppal követtük nyomon. A spórák sejtfalában bekövetkező esetleges változásokat fluoreszcens mikroszkópiával vizsgáltuk. A mutánsok patogenitását *Galleria mellonella* modellben vizsgáltuk.

A dolgozatom során CRISPR-Cas9 rendszer segítségével diszrupciót hajtottunk végre a CotH12 proteint kódoló génben. A kódoló szakaszba integrált szelekciós markergén segítségével szelektív táptalajon választottuk ki a mutáns telepeket további vizsgálatok céljából. A mutáns genotípusát hagyományos, valamint RT-qPCR segítségével ellenőriztük. Ezt követően a létrehozott mutánst, valamint korábbi, spóra felszíni fehérjékben diszrupciós törzseket vizsgáltunk sporuláció szempontjából. Sikeresen azonosítottunk két, spórázási fenotípusban deficiens mutánst.

NAGRAND ERIKA*nagrand.erika@gmail.com*

Biológus

MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Kintsés Bálint**tudományos főmunkatárs, Szegedi Biológiai Kutatóközpont*

Funkcionális metagenomikai szűrés a különböző környezetekben előforduló béta-laktamázok detekciója céljából

A béta-laktám antibiotikumok a világon leggyakrabban alkalmazott antibiotikumok. Számos változatuk most is klinikai fejlesztés alatt áll. Népszerűségük árnyoldala viszont, hogy egyre nagyobb számban jelennek meg az antibiotikumokkal szemben rezisztenciát biztosító béta-laktamáz rezisztenciagének, amelyeket a baktériumok horizontális géntranszferrel adnak át egymásnak. Ezért mára a béta-laktám antibiotikum fejlesztés egyik járható útvonala, hogy a gátló hatást kifejtő béta-laktamáz inhibitorok kerülnek a béta-laktám antibiotikumok mellé.

Munkánk során egy olyan munkafolyamatot fejlesztünk, amivel előre jelezhetjük, hogy a klinikai fejlesztés alatt álló béta-laktám antibiotikum készítmények mennyire érzékenyek a környezetben terjedő rezisztenciagének által biztosított rezisztencia kialakulására.

Ennek a célnak az eléréséhez funkcionális metagenomikát használunk, ahol heterológ expresszálunk óriási környezeti génkönyvtárakat, amelyeket antibiotikumokkal erősen szennyezett környezetekből gyűjtött mintákból készítettünk. Ilyen területekről származó minták lehetnek a szennyvíz, talaj, bél mikrobiom és a klinikum, melyekből metagenomikai és genomi könyvtárakat hoztunk létre. A génkönyvtárak hatásszűrését 9 β -laktám antibiotikumokkal szemben már megkezdtem, és jól látható, hogy mindegyik könyvtárban számos potenciális β -laktamáz található. Ezek között előfordulnak olyanok is, amelyek Ázsiából származnak, de már Európában is megjelentek. Ezek az NDM-ek, amelyek széleskörű elterjedése problémát jelent, hiszen nincs még velük szemben WHO által engedélyezett béta-laktám antibiotikum és béta-laktamáz inhibitor kombináció.

A funkcionális szűrés során célom ezekben a közegekben minél több béta-laktamáz enzim azonosítása, majd következő lépésként annak tesztelése, hogy ezekkel szemben mely klinikai fejlesztésben lévő béta-laktamáz inhibitorok fejtenek ki gátló hatást. Ennek eredményeképpen javaslatok tehetők arra vonatkozóan, mely antibiotikum és inhibitor kombinációk ellenállóbbak a környezetben leginkább elterjedt rezisztenciagénekkel szemben.

INHOF ÁRON*inhof.aron@hotmail.com*

Biológia

MSc, 1. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Gazdag Zoltán**egyetemi docens, PTE TTK**Héninger Réka**PHD hallgató, PTE TTK*

A blaTEM gént hordozó *Escherichia coli* és *Klebsiella* törzsek antibiotikum érzékenységének vizsgálata

Az antibiotikum rezisztencia a modern orvoslás egyik legfenyegetőbb jelensége, amelyet főként ezeknek a szereknek a tömeges, és gyakran igencsak nem megfelelő felhasználása mind ember, mind állati orvoslásban eredményezett. A kórházi és egyéb bentlakásos, gyógyszeres kezelést alkalmazó intézmények szennyvizéből a rezisztens baktériumok a szennyvíztisztító telepeken nem pusztulnak el mind, és utána ezek a vizek újra felhasználásra kerülnek, illetve a környezettel is érintkeznek. Vizsgálataink során különböző forrású szennyvízmintákból izolálható baktériumok antibiotikum érzékenységének vizsgálata, és az ESBL kódoló blaTEM gén kimutatása volt a célunk. A vizsgálatban szereplő 30 törzsből 16 *Escherichia coli*, 10 *Klebsiella pneumoniae* és 4 *Klebsiella oxytoca* volt. Először antibiotikum érzékenységet vizsgáltunk 7 sejtfalszintézis gátló és 3 nem sejtfalszintézis gátló antibiotikum korong felhasználásával, illetve a β -laktamáz enzim termelését mutattuk ki klavulánsavas cefotaxime koronggal. Ezekután TEM gén kimutatását végeztük hagyományos PCR amplifikációval. *E. coli* és *Klebsiella* törzsek szinte mindegyike rezisztens volt a sejtfalszintézisgátló ceftiaxone, ceftazidime, cefotaxime, cefpodoxime antibiotikumokra, míg a legtöbb törzs érzékenynek bizonyult imipenem, meropenem, ceftaxitin sejtfalszintézis gátló antibiotikumokkal szemben. Változó rezisztenciát tapasztaltunk nem sejtfalszintézis gátló antibiotikumok esetében. A klavulánsavas koronggal minden esetben β -laktamáz enzim termelését mutattuk ki. PCR amplifikációval *E. coli* törzseknél 13-ban, *K. pneumoniae* törzsekben 9-ben, *K. oxytoca* törzsekben pedig 2-ben tudtunk TEM gént kimutatni. Vizsgálatainkkal igazolni tudtuk, hogy erősen rezisztens és ESBL termelésére képes baktériumok találhatóak a kórházi és a városi szennyvízben.

HAMPUCH PÉTER*hampuch.peter@gmail.com*

biológianár (egészségtan)

(természettudományi gyakorlatok) - német

nyelv és kultúra egységes, osztatlan

tanárképzés

Osztatlan, 9. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Schneider György

egyetemi adjunktus, PTE ÁOK

K64-es toktípusú *Klebsiella pneumoniae* ellen izolált bakteriofágok jellemzése

A *Klebsiella pneumoniae* baktérium által okozott fertőzések világszerte problémát jelentenek elsősorban a kórházi környezetekben. Az izolátumok közt egyre nagyobb arányú a multidrog-rezisztencia (MDR) jelenléte, mely sok esetben a klinikus számára megoldhatatlan terápiás kihívást jelent. A bakteriofág (fág) terápia a multidrog-rezisztens bakteriális fertőzések egyik alternatív kezelési módszere lehet, amelyet azonban a *K. pneumoniae* esetében nehezít a tok antigének nagymérvű variabilitása. Több toktípus mellett a K64-es egy olyan reprezentáns, mely ezen fenti jelentőséggel bír.

Munkánk során *Klebsiella pneumoniae* (CIP80.47 törzsszámú kórházi izolátum, Pasteur Intézet) K64 toktípust termelő változata ellen kerestünk lítikus bakteriofágokat a Nemzeti Népegészségügyi Központ (NNK) által rendelkezésre bocsájtott szennyvízmintákból. A ko-inkubáción alapuló fágpropagálási módszert követően a potenciális fágtörzseket tisztítottuk, majd morfológiailag jellemeztük transzmissziós elektronmikroszkóp (TEM) segítségével.

A genom szintű analízishez a fágok DNS-ét kivontuk, szekvenciájukat meghatároztuk, majd annotálásukat követően analizáltuk. Munkánk során a 27 szennyvízminta közül mindegyik pozitívnak bizonyult a K64-es toktípussal rendelkező CIP80.47-es referenciatörzs ellen. Két, erősen lítikus bakteriofág törzset kezdtünk vizsgálni alaposabban. A Kp_K64_3_2 határozott tok-depolimeráz aktivitást mutatott, míg a Kp_K64_4_2-nél ez a karakter nem volt megfigyelhető. A két fág között morfológiai és genetikai különbségek is kimutathatók voltak.

Mivel előzetes eredményeink alapján az általunk izolált, két bakteriofág *in vitro* hatékonyan képes lizálni a K64-es tokkal rendelkező *K. pneumoniae* célbaktériumot, ezért potenciális ágensként szolgálhatnak az ezen toktípussal rendelkező MDR *K. pneumoniae* által okozott kolonizáció esetén.

SZEKERES ANNA ÁGNES*szekeres.anna.agnes@gmail.com*

Biológia

BSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Nagy László**tudományos főmunkatárs, Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Biokémiai Intézet**Dr. Wu Hongli**tudományos munkatárs, Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Biokémiai Intézet*

A whc1 gén szerepének vizsgálata *Coprinopsis cinerea* spóráképzésében

A *Coprinopsis cinerea* a Basidiomycota törzs *Coprinopsis* nemzetségbe tartozó fonalas gomba. Nevét az idős termőtestek lemezeiben bekövetkező autolízis során kialakuló fekete, tinta-szerű anyagról kapta. Jellegzetessége, hogy az érett spórák feketére színezik a kalap belső felét és a lemezeket. Az utóbbi években számos kutatás foglalkozott az organizmus pontos génfunkcióinak feltérképezésével. Ezen vizsgálatok során megfigyeltek három, a kalapban erőteljesen kifejeződő gént, melyek funkciói eddig még ismeretlenek voltak. A dolgozat témája az egyik gén, a „white-cap” (whc1) gén működésének vizsgálata molekuláris és mikrobiológiai eszközökkel. A homológ rekombináció és CRISPR/Cas9 transzformációval létrehozott törzsek kalapjában a vad típustól eltérő tulajdonságok jelentkeztek. A whc1 gén hiányában fehér és mozaikosan fekete-fehér lemez-fenotípusok megjelenését tapasztaltuk, aminek hátterében feltehetően a spórák kialakulásában, valamint a bazídiumsejtek szerkezetében bekövetkező defektus áll.

Az eredményeink alapján kijelenthető, hogy a whc1 gén kifejeződése jelentős szerepet játszik a bazidiospórák fejlődésében és így a *C. cinerea* szaporodásában.

KOVÁCS KRISZTINA*kkrisztina9001@gmail.com*

Biológus

MSc, 1. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Borsodi Andrea**habilitált docens, ELTE TTK*

Egy posztvulkanikus területen létrejött forrásláp, a hargitai Szortyogó borvízláp mikrobaközösségei

Az évmilliók alatt Erdélyt többször is borította mélyebb vagy sekélyebb tenger. Később a tektonikus erők hatására ezek egyre kisebb tengeröblökké, majd félsós medencékké, legvégül pedig édesvízzel telt kisebb-nagyobb medencékké váltak, és ezekhez kapcsolódva kialakultak a folyóvölgyek, mocsarak és a tőzezlápok. A Szortyogó borvízláp egy különleges vizes élőhely a Hargitában. Vulkanikus erők hozták létre, majd a jégkorszak formálta. Jelenleg változatos fizikai-kémiai tulajdonságaival mindkettő nyomát magán viseli. Közel 100 éve nem kutatták, mikrobiológiai diverzitását, pedig soha nem tárták fel.

Céлом az volt, hogy tenyésztési és molekuláris biológiai módszerekkel elsőként írjam le ennek a területnek a baktériumközösségeit. A mintavételi helyként a vasas-szénsavas ásványvizek és a tőzezláp metszéspontját választottam, a helyiek által kiásott népi fürdőt, ami már évek óta elhagyatott. 2020-2022 között többször is történt mintavétel. A borvízláp vizének kémiai paramétereit is újra meghatároztuk. A taxonómiai diverzitás felmérését tenyésztéssel és újgenerációs szekvenálással végeztük. Rendhagyó módon a kitenyésztett baktériumokat megpróbáltam Maldi-TOF módszerrel identifikálni.

Az eredmények azt mutatták, hogy a fürdő vizében a tőzezlápokra és a nagy vastartalmú vizes élőhelyekre jellemző baktériumközösségi összetétel fordult elő. A tenyésztési és az NGS-es vizsgálatoknál is a Proteobacteria és kisebb relatív abundanciával a Bacteroidetes és az Actinobacteria törzsek voltak dominánsak. Több átfedés is volt a tenyésztési és a molekuláris eredmények között a leggyakoribb családoknál (Comamonadaceae, Microbacteriaceae, Flavobacteriaceae, Sphingomonadaceae). Számos, ilyen területekre jellemző baktériumot sikerült azonosítani és kitenyészteni is. Képviseltették magukat a pszichrofil, metilotróf szervezetek, az anoxikus fototrófok, vas-oxidálók és vas-redukálók is.

Összeségében elmondható, hogy a tőzezlápok rendkívül fontos lelőhelyek a múltbeli ökológiai, környezeti és éghajlati változások értékelése szempontjából is. Ismeretlen mikrobiális közösségeket rejtenek, melyek alkalmazkodtak az extrém körülményekhez, amelyek savasak, gazdagok oldott szerves C-ben és túlnyomórészt anoxikusak.

A molekuláris biológiai módszerek rohamos fejlődésének időszakában elengedhetetlen, hogy különböző természetes környezetekből izoláljunk és tenyészünk baktériumokat, hogy láthassuk, megismerhessük a sejtszerkezetüket és fiziológiájukat, és hogy megértsük ökológiai szerepüket.

HORVÁTH FLÓRA BOGLÁRKA*horvath.flora.bogi@gmail.com*

Biológia

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Tóth Erika**Tanszékvezető egyetemi docens, ELTE TTK*

Xenoösztrogénbontó baktériumok izolálása és azonosítása

A természetben előforduló szerves mikroszennyezők (pl. gyógyszerek és gyógyszermaradványok, tisztítószer adalékanyagok) vizsgálatát megnehezítik szorpciós és akkumulációs tulajdonságaik, illetve a környezetben fellelhető alacsony koncentrációjuk, noha komoly egészségügyi problémákat okozhatnak. Ezen szennyezők csoportjába tartoznak endokrin diszruptor vegyületek is, melyek a hormonrendszer normál működését változtathatják meg. Három ilyen vegyület (xenoösztrogének) biológiai bontását vizsgáltuk.

Munkánk során budapesti tisztított szennyvíz mintából olyan baktériumokat izoláltunk, melyek biszfenol-A, nonilfenol és 17 β -ösztadiol bontására képesek lehetnek. Szennyvíz mintánkat a vizsgált vegyületeket egyedüli szénforrásként tartalmazó, szelektív tápagarra szélesztettük, onnan baktériumokat izoláltunk és a törzseket 16S rRNS génjeik alapján azonosítottuk. Teszteltük az izolált törzsek antibiotikumokra való érzékenységet (13 antibiotikum), emellett irodalmi adatok alapján végeztük a baktériumok genomjának elemzését olyan gének csoportjait keresve, melyek az aromás vegyületek bontásában részt vehetnek.

Az azonosított baktériumok mindegyike a Proteobacteria törzs Gammaproteobacteria osztályába tartozik (22 különböző faj). Többségük az Enterobacteriaceae család tagja, pl.: *Klebsiella*, *Citrobacter*, *Enterobacter*, *Escherichia* nemzetségek, de megjelentek az *Acinetobacter* és *Pseudomonas* nemzetségek képviselői is. A baktérium fajok nagy része fakultatív kórokozónak bizonyult.

A törzsek a sejtfal bioszintézis gátló antibiotikumokra bizonyultak a legérzékenyebbek, de számos általunk használt antibiotikumra a törzsek jelentős része rezisztenciát mutatott.

Az aromás metabolikus gének vizsgálata során 14 metabolikus útvonalat azonosítottunk, melyek részt vehetnek a vizsgált endokrin diszruptorok bontásában. Ezek közül a bifenil lebontó útvonal tűnt legmeghatározóbbnak, melynek génjei a fajok 86 százalékában megtalálhatók.

Kórokozó tulajdonságuk miatt a törzsek nem használhatók bioremediációs célokra, ezért továbblépésként természetes környezetekből (pl. Duna) próbálunk meg izolálni.

NÉMETH ÁBEL CSONGOR*abelnemeth1997@gmail.com*

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Makk Judit**Egyetemi adjunktus, ELTE TTK**Lange-Enyedi Tünde Nóra**PhD hallgató, ELTE TTK*

Egy magyarországi termálkút (Köröm) mikrobialitjainak ásványtani és mikrobiológiai vizsgálata

A sztromatolitok a Földön fellelhető legősibb szoros együttélésben élő életformák. Jelenlétük egészen 3,7 milliárd évvel ezelőttig követhető vissza a karbonátos fossziliák vizsgálata által. Ezen ősi életközösségek modern analógiái a mikrobialitok, melyek esetén az organomineralizációs folyamatok aktívak és ezáltal napjainkban is megfigyelhetők. A Tokaji-hegység közelében elhelyezkedő Köröm termálkút 79,2 °C-os vizet emel a felszínre közel 2 km mélységből. A kút vizének elvezető medre mentén a karbonát kiválások több cm vastagságú, színátmenetes, rétegzett zöld és vörös biofilmekkel tarkítottak, melyek belsejében szabad szemmel is látható apró ásványi szemcsés lerakódások jelentek meg. A biofilm minták fénymikroszkópos vizsgálata során a lerakódások mezostruktúrája a vörös biofilm esetén sztromatolitokra jellemzően vertikálisan rétegzettnek, míg a zöld biofilm esetén trombolitokra jellemzően szabálytalan foltos szerkezetűnek bizonyult. A biofilmekről készült pásztázó elektronmikroszkópos felvételek alapján eltérő kokusz és pálcika morfológiájú baktériumok sokasága volt megfigyelhető fonalas mikrobák hálózatába ágyazva. A mikrobák nagy hányada a (szférikus és tűszerű) kristálykiválások közvetlen közelében, vagy azok felszínén, illetve azokat átszöve jelent meg. A minták ásványos összetételének vizsgálata mikro-röntgendiffrakció (mikro-XRD) segítségével valósult meg. A különböző biofilm rétegek aragonitot és kalcitot tartalmaztak változó arányban. Kivételt képez ez alól a zöld biofilm alsó rétege, melyben nagyobb részt aragonit kiválás volt megfigyelhető. Mivel a termálkút térségében ezen hőmérsékleti értékek mellett általában aragonit kiválás dominál, ezért a kalcit jelenléte feltehetőleg a mikroba közösségek aktivitásának köszönhető. A minták Archaea és Bacteria közösségeinek összehasonlítása 16S rRNS gén amplikon szekvenálás segítségével történt. Az eredmények arra utaltak, hogy számos még ismeretlen termofil taxon járulhatott hozzá a karbonát kiválások létrejöttéhez. A biofilmekben legnagyobb arányban a Bacteroidota és Cyanobacteria törzsek voltak jelen, azonban ezen törzsek képviselői mintánként nagy mértékben eltértek alacsonyabb rendszertani kategória szinten (például a *Geitlerinema* PCC-8501 és *Raineya* csoportok a zöld biofilmben jelentek meg, míg az *Oxyphotobacteria*, azonosítatlan *Saprospiraceae* és azonosítatlan *Cytophagales* csoportok a vörös biofilmre voltak jellemzőek).

FLAISZ DOMINIKA*dominikaflaisz@gmail.com*

Biológus MSc

MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Prof. Dr. Gácsér Attila*
*egyetemi tanár, SZTE TTIK**Dr. Németh Tibor*
tudományos munkatárs, SZTE TTIK

A CRISPR/Cas9 genomszerkesztési eljárás jellemzése *Candida parapsilosis* modellszervezetben

Az elmúlt évtizedekben egyre több tanulmány koncentrált a *Candida* fajok tanulmányozására, mivel az általuk okozott szisztémás candidiasis (candidaemia) egy nagyon súlyos, életveszélyes állapot, amely többségéért a nemzettség hat tagja tehető felelőssé, ezek a *C. albicans*, *C. parapsilosis*, *C. glabrata*, *C. tropicalis*, *C. krusei* és a *C. auris* fajok.

Kutatócsoportunk a *C. parapsilosis* fiziológiai tulajdonságainak, virulenciájának, valamint a kiváltott immunválasz vizsgálatával, jellemzésével foglalkozik. Egy gén funkciójának vizsgálatához elengedhetetlen egy gyors, hatékony és nukleotid pontosságú módosításokat lehetővé tevő génszerkesztési eljárás. Az elmúlt évtizedben kezdett elterjedni a prokarióták adaptív immunrendszereként leírt CRISPR/Cas9 rendszer, amely teljesíti a fenti kritériumokat. Csoportunk egy *C. albicans*-ra optimalizált rendszert alakított át úgy, hogy az alkalmazható legyen *C. parapsilosis*-ban. Tekintettel arra, hogy a CRISPR/Cas9 egy új eljárás, keveset tudunk a rendszer korlátairól, alkalmazhatóságának hatáiról. Szakirodalmi adatok szerint a módszer hatékonysága a törésponttól mért távolság növelésével csökken. Mivel célunk a technika hosszútávú alkalmazása, ezért fontos tudnunk, hogy mekkora az a PAM szekvenciától mért legnagyobb távolság, amely esetén a módosítás még létrehozható. Ennek érdekében kidolgoztunk egy rendszert, amelynek során a *C. parapsilosis* ADE2 génjét céloztuk, ugyanis az *ade2^{-/-}* mutánsok könnyen azonosítható piros színű telepeket eredményeznek. Kontrollként egy olyan dDNS-t alkalmaztunk, amely kizárólag a PAM szekvenciát módosítja, hogy a Cas9 általi folyamatos hasítást kizárhassuk. A további, összesen hét, dDNS-t úgy terveztük meg, hogy azok az említett PAM szekvenciát érintő módosításon kívül, up- és downstream irányban, különböző távolságokra a törésponttól, mindössze egyetlen nukleotid módosítással STOP kodont hozzanak létre. A hatékonyságot a piros színű telepek össztelepszámához viszonyított arányával adtuk meg. Azt tapasztaltuk, hogy a kontroll dDNS esetében is létrejöttek piros telepek, amit háttér mutációnak tekintettük, és figyelembe vettük az eredményeink kiértékelésénél. A töréspont közvetlen közelében a hatékonyság $92,9 \pm 2,7$ %-nak bizonyult. A hatékonyság a távolság növekedésével egy közel haranggörbe lefutású összefüggést mutatott. A legtávolabb eső módosítások $10 \pm 4,7$ % (40 nt upstream) és $24,7 \pm 5,8$ % (47 nt downstream) hatékonysággal voltak jellemezhetők.

BÉLTEKI DORKA*dorka.belteki@gmail.com*

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Vajna Balázs**egyetemi adjunktus, ELTE TTK*

A T-2 toxin hatása a gombatermesztésre

A mikotoxinok gombák által termelt másodlagos anyagcseretermékek, amelyek bekerülve az élelmiszerekbe vagy takarmányokba komoly egészségügyi és gazdasági kockázatot jelentenek. Kutatásunk célja az volt, hogy megtudjuk, milyen hatása van a trichotecének közé tartozó T-2 toxinnak a fehér csiperke (*Agaricus bisporus*) termesztésére. Vizsgáltuk, hogy a kezelés hogyan befolyásolja a terméshozamot, hogy a toxin bekerül-e a termőtestbe, valamint, hogy a toxin stabilan jelen van-e a termesztés során, vagy elbomlik. Az általam is végzett vizsgálatok során összehasonlítottuk a kezelt és kezeletlen minták baktérium- és gombaközösségét DNS és RNS szinten 16S rRNS gén, illetve ITS régió alapján. Másrészt megvizsgáltuk a mintákban található lignocellulóz-bontó enzimek aktivitását is. Különbségeket kerestünk a kezelt és kontroll minták között, valamint a termesztési fázisok között is. A toxin nem befolyásolta szignifikánsan a terméshozamot, valamint a termőtestbe sem került bele egészségügyi határérték feletti mennyiség a toxinból. A komposzt bakteriális közösségről elmondható, hogy a közösség összetételében sokkal nagyobb eltérés van a kiindulási szakasz és az I. terméshullám között, mint a toxinnal kezelt és a kezeletlen minták között. Hasonló trendet figyeltünk meg az enzimaktivitások összehasonlítása során is. Dolgozatomban körüljárom, hogy mi lehet az oka, hogy látszólag nincs nyilvánvaló toxinhatás.

ÁBRAHÁM ÁGOTA*agotaabraham@gmail.com*

Biológus

MSc, 1. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Kemenesi Gábor**egyetemi adjunktus, PTE TTK*

A Lloviu cuevavírus betegségökológiai célú vizsgálata

A fertőző betegségek terjedését, megjelenését és egyik fajról másira terjedését számos ökológiai és molekuláris biológiai paraméter határozza meg, melyek kutatásának szintetizáló tudományága a betegségökológia. Ezen szempontok alapján végeztük a Lloviu cuevavírus (LLOV), a filovírusok családjába tartozó patogén vizsgálatát is. TDK munkám keretében, a kutatások során, melyekben részt vettem, sikeresen tártuk fel a LLOV bizonyos ökológiai és molekuláris biológiai paramétereit. Kiterjesztésre került a geográfiai elterjedése, mellyel alátámasztottuk az eredeti hipotézisünket, miszerint a LLOV elterjedése egybeesik a hosszúszárnyú denevérével (*Miniopterus schreibersii*), mely a gazdaszervezete. Emellett genomi szinten is új adatokkal bővítettük a LLOV-al kapcsolatos tudásbázist, illetve a vírusizolálással olyan jövőbeni kutatásokhoz adtuk meg a lehetőséget, melyekkel valósabb képet kaphatunk a vírus patomechanizmusáról. Ezen eredmények hozzájárulnak a jövőbeni pandémiás felkészüléshez.

KOPASZ ZOLTÁN LÁSZLÓ

zolino989@gmail.com

Biológia

MSc, 3. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Kuczmog Anett**egyetemi adjunktus, PTE TTK**Papp Henrietta**Tudományos segédmunkatárs, PTE*

***In vitro* antivirális hatékonyság vizsgálat optimalizálása Zika vírus esetében**

A Zika vírus a *Flaviviridae* családba tartozik, mint például a sárgaláz vírus, nyugat-nílusi láz vírus, dengue-vírus. A vírust 1947-ben először rézuszmajmokban izolálták, az első humán megbetegedést 1954-ben Nigériában írták le. Eddigi legnagyobb járvány 2015-2016-ban zajlott Dél-, Közép- és Észak-Amerika területén, ahol több mint 20 országban találtak fertőzött személyt. Az emberek, a többi flavivirushoz hasonlóan, legtöbbször szúnyogok által fertőződnek meg (*Aedes* spp.). A fertőzés lappangási ideje 3-12 nap. A legtöbb esetben tünetmentesen folyik le a betegség, ritkább esetben jelennek meg influenzaszerű tünetek. Nagyon alacsony esetszámban az idegrendszert is megtámadja, agyhártyagyulladás, agyvelőgyulladást, illetve feltételezések szerint Guillain-Barre szindróma kialakulásáért is felelhet. A magzatokra jelenti a legnagyobb veszélyt a fertőzés, ugyanis terhesség alatti fertőződés a csecsemőknél mikrocefáliát, vagy más agyi rendellenességet okozhat.

Annak ellenére, hogy már régóta ismerjük a vírust, számos erőfeszítést tettek már ZIKV-ellenes gyógyszerek és vakcina kifejlesztésére, csak tüneteket enyhítő kezelést alkalmaznak a betegeknél. Ezért elengedhetetlen, hogy ellene hatásosnak bizonyuló gyógyszerek fejlesztését szorgalmazzuk.

A glikopeptid-antibiotikumok közé tartozó teikoplanin-alapú gyógyszerek ígéretesnek tűnnek, hiszen Ebola-, SARS-, MERS és különböző Influenza törzsek ellen is már hatásosnak bizonyultak. Ezért is tűztük ki célunknak, hogy lehetséges antivirális hatásukat vizsgáljuk.

A Nemzeti Virologiai Laboratórium törzsgyűjteményében rendelkezésre álló két ZIKV (MR 766 (Uganda), KX673530 (Guadeloupe)) vonalakból vírus törzsolakat készítettünk, melyek pontos fertőzőpartikula-szám meghatározásához a plaque assayt alkalmaztuk. A glikopeptidantibiotikum-származékok ZIKV elleni antivirális hatásának vizsgálataihoz a nagy áteresztőképességű MTT assay-t optimalizáltuk és alkalmaztuk.

Kezdeti mikroszkópos vizsgálataink során ígéretesnek tűnő 20 vegyület közül nyolc vegyület esetében már sikerült elvégeznünk az MTT assay módszerrel történő hatékonyságmérést is. Három hatóanyag (LE-103, LE-115 és ERJ-552) esetében sikerült is azok ZIKV-ra jellemző IC_{50} értékeit meghatározni. További terveink között szerepel, hogy folytatjuk a vegyületek antivirális hatásának vizsgálatát, bízva abban, hogy eredményeink hozzájárulnak majd ahhoz, hogy az általunk vizsgált glikopeptidszármazékokból egyszer majd hatékony ZIKV elleni gyógyszer lesz.

ESZENYI BÁLINT DÉNES*eszenyibalint@gmail.com*

Biológia

MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Kintses Bálint

tudományos főmunkatárs, Szegedi Biológiai Kutatóközpont

Bakteriofágok izolálása és alkalmazása klinikailag releváns multidrogrezisztens *Acinetobacter baumannii* törzsek ellen

Az Egészségügyi Világszervezet (WHO) 2017-es nyilatkozatában az *Acinetobacter baumannii* (*A. baumannii*) humán patogén Gram-negatív baktériumot a kritikus gondot jelentő, multidrogrezisztens baktériumok közé sorolták. A Szegedi Biológiai Kutatóközpont Kintses-laboratóriumában előzetesen meghatároztuk többszáz kórházi izolátumon és genomszekvencia használatával a Magyarországon legelterjedtebb szerotípust az *A. baumannii*-nak, mely az ST2-KL3-as szerotípus volt. Kiválasztottam különböző szerotípussal rendelkező törzseket és szennyvízből bakteriofágokat izoláltam ellenük.

Az azonosított bakteriofágok közül négyet alkalmaztam a további kísérleteimben. Kettő a KL3-as, egy a KL12-es, egy a KL40-es szerotípust fertőzte. A legtöbb gondot okozó KL3-as szerotípussal rendelkező *A. baumannii* kórházi izolátumokból *in vitro* kísérletekben fágrezisztens törzseket állítottam elő. A fágrezisztencia kialakulásával szenzitivitás alakult ki több fággal szemben. Ezen ismeretek birtokában fágkoktél állítottam össze a négy fágból. A fágkoktél hatékonyságának bizonyítása érdekében és a rezisztencia kialakulásának elkerülése végett a fágokat külön-külön, valamint kombinálva teszteltem több mint 38 *A. baumannii* KL3 szerotípusú izolátumon. A vizsgált törzsek kiválasztásánál figyelembe vettem a földrajzi izolációjuk helyét, idejét és a genomban megtalálható mutációkat. A törzsek Magyarország, Románia, Szerbia, Bosznia-Hercegovina és Montenegró különböző pontjairól az elmúlt 4 évben lettek izolálva. Az azonosított fágok közül két bakteriofágot pedig *in vivo* egérkísérletekben is alkalmaztunk.

In vitro körülmények közt a koktél mindegyik törzs ellen hatékonynak bizonyult, valamint nem sikerült azonosítanom olyan törzset, mely a koktél mindegyik képviselőjére rezisztensé vált volna. A fágok alkalmazása *in vivo* kísérletben bizonyítottan növelte a vizsgált egerek túlélési esélyét, továbbá az állatok nem mutattak immunreakciót alkalmazott fágokkal szemben.

Mikrobiológia II. tagozat

MERBER RICHÁRD*merberricsi@gmail.com*

Biológus

MSc, 2. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

NÉMETH NELLI*nemethnelli1202@gmail.com*

Biológus

MSc, 4. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

*Dr. Pfeiffer Ilona**egyetemi docens, SZTE TTIK*

Egy újonnan izolált *Debaryomyces hansenii* törzs killer aktivitásának vizsgálata

Természetes vagy mesterséges élőhelyek mikrobaközösségének fajösszetételére jelentős hatást gyakorolnak a mikrobák által termelt nem-specifikus vagy specifikus anyagcsere-termékek. Élesztőgombák esetében ilyen specifikus anyagcsere-termékek a killer toxinok. Killer toxin-termelésre számos élesztőgomba képes. A megtermelt és környezetbe kibocsátott toxinok gátolják a termelő törzzsel kompetícióban lévő törzsek növekedését, ezáltal a toxint termelők szelekciós előnyhöz jutnak az élőhelyekért folytatott versengésben.

Az elmúlt évtizedekben a gombák, ezen belül is egyes élesztőgombák, mint a *Candida* vagy a *Cryptococcus* nemzetségek képviselői okozta humán fertőzések jelentős közegészségügyi problémát jelentenek. Emellett a növénypatogén gombák vagy az élelmiszerromlást okozó fajok az élelmiszeriparban és a mezőgazdaságban okoznak komoly gazdasági károkat évről évre. A patogén fajok elleni védekezést hátráltatja az ismert gombaellenes szerekkel szemben rezisztens törzsek megjelenése és elterjedése.

Az említett területeken tapasztalható globális probléma megoldásának érdekében hangsúlyozott figyelem jut a mikroorganizmusok által termelt gombaellenes szerek keresésére és azok effektív spektrumának, hatásmechanizmusának feltérképezésére és felhasználásra való lehetőségeire. Az élesztőgombák által termelt killer toxinok potenciálisan alkalmazhatók lehetnek mind humán, mind növénypatogén gombák ellen, illetve az élelmiszeriparban.

TDK munkánk során egy újonnan izolált *Debaryomyces hansenii* törzs, az SZMC 26738 killer aktivitását tanulmányoztuk.

A toxin hatásspektrumát metilénkékes táptalajon teszteltük, humánpatogén és élelmiszerromlást okozó élesztőgomba fajokon. A toxin széles hatásspektrumú, a *Candida*, *Debaryomyces*, *Yarrowia* és *Wickerhamomyces* nemzetség fajai ellen hat. A csészén a halott sejtek kéken festődtek, azaz pórusképző hatású. Az élőcsíraszám meghatározás és a toxinkezelés flow citometriás mérése alapján cidikus hatású. A killer aktivitás pH- és hőmérséklet-függő, pH 5 és 40 °C felett a toxin nem hat.

A toxin 30-50 kDa közötti méretű fehérje, e méretű frakció proteomikai analízise kitináz és glükánáz aktivitású fehérjéket detektált.

MITRÓ GERGŐ*greg.mitro.hun@gmail.com*

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Vidovszky Márton**tudományos munkatárs, Állatorvostudományi Kutatóintézet*

Új szarvasmarha-adenovírus első európai kimutatása és előzetes molekuláris jellemzése

Az *Adenoviridae* víruscsaládon belül eddig tíz szarvasmarha-adenovírus típust írtak le, jellemzően valamilyen korábbi szarvasmarha megbetegedéssel összefüggésben. Ezek a típusok két nemzetségbe sorolhatóak: a csak emlősöket fertőző adenovírusokat tartalmazó *Mastadenovirus*, és a gazdaspecifikusság tekintetében diverz *Atadenovirus* nemzetségbe. Utóbbi nemzetség tagjai madarakon és hüllőkön kívül az emlősök osztályán belül csak a kérődzőket fertőzik. Munkám során gyomor- és bélrendszeri megbetegedésben szenvedő vagy elpusztult szarvasmarhaktól származó bélsár-, illetve szervmintákat szűrtem adenovírus jelenlétére. A szűrésre PCR-t alkalmaztam, ami a DNS-függő DNS-polimeráz gén egy rövid konzervált szakaszát erősíti fel. A PCR-eredményeket minden esetben szekvenálás segítségével erősítettem meg. A vizsgálat során egy szervmintában azonosítottam a BAdV-10-et, aminek Magyarországon ez az első kimutatása, míg a kontinentális Európában a második. Az egyik bélsármintában egy eddig ismeretlen adenovírust azonosítottam. A mintát további három adenovírus-PCR-rel is vizsgáltam, ami három további gén (IVa2, hexon, pVIII) rövid szakaszát erősíti fel. Az így nyert szekvenciák alapján elmondható, hogy a kimutatott adenovírus jelentős különbséget mutat a korábban leírt szarvasmarha-adenovírus típusokhoz képest, így elneveztük BAdV-11-nek. A kimutatott hexon génszakasz szekvenciájának elemzése alapján egy Amerikában (Wisconsin) végzett, szarvasmarhatelep adenovírusszűrése során azonosított, tovább nem vizsgált, és eddig nem tipizált adenovírus hexonszekvenciájával egyezik meg. A Magyarországon és Európában is először kimutatott BAdV-11 a *Mastadenovirus* nemzetségbe tartozik. További célunk volt a négy meghatározott génszakasz közötti hosszabb vírus-genomszakaszok PCR-es felerősítése specifikus primerek használatával, ezáltal a vírusgenom minél nagyobb részének megismerése. Az alkalmazott módszerekkel sikeresen kinyert teljes DNS-függő DNS-polimeráz gén ismeretében valós képet kaptunk a vírus rokonsági viszonyáról és filogenetikai elhelyezkedéséről.

ALCZHEIMER KEVIN*alczheimerkevin@gmail.com*

Biológia

BSc, 6. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Hamari Zsuzsanna
egyetemi docens, SZTE TTIK

Egy növényekben azonosított, ritkán előforduló peroxiszóma lokalizációs szignál működésének igazolása *Aspergillus nidulans*-ban

A peroxiszómákban számos ismert alap biokémiai folyamat zajlik, de ezek mellett számos azon folyamatok száma is, amelyek nem általánosíthatók minden eukarióta szervezetre, csak bizonyos taxonómiai csoportokra jellemzőek. Ez utóbbiak közül gyakori az olyan reakció, amely csak bizonyos környezeti körülmények fennállása esetén történik. A peroxiszomális fehérjék azonosításakor hatékony módszernek bizonyult az izolált peroxiszóma organellumokon végzett proteomanalízis, de alacsony szintű fehérjemenlét vagy körülményspecifikus fehérjemegjelenés esetén ez a módszer nem ad teljes képet egy adott organizmus peroxiszomális fehérjéről, így peroxiszómafunkcióiról sem. Ezért továbbra is eredményes megközelítés marad a feltérképezett peroxiszóma lokalizációs szignálok (PTS-ek) *in silico* azonosítása az organizmusok fehérje adatbázisaiban.

Jelen munkánk során megvizsgáltuk, hogy a nemrégiben azonosított, ritka előfordulású növényi PTS-1 motívum, a SYM, vajon a gombákban is peroxiszomális lokalizációhoz vezet-e. Gfp fehérje C-terminálisának SYM motívummal történő jelölése és *Aspergillus nidulans*-ban történő kifejeztetése a Gfp-SYM fehérje peroxiszomális lokalizációjához vezetett, mely eredmény alapján elmondhatjuk, hogy a C-terminális SYM motívum gombákban is egy peroxiszomális lokalizációs szignálnak számít. Megvizsgáltuk azt is, hogy az ismert gombagenomokhoz tartozó proteomokban milyen gyakran fordulnak elő SYM végű fehérjék. Általában 1-2 SYM-fehérje fordul elő a gombavilágban proteomonként, minden gombaosztályban. Az *A. nidulans*-ban 2 SYM-fehérje azonosítható, az AN1402, mely egy Zinc-finger motívumot és egy maltóz acetil transzferáz domént hordozó, feltételezett transzkripció faktor fehérje, és az AN5316, amely ismert domént nem hordozó, ismeretlen funkciójú fehérje. N-terminális Gfp fúziós konstrukciókat hoztunk létre az AN1402 és AN5316 fehérjék esetén és azokat kifejeztettük *A. nidulans*-ban. Mindkét fehérje képes megjelenni a peroxiszómákban, azaz a gombák számára a SYM motívum egy funkcionális PTS-1 szignál.

SZATHMÁRI BENEDEK

szathmaribenedek-2016-

d@totharpadgimnazium.com

biológia

BSc, 5. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:

Dr. Nagy László

tudományos főmunkatárs, ELKH Szegedi Biológiai Kutatóközpont

Dr. Csernetics Árpád

tudományos munkatárs, ELKH Szegedi Biológiai Kutatóközpont

***Aspergillus niger* konídiumok denzitásfüggő viselkedése**

Az élesztőgombák óriási gyakorlati jelentőséggel bírnak: amellet, hogy ebbe a csoportba több iparban hasznosított faj és modellorganizmus is tartozik, dimorf patogénként számos fajuk évente milliókat betegít meg. Gyakorlati jelentőségük ellenére azonban az élesztők morfogenetikai eredetéről méltatlanul keveset tudunk: jelenlegi tudásunk kimerül abban, hogy fonalas ősből jöttek létre másodlagos egyszerűsödéssel. Célunk az élesztők evolúciójával kapcsolatos tudásunk bővítése. Hipotézisünk szerint az Ascomycota törzs sarjadzó élesztői állandó stressznek kitett konídiumokból (fonalas gombákra jellemző ivartalan szaporítóképletekből) eredeztethetők. Az én részprojektem arra épül, hogy amennyiben az élesztősejt és a konídium valóban homológok, úgy az utóbbira is jellemző lehet az élesztők vonatkozásában már ismert denzitásfüggő viselkedés, azaz a quorum sensing (QS). A QS a közegbe szekretált jelmolekulák (quorum sensing molekula, QSM) segítségével megvalósuló denzitásfüggő inger-válasz rendszer. Ismert egyes fonalas gombák másodlagosmetabolit-termelésének denzitásfüggése is, azonban a szakirodalomban nincs nyoma annak, hogy a konídiumok denzitásfüggésével kapcsolatban lettek volna kutatások. Eredményeim szerint a magasabb denzitás mellett inkubált *Aspergillus niger* konídiumok kisebb arányban duzzadnak, és a duzzadt konídiumok átmérője nagyobb, mint az alacsonyabb denzitások esetén. Egy szerves extrakcióval egybekötött ún. felülúszótranszfer-kísérlettel sikerült bizonyítanom a QSM jelenlétét az *Aspergillus niger* konídiumainak tápközegében. Azonos konídiumkultúrából származó, szerves extrakción átesett és át nem esett sejtmentes felülúszók közül az előbbiben inkubált konídiumok szignifikánsan nagyobb arányban duzzadnak. A szerves extraktum kémiai összetételének folyamatban lévő meghatározásával fény derülhet arra, hogy a konídiumokra jellemző QS független-e a gombafonalakra jellemző QS-től, valamint, hogy mutat-e hasonlóságot az élesztőkre jellemző QS-gel. Reményeim szerint kutatásaimmal hozzájárulhatok egy, az élesztőkkel kapcsolatos hiánypótló evolúciós koncepció megszületéséhez. Az élesztők és a fonalas gombák morfogenetikai viszonyainak megértése, valamint a gombákra jellemző quorum sensing alaposabb megismerése a jövőben lehetővé teheti eredményesebb antifungális terápiák kidolgozását, illetve az ipar szempontjából releváns gombák hatékonyabb alkalmazását.

Molekuláris és sejtbiológia I. tagozat

BALÁZS VILLŐ*bvillo24@gmail.com*

Biológia

BSc, 5. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Boda Attila**tudományos munkatárs, ELTE TTK**Dr. Lőrincz Péter**egyetemi adjunktus, ELTE TTK*

Az autofagoszóma-mozgatás molekuláris faktorainak azonosítása ecetmuslicában

Az eukarióta sejtek az autofágia során saját anyagaikat is képesek bontani. Ezen folyamatok egyik típusa a makroautofágia, melyhez egy, a lebontandó anyagot kettős membránnal határoló autofagoszóma és egy lizoszóma találkozása szükséges. Ehhez nélkülözhetetlen a résztvevő organellumok megfelelő pozicionálása.

Munkám során az autofagoszómák mikrotubuláris mozgatásában résztvevő fehérjék vizsgálatával foglalkoztam az ecetmuslica lárvális zsírtestében, melyben éheztetéssel nagy mértékű autofágiát indukáltam. Elsőként egy genetikai szűrést végeztünk, mely során az autofagoszóma-mozgatásban potenciálisan résztvevő fehérjék génjeinek csendesítését vizsgáltam olyan genetikai háttéren, melyen a lizoszomális fúziók gátoltak, ezzel lehetővé téve az autofagoszómák vizsgálatát anélkül, hogy azok fuzionálnának lizoszómákkal. A legfontosabb pozitív találatok esetében további immunhisztokémiai festéseket, illetve Western blot kísérleteket végeztem.

Kimutattam, hogy az autofagoszómák a mikrotubulus negatív vége felé történő, dineinek általi mozgatást preferálják. Ennek hiányában a kinezinek a pozitív vég felé viszik őket, tehát a motorfehérjék aránya befolyásolhatja a mozgatás irányát. A kulcsfontosságú Rab7 kis GTPáz és az Epg5 adaptor hiányában egyik irányú mozgás sem valósul meg, tehát valószínűleg egyik típusú motor-komplex sem képes kötni hozzájuk. Ezen felül sikerült igazolni, hogy a hibás pozicionálás lebontási defektust okoz.

Ismert, hogy az autofág útvonal sérülésének súlyos következményei lehetnek, nem csak a sejtekre, hanem a szervezet egészére nézve, így reményeink szerint a bemutatott eredmények később hozzájárulhatnak bizonyos kórképek mögött lévő molekuláris mechanizmusok feltárásához.

Molekuláris és sejtbiológia I. tagozat

NÉMETH BARNABÁS*nemeth.barnab@gmail.com*

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Szabó Rita Emília**Tudományos munkatárs, ELI-ALPS Orvosbiológiai alkalmazások csoport**Dr. Varga Máté**Egyetemi docens, ELTE TTK*

Az ionizáló sugárzások hatása a tp53 deficiens zebra hal embriókra

A különböző ionizáló sugárzások jól dokumentált DNS-károsító hatásnak számítanak. Az ilyen sugárzásnak való tartós kitettség súlyos következményekkel járhat egészségünkre, ezért fontos a sugárzás molekuláris, rövid és hosszú távú következményeinek tanulmányozása modellszervezetek segítségével. Két különböző zebra hal (*Danio rerio*) törzs, pharyngula periódusban levő embrióit 250 keV-os röntgensugárzásnak tettük ki, majd ezt követően túlélési, kikelési és morfológiai elváltozások elemzését végeztük. Kísérleteinkhez egy már jól tanulmányozott tp53-deficiens törzset (tp53M214K) használtunk, illetve kontrollként a vad típusú AB törzset. A Tp53 az egyik legfontosabb tumorsuppresszor fehérje, amely emberi rákos megbetegedésekben gyakran hordoz különböző mutációkat. Kulcsfontosságú szerepe van a sejtciklus és az apoptózis szabályozásában, a sejt élettani állapotától függően. Kis mérete, gyors egyedfejlődése és alacsony költségigénye miatt a zebra hal egy rendkívül jó modellszervezet viszonylag nagyszámú kísérlet elvégzésére, melyek során nagy mennyiségű, megbízható adat generálható, ezért ideális jelölt vizsgálatainkhoz. A vad típusú és tp53-mutáns halembriókat és lárvákat négy napon keresztül figyeltük meg, miután különböző dózisú röntgenforrással kezeltük, és naponta mikroszkópos megfigyelés során rögzítettük túlélési arányukat és a különböző fellépő fejlődési rendellenességeket (a gerinc kóros görbületét és a szívburkok-ödéma megjelenését), amelyek a kezelés következtében keletkeztek. Az általunk kifejlesztett kísérleti paradigma később felhasználható az ionizáló sugárzás más, a genom fenntartásában és a DNS-javításban is fontosnak tartott gének mutációira gyakorolt hatásainak vizsgálatára.

A besugárzott embriók esetében a kikelési arányban nem volt szignifikáns különbség megfigyelhető a különböző dózisszinteken kezelt csoportok között. A megfigyelt malformációs típusok abundanciáját tekintve csak dózisfüggő változásokat figyeltünk meg, a két megfigyelt genotípus között nem tapasztaltunk különbséget. Az elvégzett kísérletekből kitűnik, hogy a leadott dózis növelésével a tp53-deficiens embriók esetében nagyobb mértékben nő a halálozási arány a vad típusú társaikhoz képest.

Molekuláris és sejtbiológia I. tagozat

HARGITAI DÁVID*dhargitai99@gmail.com*

Biológia, Molekuláris Genetika, Sejt- és

Fejlődésbiológia szakirány

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Lőrincz Péter**egyetemi adjunktus, ELTE TTK*

Az autofagoszóma szekréciós útvonal karakterizálása

A felépítő folyamatok mellett a sejteknek rendelkezniük kell olyan lebontó folyamatokkal is, amelyek képesek a feleslegessé vált, előregedett vagy sérült molekulák, illetve akár egész sejtalkotók degradálására. A sejtes önmérsztés egy típusa, a makroautofágia az egyetlen általunk ismert folyamat, amely képes a sejten belüli nagyméretű struktúrák lebontására. A makroautofágia során a lebontásra szánt anyagok kettős membránú vezikulába, az autofagoszómaiba záródnak, ahol a sejt plazma többi részétől elkülönítetten valósulhat meg a degradálódásuk. Ehhez azonban szükség van bontó enzimekre is, amelyek egy másik vezikulatípusban, a lizoszómaiban találhatók. Az autofagoszóma és lizoszóma membránfúziós folyamat révén egyesülnek, így megvalósulhat a lebontás. Az autofágia orvosiológiai szempontból is kiemelkedő, így a sejtbiológia egyik legaktívabban kutatott folyamata.

Az elmúlt évtizedben kiderült, hogy az autofág beltartalom nem csak a lebomlás irányába haladhat, hanem a sejten kívüli térbe is szekretálódhat. Az autofág szekréció folyamata kimondottan fontos a citoszolban szabad riboszómaikon szintetizálódó fehérjék sejtén kívüli térbe juttatásában, az immunválasz kialakításában, a tumorprogresszió és a tumor elleni védekezés folyamatában, és a neurodegenerációs kórképek kialakulásában. A folyamat élettani jelentősége ellenére az autofág szekréciót közvetítő molekulák nagyrészt ismeretlenek.

Kutatásom során az *ecetmuslica* Garland-nefrocityáiban sikerült olyan genetikai háttereket azonosítani, amelyek lehetővé teszik a szekréció előtt álló autofagoszóma molekuláris jellemzését és a folyamatban résztvevő molekulák szűrését. Sikerült az autofagoszóma-szekrécióban vélhetően kulcsfontosságú szerepet játszó molekulákat azonosítani, amelyek általános résztvevők lehetnek a folyamatban. Eredményeinkkel és az általunk kidolgozott módszertan segítségével a jövőben az autofág szekréció további feltárása és esetleges transzlációs kutatásokban való felhasználására is lehetőség nyílik.

Molekuláris és sejtbiológia I. tagozat

FODOR KINGA*kingafodor02@gmail.com*

biológia

BSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Prof. Dr. Andó István**emeritus professzor, Szegedi Biológiai Kutatóközpont Genetikai Intézet Veleszületett**Immunitás Csoport**Dr. Cinege Gyöngyi Ilona**tudományos főmunkatárs, Szegedi Biológiai Kutatóközpont Genetikai Intézet Veleszületett**Immunitás Csoport*

A *Drosophila willistoni* robusztus veleszületett immunválaszának egyedi és általános sajátosságai

Az immunválasz evolúcióját a parazitákkal történő folyamatos kölcsönhatás alakítja, melynek eredményeként az immunválasz változatos formái jöttek létre. Az immunválasznak a törzsfejlődés során konzervált, a többsejtű szervezetekben, így a rovarokban is megnyilvánuló modulja a veleszületett immunrendszer. A *Drosophila* könnyen kezelhető genetikai rendszere ideális szervezet a veleszületett immunitás vizsgálatára. Laboratóriumunkban fedezték fel a veleszületett immunitás új elemeit, a sokmagvú óriássejteket, melyek a parazitoidokkal szemben kivételesen hatékony immunválasz résztvevői. Ez a sejtípus parazitoiddal történt fertőzést követően jelen vannak az eddig kevésbé ismert, de hatékony immunvédekezéssel rendelkező *Drosophila willistoni*-ban, melyek vérsejtjei, az eddig vizsgált *Drosophila* fajokkal ellentétben, naiv állapotban is nagyfokú morfológiai heterogenitást mutatnak. Kísérleteim célja a vérsejtek heterogenitásának jellemzése az általam előállított és alkalmazott immunológiai reagensek alkalmazásával. A kísérletek során *D. willistoni* vérsejtekkel immunizáltam egereket és a lépsejtjeinek tumorsejtvonallal történt fúziója eredményeként jellemeztem a létrejött hibridómák által termelt monoklonális ellenanyagokat. Parazitoiddal fertőztem *D. willistoni* lárvákat, vérsejteket izoláltam. Indirekt immunfluoreszcencia alkalmazásával a vérsejtek sokféleségét tükröző ellenanyagokat szelektáltam és alkalmazásukkal meghatároztam a naiv és immunindukált egyedek vérképének jellemzőit. Parazitoiddarázs-fertőzési és fagocitózis tesztek alkalmazásával megfigyeltem a sejt közvetítette immunreakciókat. Eredményeim alapján megállapítható, hogy a *D. willistoni* kivételes hatékonysággal védekezik a parazitoid darazsakkal szemben, azonban a védekezési mechanizmus alapvetően különbözik a leggyakrabban alkalmazott, kevésbé hatékonyan védekező drosophiloid modellszervezet, a *D. melanogaster* védekezési formájától. A vérsejtek differenciálódásának és funkcióinak megismerése lehetőséget nyújt a *Drosophila willistoni* hatékony immunválaszának jobb megértéséhez. Emellett körvonalazódik egy olyan modellszervezet alkalmazásának lehetősége, mely lehetőséget nyújt a veleszületett immunitásban szerepet játszó, eddig ismeretlen és biológiailag hatékony faktorok vizsgálatára.

Molekuláris és sejtbiológia I. tagozat

LENZINGER DORINA*lenzi.dorcsi@gmail.com*

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Visnovitz Tamás**egyetemi adjunktus, SE ÁOK**Németh Krisztina**tudományos segédmunkatárs, SE ÁOK*

MVB-szerű extracelluláris vezikulák kibocsátásának vizsgálata

Az extracelluláris vezikulák (EV-k) membránnal határolt, többnyire gömb alakú, sejten kívüli részecskék. Szerepet játszanak többek között a sejtek közötti információáramlásban. A tudomány jelenlegi állása szerint a legfontosabbnak tartott kis EV-k (40-150 nm) elsősorban multivezikuláris testek (MVB) exocitózisa révén jutnak a külvilágba.

Célunk egy nemrégiben megfigyelt EV szekréciós útvonal vizsgálata, a keletkező EV-k kvalitatív és kvantitatív jellemzése.

Kísérleteink során 2D sejt vonalakat, 3D bio-nyomtatott tenyészeteket és egérből származó szövetmintákat alkalmaztunk. Az EV szekréció folyamatát konfokális mikroszkópia (immuncitokémiai jelölés, palmGFP és fluoreszcens laktadherin alkalmazásával) és transzmissziós elektronmikroszkópia segítségével vizsgáltuk.

A fluoreszcens membránjelölés lehetővé tette az EV-k megfigyelését keletkezési helyükön. Minden vizsgált tenyészetben és szöveti extracelluláris térben is azonosítottuk a nagy (500-5000 nm átmérőjű), MVB-szerű EV-k lefűződését. Ezek gyakoriságát és dinamikáját vizsgáltuk, próbáltuk befolyásolni többek között citokalazin-B és kolhicin segítségével.

Az MVB-szerű struktúrák kibocsátását minden általunk használt kísérleti rendszerben sikerült megfigyelnünk, keletkezésük dinamikáját befolyásolnunk. Feltételezzük, hogy egy eddig kevésbé ismert EV kibocsátási útvonal általánosan jelenlévő formáját ismertük fel. A sejtek mikrokörnyezetének megfigyelhetősége jelentősen kibővült 3D bio-nyomtatott sejttenyészetek alkalmazásakor.

Molekuláris és sejtbiológia I. tagozat

NÉMETH DÓRA*dora.nemeth020595@gmail.com*

Biológia

MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Sinka Rita**egyetemi docens, SZTE TTIK*

A tesztisz-specifikus gamma-tubulin gyűrűkomplex funkciójának és összetételének vizsgálata *Drosophila melanogaster*-ben

A mikrotubulusok fontos szerepet játszanak a kromoszómák szétválásánál a sejtosztódás során, az intracelluláris transzportfolyamatoknál, a sejtszervecskék lokalizációjában és mozgásában, valamint a sejtek mozgásában. A mikrotubulusok irányított növekedése az evolúciósan konzervált gamma-tubulin gyűrűkomplexből (γ -TuRC) indul. A sejten belüli változatos mikrotubulushálózat egy dinamikusan változó, adott esetben specializált γ -TuRC létezését feltételezi. A gyűrűkomplex belső magja egy gamma-tubulint kötő kisebb komplexből épül fel (γ -TuSC, Grip84, Grip91), amelyhez további fehérjék (Grip128, Grip163, Grip75) kapcsolódnak, létrehozva a γ -TuRC-et.

Munkacsoportunk azonosított és jellemzett egy alternatív, tesztisz-specifikus komplextagokat (t-Grip84, t-Grip91, t-Grip128) tartalmazó γ -TuRC-et, leírta annak változatos sejten belüli eloszlását és feltételezett funkcióját a *Drosophila melanogaster* spermatogenezis poszt-meiotikus stádiumaiban. A különböző helyre lokalizálódó tesztisz-specifikus γ -TuRC-részletes jellemzése és összetétele még nem ismert. A *Drosophila melanogaster* spermiumproteomikai analízise során az érett spermiumban azonosításra került a Grip163 γ -TuRC fehérje. Ennek alapján feltételeztük, hogy a γ -TuRC egyes tagjai jelen lehetnek az érett spermiumban is, valamint, hogy létezhet egy tesztisz-specifikus és általánosan kifejeződő paralógokból felépülő γ -TuRC.

Munkám során a Grip163 fehérje részletes jellemzését tűztük ki célul. CRISPR/Cas9 rendszerrel létrehoztunk deléciós mutáns vonalakat, melyeket molekulárisan jellemeztünk. A Grip163 mutáns vonalak fenotípusos jellemzése megmutatta, hogy a homozigóta hímek sterilek. A spermatogenezisen belüli Grip163 eloszlás követésére *in vivo* GFP jelölt vonalakat hoztunk létre CRISPR/Cas9 technológiával. Munkámban a Grip163 gén részletes jellemzését és feltételezett funkcióját kívánom bemutatni.

Molekuláris és sejtbiológia I. tagozat

HORVÁTH ENIKŐ*horvath.encia@gmail.com*

Biológia

BSc, 5. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Sóth Ármin**PhD hallgató, ELTE TTK*

Az EHD1 fehérje új interakciós partnereinek azonosítása az endoszomális rendszerben

Az EHD1 a reciklizációban kulcsfontosságú szerepet játszó fehérje, amelyet a FERARI pányvázókomplex részeként is leírtak. A pányvázó faktorok nélkülözhetetlenek a vezikulafúziós folyamatokban, melyekben önállóan (Rbsn-5) vagy komplexeket alkotva (CORVET és HOPS) vesznek részt.

Kutatócsoportunk korábban bizonyította az Rbsn-5 és a Vps18 (a CORVET és a HOPS közös alegysége) közötti direkt kölcsönhatást. Továbbá az Rbsn-5 kölcsönhatást mutat a Vps45-tel, ráadásul részt vesz a reciklizációban az EHD1-gyel való kapcsolódása révén. Ezek tudatában vált számomra érdekessé a kérdés: kötődik-e az EHD1 a Vps18-hoz?

Célom a különböző pányvázó faktorok, elsősorban az EHD1 kapcsolatainak felderítése a reciklizációban és a korai endoszomális rendszerben, valamint új lehetséges komplexek azonosítása. Munkám során az EHD1 és a Vps18 közötti lehetséges kapcsolatot vizsgáltam. Ehhez a humán EHD1-et emlős expressziós vektorba klónoztam és HEK293 sejtekben expresszáltattam a fehérjét. Majd ko-immunoprecipitációs kísérleteket végeztem, melynek eredményei alapján az EHD1 képes kötni mind a Vps18-at, mind a Vps45-öt. Mivel ko-immunoprecipitációval a direkt és az indirekt kapcsolat is kimutatható, így élesztő két-hibrid rendszerben is teszteltem a kölcsönhatásokat. Az EHD1 csupán az Rbsn-5-tel mutatott kölcsönhatást, a Vps18-cal és a Vps45-tel nem. Ezen eredményeim az EHD1 és a Vps18 közötti közvetett kölcsönhatásra utalnak, amely feltételezhetően az Rbsn-5 kötés révén valósul meg.

Molekuláris és sejtbiológia I. tagozat

FALCSIK GERGŐ*gergo.f95@gmail.com*

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Kovács Tibor

egyetemi adjunktus, ELTE TTK

Rab2 aktivációs célpont jelöltek vizsgálata *Drosophila melanogaster*-ben.

Az autofágia sejtjeink egy nélkülözhetetlen homeosztázist fenntartó folyamata, mely azonban az öregedés során veszít hatékonyságából. E csökkent aktivitás különösen veszélyes lehet olyan pótolhatatlan sejtekre nézve, mint az idegrendszer sejtjei, ahol a káros anyagok felhalmozódása neurodegeneratív betegségek kialakulásával járhat.

Kutatócsoportunk korábbi eredményei szerint a Rab2 kis-GTPáz (kis-G) fehérje – mely nélkülözhetetlen a savas lebontó útvonalak vezikuláinak fúziójához – konstitutívan aktív formája fokozza az autofágia hatékonyságát öreg állatokban, továbbá növeli azok élethosszát és mászási képességét. A kis-G fehérjéket GAP-ok (GTPase-activating proteins) gátolják azok inaktiválásával, így közvetetten csökkenthetik az autofágia hatékonyságát, azonban Rab2 specifikus GAP-ok még nem ismertek az irodalomban. Kutatási célom volt olyan Rab2 fehérjét szabályozó GAP-okat találni, melyeknek gátlása képes fokozni a lizoszómális lebontási útvonalakat és ezáltal növelni az autofágia hatékonyságát az idegrendszerben. Ezen fehérjék jó célpontjai lehetnek a jövőben gátló hatású gyógyszermolekuláknak.

12 GAP gén RNS-interferencia (RNSi) csendesítését végeztem *Drosophila*-ban, melyek potenciálisan részt vehetnek a Rab2 szabályozásában. Ezek közül 5 lett kiválasztva részletesebb vizsgálatokra. Mind idegrendszerben, mind zsírtestben sikerült több olyan GAP gént találni, melyek csendesítése képes volt megnövelni az aktív Rab2-pozitív vezikulumok számát a sejtekben. Egyes csendesítések képesek voltak az autofág-lizoszómális lebontó útvonalak aktiválására (pl: CG42795-RNSi), ezzel csökkentve a lebontásra megjelölt anyagokat az állatok idegsejtjeiben. Bizonyos GAP-ok csendesítése szignifikáns növekedést okozott a *Drosophila*-k élethosszában, és a mászási képességre is több gén csendesítése volt pozitív hatással. Feltételezhetjük tehát, hogy egyes GAP fehérjék gátlása valóban alkalmas lehet a lizoszómális lebontási útvonalak aktiválásához, így ezeknek a fehérjéknek a további kutatása releváns új terápiás célpontokat nyújthat a neurodegeneratív betegségek elleni küzdelem során.

(Kutatásom során én végeztem az állatok fenntartását és keresztezését, a fluoreszcens mikroszkópiához a mintákat (előkészítés, boncolás, fixálás), a Western blotot és a PCR eljárásokat és az azokhoz szükséges minták előállítását, az élethossz- és mászásesszéket, valamint a kísérletek során kapott adatok kiértékelését, statisztikai elemzését és a hozzájuk tartozó ábrák és diagramok elkészítését.)

Molekuláris és sejtbiológia I. tagozat

PÉK RAMÓNA*pek.ramona@brc.hu*

Biológia

BSc, 6. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Henn László Dániel**Tudományos munkatárs, Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Genetikai Intézet*

Az alternatív linker hiszton foszforilációjának szerepe Drosophilában

A funkcionális kromatin szerveződésében a core hisztonok (H2A, H2B, H3, H4) mellett a linker hiszton (H1) alapvető fontosságú. A legtöbb szövetes állatban többféle linkerhiszton-variáns is jelen van, melyek expressziója egy bizonyos életszakaszra, szövetre vagy szervre korlátozódhat. Ezek között rendszerint megtalálható egy kifejezetten petefészek- és koraiembrió-specifikus változat is. Ecetmuslicában a genom csak kétféle linker hisztont kódol: a testi sejtekben kifejeződő H1-et, valamint a BigH1 alternatív linker hisztont, ami az ivarvonalban és a korai embrióban helyettesíti a H1-et. Korábbi proteomikai kísérletek során a BigH1 fehérjén több lehetséges foszforilációs helyet azonosítottak. Az érintett aminosavakat kódoló szekvenciariészleteket megváltoztatva foszforilációra képtelen változatot hoztak létre (BigH1[NPS]). Munkánk célja a mutáns fehérje expressziós mintázatának vizsgálata és a mutatott fenotípusos jellegek elemzése volt.

Kísérleti eredményeinkből kiderült, hogy a BigH1[NPS] homozigóta mutánsok életképesek, de teljesen hímsterilek. A mutáns embriók normál laboratóriumi körülmények között 25°C-on gyenge, míg 15°C-on erős letalitást mutatnak. Mikroszkópos módszerek segítségével kimutattuk, hogy más BigH1 mutánsokhoz hasonlóan, a korai embrionális fejlődés alatt itt is jellemző a „nuclear fallout” fenotípus, azonban a BigH1 foszforilációs mutáns fehérjét hordozó törzs alacsonyabb életképessége nem a korai, hanem a késői embrionális fejlődés eredménye lehet. Kimutattuk ugyanis, hogy emelkedett arányban vannak jelen apoptotikus sejtek a késői embriókban, és ez feltételezhetően összefügg azzal, hogy a foszforilációs mutáns fehérje expressziós mintázata is eltér a vad típushoz képest, mert ez a változat még gasztruláció után is jelen van a szomatikus sejtek sejtmagjában. Az még nem tisztázott, hogy a fehérje megfelelő működéséhez egy általános hiperfoszforilált állapot szükséges, vagy van-e olyan egyedi foszforiláció, amely biztosítja a BigH1 tökéletes működését. További vizsgálatok céljából ezért molekuláris klónozással olyan BigH1 változatokat hoztunk létre, melyekben különböző foszforilációs helyek vannak elrontva és CRISPR/Cas9 génszerkesztést alkalmazva új típusú mutáns törzseket állítottunk elő.

Eredményeink összegzéseként elmondható, hogy a BigH1 foszforilációjának jelentősége van a fehérje kifejeződési mintázatának fenntartásában, és ezen keresztül a megfelelő embriogenezis biztosításában.

Molekuláris és sejtbiológia II. tagozat

SÁNDOR ALEXANDRA

szandi0118@gmail.com

Molekuláris biológia

MSc, 5. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Szabó Kornélia

tudományos munkatárs, ELKH Természettudományi Kutatóközpont

Indukált pluripotens őssejt alapú organoidmodell fejlesztése cerebelláris ataxia vizsgálatára

A cerebellum a motoros és szenzoros információ feldolgozásának kulcsfontosságú központja. A posztnatális időszakra is kiterjedő fejlődése miatt ez a struktúra fokozottan veszélyeztetett és számos patológiás folyamat által érintetté válhat, mint például a spinocerebellaris ataxiák (SCA-k), egy sokféle neurológiai elváltozással járó betegségcsoport, amelyet elsősorban a motoros koordináció elvesztése jellemez. Egyre több bizonyíték utal arra, hogy több SCA genetikai altípusban bizonyos patológiás utak megegyezhetnek, és ezek a cerebellum Purkinje-sejtjein kívül glia sejttypusokat is érintenek. Mivel a humán cerebellum fejlődése teljesen eltér az egér cerebellumétól, így mind fejlődésbiológiai, mind neurodegeneratív elváltozásainak tanulmányozására elengedhetetlen a humán modellrendszerek alkalmazása. A cerebellum különböző sejttypusait 3D organizációban tartalmazó *in vitro* rendszer a cerebelláris organoid.

A projekt során először a cerebellum humán indukált pluripotens őssejt (hiPSC) alapú organoid modelljének létrehozására dolgoztam ki egy olyan jól reprodukálható differenciációs protokollt, amely később lehetővé teszi SCA-ban szenvedő betegekből létrehozott hiPSC vonalakból is cerebelláris organoidok előállítását. Az organoidokban a differenciáció 21., 35. és 50. napján megtalálható sejttypusokat immuncitokémiai módszerekkel jellemeztem, a cerebellum fejlődési stádiumaira jellemző markereket használva. Kimutattam, hogy már a 35. napon megjelennek Kirrel2 pozitív Purkinje-progenitorok, amelyekből az 50. napra kialakulnak Calbindin pozitív Purkinje-neuronok is. A tenyésztési körülmények optimalizálásával az 50. napon már a később kifejlődő asztroglia sejtek is kimutathatóak voltak. Annak érdekében, hogy bizonyítsam, hogy a modell patológiás elváltozások kimutatására is alkalmas, az egérben ataxia indukálására képes IL-1 β -val kezelt az organoidokat, ami a P62 autofágia marker megemelkedésével járt. Annak érdekében, hogy kiderítsem, hogy vajon ez a változás sejt-specifikus módon történt-e, neuronális (MAP2) és asztroglia (GFAP) markerekkel együtt vizsgáltam a P62-t organoid metszeteken.

Összességében megállapítható, hogy létrehoztam a humán cerebellum organoid modelljét, amely alkalmas sejt-specifikus patológiás elváltozások vizsgálatára és az azokat célzó terápiák kifejlesztésének platformjául szolgálhat.

Molekuláris és sejtbiológia II. tagozat

RÁKÓCZI BETTINA*rkcbetti@gmail.com*

Biológus

MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Tóth E. Melinda**tudományos munkatárs, Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Biokémiai Intézet*

A túlzott fruktóz bevitel jelentősen súlyosbítja a magas zsírtartalmú diétával előidézett elhízás során fellépő gyulladásos folyamatokat és metabolikus elváltozásokat egérmodellben

A nyugati társadalmakra jellemző étrend hatására egyre nő az elhízás mértéke, ami számos krónikus betegség fontos rizikófaktor. A fehér zsírszövetben nagy mennyiségben termelődő gyulladásos citokinek és adipokinek hatására egy alacsony szintű krónikus gyulladás alakul ki a szervezetben. Ez a folyamat feltehetően fontos szerepet játszik egyes betegségek kialakulásában, azonban az ezt alátámasztó sejtszintű és molekuláris mechanizmusok még nem teljesen tisztázottak. Jelen tanulmányunkban kimutattuk, hogy a zsírdús diéta nemcsak a fehér zsírszövetben, de a májban, barna zsírban és az agyban is jelentős változásokat okoz, melyeket a diéta fruktózzal történő kiegészítése tovább súlyosbít. A kísérlet során egerek egy csoportját zsírdús diétán (HFD- high fat diet), másik csoportjukat pedig a nyugati étrendet jobban modellező, magas zsír- és fruktóztartalmú (HFD+F) étrenden neveltük. Az állatok testtömege jelentős emelkedést mutatott HFD hatására, amit a fruktóz még tovább fokozott. Hasonló változást tapasztaltunk a máj tömegét vizsgálva; a zsírmáj kialakulását hematoxilin-eozin festett metszeteken is megerősítettük. Az elhízott állatok szérumkoleszterin-szintje is megemelkedett, azonban nem találtunk jelentős különbséget a HFD és HFD+F csoportok között. Glükóztolerancia azonban csak a HFD+F diétán tartott állatokban alakult ki. Az agy-, máj-, fehér és a barna zsírszövetben bekövetkező génexpressziós változásokat qPCR segítségével követtük nyomon. Megfigyeltük, hogy egyes gyulladásos faktorok és citokinek expressziója megemelkedett ezekben a szervekben HFD hatására, ami azonban még jelentősebb mértékű volt a HFD+F csoportban. Az agyban lejátszódó folyamatokat immunhisztokémiai festésekkel vizsgáltuk. A nyugati étrend hatására egyes állatok agyában meglepően magas volt a DCX pozitív sejtek száma, ami a neurogenesis erősödésére utal. Elképzelhető, hogy a folyamat az étrend által okozott károsodások kompenzálásaként aktiválódik, amit a HFD+F állatok alacsonyabb agymérete is alátámaszt.

Eredményeink megerősítik, hogy az elhízás során fellépő gyulladásos folyamatok és metabolikus változások az egész szervezetet érintik, és a tünetek különösen súlyosak a nyugati étrendet mintázó magas zsír- és fruktóztartalmú diéta esetében. Kutatásunk hozzájárulhat a társadalmunkra jellemző életmód káros hatásai mögött álló sejtszintű és molekuláris mechanizmusok jobb megértéséhez, ami a későbbiekben elősegítheti az elhízás miatt kialakuló rendellenességek terápiás kezelését.

Molekuláris és sejtbiológia II. tagozat

LEHOCZKY CSILLA*lehoczky.csillag@gmail.com*

Molekuláris bionika mérnöki BSc

BSc, 7. félév

Pázmány Péter Katolikus Egyetem

Információs Technológiai és Bionikai Kar

*Témavezetők:**Matkovicsné Dr. Varga Andrea
tudományos munkatárs, SE ÁOK**Gáspári Zoltán
egyetemi docens, PPKE ITK***A PECAM-1 adhézión fehérje mechanotranszdukciójának BRAF általi szabályozása
humán endotél sejtekben**

Az endotélium a vérplazma és az ereket körülvevő szövetek közti szelektív határoló felület, amely a sejt-sejt kapcsolatok dinamikus átrendeződésével szabályozza a permeabilitást. Ezáltal az endotélium szerepet játszik a gyulladásban és metasztázisban. Jelenlegi tudásunk szerint az endotél barrier funkciójának szabályozása az aktin citoskeleton és a sejtkapcsoló struktúrák átrendeződésén keresztül valósul meg. A vérben utazó immun-, illetve rákos sejtek citokinek hatására adhézión molekulákon (ICAM, PECAM) keresztül az endotél sejtekhez kapcsolódnak, és azokra erőt kifejtve elindítanak egy jelátvitelt, amely az aktin és a sejtkapcsolatok átrendeződését eredményezi.

A növekedési faktorok kiváltotta sejtosztódásban szerepet játszó BRAF egy protoonkogén fehérje, amely mutációja gyakori melanómákban. Kevésbé ismert viszont a citoskeleton szabályozó hatása. BRAF hiányában az endotél sejtekben perifériás aktin gyűrű alakul ki, és csökken a metasztázis. A BRAF citoskeleton szabályozó funkciója a RAF1-gyel alkotott heterodimeren keresztül valósul meg, így elképzelhető, hogy a heterodimerizációt gátló anyagokkal csökkenthető a daganatok növekedésén túl a metasztázis képzés. Ilyen típusú RAF inhibitor a PLX8394.

Tudományos Diákköri munkám során a PLX8394 inhibitor az endotélium permeabilitására és a transzmigrációra gyakorolt hatását vizsgáltam. Kísérleteimet HUVEC sejteken végeztem, amelyeket permeabilitást növelő faktorral (trombin) kezeltem, illetve a PECAM adhézión molekulára kifejtett mechanikai aktivációt alkalmaztam. A molekuláris szintű változások analíziséhez a jelátvitelt befolyásoló inhibitorokkal (PLX8394, U0126) kezeltem a sejteket. Az aktin lokalizációját fluoreszcens konfokális mikroszkópiával vizsgáltam, a sejten belüli aktivációs folyamatokat Western blot analízissel követtem.

Eredményeim alapján a PLX8394 hasonló fenotípust alakít ki endotél sejtekben, mint a BRAF hiánya. Trombin kezelés kevésbé növeli a permeabilitást, kevesebb stressz-szál alakul ki a sejtekben, és a sejtkapcsoló struktúrák átrendeződése is gátolt. A PECAM-1 mechanotranszdukció során, a BRAF hiányához hasonlóan, vastagabb perifériás aktin gyűrű alakul ki és a sejt-sejt kapcsolatok stabilitása sem csökken, ahogyan azt a VE-cadherin Y731-es oldalláncának foszforiláltsága mutatja, amely a sejtkapcsolatok fellazulásának egyik markere.

Ezek alapján a PLX8394 a melanóma növekedésének gátlásán túl a metasztázis csökkentésében is hatásos lehet, amely a melanóma fő halálozási oka.

Molekuláris és sejtbiológia II. tagozat

SÁNTA ÁDÁM TAMÁS*santadam18@gmail.com*

biológus

MSc, 4. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Prof. Dr. Haracska Lajos**tudományos tanácsadó, Szegedi Biológiai Kutatóközpont**Dr. Kiss Ernő**tudományos főmunkatárs, Szegedi Biológiai Kutatóközpont*

A Rad6 és a Rad18 fehérjék kölcsönhatását célzó kismolekula inhibitor jelöltek hatásának vizsgálata a Rad6-Rad18 interakcióra és a PCNA ubikvitinációra humán sejtekben

A DNS-ünkben folyamatosan keletkező különféle hibák kijavítására számos mechanizmus fejlődött ki. Ezek között vannak hibamentesek és vannak, melyek a DNS-szintézis folyamatosságának fenntartása és a genom integritásának biztosítása érdekében hibákat hagyhatnak a DNS-ben. Egyik ilyen hibahagyó mechanizmus a transzléziós szintézis (TLS), melynek aktiválásában jelentős funkciója van a Rad6 és a Rad18, valamint a PCNA és az Ubikvitin fehérjéknek. A TLS fontos szerepet tölt be különböző tumorok kemorezisztenciájának kialakulásában, ezért inhibíciója adjuváns terápiaként ígéretes lehet. Hosszú távú gátlása azonban megnövelheti a genomi instabilitás mértékét az egészséges sejtekben is, ezzel elősegítve új tumorok kialakulását. Ezt elkerülendő, kezelés tekintetében a TLS tranzienst gátlása lenne a legmegfelelőbb. Ezért csoportunk olyan kismolekulákat keresett, melyek képesek a PCNA fehérje ubikvitinációját, és ezáltal a TLS folyamatát gátolni. Az *in vitro* kísérletek során több potenciális inhibitor is találtunk, amelyek közül a két legígéretesebb az NSC 623095-ös és az NSC 338106-os kódúak voltak. Mindkét molekula a Rad6-Rad18 interakciót gátolva fejti ki hatását a PCNA ubikvitinációjára, azonban míg az előbbi a Rad18, utóbbi a Rad6 fehérjéhez képes kötődni. Az NSC 338106-os kismolekulával együtt egy izomerét, az NSC 338107-eset is vizsgáltuk, mely nem mutatott gátló hatást korábbi kísérleteink során.

Ezen kismolekulák hatását a Rad6-Rad18 kölcsönhatásra és a PCNA ubikvitinációjára a csoportunkban használt Split-Venus alapú, fehérje-fehérje interakciót vizsgáló rendszerrel kívánjuk megvizsgálni humán sejtekben.

Molekuláris és sejtbiológia II. tagozat

GEISZELHARDT ESZTER*geisieszter@gmail.com*

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Tárnok Krisztián**adjunktus, ELTE TTK**Schlett Katalin**egyetemi docens, ELTE TTK*

Titán-dioxid különböző kristályszerkezeti formáinak hatása idegi sejtenyészetek életképességére

A titán-dioxid széles körben alkalmazott kristályos anyag. Optikai tulajdonságai miatt pigmentként használatos, de nanorészecskéinek UV-tartományban megfigyelhető fényszóró képességét kozmetikai készítményekben, például naptejekben is kihasználják. Mivel gyakran alkalmazott vegyületről van szó, környezeti terhelését, biológiai hatásait korábban már elemezték, különös tekintettel a TiO_2 nanorészecskék (6-100 nm) élettani hatásaira. Ugyanakkor kristályszerkezeti formáinak egyedi hatásait kevesen vizsgálták.

Kísérleteimben TiO_2 ásványok anatáz (gömb alak, szemcseméret: 6-8 nm) és rutil (pálcika alak, hosszúság: 80-100 nm, átmérő: 10-20 nm) nanorészecskéinek életképességre gyakorolt hatását négyféle sejtösszetételű primer idegi sejt kultúrán vizsgáltam. A csak idegsejteket, csak gliasejteket, ideg- és gliasejteket, valamint mikroglia sejteket tartalmazó sejtenyészeteket a kétféle nanorészecskével különböző koncentrációban (1-1000 $\mu\text{g/ml}$) 24 vagy 48 óráig kezeltem. Az életképességre gyakorolt hatást MTT ((3-(4,5-dimetiltiazol-2-il)-2,5-difeniltetrazolium bromid) redukció) és LDH (laktát-dehidrogenáz) aktivitás mérésen alapuló módszerek segítségével határoztam meg.

Vegyes sejt kultúrák esetében egyik fajta nanorészecske sem csökkentette a sejtek életképességét. De az asztroglia tenyészeteken a rutil forma már 24 óra után, 10 $\mu\text{g/ml}$ felett sejtpusztulást okozott, hatása pedig potencírozható volt. Az anatáznál azonban nem tapasztaltam ilyen hatást. A rutil forma a mikroglia sejtekre is káros volt.

Vizsgálataim felhívják a figyelmet, hogy a rutil formát tartalmazó készítmények kockázatot jelenthetnek a központi idegrendszer asztroglia és mikroglia sejtjeire.

Molekuláris és sejtbiológia II. tagozat

DÓSA ANNA

annad9962@gmail.com

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Csizmadia Tamás

egyetemi adjunktus, ELTE TTK

A K63-kapcsolt poliubiquitin lehetséges szerepe a szekréciós granulum-lizoszóma fúzióban

A krinofágia főként szekréciós sejtekre jellemző sejtes önmérsztő folyamat. Ennek során az előregedett vagy felesleges szekréciós granulumok lizoszómákkal közvetlenül egyesülnek. Laborunkban 2018-ban már azonosították a szekréciós granulum-lizoszóma fúzióhoz közvetlenül szükséges Rab fehérjét, pányvázó- és SNARE-komplex alegységeket, azonban még nem ismert, hogy ezek a granulumok milyen módon jelölődnek ki a lebontásra. Az ubiquitin (Ub) általánosan degradatív szerepekkel asszociálható fehérje, mely változatos mono- illetve poliubiquitin formákban képes befolyásolni szubsztátfehérjéinek sorsát. A proteasomális degradáción túl szerepét leírták már a szelektív makroautofágiában, de a fehérje számos szignalizációs útvonalban nem-degradatív szerepeket is betölt. Ezeket, illetve azon korábbi eredményeinket figyelembe véve, melyek szerint az ubiquitin kimutatható a váladékszemcsék membránjához lokalizálva pontosan a fejlődés során zajló krinofágia indukciójakor, elképzelhetőnek tartottuk, hogy a krinofágia szabályozásában is lehet jelentősége.

Egy E2 ubiquitin-konjugáló enzimeket érintő kisléptékű genetikai szűrés során felfedeztük, hogy a Bendless nevű, K63-kapcsolt poliubiquitinre specifikus enzim hiányában a krinofágia nem képes a fejlődési programnak megfelelően végbemenni az ecetmuslica (*Drosophila melanogaster*) lárvális nyálmirigyében. Hasonló fenotípust fedeztünk fel a Cylindromatosis deubiquitiniláz fehérje esetében is. Ez a két eredmény együttesen arra mutat, hogy a krinofágiában fontos szerepet játszhat egy vagy több K63-kapcsolt poliubiquitinilációs esemény. A krinofágiához vezető útvonal feltérképezése érdekében megvizsgáltuk a Bendless eddig ismert, illetve feltételezett interakciós partnereit, ezek hiánya azonban nem okozott krinofágia-defektust, ami arra utal, hogy a K63-kapcsolt poliubiquitin nem jelátviteli komponensek modulálásán keresztül fejti ki hatását a krinofágia folyamatában, hanem a granulumok lebontási útra való terelésében.

Molekuláris és sejtsbiológia II. tagozat

HAMPUCH ÁDÁM*hampuch.adam@gmail.com*

Biológia

BSc, 3. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Veres Balázs**egyetemi docens, PTE ÁOK**Kőszegi Balázs**tanársegéd, PTE ÁOK*

A H₂S gáztranszmitter hatásai az öregedés biokémiai folyamataira

Az öregedés biológiai jelensége sok tudományos kérdést vet fel. Mivel számos kórkép alapszik ezen a folyamaton, megismerése rengeteg ember szenvedéseit csökkenthetné. A jelenség magyarázatára számos elméletet állítottak fel eddig. Csoportunk kutatása a mitokondriális diszfunkcióra alapozott öregedési elméletre épült. Modellszervezetnek a D257A genetikailag módosított egérmodellt választottuk. Ennek az egérnek pontmutációt idéztek elő a DNS-polimeráz gamma proofreading aktivitásért felelős alegységében, így a mitokondriális DNS-ben felhalmozódó mutációkat eredményezve. Ez fenotípusosan az öregedéssel összefüggő változásokként jelenik meg. A H₂S gáztranszmitter számos pozitív hatással rendelkezik a sejtani folyamatokra nézve. Képes a szabadgyökök eliminálására, valamint a fehérjéken poszttranszlacionális módosításokat hajthat végre. Kutatásunk során egy még ki nem próbált kezelést teszteltünk a D257A egereken, ami céljából az öregedés folyamatainak lassítását tűztük ki célul. A kezelés keretein belül H₂S-ot szabadítottunk fel a mitokondrium mátrixában az AP39 mitokondrium targetált H₂S donor molekula segítségével. Hipotézisünk szerint a mitokondriális H₂S kimutatható változást indukál az öregedéssel összefonódó gének átíródásában. Célul tűztük ki, hogy megvizsgáljuk a D257A egérben megjelenő génexpressziós változásokat, valamint az AP39 molekula hatásait az öregedés folyamataira. Ehhez totál RNS tartalmat izoláltunk a mutáns egerek májából, lépéből, szívéből, veséjéből és combizomból, amelyen qPCR analízist végeztünk öregedéssel kapcsolatos génekre. A vizsgálatokat elvégezve arra az eredményre jutottunk, hogy a D257A egérben azoknál a géneknél, ahol változást észleltünk, a génexpresszió mértékének csökkenését lehetett megfigyelni a májban, a szívben, a combizomban és a vesében. Ettől eltérő eredményt kaptunk a lépben, kifejezetten a mitokondriális funkcióval kapcsolatos gének esetén. Egyes gének esetén az AP39 kezelés hatását sikerült kimutatni. Emellett meglepő eredményként szolgált, hogy az általunk alkalmazott kontroll molekula hatása nem különült el minden esetben a hatóanyagétól. Eddigi eredményeink alapján kijelenthetjük, hogy a mitokondriumba targetált H₂S donor molekula jelentős változásokat eredményezett számos, az öregedéssel összefüggő gén expressziójában, ugyanakkor ezen változások hatásainak pontosabb megértéséhez további vizsgálatok szükségesek.

Molekuláris és sejtbiológia II. tagozat

JUHÁSZ GÁBOR*juhgabaj@gmail.com*

Általános orvos

Osztatlan, 7. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Maruzs Tamás**tudományos munkatárs, Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Genetikai Intézet***A Snazarus fehérje funkciójának leírása *Drosophila* nefrocita modellben**

A Snazarus (Snz) egy - a sorting nexin családba tartozó - *Drosophila* fehérje. Egyik emberi ortológjának, az SNX25-nek mutációját több emberi betegségben is kimutatták, említésre méltóan a krónikus vesebetegség (CKD) esetén. Ennek az összefüggésnek a molekuláris mechanizmusa viszont még nem tisztázott.

A sorting nexin fehérjék jellemzően a sejtservecske-membránokhoz kötődnek. Amikor *Drosophila*-ban megvizsgáltuk az snz mutációjának hatását, markáns defektusokat tapasztaltunk a nefrocitákban, amelyek a humán podociták és proximális tubulus sejtek megfelelői. Emiatt ezekben a sejtekben kezdtük el vizsgálni az Snz szerepét. Főként élő és fixált sejtpreparátumokat vizsgáltunk fluoreszcens mikroszkópiával az endocitózishoz és a szekrécióhoz kapcsolódó fehérjék mutációi esetén. Ugyanígy követtük a szekrécióra kerülő fehérjét, illetve különböző tracerek endocitózisát is.

A legszembetűnőbb változás a késői endoszómák megnagyobbodásában nyilvánult meg az snz funkcióvesztése esetén. A továbbiakban kiderült, hogy az Snz és a Rab11 – amely a szekréciós rendszerhez tartozó reciklizáló endoszómákon található meg – a nefrocitákban kolokalizál, az snz csendesítésekor a Rab11 szétszóródik a sejt plazmában, és ezen két fehérje között biokémiai kapcsolat is fennáll. A reciklizáció egyik fontos szerepe a sejt szűrőrendszerének karbantartása az azt alkotó fehérjék folyamatos cseréjének biztosításával. A részmembránt megfestve fokozott szekréciót tapasztaltunk Snz hiányában. E hatás a Rab11 overexpresszióval additív és hasonló megjelenésű. Eredményeink alapján nefrocitákban az Snz a szekréció inhibitora a Rab11 útvonalra hatva.

Ezen funkció az emberi vese sejteinek működésében is érintett lehet, magyarázva a CKD nagyobb gyakoriságát SNX25 mutáció esetén, illetve más sejtek esetén egyéb betegségek kockázatát is növelheti. Ilyen betegségekben a Rab11 útvonal a jövőben új gyógyszerfejlesztés célpontja lehet.

A személyes hallgatói munkámból kiemelendő a részmembrán immunjelölési kísérletsorozat elvégzése, a felhasznált rab11 génhez kapcsolódó genetikai eszközök validálása, illetve a kutatáshoz kapcsolódó néhány kiegészítő kísérlet megvalósítása. Ez utóbbiak során az Snz esetleges hatásait vizsgáltam az endocitózis funkciójának megtartottságára ezüstnitrát-felvételi, valamint FRAP módszerekkel. Az snz csendesítése az endocitózist nem befolyásolta. A legtöbb kísérlethez a mintakészítést és a mikroszkópos munkát csapatban végeztük, így számos egyéb fontos eredményünkhöz is hozzájárultam.

Molekuláris és sejtszociológia II. tagozat

SUSÁNSZKI PETRA*susanszkipetra@gmail.com*

Biológus MSc

MSc, 4. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Maléth József**tudományos főmunkatárs, SZTE SZAOK**Varga Árpád**Doktorjelölt/ Kutató, SZTE SZAOK*

A STIM1/ORAI1/SPCA2 fehérjekomplex esszenciális szerepe a CFTR aktivációjában primer poláris epitél sejtekben

A cisztás fibrózis transzmembrán konduktancia regulátor (CFTR) Cl^- és HCO_3^- csatorna, az epitél sejtek ion- és folyadékszekréciójának szabályozásával tartja fenn a különböző szervek homeosztázisát. A csatorna bármilyen diszregulációja vagy hibája olyan patofiziológias állapotokhoz vezethet, mint a cisztás fibrózis (CF), a CF-hez társuló májbetegségek, hasnyálmirigy-gyulladás vagy a kolera bakteriális toxin által kiváltott túlzott szekréció. Bár a cAMP/PKA-függő foszforiláció a csatorna aktiválásának egyik központi eseménye, a cAMP és a Ca^{2+} jelátviteli útvonalak közötti szinergia több szinten is finomhangolja a CFTR által közvetített szekréciót. Csoportunk az elmúlt években megfigyelte a CFTR aktivitásának nagymértékű függését az ORAI1-csatornán keresztüli Ca^{2+} beáramlástól, az apikális plazmamembránban (PM) lezajló jelátviteli molekuláris szerveződése azonban nagyrészt ismeretlen maradt.

Munkánk során célul tűztük ki az ORAI1 Ca^{2+} csatorna-függő CFTR szabályozás hátterében meghúzódó Ca^{2+} szignalizáció molekuláris elemeinek és működésének feltárását.

Kísérleteinkhez humán és egér hasnyálmirigy szövetekből organoid kultúrákat hoztunk létre. Az organoidok identitását RNS szekvenálással és immunfluoreszcens jelölési eljárásokkal vizsgáltuk. Az intracelluláris Ca^{2+} szintet élősejtes kísérleteinkben FURA2-AM indikátorral monitoroztuk. A fehérjeinterakciós vizsgálatokat szuperrezolúciós, direkt sztochasztikus optikai rekonstrukciós mikroszkópiával és az ezt követő klaszteranalízissel végeztük.

Kadaver donoroktól származó hasnyálmirigy mintákból organoid biobank építésébe kezdtünk. Az organoidokat felépítő sejtek dukális identitását RNS szekvenciális eredményeink, valamint a poláris CFTR, a citoplazmatikus KRT19 és sejtmagi SOX9, HNF1B, FOXA2 fehérjék kimutatásával igazoltuk. Kísérletesen bemutattuk az ORAI1-csatorna konstitutív működését és a bazális Ca^{2+} szinthez való hozzájárulását primer epiteliális sejtekben. Igazoltuk, hogy az endoplazmatikus retikulum (ER) membránjában elhelyezkedő SPCA2 (Secretory Pathway Ca^{2+} -ATPase) elengedhetetlen az ORAI1-csatorna működéséhez, mivel erősíti a ER Ca^{2+} depléciónélküli, STIM1-ORAI1 interakciót a ER-PM junctionokban.

Eredményeink arra utalnak, hogy az SPCA2 által mediált, ER depléción független ORAI1-csatornán keresztüli Ca^{2+} beáramlás határozza meg a CFTR fiziológiai aktivitását a polarizált epithéliumokban. Az általunk feltárt szabályozási mechanizmus elengedhetetlen az epitél sejtek ionszekréciójának koordinálásához.

HUYNH NGOC KHAI*qqqaaz2002@gmail.com*

Biol ógia

BSc, 3. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Angéla Kecskés**tudományos munkatárs, PTE ÁOK**Dr. Béla Völgyi**egyetemi tanár, PTE TTK*

Characterization of Trpv1-expressing neurons in the mouse supramammillary nucleus

It is well known that the transient receptor potential vanilloid 1 (TRPV1) ion channel is predominantly expressed in primary sensory neurons located in the dorsal root and trigeminal sensory ganglia. This non-selective cation channel plays a significant role in pain and neurogenic inflammation. Trpv1 expression was also demonstrated in the central nervous system (CNS), but much less is known about the expression pattern of this capsaicin-sensitive receptor-ion channel within the brain. Therefore, we aimed to elucidate Trpv1 expression in the mouse CNS. Since a specific anti-TRPV1 antibody is not available, Trpv1 mRNA expression in coronal sections of the 3-4 month-old mouse brain was detected with RNAscope *in situ* hybridization technology. In addition, we co-localized Trpv1 mRNA with specific neuronal markers, such as Vglut2 (vesicular glutamate transporter 2) mRNA for glutamatergic and tyrosine hydroxylase immunopositivity for dopaminergic neurons. We found that Trpv1 mRNA is selectively expressed in the mouse supramammillary nucleus (SuM). Within the mouse SuM, we found a strong co-expression of Trpv1 and Vglut2 mRNA, but no overlap between Trpv1 mRNA and tyrosine hydroxylase signal. Our results confirmed that Trpv1 mRNA is specifically expressed on Vglut2-positive glutamatergic neurons in the mouse SuM. We propose that our finding may serve as the basis for narrowing down the scope of investigation of the operation and function of the TRPV1 channel in this brain region.

SZENDI VIVIEN*szvivi.21@gmail.com*

Biológus

MSc, 1. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Dobolyi Árpád**egyetmi tanár, ELTE TTK**Puska Gina**egyetmi adjunktus, ATE*

A laterális szeptum szerepe az anyai adaptációban

A szülői gondoskodás a szociális viselkedés egy különleges formája, amely növeli az utódok túlélési esélyeit. Kutatócsoportunk korábban leírta, hogy a poszterior intralamináris talamikus mag (PIL) neuronjai vetülnek a mediális preoptikus area (MPOA) területére, amely az anyai viselkedés szabályozásának fontos központi agyterülete. Továbbá a PIL neuronjai anyákban kifejeznek egy serkentő neuropeptidet, a parathormone 2-t (PTH2). Emellett dolgozatomban is bemutatom, hogy a PIL neuronjai a laterális szeptum területére is vetülnek, amely terület korábbi léziós kísérletek alapján részt vesz az anyai magatartás kivitelezésében. Ezek alapján dolgozatomban tovább vizsgáltam az anyai viselkedést szabályozó neuronális hálózatban betöltött lehetséges szerepét az LS-nek rágcsáló modellállatok segítségével. A laterális szeptum gátló neuronjait beidegzik a PTH2 tartalmú axon terminálisok, valamint ezek a gátló neuronok aktiválódnak kölykök hatására rágcsáló anyákban. Az aktiválódott neuronok szignifikáns többsége calbindin tartalmú, és a PTH2 tartalmú rostok szorosan körbeveszik őket. Továbbá, LS területére kemogenetikai módszerekkel bejuttatott anterográd neurális nyomjelzővel feltártam, hogy a gátló neuronok projekciót küldenek az MPOA területére. Ezt retrográd nyomjelző beadásával is megerősítettem, valamint megállapítottam, hogy számos MPOA-ba projektáló laterális szeptális neuron a calbindin tartalmú neuroncsoport tagja is. Az LS és az MPOA egyaránt kap bemenetet a PIL PTH2-t kifejező idegsejtjeiből. Dupla retrográd nyomjelző beadásával feltártam, hogy az LS-t és MPOA-t elérő rostok a PIL azonos neuroncsoportjából származnak. Eredményeim alapján megállapítottam, hogy a laterális szeptum gátló neuronjai részt vesznek az anyai viselkedés kontroljában az MPOA-val és a PIL-lel alkotott útvonalon keresztül.

Neurobiológia tagozat

MAÁ CZ FRU ZSINA*maacz.fru zsi@gmail.com*

biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Prof. Dr. Sperl ágh Beáta**kutatóprofesszor, igazgatóhelyettes, ELKH Kísérleti Orvostudományi Kutatóintézet,**Molekuláris Farmakológia kutatócsoport**Dr. Gö löncsér Flóra**tudományos munkatárs, ELKH Kísérleti Orvostudományi Kutatóintézet, Molekuláris**Farmakológia kutatócsoport*

Szumatriptán hatása a P2X7 purinerg receptor mediált jelátvitelre az amfetamin által kiváltott akut mánia egér modellben

Az akut mánia a bipoláris zavar egyik fázisa. Tünetei közé tartozik többek között az emelkedett hangulat és az intenzív energia. A betegség megértése és új gyógyszerkézpontok azonosítása fontos előrelépést jelenthet a kórkép ma még távolról sem megoldott kezelésében. A purinerg jelátvitel diszfunkciója szerepet játszik az akut mánia patofiziológiájában. A P2X7 receptor (P2X7R) befolyásolja a neurotranszmitterek felszabadulását és a mániaszerű viselkedést egérmodellekben.

Kutatómunkám során a vad típusú (WT) és P2X7R génkiütött (P2X7KO) egerekben vizsgáltam az amfetamin által kiváltott hiperaktivitást nyílt tér (OF) és megemelt keresztpalló teszttel (EPM), valamint immunhisztokémiai módszerrel a c-fos expresszió változásait a striátumban.

A viselkedéstesztokban a szerotonin 5-HT_{1A/1B/1D} receptor agonista szumatriptán és a P2X7R antagonistája JNJ47965567 csökkentette az amfetamin (AMPH) által kiváltott hiperlokomóciót a WT egerekben, míg a szumatriptánnak nem volt hatása a P2X7KO egerekben. Ugyanakkor a szumatriptán és a JNJ47965567 együttes adása nem befolyásolta a WT egerek hiperaktivitását. A c-fos expresszió AMPH hatására a WT és a P2X7KO egerekben szignifikánsan emelkedett.

Eredményeim szerint, a szumatriptán gátolja a mániaszerű viselkedést egerekben, és a P2X7R szerepet játszik annak moduláló hatásának közvetítésében, így a szumatriptán nem csak a migrén, hanem a mánia kezelésében is hatékony lehet.

ARRASZ NIKOLETT*arrasz.nikolett@gmail.com*

biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Dobolyi Árpád**egyetemi tanár, ELTE TTK*

A PTH2 neuropeptid szerepe a szociális viselkedésben - vizsgálat PTH2 receptor KO egereken

A társas viselkedés számos faj számára fontos a szaporodás és a túlélés szempontjából. A parathormon 2 neuropeptid (PTH2) szerepéről már beszámoltak a zebrahalak szociális életében, és bizonyíték van arra, hogy a patkányok szociális ápolásának folyamatában is szerepet játszik. Jelen tanulmányunkban az egerek szociális viselkedésével kapcsolatban vizsgáltuk a PTH2-PTH2 receptor (PTH2R) neuromodulátor rendszer szerepét. Tanulmányoztuk a PTH2R szerepét a szociális viselkedés különböző tesztjeiben, összehasonlítva a PTH2R KO és a vad típusú (WT) egerek viselkedését. Eredményeink azt mutatták, hogy a WT egerek több időt töltöttek ismeretlen egérrel, mint a számukra ismert fajtársukkal. Ez a preferencia eltűnt a KO egereknél. Továbbá, a KO egerek szociális környezetben megnövekedett látenciát mutattak a szaglászásban, ami egerek közötti ismerkedő viselkedésnek tekinthető. A WT és KO egerek között viszont nem volt kimutatható különbség az emelt keresztpalló tesztben, ami bizonyítja, hogy a PTH2R hiányában nem változott az állat szorongásszintje. Célunk volt továbbá a szociálisan indukált neuronális aktiváció vizsgálata WT és PTH2R KO egerekben. Immunhisztokémiai módszerrel c-Fos jelölést végezve a WT egerekhez képest csökkent számú aktiválódó sejtet találtunk a KO egerekben a mediális prefrontális kéregben, a laterális szeptum ventrális részében és a mediális preoptikus területen, amelyekről ismert, hogy részt vesznek a szociális viselkedés szabályozásában. Ezek az adatok arra utalnak, hogy a PTH2 neuropeptid a PTH2R-en keresztül hozzájárulhat a neuronális aktivációhoz ezekben az agyi régiókban a szociális interakcióra válaszul. Következésképpen a PTH2 szerepet játszhat a szociális viselkedés egyes aspektusainak szabályozásában.

DARAI LUCA*darai.luca@gmail.com*Biológus, Idegtudomány és Humánbiológia
szakirány

MSc, 1. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Keller Dávid**PhD-hallgató, SE**Dr. Dobolyi Árpád**egyetemi tanár, ELTE TTK*

A mediális prefrontális kéreg projekciós neuronjainak szerepe patkányok szociális viselkedésében

A mediális prefrontális kéreg (mPFC) projekciós neuronjai többféle szubkortikális területre vetülnek. Kutatásunkban kétféle projekciós neuront vizsgáltunk projekciós mintázatuk és szociális viselkedésben játszott szerepük szempontjából.

Virális géntranszferrel designer receptorokat fejeztünk ki a mPFC mediális preoptikus területre (MPOA) vetülő neuronjaiban, valamint a prelimbikus és infralimbikus mPFC kalcium/kalmodulin-függő fehérje kináz II (CaMKII) tartalmú neuronjaiban. A preoptikus régióba vetülő infralimbikus neuronok más szubkortikális területekre is vetülnek, és serkentésük esetén csökkent a szociabilitás a háromkamrás tesztben, de nem változott az állatok direkt interakciója. A CaMKII neuronok erős vetületet adtak a parateniális, mediodorzális és submedius thalamikus magokba, de nem vetültek a hypothalamusba, így a preoptikus területre sem. Az mPFC CaMKII-tartalmú sejtjeinek serkentése során csökkent a fajtárrsal töltött idő a háromkamrás tesztben és szociális interakciók több elemének időtartama a szociális együttlét során.

Az mPFC általunk vizsgált projekciós neuronjainak kemogenetikai manipulációja hatással volt a szociális viselkedésre, ami az adott neuronok szerepére utal a szociális viselkedések szabályozásában. A két eltérő helyre vetülő mPFC neurontípus manipulációjának hatásai különböztek, ami alapján a szociális viselkedéseket eltérő módon szabályozzák, illetve azok eltérő aspektusainak szabályozásában vesznek részt.

SZENTKIRÁLYI-TÓTH SOMA*soma.szentkiralyitoth@gmail.com*

Biológia BSc.

BSc, 5. félév

Állatorvostudományi Egyetem

*Témavezetők:**Hrabovszky Erik**egyetemi tanár, Kísérleti Orvostudományi Kutatóintézet**Puska Gina**egyetemi tanársegéd, ATE*

A laterális septum kisspeptin sejtjeinek fejlődéstani vizsgálata

A reproduktív tengely működését a hipotalamikus gonadotropin-releasing hormon (GnRH)-termelő idegsejtek az adenohipofízis luteinizáló hormon (LH) és follikulus stimuláló hormon (FSH) elválasztásának szabályozásával irányítják. Az FSH és LH hormonok hatására az ivarszervekből szexuálissteroidok szabadulnak fel, melyek kritikus szerepet játszanak a GnRH termelés feedback szabályozásában is. A petefészkek ösztrogén (ösztradiol) hormonja a hipotalamusz kisspeptin (KP) expresszáló interneuronjainak közvetítésével kulcsszerepet tölt be a hipotalamusz GnRH elválasztásának szabályozásában. A KP-GnRH reguláció hibás működése a pubertás és az ivari funkciók veleszületett vagy szerzett zavarát idézheti elő.

KP idegsejtek kisebb számban előfordulnak a mediális amygdala és a laterális septum (LS) területén is. Az extrahipotalamikus KP sejtpopulációk szerepe és működése jelenleg kevésbé ismert. TDK munkám célja ezért a LS területén megtalálható KP sejtpopuláció fejlődésének, ivari dimorfizmusának és ösztrogén általi szabályozásának vizsgálata génmódosított egérmodellben, a reprodukció központi idegrendszerbeli szabályozásában potenciálisan részt vevő idegsejtpopuláció jobb megértése érdekében.

Kísérleteim során megfigyeltem, hogy míg nőstény egerekben a fluoreszcens markerrel (ZsGreen) jelölt sejtek száma nőstényekben 33-36 napos korban, addig hímekben 40-45 napos korban indult fokozatos növekedésnek, mígnem elérte a felnőtt korra jellemző 120-150-es számot. A szexuálisan kifejlett nőstény egerek minden vizsgált korkategóriában több KP sejttel rendelkeztek, mint azonos korú hím társaik, mely megfigyelés felveti a vizsgált sejtekben történő KP-termelés szexuálissteroid-szignálok általi beindításának lehetőségét. A kérdés vizsgálatára az alábbi kísérletet végeztem:

Nőstény egerek 20 napos korban megkezdett, 4 napon át tartó ösztrogén hormon kezelésével indukálni tudtam a KP neuronok korai megjelenését nagy számban. Ez a megfigyelés arra utal, hogy a LS idegsejtjeinek KP-termelését az ösztrogén hormonok emelkedő vérszintje váltja ki. Az ösztrogén hormonok KP idegsejtekre gyakorolt génexpressziós hatásainak további tanulmányozására ezért új generációs RNA-Seq vizsgálatok bevezetésével tervezzük.

BAUER KRISZTINA RITA*bauer.krisztina95@gmail.com*

Biológia

MSc, 1. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Tárnok Krisztián**adjunktus, ELTE TTK*

Depolarizációs mintázatok hatása egér neurális őssejtvonalból differenciáltatott neuronok fejlődésére

Az idegsejtek fejlődésében a sejt belső, genetikailag kódolt tulajdonságai mellett fontos szerepet játszanak a szöveti mikrokörnyezet változásai is, melyeket részben a sejteket érő idegi bemenetek alakítanak. Ez felveti annak a lehetőségét, hogy a fejlődő idegrendszerben létrejövő aktivitási mintázatokhoz hasonló depolarizációs tréningezéssel a sejtdifferenciációt célzottan lehet elősegíteni.

Elképzelésünket egér neuronális őssejtek (NE-4C) *in vitro* idegi differenciációja során alkalmazott optogenetikai tréningezéssel teszteltük. Ehhez az NE-4C sejtvonaltan all-transz retinsavval neuronképzést indukáltam, az idegsejtekben csatonarodopszin-2 ioncsatornát (ChR2) fejeztettem ki, majd a sejteket 48 órán keresztül különböző megvilágítási mintázatokkal tréningeztem. A theta oszcillációs mintázattal tréningezett tenyészetekben a tüzelő idegsejtek aránya, az egyedi akciós potenciálok amplitúdója és az inward rektifikáló kálium áramot mutató sejtek aránya is növekedett. Folyamatos, Poisson-mintázatú tréningezés hatástalan volt. Ha azonban a rövid, percenként ismételt Poisson-mintázatot alkalmaztam, a theta mintázathoz hasonló elektrofiziológiai változást tapasztaltam. A Kir2.x csatornák izotípusainak expresszióját a tréning mintázathoz kötött módon megváltoztattam.

Eredményeink jelzik, hogy az *in vitro* idegi differenciáció során a sejteket érő aktivitásmintázat hatékonyan segítheti a sejtek érését.

TÓTH KATALIN ZSÓFIA*katalin.zsofia.toth@gmail.com*

Biológiai

BSc, 5. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Maglóczky Zsófia**tudományos tanácsadó, Kísérleti Orvostudományi Kutatóintézet**Dr. Szocsics Péter**PhD-hallgató, Kísérleti Orvostudományi Kutatóintézet*

A vér-agy gátat körülvevő makro- és mikroglia vizsgálata, humán fokális kortikális diszplázia esetén

Az epilepsziás betegek nagy része gyógyszeres kezelés mellett tünetmentes, de gyakran a farmakoterápia hatástalan marad. Ennek leggyakoribb oka a fokális kortikális diszplázia (FCD). Laborunk a II-es típusú FCD-t (FCDII) vizsgálta, ahol a sérült vagy megtartott kortikális lamináció mellett elmosódott szürke- és fehérállományi határ, valamint diszmorfikus neuronok és abnormális gliasejtek felismerhetők. Előzetes tanulmányok már rámutattak, hogy FCD-s esetekben a gliasejtek száma megnő, morfológiájuk megváltozik, azaz gliózis alakul ki. Továbbá megfigyelték a vér-agy gát (BBB) megrongálódását.

Vizsgálatunk során 3 műtétilag eltávolított, immerziósan fixált FCDII-s agyszövet mintát és 3 rövid postmortem idejű (2-5 h perfúziós fixálás) kontroll kérgi mintát vetettünk össze egymással. Ehhez immunfestett metszeteket használtunk, a mikroglia IBA1, az asztrocitákat GFAP immunofestéssel jelöltük meg, az ereket a bazális membránhoz kötő biotinilált lektinnel tettük láthatóvá. Ezekről konfokális fluoreszcens mikroszkópban készítettünk képeket. A kvantitatív mérésekhez Slide Scanner-ben készítettem felvételeket. A képek fluoreszcens intenzitását ImageJ programmal mértük meg.

Eredményeink szerint a nagyobb és kisebb átmérőjű erek mentén a GFAP elemek különböznek. Az előbbiek körül szignifikánsan nagyobb a GFAP-pozitív sejtek intenzitása, reaktív gliózist mutatva. Viszont az IBA1-pozitív elemek intenzitása nem nő.

A makro- és mikroglia elemek morfológiai változása funkcionális következményekre utal, melyek hathatnak a BBB működésére.

BALOGH BOGLÁRKA*boglarka.balogh311@gmail.com*

Biológus

MSc, 3. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Kovács-Öller Tamás**tudományos munkatárs, PTE TTK*

A retina eltévedt idegsejtjei: displaced dúcsejtek eloszlásának változása az emlős retinában

A dúcsejtek (GC) a szem ideghártyájának kimeneti sejtjei. A látásban alapvető a szerepük, hiszen axonjaik összeszedődve alkotják az összeköttetést az agy többi részével, főképpen az oldalsó térdestesttel és más agyi központokkal. A GC-k legalább 20 altípusát tudjuk elkülöníteni morfológiai jegyek alapján (Völgyi 2009), de molekulárisan már több mint 40-et (Tran 2019). Azonban a szakirodalomban nem esik szó az általunk vizsgálni kívánt "displaced GC" (dispGC) sejtekről egerek esetében, amely azokat a GC-ket foglalja magába, melyek nem a ganglion sejtek rétegében találhatók.

Vizsgálataink során GCamp3Thy1 transzgenikus egerekben mértük fel ezen sejtek regionális eloszlását SMI32 és Melanopszin immunhisztokémiai jelölésekkel kiegészítve a mintákat. Eredményeink arra mutatnak, hogy a Thy1+ és SMI32+ sejtek elhelyezkedése egy erős nazális preferenciát mutat, míg a Mel+ sejtek inkább a dorzális oldalon találhatók meg.

Egérből származó mintáinkon kívül más emlős állatok (aranyhőrcsög, makákó, humán) esetén is sikeresen kimutattuk ezen sejtek előfordulását immunhisztokémiai jelöléseink értékelése után.

Nem utolsó sorban pedig egérben elkezdtük ezen sejtek morfológiai és funkcionális csoportosítását is. Funkcionális vizsgálatok során Ca²⁺-imaging-et végeztünk 2-foton mikroszkópia segítségével, ezáltal tudtuk a vizsgált sejtek fényválaszait lekövetni. Ezen eredmények alapján eddig ON- és OFF-típusú dispGC-ket sikerült beazonosítanunk.

VELENCEI ANNA*annav1997@gmail.com*

Idegtudomány és Humánbiológia szakirány

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Hangya Balázs**csoportvezető, Kísérleti Orvostudományi Kutatóintézet*

A bazális előagyi kolinerg rendszer életkorfüggő változásainak vizsgálata pavlovi kondicionálás során

A bazális előagyi kolinerg neuronok (BFCNs) acetilkolin (ACh) felszabadítása és kapcsolataik révén kulcsszerepet játszanak az olyan kognitív funkciók megfelelő működésében, mint a figyelem, az éberség és a megerősítéses tanulási folyamatok. Bár az életkorral összefüggő kolinerg funkcióvesztés, melyet a dendritok, szinapszisok és axonok degenerációja jellemez, gyakran vizsgált kérdés, még nem ismerjük a kapcsolatot a tanulás során tapasztalható kolinerg aktivitás és a normális vagy kóros életkorfüggő neurodegeneráció között. Hogy jobban megértsük ezt az összefüggést, munkánk során a BFCNs-hez köthető ACh-felszabadulás életkorfüggő változásait vizsgáltuk különböző korcsoportú, valamint Alzheimer-kór modell (AD) egértörzsekben.

Kísérleteinkben fejregzített egereket vizsgáltunk ($n = 27$) pavlovi kondicionálás során. Elsőként a Broca-féle diagonális köteg horizontális ágának (HDB) területére beültetett optrode segítségével mértük egyedi kolinerg sejtek aktivitását 3-6 és 18-21 hónapos ChAT-Cre állatokban, mely egértörzs lehetővé teszi a kolinerg sejtek célzott vizsgálatát. Ezt követően optogenetikai gátlást végeztünk HDB kolinerg neuronjain a feltételes inger (CS) bemutatása során 3-6 hónapos állatokban. Végül szálfotometriával szimultán mértük az ACh-felszabadulást a bazolaterális amigdalában (BLA) és a mediális prefrontális kéregben (mPFC) különböző korcsoportokban (3-6, 12-15 és 18-21 hónapos) és 18 hónapos AD-modell (3xTg-AD) egerekben.

Fiatal állatokban a BFCNs megnövekedett aktivitással és ACh felszabadítással reagálnak a feltétel nélküli ingerre (US) és a jutalmat jelző CS-re a BLA-ban és az mPFC-ben. Idős, valamint AD-modell állatokban ilyen növekedést csak az US után tapasztaltunk, a CS-t követően nem. Az optogenetikával gátolt állatok, nem tudták elsajátítani a feladatot. Eredményeink arra utalnak, hogy pavlovi kondicionálás során a BFCNs-ből felszabaduló ACh szükséges a CS-US asszociáció megfelelő kialakulásához.

KELEMEN ATILLA BOTOND*ata.kelemen@gmail.com*

Biológia

BSc, 5. félév

Állatorvostudományi Egyetem

*Témavezetők:**Ujfalussy Balázs**tudományos munkatárs, Kísérleti Orvostudományi Kutató Intézet**Berekméri Eszter**tudományos munkatárs, ATE*

Környezeti változók reprezentációjának kialakulása és tulajdonságai a hippocampusban

Jól ismert, hogy a hippocampus szerepe elengedhetetlen a különböző navigációs és memóriafeladatok megoldásához. A hippocampális kód modulálva lehet más, nem térbeli, környezeti elemek által is. Az, hogy ezek a térbeli és nem térbeli kódok hogyan jönnek létre, és alkalmazkodnak a feladathoz, tanulás során kevésbé ismert.

Kutatásunkban két kalcium-képkotásos kísérlet adatait analizáltam, melyekben CA1-es piramissejtek aktivitását monitorozták Thy1 génmódosított állatokban. Először egy kontextusfüggő go-no go feladat során az állatok megtanultak megkülönböztetni két, színben vagy mintázatban (nem térbeli) eltérő folyosót, melyek közül csak az egyikben volt rejtett vízjutalom. A második kísérlet egy navigációs feladat volt, ahol az állatok két, térbeli mintázatokban gazdag, virtuális folyosóban nyalogattak a megfelelő helyen, hogy megszerezzék a rejtett vízjutalmat. A teljes sejtpopuláció által elkódolt információ felméréséhez naive Bayes-i dekódolást alkalmaztunk. Kíváncsiak voltunk, hogy hogyan függ az egyes környezeti elemek kódjának pontossága és generalizációja a feladattól és a tanulás fázisától.

A kontextusfüggő go-no go feladatnál azt találtuk, hogy amikor az állatok viselkedése még nem tért el a két folyosóban, ezek a neurális reprezentációk szintjén sem váltak szét. Pontosabban, a tanulási fázis elején az állatok pozíciója már dekódolható volt, de a folyosóidentitás még nem. Ahogy az állatok megtanulták a feladatot, a folyosóidentitás dekódolhatóvá vált a neurális aktivitásból. Releváns, hogy a legtöbb állat esetében ez egy jól generalizáló folyosókód volt, tehát egy dekóder, melyet egy adott pozíción tanítottunk, dekódolni tudta a folyosóidentitást a többi pozíción is. A pozíció kódja flexibilisen adaptálódott a feladat struktúrájához, a jutalmazott folyosóban pontosabbá, míg a nem jutalmazott folyosóban pontatlanabbá vált.

A navigációs feladatnál a folyosó és a pozíció is dekódolható volt a neurális aktivitásból. Meglepő módon a viselkedés relatív stabilizációja után is javult mindkét kód pontossága. Itt a pozíció és a folyosóidentitás nem generalizáltak, viszont a jutalomtól való relatív távolság igen.

Következtetésünk, hogy a hippocampális reprezentációk flexibilisen alkalmazkodnak a feladatok struktúrájához. A tanulás során kialakuló reprezentációs struktúra lehetővé teszi a feladat szempontjából releváns változók generalizációját, lehetővé téve az effektív feladatmegoldást.

CSIKÓS KLAUDIA*csikos.klaudia2@gmail.com*

Info-bionika mérnöki Msc

MSc, 1. félév

Pázmány Péter Katolikus Egyetem

Információs Technológiai és Bionikai Kar

*Témavezető:**Hillier Dániel**Tudományos munkatárs, PPKE ITK*

**Moduláris implantátumrendszer fejlesztése és preklinikai validációja
multimodális aktivitás vizsgálatokon keresztül**

Hogyan épülnek fel a teljes agy aktivitásmintázatai az egyes idegsejtek belső és külső környezeti hatások által kiváltott válaszaiból? E kérdés megválaszolhatóságának kulcsa, hogy képesek legyünk hozzájárni az idegrendszer aktivitásához. Az idegtudomány ma elérhető eszköztára számos, egymást kiegészítő lehetőséget kínál az idegi hálózatok aktivációs mintázatainak a tanulmányozására és modulálására. Az egyes technikák tér- és időbeli feloldóképessége határozza meg, hogy mely technológia milyen szerveződési szinthez ad hozzáférést.

Az egyes idegsejtek és a teljes agy szerveződési szintjeinek összekapcsolása egyszerű organizmusok szintjén (például *C. elegans*, zebrahal lárvá) fénymikroszkópiai módszerekkel megvalósítható. Emlősökben, különösen az ember, illetve a preklinikai modellfajok (macska, kutya, majom) esetében kevés hatékony módszer létezik, ami közelebb vihet bennünket az idegtudomány ezen alapkérdésének megválaszolásához. Emlősökben az egész agy területei között fennálló funkcionális kapcsolatok vizsgálatára jelenleg a funkcionális mágneses rezonancia képalkotás (fMRI) a legelterjedtebb eljárás. Az egyes neuronok szintjén elektródákkal az aktivitást nem csak mérni tudjuk, de befolyásolni is. Azonban a nagy preklinikai fajokban eddig alig sikerült olyan fMRI-kompatibilis módszert alkalmazni, mellyel sejtszintű feloldással lehetne adatot gyűjteni úgy, hogy az agy egészére érvényes megállapításokat is tehessünk.

Munkám során olyan univerzális, moduláris mérési módszert fejlesztettem, mely lehetővé teszi az agyi folyamatok vizsgálatát több térbeli és időbeli skálán keresztül. Egy új képalkotási eljárást, a funkcionális ultrahang képalkotást használtam arra, hogy összekapcsolhatóvá tegyem az agy strukturális és funkcionális leírására alkalmas mérési módszereket. Kifejlesztettem egy moduláris implantátum-tervezési módszert és annak működőképességét validáltam altatott és éber multimodális aktivitásmérési kísérletekben. A konstrukció lehetővé tette, hogy mezoskálás méréseket végezhessünk szabadon viselkedő állatokban az eddig bevett fMRI módszerhez képest egy nagyságrenddel jobb téridőbeli felbontással. Munkám eredménye olyan új kísérletek előtt nyitja meg az utat, melyek új alapokra helyezhetik nagy preklinikai fajok agyi folyamatainak megértését.

RAUCH ENIKŐ*raucheniko9810@gmail.com*

angol nyelv és kultúra - biológia (egészségtan)

Osztatlan, 11. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Berzsenyi Dániel Pedagógusképző Központ

*Témavezető:**Dr. habil. Kovács Zsolt
egyetemi docens, ELTE BDPK*

A keton táplálékkiegészítők hatása az izoflurán indukálta glükózsztint emelkedésre és a felébredésig eltelt időtartamra nőstény WAG/Rij patkányokban.

Előzetesen igazolásra került, hogy az izoflurán anesztézia megnöveli a vér glükóz- és R- β -hidroxi-butirát (R- β HB)-szintjét hím Wistar Albino Glaxo Rijswijk (WAG/Rij) patkányokban. Továbbá, a KEMCT (keton észter/KE és közepes szénláncú triglicerid/MCT olaj 1:1 arányú keveréke) alkalmazása eltörölte az izoflurán anesztéziának a vér glükózsztinjére kifejtett hatását, fokozta az R- β HB-szintet és megnövelte az izoflurán anesztéziából való visszatérés időtartamát hím WAG/Rij patkányokban. Mivel a KEMCT nemfüggő módon változtathatja meg a vér glükóz- és R- β HB-szintjét és megnövelheti az adenosin szintjét (amely adenosin az A1-es típusú adenosin receptorokon, A1R-okon, keresztül modulálni képes a KEMCT és az izoflurán kiváltotta hatásokat is) megvizsgáltuk, hogy vajon a KEMCT és a szelektív A1R antagonistá DPCPX (1,3-dipropil-8-ciclopentilxantin) alkalmazása módosítja-e a vér glükóz- és R- β HB-szintjének izoflurán-kiváltotta változását, valamint az izoflurán anesztéziából történő visszatérés időtartamát nőstény WAG/Rij patkányokban.

A vizsgálatainkhoz felhasznált nőstény WAG/Rij patkányokat hét napig etettük normál patkánytáppal, amit KEMCT-tel (3,0 g/kg/nap, gavage) egészítettünk ki. A KEMCT gavage hetedik napján 20 perces izoflurán (3%) anesztéziát viteleztünk ki és a righting (felegyenesedési) reflex segítségével megmértük az izoflurán anesztéziából való visszatérés időtartamát. Ezt követően meghatároztuk a vér glükóz- és R- β HB-szintjét is. Továbbá megvizsgáltuk a DPCPX-nek (i.p. 0,2 mg/kg) a KEMCT és az izoflurán kiváltotta változásokra gyakorolt hatását is.

Kimutattuk, hogy a KEMCT gavage nemcsak megemelte a vér R- β HB-szintjét, hanem az izoflurán anesztézia kiváltotta glükózsztint-növekedést is eltörölte nőstény WAG/Rij patkányokban. Ugyanakkor, a KEMCT kezelés nem volt képes megváltoztatni az izoflurán anesztéziából történő visszatérés időtartamát. Továbbá, a DPCPX eltörölte a KEMCT-nek az izoflurán indukálta vérglükózsztint növekedésre kifejtett hatását.

Eredményeink arra utalnak, hogy a keton táplálékkiegészítők (pl. KEMCT) hatékonyan képesek csökkenteni az izoflurán anesztézia kiváltotta vérglükózsztint-növekedést nemcsak hím, hanem nőstény WAG/Rij patkányokban is (valószínűleg az A1R-okon keresztül), azonban a KEMCT-nek az izoflurán anesztéziából történő visszatérés időtartamára kifejtett hatása nemfüggő lehet.

SANDLE JOANNA GRACE*j.g.sandle@gmail.com*

Biológus

BSc, 6. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Prof. Dr. Tamás Gábor
egyetemi tanár, SZTE TTIK**Dr. Molnár Gábor
tudományos főmunkatárs, SZTE TTIK*

1-es típusú mGluR aktiváció hatása a serkentő szinaptikus jelátvitelre emberi és rágcsáló agykéregben

A központi idegrendszerben megtalálható 1-es típusú metabotróp glutamát receptorok számos szignalizációs és szinaptikus plaszticitást kiváltó folyamatban játszanak szerepet. Részt vesznek az agykéreg tanulással és memóriával asszociált plaszticitásában, illetve ismert terápiás célpontok számos neurológiai megbetegedésben. Az emberi agykéregben kiváltott hatásukra fókuszáló kutatások száma kevés, ezért célunk volt a serkentő szinapszisokban megtalálható mGluR receptorok aktivációjának vizsgálata humán agyszeletekben.

Kísérleteinkben szimultán intracelluláris elvezetésekkel végeztünk humán 2/3 rétegi piramis-sejt és GABAerg interneuron szinaptikusan kapcsolt sejtpárokon, hogy megvizsgáljuk az 1-es típusú metabotróp glutamát receptorok (mGluR) szinaptikus serkentésre gyakorolt hatását. Azt találtuk, hogy a szelektív 1-es típusú mGluR receptor agonista, (S)-3,5-dihydroxyphenylglycine (DHPG), poszt-szinaptikus interneurontól függően befolyásolta a szinaptikus erősséget. A nem gyorsan tüzelő, adaptáló tüzelésű interneuronokon főként depressziót figyeltünk meg a mGluR1/5 farmakológiai aktivációját követően, míg a gyorsan tüzelő kosársejtek és axo-axonikus sejtekre érkező serkentő szinaptikus bemenetek elsősorban potenciózódást mutattak. A kísérleteket Wistar patkány szomatoszenzoros agykéregben megismételve DHPG-mediált potenciózódást figyeltünk a glutamaterg szinaptikus transzmissziójában. Az eredményeink az 1-es típusú metabotróp glutamát receptor poszt-szinaptikus sejt-típus függő hatását mutatja be a szinaptikus serkentés modulációjában emberi és rágcsáló neokortikális idegsejtekben.

GAZDIK MELINDA ERIKA*g.meme.99@gmail.com*

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Szűcs Attila**tudományos főmunkatárs, ELTE TTK**Dr. Varró Petra**adjunktus, ELTE TTK*

A neuronális serkenthetőség és integratív tulajdonságok vizsgálata a subiculumban

A subiculum a hippokampális formáció részét alkotó struktúra, amely elengedhetetlen szerepet játszik a hippokampusból érkező idegi jelek feldolgozásában és a különböző kortikális-szubkortikális agyterületekre való továbbításában. A subiculum principális neuronjai, a piramissejtek tüzelési profiljuk alapján két kategóriába sorolhatók: reguláris, illetve burst-ös típusokba. Ezen sejtek szerepe a neuronális információfeldolgozásban még nem eléggé feltárt.

Az eddigi vizsgálatokban a kutatók többnyire hagyományos elektrofiziológiai módszereket alkalmaztak a subiculum sejtek elemzésére. Munkacsoportunk ugyanakkor hagyományos és újszerű, innovatív módszereket (dinamikus clamp) együttesen alkalmazva igyekszik feltárni a subiculum neuronjainak integratív tulajdonságait. Jelen kísérleteinket egerekből készített akut agyszeleteken, egészsejt patch-clamp technikával végeztük, amelyek során hagyományos áramlépcsőket és szimulált szinaptikus áramokat is injektáltunk a sejtekbe. A dinamikus stimuláció során szimulált theta- és gamma-oszcillációkat váltottunk ki az idegsejtekben.

A statikus vs. dinamikus stimuláció igazolta a neuronális serkenthetőség differenciális szabályozását. A reguláris, illetve burst-ös neuronok tüzelési válaszai a stimuláció erősségétől függő mértékben tértek el egymástól. Eredményeink korábbi, sejttenyészeteken mért adatainkat is megerősítik és további segítségül szolgálnak a neuronokban működő ionáramok szinaptikus integrációt szabályozó hatásainak jobb megértéséhez.

Neurofiziológia tagozat

CSÓTAI ZSÓFIA*csotaizsofia@gmail.com*

Biológia

BSc, 7. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Szűcs Attila**tudományos főmunkatárs, ELTE TTK**Dr. Tárnok Krisztián**adjunktus, ELTE TTK*

Idegi őssejtekből kialakított neuronális sejtrendszerek elektrofiziológiai jellemzése

Az idegsejtek érését, fejlődési lépéseit *in vivo* és *in vitro* sejtes modellekben is tanulmányozhatjuk. Az utóbbiak számos előnyt kínálnak, mivel a fejlődő sejtpopuláció közvetlenül, kísérletesen manipulálható, környezeti tényezői szabadon változtathatók. Bár számos rágcslóból származó idegi fejlődési modellt tanulmányoztak az elmúlt évtizedekben, a humán neuronoknak ilyen célú felhasználása csak bő tíz évre tekint vissza, melynek nagy lendületet az indukált pluripotens őssejt technika kidolgozása adott.

Munkám során három celluláris modellrendszerrel dolgoztam: egérembrió előagyhólyagjából származó neurális őssejtekből (NE4C-N), valamint humán indukált pluripotens őssejtekből differenciáltatott (iPSC-N), illetve emberi fibroblasztokból, közvetlen átprogramozással nyert neuronok (iN) jellemzését végeztem el. Immuncitokémiai módszerekkel detektáltam az idegsejteket, melyek idegélettani sajátosságait patch clamp technika segítségével határoztam meg. Az elemzések során összehasonlítottam a különböző módon nyert neuronok passzív membrántulajdonságait, illetve serkenthetőségét. Kutatásaim által megállapítható, hogy a különböző programozási technikákkal nyert humán sejtpopulációk érési menetrendje, karaktere is eltérő. A humán idegsejtek képződése, érése a rágcslókéval összevetve lényegesen lassabb. Azt is megállapítottam, hogy az iPSC-N sejtmodellek esetében sokkal nagyobb arányban fordultak elő érett tüzelési karakterisztikával jellemezhető neuronok, mint az NE4C-N és iN sejt kultúrákban.

Eredményeim jól mutatják a neurális őssejt neuronképzésének különbségeit a két fajban. Elektrofiziológiai jellemzéseim elősegítik a modellrendszerek tulajdonságainak jobb megértését.

Kutatásunkat a Richter Gedeon Nyrt. RG-IPI-2020-TP14/025 számú témapályázata (T. K.) és az NKFIH ANN_135291 számú alapkutatói pályázata (Sz. A.) támogatta.

BAKACSI ANNA VIRÁG*bakacs.anna@gmail.com*

biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Mátyás Ferenc**kutatócsoport vezető, Kísérleti Orvostudományi Kutatóintézet*

A colliculus superior multiszenzoros jelfeldolgozása

Agyunk egyik fő feladata a multiszenzoros környezetben felismerni az egyén számára fontos ingereket, azokat integrálni, és megfelelő válaszreakciót kialakítani rájuk. Mivel ez a folyamat az élőlény túlélése szempontjából elengedhetetlen, a lehető legrövidebb idő alatt kell bekövetkeznie. Az affektív ingerek feldolgozásának egyik korai állomása a colliculus superior (SC), mely ismert helyszíne a multiszenzoros jelintegrációnak; azonban az utóbbi években más, kognitív folyamatokkal, például a veleszületett félelmi viselkedések kiváltásával is kapcsolatba hozták. Ezek az irodalmi adatok azonban megosztóak a colliculus pontos szerepével kapcsolatban. Dolgozatomban optogenetikai és elektrofiziológiai eszközök segítségével az SC potenciális szerepét vizsgálom egy széles körben használt asszociációs félelmi tanulás során. Extracelluláris soksejt aktivitás elvezetéseimmel bemutatom, hogy az SC glutamáterg sejtjei képesek lehetnek a félelmi tanuláshoz szükséges ingerek gyors (néhány 10-20 ms-on belüli) feldolgozására, ezek integrációjára és az így összekapcsolt információcsomag talamuszba történő gyors továbbítására. Ezen kívül feltérképezem, hogy az ehhez szükséges (valószínűleg agytörzsi) bemenetek honnan erednek. Mindezzel dolgozatom hozzájárul az SC jeltársító sajátságának, különös tekintettel a félelmi asszociációs tanulás során betöltött szerepének pontosabb megismeréséhez.

ZSIGRI NIKOLETT*zsigrinikol@gmail.com*

Biológia

MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Lőrincz László Magor
egyetemi docens, SZTE TTK*

Az éber striátum iktális heterogenitása

Az absence epilepszia hirtelen jelentkező, viszonylag rövid tudatvesztéssel (~10s) járó állapot, jellemzője a roham alatti (iktális) elektroencefalogrammon (EEG) megjelenő, kétoldali, szinkron tüske-hullám kisülések (Crunelli és mtsai., 2020). A rohamok ugyan a kortiko-thalamo-kortikális hálózatban keletkeznek, de absence epilepsziás betegek iktális fMRI BOLD jeleinek törzsdúci változása arra enged következtetni, hogy a szubkortikális bazális ganglionok is részt vesznek a tüske-hullám kisülések kialakulásában (Hintiryan és mtsai. 2016, Foster és mtsai. 2021, Crunelli és mtsai. 2020). A legtöbb iktális törzsdúci aktivitást célzó vizsgálat altatott modellállatokon történt. Tekintettel a bazális ganglionok mozgásban, motoros tanulásban és motivációban betöltött szerepére, az éber állapot alatti egysejtregisztráció kulcsfontosságú lehet a magok epilepsziában betöltött szerepének tisztázása érdekében. A törzsdúci sejtek iktális működésének teljes megértése érdekében, gyógyszermentes körülmények között folytattuk kísérleteinket és elsősorban a törzsdúci bemenetet fogadó struktúráját, a striátumot vizsgáltuk. Éber Stargazer (Noebers és mtsai. 1990) egerekben a striatális neuronaktivitás kifejezett heterogenitását véltük felfedezni. Az összes vizsgált sejttípus (közepes tüskés sejtek, gyorsan tüzelő interneuronok, tranziensen aktív neuronok) különböző egyedei képesek voltak mind iktális aktivitásfokozódásra, mind pedig aktivitáscsökkenésre, és a neuronok egy része nem változtatta elektromos aktivitását a rohamok alatt. A különböző neuroncsoportokon belül megfigyelhető még a neuronaktivitás különböző időskálákon történő modulációja. Eredményeink alapján elmondhatjuk, hogy az éber állatok iktális striatális aktivitása gyökeresen eltér az eddigi altatott állatok vizsgálata során leírt aktivitástól. A kifejezett neuronális heterogenitás, illetve az iktális neuronaktivitás különböző időskálákon történő modulációja új funkcionális kontextusba helyezi a striátum és a bazális ganglionok epilepsziában betöltött szerepét.

KOLOZSVÁRI ÁRON OLIVÉR

aronkolozsvari@gmail.com

Biológia

MSc, 1. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Bali Zsolt Kristóf**tudományos munkatárs, Pécsi Tudományegyetem, Grastyán Endre Transzlációs Kutatási**Központ**Dr. Hernádi István**egyetemi docens, PTE TTK***Ismételt enyhe koponyatraumán átesett patkányok kognitív zavarának enyhítése memantin és alfa7 nikotinos receptor ligandok alkalmazásával**

Az ismétlődő enyhe koponyatraumáknak (rmTBI) az átmeneti tünetek mellett lehetnek súlyosabb hosszú távú következményei is, például a kognitív funkciók visszafordíthatatlan romlása. Az rmTBI okozta kognitív zavarok kezelésére nem ismertek gyógyszeres terápiás lehetőségek, ezért gyakorlatban más, pl. a demenciát célzó gyógyszerek alkalmazása jöhet szóba. Kutatásunkban patkány rmTBI modellben vizsgáltuk a nem-kompetitív NMDA-receptor antagonistá memantin, az $\alpha 7$ nikotinos acetilkolin receptor ($\alpha 7$ -nAChR) agonista PHA-543613 hatásait, valamint ezen anyagok kombinációit.

Az rmTBI kialakítására a Marmarou-féle súlyejtési modellt használtuk, amit 24 óránként végeztünk el, összesen 5 alkalommal. Az állatokon műtét előtt és után is elvégeztük az általános állapotot vizsgáló neurológiai tesztet. A farmakológiai kezelések hosszú távú hatásának vizsgálatára szubkrónikus kezelést alkalmaztunk, melyek a műtét utáni 6. héten kezdődtek és 14 napig naponta 12 óránként ismétlődtek. Az állatok kognitív teljesítményét a hosszú távú memória működését mérve az új tárgy felismerési (NOR) tesztben vizsgáltuk, 4 különböző mérési pontban: a traumát követően a kezelések megkezdése előtt, a kezelések 3. és 14. napján, és a kezelések befejezése után 7 nappal.

Az mNSS teszt során az állatok nem mutattak semmilyen motoros vagy szenzoros deficitet. Az rmTBI kezelésen átesett állatok memóriateljesítmény-romlást mutattak a NOR tesztben, amit a magasabb dózisú memantin (0.3 mg/kg) monokezelés a kezelések 3. napján enyhíteni tudott, az alacsonyabb dózisú memantin (0.03 mg/kg) monokezelés viszont nem volt hatékony. A magas dózisú PHA-543613 (2.0 mg/kg) szintén javította az állatok teljesítményét, míg az alacsonyabb dózisú PHA-543613 (0.1 mg/kg) monokezelés nem volt hatékony. A kombinált kezelésben alkalmazott szubeffektív dózisú memantin (0.03 mg/ttkg) és PHA-543613 (0.1 mg/ttkg) hatékonyan visszafordította a TBI okozta memóriaromlást, és ez a hatás a kezelések után is fennmaradt.

Az eredményeink alapján elmondható, hogy szubkrónikus farmakológiai kezelésekkel javulás érhető el az ismételt enyhe koponyatraumát követő diffúz agysérüléseken átesett állatok kognitív teljesítményében a traumát követő késői időszakban. A jelenleg vizsgált monoterápiák kombinálása egy hatékony megoldást nyújthat a hosszútávú terápiás hatás eléréséhez. A vizsgálataink hozzájárulhatnak az ismételt enyhe agysérülések hosszútávú kognitív következményeit csökkentő új és hatékony humán terápiás stratégiák kidolgozásához.

FÖLDI PÉTER*foldi.peti4@gmail.com*

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Hájos Norbert**MTA doktora, ELKH Kísérleti Orvostudományi Kutatóintézet*

A fájdalomli ingerlés sejtípus-függő módon változtatja az idegsejtek tüzelési aktivitását a periaqueductális szürkeállományban

A ventrális periaqueductális szürkeállomány (vPAG) egy középagyi struktúra, amely magába foglalja a ventrolaterális PAG-ot és a dorzális raphe magot. Ez a régió négy főbb idegsejtípust tartalmaz: a glutamaterg, a GABAerg, a dopaminerg és a szerotonerg neuronokat. A vPAG sokféle funkcióban játszik szerepet, úgymint a szenzomotoros regulációban, a félelmi memória kialakulásában, különböző autonóm funkciókban és a fájdalomli jelfeldolgozásban. A vPAG kiterjedt kapcsolatrendszere miatt a hálózat diszfunkciója számos neuropszichiátriai rendellenességhez járulhat hozzá, amelyek kezelése még mindig nagy kihívást jelent. Ennélfogva, az ezekben a régiókban lévő neuronok funkcionális tulajdonságainak megértése kritikus lehet az új terápiás megközelítések kidolgozásában.

A dolgozatban bemutatom az általam elvégzett kísérletsorozatot, amely során juxtacelluláris elvezetési technikával vezetem el egy-sejt aktivitást a vPAG idegsejtjeiből, averzív stimulálás során, uretán altatott egerekből. Az elvezetés során jelölőmolekulával sikeresen feltöltött neuronokat post-hoc immuncitokémiai eljárásokkal azonosítottam. Ezen neuronok tüzelési mintázatainak és neurokémiai tartalmának elemzése alapján funkcionálisan különböző idegsejteket fedtem fel. Kimutattam, hogy a vPAG-ban található dopaminerg neuronok két csoportba sorolhatók a stimulusra adott válaszaik látenciája, illetve vazoaktív intesztinális polipeptid expressziójuk szerint, amely az averzív jelfeldolgozásban való különböző szerepükre utal. Továbbá feltártam, hogy a szerotonerg neuronok heterogének és stimulusra adott válaszaik alapján 5 kategóriába sorolhatók. Mindezen eredmények nagy funkcionális heterogenitást tártak fel még ugyanazon neuroncsoportokon belül is, ezzel hozzájárulva a hálózat működésének mélyebb megértéséhez ebben a klinikailag fontos agyi régióban.

Saját eredmények rövid ismertetése

Juxtacelluláris elektrofiziológiai elvezetési technikát alkalmazva 79 sejtől sikeresen vezetem el aktivitást, averzív stimulálás során, a vPAG-ból, altatott állatokból. Ezeket a sejteket post-hoc immuncitokémiai eljárásokkal sikeresen azonosítottam, mint szerotonerg, dopaminerg és vazoaktív intesztinális polipeptidet expresszáló neuronokat. Aktivitásukat egyedi szkriptekkel elemeztem és ez alapján potenciális funkcióbeli különbségeket tártam fel az egyes sejtípusok között.

CSIZMADIA ZSOMBOR*zsombor.csizmadia01@gmail.com*

Biológia Alapképzés

BSc, 4. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Zelenyánszki Helga**kutató asszisztens, ELTE TTK**Dr. Solti Ádám**egyetemi docens, ELTE TTK*

A nitrogén-monoxid szignál jelenléte mezofillumban vashiány, cink- és kadmiumstressz hatására

A nitrogén-monoxid (NO) egy univerzális szignál, mely mind állati, mind növényi sejtekben jelentős szereppel bír. Növényekben a NO-szignál erősen kötődik különböző stresszhatások megjelenéséhez. A gyökerek jól dokumentált NO-termelése mellett azonban a mezofillum, különösen a sejtorganellumok NO-szignáljai alig ismertek. Bár kloroplasztiszokból szintén ismert a NO jelenléte, sem a bioszintézis módja, sem a NO-szignál jellege és szerepe nem feltárt. A NO sejtekben történő megjelenésének egyik fontos következménye a tirozin-nitráció. A stressz hatására módosuló nitrozo-proteinek szerepe azonban kevésbé ismert. Ismert, hogy gyökereket ért nehézfémstressz hatására növekedik a NO-termelésük. A hajtás sejtjeiben, így a mezofillum sejtekben azonban nem ismert, hogy a NO-anyagcsere miként változik. A kutatásunk során így nehézfémstresszekkel: kadmiummal, cinkkel, valamint vas-megvonással kezelt cukorrépa (*Beta vulgaris*) növények izolált protoplasztjaiban és kloroplasztiszaiban detektáltuk a NO-szintet, melyet NO-specifikus fluoreszcens festékkel festve, fluoreszcens mikroszkóp segítségével vizsgáltunk. A NO sejt szintű lokalizációjának kimutatása érdekében a protoplasztokat konfokális lézer fluoreszcencia mikroszkóppal is vizsgáltuk. A fehérjék tirozin-nitrációját immunblot segítségével tanulmányoztuk. A kadmiumkezelés és vashiány esetén erősebb volt a festődés a kezeletlen kontrollhoz képest, míg a cink-kezelt növényekből származó minták esetében ellentmondásos eredményeket kaptunk.

MADÁR VALENTINA*madar.tina@gmail.com*

Biológus

MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Viczián András

tudományos főmunkatárs, Szegedi Biológiai Kutatóközpont

A fitokróm fotoreceptorok foszforilációjának funkcionális vizsgálata *Arabidopsis*-ban

A növények a földfelszín elérő napsugarakat több módon is hasznosítják. A fotoszintézis révén kémiai kötésekben energiaként raktározzák, illetve specializálódott szenzorjaik (fotoreceptorok) segítségével környezeti jelként fogják fel. A növények a vörös (660 nm-es elnyelési maximum) és távoli vörös (730 nm-es elnyelési maximum) fényt a fitokróm nevű receptorokkal érzékelik, melyekből az *Arabidopsis thaliana* modellnövényben összesen ötöt azonosítottak (elnevezésük: phyA–phyE).

A fitokróмок az ún. Pr formában szintetizálódnak, ez az inaktív, sejtplazmában található változat. Fénybesugárzás hatására a Pr konformáció átalakul a biológiailag aktív Pfr formává, ami sejtmagi importját követően olyan jelátviteli kaszkádokat indít el, melyek a csírázástól a reprodukcióig befolyásolják a növények élettani folyamatait és egyedfejlődését. A Pfr forma távoli vörös fény hatására és termodinamikai instabilitása miatt spontán is visszalakul Pr formává, azaz inaktiválódik. A távoli vörös fény sosem az összes molekulát alakítja Pr formává, azaz ilyen megvilágítás során is maradnak Pfr konformációjú fitokróмок. Míg a legtöbb fitokrómnál ez a kis mennyiség nem képes jelátvitelre, addig a phyA esetében igen. Így tud a phyA – a többi fitokrómmal ellentétben – távoli vörös és nagyon gyenge fényben is aktív jelátvitelt irányítani (pl. csírázáskor a talajszint alatt, félhomályban, árnyékban). A phyB esetében ez a kis mennyiségű vörös és/vagy távoli vörös fény nem elégséges az aktív jelátvitelhez. Az aktív formájú receptorfehérjék a fényben nőtt növényben dominálnak és – a phyA-val ellentétben – ez a típusú fitokróm a növény későbbi életszakaszában válik kulcsfontosságúvá.

A fitokróмок a konformációváltozás mellett poszttranszlációs módosulásokon is átesnek. Egyik ilyen poszttranszlációs módosulás a foszforiláció, melynek élettani hatásaival foglalkoztunk a fent említett phyA és phyB esetében. Méréseink rávilágítottak arra, hogy ez a módosulás jelentős szerepet játszik a receptor indította jelátvitelben, illetve a foszforilált aminosavak pozíciója többféleképpen befolyásolja a jelátvitelt. A kutatás ezeknek a pozícióknak a jelentőségét vizsgálja *Arabidopsis thaliana* növényekben kifejezett foszforilációs mutáns fitokróмок segítségével.

MILODANOVIC DÁVID*dmilodanovic@gmail.com*

Biológus MSc.

MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Poór Péter**egyetemi docens, SZTE TTIK*

A szalicilsav hatása a glutation metabolizmusára ER-stressz alatt

A növényi életfunkciók fenntartásához elengedhetetlen a fehérjék szintézise és megfelelő feltekeredése, melynek helye a sejtben az endoplazmatikus retikulum (ER). Stressz során az élettani folyamatok jelentősen megváltozhatnak, több hibás szerkezetű fehérje jöhet létre, melyek bontása során a redukált glutation (GSH) felhasználódik és oxidálttá (GSSG) alakul. Ugyanakkor a glutation metabolizmusának hormonális szabályozása az ER-stressz alatt nem teljesen ismert még növényekben. A szalicilsav (SA), mint növényi hormon fontos szerepet játszik a növények védekezésében többek között a redox jelátvitel és az antioxidáns védelmi rendszer szabályozásával. Kísérleteink célja az SA glutation metabolizmusára gyakorolt hatásának felderítése az ER-stressz során. Méréseinkhez intakt paradicsom növények leveleit használtunk fel, melyeket 24 órás SA kezelésnek tettünk ki. Az ER-stresszt tunikamicin (Tm) segítségével idéztük elő, mérséklésére pedig 4-fenilvajsavat (PBA) használtunk. Eredményeink alapján megállapíthatjuk, hogy az SA és a Tm kezelések is fokozták az SA markergén PR1 expresszióját, mely azonban a Tm kezelés hatására szignifikánsan nagyobb volt, amit a PBA kezelés mérsékelte. Az ER-stressz markereként a BiP expresszióját vizsgáltuk meg, mely hasonlóan változott a PR1 généhez, az SA és Tm kezelések fokozták azt, a PBA pedig csökkentette. A Tm és SA kezelések növelték a szuperoxid gyökanyon és hidrogén-peroxid szinteket a levelekben. Az oxidatív stressz eredményeként nőtt a Tm és SA kezelések hatására a lipidperoxidáció és az ionkieresztés is, melyet azonban a kombinált kezelés mérsékelte az SA kezeléshez képest. Megvizsgáltuk az ER-stressz során kulcsszereppel bíró glutation metabolizmusát is a növényekben. Érdekes módon minden kezelés fokozta a GSH és GSSG tartalmakat a 24. órában. Míg a Tm kezelés csak kis mértékben befolyásolta a glutation metabolizmusában szerepet játszó kulcsenzimek, a glutation-reduktáz (GR), glutation-peroxidáz (GPOX) és glutation-transzferáz (GST) aktivitását és az őket kódoló gének expresszióját, addig az SA kezelés jelentős mértékben növelte azt. Méréseink alapján megállapíthatjuk, hogy az SA önmagában is képes ER-stressz kiváltására, mely oxidatív robbanáshoz és ezáltal az életképesség csökkenéséhez vezet, ez azonban a Tm kezelés által kiváltott ER-stressz alatt mérséklődik. Az eredményeink alapján a folyamatban az SA által szabályozott glutation metabolizmusának kulcsszerepe van.

HATT RÓBERT*hattrob32@gmail.com*

Biológia

BSc, 5. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Rácz Arnold**tudományos munkatárs, PTE TTK*

Auxin által vezérelt fiziológiai válaszok jellemzése UV kezelt növényekben

Növényekben számos életfolyamatra hatással vannak a különböző stresszorok. Az egyik ilyen az UV-B sugárzás is lehet, mely nagy hatással van többek között a levélfelületre, a szárhosszra, pigmenttartalomra és a fotoszintézis folyamataira is. Az UV-B feltételezhetően a fenotípusos jellemzők változásait főleg auxingátláson keresztül éri el.

Munkánk során növénynevelő kamrában nevelt veteménybab (*Phaseolus vulgaris* L.) és repce (*Brassica napus* L.) fenotípusos változásait figyeltük, teljesen kifejlett levelei fotoszintézisének aktivitását és pigmenttartalmának változását UV-B sugárzás hatására.

Fajkülönbséget a levélfelület mérésnél és a noninvazív levélpigmentbecslő mérésünk során észleltünk, a veteménybab nagyobb levélfelülettel rendelkezett és nagyobb mennyiségben tartalmazott klorofillt és flavonoidokat (az abaxiális oldalon kevesebb flavonoidot figyeltünk meg), míg a repcében több antocián volt.

Kezelés okozta különbséget figyeltünk meg egyrészt a levélfelület mérésénél, ahol csökkent az érték mindkét fajnál UV-B kezelés hatására. Másrészt a levélpigmentbecslő mérés során, ahol veteménybabnál a klorofilltartalom szignifikánsan megemelkedett. Mindkét növényfajban közel duplájára emelkedett a flavonoid index, az antociántartalom viszont mindkét fajban lecsökkent a kezelés hatására az adaxiális oldalakon. Míg az abaxiális oldalon repcében lecsökkent és a veteménybabban megemelkedett a klorofillszint, mindkét fajban megemelkedett a flavonoid index, de a veteménybab antociántartalma lecsökkent a kezelés hatására.

A növekvő fénymennyiségre növekvő nettó fotoszintézis értékeket kaptunk, ez már a kezelés hatására növekvő klorofilltartalommal is magyarázható. A flavonoidtartalmak változása is bizonyította a sikeres alkalmazkodást az UV-B kezeléshez mindkét fajnál, valamint az antocián tartalmak igazolták, hogy a növényeket nem érte distressz.

Az auxin mennyiségének UV-kezelésre történő változásainak pontosabb ismerete elősegítheti a mezőgazdasági alkalmazott kutatásokat.

KATONA ZOLTÁN*mizu58@gmail.com*

Biológia

BSc, 5. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Rácz Arnold**tudományos munkatárs, PTE TTK*

A szalicilsav szerepe UV-A indukálta növényi alkalmazkodási válaszok kialakulásában

Méréseink során eltérő változásokat tapasztaltunk a szakirodalomban leírt UV-B és az általunk használt UV-A sugárzáshoz történő alkalmazkodási válaszokban. Kísérleti eredményeink alapján az UV-A kezelés hatására nem változik a levélméret. A két genotípus (Xanthi és NahG) között nem tapasztaltunk szignifikáns különbséget. A levelek pigmenttartalom-változásai jó indikátorai az UV-sugárzáshoz történő alkalmazkodási válaszok vizsgálatában. Az antociánok és a flavanoidok antioxidáns és UV-szűrő hatásaikat elsődleges védelmi vonalként használják fel a növények. Eredményeink alapján UV-A kezelés hatására a pigmenttartalom sem változott szignifikánsan. A két genotípus szignifikáns nem különbözött.

A klorofill fluoreszcencia mérések eredményei alapján az UV-A kezelés hatására szignifikáns növekedést tapasztaltunk a PSII hatékonyságában. Ami amiatt is tapasztalható, mert az UV csöveink kék fényt is bocsátanak magukból, amit a növény képes hasznosítani. Az NO, ami a növény stresszindikátor paramétere, és az NPQ, ami a stressz sikeres elkerülését jelölő paramétere, nem mutatnak szignifikáns különbséget, amiből arra következtethetünk, hogy a kiegészítő UV kezelésünk nem érte stresszorként a növényeinket. A két genotípus között nem tapasztaltunk szignifikáns különbséget.

Az UV-A kezelésünk hatására a hármas típusú peroxidázok (POD) aktivitása növekedett. A Xanthi genotípus esetében szignifikáns emelkedést tapasztaltunk, de a NahG genotípusnál ez a hatás nem volt megfigyelhető. A szalicilsav-deficiens növényekben nem keletkezett elegendő hidrogén-peroxid, ami aktiválhatta volna a POD-okat.

UV-A kezelés hatására nem tapasztaltunk a szuperoxid-dizmutáz (SOD) aktivitásában szignifikáns csökkentést egyik genotípus esetében sem. A NahG növényeknél azonban a SOD aktivitás szignifikánsan magasabb volt a vadtypushoz képest. A SOD által megemelkedő H_2O_2 szint hatására a szalicilsavkoncentráció is megemelkedik, mely legátolhatja a SOD aktivitást, azonban a NahG növényekben nincs szalicilsav, és így a hormon gátló hatása sem.

A növényekben léteznek nem enzimatis H_2O_2 semlegesítő útvonalak is. Méréseink alapján kimutattuk, hogy UV-A kezeléssel nem indukálhatóak ezen útvonalak, azonban megfigyeltünk genotípusos különbségeket. A Xanthi növények esetén magasabb kapacitásokat mértünk, mint NahG-k esetében. Hipotézisünk szerint a vadtypusú növények szalicilsavtartalma gátolja az enzimatis védelmi utakat, így a nem enzimatis semlegesítő képességre kell hagyatkozniuk a képződő ROS-ok ellen.

PÁLFI PÉTER*palfipeter98@gmail.com*

Biológus

MSc, 4. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Szepesi Ágnes**egyetemi adjunktus, SZTE TTIK*

A hipuzináció gátlására használt ciklopirox hatása a különböző életkorú paradicsom növények fejlődésére

Esszenciális jelentőségű az eukarióta élőlények számára a hipuzin aminosav, mely a hipuzinációnak nevezett poszttranszlációs módosítással képződik, jelenlegi ismereteink szerint kizárólag az eIF5A (eukarióta iniciációs faktor 5A) transzlációs faktoron. Az eIF5A-nak a transzláció során szerepet tulajdonítanak az iniciációban, az elongációban, továbbá a terminációban is, azonban hipuzin hiányában a fehérje nem funkcióképes, így aktiválni kell azt a hipuzináció két enzimatis lépésével. Első lépésben a dezoxihipuzin-szintáz (DHS; EC 2.5.1.46) a poliaminok közé tartozó spermidin 4-aminobutil csoportját az eIF5A specifikus lizin oldalláncára helyezi, így dezoxihipuzin köztterméket formál. Második lépésben a dezoxihipuzin hidroxilálásával a dezoxihipuzin-hidroxiláz (DOHH; EC 1.14.99.29) létrehozza a hipuzint. A hipuzinációban részt vevő enzimek farmakológiai gátlásával lehetőség van a hipuzin szerepének vizsgálatára. A DOHH enzim vastartalmú, mely elengedhetetlen az enzim működéséhez, így a ciklopirox (CPX) vaskelatólós hatása miatt alkalmazható inhibitorként, de növényekre gyakorolt hatására egyelőre nem található példa a szakirodalomban. A növényi DOHH működésének és általa a hipuzinációnak a tanulmányozásával a mezőgazdasági növénytermesztést segíteni lehetne, mivel a hipuzin bioszintézise és a stresszre adott válaszreakciók között kapcsolatot véltek felfedezni, mely kapcsolatot felhasználva akár a terméshozamot növelni lehetne kedvezőtlen körülmények között is.

Paradicsom magokat (*Solanum lycopersicum* cv. Rio Fuego) eltérő koncentrációjú CPX mellett csíráztattunk, mely folyamatot a gátlószer magasabb koncentrációban alkalmazva késleltetett. A kifejlett növények kezelése növekedésüket nem módosította, de a kontrollhoz képest szignifikáns eltéréseket találtunk a gyökerek fehérjetartalmában, szervfüggően a poliaminok lebontását végző enzimek aktivitásában, illetve a hipuzinációban részt vevő fehérjék szintjében.

HEGEDŰS CSABA*hegedusc80@gmail.com*

Biológia

BSc, 5. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Solti Ádám**egyetemi docens, ELTE TTK*

A plasztidiális redukción alapuló vasszintézeti mechanizmus vizsgálata nem fotoszintetizáló plasztiszokban

Kutatásaink a fotoszintetikus folyamatokért felelős plasztiszok vasszintézeti mechanizmusait helyezte a fókuszba. A kutatásokhoz kelkáposzta modellt használtunk, amely növény természetes etiolációt mutat. Mivel fény hiányában a zárva termő növények klorofill-bioszintézisre nem képesek, és fotoszintetikus apparátusok sem fejlődnek ki, ezért a modell segítségével választ kerestünk arra a kérdésünkre, miszerint a fotoszintetikus apparátus működéséhez kapcsolt, redukción alapuló vasszintézeti rendszer miként módosul fotoszintézisre nem, vagy gyengén képes plasztiszok esetében.

A káposztafejekben a belső rétegek felé a klorofill- és vastartalom is csökken, tehát az etioláció mértéke növekszik. Kvantitatív valós idejű polimeráz láncreakció segítségével vizsgáltuk egyes plasztidiális vasszintézeti fontos gének expresszióját. A FRO7, ABC18, NAP14 és NEET expresszió az etioláció mértékének növekedésével együtt csökkent. A FRO7 alacsony expressziója mellett is, izolált kloroplasztisz burkolómembránok számára NADPH-t biztosítva ki tudtuk mutatni a rendszer FCR aktivitását.

Az eredmények ismeretében feltételezhető a redukción alapuló vasszintézeti rendszer jelenléte és működőképessége etiolált plasztiszok esetében is, de az ahhoz szükséges NADPH jelenléte kérdéses. A redukáló erő forrása nem kizárólag a fotoszintetikus működés lehet, hanem, bár kisebb mennyiségben, de a pentóz-foszfát útvonalon is keletkezhet. Ennek eldöntéséhez további kísérletes munka szükséges.

Növényélettan tagozat

DOBAI DÓRA MÁRIA*dori.dobai97@gmail.com*

Biológus

MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

*Dr. Mainé Dr. Csiszár Jolán**Egyetemi docens, SZTE TTIK*

A CRISPR/Cas9 rendszer bejuttatása paradicsomba Agrobaktérium-közvetítette transzformációval

A CRISPR/Cas9 rendszer a természetben a baktériumok fágok elleni védelmi rendszereként jött létre, ami ma az egyik legnépszerűbb eszköz célzott génmódosítás létrehozásához baktériumok, állatok és növények esetében is. A CRISPR/Cas9 konstrukció növényekbe történő bejuttatása Agrobaktérium-közvetítette transzformációval általánosan használt módszer a növények genetikai állományának célzott módosítására. A paradicsom (*Solanum lycopersicum* L.), mint mezőgazdaságilag fontos növény, előnyös a molekuláris biológiai kísérletekhez, mert genomszekvenciája ismert, továbbá az Agrobaktérium-közvetítette transzformációs technika is széleskörűen alkalmazott ezen a növényen. Célunk a CRISPR/Cas9 technika alkalmazása mutáció előidézésére a glutation-transzferáz SIGSTU24 izoenzimet kódoló paradicsomgénben. A kívánt helyen történő módosításhoz a fehérje dimerizációs doménjét kódoló szakaszra tervezett oligonukleotidot és egy TGG PAM (Protospacer Adjacent Motif) szekvenciát tartalmazó vektorkonstrukciót hordozó pKSE401-GFP plazmidot használtunk. 7-10 napos, *in vitro* nevelt *Solanum lycopersicum* L.cv. MoneyMaker csíranövények szárát és szikleveleit transzformáltuk LBA4404 *Agrobacterium tumefaciens* baktériumtörzsszel. A transzformált sejtek, szövetek szelekcióját rifampicint és kanamicint tartalmazó táptalajon végeztük. Hajtásregeneráció után a GFP (Green Fluorescent Protein) jelet fluoreszcens sztereomikroszkóppal vizsgálva markerként alkalmaztuk a sikeres transzformáció azonosításához. DNS-kivonást és az adott génszakasz PCR-es felszaporítását követő DNS-szekvenálás eredményéből következtettünk a kívánt változás bekövetkeztére. A transzformálás hatékonyságának növeléséhez a növények egy részénél 40 °C-os hőkezelést alkalmaztunk.

Növényélettan tagozat

RADICS NÓRA*radicsnora@student.elte.hu*

biológia

BSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Sági-Kazár Máté**PhD-hallgató, ELTE TTK**Dr. Solti Ádám**egyetemi docens, ELTE TTK*

A vas kompartmentalizációjának változásai levelekben

A vas egy esszenciális mikroelem, melynek szerepe a redox-folyamatok katalizátoraként kiemelt fontosságú. Részt vesz a fotoszintetikus és légzési elektrontranszportláncok működésében, ROS-eliminációban és kofaktora például a klorofill bioszintetikus enzimeknek is. Legnagyobb vasigénye a fotoszintetikus elektronláncnak van. Hiánya az előbbi redox-folyamatok sérüléséhez vezet, mely haszonnövények esetén terméshozam-csökkenést okozhat, amely az emberi vashiány kialakulásához is hozzájárul. Akkumulációjától viszont oxidatív károsodást szenved a növény, mivel a vastöbblet hozzájárul a reaktív oxigénformák mennyiségi növekedéséhez. Előbbiek elkerülése érdekében a gyökér vashévívelési rendszerének és a hosszútávú szignalizációs rendszernek esszenciális szerepe van. Arról kevés információ áll rendelkezésre, hogy a levelek vashévívelése, valamint a levelekben kialakuló vaseloszlások milyen módon szabályozottak. A kutatásokhoz *Arabidopsis thaliana* modellnövényt használtunk. Levelek vaseloszlás-változását, vashévívelődését és levélsejtek vashévívelését vizsgáltuk különböző vasellátásokra. A Fe eloszlása a főér és az érben szegényebb lamina között állandó maradt, de levélszél és levélalap felé csökkenő tendenciát mutatott. A homeosztázisban legjellegzetesebb megváltozást dFe kezelés mellett kaptunk. SFe kezeléskor stabilitást mutattak egyes organellumok, de többlet a mezofillum sejtekben kimutatható volt. A sFe esetben tapasztalt általános gátlás a sejten belüli transzportfolyamatok intenzitás-csökkenését mutatta. Mindezek alapján szervi, sejtes és intracelluláris szinten erős szabályozás áll fenn. Az eloszlás állandósága meglepőnek bizonyult, viszont a csökkenések ontológiai folyamatokra vezethetők vissza. A sejtes homeosztázis megváltozása hatással van a Fe sejten belüli lokalizációjára is. A mezofillum-sejtekben kimutatott többlet felveti annak a lehetőségét, hogy felhalmozódás elsősorban az apoplastban történik. Az általános szupresszió meg az oxidatív stressz elkerülésében lehet szerepe, és rámutat arra, hogy nem preferált az organelláris szintű vashévívelődés.

KOMJÁTI ANNA*komjati.a1999@gmail.com*

Biológia

MSc, 3. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Czégény Gyula**egyetemi adjunktus, PTE TTK*

Növényi antioxidáns válaszok különböző természetes UV-kitettség során

A Föld felszínére eljutó ultraibolya-sugárzás (UV, 290-400 nm) mennyiségét elsősorban a sztratoszférikus ózonréteg szabályozza, azonban a globális klímaválság következtében az egyes élőhelyek UV-kitettsége jelentős mértékben megváltozhat. A természetes UV-sugárzás különböző tartományai szabályozó folyamatokat indukálnak a növényekben, viszont más környezeti tényezők megváltozásával együtt, vagy laboratóriumi körülmények között már a szövetek oxidatív károsodását okozhatják. A fényviszonyoktól erősen függ a fotoszintézis és az aerob légzés, melyek működése következtében reaktív oxigénszármazékok (ROS-ok) keletkeznek. A ROS-ok jelenléte általános következménye a legtöbb stresszhatásnak, ebből kifolyólag a magas fényintenzitás okozta stressznek is. A keletkezett ROS-ok semlegesítésére antioxidánsrendszerek képesek. Az egyes UV-tartományok eltérő módon befolyásolhatják az enzimatisz antioxidánsok működését. Munkánk során a természetes körülmények alatt felnevelt, különböző ultraibolya-tartományoknak kitett dohány modellnövények (*Nicotiana tabacum* L. cv. Wisconsin38) leveleinek fotoszintetikus hatásfokát, pigmenttartalmát és antioxidáns képességét vizsgáltuk meg. A fotoszintetikus folyamatok jellemzését követően kijelenthetjük, hogy az intenzív abiotikus hatásokhoz a növények sikeresen alkalmazkodtak. A levelek flavonoid- és antocianinkoncentrációjának meghatározását követően feltételezzük, hogy e két vegyületcsoport koncentrációjának döntő mértékű szabályozásáért külön fénytartomány és fotoreceptor lehet felelős. A HPLC-vizsgálataink arra utaltak, hogy a vizsgált dohány fő fenolos vegyületei a klorogénsav, a kriptoklorogénsav és a kvercetin rutinozid; mennyiségüket a leveleket ért ultraibolya-dózis szabályozza. Az UV-B •OH generáló képessége a munka során nem realizálódott. Az antioxidáns enzimvizsgálatok alapján, a vizsgált levelekben az emelkedő UV-sugárzás fokozta a szöveti H₂O₂-koncentrációt, ami az abiotikus hatások során adott válaszok kialakításában játszik kiemelten fontos szerepet.

TÓTH BALÁZS*tothbalazs99@gmail.com*

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Standovár Tibor**egyetemi docens, ELTE TTK*

Lékdinamikai vizsgálatok a Völgyfő Projekt 35 éve magára hagyott tölgyesében

Jelen kutatás a Völgyfő Projekt folytatása, amely 1986-ban indult azzal a céllal, hogy feltárják egy tölgyes erdőrészleten belül a légyszárúsínt mintázatát és az általa indukált termőhelyi változatosságot. Az 5,5 hektáros kutatási terület a Dél-Bükkben helyezkedik el, 450-600 méter tengerszint feletti magasságban. Az állomány egykorú (kb. 120 éves), sarjeredetű és elegyetlen, a fő állományalkotó fajtája a kocsánytalan tölgy. A tölgypusztulás által súlyosan érintett állományt a kutatás megkezdésekor kivonták az erdészeti kezelés alól. A területet évtizedekig körülvevő vadvédelmi kerítést kb. 10 éve elbontották. Előzetes megfigyeléseink alapján 35 év alatt a lombkorona záródott, továbbá fokozódott a vadfajok jelenléte és hatása a növényzetre. 2020 nyarán elvégeztem a teljes terület szisztematikus felvételezését a területet lefedő 354 darab, egyenként 12,5 × 12,5 méteres érintkező kvadrátban. A rendelkezésre álló bináris és frekvencia adatok alapján kimutattam a lombkorona záródásához köthető mezofilizáció jelenségét és a vadhatás fokozódására utaló bolygatásjelző fajok térnyerését, valamint a légyszárúsínt homogenizációját. Az 1970-es évek végén megjelent tölgypusztulás következtében az egyedek pontszerűen jelentkező megbetegedésével és pusztulásával a lombkoronában lékek keletkeztek. A 2000-es évekre a korábban keletkezett lékek a fák regenerációjával vagy alulról történő betöltődéssel többségében záródtak, azonban a 2008-as növényzeti felmérést követően a légyszárúsínt indikációja arra utal, hogy újabb lékek nyílásával a lombkorona ismét nyíltabbá vált. A lékdinamika vizsgálatát légi felvételek alapján végeztük el. Felvételt a 2000-es évtől kezdődően több évből is elértünk, illetve 2021 nyarán saját drónfelvételt is készítettünk, így összesen 21 év adatait tudjuk elemezni. A lékek digitalizálását és a leszármazásvizsgálatot az ArcGIS programcsomag segítségével végeztük el. A vizsgálat állományban intenzív lékdinamika figyelhető meg. 21 év alatt számos lék záródott és számos új lék keletkezett. Az új lékek nyílása viharkárokkal, szélöntéssel, hótöréssel állnak összefüggésben, nem a korábbi évtizedekben jelentkezett tölgypusztulással. A finom lékdinamika hatással van az állomány szerkezetére, az újulatra és a légyszárúsíntre is. A lékekben vagy a záródott lékek helyén megfigyelhetők fiatalos foltok, amelyek egy vegyes korú és elegyes erdő kialakulásának alapjai lehetnek.

KIS SZABOLCS*kis.szabi17@gmail.com*

gyógyszerész

Osztatlan, 7. félév

Debreceni Egyetem

Gyógyszerésztudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Molnár V. Attila**egyetemi tanár, DE TTK**Dr. Takács Attila**tudományos munkatárs, DE TTK*

Adatok a gyilkos csomorika (*Cicuta virosa* L., Apiaceae) ismeretéhez

A gyilkos csomorika (*Cicuta virosa* L.) Magyarországon ritka elterjedésű, védett faj. Dolgozatomban a faj egykori és recens hazai elterjedését, életmódját, ökológiáját, szövettanát és csírázási képességét vizsgáltam. Hajdani elterjedésének vizsgálatához digitális archívumok forrásait tekintettem át. Ezekből megállapítható, hogy a folyószabályozásokat és lecsapolásokat követően ezen növény jelentősen megritkult a Kárpát-medencében. Jelenkori elterjedését a Tiszántúlon keresztül folyó öntözőcsatornáknban vizsgáltam, ahol a faj ökológiai igényeit (pH, vezetőképesség, oxigéntartalom, áramlási sebesség) is felmértem. A faj a csatornáknban áramló víz segítségével igen jól terjed. Ezen terjedési stratégiáját számos szövettani struktúra segíti, melyet mikroszkópi metszetek (natív és festett) segítségével vizsgáltam. Csíráztatási kísérletek alapján elmondható, hogy a magok csírázásának egyik fő limitáló tényezője a fény.

LI GÁBOR*gaborli0622@gmail.com*

Biológus

MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Bátori Zoltán**egyetemi docens, SZTE TTIK*

Hogyan befolyásolja a geomorfológiai diverzitás és az erdei lécek jelenléte a karszterületek mikroklímáját és növényzetét?

A globális klímaváltozás ökoszisztémákra gyakorolt hatásait előre jelezni kívánó modellek gyakran a vizsgált területre vonatkozó regionális klímaátlagokkal számolnak, figyelmen kívül hagyva ezzel az élőlények fennmaradását valóban meghatározó lokális trendeket, melyeket számos abiotikus és biotikus tényező befolyásolhat (pl.: topográfiai viszonyok, növényzeti borítás). Ezen tényezők és kölcsönhatásaik ismerete elengedhetetlen a globális klímaváltozás hatásainak pontosabb megbecsléséhez. Már több kutatásban kimutatták, hogy a karszterületek jellegzetes felszínformái, a töbrök, a környező területektől eltérő mikroklímát tarthatnak fenn és mikroélőhelyek széles skáláját biztosíthatják olyan helyi populációk számára, melyek hiányoznak a szomszédos területekről. A lombkoronában kialakuló lécek mikroklíma-módosító hatása is régóta ismert. Amellett, hogy képesek lehetnek megtartani az erdei mikroklímára jellemző mérsékelt hőmérsékleti maximumokat és minimumokat, hűvösebb viszonyokat, növekedett fénymenyiséget és talajnedvességet biztosíthatnak, ezzel fokozva a mikroklimatis diverzitást. Jelen dolgozatban a karsztplatókat és töbröket borító erdőkben kialakuló kisméretű lécek hatását elemeztem a karszterületek mikroklímájára, s növényzetére. Négy élőhelytípust vizsgáltunk a Mecsekben, 10–10 ismétlésben: 1) platón előforduló zárt erdő, 2) platón előforduló lék, 3) töbrőaljon előforduló zárt erdő és 4) töbrőaljon előforduló lék. Vizsgálati helyszínenként három 2 m × 2 m-es nagyságú kvadrátban becsültük a növényzet százalékos borítását, mikroklímát, s talajnedvességet mértünk. Minden élőhelytípus 1–1 helyszínén a besugárzás mértékét is megállapítottuk. A diagnosztikus fajok meghatározása mellett az adatokat ANOSIM, NMDS, ANOVA, s lineáris kevert modellek segítségével elemeztük. Az átlaghőmérséklet a lécek töbrökben volt a legalacsonyabb, s a töbrökben jóval magasabb volt a páratartalom és a talajnedvesség, mint a platókon. A lécek töbrökben több olyan hűvös és párás klímát indikáló bükkösökre jellemző faj is előfordult, melyeket a többi élőhely nem, vagy csak kisebb mennyiségben tartalmazott. A megváltozott fényviszonyok és speciális hőmérsékleti és nedvességi viszonyok miatt a lécek jelentősen befolyásolják a karszterületek élővilágát. Jelenlétük kiemelten fontos lehet a töbrök alján, hiszen olyan fajok fennmaradását teszik lehetővé (pl. páfrányok), melyek a zárt lombkoronával rendelkező töbrökben jóval ritkábbak, s a környező platókról teljesen hiányoznak.

TÓTH BENEDEK GYÖRGY*toth.benedek1001@gmail.com*

Biológus

MSc, 4. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Tölgyesi Csaba**egyetemi adjunktus, SZTE TTIK*

Hol erdősítsünk szénmegkötés céljából a vízhiányos sík vidékeken?

Napjainkban az antropogén természet- és környezet-károsítás kedvezőtlen hatásainak mérséklésére az egyik legelterjedtebb megoldás az élőhely-rekonstrukció, azon belül is az erdősítés. Az ökológia viszonyrendszerek nem kellő mértékű figyelembevételével végzett erdősítés azonban számos kedvezőtlen hatással járhat, melyek közül a legfenyegetőbb az erdők jelentős evapotranszspirációs kapacitása miatt jelentkező szárító hatás. Kutatásunkban arra kerestük a választ, hogy e szárító hatást hogyan befolyásolják a talajtani viszonyok eredendően vízhiányos régiókban, mint pl. hazánk síkvidéki területeinek jelentős részén. A Duna-Tisza közti homokhátság durva szemcsés homoktalaján, illetve a Tiszántúl kötött talaján különféle erdőtípusokban és szomszédos gyepterületeken vizsgáltuk a talaj felső 1 m-es, telítetlen rétegének vízviszonyait négy évszakon át. Különféle proximál becsültük a vízvesztéshez hozzájáruló tényezők szerepét, így a lombkoronáról elpárolgó és általa elpárologtatott mennyiséget a lombkorona borításával, a légyszárú szintről távozó vizet a biomassza és az avar abundanciájával, a talajfelszínről elpárolgó vízmennyiséget pedig a mikroklimatikus viszonyokkal közelítettük. Eredményeink szerint mindkét talajtípus esetén az erdők nedvesebb viszonyokat tartanak fenn a talaj felső 20-30 cm-es zónájában, mint a gyepek. Ennek hátterében a lombkorona mikroklima-mérséklő hatása áll, és a légyszárú szint evapotranszspirációja ezt alig befolyásolja. Homoktalajok esetén a mélyebb rétegeket az erdők fái rendkívüli mértékben kiszárítják, és a szárítás mértéke a lomb éves életidejével függ össze, így a legerősebben az örökzöldek gátolják a talajvíz-utánpótlást. A kötött talajok erdei alig csökkentették a mélyebb talajrétegek nedvességtartalmát a gyepekhez képest. A rövid életű lombkorona itt inkább a feltalaj nedvességének részleges elvesztését eredményezte, a mélyebb talajrétegek kapcsán nem tapasztaltunk jelentős különbséget. Kijelenthetjük tehát, hogy a kötöttebb talajok talajvíz-utánpótlását és regionális vízgazdálkodását kevésbé rontja az erdősítés. A jelenleg fátlan homoki élőhelyek erdősítése erősen ellenjavallt, míg a kötött talajjal rendelkező Tiszántúl nem szikesedő felhagyott szántói megfélelőek lehetnek erdő-gyep mozaikok és erdőfoltok tervezésére az élőhely-rekonstrukciós törekvések keretein belül. Természetközeli gyepterületek erdősítése egyik régióban sem javasolható megoldás. E könnyen alkalmazható irányelvet más mérsékeltövi vízhiányos síkvidékeken is célszerű alkalmazni.

FERENCZ KAMILLA*ferencz.kamilla@gmail.com*

Biológia

BA, 6. félév

Babeş-Bolyai Tudományegyetem

*Témavezető:**Fenesi Annamária**egyetemi adjunktus, Babeş-Bolyai Tudományegyetem - Magyar Biológiai és Ökológiai
Intézet*

Heteromorf termések: csak csírázási stratégiájukban különböznek vagy befolyásolják a felnőttkori rátermettséget is?

A termésheteromorfizmus azt jelenti, hogy egy növényegyed több típusú termést hoz létre, melyek morfológiailag és ökológiailag is jelentősen különböznek egymástól. Leginkább terjedési képességükben és csírázási gyorsaságukban mutattak ki különbséget a terméstípusok között. Eddig 18 zárvatermő családból jeleztek heteromorf fajokat, leginkább a fészkesek (Asteraceae) és a libatopfélék (Chenopodiaceae) családjában. Feltételezik, hogy a heteromorf termések a változatos és kiszámíthatatlan környezetű élőhelyeken előnyösek, mint például sivatagokban vagy sós mocsarakban. Kutatásunkban azt vizsgáltuk, hogy (1) az eltérő terméstípusok valóban különböző csírázási stratégiákat takarnak-e, hogy (2) kimutatható-e a különbség az eltérő termésekből kinevelt felnőtt növények esetén is, és hogy (3) közelrokon fajok esetén hasonló módon nyilvánul-e meg a termésheteromorfizmus? Ehhez négy növényfaj (*Calendula officinalis*, *C. arvensis*, *Galinsoga ciliata*, *G. parviflora*) magjait gyűjtöttük be, csíráztattuk, majd kineveltük a növényeket, és teszteltük allokációs stratégiájukat és fenotípusos plasztikusságukat. Egyértelműen kimutattuk az eltérő termések különböző viselkedését mind a csírázás, mind a felnőttkori rátermettség szintjén, sőt érdekes módon, a közelrokon fajok hasonló terméstípusai között is szignifikáns különbségeket találtunk. Ezek az eredmények bizonyítják a termésheteromorfizmus nagyfokú plasztikusságát, mely nem az életszakasztól, nem a rokonsági foktól, hanem valószínűleg környezeti tényezőktől függ.

GAGYI RÉKA-ANDREA*gagyireka14@gmail.com*

Biológia

BA, 6. félév

Babeş-Bolyai Tudományegyetem

*Témavezető:**Fenesi Annamária**adjunktus, Babes-Bolyai Tudományegyetem, Biológia és Geológia kar*

Három botanikus kerti inváziós növényfaj megtelepedési kockázatának vizsgálata környékbeli erdőkben

A botanikus kertek feladata a világ különböző tájain előforduló gazdag és érdekes növényvilág bemutatása. Azonban, a beültetett fajok némelyike képes önállóan is fennmaradni és szaporodni, kiszökik a gondozott részekről, és potenciális inváziós fajként viselkedik. Célunk volt három, a kolozsvári "Al. Borza" Botanikus Kertben nagy, spontán állományokat fenntartó idegenhonos faj terjedési kockázatának felmérése. Azt mértük fel, hogy (1) hogyan csíráznak és fejlődnek erdei talajon, (2) befolyásolja-e őket az erdőt alkotó domináns fafaj és (3) a talajban előforduló talajbióta jelenléte. Ehhez a kiválasztott idegenhonos fajok (kiszivárgó nevéncsvirág, indiai díszeper és szibériai gólyaorr), valamint öt őshonos faj magjait csíráztattuk, majd a növényeket neveltük három hónapig, sterilizált és nem sterilizált, bükk és gyertyán alól gyűjtött talajon. Azt találtuk, hogy mindhárom idegenhonos faj magas megtelepedési potenciállal rendelkezik mindkét fafaj alól gyűjtött talajon, bár a talajsterilizálás jelentősen csökkentette a fajok csírázását. Különösen a kiszivárgó nevéncsvirág és a szibériai gólyaorr telepedhet meg környékbeli erdőkben kivételesen gyors növekedése miatt.

GULLER ZSÓFIA ESZTER*gullerzsofi@gmail.com*

biológus

MSc, 1. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Csathó András István**független kutató**Dr. Tölgyesi Csaba**egyetemi adjunktus, SZTE TTIK*

Felületessel kezelt alföldi löszparlag regenerációs folyamatainak hosszú távú vizsgálata

A felhagyott szántók visszagyepesítése alternatívát nyújt a gyepterületek globális mértékű megfogyatkozásának és degradációjának ellensúlyozására. Széles körben alkalmazott módszert jelent a magas pázsitfű-arányú magkeverékek vetése, amely sikeresen kontrollálja a gyomok és az inváziós fajok kezdeti stádiumban való feldúsulását. Ugyanakkor egyre több vizsgálat mutat rá, hogy az így végrehajtott felületés fajszegény gyepeket hoz létre, és ökológiai funkciókat kevésbé ellátó vegetációt állandósít. A vetéssel befolyásolt parlagok időbeli változásáról kevés részletes ismerettel rendelkezünk. Kutatásunk során egy alföldi löszparlag felületés utáni regenerációs folyamatait monitoroztuk. A vizsgált parlagparcella egy fokozottan védett ősgyep, a battonyai Tompapusztai-löszgyep szomszédságában, annak bővítéseként visszagyepesített területen helyezkedik el. A 2011-ben felületett parlagparcellán egy tízéves időszakban (2013–2022), éves rendszerességgel 4×4 m-es állandó pozíciójú cönológiai felvételeket készítettünk, a kapott eredményeket a referencia-területként szolgáló ősgyep négyéves adatsorával (2019–2022) hasonlítottuk össze. A parlag felületése során a tájra természetes módon jellemző domináns pázsitfűfaj, a vékony csenkesz (*Festuca valesiaca*) nagy magsűrűséggel került elvetésre. Emellett további 28 célfaj propagulumát juttatták ki változó mennyiségben a talajfelszínre. A magszórással érintett parcella korai stádiumában az uralkodó növényfaj évente cserélődött. A kezelést követő 4. évtől a vetett fűfaj monodominánssá vált, majd mennyisége a 7. évtől enyhén csökkenni kezdett, ezzel egyre inkább lehetőség nyílt bizonyos specialista fajok állományának lassú megerősödésére. A vizsgált időszak alatt nagyfokú fajkicserélődés történt, ezzel együtt a fajkompozíció is számottevően átalakult. A tízéves időszak végére csökkent a gyomfajok aránya, a specialista fajok mennyiségében pedig növekvő trend volt megfigyelhető. Mégis, a felületett gyepek diverzitásában és szerkezetben jelentősen eltér a természetes löszgyepektől, ami többek között a vetett fűfaj túlzott dominanciájára vezethető vissza. A rekonstrukciós terület egyelőre kis mértékben mutat elmozdulást az ősi löszpusztagyepre jellemző kétszikűgazdagság felé. A vizsgálat alapján megállapítható, hogy a vetést követően hamar kialakul a természetes állapotnál jóval magasabb csenkeszborítás, mely lerövidíti a gyomfajok uralta stádiumot, viszont lassíthatja a célfajok betelepülését.

NYISZTOR BENCE*nyiszibence@gmail.com*

Középiskolai hallgató

Ciszterci Rend Nagy Lajos Gimnáziuma és
Kollégiuma*Témavezető:**Csiky János**egyetemi docens, PTE TTK*

Felhagyott kőfejtők és környékük fajgazdagságának összehasonlítása edényes növények alapján

Kutatásom objektumai a mecseki felhagyott kőfejtők és azok edényes flórája. Noha ezeket az emberi létesítményeket általában hazánk legfajgazdagabb, bennszülött, maradvány fajokban bővelkedő élőhelyein hozzák létre, a felhagyott kőfejtők spontán szukcessziójának vizsgálata, bár globális szinten divatos, nálunk nem tartozik a legkutatottabb témák közé. A hiánypótló esettanulmány fő kérdései sem a világtrendet követik, célunk néhány alapvető, a természetvédelem számára is hasznos információ kinyerése: I) a különböző alapkőzeteken ~50 éve spontán regenerálódó kőfejtők a bolygatást követően melyik zavarási hipotézisnek (növekvő, köztes zavarási, vagy habitat specialista hipotézis), illetve II) melyik invázióbiológiai elméletnek („rich get richer”, „poor get richer”) megfelelően népesülnek be növényfajokkal. Továbbá III) van-e különbség az azonos korú, de eltérő alapkőzetű bányafelszínek fajgazdagsága között, ill. IV) hány védett, ritka faj számára nyújtanak otthont a felhagyott kőfejtők?

A három különböző alapkőzetű, mészkő, fonolit és homokkő kőfejtőkben és kontrollterületeken rétegzett random mintavétellel dolgoztunk, 5-5 darab 100, 10, illetve 1 m²-es mintákban bináris florisztikai adatokat rögzítettünk, tavasszal, majd nyáron is. Adatainkat Mann-Whitney tesztnek és/vagy lineáris regressziós vizsgálatoknak vetettük alá. A zavarási hipotézisek érvényességére logikai alapon következtettünk: ha a kontroll terület fajszáma trendszerűen nagyobb, mint a kőfejtő fajszáma, a növekvő zavarás hipotézisét fogadtuk el, fordított esetben a köztes zavarás hipotézist. Ha az őshonos fajok számának növekedésével az idegenhonos fajok száma is növekszik, akkor adataink a „rich get richer” koncepciót támogatják.

Általánosságban, eredményeink alapján elmondható, hogy I) a fonolit és mészkő alapkőzet jóval fajgazdagabb, mint a homokkő, II) a felhagyott bányaterületek fajszáma nagyobb, mint a kontrolloké, III) így inkább a köztes zavarás hipotézise fogadható el a mecseki mintaterületeken. Megállapítható, hogy IV) mintáink a „rich get richer” teóriát igazolják, s míg V) az idegenhonos fajok száma viszonylag alacsonynak mondható, VI) a kőfejtők számos védett, a térségben ritka faj számára nyújtanak ideiglenes otthont. A spontán szukcesszió kevés negatív és sok pozitív adottságával a természetvédelem szempontjából is támogatható, hatékony kezelési módnak számít a Mecsekben.

VARGA GERGŐ*vargagergo16@gmail.com*

Ökológia és természetvédelem

BA, 6. félév

Babeş-Bolyai Tudományegyetem

*Témavezető:**Fenesi Annamária**Egyetemi adjunktus, RO BBTE*

Hazai inváziós fajok mag-jellegei és csírázásbiológiája

A tömegesen megjelenő inváziós fajokat költséges és nehéz kiirtani, ráadásul nagy a veszélye az újrafertőzésnek. A legjobb megoldás, akárcsak egy betegség esetén, a megelőzés lenne, ezzel megakadályozva az újabb inváziós fajok térhódítását. Kutatásunk során 82 idegenhonos lágyszárú növényfajjal dolgozunk: összehasonlítottuk sikeres inváziós és nem- sikeres idegenhonos fajok magjainak jellegeit (tömegét, alakját) és csírázásbiológiáját. Ehhez a magvakat többféle körülmény között csíráztattuk (ősz, kora tavaszi és késő tavaszi hőmérséklet- és fényviszonyok között), majd csírázási arányokat és csírázási niche-szélességet számoltunk fajonként. Az elemzésünk során nem sikerült jelentős különbségeket feltárni a sikeres és nem sikeres fajok között, ezért dolgozatunkban lehetséges magyarázatokat tárgyalunk meg.

DOKTOR KLÁRA*doktor.klara.b18bi@kmf.org.ua*

Biológia

BSc, 8. félév

II. Rákóczi Ferenc Kárpátaljai Magyar Főiskola
(Beregszász)*Témavezető:**Dr. Kohut Erzsébet**tanszékvezető, UA IIRFKMF*

A nagymuzsalyi meddőhányó növényzetének vizsgálata

A vizsgálatok 2019/22 között folytak, a Beregszász mellett elhelyezkedő nagymuzsalyi meddőhányón.

A bányászat nélkülözhetetlenné vált gazdasági tevékenység. A terület aranybányászat következtében alakulhatott ki, ahol rekultiváció nem tapasztalható, viszont a növényesedés látható.

Célunk megállapítani a meddőhányó összetételét, florisztikai és cönológiai vizsgálatok végzése, a szukcessziós folyamat megállapítása, továbbá talajkémiai vizsgálatokat végeztetése.

Az alábbi módszereket alkalmaztuk: a meddőhányó összetételének vizsgálata porröntgen diffraktorral. A terület növényzeti felméréséhez Braun-Blanquet-féle cönológiai felvételezés és fajlistákat készítése a területről és a környezetéről. A szukcessziós vizsgálat a meddőhányó oldalában végzett transekt felvételezéssel és az Agromonitoring program által biztosított NDVI értékek kiértékelésével és annak statisztikai elemzésével valósult meg. A talajkémiai vizsgálatok a területről begyűjtött öt mintáról.

Eredményeink: a porröntgen diffrakciós vizsgálat szerint, a meddőhányó főleg kvarcot tartalmaz. Típusa lejtős térszintre borított meddő.

2020/22-ben az 5 négyzetácról 21 cönológiai felvétel készült, mely alapján az tapasztalható, hogy a kisebb részen a lombkoronaszintet elsősorban pionír fajok alkotják, viszont a cserjeszintben és a gyepszintben a gyom-, adventív- és kísérő fajok mellett kisebb csoportokban megtalálhatóak a természetes növényzethez hasonló foltok is. A területről készült összesített fajlistába 76 faj szerepel, amelyeket értékeltük családok, flóraelem, életforma, T/W/R és TVK-értékek alapján. Család szerinti eloszlásban az őszirózsafélék, flóraelem alapján az eurázsiai fajok, életforma alapján a hemikriptofiták, a klíma kategóriákban az atlantikus lomberdő klímát kedvelő fajok, vízigényüket tekintve az üde talajt kedvelők és a talaj kémhatása alapján az enyhén meszes talajt kedvelik.

A területen primer és szekunder szukcessziós folyamatok figyelhetőek meg.

A talaj kémhatását tekintve többnyire savanyú pH-értékek mutatnak, de helyenként megközelíti, sőt eléri a semlegest. A humusztartalom nagy eltérést mutat, 2,23-9,78 % között mozog.

A kutatás alapján bevezető áttekintést kaphatunk a nagymuzsalyi meddőhányó növényzetéről, illetve kőzettani és talajkémiai tulajdonságairól. Ezen tapasztalatok és eredmények alapján azt javasoljuk, hogy a területet többféleképpen is lehetne hasznosítani, mely által egy kulturált, akár kettős hasznosítású területhez juthat a város vezetése és a lakosság egyaránt.

Természetvédelmi biológia tagozat

PISCH HENRIETT*hepi020203@gmail.com*

Biológia

BSc, 3. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Horváth Győző**egyetemi docens, PTE TTK**Kelemen Krisztina**PhD-hallgató, PTE TTK*

Cickány és védett rágcsáló fajok területfoglalási dinamikája a Kis-Balatonon

A vizes élőhelyek változatos és sokrétű fajgazdagsága révén biodiverzitási forráspontoknak tekinthetők. Ezen élőhelyeknek a biodiverzitás fenntartása mellett szerepe van még a globális klíma alakításában, a vízkörforgásban és számos más ökoszisztéma szolgáltatásban is. Ilyen például a Kis-Balaton, amely vízvédelmi rendszerének köszönhetően Magyarország egyik legfrekvenciáltabban kutatott vizes élőhely komplexuma. A terület sásos, nádas borítottsága gazdag kisemlős faunának ad otthont, amelyek között igen nagy arányban találunk védett és veszélyeztetett fajokat. Célunk a Kis-Balaton területén működő kisemlős monitorozó program adatai alapján az itt előforduló ritka és védett fajok területfoglalási és detektálási valószínűségének becslése volt, az időjárás, a növény borítás és a csapdaráfordítás függvényében. A Kis-Balatonon 4 különböző területen helyeztünk ki csapdákat transzekt vagy kiskvadrát elrendezésben, és az ezekről a területekről származó, 2017-2019 között gyűjtött adatokat dolgoztuk fel. A mintavétel az NBmR protokoll szerint elevenfogó dobozcsapdákkal történt, fogás-jelölés-visszafogás módszerrel. A vizsgálatainkhoz a fogás-visszafogás adatok helyett a csapdákból detektált fajok jelenlét/hiány adatait használtuk fel, amelyeket területekre összegeztünk, így megkapva a fajonkénti, területekre vonatkozó detektálás történeti mátrixot. A vizsgálat során a dinamikus 'multi season site occupancy' modellt használtuk, amely modell becsli az elsődleges területfoglalási valószínűséget, majd abból további paramétereket becsül, mint a detektálási, kolonizációs és kihalási valószínűség. Statisztikai méréseinket az R programban végeztük, az unmarked programcsomaggal. A modelleket 2 lépésben építettük fel: az első modellcsaládban minden fajnál vagy nemzetségnél 6 modellt építettünk. A modellszelekciós paraméterek alapján választottuk ki a legjobb modellt és a detektálási valószínűségre ható változó alapján alkottuk meg a második modellcsaládot. Az erdei cickány, a törpeegér és a *Neomys* nemzetség esetében minden modellnél egyedül a detektálási valószínűségre ható változónak volt szignifikáns hatása, a területfoglalást, a kolonizációt és a kihalást egyik vizsgált változó sem befolyásolta. A *Crocidura* nemzetség, a csaltjáró pocok és az északi pocok esetében egyik változó sem mutatott szignifikáns hatást egyik vizsgált paraméterre sem.

Természetvédelmi biológia tagozat

KALOCSAI NÓRA*kalocsainora@gmail.com*

Biológia

BSc, 7. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Horváth Győző**egyetemi docens, PTE TTK**Kelemen Krisztina**PhD-hallgató, PTE TTK*

Kisemlősök rövidtávú közösségi szintű változása mozaikos magassásos élőhelyen a Kis-Balaton területén

Magyarország legnagyobb mocsaras területe a Kis-Balaton, Közép-Európa vizes élőhelyeinek egyik legjelentősebb wetland területe, egy olyan komplex ökológiai rendszer, mely fajgazdagsága és komplexitása révén nem csak jelentős természetvédelmi értéket képvisel, de fontos ökoszisztéma szolgáltatások is kapcsolódnak hozzá. A PTE TTK Ökológiai Tanszék Kisemlős Kutatócsoportja a terület kisemlőseinek hosszú távú monitorozását végzi, amely a Nemzeti Biodiverzitás-monitorozási Rendszer (NBmR) külön projektjeként indult 1999-ben, a fokozottan védett északi pocok (*Alexandromys oeconomus*) fennmaradt populációinak csapdázására fókuszálva.

A kutatásunk célja volt a kisemlős közösségek változásának értékelése az évek, az északi pocok denzitása és a csapadékmennyiség függvényében 6 év (2017-2022) monitorozási eredményei alapján. Ehhez értékeltük a fajkompozíció és az abundancia-viszonyok változását. Többváltozós varianciaanalízissel, klaszteranalízissel, a fajok együttes előfordulásának, asszociáltságának vizsgálatával az évek, valamint az északi pocok abundanciájának és a csapadékmennyiség függvényében elemeztük a közösségi mintázatokat, majd a különböző évek közösségeinek páronkénti összehasonlításában a fajcsere, a hasonlóság és a fajszám-különbség relatív fontosságát elemeztük.

A 6 év alatt 12 faj, ezen belül 5 cickány, 4 pocok és 3 egér faj került kimutatásra. 2018-tól kezdődően az északi pockot is regisztráltuk. A jelenlét-hiány adatokkal végzett analízis szerint a fajszámnövekedés nagyobb mértékű volt, mint a fajok elvesztése, ami egymásbaágyazottságot eredményezett. Az abundancia adatok varianciaanalízise bizonyította az elkülönített időszakok kisemlős közösségeinek eltérését, amit a hőtérkép és a szórásdiagramokon elkülönülő csoportok is szemléltettek.

Bár rövid távon a fajszám növekedését kivéve nem figyeltünk meg jelentősebb átalakulást a közösségben, az abundancia rangsor átrendeződései mégis kisebb változásokat jeleznek. Eredményeink tekintetében azt a következtetést vonhatjuk le, hogy a diverz kisemlős közösség monitorozását mindenképp érdemes hosszabb távon folytatni, hogy információt nyerjünk egyrészt az északi pocok Kis-Balatonon fennmaradt szubpopulációinak, másrészt a kisemlősközösségek rezilienciájáról, ami a jövőben a természetvédelmi kezelések kidolgozását segítheti.

Természetvédelmi biológia tagozat

RÁK GERGŐ ATTILA

rakgeri99@gmail.com

Biológus

BSc, 5. félév

Állatorvostudományi Egyetem

Témavezetők:

Dr. Korsós Zoltán

egyetemi docens, ATE

Mizsei Edvárd

Projekt és monitoring koordinátor, Kiskunsági Nemzeti Park Igazgatósága

**A rákosi vipera (*Vipera ursinii rakosiensis*) denzitására ható legeltetési módok
finomléptékű vizsgálata**

A veszélyeztetett fajok aktív védelmének kulcsfontosságú eleme a fennmaradt élőhelyek megőrzése és javítása. A Magyarországon fokozottan védett rákosi vipera (*Vipera ursinii rakosiensis*) emiatt különös figyelmet kap, hiszen elveszítette élőhelyeinek jelentős részét, és kevés megmaradt élőhelyeit gazdasági szempontok alapján hasznosítják. Eddigi tapasztalatok és kutatási eredmények alapján a különböző hasznosítási módok közül a legeltetés pozitív hatása a faj számára. A legeltetés sokrétű tevékenység, ezért szükség volt finomléptékű vizsgálatot végezni arra, hogy a legeltetés fontosabb jellemzői (legelőnyomás, pásztorolás módja) hogyan befolyásolják a rákosi vipera denzitását, ha figyelembe vesszük a legelő produktivitását. Ezzel választ kaphattunk rá, hogy mi a legjobb legeltetési technológia a rákosi vipera számára. A vizsgálathoz ismételt számlálást végeztünk 78 db 50×50 m nagyságú mintavételi kvadrátban két éven keresztül, minden évben tavasszal és ősszel, kvadrátonként min. 20 alkalommal a Felsőiskunsági-turjánvidéken. A viperaészlelések rögzítése mellett a gazdálkodóktól megszereztem a legelőnyomás (állategység/ha, pásztorolás módja) kiszámításához szükséges információt és kimértem a legelőket alkotó növénytársulások fitomassza-produkcióját. Az adatokat N-mixture modellekkel elemeztem a négy felmérési időszakra külön-külön lefuttatva, amelyekben a függő változó a felmérések ismétlésekor tapasztalt vipera-észlelésszám (időszakonként összesen: $n_{20\text{tavasz}}=16$, $n_{20\text{ősz}}=8$, $n_{21\text{tavasz}}=11$, $n_{21\text{ősz}}=12$), a detektabilitás magyarázó változója az operatív hőmérséklet, a denzitás magyarázó változója pedig a legelőnyomás, a legeltetés módja (pásztoroló vagy villanypásztor) és az összporduktivitás voltak. A detekciót az operatív hőmérséklet a 2020 őszi felmérési időszakot kivéve szignifikánsan magyarázta. A legelőnyomás és a fitomassza-produkció interakciója három szezonban szignifikánsan negatív hatású volt, míg a pásztorolás módjának egyik felmérési időszakban sem volt szignifikáns hatása. Eredményeim szerint a legelőnyomás csökkentésével az élőhelytípusokban általában kedvezőbb körülmények teremthetők a viperának a mintavételi területen. Mivel a legelőnyomás nem egyenletes a különböző mikroélőhelyeken és manapság nem szakszerű a pásztorolás, ezért eredményeink gyakorlatba átültetését kellő óvatossággal kell végezni. Ugyanakkor a jövőben érdemes folytatni a vizsgálatot a fentiek szerint szabályozott legeltetés hatásáról, élőhelytípusonként vizsgálva a legelőnyomást.

Természetvédelmi biológia tagozat

BUDAI MÁTYÁS*budaimatyas@gmail.com*

Biológia

BSc, 5. félév

Állatorvostudományi Egyetem

*Témavezetők:**Dr. Korsós Zoltán**egyetemi docens, ATE**Mizsei Edvárd**projekt és monitoring koordinátor, Kiskunsági Nemzeti Park Igazgatóság, LIFE HUNVIPHAB***Gyephasznosítási módok hatása három hüllőfaj (*Vipera ursinii*, *Lacerta agilis*, *Lacerta viridis*) abundanciájára a Felső-kiskunsági turjánvidéken**

A természetvédelmi biológia, az ökológia és a biogeográfia tudományában kulcsfontosságú a populációk nagyságát és egyedsűrűségét meghatározó tényezők megismerése. A gyepekhez kötődő fajok, mint például a rákosi vipera (*Vipera ursinii rakosiensis*) számára különösen nagy jelentőséggel bír az élőhelyük kezelési módja. A kutatás célja, hogy a rákosi viperaélőhelyein leginkább elterjedt három gyephasználati mód, azaz a legeltetés, a kaszálás és a kaszáló-legelő váltó hasznosítások hatását vizsgáljuk az élőhelyén előforduló hüllőfajok denzitására. A vizsgálatot a Kiskunsági Nemzeti Park területén található Peszéradacsi-réteken végeztük egy őszi és egy tavaszi aszpektus időtartama alatt. Az adatgyűjtés gyephasznosítási módonként 3-3 db 1 hektáros kvadrátban valósult meg, amelyekben ismételt mintavétel ($n=15 \times 9$) során rögzítettünk minden hüllőészlelést és a hüllők aktivitását leginkább befolyásoló operatív hőmérsékletet. Az adatok elemzéséhez n -mixture modelleket és modellszelekciót alkalmaztunk. A két aszpektus adatait fajonként külön-külön vizsgáltuk azon fajok esetében, ahol min. 5 megfigyelést rögzítettünk. A felmérések során az élőhelyeken előforduló összes hüllőfajt megfigyeltük, de csak a zöld gyík (*Lacerta viridis*, $n_{\text{ősz}}=607$, $n_{\text{tavasz}}=241$), a fürgye gyík (*Lacerta agilis*, $n_{\text{ősz}}=137$, $n_{\text{tavasz}}=917$) és rákosi vipera ($n_{\text{ősz}}=10$, $n_{\text{tavasz}}=0$) esetében sikerült a minimálisan szükséges észlelésszámot elérni, ezért csak ezen fajok adatait elemeztük. Az adatokra a zéró-felfűjt Poisson és a negatív binomiális hibaeloszlású modellek illeszkedtek legjobban, amelyek eredményei alapján a vizsgált fajok észlelhetőségét minden esetben szignifikánsan befolyásolta az operatív hőmérséklet, kivéve a zöld gyík őszi felmérését. A rákosi vipera és a fürgye gyík denzitására a legelő gyephasznosítási mód szignifikánsan pozitív hatású, míg a kaszáló és kaszáló-legelő váltó hasznosítások negatív nem szignifikáns hatásúak voltak. A zöld gyík denzitására a gyephasznosítási mód nem mutatott hatást. A veszélyeztetett rákosi vipera és a fürgye gyík számára a legeltetés az ideális gyephasznosítási mód az eredményeink szerint. Ezek figyelembevételével a természetvédelmi, illetve fajmegőrzési célú élőhelykezelések hatékonysága érdekében a kaszálás és a kaszáló-legelő váltó gyephasználat helyett a legeltetést kell előtérbe helyezni, ezáltal elősegítve a gyepeken élő fajok védelmét.

Természetvédelmi biológia tagozat

HORVÁTH ANNA*horvath.anna1104@gmail.com*

Biológia és magyar tanár, középiskolai

Osztatlan, 5. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Horváth András**biológia tanár**Dr. Kalapos Tibor**egyetemi docens, ELTE TTK*

A Kisszékelyi-völgy természeti értékeinek felmérése

A Tolna megyében fekvő Kisszékelyi-völgy természetvédelmi területté nyilvánításának előkészítéseként a völgy természeti értékeinek felmérését végeztem el, és elkészítettem a terület természetvédelmi kezelési tervét. A dokumentáció alapjául a 121 hektáros terület vegetációtérképezése szolgált. A terepmunka során az élőhelyfoltokat térképen rögzítettem, majd a felvett adatokat térinformatikai programmal értékeltem. Az erdőzóna és erdőssztyepp zóna határán elterülő tájra sokféle élőhelytípus mozaikja jellemző, így pl. nádasok, magassásosok, mocsárrétek, füzesek, löszgyepek és tölgyes erdőfoltok egyaránt előfordulnak, melyek közül több jó természetességi értékkel rendelkezik. Ez a sokszínűség nagyszámú védett állatnak nyújt életteret. Inváziós növényfajok közül a magas aranyvessző és a fehér akác összesítve 19%-os arányban fordul elő az élőhelyfoltokban, természetvédelmi intézkedés szükséges ellenük. Bár mesterséges élőhelyek is jelen vannak, a völgy fontos ökológiai folyosó. A központi helyzetű Kisszékelyi-patak vízminőség-vizsgálata is megerősítette a terület értékességét, s indokoltá tette a széleken pufferzóna kialakítását. A terület egy része közvetlenül a falu belterülete szomszédságában fekszik. A tájhasználat történet elemzése alapján a kedvező állapot fennmaradása többek között a falu környéke múltbéli és jelenlegi extenzív hasznosításának köszönhető. Az elkészült javaslat alapján természetvédelmi oltalom alá került a terület.

Természetvédelmi biológia tagozat

HORVÁTHNÉ DANI BRIGITTA ROXÁNA*danibrigiroxi@gmail.com*

Kémia (természettudományi gyakorlatok);

természetismeret-környezettan tanár

Osztatlan, 7. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Berzsenyi Dániel Pedagógusképző Központ

Témavezető:

*Dr. habil. Skribanek Anna**főiskolai tanár, ELTE BDPK*

Háztartási mosószerek és a zero waste mosás környezeti hatásának vizsgálata.

A manapság újra előtérbe kerülő környezetbarát mosási lehetőségekkel rengeteg cikk és blog foglalkozik. Célunk a kereskedelmi forgalomban kapható komplex mosószerek és öblítők, valamint egy környezetbarát alternatíva a mosószappanból készített mosóoldat és ecet, mint öblítő ökotoxicitásának összehasonlítása.

Hatóanyagaik ökoszisztémára gyakorolt hatásával sok kutatás foglalkozik, azonban ebben a munkában az összetevők együttes hatását vizsgáljuk a kereskedelmi forgalomban kapható komplex mosószerek és öblítők esetén.

Kutatásunk során a mosószer-, illetve öblítő oldatok adagolási útmutató szerinti, illetve annál töményebb koncentrációiban vizsgáltuk a *Triticum aestivum* egyedek csírázását, növekedését, karotin- és klorofilltartalmát, peroxidáz enzimaktivitását és a II. fotorendszer maximális kvantumhozamát.

A mosószerek és öblítők csírázásgátlása csak nagy töménységű oldatoknál volt megfigyelhető. Méretbeli különbségek már a legkisebb vizsgált koncentrációban is jelentkeztek. A gyökerek mérete intenzívebben csökkent, mint a hajtásoké. A fotoszintetikus pigmentek mennyisége a szappan esetében nem csökkent szignifikánsan, a komplex mosószerek esetében viszont már kis (5 ml/l-es) koncentrációnál is szignifikánsan csökkent.

Hipotéziseinket a vizsgálataink igazolják, miszerint a szappanoldat kevésbé gátolja a növények csírázását, növekedését és fiziológiai tulajdonságait, mint a kereskedelmi forgalomban kapható komplex mosószerek, emiatt jó környezetbarát alternatívája lehet a szintetikus mosószerekkel való mosásnak, az ecet pedig jó környezetbarát megoldást jelenthet az öblítőszer használata helyett.

Természetvédelmi biológia tagozat

KÖNCZEY BORÓKA*boroka.konczey@gmail.com*

Környezetvédelem és monitoring

MSc, 4. félév

Sapientia Erdélyi Magyar Tudományegyetem

Kolozsvári Kar

*Témavezető:**Urák István**egyetemi docens, RO EMTE KVK*

**Tanösvény pókközösségek szerkezetére gyakorolt hatásának tanulmányozása
tőzeglápban**

Románia legnagyobb tőzeglápjája a Poiana Stampei-tőzegláp (694,6 ha), amely a Keleti-Kárpátok északi részén, a Kelemen-havasok Nemzeti Park észak-nyugati sarkában, a Dorna-völgyében található Natura 2000-es védett terület (ROSCI0247) és nemzetközi jelentőségű vizes élőhely (Ramsar Site no. 2003). Területét átszeli egy közel 1 km hosszú tanösvény (deszkapalló), amelyet 2020-ban teljes hosszában felújítottak.

Célul tűztük ki, hogy megvizsgáljuk ennek a tájidegen építménynek a pókközösségek szerkezetére gyakorolt hatását. A mintavétel egyeléssel (kézi gyűjtés) és talajcsapdákkal történt 2021 május 10-24 közötti időszakban. A palló mentén haladva, egymástól 10 m távolságra 20 talajcsapdát helyeztünk el (10 darabot a lucossal borított lápban és 10-et az erdei fenyvesszel borítottban) és kontrollként további 20 talajcsapdát minden palló alatti csapdától minimum 10 méterre a láp belsejében.

Összesen 353 pókot gyűjtöttünk, és 38 pókfajt mutattunk ki 13 családból, melyek közül az *Anguliphantes tripartitus* (Miller & Svatoň, 1978) vitorláspók (Fam. Linyphiidae) új faj Románia faunájára. Összehasonlítottuk az élőhelyek pókközösségeit és indikátorfaj-analízissel kimutattuk az egyes élőhelyekre jellemző indikátor fajokat. Négy olyan pókfajt találtunk, amelyek mindkét erdőtípus esetében kizárólag a kontroll területeken fordulnak elő, és egy pókfajt (*Nusoncus nasutus*), amely kizárólag csak a palló alatt volt jelen.

A nemmetrikus sokdimenziós skálázás (NMDS) is szemlélteti, hogy a kontroll- és a palló pókközösségének szerkezete jelentős eltérést mutat. Kutatásunk eredményei bizonyítják, hogy a Poiana Stampei-tőzeglápban kiépített palló hatással van a pókközösségek összetételére: vannak olyan pókfajok, melyek kerülnek a pallót és vannak fajok, melyek kizárólag csak a palló alatt és a palló közvetlen közelében fordulnak elő.

Természetvédelmi biológia tagozat

FADDI ELIZA KÍRA*faddielizakira@gmail.com*

Hidrobiológus

MSc, 1. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Móra Arnold**egyetemi docens, PTE TTK*

A szitakötő-együttesek kiszáradás-indukált változásai Európa különböző klímájú területein

Napjaink egyik legnagyobb problémája az ember okozta globális felmelegedés és vonzata, a klímaváltozás. A klímaváltozás indukálta kiszáradás világszinten érzékelhető, Európát is erőteljesen érinti a jelenség. Világszerte találhatóak megfogyatkozott vízterek és vízfolyások, megváltozott élővilággal, életterekkel együtt, ahol az élőlényeknek különböző alkalmazkodási mechanizmusokkal és túlélési stratégiákkal kell hozzá idomulniuk az új élőhelyekhez. A szitakötők igen érzékenyek az élőhely megváltozására, ezért ezen makrogerinctelenek megfelelő bioindikátorok arra, hogy feltérképezzük, van-e különbség a kiszáradó és állandó vízfolyások között. A kutatás célja, hogy megtudjuk, van-e eltérés a kiszáradó és állandó vízfolyások szitakötő-együttesei között Európa három, eltérő klímájú és a vízfolyások kiszáradásának különböző mértékben kitett területén. Megállapítottuk, hogy az állandó vízfolyások szitakötő-együtteseinek egyedszáma, fajszáma és diverzitása minden ország esetében nagyobb. A többváltozós elemzések (NMDS, kétutas PERMANOVA, egyutas PERMANOVA) különbségeket mutattak a szitakötő-együttesek összetétele, egyedszámuk és fajszámuk között Magyarország és Spanyolország esetében, míg Finnország esetében nem találtunk szignifikáns különbséget. Vizsgálatunkban a fajszám, az egyedszám és a diverzitás alapján megállapítható, hogy a szitakötőknek a kiszáradó vízfolyások nem kedveznek, és a rendszeresen hosszabb ideig kiszáradó vízfolyásokból teljesen eltűnnek, azonban egyes fajok (pl. Magyarországon a *Cordulegaster heros*) képesek túlélni a patakok rövid ideig tartó száraz periódusait, így előfordulásuk ezekben sem zárható ki.

Természetvédelmi biológia tagozat

GÖNDÖS DOROTTYA*gdorottya99@gmail.com*

Környezetmérnök

BSc, 4. félév

Óbudai Egyetem

Rejtő Sándor Könnyűipari és

Környezetmérnöki Kar

*Témavezető:**Dr. Bakó Gábor**témavezető, Interspect Kft.*

A Kolon-tó legújabb gémfelmérési adatai egy új módszerrel vizsgálva

A gémkolóniák, mint ökológiai indikátor tényezők információt szolgáltatnak számunkra egyes környezetben lejátszódó változásokról, mint például egy élőhely minősége, bolygatottsága vagy szennyezettsége, és segítségükkel vizsgálni tudjuk az élőhelyrekonstrukciós programok eredményességét, valamint betekintést nyerhetünk a telepek közelében történő egyes folyamatok tájra gyakorolt hatásaiba (Bakó et al. 2014). A korábban alkalmazott gémtelep felmérési módszerek (például a terepi bejárás, vagy a kifelbontású légifotókon történő fészekszámlálás, illetve a gyűrűző becslés) statisztikailag csak a fészekszámot illetően nyújtott megbízható adatokat. A madarak pontos számlálása érdekében került kidolgozásra, majd a Kolon-tó mintaterületen tesztelésre egy új, nagy magasságból végezhető költőtelep felmérési- és egyedszámlálási módszer, mely lehetővé teszi a pontos egyedszámok meghatározását anélkül, hogy megzavarná a madarakat természetes életfolyamataikban.

2018-tól fél cm terepi felbontású, 700 m terepfelületi magasságban 240 km/h-nál nagyobb terephez viszonyított sebességgel haladó repülőgépekről készített légifelvétel-sorozatok egy blokkban végbemenő feldolgozásával és ortorektifikálásával történik a kolóniák feltérképezése. Az ortorektifikálás során a távérzékelte képet torzulásoktól mentes, digitális képre alakítják át (Bakó et al. 2021). 2021 januárjától ebben a projektben vállalhattam részt Dr. Bakó Gábor témavezetésével, és a 2020 júniusában készített légi felvételek elemzését és kiértékelését QGIS program segítségével már a felügyelete alatt végezhettem. A programban lehetőség volt külön jelölni a fészkeket és az egyes madarakat, valamint az egyedek között is 3 csoportot alakítottunk ki kornak megfelelően. Ezen új módszer előnyei közé sorolandó még, hogy az egyedek legalább 14 ortofotón és további ferde kameratengelyű képen azonosíthatók, a képek 0,5 cm-es terepi felbontásának és a hozzávetőlegesen 20 cm-es geometriai pontosságnak köszönhetően az azonosítási pontosság növelhető, és ezzel egyidejűleg csökken a többszörös számlálás kockázata.

Kulcsszavak: gém, kolónia térképezés, populáció monitoring, egyedszámlálás, távérzékelés, légi felmérés

Természetvédelmi biológia tagozat

SZABÓ MÁRTON ZOLTÁN

bsmarci14@gmail.com

Biológus

MSc, 4. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Torma Attila Gyula

egyetemi adjunktus, SZTE TTIK

Egy új inváziós növényfaj (*Sporobolus cryptandrus*) hatása ízeltlábú-együttesekre

A szárazföldi ízeltlábúak diverzitása és tömegessége világszerte csökken. Ennek az aggasztó folyamatnak az egyik meghatározó oka a biológiai invázió. A szárazföldi ökoszisztémák esetében kiemelt jelentőségűek az inváziós növények, amelyek képesek lényegesen átformálni az előzőnlött élőhelyeket, így jelentős hatást gyakorolva az ízeltlábú-közösségekre is. 2016-ban a Kiskunságon az észak-amerikai eredetű homoki prérifű (*Sporobolus cryptandrus*) megjelenését észlelték. A homoki prérifű mára kiterjedt homogén állományokat képez és bizonyítottan negatív hatással van az őshonos növényközösségekre. Kutatásunk célja a homoki prérifű ízeltlábú-együttesekre gyakorolt hatásának felderítése volt. Négy különböző csoportot vizsgáltuk, hogy átfogóbb képet kapjunk: az egyenesszárnyúakat, poloskákat, futóbogarakat és a pókokat. A Kiskunság három eltérő területén – Imrehegy (erdőssztyepp foltok), Kiskunhalas (nyílt homoki gyep foltok) és Kecskemét (zavart, zárt homoki gyep foltok) – jelöltünk ki prérifűvel előzőnlött és kontroll (prérifűvel nem fertőzött) mintavételi helyeket. A prérifű ízeltlábú-együttesekre gyakorolt hatásának kimutatására az egyes ízeltlábú csoportok fajszámában, tömegességében és fajkompozíciójában lévő különbségeket vizsgáltuk az előzőnlött és kontroll mintavételi helyek között. Elemzésünk során GLMM-eket használtunk az ízeltlábúak faj- és egyedszámának az előzőnlöttségétől és az élőhelyektől való függésének megállapítására, az együttesek összetételében fellépő különbségeket pedig NMDS ordinációval ábrázoltuk és permutációs MANOVA-val teszteltük. A prérifű megjelenésére érzékenyen reagáló csoportokat a prérifű borítási grádiensével összefüggésben is vizsgáltuk. A talajszinten mozgó ízeltlábú-együtteseket (pókok, poloskák, futóbogarak) a prérifűvel való előzőnlöttség nem befolyásolta. Az egyenesszárnyúak és a növényzeten mozgó poloskák faj- és egyedszámára, valamint együttes-összetételére a prérifű szignifikáns hatással volt, noha a hatása eltért az egyes élőhely típusok esetében. A prérifű növekvő borítási aránya nagyobb faj- és egyedszám csökkenéshez vezetett az egyenesszárnyúak és a növényzeten mozgó poloskák esetében. Eredményeink szerint tehát a talajszinten mozgó ízeltlábú-együtteseket egyelőre nem befolyásolja a prérifű inváziója, a növényzeten mozgókra azonban erős, összességében negatív hatással van már az invázió jelenlegi mértékében is.

Tumor- és orvosi biológia tagozat

HAJDU TAMARA*tamarahajdu28@gmail.com*

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dóra Fanni**tudományos segédmunkatárs, Semmelweis Egyetem Anatómiai, Szövet- és Fejlődéstani**Intézet; Humán Agyszövet Bank**Dr. Dobolyi Árpád**egyetemi tanár, Eötvös Loránd Tudományegyetem Élettani és Neurobiológiai Tanszék;**Molekuláris és Rendszer Neurobiológiai Kutatócsoport*

Mitokondriális gének szelektív indukciója öngyilkosok parahippokampális kérgében

A kísérleti és klinikai megfigyelések arra utalnak, hogy az emberi agykérgi hálózatok funkcionális zavara és a pszichiátriai betegségek között szoros kapcsolat figyelhető meg. Az egyik ilyen agykérgi hálózat, a default mode hálózat (DMN) nyugalmi állapotban a legaktívabb és kritikus szerepet játszik hangulatzavarokban. Az elmúlt években egyre több nagy áteresztőképességű molekuláris biológiai vizsgálatot végeztek, azonban kevés fókuszált eddig a DMN releváns területeinek molekuláris változásaira. Közülük egy, a DMN ventrális régiójának, a parahippokampális kéreg (PHC) emelkedett aktivitását írta le öngyilkosságot megkísérelt depressziós betegekben. Mivel az öngyilkosság szempontjából releváns, és a DMN-hez tartozó agyi régiókban a mitokondriális gének változásait értékelő vizsgálatok teljes mértékben hiányoznak, ugyanakkor az emberi agykéreg mitokondriális működésének megváltozása hozzájárulhat a depressziós és az öngyilkos viselkedés kialakulásához, célul tűztük ki 11 trikarbonsav (TCA)-ciklus enzimegység fehérjeexpressziójának vizsgálatát öngyilkosok PHC-ében fordított fázisú protein array (RPPA) segítségével. Vizsgálatainkhoz 13 kontroll és 11 öngyilkos beteg agyából vett mintákat használtunk fel. A PHC mellett a vele közvetlenül szomszédos régió, az entorhinális kéreg (EC) fehérjeexpresszióját is megmértük. Vizsgálataink szerint a DLD, OGDH, SDHB, SUCLA2 és SUCLG2 alegységek fehérjeszintje szignifikánsan megemelkedett az öngyilkosok PHC-jében, azonban az EC-ben változás nem volt tapasztalható. Annak megállapítására, hogy a fehérjeexpressziós változások mögött transzkripciós szabályozás áll-e, megmértük a szignifikánsan változó enzimegységek mRNS-expresszióját valós idejű kvantitatív PCR (RT-qPCR) segítségével. Az öt szignifikánsan változó enzimegység közül három esetében szignifikáns mRNS-szint emelkedését figyeltük meg, ami a transzkripciós szabályozás részvételére utal. Az öngyilkosok PHC-jében megemelkedett TCA-ciklus enzimegységek részt vesznek a α -ketoglutarát fumaráttá történő átalakításában, ami a glutaminolízis fokozódását is jelenti. Ez növelheti a PHC neuronok energiaellátását, hozzájárulhat az öngyilkosokban megemelkedett aktivitásukhoz. Mindezek alapján elmondható, hogy az öngyilkos áldozatok PHC-ében bekövetkező változások új felfedezéseket jelentenek az öngyilkos viselkedés tekintetében.

Támogatás: MTA-NAP3 és NKFIH OTKA K134221.

Tumor- és orvosi biológia tagozat

TOLDI TEODÓRA*tolditeodora007@gmail.com*

Biológus

MSc, 5. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Fancsovits Péter**tudományos főmunkatárs és laborvezető embriológus, SE ÁOK**Nemes Annamária**embriológus, SE ÁOK*

Endometriózisos betegek *in vitro* fertilizációval létrejött blasztocisztáinak vizsgálata time-lapse technika alkalmazásával

Endometriózis esetén a méhnyálkahártyát alkotó endometrium a méh üregén kívül is megjelenik. A kórkép jellemzően fájdalmas menstruációval, kóros kismencedei fájdalommal és akár meddőséggel is társulhat.

Tanulmányunkban az endometriózis megtermékenyülésre, embriófejlődés ütemére, embrió-morfológiai jellemzőkre, blasztociszta fejlődési állapot elérésének valószínűségére, blasztociszta-minőségre, valamint beágyazódásra gyakorolt hatását vizsgáltuk *in vitro* fertilizációs kezelések során.

A vizsgálatban endometriózisos betegek (Endo+) embrióinak fejlődését vetettük össze egyéb okból meddő párok (Endo-) embriófejlődésével, time-lapse technika (TLT) segítségével. A TLT állandó tenyésztési feltételeket biztosít, az embriófejlődésről folyamatos megfigyelést és dokumentációt tesz lehetővé.

A 150 vizsgált ciklus 75 Endo+, 75 Endo- arányban oszlott el. A megtermékenyülési arány (73% vs. 65,4%, $p=0,037$) magasabb volt az Endo+ csoportban. A két csoport embriói hasonló ütemben fejlődtek, az Endo+ csoport embriói a korai osztódás során gyengébb morfológiai értékkel rendelkeztek (39,8% vs. 50,3%, $p=0,03$), ugyanakkor nagyobb eséllyel fejlődtek blasztocisztává (74,6% vs. 57,5%, $p<0,01$), azonban azok minőségében, ill. a klinikai terhesség arányában jelentős különbség nem mutatkozott.

A kapott adatok arra utalnak, hogy az endometriózisos betegek embriói hasonló ütemben, de valamivel gyengébb minőségben fejlődtek az egyéb okból meddő párok embrióihoz képest.

Tumor- és orvosi biológia tagozat

DR. BOGNÁRNÉ HUSZÁR ANNAMÁRIA*huszarannamaria@gmail.com*

Biológus MSc

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Hegyesi Hargita**egyetemi docens (SE), SE ÁOK*

Szívizomkárosodás molekuláris markereinek vizsgálata

A daganatok elleni küzdelemben a terápiás lehetőségek fejlődésének köszönhetően megnőtt a betegek túlélési esélye. Ezzel egyidejűleg mind nagyobb figyelmet kapnak a kemoterápia szövődményei, különösképpen az antraciklinek (pl. doxorubicin) kardiotoxikus és immunmodulátor hatása. Számos sejttípus az aktuális állapotának megfelelően extracelluláris vezikulákba (EV) csomagolt molekulák által befolyásolja más sejtek működését. Jelenleg kevés adat áll rendelkezésre azzal kapcsolatban, hogy az EV-knek milyen szerepe van a kardiotoxicitás kialakulásában.

Célkitűzéseink között szerepelt az EV-transzfer bizonyítása szívizomsejtek és makrofágok között. Doxorubicin (Dox) és egy Dox-konjugátum (DL-11) közvetlen hatásának vizsgálata HL-1 egér szívizomsejt sejtvonalon és C57/Bl egérből izolált peritoneális makrofágokon. Dox és DL-11 által kezelt kardiomiocita EV-k génexpresszióra gyakorolt hatásának összehasonlítása a makrofágokban.

Az EV-transzfer bizonyítására a kardiomiocitákat felnőtt szívizomból izoláltuk, melyek EGFP-t fejeznek ki. A makrofágok EV felvételét Celldiscoverer mikroszkóppal követtük nyomon. A Dox és DL-11 kezeléseknél kitett sejtek viabilitását xCELLigence platformon, a génexpressziós változásokat valós idejű PCR-rel mértük. A kardiomiocita EV-k hatását a makrofágokra Nanostring (PanCancer Immune Profiling) expressziós panelen határoztuk meg.

Bizonyítottuk, hogy a szívizomsejtekből származó EV-ket a makrofágok felveszik. A DL-11 a kontrollhoz képest $88,69 \pm 2,89\%$ -ra, a Dox $50,54 \pm 2,64\%$ -ra csökkentette a szívizomsejtek viabilitását. Ugyanakkor, a kardioprotektív MHRT (Myosin Heavy Chain Associated RNA Transcripts) expressziója $12,97 \pm 5,63$ - és $2,85 \pm 1,4$ -szeresre nőtt. A makrofágok esetében a DL-11 kezelés kevésbé emelte ($6,22 \pm 2,04$ vs. $12,38 \pm 10,09$) a FOSL1 (AP-1 Transcription Factor Subunit) kifejeződését. Dox-nel kezelt kardiomiocita EV-k hatására az expressziós mintázat a korai öregedés és gyulladásos génontológiai kategóriára mutat, az expresszió-változás DL-11 esetében mérsékeltebb. Mindkét csoportban kiemelkedő a Cdkn1a (Cyclin Dependent Kinase Inhibitor 1) expressziója (4,54- vs. 7,8-szoros).

Kísérleteink alapján feltételezhető, hogy a DL-11 - szemben a doxorubicinnal - kevésbé fokozza a makrofágok gyulladásos válaszát, és az MHRT indukción keresztül szerepet játszik a kardiotoxicitás mérséklésében. A DL-11 enyhébb mellékhatás profilú, ezért előrevetíti, hogy a doxorubicinnál előnyösebb kemoterápiás hatóanyag lehet a jövőben.

Tumor- és orvosi biológia tagozat

ÁRKI VIRÁG

arkivirag@gmail.com

Biológia

MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Wilhelm Imola**tudományos főmunkatárs, Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Biofizikai Intézet,**Neurovaszkuláris Egység Kutatócsoport**Dr. Fazakas Csilla**tudományos munkatárs, Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Biofizikai Intézet,**Neurovaszkuláris Egység Kutatócsoport*

Az emlőkarcinóma exoszómák által okozott miRNS és mRNS változások a vér-agy gátat alkotó endotélsejtekben

Az agyi metasztázisok a felnőtt lakosság körében a leggyakrabban előforduló intrakraniális daganatok, melyekre igen rossz prognózis és korlátozott terápiás lehetőségek jellemzők. A leggyakoribb primer daganatok, amelyek agyi áttéteket alakítanak ki, a melanóma, a tüdőkarcinóma és a mellrák. Utóbbiak közül a tripla negatív emlőkarcinóma az, amelyik kifejezetten hajlamos agyi metasztázis kialakítására.

Ahhoz, hogy a daganatos sejtek agyi áttéteket képezhessenek, át kell jutniuk a vér-agy gáton, amely az agyi kapillárisok endotélsejtjeit összekötő szoros kapcsolatok és egyéb védelmi vonalak segítségével, szelektív filterként védelmezi a központi idegrendszert. Az áttétképzés előkészítésében jelentős szerepe van a tumorsejtekből származó exoszómáknak. Az exoszómák 30-200 nm-es extracelluláris vezikulák, amelyek többek között funkcionális mikroRNS-eket is szállítanak, amelyekkel képesek megváltoztatni számos gén expresszióját a célsejtekben.

Kísérleteink során szerettük volna megérteni, hogy hogyan befolyásolják a tripla negatív emlőkarcinóma sejtekből származó exoszómák az agyi endotélsejteket. Megvizsgáltuk, hogy a tumor eredetű exoszómák bejutnak-e az agyi kapilláris endotélsejtekbe, illetve hogy milyen expressziós változásokat indukálnak ezekben a sejtekben. Munkám során bioinformatikai és adatbázis-elemzéseket, valamint immunfluoreszcenciás vizsgálatokat és polimeráz láncreakciót végeztem.

Eredményeink azt mutatták, hogy az agyi kapilláris endotélsejtek felvették a tripla negatív emlőkarcinóma sejtekből izolált exoszómákat, melyeknek hatására az endotélsejtekben jelentősen megnőtt az mmu-miR-146a-5p mikroRNS szintje. Ezek után bioinformatikai elemzéssel kiválasztottunk öt potenciális célgént, melyeknek expresszióját szabályozhatja az mmu-miR-146a-5p. Ezek a Traf6, az Irak1, a Numb, a Med1 és a Paqr5. Polimeráz láncreakcióval megvizsgáltuk ezen gének kifejeződésének változását a tripla negatív mellráksejtekből származó exoszómáknak kitett agyi endotélsejtekben, és mind az öt gén expressziós szintjében szignifikáns csökkenést tapasztaltunk. Adatbázis-elemzés alapján a Paqr5, amely egy membrán progeszteron receptor, szinte kizárólag endotélsejtekben expresszálódik az agyban. Jelenleg azt vizsgáljuk, hogy a Paqr5 csökkenése az agyi endotélsejtekben segíti vagy gátolja a tumorsejtek agyi metasztázisképzését.

Tumor- és orvosi biológia tagozat

SZÚCS KATA DORINA*katacsu@gmail.com*

Orvosi Biotechnológia

MSc, 5. félév

Pázmány Péter Katolikus Egyetem

Információs Technológiai és Bionikai Kar

*Témavezetők:**Garay Tamás**Egyetem adjunktus, PPKE ITK**Hegedűs Balázs**Tudományos Főmunkatárs, Translational Thoracic Research Laboratory, University**Medicine Essen - Ruhrlandklinik, Germany***Új mezotelióma sejtvonalak érzékenységének vizsgálata dasatinib és nintedanib kombinált kezelés hatására**

A malignus mezotelióma egy magas letalitású daganatos megbetegedés, amelynek kezelésére csak korlátozott lehetőségek állnak rendelkezésre. Szöveti típusa szerint a mezoteliómát három fő csoportba oszthatjuk (epitelioid, bifázisos, szarkomatoid), amelyek befolyásolják a prognózist. Az angiogenezis kulcsfontosságú szerepe a mezotelióma progressziója során is bizonyított, így kísérleteink során az anti-angiogén nintedanib és dasatinib hatékonyságát vizsgáltuk. Munkánk hipotézise az volt, hogy a két hatóanyag kombinációja fokozott hatékonysággal gátolja a sejtek proliferációját.

Vizsgálataink során 6 malignus pleurális mezotelióma sejtvonalat (PF142, PF434, PF531, PF588, PF626, PF655) kezeltünk a hatóanyagokkal egyenként, illetve azokat kombinálva. A nintedanib és a dasatinib toxicitását rövidtávú életképességi teszttel, szulforodamin B festék (SRB-assay) segítségével vizsgáltuk. A bifázisos PF142 bizonyult mindkét készítményre a legérzékenyebbnek, míg az epithelioid PF588 és PF655 sejtvonalak mutatkoztak a legkevésbé reszponzívoknak a nem-kombinált kezelésekre. A nintedanib és dasatinib együttes hatásában szinergizmus (PF142, PF626, PF655) vagy additivitás (PF434, PF531) volt megfigyelhető. A mechanizmusok megértése érdekében vizsgáltuk a hatóanyagok hatását a sejtciklus változásra. A kísérletek során a subG1, G0/G1, S és G2/M fázisban levő sejtek arányát vizsgáltuk a kontrollhoz viszonyítva. A kombinált kezelés az érzékeny sejtvonalakban sejtciklusgátló (PF142, PF655) és sejthalál indukáló (PF434, PF531) hatással bírt. Immunoblot módszer segítségével vizsgáltuk a sejtekben a tumorprogresszióban szerepet játszó fehérjék (tSRC, pSRC, tFAK, pFAK(Tyr397), pFAK(Tyr576/577), tERK, pERK, tAKT, pAKT) expressziójának, illetve foszforilációjának változását a kezelések hatására. A vizsgálat során a nintedanib paradox módon indukálta a SRC foszforilációját, amely hatást a dasatinib képes volt ellensúlyozni, ezáltal növelve a nintedanib hatékonyságát.

Eredményeink alapján elmondhatjuk, hogy a dasatinib és a nintedanib együttes adása hatékonyabb tumorelles választ váltott ki a vizsgált sejteken, mint a két anyag külön-külön. Kiemelendő, hogy a kombinált kezelés a különösen rossz prognózisú szarkomatoid szubtypus esetében is hatékonynak bizonyult. Eredményeim segítettek a kutatás további irányának kijelölésében, valamint alapjául szolgáltak a 2022-ben a Frontiers in Cell and Developmental Biology folyóiratban megjelent publikációnak.

Tumor- és orvosi biológia tagozat

ONHAUSZ BENITA*benitaonhausz@gmail.com*

biológia-kémia osztatlan tanári

Osztatlan, 12. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Bódi Nikolett**habilitált egyetemi adjunktus, SZTE TTIK*

Toll-like receptor 4 bélszakasz-specifikus expressziójának vizsgálata 1-es típusú diabéteszes patkányok myentericus neuronjaiban

A gyomor-bél traktus számos feladatot lát el, többek között szerepet játszik a tápanyagok abszorpciójában, szekréciójában, a bél motilitásában. Ezen sokrétű feladatok összehangolását az enterális idegrendszer végzi. Az 1-es típusú diabétesz gyakran okoz gasztrointesztinális zavarokat, amelynek hátterében a myentericus neuronok károsodása áll. Korábban megfigyeltük, hogy a nitrerg neuronok különböző mértékben sérülnek diabétesz során, valamint az inzulinkezelés is bélszakasz-specifikus hatást mutatott.

Korábban kutatócsoportunk már kimutatta, hogy a diabéteszes állatmodellekben a mikrobióta-összetétel regionálisan változik a különböző bélszakaszokban. A Toll-like receptor 4 (TLR4) a Gram-negatív baktériumok falában található lipopoliszacharidot ismeri fel ligandjaként, így jelenlegi kutatásunkban a TLR4 expresszióját vizsgáltuk kezeletlen és inzulinkezelt diabéteszes patkányok különböző bélszakaszaiban.

Kísérleteink során hím, Wistar patkányokat használtunk, melyeket véletlenszerűen három csoportra osztottunk: kontroll, kezeletlen diabéteszes és inzulin-kezelt diabéteszes csoportra. A hiperglikémiát egyszeri, intraperitoneális streptozotocin injekcióval indukáltuk. A kísérlet tíz héten át tartott, majd mintát vettünk a különböző bélszakaszokból, ezekből ultravékony metszeteket készítettünk és posztembedding immunhisztokémiát követően elektronmikroszkóppal vizsgáltuk.

Eredményeink alapján elmondható, hogy a TLR4 arany szemcsék expressziója a kontroll állatok esetében a bélcsatorna hossz tengelye mentén disztális irányba haladva növekvő tendenciát mutatott. A kezeletlen diabéteszes állatok esetében a TLR4 denzitása a duodenumban szignifikánsan növekedett, a colonban szignifikánsan csökkent, míg az ileumban nem változott. Az inzulinkezelés mellett a TLR4 expressziója kontroll szinten maradt a duodenum és colon bélszakaszokban.

A TLR4 expresszió diabéteszhez köthető bélszakasz-függő változásának hátterében a bél mikrobióta megváltozott összetétele állhat, és ezek a változások hozzájárulhatnak a diabéteszes nitrerg neuropátia kialakulásához.

Tumor- és orvosi biológia tagozat

ZAKÁR ADRIENN

zakar.adri99@gmail.com

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezetők:

Dr. Fancsovits Péter

tudományos főmunkatárs és laborvezető embrióológus, SE ÁOK

Nemes Annamária

Klinikai embrióológus, SE ÁOK

A blasztociszta fejlődés jellemzői és a humán *in vitro* fertilizációs kezelések kimenetele közti összefüggések vizsgálata time-lapse technológia alkalmazásával

Humán *in vitro* fertilizációs kezelések során fontos a jó minőségű embriók kiválasztása. Számos módszer és irányelv létezik ennek megállapítására. Napjainkban, a time-lapse technológia (TLT) lehetőséget ad arra, hogy az embriók fejlődését folyamatosan nyomon követhessük.

A tanulmány célja, hogy az *in vitro* fertilizációs kezelések során beültetésre váró embriók kiválasztásához új szelekciós paramétereket keressünk TLT segítségével. Vizsgáltuk, hogy a blasztociszta stádiumú embriók morfológiai és morfokinetikai jellemzői milyen összefüggésben állnak a beágyazódás esélyével.

102 beültetett embrió fejlődését vizsgáltam TLT segítségével. A tanulmányba azon kezelésekből származó embriók kerültek beválasztásra, melyek a beültetés napjára elérték az expandált blasztociszta állapotot, valamint a ciklus során csak 1 embrió került beültetésre, és a beágyazódási és terhességi kimenetek ismertek voltak. Megmértem az expandált blasztociszták legnagyobb keresztmetszetben mért átmérőjét és területét, valamint a belső sejtcsoport (ICM) átmérőjét és területét a beágyazódás után eltelt 112-116 óra között. Vizsgáltam a sejtosztódás ütemét: a pronukleusz eltűnési idejét, a kétsejtes, a négysejtes, és a nyolcsejtes állapotok megjelenéséhez szükséges időt, valamint a blasztociszta állapot eléréséhez szükséges időt. Ezeken kívül vizsgáltam az embriófejlődést elemző mesterséges intelligencia által adott pontértéket (iDAScore), mely az embrió fejlődési mintázata alapján becsüli meg a beágyazódás valószínűségét. A vizsgált paramétereket összevettem a terhességet eredményező (T+) és terhességet nem eredményező (T-) embriók esetében.

A T+ embriók valamivel gyorsabb fejlődést mutattak a T- embriókkal szemben, illetve az embrió, valamint az ICM méretei is nagyobbak voltak ebben a csoportban, de az eltérés nem volt szignifikáns. Az iDAScore értékek a T+ csoportban szignifikánsan magasabbak voltak a T- csoporthoz képest ($9,1 \pm 0,4$ vs. $8,8 \pm 0,8$, $p=0,013$).

Eredményeim a beágyazódó embriók gyorsabb fejlődési ütemére, valamint nagyobb blasztociszta- és ICM méretekre utalnak, de ezen megfigyeléseket további, nagyobb esetszámú vizsgálatokkal tervezzük alátámasztani. A time-lapse felvételek elemzése alapján kalkulált iDAScore érték összefügg a beágyazódás várható esélyével, így segítségünkre lehet az embriók életképességének megítélésében.

Tumor- és orvosi biológia tagozat

NAGY VALENTINA*nagyvalen@gmail.com*

Biológus

MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Gyukity-Sebestyén Edina**tudományos munkatárs, ELKH Szegedi Biológiai Kutatóközpont*

**Plazmából izolált extracelluláris vezikulák Raman spektroszkópiai vizsgálata
tumordiagnosztikai célból**

A tumordiagnosztikai kutatások egyik fő iránya a nem-invazív, folyadékbiopszia alapú diagnosztikai módszerek fejlesztése. A különböző testfolyadékokban, így a vérben is megtalálható kis extracelluláris vezikulák (sEV) egyre nagyobb teret kapnak a tumordiagnosztikai kutatásokban. Szekréciójuk során a sejt típusától függően számos fehérje, lipid, nukleinsav és transzkripció faktor csomagolódik a vezikulákba. Ezáltal a sEV-k molekuláris mintázata tükrözi az azt kibocsátó sejtet és annak fiziológiás állapotát. A sEV izolátumok komplex molekuláris mintázata jól vizsgálható Raman spektroszkópiával, mely jelenleg egy kevésbé ismert, de ígéretesnek mutakozó rezgési spektroszkópiai módszer.

Kutatásunk célja megvizsgálni, hogy a különböző tumoros betegek vérplazmájából izolált sEV-k Raman spektruma alapján elkülöníthetők-e a vizsgált betegcsoportok.

A kutatás során összesen 82 plazma mintát vizsgáltunk meg öt betegcsoportból (glioblastoma multiforme, nem kissejtes tüdődaganat agyi metasztázisa, meningeóma, vastagbél daganat, melanóma és lumbális porckorongsérv, mint tumormentes kontroll). A sEV-ket differenciál centrifugálással izoláltuk és különböző módszerekkel karakterizáltuk. A mért Raman spektrumok analíziséhez Principal Component Analysis-Support Vector Machine (PCA-SVM) algoritmust használtunk. A klasszifikáció hatékonyságát szenzitivitás, specificitás és klasszifikációs hatékonyság értékekkel jellemeztük.

Az SVM modellel való klasszifikáció alapján megállapítottuk, hogy a vizsgált betegcsoportok 85-100%-os szenzitivitással és 81-100%-os specificitással különböztethetők meg a tumormentes kontroll csoporttól. A klasszifikáció átlagos hatékonysága 92,96% volt.

Eredményeink alapján, a vérplazmából izolált sEV-k Raman spektroszkópiai elemzése ígéretes módszer lehet a különböző daganatos betegségek diagnosztizálására.

Tumor- és orvosi biológia tagozat

SZŐCS BORÓKA

szocs_boroka@yahoo.com

Biológia

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Márialigeti Károly**Egyetemi tanár, ELTE TTK**Moni Róbert**Doktorandusz, BME VIK*

Gépi tanuláson alapuló tumoros szövetfelismerés Stimulált Raman-szórás mikroszkóp felvételből

A rákbetegségek kezelése az orvostudomány számára még ma is komoly kihívást jelent. E területen nagyszámú kutatás zajlik, hiszen aktuális probléma megoldását szeretnék elérni a kutatók. A rákdiagnosztikában mindig is fontos szerepet játszott a mikroszkópia. A különböző mikroszkópok fejlődésével a diagnosztika is fejlődött. A hagyományos mikroszkópos diagnosztikai módszerek legtöbbször körülményes festési technikákat igényelnek, ami lassítja a diagnózis felállítását. Dolgozatomban egy új jelölésmentes detektálási módszert, a Stimulált Raman-szórás mikroszkópia (SRS) eljárását használtam rákos szövetek vizsgálatára. Ez egy új és hatékonyabb rákdiagnosztikai módszerként szolgálhat, amely potenciálisan gyorsabb az eddigieknél, köszönhetően annak, hogy jelölésmentes. Nincs szükség tartósításra, paraffinálásra és a metszetek elkészítése sem igényes, mivel nem igényel vékony, egyenletes vastagságú metszeteket, ez pedig a korábbiaknál gyorsabb diagnosztikai eljárást biztosíthat. Rákos hasnyálmirigy szöveteket vizsgáltunk és ezekről fényképeket készítettünk, melyeket gépi tanuláson alapuló programmal elemeztünk. A mesterséges intelligencia (AI) alkalmazása is fejlődő tudományterület, amely szintén újdonságot jelent, hiszen ezáltal történt az adatfeldolgozás. A biológia területén is egyre elterjedtebb. Napjainkban ugyanis egyre több adat és tudományos eredmény keletkezik a képalkotási módszerek terjedésével, illetve a nagy áteresztőképességű korszerű vizsgálati eljárások révén. Viszont egyre kevesebb a szakértő, akik ezeket elemezhetik, illetve az időhiány is korlátozza e nagymennyiségű adat feldolgozását. A folyamatosan bővülő kutatási eredmények feldolgozásában az AI nagy segítséget nyújthat, segítheti a klinikusok munkáját, a diagnózisok gyorsaságát és pontosságát. Az eredmények azt mutatják, hogy az SRS mikroszkópi módszer alkalmazása, illetve a mesterséges intelligencia bevonása távoli célként szolgálhat a mikroszkópos műtét közbeni diagnosztika kifejlesztésére.

Kulcsszavak: Stimulált Raman-szórás mikroszkópia, gépi tanulás, rákdiagnosztika, hasnyálmirigy (pancreas)

Szerző hallgatók listája

A, Á

Ábrahám Ágota · 144
Alzheimer Kevin · 149
Anu Bazarragchaa · 97
Árki Virág · 222
Arrasz Nikolett · 172

B

Bakacsi Anna Virág · 185
Bakos Viktória · 91
Balázs Villő · 151
Balogh Boglárka · 177
Barta Henriett · 70
Bartalovics Bea · 121
Bauer Krisztina Rita · 175
Békési Csaba · 122
Bélteki Dorka · 143
Bensaali-Nemes Flavie · 96
Bíró Zsolt · 119
Bokor Barbara · 82
Borosta Roberta · 113
Budai Mátyás · 212
Bujnóczki Noémi · 93

C

Cheung Teur Teur Sally · 98

Cs

Csikós Klaudia · 180
Csizmadia Zsombor · 189
Csonka Veronika · 88
Csorba Zsóka · 84
Csótai Zsófia · 184

D

Dani Virág Éva · 79
Darai Luca · 173
Dénes Laura · 68

Deutsch Norbert · 60
Dobai Dóra Mária · 196
Dobos Petra · 90
Doktor Klára · 208
Dósa Anna · 165
dr. Bognárné Huszár Annamária · 221

E, É

Elek Balázs · 59
Engel Botond · 112
Eszenyi Bálint Dénes · 146

F

Faddi Eliza Kíra · 216
Falcsik Gergő · 158
Farkas Emese Vivien · 73
Ferencz Kamilla · 203
Ferge Dávid · 52
Flaisz Dominika · 142
Fodor Kinga · 154
Földi Péter · 188
Fülöp Anna Tácia · 64

G

Gagyí Réka-Andrea · 204
Galambos Dóra Viktória · 85
Gazdik Melinda Erika · 183
Geiszelhardt Eszter · 164
Gosztonyi Bence · 59
Göndös Dorottya · 217
Guller Zsófia Eszter · 205

Gy

Gyenesei Katalin Éva · 89

H

Hajdu Tamara · 219
Hampuch Ádám · 166
Hampuch Péter · 137

Haranghy Laura · 80
Hargitai Dávid · 153
Harmath Andrea · 81
Hatt Róbert · 192
Hegedűs Csaba · 195
Henkrich Miksa · 78, 105
Hócza Szabolcs · 118
Hodunov Dávid · 109
Horváth Anna · 213
Horváth Barnabás · 72
Horváth Enikő · 157
Horváth Flóra Boglárka · 140
Horváthné Dani Brigitta Roxána · 214
Huynh Ngoc Khai · 169

I, Í

Inhof Áron · 136
Iván Zsanett Zsófia · 61

J

Jambrich Márton András · 66
Járay Tamás · 105
Juhász Gábor · 167

K

Kalocsai Nóra · 210
Károlyi Adél · 63
Katona Zoltán · 193
Kelemen Atilla-Botond · 179
Keresztes Fanni · 108
Kis Patrik · 123
Kis Szabolcs · 200
Kiss Karina · 134
Kiss Petra · 100
Kocsis Anna · 133
Kolozsvári Áron Olivér · 187
Komjáti Anna · 198
Kopasz Zoltán László · 145
Kovács Dóra · 124
Kovács Gergő · 55
Kovács Krisztina · 139
Kovács Márton · 114
Kovács Zsolt · 117
Kozma Bence Tamás · 132
Kozma Ferenc Sándor · 86
Könczey Boróka · 215

L

László Dalma · 69
László Szilvia · 75
Lehoczky Csilla · 162
Lenzinger Dorina · 155
Li Gábor · 201

M

Maácz Fruzsina · 171
Madár Valentina · 190
Maruzs Brigitta Alexandra · 74
Matiz Eszter · 129
Merber Richárd · 147
Milodanovic Dávid · 191
Mitró Gergő · 148

N

Nagrand Erika · 135
Nagy László · 120
Nagy Valentina · 226
Németh Ábel Csongor · 141
Németh Barnabás · 152
Németh Dóra · 156
Németh Dorina Mercédesz · 104
Németh Nelli · 147

Ny

Nyiri Márton Péter · 67
Nyisztor Bence · 206

O, Ó

Oláh Eszter · 99
Onhausz Benita · 224
Oszoli István · 65

Ö, Ő

Öskü-Opra Júlia · 128
Ősz Fanni · 110

P

Pálfi Péter · 194

Paller Éva · 125
Papp Rebeka · 77
Pék Ramóna · 159
Pisch Henriett · 209
Pletikoszity Gábor · 62

R

Rácz Dorottya Szilvia · 87
Radics Nóra · 197
Rák Gergő Attila · 211
Rákóczi Bettina · 161
Ratkai Bonita · 92
Rauch Enikő · 181
Rekecki Tibor · 50

S

Sági Stella Márta · 130
Sandle Joanna Grace · 182
Sándor Alexandra · 160
Sánta Ádám Tamás · 163
Sipos András · 71
Sólyomvári Csenge · 126
Susánszki Petra · 168

Sz

Szabó Kata · 107
Szabó Márton Zoltán · 218
Szathmári Benedek · 150
Szecskó Anikó · 131
Szekeres Anna Ágnes · 138
Szendi Vivien · 170
Szentkirályi-Tóth Soma · 174
Szerényi Szilárd · 49
Szigeti Balázs · 94
Szives András · 103
Szolga Dániel · 53
Szolnoki Zsuzsa Boglárka · 76
Szolyka Levente · 83
Szócs Boróka · 58, 227

Szócs Izabella-Szidonia · 102
Szűcs Kata Dorina · 223

T

Takács Péter · 56
Takács-Vágó Hunor · 51
Tisza Ádám Bálint · 54
Toldi Teodóra · 220
Tompos Gellért · 75
Tóth Anna Henrietta · 127
Tóth Balázs · 199
Tóth Benedek György · 202
Tóth Katalin Zsófia · 176
Turi Orsolya · 101

U,Ú

Ullaga György · 106

V

Váczy-Földi Máté · 116
Varga Gergő · 207
Velencei Anna · 178
Vig Viktor · 95
Vincze Virág · 111
Virág Nikolett · 115

W

Wenner Bálint Zsolt · 57

Z

Zakár Adrienn · 225

Zs

Zsigri Nikolett · 186

Témavezetők listája

A, Á

Albert Beáta · 69
 Alexa Anita · 68
 Andics Attila · 87, 96
 Andó István · 154
 Antal László · 120

B

Bakó Gábor · 217
 Bali Zsolt Kristóf · 187
 Bálint Emese-Éva · 75
 Barna János · 114
 Bátori Zoltán · 201
 Bereczki Zsolt · 95
 Berekméri Eszter · 179
 Bernula Péter · 80
 Boda Attila · 151
 Boda Pál · 122
 Bodai László · 113
 Bódi Nikolett · 224
 Bókony Veronika · 118
 Boros Marianna · 87
 Borsodi Andrea · 139
 Bozó Renáta · 129
 Bujna Erika · 99
 Buzás Edit · 128

C

Cinege Gyöngyi Ilona · 154
 Czégény Gyula · 198

Cs

Csabai Zoltán · 117, 123
 Csabai Zsolt · 79
 Csapóné Dr. Miczán Vivien · 61
 Csathó András István · 205
 Csernetics Árpád · 150
 Csiky János · 206
 Csizmadia Tamás · 165

D

Datki Zsolt László · 71
 Deli Mária · 133
 Dobolyi Árpád · 170, 172, 173, 219
 Dobson László · 66
 Dóra Fanni · 219
 Dosztányi Zsuzsanna · 60
 Dr. Mainé Dr. Csiszár Jolán · 196
 Dr. Máthéné Dr. Szigeti Zsuzsa · 85

E, É

Erdélyi Károly · 56
 Erdős Gábor · 60

F

Fancsovits Péter · 220, 225
 Faragó Tamás · 94
 Farkas Zsolt · 110
 Fazakas Csilla · 222
 Fenesi Annamária · 203, 204, 207

G

Gácsér Attila · 142
 Galgóczi László · 77
 Garay Tamás · 223
 Gáspári Zoltán · 74, 162
 Gazdag Zoltán · 136
 Göllöncsér Flóra · 171
 Gulyás Gábor · 78, 105

Gy

Gyukity-Sebestyén Edina · 226
 Gyurácz József · 56

H

Hajdu Tamás · 89
 Hájos Norbert · 188
 Hamari Zsuzsanna · 149
 Hangya Balázs · 178

Haracska Lajos · 163
Hegedűs Balázs · 223
Hegyesi Hargita · 221
Héninger Réka · 136
Henn László Dániel · 159
Hernádi István · 187
Hillier Dániel · 180
Honti Viktor · 115
Horváth András · 213
Horváth Győző · 53, 59, 209, 210
Horváth Péter · 61
Horváth Zsófia · 116
Hrabovszky Erik · 174
Hülberné Beyer Éva Anna · 82

J

Jakus Zoltán Péter · 130
Jankovics Hajnalka · 132
Juhász László · 76
Juhász Tamás · 127

K

Kalapos Tibor · 213
Kardos József · 67
Kecskés Angéla · 169
Kelemen Krisztina · 209, 210
Keller Dávid · 173
Keller Ilka · 73
Keller-Pintér Anikó · 72
Kemenesi Gábor · 144
Keresztes Lujza · 102
Kintses Bálint · 135, 146
Kiss Csaba · 52
Kiss Ernő · 163
Kiss János · 99
Kocsis Zsuzsa · 125
Kohut Erzsébet · 208
Kolozsvári István · 49
Korsós Zoltán · 54, 57, 211, 212
Kovács Gábor · 130
Kovács Kornél · 98
Kovács Tibor · 108, 158
Kovács Zsolt · 181
Kovács-Öller Tamás · 177
Kovácsnai-Oláh Richárd · 83, 85
Köhler Zoltán Márton · 72
Kőszegi Balázs · 166
Kuczmog Anett · 145

L

Lange-Enyedi Tünde Nóra · 141
Lendvai Ádám Zoltán · 86, 93
Lenkei Rita · 90
Lontay Beáta · 73
Lőrincz László Magor · 186
Lőrincz Péter · 151, 153

M

Maák István Elek · 92
Maglóczy Zsófia · 176
Makk Judit · 141
Maléth József · 168
Manczinger Máté · 64
Márialigeti Károly · 227
Markó Bálint · 58
Maruzs Tamás · 167
Matkovicsné Dr. Varga Andrea · 162
Mátyás Ferenc · 185
Mészáros Mária · 131
Micsonai András · 67
Mizsei Edvárd · 54, 55, 57, 211, 212
Molnár Gábor · 182
Molnár V. Attila · 200
Moni Róbert · 227
Móra Arnold · 121, 216

N

Nagy László · 138, 150
Nagy Sándor Alex · 122, 124
Nagy Zoltán Attila · 70
Nemes Annamária · 220, 225
Németh Eszter · 112
Németh Krisztina · 84, 155
Németh Tibor · 142
Neparáczki Endre Dávid · 100

Ny

Nyeste Krisztián · 119, 120

P

Pajić Mária · 50
Pál Gábor · 70
Pálóczi Krisztina · 128

Papp Henrietta · 145
Papp Tamás · 134
Perei Katalin · 80
Pernecker Bálint · 123
Péterfia Bálint · 74
Pfeiffer Ilona · 147
Pfliegler Valter · 81, 97
Pirger Zsolt · 124
Pongrácz Péter · 90, 91
Poór Péter · 191
Puska Gina · 170, 174

R

Rácz Arnold · 192, 193
Rácz Hanna Viktória · 97
Reményi Attila · 68

S

Sági-Kazár Máté · 197
Salamon Pál · 69, 75
Sárospataki Miklós · 58
Scheuring István · 63
Schlett Katalin · 164
Schneider György · 137
Sinka Rita · 156
Skribanek Anna · 214
Solti Ádám · 189, 195, 197
Somogyi Dóra · 119
Sóth Ármin · 157
Sperlágh Beáta · 171
Standovár Tibor · 199
Stojišić-milosavljević Anastazija · 62

Sz

Szabó Áron · 111
Szabó Árpád · 95
Szabó Attila · 116
Szabó Krisztián · 104
Szabó Rita Emília · 152
Szebenyi Csilla · 134
Szebenyi Kornélia · 160
Szepesi Ágnes · 194
Szloboda Anita · 117
Szocsics Péter · 176
Szűcs Attila · 183, 184
Szűcs Boldizsár · 59
Szűts Dávid · 112
Szűts Tamás · 51

T

Takács Attila · 200
Tamás Gábor · 182
Tárnok Krisztián · 164, 175, 184
Tombácz Dóra · 78, 79, 105
Torma Attila Gyula · 218
Tóth Dániel · 53
Tóth E. Melinda · 161
Tóth Erika · 140
Tóth Liliána · 77
Tölgyesi Csaba · 202, 205

U,Ú

Ujfalussy Balázs · 179
Urák István · 215

V

Varga Árpád · 168
Varga Máté · 106, 107, 109, 152
Varró Petra · 183
Vékony Kata · 91
Veres Balázs · 166
Veszélka Szilvia · 131
Viczián András · 190
Vidovszky Márton · 148
Vili Nóra · 88, 104
Visnovitz Tamás · 155
Völgyi Béla · 169

W

Walter Fruzsina · 133
Wilhelm Imola · 222
Wirth Roland · 98
Wu Hongli · 138

Z

Zachar István Péter · 65
Zelena Dóra · 126
Zelenyánszki Helga · 189
Zenke Petra · 101, 103
Zorkóczy Orsolya · 101

Zs

Zsinka Bernadett · 88

A konferencián képviselt intézmények listája

ATE - Állatorvostudományi Egyetem
BBTE - Babeş-Bolyai Tudományegyetem
BME - Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi Egyetem
Ciszterci Rend Nagy Lajos Gimnáziuma és Kollégiuma
DE - Debreceni Egyetem
ELTE - Eötvös Loránd Tudományegyetem
EKKE - Eszterházy Károly Katolikus Egyetem
IIRFKMF - II. Rákóczi Ferenc Kárpátaljai Magyar Főiskola
MATE - Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem
OE - Óbudai Egyetem
PE - Pannon Egyetem
PPKE - Pázmány Péter Katolikus Egyetem
PTE - Pécsi Tudományegyetem
EMTE - Sapientia Erdélyi Magyar Tudományegyetem
SZTE - Szegedi Tudományegyetem
Szent Miklós Görögkatolikus Gimnázium és Kollégium
UE - Újvidéki Egyetem