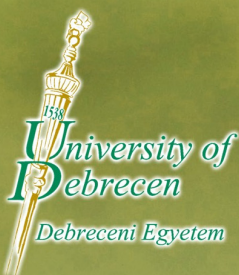


XXXIII. ORSZÁGOS TUDOMÁNYOS DIÁKKÖRI KONFERENCIA
Debrecen, 2017. április 9-12.

BIOLOGIA SZEKCIÓ

PROGRAM ÉS ÖSSZEFOGLALÓK

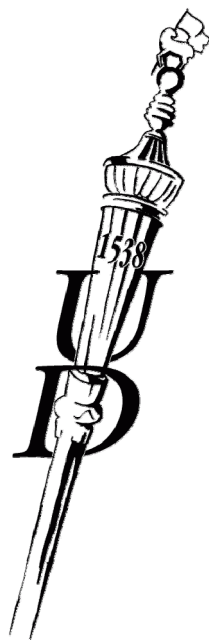
ETOLÓGIA BIOFIZIKA FAUNISZTIKA BIOTECHNOLÓGIA
IMMUNOLÓGIA TERMÉSZETVÉDELMI BIOLÓGIA NEUROFIZIOLÓGIA
MOLEKULÁRIS BIOLÓGIA SZÜNZOOLÓGIA FLORISZTIKA NÖVÉNYÉLETTAN
GENETIKA POPULÁCIÓBIOLÓGIA BIOINFORMATIKA
CÖNOLÓGIA NEUROBIOLÓGIA TAXONÓMIA VISELKEDÉSÖKOLÓGIA
NÖVÉNYÖKOLÓGIA MIKROBIOLÓGIA ÁLLATÖKOLÓGIA
HIDROBIOLÓGIA SZÜNBOTANIKA BIKÉMIA
ÁLLATÉLETTAN



XXXIII. ORSZÁGOS TUDOMÁNYOS DIÁKKÖRI KONFERENCIA

BIOLÓGIA SZEKCIÓ

PROGRAM ÉS ÖSSZEFOGLALÓK



**Debreceni Egyetem
Természettudományi és Technológiai Kar**

**DEBRECEN
2017**

Szerkesztette: Dr. Antal László
Kiadja a DE Természettudományi és Technológiai Kar
Felelős kiadó: Dr. Magura Tibor
ISBN 978-963-473-954-8
Készült 400 példányban
Kapitális Nyomdaipari Kft.
Felelős vezető: Ifj. Kapusi József
Borító: Dr. Antal László

KÖSZÖNTŐ

Tisztelettel köszöntjük a XXXIII. Országos Tudományos Diákköri Konferencia Biológia Szekciójának az előadóit, a társszerzőket, a témavezetőket, a bíráló bizottságok tagjait, a határon túlról érkezetteket, és a konferencia minden kedves résztvevőjét a Debreceni Egyetemen!

Amikor 2015-ben az a megtiszteltetés ért bennünket, hogy a Természettudományi és Technológiai Kar képviselőjében Pécssett átvehettük a stafétát a Szekció ez évi rendezvényéhez, tudtuk, hogy nagy kihívás lesz a diákköri konferenciák hagyományainak és elvárásainak magas színvonalon megfelelni. Most egy hosszú szervezői időszakon vagyunk túl és őszintén reméljük, hogy ez alatt a négy nap alatt sikerül minden résztvevőt maradandó élményekkel és szakmai tapasztalatokkal gazdagítani. A konferencia fesztett programja mellett szenteljenek arra is időt, hogy megismerjék Debrecen, a nagy múltú iskolaváros, kulturális nevezetességeit, az egyetemi campust, az egyetem kivételesen szép Főépületét.

A konferencián a hangsúly a hallgatói kutatómunka eredményeinek bemutatásán és a szakmai megmérettetésén van és nem a versenyen, és erre körültekintően figyelnek a zsűri tagjai is, hiszen a többségük a kutatói pályafutást szintén diákkörösként kezdte. Szervezőként, mi már ismerjük az összes pályamunkát, és biztosíthatunk minden kedves résztvevőt arról, hogy a Biológia Szekció programja rendkívül sokszínű palettát kínál a tanulásra, a különböző szakterületek eredményeinek a megismerésére és új szakmai kapcsolatok kiépítésére.

A Debreceni Egyetem Természettudományi és Technológiai Kara 10 év után ad ismét helyet a Biológiai Szekciónak, ahová 15 hazai és határon túli felsőoktatási intézmény legkiválóbb hallgatói nyújtottak be pályamunkát a biológia szerteágazó területeiről. A 220 nevezés 227 szerzővel egyértelműen jelzi, hogy a biológiai tudományos műhelyekben, a tömegképzés ellenére, a hallgatói és oktatói érdeklődés a diákköri munka iránt máig töretlen. A résztvevői létszám azt is meggyőzően mutatja, hogy az intézményekben a diákkörök továbbra is fontos szerepet töltenek be a tudományos utánpótlás kinevelésében.

Köszönjük a hallgatói résztvevőknek a XXXIII. OTDK Biológia Szekciójára való jelentkezést, kívánjuk, hogy eredményesen szerepeljenek, méltóan és sikerrel képviseljék az intézményi tudományos műhelyeket.

Hasznos és kellemes konferenciát kívánunk a XXXIII. OTDK Biológia Szekció minden résztvevőjének! Érezzék jól magukat városunkban és az egyetemen, ahol a tudományos diákköri mozgalomnak régi és sikeres hagyományai vannak. A jövőbeni tudományos munkájukhoz hasznos ismeretekkel gazdagodva térjenek haza Debrecenből!

A szervezők nevében:

Dr. Mészáros Ilona

TARTALOMJEGYZÉK

KÖSZÖNTŐ	3
A KONFERENCIA SZERVEZŐI	5
A KONFERENCIA TÁMOGATÓI	6
KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS	7
HASZNOS INFORMÁCIÓK	8
A KONFERENCIA HELYSZÍNE	9
A TELJES PROGRAM ÁTTEKINTŐJE	12
RÉSZLETES PROGRAM TAGOZATONKÉNT	15
ÖSSZEFOGLALÓK TAGOZATONKÉNT	39
ÁLLATÉLETTAN	40
ÁLLATÖKOLÓGIA, SZÜNZOOLÓGIA I.	49
ÁLLATÖKOLÓGIA, SZÜNZOOLÓGIA II.	58
BIOINFORMATIKA, BIOFIZIKA	66
BIOKÉMIA	74
BIOTECHNOLÓGIA	85
ETOLÓGIA, VISELKEDÉSÖKOLÓGIA I.	98
ETOLÓGIA, VISELKEDÉSÖKOLÓGIA II.	108
FAUNISZTIKA, TAXONÓMIA, POPULÁCIÓBIOLÓGIA	117
FLORISZTIKA, CÖNOLÓGIA	128
GENETIKA I.	134
GENETIKA II.	146
HIDROBIOLÓGIA	158
IMMUNOLÓGIA	167
MIKROBIOLÓGIA	174
MOLEKULÁRIS BIOLÓGIA I.	185
MOLEKULÁRIS BIOLÓGIA II.	197
NEUROBIOLÓGIA	209
NEUROFIZIOLÓGIA	221
NÖVÉNYÉLETTAN	232
NÖVÉNYÖKOLÓGIA, SZÜNBBOTANIKA	241
TERMÉSZETVÉDELMI BIOLÓGIA	250
FÜGGELÉK	261
STATISZTIKÁK	262
NÉVMUTATÓ	263
JEGYZETEK	270

A KONFERENCIA SZERVEZŐI

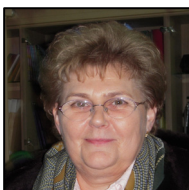


Ügyvezető elnök:

Prof. Dr. Magura Tibor, egyetemi tanár

Telefon: (52) 512-900 / 22618

E-mail: magura.tibor@science.unideb.hu



Tiszteletbeli ügyvezető elnök:

Dr. Mészáros Iлона, ny. egyetemi docens

Telefon: (52) 512-900 / 62633

E-mail: immeszaros@unideb.hu



Ügyvezető titkár:

Dr. Nagy Dávid, tudományos munkatárs

Telefon: (52) 512-900 / 22632

E-mail: nagydavin@gmail.com



Szervezőbizottsági tag:

Dr. Antal László, egyetemi adjunktus

Telefon: (52) 512-900 / 22634

E-mail: antal.laszlo@science.unideb.hu



Szervezőbizottsági tag:

Dr. Csoma Hajnalka, egyetemi adjunktus

Telefon: (52) 512-900 / 62058

E-mail: hajnalka.csoma@outlook.com



Hallgatói képviselő:

Tózsér Dávid, PhD-hallgató

Telefon: (52) 512-900 / 22616

E-mail: tozser.david@windowslive.com



Helyettes hallgatói képviselő:

Kiss Réka, PhD-hallgató

Telefon: (52) 512-900 / 22661

E-mail: kissreka801@gmail.com

A KONFERENCIA TÁMOGATÓI*

American Society for Microbiology
Balaton-felvidéki Nemzeti Park Igazgatóság
BioAqua Pro Kft.
Bükki Nemzeti Park Igazgatóság
Debreceni Egyetem
Debreceni Egyetem Botanikus Kertje
Debreceni Egyetem, Természettudományi és Technológiai Kar
Debreceni Egyetem, Hidrobiológiai Tanszék
Derecskei Gyümölcsös
Duna-Ipoly Nemzeti Park Igazgatóság
Emberi Erőforrások Minisztériuma
Felső-Tisza-vidéki Vízügyi Igazgatóság
Hortobágy Természetvédelmi Egyesület
Kapitális Nyomdaipari Kft.
Kiskunsági Nemzeti Park Igazgatóság
Körös-Maros Nemzeti Park Igazgatóság
Magyar Biológiai Társaság
Magyar Haltani Társaság
Magyar Madártani és Természetvédelmi Egyesület, Hajdú-Bihar Megyei Helyi Csoport
Magyar Tudományos Akadémia - Ökológiai Kutatóközpont
MTA-DE Biodiverzitás Kutatócsoport
Nagyerdei Kultúrpark
Nemzeti Tehetség Program (NTP-OTDKR-16)
Nyíregyházi Állatpark Nonprofit Kft.
Országos Tudományos Diákköri Tanács
SAS Institute Kft.
Scientia Amabilis Alapítvány - A Magyar Növényélettanért
Tiszatáj Környezet- és Természetvédelmi Közalapítvány
Tokaji Borvidék Szőlészeti és Borászati Kutatóintézet
UNICAM Magyarország Kft.
Zöld Ember Környezetvédelmi Kft.

* A kiadvány nyomdába adása után (2017.03.27.) jelentkező támogatóinknak a konferencia díjkiosztóján és a <http://biolotdk2017.unideb.hu/> weboldalon mondunk nyilvánosan köszönetet.

KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

A BÍRÁLÓKNAK ÉS ZSÚRITAGOKNAK ÁLDOZATOS MUNKÁJUKÉRT

Antal Károly, Bácsi Attila, Bácsi István, Bajusz Izabella, Bánfalvi Gáspár, Batta Gyula, Beke-Somfai Tamás, Berente Zoltán, Bíró Borbála, Bíró Tamás, Bóka Beáta, Borsos Éva, Csoma Eszter, Csoma Hajnalka, Csuzdi Csaba, Détári László, Emri Zsuzsanna, Erős Tibor, Gácsér Attila, Gallé Róbert, Gálné Miklós Ida, Hartel Tibor, Hegyi Zoltán, Herczeg Gábor, Hoffman Gyula, Horák Rita, Hornung Erzsébet, Horváth Eszter, Horváth Roland, Jakab Endre, Janda Tibor, Juhász Ákos, Kelemen András, Kerékgyártó János, Kohut Erzsébet, Komáromi István, Körmöczi László, Kőrösi Ádám, Kurucz Judit Éva, Kvell Krisztián, Lendvai Ádám, Lukács Balázs, Margóczi Katalin, Márialigeti Károly, Markó Bálint, Marschall Marianna, Matesz Klára, Mátis Gábor, Mészáros Ilona, Meszéna Géza, Móra Arnold, Nagy Bálint, Nagy János, Padisák Judit, Simon Edina, Szabó László József, Széles Lajos, Szép Tibor, Szigyártó Lídia, Szűcs Péter, Terhes Gabriella, Urbán Edit, Várbíró Gábor, Varga Zoltán, Vargáné Kis Anna, Végvári Zsolt, Vehovszky Ágnes

A DE TTK MUNKATÁRSAINAK A LEBONYOLÍTÁSÉRT

Ág Norbert, Antal László, Balogh Nóra, Baloghné Fridrik-Tóth Judit, Berta Csaba, Csoma Hajnalka, Csománé Tóth Katalin, Csőke Julianna, Csumita Mária, Dobronoki Dalma, Eötvös Csaba, Fejes Balázs, Jenei Nándor, Kavalecz Napsugár, Kiss Réka, Kolláth István Sándor, Laczka Zoltán, Magura Tibor, Mészáros Ilona, Miklós Máté, Mizser Szabolcs, Nagy Dávid, Nyeste Krisztián, Oláh Viktor, Ősz Katalin, Pintér Ákos, Plaszkó Tamás, Sebestyén Flóra, Somlyai Imre, Szabó Adrienn, Szűcs Boglárka, Tóth Edina, Tóth Mária, Tóth Zsófia, Tözsér Dávid, Víg Ildikó

HASZNOS INFORMÁCIÓK

A résztvevők az előadás .ppt formátumban elkészített dokumentumát, illetve a dolgozat egy nyomtatott példányát a tagozat helyszínén, a tagozat kezdete **előtt fél órával** kötelesek leadni. A dolgozat nyomtatott példányát a résztvevők a tagozat végén visszakapják.

A regisztráció során kapott étkezési jegyeket a résztvevők kizárólag a **Nagyerdei Étterem** 1. emeleti étkezdéjében használhatják fel.

A regisztráció során kapott névtábla felmutatásával a résztvevők a Konferencia ideje alatt ingyenesen látogathatják az **Egyetemi Botanikus Kertet**. Nyitva tartás: minden nap 8:00-18:00.

A Konferencia 2. napján este a **Fogadás** helyszíne az egyetem Főépületének Díszudvara (földszint).

A Konferencia 3. napján megrendezésre kerülő **Hall Buli** helyszíne a Nagyerdei Stadion észak-északnyugati lelátói alatt elhelyezkedő Hall Rendezvényközpont. Címe: 4032 Debrecen, Nagyerdei Park 12. Megközelíthetősége:

- *gyalogosan* (10-15 perc) **1)** az 1-es villamos *Egyetem* elnevezésű megállójától a Nagyerdei körúton északkeleti irányba indulva, a villamospálya nyomvonalát követve a Nagyerdei Víztoronyig, onnan pedig a mellette található Nagyerdei Stadionig; **2)** az 1-es villamos *Egyetem* elnevezésű megállójánál lévő gyalogosátkelőn átkelve, az erdőn keresztül, egyenesen tovább a Békás-tóig, majd annak hídján átkelve tovább az Aquaticum Mediterrán Élményszárazóig és az ott található kapun keresztül a villamospályáig. Onnan tovább a Nagyerdei Stadionig. (**FONTOS:** A Békás-tó bejáratai 06:00 és 01:00 között tartanak nyitva, ezen időszakon túl csak a kilépés lehetséges, a területre belépni tilos. Nyitvatartási időn túl az 1. lehetőség igénybe vételét ajánljuk.)
- *autóbuszal* (22-es autóbusz) az *Egyetem* elnevezésű buszmegállótól a *Klinikák* elnevezésű megállóig (1 megálló), innen tovább gyalogosan a villamospálya nyomvonalát követve a Nagyerdei Víztoronyig, onnan pedig a mellette található Nagyerdei Stadionig. Visszaút: gyalogosan. (**FONTOS:** a résztvevők számára a debreceni tömegközlekedési eszközök **csak vonaljegy váltása mellett** vehetők igénybe! Jegyváltás: az egyetemi Főépületben a postán (hétfő-péntek: 08:00-16:00), vagy a Campus Pont Irodában (hétfő-csütörtök: 09:00-15:00), vagy a járművezetőnél. Bővebb tájékoztatás: a megállóban kihelyezett menetrend, illetve www.dkv.hu.)

Parkolás: A Kossuth Lajos Kollégiumok szállóvendégeinek a parkolás a Campus területén ingyenes. Ehhez a belépést követő **fél órán belül** érvényesíteniük kell a belépéskor kapott parkolócédulájukat az I., II. vagy III. Kossuth Lajos Kollégium recepciójánál. **Javasoljuk**, hogy a gépjárművel érkezőknek ez legyen az első dolguk a parkolást követően.

A résztvevők számára a Konferencia helyszínein, illetve a Kossuth Kollégium területén vezeték nélküli internetkapcsolat biztosított (hálózat neve: eduroam; felhasználónév és jelszó: a résztvevők saját oktatási intézményében használt azonosítója és jelszava)

Helyi látnivalókkal, programokkal kapcsolatos információk: www.iranydebrecen.hu

A KONFERENCIA HELYSZÍNE

A rendezvény helyszíne a **Debreceni Egyetem Egyetem téri Campusa** (Debrecen, Egyetem tér 1.) (1. ábra). Az egyetem impozáns **Főépülete** mögött helyezkedik el az **Élettudományi Központ (ÉTK)**, a konferencia fő helyszíne (2. ábra). Az ÉTK-től balra helyezkedik el az **Ökológiai Épület (ÖKOL)**, mely egyes tagozatok előadásainak helyszíne (3. ábra), az ÉTK-től jobbra pedig a **Nagyerdei Étterem** (étkezések helyszíne) és a **Kossuth Lajos kollégiumok** (szállások helyszíne) találhatóak.

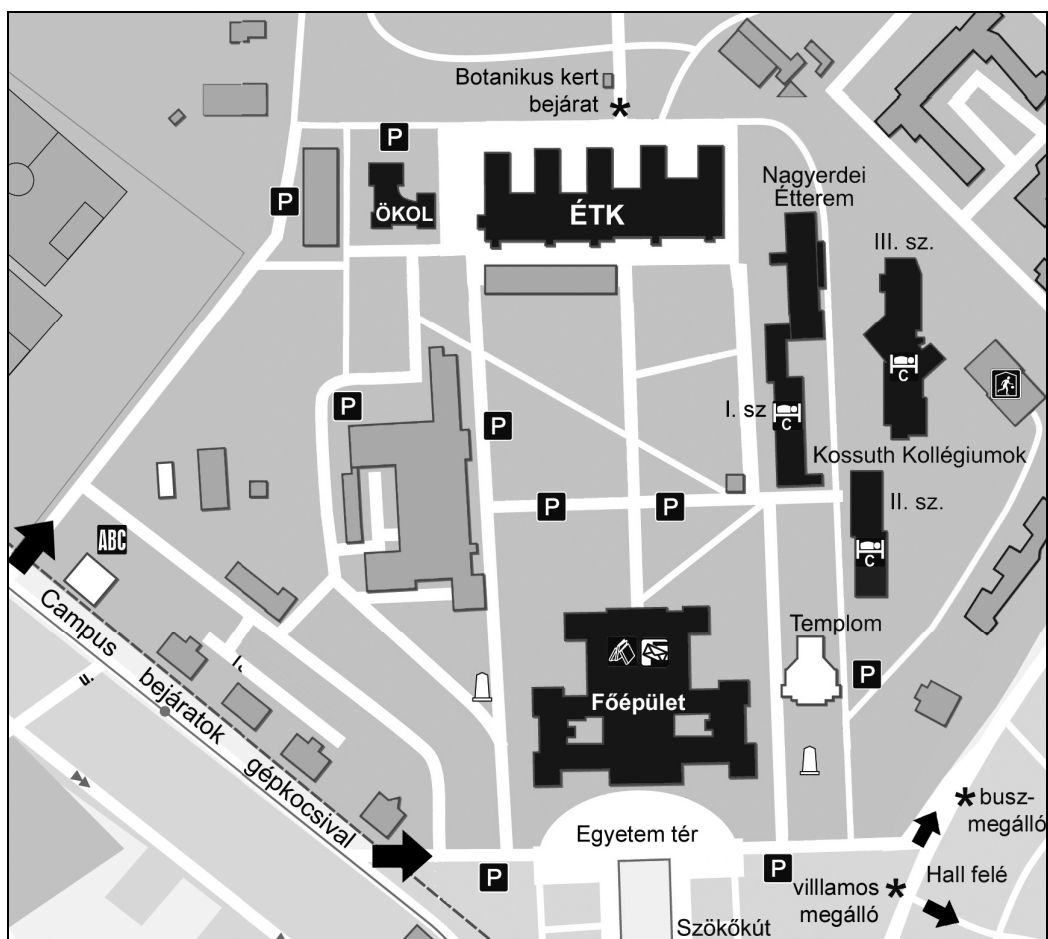
Regisztráció: Élettudományi Központ

Szakmai Programok: Élettudományi Központ és Ökológiai Épület

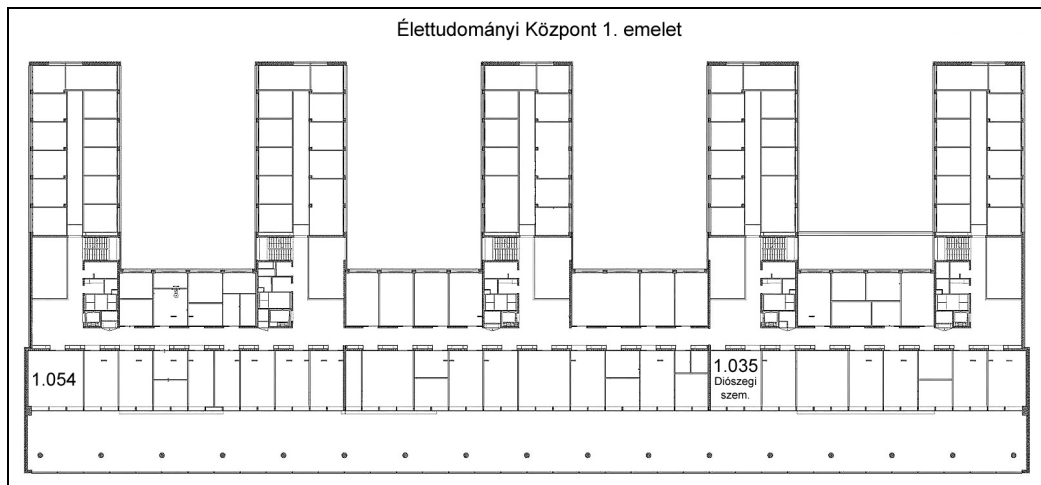
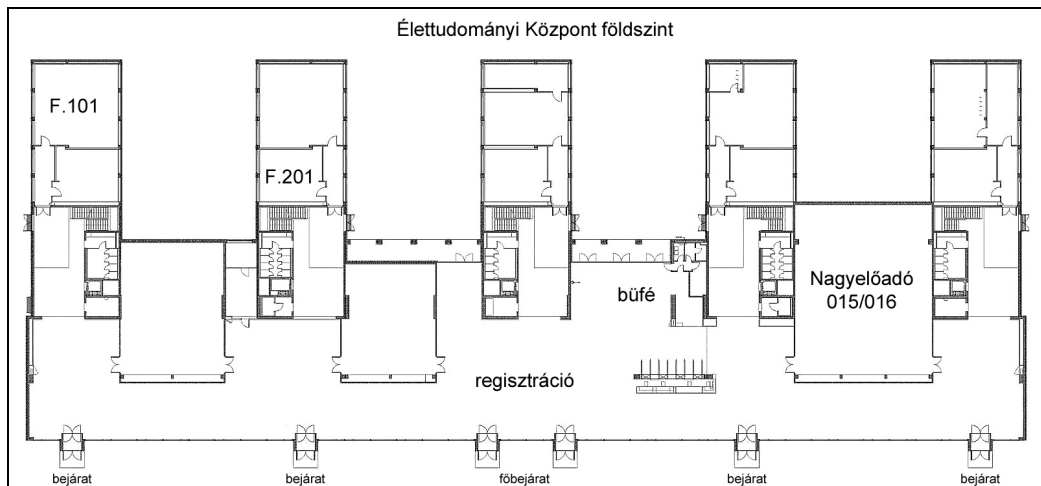
Fogadás: Főépület Díszudvar (földszint)

Hall Buli: Hall Rendezvényközpont (Nagyerdei Stadion)

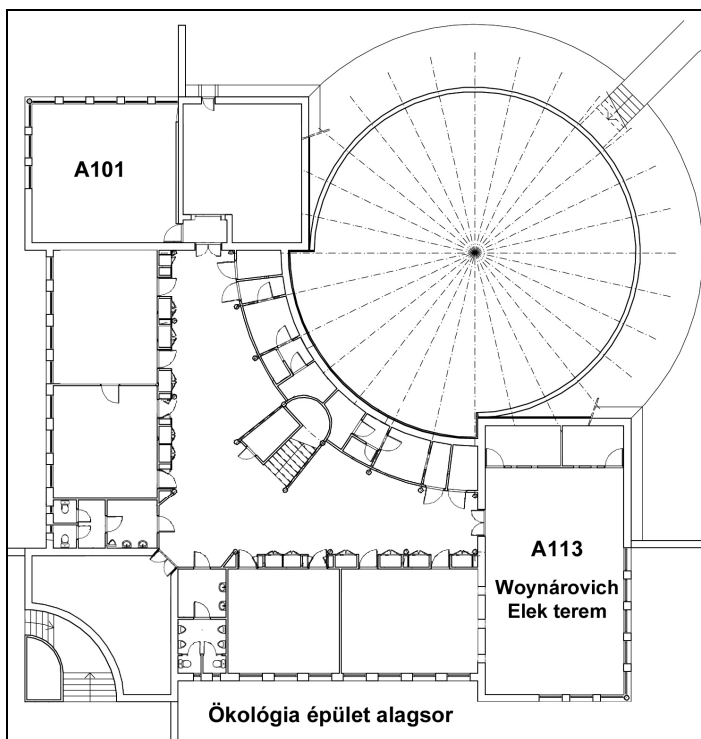
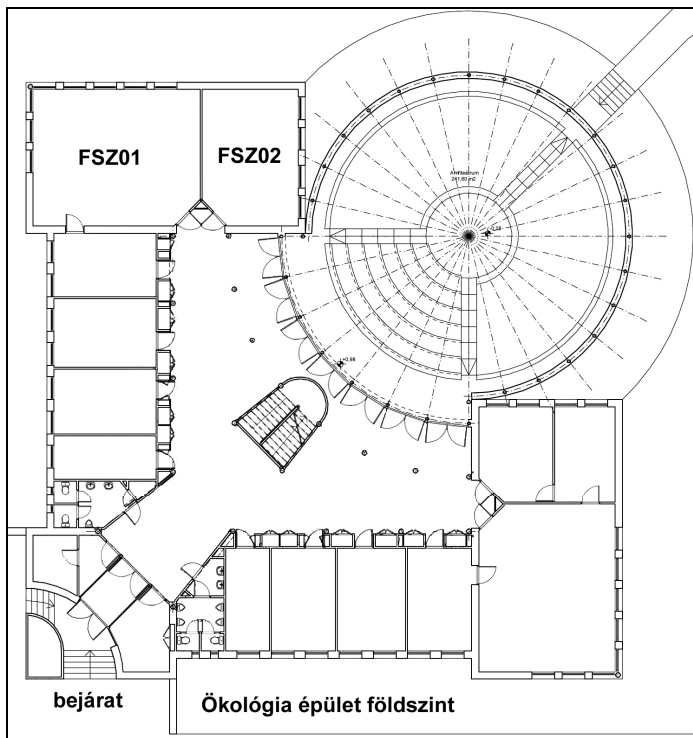
Záró rendezvény: Főépület Aula (1. emelet)



1. ábra: A nagyerdei Campus térképázata



2. ábra: Az Élettudományi Központ (ÉTK) térképvázlata



3. ábra: Az Ökológiai Épület (ÖKOL) térképvázlata

A TELJES PROGRAM ÁTTEKINTŐJE

2017. április 09.	
14:00-18:00	Regisztráció (ÉTK földszint), szállások elfoglalása
16:00-17:00	Nyitó rendezvény (ÉTK 015/016 előadó)
17:00-18:00	Szakmai előadás (ÉTK 015/016 előadó)
	Prof. Dr. Varga Zoltán: Mit mondanak a gének a Kárpát-medence faunájának történetéről?
18:00-20:00	<i>Vacsora</i>
2017. április 10.	
7:00-9:00	<i>Reggeli</i>
8:00-18:00	Regisztráció, információ (ÉTK földszint)
8:30-8:50	Tájékoztató a zsűri tagjainak (ÉTK 1.054 / ÖKOL FSZ02)
8:50-13:30	Délelőtti tagozatok
11:30-14:30	<i>Ebéd</i>
13:30-13:50	Tájékoztató a zsűri tagjainak (ÉTK 1.054 / ÖKOL FSZ02)
13:50-18:50	Délutáni tagozatok
19:00-22:00	<i>Fogadás (Főépület, Díszudvar)</i>
2017. április 11.	
7:00-9:00	<i>Reggeli</i>
8:00-18:00	Regisztráció, információ (ÉTK földszint)
8:30-8:50	Tájékoztató a zsűri tagjainak (ÉTK 1.054 / ÖKOL FSZ02)
8:50-13:30	Délelőtti tagozatok
11:30-14:30	<i>Ebéd</i>
13:30-13:50	Tájékoztató a zsűri tagjainak (ÉTK 1.054 / ÖKOL FSZ02)
13:50-18:50	Délutáni tagozatok
17:30-20:00	<i>Vacsora</i>
19:00-21:00	Zsűrielnökök ülése (ÖKOL A113)
21:00-24:00	<i>Hall Buli (Nagyerdei Stadion Hall)</i>
2017. április 12.	
7:00-9:00	<i>Reggeli</i>
9:00-11:00	Záró rendezvény (Főépület, Aula)
11:00-12:00	Szállás elhagyása

2017. április 10., hétfő délelőtt

	ÉTK F.101	ÉTK F.201	ÉTK 1.035	ÖKOL FSZ01	ÖKOL A101	ÖKOL A113
08:50-09:10	NEUROFIZIOLÓGIA	MOLEKULÁRIS BIOLÓGIA I.	IMMUNOLÓGIA	FAUNISZTIKA, TAXONÓMIA, POPULÁCIÓBIOLÓGIA	-	ÁLLATÖKOLÓGIA, SZŰNZOOLÓGIA I.
09:10-09:30						
09:30-09:50						
09:50-10:10						
10:10-10:30						
10:30-10:50						
10:50-11:10						
11:10-11:30						
11:30-11:50						
11:50-12:10						
12:10-12:30						
12:30-12:50						
12:50-13:10						
13:10-13:30						

2017. április 10., hétfő délután

	ÉTK F.101	ÉTK F.201	ÉTK 1.035	ÖKOL FSZ01	ÖKOL A101	ÖKOL A113
13:50-14:10	BIOTECHNOLÓGIA	MOLEKULÁRIS BIOLÓGIA II.	BIOKÉMIA	TERMÉSZETVÉDELMI BIOLÓGIA	ÁLLATÉLETTAN	ÁLLATÖKOLÓGIA, SZŰNZOOLÓGIA II.
14:10-14:30						
14:30-14:50						
14:50-15:10						
15:10-15:30						
15:30-15:50						
15:50-16:10						
16:10-16:30						
16:30-16:50						
16:50-17:10						
17:10-17:30						
17:30-17:50						
17:50-18:10						
18:10-18:30						
18:30-18:50						

2017. április 11., kedd délelőtt

	ÉTK F.101	ÉTK F.201	ÉTK 1.035	ÖKOL FSZ01	ÖKOL A101	ÖKOL A113
08:50-09:10	ETOLÓGIA, VISELKEDESŐKOLÓGIA I.	GENETIKA I.	FLORISZTIKA, CÖNOLÓGIA	HIDROBIOLÓGIA	-	NÖVÉNYÖKOLÓGIA, SZÜNBTANIKAI
09:10-09:30						
09:30-09:50						
09:50-10:10						
10:10-10:30						
10:30-10:50						
10:50-11:10						
11:10-11:30						
11:30-11:50						
11:50-12:10						
12:10-12:30						
12:30-12:50						
12:50-13:10						
13:10-13:30						

2017. április 11., kedd délután

	ÉTK F.101	ÉTK F.201	ÉTK 1.035	ÖKOL FSZ01	ÖKOL A101	ÖKOL A113
13:50-14:10	ETOLÓGIA, VISELKEDESŐKOLÓGIA II.	GENETIKA II.	NEUROBIOLÓGIA	NÖVÉNYÉLETTAN	BIOINFORMATIKA, BIOFIZIKA	MIKROBIOLÓGIA
14:10-14:30						
14:30-14:50						
14:50-15:10						
15:10-15:30						
15:30-15:50						
15:50-16:10						
16:10-16:30						
16:30-16:50						
16:50-17:10						
17:10-17:30						
17:30-17:50						
17:50-18:10						
18:10-18:30						
18:30-18:50						

RÉSZLETES PROGRAM

TAGOZATOK SZERINT



B owl, a konferencia kabalafigurája
(készítette: Tóth Mária)

ÁLLATÉLETTAN**ÖKOL A101** terem 2017. április 10., hétfő 13:50

ZSÚRI elnök: **Prof. Dr. Détári László** (Eötvös Loránd Tudományegyetem)
 tagok: **Dr. Emri Zsuzsanna** (Eszterházy Károly Egyetem)
Dr. Mátis Gábor (Állatorvostudományi Egyetem)

ELŐADÁSOK

szerzők

- | | | |
|-------|--|-----------------------------------|
| 13:50 | Gadolinium-klorid emlős sejtekre gyakorolt geno- és citotoxikus hatásainak vizsgálata | Baksa Viktória,
Kiss Alexandra |
| 14:10 | A kainát károsító hatásának kivédése a vér-agy gát tenyészetes modelljén | Barna Lilla |
| 14:30 | Az adrenerg stimuláció szerepe eger könny-mirigy vezetéksejtek folyadékszécréciójában | Benkő Erzsébet |
| 14:50 | A magas triglicerid tartalmú diéta, a kalória megvonás, valamint a szabadidős testmozgás hatása a mesterséges menopauzában | Börzsei Denise |
| 15:10 | A testi-lelki egészség és az életmód tényezői közötti kapcsolatrendszer 8-17 éveseknél | Fehér Virág Piroska |
| 15:30 | SZÜNET | |
| 15:50 | Agyi endotélsejtek sejtfelszíni elektromos töltésének változtatása a glikokalix enzimes emésztésével | Horányi Nóra |
| 16:10 | Krónikus stressz indukálta metabolikus változásokat kísérő mikroglia aktiváció vizsgálata a hipotalamuszban | Horváth Krisztina |
| 16:30 | Savoldékony szérumfehérjék vizsgálata szisztémás gyulladási folyamatokban | Kalács Krisztina
Ildikó |
| 16:50 | A PACAP szerepe endotoxin-indukálta uveitis esetében | Kővári Petra |
| 17:10 | ZSÚRI MEGBESZÉLÉS | |

ÁLLATÖKOLÓGIA, SZÜNZOOLÓGIA I.**ÖKOL A113 terem 2017. április 10., hétfő 8:50**

ZSÚRI elnök: **Dr. Végyári Zsolt** (Hortobágyi Nemzeti Park Igazgatóság)
 tagok: **Dr. Kőrösi Ádám** (MTA MTM ELTE Ökológiai Kutatócsoport)
Dr. Szabó László József (Debreceni Egyetem)

ELŐADÁSOK

szerzők

- | | | |
|-------|--|-------------------------------|
| 8:50 | Éven belüli és évek közötti újrafészkelések gyakorisága erdei és városi széncinege populációkban | Bukor Boglárka |
| 9:10 | Természetes és mesterséges lécek hatása talajlakó pókegyüttesekre a debreceni Nagyerdő területén | Demkó András
Ferenc |
| 9:30 | Fajgazdagság, dominancia viszonyok: kisemlős monitorozási adatok közösségi szintű értékelése különböző korú erdőállományokban | Harmat Máté |
| 9:50 | Az eurázsiai hód (<i>Castor fiber</i>) táplálékpreferenciájának és területhasználatának vizsgálata | Juhász Erika Mária |
| 10:10 | Domináns kisemlősök térbeli szegregációs válasza lékes felújítógáz hatására kialakuló fragmentációra | Kelemen Krisztina |
| 10:30 | SZÜNET | |
| 10:50 | Ragadozó emlősök táplálkozásvizsgálata az északi pocok (<i>Microtus oeconomus</i>) potenciális kisbalatoni élőhelyén | Lanszki Zsófia |
| 11:10 | Egyenesszárnyú rovar (Orthoptera) együttesek tér- és időbeli változásai a Tétényi-fennsík gyeprekonstrukciós területén | Schneider Zoltán |
| 11:30 | A mezei pocok (<i>Microtus arvalis</i>) állomány aktív járatszámoláson alapuló monitorozása intenzív művelésű mezőgazdasági területen | Szünstein Máté,
Kusz Petra |
| 11:50 | A szabadban és állattartó épületekben előforduló bögölyközösségek (Diptera: Tabanidae) kvalitatív- kvantitatív elemzése és az ellenük való védekezés lehetőségei | Török Henrietta
Kinga |
| 12:10 | ZSÚRI MEGBESZÉLÉS | |

ÁLLATÖKOLÓGIA, SZÜNZOOLÓGIA II.**ÖKOL A113 terem 2017. április 10., hétfő 13:50**

ZSÚRI elnök: **Prof. Dr. Hornung Erzsébet** (Állatorvostudományi Egyetem)
 tagok: **Dr. Horváth Roland** (Debreceni Egyetem)
Dr. Gallé Róbert (Szegedi Tudományegyetem)

ELŐADÁSOK

szerzők

- | | | |
|-------|---|--------------------------|
| 13:50 | Klímaindukált fenotípusos plaszticitás vizsgálata tarkalepke (Lepidoptera: Nymphalidae, Nymphalinae, Melitaea) fajoknál | Bali Daniella |
| 14:10 | Két hazai kétéltű faj fogékonysága és érzékenysége a <i>Batrachochytrium dendrobatidis</i> kórokozó gombafajra | Drexler Tamás |
| 14:30 | Két veszélyeztetett denevérfaj, a kis patkósdenevér (<i>Rhinolophus hipposideros</i>) és a kereknyergű patkósdenevér (<i>Rhinolophus euryale</i>) érzékeléskökológiai vizsgálata, különös tekintettel akusztikai határozókulcs kidolgozására | Győrössy Dorottya |
| 14:50 | Az erdei szürkebegy (<i>Prunella modularis</i>) vonulása | Konrád Krisztina
Dóra |
| 15:10 | SZÜNET | |
| 15:30 | A nyest (<i>Martes foina</i>) és a vörös róka (<i>Vulpes vulpes</i>) táplálék-összetétele és predációjuk kísérletes vizsgálata egy pécsi szőlészetben | Lanszki Zsófia |
| 15:50 | A dunavirág (<i>Ephoron virgo</i>) és a <i>Caenis robusta</i> kérészfajok vízszintesen- és függőlegesen poláros fény által kiváltott polarotaxisainak vizsgálata, a kétféle ingermozgás valószínűsíthető szerepe a fajok rajzási viselkedésében | Mészáros Ádám |
| 16:10 | Egy veszélyeztetett, hideg-adaptált hüllő a felmelegedő Mediterráneumban: görög karsztvipérák (<i>Vipera graeca</i>) a klíma fogságában | Mizsei Edvárd |
| 16:30 | Kisemlősök intra- és interspecifikus megközelítésű élőhely választása fragmentált erdőterületen | Nagyfenyvesi Zoltán |
| 16:50 | ZSÚRI MEGBESZÉLÉS | |

BIOINFORMATIKA, BIOFIZIKA
ÖKOL A101 terem 2017. április 11., kedd 13:50

ZSÚRI elnök: **Prof. Dr. Meszéna Géza** (Eötvös Loránd Tudományegyetem)
tagok: **Dr. Komáromi István** (Debreceni Egyetem)
Dr. Beke-Somfai Tamás (MTA Természettudományi Kutatóközpont)

	ELŐADÁSOK	szerzők
13:50	Asperelinek térszerkezeti sajátosságainak vizsgálata molekuladinamikai módszerekkel	Blanár Eszter
14:10	A teljes hosszúságú K-Ras4B konformációs állapotainak feltérképezése	Dudás Bálint
14:30	Túlélés-vizsgálat melanoma malignum esetén következő generációs szekvenálási adatok felhasználásával.	Csonka Gábor
14:50	Autofágia szerepe a bélsejtek specifikus működésében Crohn-betegség során	Gul Lejla
15:10	SZÜNET	
15:30	A homodimer galektin-1 fehérje belső dinamikájának vizsgálata kísérleti adatok és molekuladinamikai számítások kombinálásával	Miski Marcell
15:50	A transláció hajnala: Miről árulkodnak az aminosavak?	Radványi Ádám
16:10	A μ -opioid receptor ligandumok kötődésének és a receptor aktiváció szerkezeti körülményeinek in silico vizsgálata	Szabó Márton Richárd
16:30	Szerkezeti genomikai célpontok azonosítása a humán transzmembrán proteomban	Varga Julia Kornélia
16:50	ZSÚRI MEGBESZÉLÉS	

BIOKÉMIA

ÉTK 1.035 terem 2017. április 10., hétfő 13:50

ZSÚRI elnök: **Dr. Berente Zoltán** (Pécsi Tudományegyetem)
tagok: **Dr. Bóka Beáta** (Eszterházy Károly Egyetem)
Dr. Kerékgyártó János (Debreceni Egyetem)

ELŐADÁSOK

szerzők

13:50	VI. típusú szulfid kinon oxidoreduktáz enzim működési mechanizmusának vizsgálata	Miklovics Nikolett
14:10	A szindekán-4 szerepe a mioblasztok direkcionális, 2D migrációjában	Becsky Dániel, Szalenko-Tökés Ágnes
14:30	A Parkinson-kór biomarker fehérjéinek szerkezeti és funkcionális jellemzői	Csaplár Marianna
14:50	Anyagsere változások és 2-hidroxi-glutarát onkometabolit jelenlétének vizsgálata tumorsejtekben	Dankó Titanilla
15:10	A <i>Neosartorya fischeri</i> NRRL 181 antifungális protein aktív szerkezetének kialakításban szerepet játszó motívumok azonosítása	Ficze Hargita
15:30	Újszerű antimaláriás célpont: a CCT enzim működési mechanizmusának és autoinhibíciós szabályzásának feltárása	Hajdú Fanni
15:50	SZÜNET	
16:10	A szöveti transzglutamináz szerepet játszik az epididimális zsírszövet barnulásában	Lénárt Kinga
16:30	A szerin proteínáz gátló elafin működési mechanizmusának feltárása irányított evolúcióval	Németh Zoltán Bálint
16:50	A fehér akác (<i>Robinia pseudoacacia</i>) bioaktív anyagai	Olajos Judit
17:10	Humán vérszérumból dúsított O-glikopeptidek tömegspektrometriás vizsgálata	Pap Ádám
17:30	Alternatív dipeptidek képződésének termodinamikai jellemzése	Szentirmai Veronika
17:50	ZSÚRI MEGBESZÉLÉS	

BIOTECHNOLÓGIA

ÉTK F.101 terem 2017. április 10., hétfő 13:50

ZSÚRI elnök: **Prof. Dr. Márialigeti Károly** (Eötvös Loránd Tudományegyetem)
 tagok: **Dr. Horváth Eszter** (Pannon Egyetem)
Dr. Kvell Krisztián (Pécsi Tudományegyetem)

ELŐADÁSOK

szerzők

- | | | |
|-------|---|---|
| 13:50 | A mézelő méhek higiénias viselkedéséhez kapcsolt mikroszatellita markerek fejlesztése | Bakonyi Réka |
| 14:10 | Frukto-oligoszacharid termelés nyomon követése neutrális hálózathoz kötött spektroszkópiás módszerrel | Erdős Balázs |
| 14:30 | Az <i>Aspergillus nidulans</i> sterigmatocystin képződésének vizsgálata különböző szénforrásokon | Fejes Balázs |
| 14:50 | Szennyezett élőhelyek fenolbontó bakteriális közösségeinek a vizsgálata jó biodegradációs képességű törzsek szelektálása céljából | Fikó Dezső Róbert,
Benedek Emőke |
| 15:10 | Környezeti izolátumok cellulóz-és hemicellulóz bontó képességének vizsgálata | Hódi Barbara |
| 15:30 | Kapilláris mikroszkóp modell kifejlesztése szuszpenziós sejtenyészetek time-lapse imaging videomikroszkópos megfigyeléséhez | Jákim Judit és
Szamosi Regina |
| 15:50 | SZÜNET | |
| 16:10 | Mesterséges flagelláris exportszubsztrát létrehozása és működésének detektálása | Kovács Noémi |
| 16:30 | Development of a single chamber microbial fuel cell (SMFC) with cathodic microalgal biofilm | Washington Nelson
Logroño Vintimilla |
| 16:50 | Ősivarsejt specifikus markerek expressziójának összehasonlítása különböző ivarú tyúk embriókból létrehozott ősivarsejt tenyészetekben | Nagy Alexandra |
| 17:10 | Arzén (III) megkötésére képes flagelláris fehérjék tervezése és előállítása természetes vizek monitorozására alkalmas bioszenzor érzékelő elemeihez | Szekér Patrik |
| 17:30 | Különböző változók terhesség kialakulására gyakorolt hatásainak vizsgálata humán in vitro fertilizációs (IVF) kezelések során | Téglás Gyöngyvér |
| 17:50 | PACAP hatásának vizsgálata a preimplantációs embriók fejlődésére | Török Dóra |
| 18:10 | Nitrogenáz enzim hajtotta biohidrogén termelés ecetsav hozzáadásával <i>Thiocapsa roseopersicina</i> -ban | Miklovics Nikolett |
| 18:30 | ZSÚRI MEGBESZÉLÉS | |

ETOLÓGIA, VISELKEDÉSÖKOLÓGIA I.

ÉTK F.101 terem 2017. április 11., kedd 8:50

ZSÚRI elnök: **Dr. Herczeg Gábor** (Eötvös Loránd Tudományegyetem)
 tagok: **Dr. Markó Bálint** (Babeş–Bolyai Tudományegyetem)
Dr. Lendvai Ádám (Debreceni Egyetem)

	ELŐADÁSOK	szerzők
8:50	Fajtársaik vagy emberek tekintetét nézik hosszabban a kutyák?	Bognár Zsófia
9:10	A zebradánió (<i>Danio rerio</i>) csoportkohéziójának tesztelése egy új fejlesztésű vizsgálati rendszer segítségével	Győrössy Krisztina
9:30	Hangalapú személyazonosítási képességek kísérletes vizsgálata kutyákban	Kaszás Noémi
9:50	A REM alvás alatti gyors szemmozgások sűrűségének alakulása az életkor előrehaladtával kutyáknál (<i>Canis familiaris</i>)	Kovács Enikő
10:10	Kutyakölyök vokalizáció egyedfejlődése és méretcsoportok közti diverzitása	Lehoczki Fanni
10:30	SZÜNET	
10:50	Vokalizáció vizsgálata kültéri szeparációs helyzetben kutyáknál	Lenkei Rita
11:10	Kutyák neurális folyamatainak vizsgálata nem invazív, alvási EEG mérésekkel	Reicher Vivien
11:30	Kérdőív a házimacska (<i>Felis silvestris catus</i>) viselkedéséről és az emberrel való kapcsolatáról	Szapu Julianna Szulamit
11:50	Percepciók és attitűdök a medve-ember konfliktusok kapcsán: esettanulmány Székelyföldön	Thieme Nóra
12:10	A szociális relevancia szerepe az osztenzív előkezelés szociális befolyásolhatóságára gyakorolt hatásában családi kutyák (<i>Canis familiaris</i>) esetében	Tóth Katinka
12:30	ZSÚRI MEGBESZÉLÉS	

ETOLÓGIA, VISELKEDÉSÖKOLÓGIA II.

ÉTK F.101 terem 2017. április 11., kedd 13:50

ZSÚRI elnök: **Prof. Dr. Szép Tibor** (Nyíregyházi Egyetem)
 tagok: **Dr. Vargáné Kis Anna** (MTA Természettudományi Kutatóközpont)
Dr. Hartel Tibor (Sapientia Erdélyi Magyar Tudományegyetem)

ELŐADÁSOK

szerzők

- | | | |
|-------|---|-----------------------------|
| 13:50 | A Go/No-Go paradigma alkalmazása kutyán: függ-e a kutyák teljesítménye a személyiségüktől és a figyelmi/aktivitási szintjüktől? | Csibra Barbara |
| 14:10 | Kis Apolló-lepkék (<i>Parnassius mnemosyne</i>) táplálkozási stratégiái | Gór Ádám Kristóf |
| 14:30 | <i>Formica polyctena</i> (Hymenoptera, Formicidae) higiénias viselkedési formái entomopatogén gombafertőzés esetében | Juhász Orsolya |
| 14:50 | Rokondiszkrimináció és szuperkolonialitás a tölgyfahangyánál (<i>Liometopum microcephalum</i>) | Keresztes Kriszta
Kincső |
| 15:10 | Az együttműködés evolúciójának vizsgálata Hótorlasz játék esetében, dinamikus gráfokon | Král Adrienn |
| 15:30 | SZÜNET | |
| 15:50 | A táplálékelérhetőség és az érzékelt denzitás hatása életmenet jellegekre közönséges hidránál (<i>Hydra vulgaris</i>) | Sebestyén Flóra
Zsuzsa |
| 16:10 | Viselkedési és fiziológiai változók kovarianciája egy énekesmadárfajnál | Szabó Gyula |
| 16:30 | Kódolási stratégiák a madárének szerveződésében – az örvös légykapó (<i>Ficedula albicollis</i>) énekének hálózatos elemzése | Tamás Melitta |
| 16:50 | A kulturális evolúció nyomai a madarak énekében: dialektus és divat megjelenése az örvös légykapónál | Vaskuti Éva |
| 17:10 | ZSÚRI MEGBESZÉLÉS | |

FAUNISZTIKA, TAXONÓMIA, POPULÁCIÓBIOLÓGIA**ÖKOL FSZ01** terem 2017. április 10., hétfő 8:50

ZSÚRI elnök: **Prof. Dr. Varga Zoltán** (Debreceni Egyetem)
 tagok: **Prof. Dr. Csuzdi Csaba** (Eszterházy Károly Egyetem)
Dr. Móra Arnold (Pécsi Tudományegyetem)

ELŐADÁSOK

szerzők

8:50	A Sajó menti kisvízfolyások halfaunája és azok természetvédelmi és ökológiai értékelése	Abonyi Tamás
9:10	A süllő (<i>Sander lucioperca</i> L.) genetikai változatosságának vizsgálata a Balatonban	Bánó Bálint
9:30	A háziegér és a güzüegér összehasonlító vizsgálata	Bárdos Boróka
9:50	A talajfelszíni pókok vizsgálata a komáromi öregvár földsáncain	Berta Péter
10:10	Egy barlangi ászkarák (<i>Mesoniscus graniger</i> Friv.) életmenet jellemzőinek vizsgálata	Derbák Dávid
10:30	A nearktikus elterjedésű inkvilin tölgy gubacsdarazsak (Hymenoptera, Cynipidae, Synergini) osztályozása DNS szekvenciák alapján	Földi Csenge Anna
10:50	SZÜNET	
11:10	Nem-invazív mintavételi módszer megbízhatóságának elemzése parlagi sas (<i>Aquila heliaca</i>) populációdinamikai vizsgálataiban	Jakab Szilvia
11:30	Denevér eredetű cirkovírusszerű vírusok diverzitása	Kapitány Szilvia
11:50	Észak-Vietnámból származó denevérminták filogenetikai vizsgálata – két új faj felfedezése	Magonyi Nóra Mária
12:10	Tegzes (Trichoptera) imágók vizsgálata a Nagydobronyi Vadvédelmi Rezervátum területén	Szanyi Kálmán
12:30	Genetikai struktúráltság vizsgálata kutya populációkban mikroszatellita polimorfizmusok alapján	Tátrai Kitti
12:50	ZSÚRI MEGBESZÉLÉS	

FLORISZTIKA, CÖNOLÓGIA

ÉTK 1.035 terem 2017. április 11., kedd 8:50

ZSÚRI elnök: **Dr. Körmöczi László** (Szegedi Tudományegyetem)
tagok: **Dr. Nagy János** (Szent István Egyetem)
Dr. Kohut Erzsébet (II. Rákóczi Ferenc Kárpátaljai Magyar Főiskola)

ELŐADÁSOK

szerzők

8:50	Kriptogám közösség florisztikai és biomassza elemzése nyírségi CORYNEPHORETUM eltérő kezelésű részein	Balogh Rebeka
9:10	A hazai koboldmoha (<i>Buxbaumia</i>) fajok elterjedésének, élőhelyi preferenciájának és állománynagyságának vizsgálata magyarországi minták alapján	Deme Judit
9:30	Egy tengerparti növényfaj (<i>Cochlearia danica</i> L.) terjedése európai szózott utak mentén	Fekete Réka
9:50	SZÜNET	
10:10	A Budai Arborétum moha- és zuzmóflórája	Kovács Andor, Rigó Attila
10:30	Tengermelléki káka Fertő tavi állományának változása	Szóke Előd
10:50	A Kistóalmi-láprét vegetációjának változása az elmúlt 18 évben	Tóth Anna
11:10	ZSÚRI MEGBESZÉLÉS	

GENETIKA I.

ÉTK F.201 terem 2017. április 11., kedd 8:50

ZSÚRI elnök: **Prof. Dr. Nagy Bálint** (Debreceni Egyetem)
 tagok: **Dr. Batta Gyula** (Debreceni Egyetem)
Dr. Bajusz Izabella (MTA Szegedi Biológiai Kutatóközpont)

ELŐADÁSOK

szerzők

8:50	<i>A Drosophila</i> Rab2 szerepe az autofagoszóma- és endoszóma-érésben	Benkő Péter
9:10	A Karos-Eperjesszög III. számú temető honfoglaláskori maradványainak mtDNS vizsgálata	Kocsy Klaudia
9:30	A Tks4 állványfehérje vizsgálata mesenchymalis őssejt kultúrákban	Kovács Tamás
9:50	<i>A Drosophila</i> Vps8 szerepe a korai endoszómák fúziójában	Lakatos Zsolt
10:10	Az Atg16 szerepe a bélhomeosztázis fenntartásában	Sándor Gyöngyvér Orsolya
10:30	A retinsav jelátviteli útvonal vizsgálata rybp null mutáns neurális sejt kultúrában	Sutus Enikő
10:50	SZÜNET	
11:10	Az rybp gén szerepének vizsgálata a kontraktilis szívizom kialakulásában	Szabó Viktória
11:30	A small ovaries, egy új cisztaössejt faktor vizsgálata <i>Drosophila</i> herében	Szarka-Kovács Alexandra Brigitta
11:50	<i>A Drosophila</i> MTMR14 ortológ EDTP szerepének tanulmányozása az öregedésben és a neurodegeneratív betegségmodellekben	Szinyákovics Janka
12:10	Két myotubularin foszfatáz autofágiában betöltött szerepének összehasonlítása <i>Drosophila melanogaster</i> -ben	Tagscherer Kinga
12:30	A mellékvesekéreg-karcinóma szteroid bioszintézisének módosulása mitotán és 9-cisz-retinsav hatására	Vásárhelyi Zsófia
12:50	22q11.2 mikrodéléciók vizsgálata multiplex ligációs alapú próba amplifikáció (MLPA) módszerrel a magyar szkizofréria biobank mintáin	Vincze Katalin
13:10	ZSÚRI MEGBESZÉLÉS	

GENETIKA II.

ÉTK F.201 terem 2017. április 11., kedd 13:50

ZSÚRI elnök: **Prof. Dr. Bánfalvi Gáspár** (Debreceni Egyetem)
tagok: **Dr. Hoffman Gyula** (Pécsi Tudományegyetem)
Dr. Borsos Éva (Újvidéki Egyetem)

ELŐADÁSOK

szerzők

13:50	Másodlagos egyszerűsödés, mint alternatív diverzifikációs lehetőség vizsgálata gombákban	Almási Éva Teréz
14:10	Az antibiotikumokkal szemben hiperrezisztens kórokozók evolúciójának megértése a szintetikus biológia eszköztárán át	Apjok Gábor
14:30	A HSF-1 életkor függő szerepe a fonálféreg <i>Caenorhabditis elegans</i> stressz tűrésében	Biró János Barnabás
14:50	Mediátor aleggységet kódoló sep10 gén deléciós alléljának ellenőrzése és vizsgálata <i>Schizosaccharomyces pombe</i> hasadó élesztőben	Bodnár Veronika
15:10	A <i>Mucor circinelloides</i> izoprén bioszintézisében szerepet játszó gének csendesítése és funkcionális vizsgálata	Jäger Olivér
15:30	Az oltott és hagyományos dinnyefajták szövettani és genetikai összehasonlító vizsgálata	Márkus Rita
15:50	SZÜNET	
16:10	Referencia gének keresése a házityúk hipotalamuszában eltérő takarmányellátottság mellett	Papp Eszter
16:30	Transzkripciós átfedések és a transzkripciós dinamika vizsgálata PacBio IsoSeq technikával	Szabados Tamara
16:50	Filogenetikailag informatív SNP-k a kutya mitokondriális genomban	Szeifert Bea
17:10	Átfogó antibiotikum rezisztencia-determináns vizsgálat klinikai kórokozókban	Szili Petra Éva
17:30	A kemoattraktáns benzaldehid hatása a DAF-16 stressz-indukált transzkripciós faktor aktivációjára <i>Caenorhabditis elegans</i> -ban	Taisz István
17:50	A lizoszómális lebontás szerepe muslica szomatikus őssejtek osztódásában	Varga Júlia
18:10	ZSÚRI MEGBESZÉLÉS	

HIDROBIOLÓGIA**ÖKOL FSZ01** terem 2017. április 11., kedd 8:50

ZSÚRI elnök: **Dr. Erős Tibor** (MTA Ökológiai Kutatóközpont)
 tagok: **Dr. Simon Edina** (Debreceni Egyetem)
Dr. Várbíró Gábor (MTA Ökológiai Kutatóközpont)

ELŐADÁSOK

szerzők

8:50	Környezeti tényezők hatása a vízi makrogerinctelen közösségekre a Sajó-Hernád vízgyűjtő területén	Bozóki Tamás
9:10	A Szamos hazai szakaszán élő domolykók [<i>Squalius cephalus</i> (Linnaeus, 1758)] fémakkumulációjának vizsgálata	Dobrocsi Patrik András
9:30	Zooplankton szervezetek vas és mangán felvételének vizsgálata modellkísérletek segítségével	Herman Petra
9:50	Tápelem terhelés hatása hínárnövények versenyére	Koleszár Gergő, Vicei Tibor Tamás
10:10	Kiskunsági szikes tavak kovaalga és kovavázis ciszta összetétele	Körmendi Kitti
10:30	SZÜNET	
10:50	Erdélyi és bukovinai tőzeglápok kovaalga-közösségei	Rákossy Izabella
11:10	Halak fekete pettyes betegségét okozó <i>Apophallus</i> fajok gazdaspecificitásának és diverzitásának vizsgálata morfológiai illetve molekuláris módszerek segítségével	Sándor Diána
11:30	A Bodroghköz holtmedreinek összehasonlító vízkémiai elemzése	Tamás Márta
11:50	Vízi makrofítonok gadolínium-kontrasztanyag mobilizációja	Zavanyi Györgyi
12:10	ZSÚRI MEGBESZÉLÉS	

IMMUNOLÓGIA**ÉTK 1.035** terem 2017. április 10., hétfő 8:50

ZSÚRI elnök: **Dr. Kurucz Judit Éva** (MTA Szegedi Biológiai Kutatóközpont)
 tagok: **Dr. Bácsi Attila** (Debreceni Egyetem)
Dr. Gácsér Attila (Szegedi Tudományegyetem)

ELŐADÁSOK

szerzők

8:50	Anti-citrullinált protein ellenanyagok (ACPA) tisztítása, specifitásának és affinitásának mérése	Aradi Petra
9:10	A marginális zóna B-sejtek regulátor sejtekké történő differenciálódásának jelátviteli sajátosságai	Barátki Balázs
9:30	A gyulladásos bélbetegségek patomechanizmusában szerepet játszó genetikai tényezők feltárása	Csatári Marianna
9:50	Az Src-szerű adaptor fehérje kifejeződésének vizsgálata limfocitákban	Királyhidi Panna
10:10	SZÜNET	
10:30	COMP, YKL-40 biomarkerek vizsgálata szisztémás sklerosisban szenvedő betegekben	Kovács Antonietta
10:50	IgG Fc-régiójának mutációs módosítása az IgG effektor funkcióinak tanulmányozására	Kovács Kristóf György
11:10	Az emberi FHR5 fehérje funkcionális vizsgálata, ligandumkötő helyeinek meghatározása	Papp Alexandra
12:30	ZSÚRI MEGBESZÉLÉS	

MIKROBIOLÓGIA

ÖKOL A113 terem 2017. április 11., kedd 13:50

ZSÚRI elnök: **Prof. Dr. Bíró Borbála** (Szent István Egyetem)
tagok: **Dr. Csoma Hajnalka** (Debreceni Egyetem)
Dr. Juhász Ákos (Eszterházy Károly Egyetem)

ELŐADÁSOK

szerzők

13:50	Extracelluláris kitináz aktivitások vizsgálata <i>Smittium</i> gombákban: termelés, izolálás, biokémiai és funkcionális jellemzés	Bense Viktória
14:10	Az opportunistá humán patogén <i>Candida albicans</i> virulenciáját és oxidatív stressz érzékenységét befolyásoló glükokortikoszteroid	Borus Fanni
14:30	Sugárrezisztens baktériumok a Diana-Hygieia termálforrásban képződött biofilmből	Enyedi Nóra Tünde
14:50	Három kullancsfaj és a <i>Borrelia miyamotoi</i> előfordulásának szezonális változása egy erdei élőhelyen	Gabelics Tamás Péter
15:10	<i>Nostoc</i> (cianobaktérium) izolátumok azonosítása molekuláris markerekkel	Hanyicska Martin
15:30	A hemin, pH és a szén-dioxid hatásának vizsgálata a <i>Candida albicans</i> morfológiai átalakulására	Imre Alexandra, Bíró Brigitta
15:50	SZÜNET	
16:10	Az észak-kazahsztáni sós tavak ismeretlen prokarióta közösségei a trofikus és szalinitási gradiens mentén	Márton Zsuzsanna
16:30	Aknaszlatinai bányatavak sótűrő baktériumközösségeinek vizsgálata	Megyes Melinda
16:50	Efflux pumpa gátlás baktériumokban - kulcsszerepet játszhat-e a környezeti pH?	Nové Márta
17:10	Baktériumok izolálása házi méhek (<i>Apis mellifera</i>) mézgyomrából és mézmintákból	Veress Alexandra
17:30	<i>Taxus baccata</i> endofiton gombáinak és az általuk termelt másodlagos anyagcseretermékek biológiai hatásainak vizsgálata	Volford Bettina
17:50	ZSÚRI MEGBESZÉLÉS	

MOLEKULÁRIS BIOLÓGIA I.

ÉTK F.201 terem 2017. április 10., hétfő 8:50

ZSÚRI elnök: **Gálné Dr. Miklós Ida** (Debreceni Egyetem)
 tagok: **Dr. Terhes Gabriella** (Szegedi Tudományegyetem)
Dr. Csoma Eszter (Debreceni Egyetem)

	ELŐADÁSOK	szerzők
8:50	Rapamycin kezelés növekedés gátló és metabolikus hatása izocitrát dehidrogenáz (IDH) mutáns tumorsejtekben	Dankó Titanilla
9:10	A Hsp27 szerepének tanulmányozása magzati alkohol szindróma által kiváltott gyulladásban, apoptózisban és gliasejt aktivációban	Dukay Brigitta Dóra
9:30	A sejtkapcsolatokat módosító PN159 peptid fokozza a gyógyszerek átjutását a bélhám tenyészetes modelljén keresztül	Gróf Ilona
9:50	Intercelluláris „autópályák”- membrán nanocsövek: felépítés és funkció	Halász Henriett
10:10	Az ösztrogén receptor szerepe a plazmamembrán kalcium ATP-áz 4b izoforma expressziójának szabályozásában emlőtumor sejtekben	Hollósi Anna
10:30	NFAT transzkripciós faktorok szerepének vizsgálata humán melanóma sejteken	Korsós Marietta Margaréta
10:50	SZÜNET	
11:10	Az extracelluláris NM23 szerepe	Mátyási Barbara
11:30	Magyarországi hajléktalan emberek tápláltsági állapota	Nagy Brigitta
11:50	Proteoglykanok rákos sejtosztódásra gyakorolt hatásának vizsgálata egy lehetséges terápianyomában	Németh Csilla, Gyarmathy Gergő
12:10	Szteroid származékok, mint lehetséges új stratégia Organikus Anion Transzporter Polipeptid (OATP) 2B1- termelő tumorsejtek elpusztításában	Rigó Réka
12:30	Matriptáz-2 gátlás hatásainak vizsgálata májsejtenyészetben és májsejt-Kupffer-sejt kultúrán	Rokonál Patrik
12:50	A DNS hibajavítást segítő hiszton poszt-transzlációs módosítások in vivo vizsgálatára alkalmas kísérleti rendszer létrehozása <i>Drosophila</i> és humán modellrendszerben	Szűcs Diána
13:10	ZSÚRI MEGBESZÉLÉS	

MOLEKULÁRIS BIOLÓGIA II.

ÉTK F.201 terem 2017. április 10., hétfő 13:50

ZSÚRI elnök: **Dr. Urbán Edit** (Szegedi Tudományegyetem)
 tagok: **Dr. Széles Lajos** (Debreceni Egyetem)
Dr. Jakab Endre (Babeş–Bolyai Tudományegyetem)

ELŐADÁSOK

szerzők

- | | | |
|-------|--|----------------------|
| 13:50 | Virális és gazda eredetű tényezők vizsgálata házi és vadon élő víziszárnyasok polyomavírus fertőzésében | Bali Krisztina |
| 14:10 | Az auxin gátolja a szomatikus embriógenesis folyamatát indukált <i>Arabidopsis</i> gyökéren | Benkő Péter |
| 14:30 | Az öregedés során csökkenő expressziót mutató hiszton acetiltransferázok azonosítása és vizsgálata <i>Drosophila melanogaster</i> -ben | Faragó Anikó |
| 14:50 | Hírvivő RNS szabályozó elemek vizsgálata <i>Chlamydomonas reinhardtii</i> -ben | Iski Gergely |
| 15:10 | Virális géncsendesítést gátló fehérjék által indukált miR168 promóter analízise tranziens génextpressziós rendszerben | Kagan Ferenc |
| 15:30 | Az egyszálú DNS-kötő fehérje (SSB) és a RecQ helikáz közötti kölcsönhatás funkcionális szerepe a genomkarbantartásban | Kovács Zoltán |
| 15:50 | SZÜNET | |
| 16:10 | <i>Salmonella enteritidis</i> elleni ehető vakcina előállítása <i>Arabidopsis thaliana</i> modellnövényben | Mezei Zoltán |
| 16:30 | HIV-2 regulatórikus és tartozék gének hatása a HIV-1/2 duplafertőzésre | Miczi Márió |
| 16:50 | Kétértékű kationok hatása a <i>Leptospira interrogans</i> MreB polimerek szerkezetére és stabilitására | Sárkány Péter |
| 17:10 | <i>Legionella</i> baktériumok fenó- és genotípusos vizsgálata kórházi eredetű vízmintákból | Szikora Péter András |
| 17:30 | Növényi mikroRNS-ek szerepe a <i>Brachypodium distachyon</i> mellékgyökérzetének kialakulásában | Takács Kinga |
| 17:50 | A DNS hibajavítást in vivo vizsgáló modellrendszer részét képező deléciós hiszton géncsoportok létrehozása <i>Drosophila melanogaster</i> -ben | Varga Árpád |
| 18:10 | ZSÚRI MEGBESZÉLÉS | |

NEUROBIOLÓGIA

ÉTK 1.035 terem 2017. április 11., kedd 13:50

ZSÚRI elnök: **Prof. Dr. Matesz Klára** (Debreceni Egyetem)
 tagok: **Dr. Hegyi Zoltán** (Debreceni Egyetem)
Dr. Antal Károly (Eszterházy Károly Egyetem)

	ELŐADÁSOK	szerzők
13:50	A hídi formatio reticularis motoros afferenseinek fény- és elektronmikroszkópos vizsgálata	Bósz Emília
14:10	Neurális és prolaktin-indukált aktiváció szoptató anyapatkányok agyában	Finszter Cintia Klaudia
14:30	Szinaptikus fehérjék eloszlásának vizsgálata Bayes-féle klaszteranalízis alkalmazásával	Glavinics Judit
14:50	A hipofízis adenilát-cikláz aktiváló polipeptid (PACAP) és a horizontális sejtek ontogenetikus kapcsolatának komplex vizsgálata posztnatális patkány retinában	Hideg Orsolya, Csapó Hedvig
15:10	Nyomozás elektronmikroszkóppal: Mi nincs rendben a Hunter-szindrómás neurális őssejtek háza táján?	Jezsó Bálint
15:30	A sebészi trepanációk és különböző patológiás elváltozások kapcsolatának vizsgálata oszteoarcheológiai leleteken	Király Kitty
15:50	SZÜNET	
16:10	A hipofízis adenilát-cikláz aktiváló polipeptid (PACAP) szekretagóg hatásának farmakológiai analízise és az általa szabályozott fehérjék (Fgf1, Bmp4, Gdf3, Wnt1) expressziójának kimutatása újszülött patkány retinában	Kovács Kármén
16:30	A pikkelyes hullók és a teknősök gliaszervezetének összehasonlítása a GFAP immunhisztokémiai kimutatása alapján	Lőrincz Dávid Lajos
16:50	A korai stressz, a neurális plaszticitás és a kóros agresszió	Miskolczi Christina
17:10	Transzkraniális egyenáram-ingerlés hatása a magnocelluláris pályarendszerhez kapcsolt döntési folyamatokra	Németh Margit
17:30	Az anandamid és a 2-arachidonoil-glicerol jelátvitelének szerepe a traumára adott magatartási válaszok szabályozásában	Szente László
17:50	Az axonális mikrotubulus szerveződés és a DAAM formin kapcsolata	Tóth Krisztina
18:10	ZSÚRI MEGBESZÉLÉS	

NEUROFIZIOLÓGIA

ÉTK F.101 terem 2017. április 10., hétfő 8:50

ZSÚRI elnök: **Prof. Dr. Bíró Tamás** (Debreceni Egyetem)
 tagok: **Dr. Szűcs Péter** (Debreceni Egyetem)
Dr. Vehovszky Ágnes (MTA Ökológiai Kutatóközpont)

	ELŐADÁSOK	szerzők
8:50	A Fumonisin B1 akut hatásai túlélő agyszeleteken	Bódi Veronika
9:10	Intratalamikus kapcsolatok szerepe a fiziológiás és patológias oszcillatorikus aktivitás kialakításában	Bús Bálint
9:30	Objektív intraoperatív elektrofiziológiai mérési módszerek gyakorlati alkalmazása cochlearisan implantált betegeknél.	Dimák Balázs
9:50	A kinurénsav dózis-hatás függésének karakterizálása, a hatás vizsgálata oxigén-glükóz deprivációs modellben	Frank Rita
10:10	A RIN1 fehérje hatása a neuronok strukturális plaszticitására	Ignác Attila
10:30	Raphe-hippokampális glutamáterg bemenet szerepének vizsgálata a hippokampusz helykódjának kialakulásában, illetve modulációjában.	Klein Kristóf
10:50	SZÜNET	
11:10	Az entorhinális kéreg ex vivo vizsgálata: a kainát receptorok szerepének vizsgálata a fejlődés és a szinkronizált működések során	Májér Tímea
11:30	Hippocampalis gátló szinapszisok fiziológiás idegsejt aktivitás mintázat-függő szabályozása	Marosi Endre
11:50	Az $\alpha 7$ -típusú kolinerg receptorokra ható agonista vegyületek és pozitív alloszterikus modulátorok hatásának in vivo elektrofiziológiai vizsgálata patkány hippocampusban	Nagy Lili Veronika
12:10	Pszichofizikai paraméterek vizsgálata cochlearisan implantált betegek esetén	Nagy Roland
12:30	A neurovaszkuláris egység morfológiai vizsgálata a Vigh Judit Piroska humán érlemeszesedés egyik egér modelljében	
12:50	ZSÚRI MEGBESZÉLÉS	

NÖVÉNYÉLETTAN**ÖKOL FSZ01** terem 2017. április 11., kedd 13:50

ZSÚRI elnök: **Prof. Dr. Janda Tibor** (MTA Agrártudományi Kutatóközpont)
tagok: **Dr. Marschall Marianna** (Eszterházy Károly Egyetem)
Dr. Horák Rita (Újvidéki Egyetem)

ELŐADÁSOK

szerzők

- | | | |
|-------|--|--------------------------------------|
| 13:50 | Az S-metilmethionin-szalicilát (MMS) hatása a poliamin-bioszintézisre kukoricában hidegstressz esetén | Balassa György |
| 14:10 | Ozmotikus és só stressz vizsgálata <i>Arabidopsis thaliana</i> gstu19 és gstu24 mutáns növényekben | Csomor Gábor |
| 14:30 | Mikroelemhiány korrekciója Fe-, Mn- és Zn-tartalmú nanoferrit alkalmazásával hidropónikus rendszerben | Farkas
Zsuzsanna |
| 14:50 | Vízszennyező anyagok együttes hatásainak bioindikációja a kis békalencse életműködési változásai által | Holinka Botond |
| 15:10 | A Szarvasi-1 energiafű cinktoleranciájának élettani vizsgálata | Kolberg Flóra |
| 15:30 | SZÜNET | |
| 15:50 | Szárazság és UV-B stressz hatása <i>Nicotiana benthamiana</i> növények fotoszintetikus és antioxidáns kapacitásaira | Nagy Dóra |
| 16:10 | Mikrocisztin LR (MCY-LR) hatása a növényi sejtek poláris auxin transzport fehérjéinek eloszlására <i>Arabidopsis thaliana</i> -ban | Papp Georgina,
Freytag
Csongor |
| 16:30 | A dohány peroxidáz enzimei: szerepük az UV-B-hez történő alkalmazkodásban, mérési eljárások összehasonlítása különböző korú levelekben | Rác Arnold |
| 16:50 | <i>Nostoc</i> (Cianobaktérium) metabolitjainak bioaktivitás és LC-MS spektroszkópiás vizsgálata | Tar Ágnes
Mária |
| 17:10 | ZSÚRI MEGBESZÉLÉS | |

NÖVÉNYÖKOLÓGIA, SZÜNBOTANIKA**ÖKOL A113 terem 2017. április 11., kedd 8:50**

ZSÚRI elnök: **Dr. Mészáros Ilona** (Debreceni Egyetem)
 tagok: **Dr. Lukács Balázs** (MTA Ökológiai Kutatóközpont)
Dr. Szigyártó Lília (Sapientia Erdélyi Magyar Tudományegyetem)

ELŐADÁSOK

szerzők

8:50	Előny-e vagy hátrány a koegzisztencia? Denzitásfüggő kölcsönhatások hínárnövények között	Csizmár Aliz
9:10	Távérzékelés alapú fitomasszabecslési módszerek fejlesztése	Hafenschner Viktória Priscilla
9:30	Mennyi ideig életképesek a magvak a magbankban? Kísérletes tesztelés elásással	Jakab Melinda
9:50	A mérsékelt övi lágyszárú fajok magjainak tűztűrése erőteljesen függ hidratáltsági állapotuktól	Lukács Katalin
10:10	Légszennyezettség vizsgálata klorofill tartalom alapján	Molnár Vanda Éva
10:30	SZÜNET	
10:50	Telepített gyepek fajgazdagságának növelése kolonizációs ablakok segítségével	Radócz Szilvia
11:10	Cönológiai szerkezet és mikroklíma mintázatok összefüggése erdőssztyepp életközösségekben	Süle Gabriella Erzsébet
11:30	Epifiton és epixyl mohafajok túlélésének kísérletes vizsgálata különböző erdősztyeti kezelése során	Vadas Ákos
11:50	2014-es jégtörés okainak és hatásainak elemzése a Börzsöny erdeiben	Zoltán László
12:10	ZSÚRI MEGBESZÉLÉS	

TERMÉSZETVÉDELMI BIOLÓGIA
ÖKOL FSZ01 terem 2017. április 10., hétfő 13:50

ZSÚRI elnök: **Prof. Dr. Padisák Judit** (Pannon Egyetem)
tagok: **Dr. Margóczy Katalin** (Szegedi Tudományegyetem)
Dr. Kelemen András (MTA-DE Biodiverzitás Kutatócsoport)

	ELŐADÁSOK	szerzők
13:50	Kételtű faunisztikai és vonulás kutatási vizsgálatok a Tápió-Hajta vidéke Tájvédelmi Körzetben	Bozóki Balázs
14:10	A sárgahasú unka (<i>Bombina variegata</i>) elterjedését befolyásoló tényezők a kolozsvári Bükk-Malomvölgy Natura 2000-es területen	Erős Réka
14:30	Mocsári teknős fészkek predációjának vizsgálata a Nagybereki Fehérvíz TT-n	Horváth Ida
14:50	Lékes felújító vágás kismérsékelt közösségekre gyakorolt hatása erdőrezervátumi puffterületen	Jánosa Gergely
15:10	Természetvédelmi erdőkezelés hatásai hazai lombhullató élőhelyeken	József Júlia
15:30	Szünet	
15:50	Városi erdőfoltok biodiverzitás-megtartó szerepe	Kásler Andrea
16:10	Antropogén beavatkozások hatása az Öreg-Túr halfaunájára	Sólyom Norbert
16:30	Szelektív vadragás szerepe erdei lékek fásszárú fajszerkezetének kialakulásában	Sütő Dávid
16:50	Herbivória versus égetés hatása gyepekben élő évelő lágyszárú növények éves növekedésére és virágzására	Szabó Csilla
17:10	Zöldfolyosók szerepe a kismérsékeltök abundancia viszonyainak megoszlásában agrárterületen	Szűcs Boldizsár
17:30	ZSÚRI MEGBESZÉLÉS	

ÖSSZEFOGLALÓK

TAGOZATOK SZERINT



B owl, a konferencia kabalafigurája
(készítette: Tóth Mária)

ÁLLATÉLETTAN

BAKSA VIKTÓRIA

Biomérnök BSc

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

KISS ALEXANDRA

Biomérnök BSc

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezető:**Dr. Szemán-Nagy Gábor
egyetemi adjunktus, DE TTK***Gadolinium-klorid emlős sejtekre gyakorolt geno- és citotoxikus hatásainak vizsgálata**

A gadolinium kelát formáit MRI kontraszt anyagokban alkalmazzák. A gadolinium alapú kontraszt anyagokból felszabadult szabad gadolinium ionok toxicitása kevésbé ismert a szövetekben és a sejtekben.

A következő sejt típusokkal dolgoztunk: humán keratinocita sejt (HaCaT), humán eredetű limbális sejtek (HuLi), kolorektális adenokarcinóma (CaCO₂), egér karcinóma sejt (SCC VII) és Indián munttyák fibroblaszt sejt vonalak.

Megfigyeléseink során a long-term scan mikroszkópiát és perfúziós rendszert alkalmaztunk. Ennek segítségével lehetővé vált az eredeti látótér megtartása a tápfolyadékcsere közben, mialatt megszakítás nélkül készülhettek róluk time-lapse imagine felvételek, meghatározott időközönként.

Eredményeink alapján elmondható, hogy a Gd(III) gátolja a celluláris motilitást, illetve a sejteknek a tenyésztőedény felszínéhez történő tapadását a sejt típusa és a Gd³⁺ ion koncentráció is befolyásolja.

A genotoxikus hatásokat sejtmag izolációs módszer segítségével vizsgáltuk. Mikromoláris Gd³⁺ koncentrációnál sérülés-specifikus kromatin elváltozásokat tapasztaltunk.

Mindezek alapján az MRI kontraszt anyag körültekintő használatát javasoljuk főleg gyermekek és idősek esetében, mivel a szabad gadolinium ionok felhalmozódnak a szövetekben, például a lépben, májban és a vesékben.

ÁLLATÉLETTAN

BARNA LILLA

Biológia MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Deli Mária**tudományos tanácsadó, MTA Szegedi Biológiai Kutatóközpont***A kainát károsító hatásának kivédése a vér-agy gát tenyészetes modelljén**

Az epilepszia kialakulásában a glutamátnek és receptorainak meghatározó szerepük van. Az ionotróp kainát receptorok elsődleges ligandja az epilepszia kísérletes kiváltására is alkalmas kainsav. A vér-agy gát károsodás központi eleme az epilepszia patológiájának. Az epilepszia kainsav által kiváltott kísérletes állatmodelljein a vér-agy gát károsodásról már rendelkezésre állnak adatok, de a kainsav közvetlen hatását agyi endotélsejt tenyészeteken eddig nem vizsgálták. Célunk az volt, hogy a kainsav hatására bekövetkező változásokat tanulmányozzuk a vér-agy gátat alkotó sejtek tenyészetében.

Wistar patkányokból izolált primer agyi endotél-, pericit- és gliasejt tenyészeteken vizsgáltuk a kainsav hatását a sejtek életképességére (impedancia mérés), valamint morfológiájára. A három sejtípusból álló vér-agy gát modellen mértük a permeabilitás változását. Fluoreszcens festékekkel követtük a nitrogén monoxid és a szabad oxigényökök termelődését. A kainsav okozta változások kivédésére négy lehetséges védőanyagot is teszteltünk.

A kainsav kezelés koncentráció- és időfüggő módon károsította az agyi endotélsejteket, de nem befolyásolta a glia- és pericitasejtek életképességét. Az agyi endotélsejtek klaudin-5 kapcsolófehérjéjének immunfestése a sejthatárokon szakadozott lett kainsav kezelést követően, ami barrier megnyílásra utalt. Az asztroglia-sejtek alakjában és szerkezetében GFAP immunfestés alapján nem volt változás. A kainsav szignifikánsan fokozta a vér-agy gát modelljén a permeabilitást jelzőanyagokra, és serkentette agyi endotélsejtekből a nitrogén-monoxid felszabadulást. A szabad oxigényökök szintje nem változott. A ciklooxigenáz-gátló indometacin egyik tesztben sem mutatott protektív hatást. A gyulladáscsökkentő dexametazon és szimvasztatin, és a szabadgyökfogó edaravon szignifikáns védőhatást mutatott a kainsav okozta életképesség-csökkenéssel és permeabilitás-fokozódással szemben. A dexametazon csökkentette a kainsav kezelés által megemelt nitrogén-monoxid-termelést.

Elsőként igazoltuk, hogy a kainsav csökkenti az agyi endotélsejtek életképességét, megváltoztatja a sejtek közötti kapcsolófehérjék immunfestődését, és fokozza a sejtek nitrogén-monoxid-termelését. A vér-agy gát modellen kainsav hatására megemelkedett a permeabilitás jelzőmolekulákra, amit dexametazon, szimvasztatin, illetve edaravon kezelés kivédett. Adataink alapján a kainsav közvetlenül károsítja az agyi endotélsejteket, ami terápiás célpont lehet epilepsziában.

ÁLLATÉLETTAN

BENKŐ ERZSÉBET

Biológus MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Tóth-Molnár Edit**egyetemi docens, SZTE AOK**Sóti Dr. Bagyánszki Mária**egyetemi docens, SZTE TTIK***Az adrenerg stimuláció szerepe egér könnymirigy vezetéksejtek folyadékszekeréciójában**

Korábbi feltételezések szerint az adrenerg stimuláció – a véráramlás szabályozása révén – közvetett szerepet tölt be a könnymirigy szekrécióban. Az utóbbi években egyre több bizonyíték szól a szimpatikus ingerlés közvetlen stimuláló hatása mellett: mind az α -, mind a β -adrenerg agonisták hatására szekréciós választ sikerült igazolni egér könnymirigy szeleteken. Az adrenerg ingerlés duktális hatása azonban még ismeretlen. Munkánk célja az volt, hogy megvizsgáljuk az adrenerg stimuláció hatását egérből izolált könnymirigy vezetéksejt szegmensek folyadékszekeréciójára.

A munkacsoportunk által kifejlesztett, könnymirigy duktuszok funkcionális vizsgálatára alkalmas módszer segítségével izoláltunk interlobuláris és interlobáris duktuszokat egér könnymirigyből. Az izolátumok végei az éjszakai inkubációt követően lezárulnak, egy zárt luminális teret formálva. A folyadékszekeréció a zárt intraluminális tér növekedését eredményezi, ami videomikroszkópos módszerrel quantálható. Az $\alpha 1$ -adrenerg agonista phenylephrine (β -antagonista jelenlétében [1 μ M propranolol]), a β -adrenerg agonista isoprenaline (α -antagonista jelenlétében [10 μ M phentolamine]) és a norepinephrine szekréciós hatását vizsgáltuk. A norepinephrine mind α -, mind β -receptorokat stimulálja. Az adatok átlagként vannak feltüntetve, \pm SEM. A phenylephrine (10 μ M) gyors folyadékszekeréciós választ eredményezett (a stimuláció kezdeti 10 percében a szekréció sebessége: 187.87 \pm 26.8 pl/min/mm²). Isoprenaline (100 μ M) hatására nem jött létre szekréció (szekeréciós sebesség: -0.8 \pm 19.7 pl/min/mm²), míg a norepinephrine (10 μ M) egy gyors választ indított be (189.65 \pm 13.9 pl/min/mm² a stimuláció kezdeti 10 percében). Nem észleltünk statisztikailag szignifikáns különbséget a phenylephrine és a norepinephrine által kiváltott folyadékszekeréciós mérték között, a szekréció kinetikája is hasonlóan bizonyult ($p=0.42$).

Eredményeink az α -adrenerg stimulációnak a könnymirigy duktális folyadékszekeréciójában betöltött, közvetlen szerepére utalnak. Isoprenaline okozta folyadék szekréciós válasz hiánya a β -receptor által közvetített útvonal hiányára utal egér könnymirigy vezetéksejtekben. Norepinephrine és phenylephrin hasonló szekréciós hatásai arra engednek következtetni, hogy az α -adrenerg stimuláció a meghatározó adrenerg útvonal az egér könnymirigy ductusokban. Figyelembe véve az észlelt erőteljes szekréciós választ, a szimpatikus beidegzésnek feltételezhetően több funkcionális jelentősége van, mint azt korábban gondoltuk.

ÁLLATÉLETTAN**BÖRZSEI DENISE**

Biológia BSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Pósa Anikó**egyetemi adjunktus, SZTE TTIK**Szabó Renáta**tudományos segédmunkatárs, SZTE TTIK***A magas triglicerid tartalmú diéta, a kalória megvonás, valamint a szabadidős testmozgás hatása a mesterséges menopauzában**

Bevezetés: A fertilis korú nőkben termelődő szexuálhormonok preventív hatással bírnak a kardiovaszkuláris betegségekkel szemben. A kor előrehaladtával, a menopauza bekövetkeztével csökken az ösztrogén szint a szervezetben, ezzel megszűnik a védelem a szív-és érrendszeri betegségekkel szemben, amely napjainkban a legfenyegetőbb halálozási okok közé tartozik a posztmenopauzális korú női lakosság körében.

Módszerek: Kísérletünkben 12 hetes periódus során az ösztrogénhiány (OVX, sebészeti ovariectomia), a szabadidős testmozgás és a specifikus diéta (CTRL: normál táp, HT: magas triglicerid tartalmú diéta, CR: kalóriamegvonás) hatásait vizsgáltuk a metabolikus és gyulladási paraméterek tekintetében patkány modellben.

A 12 hetes periódus után meghatározott értékek: a szérum vércukor, inzulin, leptin, triglicerid, aszpartát aminotranszferáz (AST), alanin aminotranszferáz (ALT) és tumor nekrozis faktor- alfa (TNF-alfa) koncentrációja; és a szív bal kamra mieloperoxidáz (MPO), hem oxigenáz enzim (HO) aktivitása és HO-1 expressziója.

Eredmények: Az OVX és HT diéta hatására emelkedett metabolikus (vércukor, inzulin, leptin, triglicerid, AST, ALT) és gyulladási (TNF-alfa, MPO) értékeket a 12 hetes szabadidős testmozgás és CR diéta szignifikánsan csökkentette. Továbbá, a 12 hetes kísérleti protokollunk kedvezően befolyásolta a HO enzim aktivitását és a HO-1 expresszióját.

Összefoglalás: Kísérleteinkben az ösztrogénhiány és trigliceridben gazdag diéta hatására a gyulladási és a metabolikus paraméterek szignifikáns növekedését tapasztaltunk. A szabadidős testmozgás és a kalória csökkentett diéta a gyulladási és a metabolikus értékek mérséklésén keresztül szerepet játszik a szervezet védelmében, mely ezáltal egy nem-farmakológiai kezelési módszer menopauzában.

Témátámogatások: AZ EMBERI ERŐFORRÁSOK MINISZTERIUMA ÚNKP-ÚNKP-16-4 ÉS ÚNKP-ÚNKP-16-3 KÓDSZÁMÚ ÚJ NEMZETI KIVÁLÓSÁG PROGRAMJÁNAK TÁMOGATÁSÁVAL KÉSZÜLT (PÓSA ANIKÓ, SZABÓ RENÁTA)

ÁLLATÉLETTAN

FEHÉR VIRÁG PIROSKA

Biológia MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Prof. Dr. Bodzsár Éva
egyetemi tanár, ELTE TTK***A testi-lelki egészség és az életmód tényezői közötti kapcsolatrendszer 8-17 éveseknél**

Modern megközelítésben az egészség nem csak a betegség hiányát, hanem komplex, fizikai, mentális és szociális jóléti állapotot jelent (WHO, 1946). A pszicho-szociális stressz magas szintje megfelelő megküzdési stratégiák hiányában pszicho-szomatikus tünetek megjelenéséhez vezet. A pszicho-szomatikus tünetek gyakorisági mintázatát, az átélt tünetek csoportjait, intenzitását, rendszerességét számos tényező (pl. életkor, nem) befolyásolja a teljes emberi életciklus során. Vizsgálatunk célkitűzése volt, hogy 8–17 éves gyermekek körében a pszicho-szomatikus tünetek mintázatát befolyásoló testszerkezeti, pszicho-szociális, életmódbeli tényezőket beazonosítsuk.

Vizsgálatunkban a Második Országos Növekedésvizsgálatban részt vett gyermekek egy random módon választott almintájának pszicho-szomatikus státuszát elemeztük. A pszicho-szomatikus tüneteket a Haugland-féle módszernek megfelelően három tünetcsoportba: testi tünetek, pszichés tünetek és alvási nehézségek csoportjába soroltuk. A tünetek és a kialakított tünetcsoportok esetén is a panaszokat gyakran, átlagos gyakorisággal és ritkán átélők csoportjait különítettük el. A statisztikai elemzéskor multinomiális logisztikus regresszió elemzést végeztünk el a két nem esetén külön-külön. A regresszió elemzésben a gyermekek testszerkezetének jellemzésére abszolút és relatív testdimenziókat, a tápláltsági állapotot, a pszicho-szociális státusz jellemzésére az önértékelés és énkép komponenseit, az egészségi állapot mutatóit, a szocio-ökonómiai háttér tényezőit, az életmód jellemzésére pedig a fizikai aktivitási mintázat tényezőit használtuk fel.

Vizsgálati eredményeinket összegezve elmondható, hogy a pszicho-szomatikus tünetek gyakorisága az életkor előrehaladtával fokozódott, és a lányok gyakrabban éltek át pszicho-szomatikus tüneteket, mint a fiúk. Az idegesség és a fáradtan ébredés tünete fordult elő leggyakrabban mindkét nem esetében. A fáradtan ébredés tünete gyakorisági mintázata és csoportstruktúrája alapján elkülönült az összes többi pszicho-szomatikus tünettől.

A többtényezős, sok szempontú elemzés eredményeképpen megállapítást nyert, hogy a lányok esetében a testsúly, a tápláltsági állapot, az önértékelés és az iskolai sikeresség a pszicho-szomatikus tünetek mintázatának legfontosabb befolyásoló tényezői, míg ezzel szemben a fiúk esetében a pszicho-szomatikus tünetek mintázatát legjelentősebben a szubjektív egészségi állapot, a fizikai aktivitási szint és a szocio-ökonómiai háttér tényezői befolyásolják.

ÁLLATÉLETTAN**HORÁNYI NÓRA**

Info-bionika mérnöki MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Deli Mária**tudományos tanácsadó, MTA Szegedi Biológiai Kutatóközpont***Agyi endotélsejtek sejtfelszíni elektromos töltésének változtatása a glikokalix enzimes emésztésével**

Az agyi endotélsejtek felszínén található glikokalix része a vér-agy gát védelmi rendszerének és befolyásolja az agyi anyagbejutást. A glikokalix összetételére, szerepére és betegségekben való megváltozására vonatkozó kutatások az elmúlt években előtérbe kerültek. Nem állnak rendelkezésre azonban olyan adatok, amelyek az erek belhámsejtjeinek, különösképpen az agyi mikroerek glikokalix mennyiségének és a sejtek felszíni töltésének változását közvetlen mérésekkel vizsgálták volna. Munkánk célja ezért tenyésztett agyi endotélsejtek felszíni töltésének közvetlen mérése volt, illetve annak vizsgálata, hogyan változik a felszíni töltés és az endotélsejtrétegek permeabilitása a glikokalix enzimes emésztése után.

Kísérleteink során D3 humán agyi endotélsejtvonalat és primer patkány agyi endotélsejt tenyészeteket használtunk. A glikokalix mennyiségét neuraminidáz, hialuronidáz és tripszin enzimekkel csökkentettük, amit N-acetil-D-glükózamin és szialsav specifikus fluorezcensen jelölt búzacsíra lektin kötődéssel vizsgáltunk. A jelölt lektin kötődéséről konfokális mikroszkóppal képeket készítettünk, amelyek fluorezcens intenzitását Image J programmal értékeltük ki. Az agyi endotélsejtek felszíni töltését Malvern Zetasizer Nano ZS műszerrel mértük. A gátműködést tenyésztőbetéteken létrehozott agyi endotélsejtrétegeken fluorezcens jelzőmolekulák, dextrans és Evans kék-albumin komplex átjutásával vizsgáltuk.

Sikerült megmérni az agyi endotélsejtek felszíni töltését, és mindkét sejt típusban a zéta potenciál az irodalmi adatokkal összhangban erősen negatív. Mindhárom enzim emésztette a glikokalixot, és csökkentette a lektin kötődést. Ezzel párhuzamosan a felszíni negatív töltés abszolút értéke jelentősen csökkent mind a sejt vonalon, mind primer agyi endotélsejteken. Ugyanakkor a neuraminidáz és a hialuronidáz kezelés nem befolyásolta a jelzőanyagok átjutását. A permeabilitás csak a tripszin esetében nőtt, azonban ez az enzim a sejt közötti kapcsolatok hasításával megnyitja a paracelluláris utat, ami a morfológiai képeken is látható volt.

Elsőként mértük meg humán és patkány agyi endotélsejteken a felszíni negatív töltés változását a glikokalix enzimes emésztése után. Megállapítottuk, hogy ezekben a sejtekben a felszíni töltés jelentős része a glikokalixból származik, hiszen enzimes emésztés után a sejtek zéta potenciálja pozitívabbá vált. A glikokalix mennyiségének csökkenése ugyanakkor nem befolyásolta a semleges töltésű jelzőanyagok átjutását.

ÁLLATÉLETTAN**HORVÁTH KRISZTINA**

Biológia MSc

Állatorvostudományi Egyetem

*Témavezetők:**Dr. Kovács Krisztina**laborvezető, MTA Kísérleti Orvostudományi Kutatóintézet**Winkler Zsuzsanna**kutató, MTA Kísérleti Orvostudományi Kutatóintézet**Csonka Diána**tudományos segédmunkatárs, ATE***Krónikus stressz indukálta metabolikus változásokat kísérő mikroglia aktiváció vizsgálata a hipotalamuszban**

A modernizáció hatására nő az alkalmazkodásra készítő ingerek, stresszorok száma. Ezen pszichoszociális és fizikai behatások szervezet szintű, komplex választ, stresszt indukálnak. A neuroendokrinológiai és immunológiai válaszok mellett a krónikus variábilis stressz (CVS) az anyagcsere folyamatokban is változást okoz.

Az agy mikroglia sejtjei jelentős szerepet játszanak a neuroinflammatorikus folyamatok létrehozásában és az idegsejthálózatok szinapszisainak átrendezésében. Mivel a fraktalkin az egyik fontos kemokin, amit neuronok termelnek és specifikus receptoruk (CX3CR1) mikroglia sejteken van, kulcsszerepet tölt be a neuron-mikroglia kommunikációban, befolyásolva a mikroglia aktivációt.

Célunk a CVS hatására bekövetkező szervezet szintű metabolikus, és a mikroglia aktivációt jelző morfológiai változások detektálása a metabolikus szabályozásban kulcsszerepet játszó arcuatus magban. Kísérletünkben fraktalkin szignalizáció hibás, transzgénikus egereket használtunk (CX3CR1^{-/-}, genetikai háttér: C57Bl6). Az állatokat felnőttkorukban négy héten át tartó, CVS-nek tettük ki. A kísérlet során feljegyeztük az állatok testtömeg változásait, majd a stressz procedúra végén indirekt kalorimetria segítségével felvételeztük főbb metabolikus paramétereiket. Megmértük a mellékvesék tömegét, illetve a vér kortikoszteron koncentrációját. Az agyi mikroglia morfológiai változásait specifikus, mikroglia aktivációt jelző molekuláris marker (Iba1) használatával, klasszikus és fluoreszcens immunhisztokémiai módszerekkel vizsgáltuk.

A CVS-nek kitett egerek mellékvese tömege és plazma kortikoszteron koncentrációja szignifikánsan nőtt a kontrollokéhoz képest. A stresszelt egyedek testtömeg-gyarapodása a kezelés idején szignifikánsan elmaradt, a nyugalmi időszakban pedig megnőtt a nem stresszelt állatokétól. A CVS megnövelte a CX3CR1^{-/-} állatok éjszakai lokomotoros aktivitását vad típusú és kontroll társaikhoz képest. Továbbá, stressz hatására a kontroll csoport egereitől szignifikáns növekedést mutatott az egyedek energiafelhasználása, illetve éjszakai táplálékfelvétele és légzési hányadosa (RER). Valamint, CVS hatására az egyik fő energia-homeosztázist szabályzó agyterületen, a nucleus arcuatusban (ARC) megnőtt a mikroglia sejtek Iba1 festődési intenzitása vad típusú egyedekben, míg CX3CR1^{-/-} egerekben nem.

Összefoglalva, a CVS hatással volt az egerek metabolikus paramétereire és az ARC-ban létrejövő mikroglia aktivációra, melyben szerepe volt a fraktalkin szignalizációnak.

ÁLLATÉLETTAN**KALÁCS KRISZTINA ILDIKÓ**

Biológia MSc

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Ludány Andrea
egyetemi tanár, PTE ÁOK**Kustán Péter
PhD-hallgató, PTE ÁOK***Savoldékony szérumfehérjék vizsgálata szisztémás gyulladási folyamatokban**

Bevezető: Az egész szervezetet érintő gyulladási állapotok diagnosztikájához, és a betegség lefolyásának monitorozásához elengedhetetlenek a laboratóriumi vizsgálatok, azonban a klasszikus gyulladási markerek elemzése önmagában nem elégséges. A szérumban nagy mennyiségben jelenlévő fehérjék jelenléte elfedheti kisebb proteinek szerepét, megnehezítve azok vizsgálatát. Perklórsavas kicsapás során a szérumfehérjék nagy része denaturálódik, így a savoldékony frakció érzékeny módszerekkel tovább vizsgálható. Jelen vizsgálatunk célja betegség specifikus molekuláris mintázatok azonosítása a savoldékony szérumfrakcióban egyes szisztémás gyulladási kórképekben. Kutatásunk középpontjában a szepszis - súlyos, akut infekcióra adott szisztémás válaszreakció -, valamint a Crohn-betegség - krónikus lefolyású bélgyulladás - álltak.

Anyag és Módszer: Egészséges kontroll egyének (n=10), aktív Crohn-betegek (n=12) és szeptikus betegek (n=10) szérum mintáit elemeztük. A szérumokat 10%-os perklórsavval kezeltük, majd a centrifugálás után nyert felülúszókat további analíziseknek vetettük alá. Egyrészt SDS gélelektroforéziseket (SDS-PAGE) végeztünk ezüstfestéssel, másrészt nagy érzékenységgű mikrochip elektroforézissel (Agilent 2100 Bioanalyzer, High Sensitivity Protein 250 LabChip) elemeztük mintáinkat.

Eredmények: Összehasonlítva a savban oldódó fehérjék mintázatait egészséges és szisztémás gyulladási betegségben szenvedő embereknél, éles különbségeket találtunk. A savoldékony fehérjék mennyisége szepszisben és aktív Crohn-betegségben is magasabb volt a kontrollokhoz képest. Jellegzetes változásokat detektáltunk a szisztémás gyulladási folyamatokban. Megfigyeltünk 3 markáns csúcsot (67, 86, 120 kDa), melyek eltérő intenzitással jelentek meg a vizsgált csoportokban.

Konklúzió: A szisztémás gyulladásban szenvedő betegeknél, az egészséges egyénektől eltérő, jellegzetes mintázatokat figyeltünk meg. A perklórsavas extrakció alkalmas lehet szérum biomarkerek azonosítására, melyek klinikailag hasznos információval szolgálhatnak. A szemikvantitatív mikrochip elektroforézissel kibővíthető a hagyományos SDS-PAGE. A technika előnye a nagy gyorsaság, az érzékenység és, hogy tömeg meghatározásra is közvetlenül képes. Jövőbeni terveink között szerepel a savoldékony szérumfrakció további tömegspektrometriás elemzése, és a jellegzetes fehérjék azonosítása. Kvantitatív mérésekkel tervezzük tesztelni, hogy a savoldékony fehérjék alkalmasak-e rutin automatizált elemzésre.

ÁLLATÉLETTAN

KŐVÁRI PETRA

Biológia BSc

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Váczy Alexandra**egyetemi tanársegéd, PTE ÁOK**Dr. Atlasz Tamás**egyetemi docens, PTE TTK***A PACAP szerepe endotoxin-indukálta uveitis esetében**

A hipofízis adenilát-cikláz aktiváló polipeptid (PACAP) anti-inflammatórikus hatását számos tanulmány bizonyította különböző retinadegenerációs modellben. Ismert, hogy egerek szemében endotoxin okozta uveitis esetén jelentő látás csökkenés és akár maradandó károsodás is kialakulhat. A PACAP különböző biológiai funkciójának jobb megértéséhez legjobban az egerek endogén PACAP hiányának vizsgálata szolgáltat bizonyítékot. Szakirodalmi adatok és korábbi eredményeink alapján feltételezzük, hogy a PACAP génhányos (KO) egerek bakteriális lipopoliszacharid (LPS) indukálta fertőzés hatására nagyobb fokú gyulladással reagálnak, vad típusú társaikhoz viszonyítva. Kísérletünk célja egyrészt, hogy összehasonlítsuk a PACAP KO és vad típusú egerek látásának intraperitoneális LPS (6 mg/ttkg) kezelés hatására kialakuló funkcionális (elektroretinográfiai) változásait. Másrészt morфомetriai analízissel vizsgálni kívánjuk a retinaminták rétegeiben kialakuló degeneráció mértékét, valamint immunhisztokémiai módszer segítségével gliális fibrilláris savas protein (GFAP) jelölést alkalmazunk, amely a Müller gliasejtek aktivitásáról nyújt információt. A retinában fellépő túlzott aktivitása egyenesen arányos az ideghártyát ért károsodás mértékével.

Az elektroretinográfiai (ERG) méréseinket, valamint az immunhisztokémiai vizsgálatainkat az LPS fertőzéstől számított 24 óra elteltével hajtottuk végre. Szöveti analízisünket az endotoxin kezelést követően a 7. napon vizsgáltuk. A kísérletünkben elvégzett mérési eredményeink alapján azt tapasztaltuk, hogy kontroll körülmények mellett nincs különbség a vad típusú és PACAP KO egerek retinái között. Azonban az LPS kezelést követően ERG vizsgálatainknál a PACAP KO állatok látásfunkciójában jelentős csökkenés volt megfigyelhető vad típusú társaikhoz viszonyítva (a hullám és b hullám amplitúdó esetén). A hisztológiai vizsgálatok során a fertőzést követően több rétegben (OLM-ILM, ONL, OPL, INL, IPL) szignifikáns eltérést tapasztaltunk a két kezelt csoport között. GFAP fluoreszcens immunjelölés során kimutattuk, hogy az LPS kezelt PACAP KO egerek Müller gliasejtjei fokozottabb aktivitást mutatnak, a nyúlványaik erőteljesebben jelölődnek, amely a retina nagyobb fokú károsodására utal.

Vizsgálataink alapján elmondhatjuk, hogy az endogén PACAP fontos védő szerepet játszhat a retinális akut gyulladási folyamatokban.

ÁLLATÖKOLÓGIA, SZÜNZOOLÓGIA I.**BUKOR BOGLÁRKA**

Biológia BSc

Állatorvostudományi Egyetem

*Témavezetők:**Dr. Pásztor-Kovács Szilvia**tudományos munkatárs, ATE**Prof. Dr. Liker András**egyetemi tanár, PE*

Éven belüli és évek közötti újráfészkelések gyakorisága erdei és városi széncinege populációkban

Az utóbbi évtizedekben számos kutatás folyt az urbanizáció állatpopulációkra gyakorolt hatásának felderítésére, aminek gyakori modell állatai a madarak. Az eddigi eredmények alapján megállapítható, hogy a városi madárpopulációkra jellemző a kisebb fészkalj méret, ennek ellenére fészkaljat produkálnak. Jelen kutatásunkban ezt a hipotézist teszteltük széncinegék két erdei és két városi populációjának három éves vizsgálatán keresztül. Ennek során összesen 201 egyedileg azonosított tojó széncinege 354 fészkelésről gyűjtöttünk adatokat. Eredményeink szerint a városi és erdei tojók között nem volt különbség az éven belüli második költések gyakoriságában. Szintén nem találtunk élőhelyi különbséget abban, hogy a három év során a tojók hány fészkelési szezonban szaporodtak, és hogy ezalatt összesen hány fészkaljat raktak. Viszont a magasabb fészkenkénti utódszám miatt az erdei tojók csaknem dupla annyi fiókat reptettek ki a három év alatt, mint a városokban élők. Az elemzések során fény derült arra is, hogy a városi madarak nagyobb valószínűséggel mennek át költeni egy másik odúba egy éven belül, mint az erdei madarak, de ez lehet annak a következménye, hogy kisebb a más fajokkal való fészkekompetició mértéke. Ezt alátámasztja az a tény is, hogy nem találtunk szignifikáns különbséget az évek közötti odúhűségben. A városi széncinegék alacsony fészkenkénti sikerét tehát valószínűleg nem kompenzálja nagyobb számú fészkelés. Ebből arra következtethetünk, hogy a nagyobb városi denzitást vagy a jobb túlélés vagy a természetes területekről történő bevándorlás okozhatja. Utóbbi esetben az urbanizálódott széncinege populációk egyedeinek fitnessze kisebb lehet a természetes populációkéhoz képest, és így ezek az élőhelyek egyfajta ökológiai csapdaként működnek.

ÁLLATÖKOLÓGIA, SZÜNZOOLÓGIA I.**DEMKÓ ANDRÁS FERENC**

Biológus MSc

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezető:**Dr. Horváth Roland**egyetemi adjunktus, DE TTK***Természetes és mesterséges lékek hatása talajlakó pókegyüttesekre a debreceni Nagyerdő területén**

A kutatásom során, a természetes úton létrejött (széldöntés által keletkezett) és mesterséges (csoportos szálaló vágás) lékek pókok biodiverzitására gyakorolt hatását vizsgáltam. A fajok gyűjtése 2014-ben májustól októberig havonta történt, avarrostás mintavételezéssel. A vizsgálat helyszíne a Debreceni Nagyerdő területén történt.

Három hipotézist teszteltem: (i) a fajgazdagság a lékekben magasabb lesz, mint a természetes erdőben és a tarvágásos területeken, mivel ezekben az élőhelytípusokban erdei és nyílt élőhelyhez kötődő fajok is egyaránt jelen vannak. (ii) Az erdei fajok száma a tarvágásban lesz a legalacsonyabb. (iii) A nyílt élőhelyhez kötődő fajok, valamint a fénykedvelő fajok fajszáma a tarvágásban lesz a legnagyobb. A vizsgálat során szignifikáns különbségeket kerestem eltérő élőhelyi és ökológiai igényű pókok fajszámban, melyeket az eredményeim alá is támasztottak. Az első hipotézisünk, melynél azt állítottuk, hogy a két féle lék típusban lesz a magasabb fajgazdagság, mint a másik két élőhelytípusban nem teljesült, mivel szignifikáns különbség csak a tarvágásos területek és a lékek között volt. A második hipotézisünk, mely szerint az erdei fajok száma a tarvágásban lesz a legalacsonyabb teljesült, mert valóban itt mutattak a legalacsonyabb fajszámot, ennek az oka leginkább az, hogy a nyílt élőhelyeken az erdei fajoknak nincsenek megfelelő körülmények a megtelepedéshez. A harmadik hipotézisünk esetében, melynél a nyílt élőhelyhez kötődő és a fénykedvelő fajok fajszáma a tarvágásban lesz a legnagyobb teljesült. A megnövekedett nyílt területek mindenképp kedvező feltételeket biztosítanak a nyílt élőhelyhez kötődő fajok számára, valamint a talajfelszínre lejutó több napfény a fénykedvelő fajok számára.

Az eredményeim alátámasztották, hogy a természetes és mesterséges úton létrejött lékek jelentősen növelik az erdőállományokon belüli heterogenitást és az ökológiai rendszerek stabilitását, amely hozzájárulhat az erdeink biológiai sokféleségének megőrzéséhez.

ÁLLATÖKOLÓGIA, SZÜNZOOLÓGIA I.**HARMAT MÁTÉ**

Biológia BSc

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Horváth Győző**egyetemi adjunktus, PTE TTK**Tóth Dániel**PhD-hallgató, PTE TTK***Fajgazdagság, dominancia viszonyok: kismérlős monitorozási adatok közösségi szintű értékelése különböző korú erdőállományokban**

Jelen munkánk célja volt, hogy a Dráva felső szakasza mentén elterülő Lankóci-erdőben kilenc évvel korábban és 2016 őszén, a különböző korú erdőállományokban detektált kismérlős együttesek faj-gyakorisági viszonyainak összehasonlító értékelését elvégezzük. A 2016-os felmérést ősszel (szeptember, október) kezdtük el így az elemzéshez a korábbi időszakból a 2007-es őszi adatokat vettük figyelembe.

A védett idős állomány és az újraerdősödő terület esetén kilenc éves összehasonlításban a fajszám hasonló volt, illetve a diverzitási indexek értéke alapján nem kaptunk szignifikáns különbséget. Ezt az eredményt a Rényi-féle diverzitási rendezés is alátámasztotta, a két diverzitási profil mindkét terület esetében metszi egymást, tehát a két időszakban regisztrált kismérlős együttes diverzitás szerint nem rendezhető. Mivel ugyanazokon a területeken kilenc év elteltével a fajgazdagság és a diverzitás tekintetében nem tudunk mérhető eltérést, így az első hipotézist elvetettük. A vizsgálatba 2016-ban bevont végvágás utáni telepítés területén mutattuk ki a legnagyobb fajszámot ($S=11$), mely terület kismérlős együttesének diverzitása a másik két erdőállomány esetén 2007-ben és 2016 mért diverzitásnál szignifikánsan magasabb volt.

A közösségi struktúra vonatkozásában 9 év távlatában nem találtunk különbséget az idős erdőállomány esetén, viszont az újraerdősödött területen 2016-ban a sárganyakú erdeiegér előfordulásának csökkenése megváltoztatta a közösségi struktúrát. Mindkét területen, mindkét időszakban a vöröshátú erdeipocok volt a leggyakoribb eudomináns faj. A különböző szukcessziós stádiumú területek között 2007-ben még nem tudunk szignifikáns diverzitás különbséget kimutatni, azonban 2016-ban a diverzitásban detektált jelentős különbségek a második hipotézist bizonyították. Az ACE (Abundance-based Coverage Estimator) fajgazdagság becslő mindhárom terület esetében szignifikánsan magasabb fajgazdagságot becsült a megfigyeltnél, a fajgazdagság pontosabb becslésére további becslési módszerek bevonása indokolt.

ÁLLATÖKOLÓGIA, SZÜNZOOLÓGIA I.

JUHÁSZ ERIKA MÁRIA

Biológus MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Molnárné Dr. Biró Marianna
tudományos munkatárs, MTA ÖK ÖBI**Az eurázsiai hód (*Castor fiber*) táplálék-preferenciájának és területhasználatának vizsgálata**

Az eurázsiai hód az elmúlt két évtizedben végzett visszatelepítések következtében újra elterjedt hazánkban. A hódok faragási tevékenységük révén jelentősen átalakítják élőhelyüket, és természetes erdők esetén hatással vannak a szukcesszió folyamatára. A fák kidöntése egyre komolyabb természetvédelmi – erdőgazdálkodási érdekkonfliktus forrása. A konfliktus kezelése a táplálkozási szokások megértése nélkül nem lehetséges. Dolgozatom célja a táplálék-preferenciát, valamint a fogyasztást befolyásoló tényezők föltárása.

Vizsgálatom mintavételi elrendezése lehetőséget biztosít a territóriumokon belüli és azok közötti tendenciák elemzésére. Közép-dunai és alsó-tiszai folyószakaszok bejárását követően 6 hódterritóriumot jelöltem ki mintavételi helyként. Az élőhelyi struktúra és a táplálékkínálat felvételezését territóriumonként két partszegéllyel párhuzamos transzekt mentén, transzektenként 50-50 mintavételi körön belül végeztem. Feljegyeztem a hódok számára elérhető fajonkénti fásszárú-kínálati darabszámot és a fogyasztást. A 6 cm-nél vastagabb törzsek esetében az átmérőt is szerepeltettem az adatlapon.

A parttól való távolság fogyasztásra gyakorolt hatását és transzektenként a fogyasztást potenciálisan befolyásoló tényezők szerepét binomiális-általánosított lineáris modellek (glm) segítségével elemeztem. A transzektenkénti fogyasztás és kínálat fajonkénti összegzését követően Vanderploeg és Scavia képletével preferencia-értékeket számítottam.

Az átmérő növekedésével a törzsek fogyasztottsága szignifikáns csökkenést mutatott. A fogyasztás és a kínálat viszonya már ebben a kis léptékben is jelentősen függött a parttól mért távolságtól. A Salicaceae-fajok dominanciája esetén a hódok főként azokkal táplálkoztak. Speciális kínálati viszonyok között *Prunus cerasifera*, *Ulmus* sp., továbbá az inváziós *Acer negundo* és *Fraxinus pennsylvanica* is szerepelt a fogyasztott fásszárúak listáján. A hódok elkerülték a következő fajokat: *Acer saccharinum*, *Amorpha fruticosa*, *Cornus sanguinea*, *Crataegus monogyna*, *Elaeagnus angustifolia*, *Rosa canina*.

Ha egy területen a hozzáférhető 6 cm-nél vékonyabb ágak száma sokszorosán meghaladja a 6 cm-nél vastagabb törzsek számát, akkor faragás, fadöntés nem, vagy csak elvétve jelentkezik. Az erdészeti kártétel mérséklése tehát változatos erdőszerkezet, vagy puhafás hagyássáv (lehetőség szerint minimum 5 méter széles, a hódok által preferált táplálékot jelentő bokorfüzes) fenntartásával érhető el.

ÁLLATÖKOLÓGIA, SZÜNZOOLÓGIA I.**KELEMEN KRISZTINA**

Biológus MSc

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Horváth Győző**egyetemi adjunktus, PTE TTK*

Domináns kisemlősök térbeli szegregációs válasza lékes felújítóvágás hatására kialakuló fragmentációra

A Bükkhát Erdőrezervátum területén jellemző domináns rágcsálófajok válaszát vizsgáltuk a pufferzónában alkalmazott lékes felújítóvágás hatására kialakuló fragmentációra. Predikciónk szerint a keletkező mesterséges lécek befolyásolják a fajok élőhely használatát, ami mikro-élőhely léptékben is mérhető. A lécekben és a környező zárt erdőfoltokban megjelenő sárganyakú erdeieger (*Apodemus flavicollis*), vöröshátú erdei pocok (*Myodes glareolus*) és pirók erdeieger (*Apodemus agrarius*) fogási adatait használtuk fel a makro- és mikroélőhely asszociáció vizsgálatához. Az elemzéshez a 2015-2016-ban július és október közötti időszakban 3 lékben és 3 zárt erdőfoltban végzett elevenfogó csapdázás CMR módszerrel kapott adatait használtuk fel. A 6 mintaterületen 7×7-es csapdahálót helyeztünk el, 12 m-es csapdaközökkel. A fajok mennyiségi megoszlásának tekintetében a két élőhelytípus közötti különbséget általánosított lineáris kevert modellek (GLMM) alapján teszteltük, mely során a fix hatást a két habitat, a két vizsgált év és szezon jelentette, míg a random hatásként mintaterületek különbségeit vettük figyelembe. A modellek a pirók erdeieger esetén markánsan kiemelték a lékpreferenciát, míg a habitat és az évszak hatását együtt értelmezve azt az eredményt kaptuk, hogy a sárganyakú erdeieger ősszel, a vöröshátú erdeipocok nyáron a zárt erdőfoltokat preferálta. A mikrohabitat választás vizsgálata a csapdapontok körül felmért 14 botanikai változó alapján történt. A vegetáció és a fajok mennyiségi értékei közötti kapcsolatot ordinációs eljárással (RDA) vizsgáltuk. A továbbiakban a kisemlősök előfordulásában az ordinációs elemzés alapján kiválasztott legfontosabb botanikai változókat használtuk fel a fajok mikroélőhely asszociációinak vizsgálatához, amely vizsgálatot ugyancsak GLMM segítségével végeztünk el. Ebben az esetben a modellekben a mikrohabitat különbségeket leíró releváns botanikai változók szerepeltek fix változóként, míg az évek és a mintaterületek különbségét tekintettük random tényezőnek. A fajok mikroélőhely asszociáltságának általánosított lineáris kevert modellekkel végzett vizsgálata a pirók erdeieger esetében a példányszám negatív hatását emelte ki, míg a sárganyakú erdeieger és a vöröshátú erdeipocok a magas cserjeszint borításhoz kötődött.

ÁLLATÖKOLÓGIA, SZŰNZOOLÓGIA I.

LANSZKI ZSÓFIA

Biológia BSc

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Horváth Győző

egyetemi adjunktus, PTE TTK

Ragadozó emlősök táplálkozásvizsgálata az északi pocok (*Microtus oeconomus*) potenciális kis-balatoni élőhelyén

Vizsgáltam, hogy a Kis-Balaton potenciális északi pocok (*Microtus oeconomus*) élőhelyén, a közösséget alkotó ragadozóemlős-fajok táplálékmintázata egyedinek tekinthető-e, az együttélést segíti-e a mintázatok különbözősége, valamint van-e táplálkozási kapcsolatuk az évek óta csapdázással nem kimutatott fokozottan védett északi pocok állományával? Vizsgálatomat a Sármellék határában, a Keleti-Berekben végeztem, ahol magassásos élőhelyen keresztül haladó, elhagyatott vasúti töltésen (2,2 km szakaszon) egy éven át gyűjtöttem elemzésre vörös róka (*Vulpes vulpes*), *Martes* fajok (nyest/nyuszt), vidra (*Lutra lutra*), aranysakál (*Canis aureus*) és *Mustela* fajok (menyét/hermelin) ürülékmintáit (n = 482, 91, 342, 26 és 15 db, sorrendben). A róka és a vidra táplálékmintázata egyedi volt, a vizes élőhely adottságaihoz igazodott, az európai és hazai vizsgálatok nagytöbbségétől eltért. A róka egész évben kiemelkedően nagyarányban kisémlősökkel táplálkozott, de időszakosan (ősz, tavasz) jelentős volt a madárfogyasztása is, a többi táplálék típus szerepe alárendelt volt. Különlegesség, hogy a vidra számára a kisémlősök (nyár kivételével) elsődlegesek és a halak csak másodlagosan voltak fontos táplálékok, továbbá a madárfogyasztás időszakosan (tavasz) jelentősen megemelkedett. A nyest/nyuszt, a sakál és a menyét/hermelin tápláléka kisémlős dominanciájú volt, időszakosan jelentős madárfogyasztással. A fajoként eltérő táplálékmintázatokat loglineáris-, kovariancia- és klaszteranalízis is alátámasztotta. A ragadozófajok nagy táplálékátfedések mellett is egymás mellett éltek. A róka és a nyest/nyuszt egymáshoz hasonló mértékben preferálták a *Microtus* fajokat, a kőszapockot (*Arvicola amphibius*) és a törpeegeret (*Micromys minutus*), mellőzték az *Apodemus* fajokat és a cickányokat. A mindegyik faj esetében időszakosan jelentős madárfogyasztás a terület különleges értékét jelentő madárpopulációkra gyakorolt potenciális hatás részletesebb vizsgálatát indokolja. Az északi pocok területen való jelenlétét a róka és a nyest/nyuszt több alkalommal is kimutatott fogyasztása támasztotta alá, ami alapján javaslom a kisémlős monitorozás vízszintváltozásokhoz is igazodó rugalmas alkalmazását.

ÁLLATÖKOLÓGIA, SZÜNZOOLÓGIA I.**SCHNEIDER ZOLTÁN**

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Szövényi Gergely**egyetemi adjunktus, ELTE TTK***Egyenesszárnyú rovar (Orthoptera) együttesek tér- és időbeli változásai a Tétényi-fennsík gyeprekonstrukciós területén**

Kutatásomat a Budapest szomszédságában található Tétényi-fennsík egyik legnagyobb összefüggő, védett Natura 2000-es területén végeztem. Itt egy EU LIFE Nature+ pályázat keretében degradált és elcserjésedett szárazgyepi élőhelyek rekonstrukciója zajlik, amelynek eredményességét, illetve az életközösségre gyakorolt hatását vizsgáltam e rovarcsoporton keresztül. 2014-től három egymást követő évben végeztem nyáron és kora ősszel standard Orthoptera közösségi mintavételeket. Ezek célja az volt, hogy az élőhely rekonstrukciós munkálatok megkezdése előtt megfelelően felmérjem az alapállapotot, és nyomon kövessem, hogy milyen változások következnek be az együttesekben az évek során, illetve a kezelések hatására. A vizsgált területen összesen 41 ponton azonos módon, fűhálózással és egyeléssel mintavételeztem négy különböző élőhelytípusban. Az alapállapot felvételezés során mintázott lokális egyenesszárnyú együtteseket közösségszerkezetük és diverzitásuk szempontjából hasonlítottam össze a négyféle élőhelytípusban. Emellett az egymást követő évek együtteseit is megvizsgáltam, hogy mutatnak-e változást minőségi és mennyiségi paramétereikben. A 2015 végén elkezdett élőhely kezeléseknek köszönhetően 2016-ban lehetőségem nyílt a gyeprekonstrukció együttesekre gyakorolt rövid távú hatását is vizsgálni. Az elvégzett elemzések alapján az együttesek szerkezete az élőhelyek jellegét nagyrészt követi és mennyiségi viszonyaik is eltérőek, bár az egyes évek között is jelentős eltérések adódtak. A természetvédelmi célú kezelések hatása ilyen rövidtávon azonban csak a mennyiségi karaktereknél volt kimutatható; ott pozitív hatása volt.

ÁLLATÖKOLÓGIA, SZÜNZOOLÓGIA I.**SZÜNSTEIN MÁTÉ**

Biológia BSc

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

KUSZ PETRA

Biológia BSc

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Horváth Győző**egyetemi adjunktus, PTE TTK**Somogyi Balázs**PhD-hallgató, PTE TTK***A mezei pocok (*Microtus arvalis*) állomány aktív járatszámoláson alapuló monitorozása
intenzív művelésű mezőgazdasági területen**

A kártevő rágcsálófajok gradációs időszakának előrejelzéséhez, a jelentősebb kártétel megelőzését biztosító kezelések hatékonyságának növeléséhez (pl. beavatkozások megfelelő időzítése) ismernünk kell az adott faj populációdinamikáját. Európában a legnagyobb népességben megjelenő kártevő rágcsálófaj a mezei pocok. A faj többéves populáció ciklusai Nyugat-, és Közép-Európában is ismertek, a gradációs időszakban jelentős mezőgazdasági károkat okoz.

A Bóly Zrt. működési területén, Beremend-Püspökböly térségében 2016 február és november között 5 alkalommal 3 (B4-A, B7, B14) eltérő fekvésű, méretű és korú lucernaparcellában végeztünk indirekt, betemetett és újranyitott (aktív) járatszámoláson alapuló mintavételt. Az elevenfogó csapdázásra kijelölt 1 ha területeken belül egyrészt a csapdaháló rácspontjai által lehatárolt 100 db 10×10 m-es négyzetekre vonatkozóan értelmeztük az újranyitott járatok arányát, valamint felmértük a kolóniák számát és az ezekhez tartozó járatokat. A kolóniák középpontjának térbeli koordinátái alapján vizsgáltuk a kolóniák térbeli eloszlását. A kolóniák felmérését júliusban, szeptemberben és novemberben végeztük.

A kolóniák mennyiségére vonatkozó eredményeink azt sugallták, hogy a kolóniaszám függ a parcella mérettől, illetve a tábla korától, a mikro-domborzattól és a talajtípustól. A jelölt lyukak átlaga a mintaterületek összehasonlításában nem különbözött szignifikánsan, ami azt mutatta, hogy a kolóniákon belül feltérképezett lyukak mennyisége független a területektől. Amennyiben a jelölt lyukakból megszámlált aktív járatok mennyiségét vizsgáltuk, ezek átlagos értéke már szignifikánsan különbözött a három parcella összehasonlításában. A mintán belüli statisztikai különbséget az aktív lyukak B7-es és a B4-A parcella közötti szignifikáns mennyiségi különbsége eredményezte, a B7-es parcellában mértünk fel nagyobb járataktívítást. A kolóniák térbeli eloszlását tekintve B14 és a B7 esetében az eloszlás nem tért el szignifikánsan a random eloszlástól. Ezzel szemben fiatal lucernás területen (B4-A) a kimutatott kolóniák térbeli eloszlása szignifikánsan eltért a véletlen mintázattól, vagyis csoportosulást mutatott. Ez összefügg a talaj tulajdonságaival, mivel a pocokjáratok, és így a kialakuló kolóniák magasabb mikro-domborzati felszíneken és szárazabb foltokban alakultak ki.

ÁLLATÖKOLÓGIA, SZÜNZOOLÓGIA I.

TÖRÖK HENRIETTA KINGA

Természetvédelmi mérnök BSc

Kaposvári Egyetem

Agrár- és Környezettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Farkas Sándor**egyetemi docens, KE AKK***A szabadban és állattartó épületekben előforduló bögölyközösségek (Diptera: Tabanidae) kvalitatív-kvantitatív elemzése és az ellenük való védekezés lehetőségei**

Somogy megye területén korábban csak a Dráva-ártéren, a Balaton partvidékén és néhány természetvédelmi területen végeztek bögölyökre irányuló faunisztikai vizsgálatokat. Kevés tanulmány ismert, amely a bögölyközösségek szerkezetét elemzi, illetve azok jellemzőit meghatározó tényezőket vizsgálja. A közelmúltban új, bögölyök tömeges gyűjtésére is alkalmas csapdákat fejlesztettek, melyek a polarizált fény vonzó hatását is felhasználják. Mindezek alapján 2016 nyarán Somogy megye 5 településén, 8 mintavételi helyen gyűjtöttem bögölyöket saját készítésű, „H-TRAP” típusú csapdákkal, a következő kérdések megválaszolására: milyen fajok fordulnak elő a korábban nem vizsgált területeken; melyek a gyakori, a ritka, a tömeges és az alacsony példányszámú fajok; milyen a bögölyközösségek szerkezete (dominancia-struktúra, diverzitás); mennyire hasonlóak egymáshoz a különböző helyeken gyűjtött minták és hogyan viszonyulnak egymáshoz a „H-TRAP” és a Malaise csapdákkal és gyűjtött minták? Összesen 1248 példányt gyűjtöttem, melyek 14 fajhoz tartoztak. A *Tabanus bromius* bizonyult a legtömegesebb és leggyakoribb fajnak, mivel valamennyi mintavételi helyen előkerült. Ugyanakkor ez a faj mindössze 3 mintahelyen volt a legnagyobb példányszámú. További tömeges és gyakori fajoknak bizonyultak a *Tabanus tergustinus*, *Haematopota italica* és *Haematopota pluvialis*. Csak 2 mintahelyen került elő a *Tabanus unifasciatus*, a *Tabanus cordiger* és a *Chrysops caecutiens*, melyek példányszámai is a legalacsonyabbak voltak. A gyűjtött fajok egyedszám/előfordulás adatai jellegzetes core-satellite mintázatot mutatnak. A közösségek fajszáma 6-12 között változott. A minták Shannon diverzitására 1,5-2 közötti értékek adódtak, egyetlen hely (Lengyeltóti) kivételével, ahol a *T. bromius* kiemelkedő egyedszáma alacsonyabb értéket eredményezett. A minták hierarchikus cluster analízissel történt összehasonlítása szerint a közösségek összetételét nem befolyásolta a gazdaállat faji minősége. Az összesített egyedszámok tekintetében a mintavételi helyek között nagy különbségeket találtam: a legalacsonyabb (Somogyvár, sertéstelep, 24 pld.) és legmagasabb (Lengyeltóti, marha legelő, 538 pld.) példányszámok között 22×-es az eltérés. Egy korábbi vizsgálatban a Malaise csapdák átlagosan ugyanannyi példányt (5) gyűjtöttek egy nap alatt átlagosan, mint az általam alkalmazott „H-TRAP” csapdák, így utóbbiak hatékonysága nem marad el a korábban alkalmazott módszerhez viszonyítva.

ÁLLATÖKOLÓGIA, SZÜNZOOLÓGIA II.

BALI DANIELLA

Biológus MSc

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

Témavezetők:

Dr. Juhász Edit
egyetemi tanársegéd, DE TTK

Dr. Végvári Zsolt
c. egyetemi tanár, DE TTK

Klímaindukált fenotípusos plaszticitás vizsgálata tarkalepke (*Lepidoptera: Nymphalidae, Nymphalinae, Melitaea*) fajoknál

Egyre több tanulmány számol be a klimatikus éghajlatváltozási folyamatok felgyorsulásáról. Ez jelentős hatással lehet a különböző szervezetek viselkedésbeli és fiziológiai alkalmazkodására. A dolgozat fő kérdése az volt, hogy az éghajlat erősödő fluktuációja összefüggésben állhat-e szárnymorfológiai különbségekkel a *Melitaea* genus *Melicta* subgenusába tartozó három lepkefaj esetében és ez konzisztensnek mutatkozik-e a három fajnál.

Korábbi elemzések azt mutatták, hogy míg az *M. athalia* esetében a tavaszi hőmérséklet változásainak van hatása, jelen vizsgálat szerint *M. britomartis*nál a modellszelekciót megelőző kétváltozós tesztek számos, a tavaszi hőmérsékleteket és a csapadékmennyiségeket leíró, több paramétert jeleznek potenciálisan ható prediktorokként, míg a *M. aurelia* esetében az volt kimutatható, hogy a hátsó szárny centroidméretére az őszi és téli csapadékmennyiséggel állt negatív összefüggésben, azaz nedvesebb őszyk és telek a következő évi nemzedékben kisebb centroid méretű hátsó szárnyakat prediktáltak.

Mindezeket figyelembe véve, a dolgozatomban kapott eredmények rámutathatnak arra, hogy a jelenlegi klimatikus trendek hatással lehetnek egyes lepkefajok testméretére, bár az eredmények nem tekinthetők véglegesnek és teljesen egyértelműnek, ahol kísérletes vizsgálatokra nagy szükség lenne.

ÁLLATÖKOLÓGIA, SZŰNZOOLÓGIA II.

DREXLER TAMÁS

Biológus MSc

Állatorvostudományi Egyetem

Témavezetők:

Dr. Hettyey Attila

tudományos főmunkatárs, MTA ATK NI, Lendület Evolúciós Ökológiai Kutatócsoport

Ujszegi János

tudományos segédmunkatárs, MTA ATK NI, Lendület Evolúciós Ökológiai Kutatócsoport

Két hazai kételtű faj fogékonysága és érzékenysége a *Batrachochytrium dendrobatidis* kórokozó gombafajra

A kételtűek világszerte megfigyelhető fogyatkozásának fő okai közé tartozik a fertőző betegségek terjedése. A legveszélyesebb kórokozók közé tartozik a *Batrachochytrium dendrobatidis* (Bd) nevű gombafaj. Az általa okozott, kitridiomikózis nevű betegség sokhelyütt tömeges pusztulásokat idézett elő és számos kételtűfaj lokális kihalásáért felelős. A kórokozó bizonyítottan jelen van a Kárpát-medencében is, ugyanakkor hazánkban idáig nem mutattak ki drasztikus állománycsökkenést. Ennek oka lehet a lokálisan elterjedt gombatorzs alacsony virulenciája, illetve a kételtűfajok helyi populációinak magas toleranciája a gombával szemben. Különösen érdekes a barna varangy a kitridiomikózis szempontjából, mivel a Spanyolországban honos, korábban csak alfaji szinten elkülönített *Bufo spinosus* (korábban *Bufo bufo spinosus*) egyedei terepi vizsgálatok és laborkísérletek alapján is érzékenynek bizonyultak a fertőzésre, ugyanakkor a hazai a *Bufo bufo* populációk kapcsán nincs bizonyíték a Bd-hez köthető pusztulásra. Egy másik érdekes faj az erdei béka (*Rana dalmatina*), ugyanis európai populációi jóval kevésbé fertőzöttek, mint az észak-amerikai rokon fajokéi, kísérletes vizsgálatról pedig e faj kapcsán nincs tudomásunk. Kutatásunk során az említett két faj ebihalait kísérletesen fertőztük egy Spanyolországban izolált, de világszerte elterjedt, magas virulenciájú Bd törzssel. A kísérletes fertőzés lehetséges direkt és indirekt hatásait egyaránt teszteltük ebihalkorban, valamint az átalakulás után két héttel. Az erdei béka a várakozásoknak megfelelően kevésbé fertőződött, mint a barna varangy. Ugyanakkor, a gombának való kitétel egyik fajnál sem okozott megnövekedett mortalitást, nem volt negatív hatással a tömegváltozásra és a lárvális fejlődés hosszát sem befolyásolta szignifikánsan. Ezek alapján úgy véljük, hogy a hazai barna varangy populációk valóban kevésbé érzékenyek, mint a nyugat-európaiak, az erdei béka pedig magas toleranciával rendelkezik a patogénnel szemben.

ÁLLATÖKOLÓGIA, SZŰNZOOLÓGIA II.**GYÓRÖSSY DOROTTYA**

Biológia BSc

Eszterházy Károly Egyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Estók Péter**főiskolai docens, EKE TTK*

Két veszélyeztetett denevérfaj, a kis patkósdenevér (*Rhinolophus hipposideros*) és a kereknyergű patkósdenevér (*Rhinolophus euryale*) érzékelésökölógiai vizsgálata, különös tekintettel akusztikai határozókulcs kidolgozására

A kis- és kereknyergű patkósdenevér védett, illetve fokozottan védett denevérfajaink, európai állományaik több helyen jelentős csökkenést, kipusztulást szenvedtek el, így az e fajokkal kapcsolatos terepi adatgyűjtéseknek fontos természetvédelmi jelentőségük van. A kérdéses két faj akusztikai elkülönítése nem kellően feltárt hazánkban, a külföldi adatok pedig nem alkalmazhatóak a hazai állományokra, mivel a fajok hangrepertoárjai régióként jelentősen eltérhetnek.

A kutatás fő célja a két faj akusztikai alapú elkülönítésének hazai hangadatbázison alapuló kidolgozása. Vizsgáltuk továbbá a hangparaméterek és az egyedek különböző jellegei (ivar, testméret) közötti kapcsolatokat is.

A kutatás során négy mintavételi helyen gyűjtöttünk adatokat a Bükk hegység területén. A denevérek hangjait Pettersson D500X denevérdetektorral rögzítettük. A patkósdenevérekre jellemző FM-CF-FM hangokból 7234 CF részt mértünk le. Eddigi eredményeink alapján megállapítottuk, hogy a kereknyergű patkósdenevér (101,37±0,90 kHz) szignifikánsan ($p < 0,0001$) alacsonyabb frekvencián szól a kis patkósdenevérmél (105,37±1,888 kHz). A kereknyergű patkósdenevér frekvencia-intervalluma 98,1-104,6 kHz, míg a kis patkósdenevér esetében 101,4-109,9 kHz volt. A két faj esetében tehát jelentős frekvenciaátfedést találtunk (101,4-104,6 kHz) mely jelentősen befolyásolja az eddigi akusztikai határozási gyakorlatot. Adataink alapján csak a 101 kHz-nél alacsonyabb frekvenciájú hangokat lehet nagy biztonsággal kereknyergű patkósdenevér-hangokként azonosítani, míg korábban a külföldi szakirodalom alapján a 102,5 kHz-es határértéket alkalmaztuk. A kis patkósdenevér esetében megállapítottuk, hogy a hímek frekvenciája (104,05±1,574 kHz) szignifikánsan ($p < 0,0001$) alacsonyabb, mint a nőstényeké (106,61±0,984 kHz). E faj esetében a hangparaméterek és az egyedek különböző jellegei közötti kapcsolatok vizsgálata során megállapítottuk, hogy a nőstények rendelkeznek nagyobb testméretekkel, mégis magasabb frekvencián szólnak, mely felvetésünkkel ellentétes, mivel általában a nagyobb testméretekkel rendelkező állatok alacsonyabb frekvencián szólnak.

ÁLLATÖKOLÓGIA, SZŰNZOOLÓGIA II.**KONRÁD KRISZTINA DÓRA**

Biológia BSc

Állatorvostudományi Egyetem

*Témavezető:**Dr. Harnos Andrea
egyetemi docens, ATE***Az erdei szürkebegy (*Prunella modularis*) vonulása**

Az erdei szürkebegy bár szórványos fészkelő és teelő a Kárpát-medencében, de gyakori tavaszi – őszi átvonuló. Ennek ellenére csak kevés információval rendelkezünk a fajról.

Az erdei szürkebegy (*Prunella modularis*) Eurázsia mérsékelt éghajlatú területein elterjedt énekesmadár faj 8 alfajjal. A Kárpát-medencében mind a fészkelő, az átvonuló és kis számban áttelelő madarak a törzsalakhoz, a *Prunella modularis modularis* alfajhoz tartoznak. A *P. m. modularis* parciális vonulási stratégiát folytat, vonulása délnyugat felé irányul. A Kárpát-medencén a Finnorszáig terjedő területekről származó madarak vonulnak át. Telelőterületük nagyrészt az Appenin-félszigetre esik. Tavaszi vonulásuk március közepétől április közepéig, őszi vonulásuk szeptember végétől november elejéig tart.

A madarak befogása és gyűrzése a Duna-Ipoly Nemzeti Parkhoz tartozó Ócsai Tájvédelmi Körzetben, az Ócsai Madárvártán történt az Actio Hungarica standard módszereivel. Az elemzések elvégzéséhez az 1984 és 2015 között megfogott erdei szürkebegyek adatait használtam. Ősszel a korcsoportokat (öreg illetve fiatal) külön vizsgáltam. Az ivar meghatározása a vonulási időszakokban nem lehetséges. Általános lineáris kevert modellekkel vizsgáltam a tavaszi és őszi vonulás időzítését, elemeztem a visszafogások mintázatát, valamint a madarak biometriai jellemzőit a két vonulási periódusban, ill. a 32 év alatt.

Eredményeim szerint sem a tavaszi, sem az őszi vonulás időzítése nem változott szignifikánsan időszakon belül. A visszafogások adatai alapján a tavaszi vonulás gyorsabb, mint az őszi. A tavaszi vonulási periódusban a szárnyhossz, ill. a harmadik evező átlagos hossza nőtt, aminek a valamivel nagyobb hímek korábbi vonulása lehet az oka. Ősszel az átlagos testtömeg szignifikánsan nőtt. Ennek oka lehet, hogy ezek a madarak átlagosan kisebb távolságból érkeznek, vagy a hidegebb napi időjáráshoz való fiziológiai alkalmazkodás. A tavaszi, illetve őszi vonulásban fogott öreg madarak szárnyhossz, 3. evező hossz és testtömeg átlagában nem találtam különbséget az időszakok között, ami valószínűsíti, hogy ugyanaz a populáció vonul át a területen, a faj nem hurokvonuló. A fiatal madarak - a testtömeg kivételével - minden mért változójukat tekintve átlagosan kisebbek az öregeknél.

A fajnál nem találtam sem a vonulási dinamikában, sem a biometriai jellemzőkben olyan változást, amit sok más fajnál kimutattak, feltehetően a klímaváltozásra adott válaszként.

ÁLLATÖKOLÓGIA, SZŰNZOOLÓGIA II.

LANSZKI ZSÓFIA

Biológia BSc

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Purger Jenő

egyetemi docens, PTE TTK

A nyest (*Martes foina*) és a vörös róka (*Vulpes vulpes*) táplálék-összetétele és predációjuk kísérletes vizsgálata egy pécsi szőlészetben

Fő kérdésem, hogy a gyakori és generalista, helyenként terjeszkedő ragadozó fajok táplálkozását hogyan befolyásolják egy ember által átalakított terület adottságai, és hogyan alakulnak az interspecifikus kapcsolatok? A vizsgálatomat egy erdővel és gyümölcsösökkel övezett 14 ha-os pécsi szőlészetben gyűjtött nyest (*Martes foina*) és vörös róka (*Vulpes vulpes*) (n = 288 nyest és 110 róka) ürülminták elemzésével végeztem. Mindkét ragadozófaj táplálkozásában, a más európai és hazai területeken végzett vizsgálatokhoz képest is, kiemelkedően nagyarányú növényfogyasztást találtam [nyest, relatív gyakoriság számítás (E%): 62%, biomassaösszetétel-számítás (B%): 89%; róka, E%: 53%, B%: 76%]. Ragadozó fajok közötti különbséget csak a növényfogyasztásban találtam, évszakos különbségek is ritkán adódtak (pl. gerinctelenek gyakoribb fogyasztása tavasszal, kisméltősök nagyobb mennyiségi arányban fogyasztása télen, növényeké nyáron és ősszel). Mindkét ragadozó standardizált táplálkozási niche-e viszonylag szűk, a fajok közötti táplálékátfedés nagymértékű volt. A tapasztalt táplálékminőség újtonságot jelentenek és a két ragadozó kiváló alkalmazkodóképességét támasztják alá. A gyíkokra veszélyt jelentő predátorok kimutatására a legegyszerűbb módszer a vizsgált gyíkfajokra hasonlító gyurmamodellek készítése, melyek segítségével (fog, csőr, vagy karom lenyomatok alapján) kimutathatók a potenciális predátorok. Annak érdekében, hogy a kísérlet jobban tükrözze a valós állapotokat folyékony gumival bevont, szagtalan gyurma gyíkokat használtunk, továbbá a kísérleti elrendezés érdekében a vizsgálat előtt megállapítottuk a szőlő parcellákat elválasztó kőfalakon élő gyíkpopuláció egyedsűrűségét. A kőfalakra szeptember elején egy-egy transzekt mentén egymástól 10 m ill. 20 m távolságra 25-25 db gyurmagyíkot helyeztünk ki. Négy hét alatt nem sikerült kimutatni sűrűségfüggő predációt sem a predációs események száma alapján (24%, ill. 40%), sem a gyurmagyíkok napi túlélési rátájában (99%, ill. 98%). A gyurmagyíkokat elsősorban emlősök (pl. nyest) károsították, a madarak szerepe a vártnál jóval kisebb volt. A predátorok a gyurmagyíkok fej részét gyakrabban sértették meg, mint más testtáját, de szignifikáns testtáj preferenciát nem sikerült kimutatni. Javaslom a hasonló kísérletekben, a gyurmaállatok szagtalanítása, bevonása pl. PlastiDip-el és a napi túlélési ráták kiszámítását, hogy a különböző ideig tartó kísérletek eredményei összevethetők legyenek.

ÁLLATÖKOLÓGIA, SZŰNZOOLÓGIA II.**MÉSZÁROS ÁDÁM**

Biológia BSc

Nyugat-magyarországi Egyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Szinetár Csaba**főiskolai tanár, NYME TTK*

A dunavirág (*Ephoron virgo*) és a *Caenis robusta* kérészfajok vízszintesen- és függőlegesen poláros fény által kiváltott polarotaxisainak vizsgálata, a kétféle ingermozgás valószínűsíthető szerepe a fajok rajzási viselkedésében

Többen beszámoltak korábban különböző kérészfajok erős vonzódásáról a vízszintesen poláros fényhez. A tiszavirággal folytatott újabb kutatások eredményei arra utalnak, hogy a kérészek rajzásában a függőlegesen poláros fény is szerepet játszhat, ezért fontos a függőlegesen poláros fényre adott esetleges kérészreakciók vizsgálata és ezek szerepének feltárása a rajzási viselkedésben.

Az *Ephoron virgo* és a *Caenis robusta* kérészfajok esetében azonos fényintenzitású és spektrális tulajdonságú vízszintesen poláros, függőlegesen poláros, valamint polarizálatlan fényt kibocsátó fénycsapdák alkalmazásával igazoltuk, hogy a vízszintesen poláros fény által kiváltott erőteljes pozitív polarotaxis mellett a fajokra a függőlegesen poláros fény által kiváltott negatív polarotaxis is jellemző. Képkalkoró polarimetriai vizsgálatok alapján föltételezzük, hogy a két faj rajzási viselkedésének kialakításában a vízszintesen poláros fény által előidézett pozitív és a függőlegesen poláros fény által kiváltott negatív polarotaxis is fontos szerepet játszik. A vízszintesen poláros fényhez való vonzódás teszi lehetővé, hogy a kérészrajok a vízfelszín fölött alakuljanak ki. A vizes élőhelyek vízfelületének szegélyén a parti növényzet tükrözódése miatt egy függőlegesen poláros fényt reflektáló sáv alakul ki, amely negatív polarotaxist válthat ki a kérészeknél. Ennek hatására a part felé repülő rovarok a növényzettel szegélyezett parttól visszafordulnak és a vízfelszín fölött maradnak a rajzásuk során.

ÁLLATÖKOLÓGIA, SZŰNZOOLÓGIA II.

MIZSEI EDVÁRD

Biológus MSc

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezetők:**Dr. Végvári Zsolt**c. egyetemi tanár, DE TTK**Dr. Lengyel Szabolcs**tudományos tanácsadó, MTA ŐK***Egy veszélyeztetett, hideg-adaptált hüllő a felmelegedő Mediterráneumban: görög karsztvipera (*Vipera graeca*) a klíma fogságában**

A görög karsztvipera (*Vipera graeca*) a parlagi vipera komplex (*Vipera ursinii* s.l.) bazális filogenetikai helyzetű, a Görögországban és Albániában elterülő Pindosz-hegységrendszer csúcsi régióiban található havasi gyepek endemikus és veszélyeztetett mérges kígyó faja. Dél-Európában a klímaváltozás nagy mértékű lesz, amely az átlaghőmérséklet akár 10°C-os emelkedését eredményezheti a század végére, továbbá Európában a Mediterráneumban előforduló hideg klímához adaptálódott hüllők a legveszélyeztetettebbek a klímaváltozás hatásai által. Vizsgálatomban nagy-felbontású ökológiai niche modellekkel prediktálom a görög karsztvipera jövőbeli elterjedését különböző időszakokra vetítve, hogy megtudhassuk; (1) hogyan alakulhat a faj elterjedése a jövőben, mely populációkat veszélyezteti a klímaváltozás? (2) hol maradhatnak fenn olyan mikro-refúgiumok, ahol a faj fennmaradása biztosítottnak tűnik? Az eddigi intenzív terepmunka során gyűjtött előfordulási adatok és klimatikus változók felhasználásával a 2000-től 2089-ig modelleztem a faj elterjedését, két eltérő klímaforgatókönyv alapján. Az eredmények alapján a faj számára alkalmas élőhelyek 82-92%-a eltűnik, és a jelenlegi 16 hegység közül csak négy hegységen számíthatunk a fennmaradására az vizsgált időintervallumban. A faj hosszú távú megőrzése céljából élőhely-védelem, az ex situ szaporítás és az ismerethiányokat betöltő kutatások együttese szükséges, amely lehetővé teszi ennek a hideg-adaptált és a túl gyorsan változó klíma csapdájába esett veszélyeztetett hüllőfaj fennmaradását a felmelegedő Mediterráneumban.

ÁLLATÖKOLÓGIA, SZŰNZOOLÓGIA II.**NAGYFENYVESI ZOLTÁN**

Biológia BSc

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Horváth Győző**egyetemi adjunktus, PTE TTK**Tóth Dániel**PhD-hallgató, PTE TTK***Kisemlősök intra- és interspecifikus megközelítésű élőhely választása fragmentált erdőterületen**

A Bükkhát Erdőrezervátum pufferterületén a kisemlősök elevenfogó csapdázását 2015-2016-ban júliustól októberig végeztük zárt erdőfoltok és mesterséges lécek területén. Az első mintavételi évben 9, míg 2016-ban 13 kisemlős fajt mutattunk ki a vizsgált élőhelyeken. A két év és a két eltérő vegetációjú élőhely összesítésében a pirok erdei egér (*Apodemus agrarius*) és a sárganyakú erdeieger (*A. flavicollis*) volt a két leggyakoribb faj, így további vizsgálatainkat e két faj abundancia adatai alapján végeztük el.

A két év relatív abundancia index értékei alapján a pirok erdeieger mindegyik mintavételi hónapban a mesterséges léceket használta nagyobb mértékben. A sárganyakú erdeieger az alkalmazott index számítása alapján a zárt erdőfoltok irányába mutatott preferenciát. Az indexátlagok alapján végzett t-teszt szerint a pirok erdeieger szignifikánsan nagyobb mértékben használta a léceket, mint az erdőfoltokat, míg a sárganyakú erdeieger esetén sem az erdőfoltok, sem a lécek használata nem tért el szignifikánsan a semleges területhasználathoz viszonyítva.

Intraspecifikus megközelítésben becsült izodár egyenes alátámasztotta azt az előfeltevést, miszerint a pirok erdeieger esetén a szignifikáns izodár egyenes alátámasztotta azt az előfeltevést, miszerint a pirok erdeieger a mesterséges lécek irányába denzitásfüggő élőhely-választó. A sárganyakú erdeieger eredményeink szerint egyformán hasznosítja a forrásokat a zárt erdőfoltok és a mesterséges lécek területén, tehát a faj a két eltérő terület irányába azonos mértékű preferenciát mutatott. A két vizsgált faj kompetíciós viszonyait elemezve megállapítottuk, hogy zárt erdőterületeken a pirok erdeieger lécekben megjelenő abundanciáját a faj erdőterületen jellemző tömegessége határozta meg leginkább, míg a sárganyakú erdeieger sűrűségére a faj mesterséges lécekben jellemző tömegessége volt legnagyobb hatással.

Eredményeink alapján a pirok erdeieger szignifikáns habitatválasztó volt, vagyis a fajnál kimutatott konvergens populációsabályozás értelmében a denzitás és a fitnesz alakulása függ az élőhelyek eltérő használatától. A sárganyakú erdeieger azonos élőhelyhasználata következtében a két faj interakciós viszonyában értelmezett kompetíciót az élőhelyválasztás stratégiája nem tudta csökkenteni.

BIOINFORMATIKA, BIOFIZIKA

BLANÁR ESZTER

Vegyész MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Leitgeb Balázs**tudományos munkatárs, MTA SZBK***Asperelinek térszerkezeti sajátosságainak vizsgálata molekuladinamikai módszerekkel**

Az asperelinek a rövid szekvenciával rendelkező peptaibol molekulák csoportjának reprezentatív tagjai. Ezeket a 10 aminosavból álló peptideket a *Trichoderma asperellum* gombából izolálták, és a peptaibolok többségéhez hasonlóan ezek a molekulák is mikroheterogén elegyként szintetizálódnak. Munkánk során különböző aspereline peptidekre vonatkozóan elvégeztünk egy részletes térszerkezeti jellemzést molekuladinamikai módszerek alkalmazásával. A peptidek esetén tanulmányoztuk a molekulagerinc konformációkat, és megvizsgáltuk a különböző másodlagos szerkezeti elemek (béta-turn-ök és helikális struktúrák) előfordulását a peptidek teljes szekvenciája mentén. Emellett tanulmányoztuk azokat az intramolekuláris H-kötéseket, amelyek szerepet játszanak a különféle konformációs állapotok és másodlagos szerkezeti elemek stabilizálásában. A szimulált anellációból kapott eredmények alapján megállapítottuk, hogy az asperelinek esetében megjelentek az I, III és III' típusú béta-turn struktúrák, illetve az ezeket stabilizáló $i \leftarrow i+3$ H-kötések. Ugyanakkor a különböző béta-turn-ök mellett megfigyelhetők rövidebb, hosszabb helikális szerkezetek is a konformációs állapotokra vonatkozóan. A molekuladinamikai szimulációk alapján azt vizsgáltuk, hogyan változnak az idő függvényében az aspereline peptidek jellegzetes térszerkezeti tulajdonságai. Az eredmények arra engednek következtetni, hogy az asperelinek valamilyen helikális szerkezettel (310-, illetve alfa-hélix) jellemezhetők. Mindemellett a molekuladinamikai trajektóriák analízise alapján azt a megfigyelést tettük, hogy az aspereline peptidek nemcsak a jobbmenetes, hanem a balmenetes helikális struktúrát is képesek felvenni. Az általunk elvégzett térszerkezet-vizsgálat alapján átfogóan jellemeztük az asperelinek konformációs sajátosságait, illetve azonosítottuk ezen rövid szekvenciával rendelkező peptaibol molekulák karakterisztikus térszerkezeti tulajdonságait.

BIOINFORMATIKA, BIOFIZIKA

CSONKA GÁBOR

Info-bionika mérnöki MSc

Pázmány Péter Katolikus Egyetem
Információs Technológiai és Bionikai Kar

*Témavezető:
Dr. Gyórfy Balázs
tudományos tanácsadó, MTA TTK*

Túlélés-vizsgálat melanoma malignum esetén következő generációs szekvenálási adatok felhasználásával.

Következő generációs szekvenálási adatokon végzett szekvencia-elemzés különféle típusú mutációkat mutathat ki. Ezen mutációk ritkán járnak egyértelmű, kórlefolyásra vonatkozó következményekkel.

A rosszindulatú bőrrák (melanoma malignum) adatain végzett ROC elemzés rávilágíthat olyan génekre, melyek működése kapcsolatban áll adott gének mutációs státuszával. Dolgozatomban különféle gének mutációs mintázatai alapján két osztályba sorolt betegek génjeinek kifejeződését hasonlítottam össze. Ez alapján megpróbáltam becslést adni ezek néhány metagénjére, vagyis azon génekre, melyek kifejeződését a vizsgált gének mutációs státusza befolyásolja. Ezen információkat alapul véve a túlélésre vonatkozó adatok segítségével következtetni lehet a genotípus patológias következményeire.

Az ismertetett eljárás a jövőben egy már két másik ráktípusra működő (emlő, tüdő), szabadon hozzáférhető internetes felület része lesz. A módszer képes arra, hogy mutációhoz klinikai következményt társítson, ez nagyban segíti a különböző driver-mutációk és jellemző gének kimutatását, vizsgálatát.

BIOINFORMATIKA, BIOFIZIKA**DUDÁS BÁLINT**

Molekuláris bionika mérnöki BSc

Pázmány Péter Katolikus Egyetem
Információs Technológiai és Bionikai Kar*Témavezetők:**Dr. Balog Erika
egyetemi adjunktus, SE ÁOK
Dr. Gáspári Zoltán
egyetemi docens, PPKE ITK***Mapping the conformational states of full-length K-Ras4B**

A Ras fehérjék napjaink rákkutatásának élvonalában helyezkednek el. Viszont az elmúlt évtizedek intenzív kutatásainak ellenére sem sikerült ez idáig hatékony Ras inhibitorot felfedezni. Ez két fő okra vezethető vissza. Egyrészt nehéz a Rast közvetlen támadni, mert az onkogén mutáns fehérje aktív állapotában rögzül (GTP kötött állapot). A sejt belsejében található magas GTP koncentráció mellett az eredendően alacsony belső GTPáz aktivitás szinte lehetetlenné teszi az ez irányú törekvéseket. Másrészt nem találtak megfelelő kis molekula kötőhelyet a fehérje felületén. Ezek alapján arra a következtetésre jutottak, hogy a Ras allosztérikusán sem gátolható.

Egy 2013-as folyóiratban Nussinov és társai (Trends Mol Med, 2013) rámutattak, hogy a jelenlegi képünk a Ras szerkezetéről és mechanizmusáról és ezzel együtt a szabályzásáról leginkább statikus szerkezeten alapul és nem vesszük figyelembe a konformációs dinamikát és allosztérikus hatásokat. Mindez, Nussinov szerint, lekorlátozza a lehetséges útvonalak feltérképezését.

Habár számtalan kísérleti adat áll rendelkezésünkre (például több mint 100 röntgen szerkezet), óriási szükség van szimulációs módszerekre, amelyek elégségesen feltérképeznék a konformációs teret ezzel téve lehetővé bizonyos allosztérikus kötő zsebek felfedezését.

A kutatásunk célja, hogy feltérképezzük a GDP kötött inaktív és GTP kötött aktív fehérje konformációs terét, kimutassuk a HVR (hiper-variábilis régió) és a katalitikus domain közötti kölcsönhatásokat és felfedezzük a két aktivációs állapot közötti hasonlóságokat, különbségeket.

BIOINFORMATIKA, BIOFIZIKA**GUL LEJLA**

Molekuláris genetika, sejt- és fejlődésbiológia MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Fazekas Dávid**csoportvezető, ELTE TTK**Korcsmáros Tamás**csoportvezető, Earlham Institute, Norwich, Egyesült Királyság***Autofágia szerepe a bélsejtek specifikus működésében Crohn-betegség során**

A Crohn-betegség (CD) a krónikus gyulladással járó bélbetegségek egy típusa, mely a bélrendszer nyálkahártyájának gyulladásával jár, jellemző tünetei a hasmenés, hasi fájdalom és felszívódási zavarok. A betegség kialakulása kapcsán több gén neve is felmerült, köztük az ATG16L1 is, mely az autofágia (önemésztés) egyik kulcsfontosságú génje. Az autofágiának fontos szerepe van a bél epitélium homeosztázisának fenntartásában, de a működésének zavara és a CD kialakulása között nem ismert a pontos molekuláris mechanizmus.

Ma már számos betegség, köztük a CD is modellezhető in vitro körülmények között organoidok segítségével, melyek mesterségesen létrehozott szerv-, illetve szövetdarabok. Együtműködés keretében Atg16l1 nullmutáns egerekből készült organoidok sejttípus szintű fehérje expressziós mintázatát hasonlítottuk össze vad típusú egerekével, és az eredményként kapott differenciáltan expresszált proteomikai adatsort elemeztem. Annak érdekében, hogy a differenciáltan expresszáldó fehérjék autofágiával való kapcsolatát elemezni tudjam, hálózatos módszerrel megnéztem, melyek azok a változó fehérjék, amelyek autofágián keresztül célzottan bomlanak le. Ezek funkcióit párosítottam az egyes sejttípusok alapfunkciójához (pl: Paneth sejt-antimikrobiális peptid termelés, kehely sejt-mukóza termelés). Mindezek alapján megállapítottam, közvetlen kapcsolat áll fenn az autofágia hibájából adódó fehérjék célzott lebontása és az így sérült sejtfunkciók között.

BIOINFORMATIKA, BIOFIZIKA**MISKI MARCELL**

Molekuláris bionika mérnöki BSc

Pázmány Péter Katolikus Egyetem

Információs Technológiai és Bionikai Kar

*Témavezető:**Dr. Gáspári Zoltán**egyetemi docens, PPKE ITK***A homodimer galektin-1 fehérje belső dinamikájának vizsgálata kísérleti adatok és molekuladinamikai számítások kombinálásával**

A tervezett vizsgálatok célja az immunrendszer számára is fontos egyik szénhidrátkötő fehérje, a homodimer galektin-1 belső dinamikájának feltérképezése korszerű számítási módszerekkel. A galektin-1 szerepet játszik többek között a T-sejtek apoptózisának indukálásában. A fehérje expresszáldása számos rákos esetben megfigyelhető. A fehérje belső dinamikáját tükröző térszerkezeti sokaságokat állítottam elő az alegységek közötti kapcsolat és a ligandumkötés szerkezeti-dinamikai hátterének feltérképezése céljából. Ehhez korábban kísérletileg meghatározott ún. S^2 rendparamétereket használtam fel, melyek a ps-ns időskálán jellemző belső dinamikáról adnak információt mind szabad, mind pedig ligandumkötött állapotban. Az S^2 szempontjából kétféleképpen is kezeltem a szimulációkat, tekintve, hogy a galektin-1 homodimer molekula. Lehetséges a fehérjét együtt mozgó entitásként kezelni, valamint a két láncot külön, lokális illesztéssel kezelni. A kísérleti és a szimulált adatok korrelációjának megvizsgálása mellett a kapott sokaságokat többféle szempontból is elemeztem, különös tekintettel a monomerek közötti kölcsönhatási felszínre illetve a ligandumkötő régióra. Eredményeim azt mutatják, hogy a két lánc szorosan együtt marad, nem fordul el egymáshoz képest a szimuláció során. Ezen kívül valószínűsíthető, hogy a szénhidrátkötő régió és a dimerizációs felszín elmozdulásai nem függetlenek, és ez a kapcsoltság ligandumkötés hatására erősödik.

BIOINFORMATIKA, BIOFIZIKA

RADVÁNYI ÁDÁM

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Kun Ádám

*tudományos főmunkatárs, MTA - MTM - ELTE Ökológiai kutatócsoport
Parmenides Center for the Conceptual Foundation of Science, München, Németország*

A transláció hajnala: Miről árulkodnak az aminosavak?

Az élet keletkezését magyarázó, széleskörben elfogadott RNS-világ hipotézis szerint egykor számos, élethez szükséges funkciót RNS-enzimek (ribozimek) töltöttek be. Ma viszont sejtjeinkben az anyagcsere jelentős részét fehérjék működtetik. Kérdés, hogy ez a váltás miként következett be.

Fő célom az első peptidek funkcióját megállapítani, ami csak olyan lehetett, ami ribozimokkal elvégezhetetlen. A genetikai kódban feltehetőleg elsőként megjelent aminosavaknak (valin, alanin, aszparaginsav és glicin) e funkciókat kellett betöltenie. Bioinformatikai eszközökkel vizsgálom, hogy (1) milyen katalitikus segítséget nyújthattak ezek az aminosavak; (2) lehettek-e oligomerjeik strukturális támasztékok a ribozimek számára; illetve (3) elősegíthették-e a transzportot a membránon át.

Eredményeim alapján az aszpartát képezte enzimcentrumok előnyösek lehettek az RNS-világban. Kimutatom, hogy mind a transzmembrán régiók, mind a szerkezeti riboszomális fehérjecsaldók valin, alanin, és glicin tartalma szignifikánsan magasabb az átlagos értékeknél. Mindez arra enged következtetni, hogy a fenti csoportok hasonló összetételű analógjai már a transláció hajnalán, vagy akár előtte is jelen lehettek. A peptidszintézis megjelenését egy funkcionális radiáció követte, ahol az aminosavak, s az azok alkotta polimerek szerteágazó szerepekben segíthették az organizmus adaptációját.

BIOINFORMATIKA, BIOFIZIKA

SZABÓ MÁRTON RICHÁRD

Biológus MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Borics Attila**tudományos munkatárs, MTA SZBK***A μ -opioid receptor ligandumok kötődésének és a receptor aktiváció szerkezeti körülményeinek in silico vizsgálata**

A fájdalomcsillapítás területén tanúsított kiemelkedő gyakorlati jelentősége miatt a μ -opioid receptor az egyik legszélesebb körben tanulmányozott G fehérje-kapcsolt receptor. Az eddig összegyűlt ismeretek ellenére a receptor aktivációt indukáló receptor-ligandum kölcsönhatások és szerkezeti átalakulások jelenleg még nem tisztázottak. A dolgozat célja, hogy in silico módszerek alkalmazásával mélyebb betekintést nyújtson e receptor működési mechanizmusába.

A receptor a ligandumok kötésében fontos szerepet játszó aminosavjainak azonosítása érdekében prototipikus μ -receptor szelektív agonistákat dokkoltunk vad típusú és pontmutáns receptor modellekhez. A ligandumok konformációját érintő módosítások a receptor affinitására kifejtett hatását új, farmakológiailag még nem jellemzett endomorfín-2 származékok dokkolása útján vizsgáltuk. A *Mitragyna speciosa* növényből izolált mitraginin és származékai, mint új, természetes eredetű potenciális analgetikumok receptorral való kölcsönhatásának szerkezeti körülményeit is tanulmányoztuk.

A μ -opioid receptor röntgendiffrakciós szerkezetei a receptor aktiváció kiindulási és végállapotát mutatják, a szerkezetváltozás mechanizmusáról viszont nem nyújtanak információt. A receptor aktiváció szerkezeti körülményeinek megismerését célzóan a receptorhoz eltérő in vitro affinitással kötődő peptid ligandumok komplexek 1 μ s idejű molekuladinamikai szimulációit hajtottuk végre és elvégeztük az inter- és intramolekuláris kölcsönhatások kvantitatív analízisét a μ -opioid receptor aktív szerkezetében kísérletileg megfigyelt kölcsönhatásokat alapul véve.

BIOINFORMATIKA, BIOFIZIKA**VARGA JULIA KORNÉLIA**

Biomérnök MSc

Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi Egyetem
Vegyészmérnöki és Biomérnöki Kar*Témavezetők:**Dr. Tusnády Gábor**tudományos főmunkatárs, MTA TTK**Prof. Dr. Vértessy G. Beáta**egyetemi tanár, BME VBK***Szerkezeti genomikai célpontok azonosítása a humán transzmembrán proteomban**

A transzmembrán fehérjék fontos szerepet játszanak az élő szervezetek működésében, részt vesznek sejt-sejt kapcsolatok kialakításában, jelátvitelben, a membrán két oldala közötti anyagtranszportban. A humán proteom 25-30%-át teszik ki, egészségügyi szempontból is jelentősek, hiszen a ma piacon levő gyógyszerek mintegy 50%-a transzmembrán fehérjéken keresztül fejt ki a hatását. Mindezen tulajdonságok ellenére, az ismert fehérjeszerkezetek mindössze 2%-a tartozik transzmembrán fehérjékhez. Ennek oka, hogy ezek a fehérjék speciális tulajdonságaik - leginkább oldhatóságuk - miatt, a ma széles körben elterjedt szerkezet-meghatározási módszerekkel, mint a röntgenkristallográfia és NMR, nehezen vizsgálhatóak. A fehérjék szerkezetének minél pontosabb ismerete fontos például gyógyszerkutatáshoz, fehérje-fehérje kölcsönhatások mechanizmusának megértéséhez, fehérjék funkciójának és működésének megértéséhez.

A munka során a cél egy olyan automatikus munkafolyamat felállítása volt, amely alkalmas annak meghatározására, hogy mely humán transzmembrán fehérjék szerkezetének megoldása jelentené a legnagyobb hozzájárulást a szerkezeti tér lefedettségének növeléséhez. Ehhez elsősorban meg kellett állapítani, hogy mely humán transzmembrán fehérjéknek ismert már a szerkezete a teljes transzmembrán régiót lefedően, valamint, hogy mely fehérjék modellezhetőek a már meglévő szerkezetek alapján. A modellezhetőség megállapításához modern algoritmusokat, rejtett Markov-modell alapú szekvenciaillesztést, valamint transzmembrán fehérje specifikus foldfelismerő programot használtam. A nem ismert szerkezetű és nem modellezhető fehérjéket a humán homológjaik száma szerint rangsorolva létrehozható egy olyan lista, amely fehérjék szerkezetének megoldása a lehető legtöbb, még nem modellezhető fehérje modellezését tenné lehetővé.

Az eredményeket szabadon hozzáférhető adatbázisban töltöttük fel az internetre (<http://tstmp.enzim.ttk.mta.hu/>), ahol az adatok több szempont szerint kereshetőek, böngészhetőek, valamint az adatszettek letölthetőek. Mivel az egész folyamat automatizált, ezért az adatbázis folyamatosan frissíthető, karbantartható a forrásadatbázisok új kiadásait követve.

BIOKÉMIA**BECSKY DÁNIEL**

Biológus MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

SZALENKO-TÓKÉS ÁGNES

Általános Orvostudományi MSc

Szegedi Tudományegyetem

Általános Orvostudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Keller-Pintér Anikó**egyetemi adjunktus, SZTE AOK***A szindekán-4 szerepe a mioblasztok direkcionális, 2D migrációjában**

Bevezetés: A vázizomzat sérülését követően nagyfokú regenerációra képes, melynek során a nyugvó szatellita (ős)sejtek aktiválódását követően képződő mioblasztok proliferálnak, migrálnak, differenciálódnak, majd sokmagvú miotubulusokká fuzionálnak. A migráció a sejt-mátrix kapcsolatok átépülésével jár, a fokális adhéziók egyik komponense a transzmembrán heparán-szulfát proteoglikán szindekán-4 (SDC4). A SDC4 génkiütött egerekben a vázizom morfológiája és regenerációja sérült, de nem ismert a jelenség pontos mechanizmusa. Célunk volt a SDC4 mioblaszt migrációban betöltött szerepének tanulmányozása.

Módszerek: Kísérleteinkhez a SDC4 expresszióját shRNS-sel csökkentettük C2C12 eger mioblaszt sejtekben. A direkcionális, 2D migráció vizsgálatához a sejt-kultúra inszert eltávolítását követően, élősejtes mikroszkópia során készített sorozatfelvételeken az individuálisan mozgó sejteket (n=74-88 sejt/sejtvonal) CellTracker és ImageJ képfeldolgozó programokkal analizáltuk, valamint mértük a sejtmentes zóna nagyságát. A fokális adhéziós kináz (FAK) foszforilációját Western blotlalt vizsgáltuk.

Eredmények: Mindkét csendesített sejtvonalban a 8 óra alatt megtett teljes út hossza (kontroll vs. shSDC4#1 vs. shSDC4#2: 273,0±6,5 vs. 142,0±4,8 vs. 162,8±4,9 µm), a kezdőponttól mért maximális távolsága (199,2±6,5 vs. 57,32±2,64 vs. 80,54±4,2 µm), a sejtek átlagsebessége (0,57±0,014 vs. 0,29±0,009 vs. 0,34±0,01 µm/perc) és maximális sebessége (1,23±0,035 vs. 0,83±0,03 vs. 0,9±0,03 µm/perc) szignifikánsan csökkent a kontrollhoz képest. A SDC4 csendesítés hatására az inszert eltávolítását követően a sejtmentes terület záródása csökkent a kontroll vonalhoz képest. A FAK foszforilációja szignifikánsan csökkent a SDC4 csendesített sejtekben.

Megbeszélés: Kutatásaink alapján a SDC4 csendesítése csökkenti a mioblasztok migrációját, melynek háttérében többek között a csökkent FAK aktivitás, a sejt-mátrix kapcsolatok megváltozása állhat. Eredményeink hozzájárulhatnak a SDC4 vázizom fejlődésében és regenerációjában betöltött esszenciális szerepének megértéséhez.

BIOKÉMIA**CSAPLÁR MARIANNA**

Biomérnök MSc

Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi Egyetem
Vegyészmérnöki és Biomérnöki Kar*Témavezető:
Dr. Oláh Judit
tudományos főmunkatárs, MTA TTK***A Parkinson-kór biomarker fehérjéinek szerkezeti és funkcionális jellemzői**

A központi idegrendszeri betegségek, mint például a Parkinson-kór kialakulásában meghatározó szerepet játszanak a rendezetlen fehérjék. Az MTA-TTK Enzimológiai Intézetében a Sejtarchitektúra kutatócsoport azonosított egy rendezetlen agyspecifikus fehérjét, a TPPP/p25-öt (TubulinPolymerizationPromoting Protein/p25), mely az α -szinukleinnel való patológias kölcsönhatása révén elősegíti annak aggregációját, toxikus oligomerek képződését, ami végül a Parkinson-kórra és egyéb szinukleinopátiákra jellemző neuronális és gliális zárványtestek kialakulásához vezet.

A TPPP/p25 az ún. „neomorphic moonlighting” fehérjék prototípusa, melyek mind fiziológias mind patológias funkció ellátására képesek azáltal, hogy eltérő partner fehérjékkel hatnak kölcsön. A specifikusan az oligodendrocitákban kifejeződő TPPP/p25 fő fiziológias partnere a mikrotubuláris hálózat, melynek stabilitását és dinamikáját mikrotubulus kötegelő és acetilációt növelő aktivitása révén befolyásolja. A TPPP/p25 fiziológias (tubulinnal való) illetve patológias (α -szinukleinnel való) komplexeinek kialakításában szerepet játszó szegmensek azonosítása alapvető fontosságú specifikus gyógyszermolekulák kifejlesztéséhez, hiszen ezen kötőrégiók célzásával lehetséges a patológias folyamatok befolyásolása a fiziológias funkció megváltozása nélkül.

A Sejtarchitektúra kutatócsoport a humán vad típusú TPPP/p25 fehérjéből számos, a fiziológias és a patológias kötőrégiót érintő mutáns formát, továbbá α -szinuklein mutánsokat állított elő. Munkám során céлом volt ezen TPPP/p25 mutánsok izolálása, szerkezetüknek, fiziológias funkciójuknak, és az α -szinukleinnel való patológias kölcsönhatásuknak vizsgálata különböző biofizikai és biokémiai módszerek segítségével; olyan régiók azonosítása érdekében, amelyek a patológias kölcsönhatásban részt vesznek, de a TPPP/p25 fiziológias funkcióját nem befolyásolják. A TPPP/p25 mutánsok α -szinukleinnel való kölcsönhatását ELISA-val és affinitás kromatográfiával vizsgálva azt találtam, hogy a fehérje középső flexibilis régióját érintő bizonyos szegmensek deléciója (59-62,147-156) csökkenti a két fehérje közötti patológias kölcsönhatást. Ugyanakkor a cirkuláris dikroizmus és turbidimetriás mérések eredményei azt mutatták, hogy a TPPP/p25 ezen szegmenseinek deléciója a fiziológias partnerével, a tubulinnal való kölcsönhatást nem szünteti meg. Ezen régiók tehát potenciális gyógyszer-célpontként szolgálhatnak a patológias TPPP/p25- α -szinuklein kölcsönhatás megakadályozásában.

BIOKÉMIA**DANKÓ TITANILLA**

Biológia BSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar*Témavezető:
Dr. Sebestyén Anna
tudományos főmunkatárs, SE ÁOK***Anyagcsere változások és 2-hidroxioglutarát onkometabolit jelenlétének vizsgálata tumorsejtekben**

A daganatsejtek osztódásához, túléléséhez és a terápiás kezelésekkel szembeni rezisztencia kialakulásához a megfelelő bioenergetikai hátteret jellemző metabolikus változások biztosítják és bizonyos esetekben, onkometabolitok termelése is támogatja a tumorképződést. Korábbi vizsgálatainkban számos, különböző típusú tumorsejt bioenergetikai szubsztrát hasznosítását, oxidációját térképeztük fel radioaktív glükóz és acetát jelöléssel. Eredményeink alapján további vizsgálatra két szélsőségesen glükózt és acetátot hasznosító tumorsejtvonalat választottunk ki (HT1080 - humán fibrosarcoma, ZR-75.1 - humán emlőcarcinoma). A glikolízis és a citrátkör metabolitjainak felhasználását jelöletlen és stabil izotópos, ^{13}C - glükóz és ^{13}C -acetát, jelöléssel is vizsgáltuk LC-MS módszerrel. Az egyes sejtvonalak tápanyag preferenciájára a jelölt és a jelöletlen metabolitok arányából következtettünk.

Eredményeink igazolták a két sejtvonal eltérő metabolikus profilját. Mindkét sejtvonalban kimutatható jelentős, a daganatsejteket jellemző glikolízis, de ennek mértéke a HT1080 sejtek intenzív aerob glikolitikus működéséhez képest a ZR-75.1 esetén kevésbé jelentős. Utóbbi sejtvonalat fokozott citrátköri aktivitás és megfelelően működő oxidatív foszforiláció jellemezte. Megállapítottuk, hogy tápanyagforrásként a HT1080 glükózt igen, míg az acetátot nem igazán képes hasznosítani, ezzel szemben a ZR-75.1 sejtvonal az acetátot is jelentős mértékben képes felhasználni. HT1080 esetén emelkedett 2HG szintet mutattunk ki, amely onkometabolit jelenlétét korábban glioma és AML mintákban már azonosították. A 2HG termelést LC-MS méréssel mutattuk ki, ezért ellenőriztük, hogy az IDH1 mutáns humán AML esetek csontvelői és vérmintáiban ez hasonlóan elég érzékeny-e. Párhuzamosan vizsgáltuk és igazoltuk az emelkedett 2HG termelés hátterében álló IDH1 mutációkat HT1080 és az egyes AML minták esetében is.

Mindezek alapján, az általunk beállított módszer alkalmasnak bizonyult a sejtek glikolitikus és oxidatív foszforilációs kapacitásának vizsgálatára, és onkometabolit kimutatásra is. Vizsgálatainkkal és az alkalmazott módszerrel a daganatsejtek metabolikus viselkedése, illetve terápiás vagy más hatásra bekövetkező változása is jól monitorozható lehet, amely segítheti a jövőbeli diagnosztikai és terápiás módszerek fejlesztését.

BIOKÉMIA**FICZE HARGITA**

Biológia BSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Galgóczi László**tudományos munkatárs, SZTE TTIK**Dr. Borics Attila**tudományos munkatárs, MTA SZBK***A *Neosartorya fischeri* NRRL 181 antifungális protein aktív szerkezetének kialakításban szerepet játszó motívumok azonosítása**

A folyamatosan emelkedő, antibiotikum rezisztens fonalas gombák által okozott fertőzések esetszáma miatt szükségessé vált új antifungális stratégiák kidolgozása mind a gyógyászatban, mezőgazdaságban, mind kulturális örökségeink védelmében. Az antifungális hatással rendelkező NFAP egy kis tömegű, ciszteinben gazdag, stabil szerkezetű protein ami számos fonalas gomba növekedését gátolja. A *Pichia pastoris* élesztőgomba képes nagy mennyiségű, feltekeredett szerkezetű, antifungálisan aktív, rekombináns NFAP termelésére. Az eddig vizsgált tulajdonságai alapján ez a rekombináns NFAP kiválóan alkalmazható lehet tartósítószerként, biopeszticidként és gyógyszerként penészgombák ellen. A protein fő szerkezeti elemei, amelyek felelősek a feltekeredésért, a stabilitásért és az antifungális hatásért a mai napig nem tisztázottak.

Az NFAP térbeli szerkezetének *in silico* modellje alapján feltételeztük, hogy a hidrofób mag és az N-terminális β -redő kulcsfontosságú szerepet játszanak az antifungálisan aktív protein megszüntetésében. Aminosavak célzottan tervezett cseréivel ezek a szerkezeti elemek megszüntethetők, illetve módosíthatók anélkül, hogy a protein töltése és hidrofobicitása megváltozna. E feltételezés bizonyítására *P. pastoris*-szal megtermeltettük az NFAP-t és szerkezeti mutáns változatait, majd vizsgáltuk szerkezeti stabilitásukat, feltekeredésüket és antifungális aktivitásukat. Cirkuláris dikroizmus spektroszkópiás vizsgálatok útján kimutattuk, hogy az NFAP stabil, feltekeredett szerkezettel rendelkezik. Ezzel szemben ez a feltekeredett szerkezet megszűnik és rendezetlenné válik a hidrofób mag (NFAP Δ h) és N-terminális β -redő (NFAP Δ N) mutáns NFAP változatokban. Az NFAP-vel összehasonlítva az NFAP Δ h és az NFAP Δ N kevésbé stabil és nem, vagy nagymértékben csökkent antifungális aktivitás mutat *Aspergillus nidulans* ellen, továbbá e mutánsok nem képesek azokat a fenotipikus változásokat létrehozni, amelyek az NFAP-re jellemzőek.

Munkánk eredményeként megállapíthatjuk, hogy a vizsgált szerkezeti elemek kulcsfontosságú szerepet játszanak az NFAP megfelelő feltekeredésében és stabilitásában, melyek elengedhetetlenek a teljes antifungális hatás kifejtéséhez.

BIOKÉMIA**HAJDÚ FANNI**

Biomérnök MSc

Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi Egyetem
Vegyészmérnöki és Biomérnöki Kar*Témavezetők:**Prof. Dr. Vértessy G. Beáta*
*egyetemi tanár, BME VBK**Nagy Gergely Nándor*
*tanársegéd, BME VBK***Újszerű antimaláriás célpont: a CCT enzim működési mechanizmusának és autoinhibíciós szabályzásának feltárása**

A malária korunk egyik legpusztítóbb fertőző betegsége, a halálesetek döntő többségét a Plasmodium falciparum parazita faj okozza. A napjainkban alkalmazott terápiás szerekre rezisztens parazita törzsek elterjedése miatt a jelenlegitől eltérő hatásmechanizmusú antimaláriás szerek azonosítása égető jelentőségű[1]. A paraziták de novo foszfatidilkolin bioszintézise egy igazolt újfajta antimaláriás célpontnak számít[2]. Ezen útvonal sebességmeghatározó lépését a kutatócsoportban vizsgált[3,4] CTP:foszfokolin citidililtranszferáz (PfCCT) katalizálja. A PfCCT enzim aktivitásának szabályozása egy autoinhibíciós mechanizmus révén valósul meg, mely az enzim reverzibilis membrán kölcsönhatásán alapul. Az enzim működésének megértését nagyban segítik a nemrégiben közölt fehérjeszerkezetek és biokémiai vizsgálatok[5], ugyanakkor továbbra sem egyértelmű, hogy milyen kölcsönhatás befolyásolja közvetlenül az enzim aktivitást. Kutatómunkám során a PfCCT enzim kulcsfontosságú szerkezeti elemeinek működését elemeztem kinetikai valamint izotermális titrációs kalorimetria alapú egyensúlyi ligandum kötés mérések alapján. Rámutattam, hogy az enzim egy konzervált aktív helyen elhelyezkedő lizin oldallánca szerepet játszik mindkét szubsztrát kötődésében illetve átalakításában. Emellett a vizsgált katalitikus domént tartalmazó fehérje konstrukció C-terminális végének rövidítésével illetve itt eszközölt helyspecifikus mutációk létrehozásával megmutattam, hogy az enzim αE hélix szegmense alapvető hatással van az enzim katalízisre valamint a CTP szubsztrát kötődésre. Ezen eredmények lehetővé teszik a PfCCT katalitikus mechanizmusának mélyebb megértését, emellett alapot adnak ahhoz a feltételezéshez, hogy az αE hélix szerkezeti elem várhatóan részt vesz az enzim aktivitás autoinhibíciós szabályzásában is.

[1]World Health Organization, Malaria, 2014.

[2]I. Petersen, R. Eastman, M. Lanzer, FEBS Lett. 2011, 585, 1551–1562.

[3]G. N. Nagy, L. Marton, A. Contet, O. Ozohanics, L.-M. Ardelean, A. Révész, K. Vékey, F. D. Irimie, H. Vial, R. Cerdan, et al., Angew. Chem. Int. Ed. Engl. 2014, 53, 13471–6.

[4]L. Marton, G. N. Nagy, O. Ozohanics, A. Lábás, B. Krámos, J. Oláh, K. Vékey, B. G. Vértessy, PLoS One 2015, 10, e0129632.

[5]J. Lee, S. G. Taneva, B. W. Holland, D. P. Tieleman, R. B. Cornell, J. Biol. Chem. 2014, 289, 1742–1755.

BIOKÉMIA**LÉNÁRT KINGA**

Biológus MSc

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezető:**Dr. Mádi András**tudományos főmunkatárs, DE ÁOK***A szöveti transzglutamináz szerepet játszik az epididimális zsírszövet barnulásában**

A zsírszövet valójában egy komplex szervként fogható fel, ami fontos szerepet játszik a szervezet homeosztázisának biztosításában. A táplálék felvétel krónikus növelésével a fehér zsírszövet tömege kórosan megnő elhízást és az ahhoz kapcsolódó betegségek kialakulását eredményezve. A szervezetben kisebb mennyiségben előforduló hőtermelő barna zsírszövet hozzájárul a testhőmérséklet szabályozásához. Hidegnek kitett emlősök fehér zsírszövetében úgynevezett beige adipociták aktiválódnak, melyek elősegítik az új környezethez való alkalmazkodást. Ezek a sejtek, hasonlóan a barna zsírsejtekhez, a raktározott zsír kémiai energiáját hő formájában szabadítják fel és így növelik az energia felhasználást. A fehér zsírszövet ilyen módon való barnulásának felderítésével eljuthatunk az elhízás és kapcsolódó betegségeinek sikeres kezeléséhez. A szöveti transzglutamináz (TG2) expressziós mintázata valószínűsíti, hogy részt vesz egyes sejtípusok differenciálódási folyamataiban, ezért laboratóriumunk vizsgálja szerepét az egerek zsírszövetének kialakulásában is. A TG2^{+/+} és TG2^{-/-} egerek azonos mennyiségű zsírt képeznek ugyan, de a TG2^{+/+} egerek 4 órán át képesek tolerálni a hidegkezelést, míg a TG2^{-/-} állatok csak 3 órán keresztül. Három órás kezelés után a TG2^{+/+} és TG2^{-/-} egerek hőtermelésre elhasználják szubkután zsíruk mintegy felét, azonban ekkor a TG2^{-/-} állatok még jelentősen több és világosabb epididimális zsírral rendelkeznek a TG2^{+/+} egerekhez képest. A TG2^{-/-} állatok korlátozott epididimális zsír felhasználása tükröződött szignifikánsan nagyobb adipocitáikban és alacsonyabb szérumban szabad zsírsav tartalmukban. Ezen túlmenően, 3 órás hidegkezelés után a TG2^{+/+} egerekhez képest a TG2^{-/-} állatok epididimális zsírában szignifikánsan alacsonyabb szinten expresszáldtak a beige marker gének, mint az UCP1, a TBX1 és a TNFRSF9. Az alacsonyabb UCP1 expresszió fehérjeszinten is kimutatható volt Western blot és immunhisztokémiai vizsgálatokkal. Ez a mitokondriális fehérje szétkapcsolja az elektrontranszportlánc és az ATP szintetáz működését és növeli a szubsztrát oxidációt fokozott hőtermelést okozva. Az UCP1 alacsonyabb szintje legalábbis részben magyarázható a TG2^{-/-} epididimális zsírában lévő mitokondriumok alacsonyabb tartalmával. A munka során nyert eredmények rávilágítanak arra, hogy a TG2 fontos és szövet specifikus szerepet játszik az epididimális zsír funkciójában, ami nyilvánvalóvá válik olyan stresszes körülmények között, mint az akut hidegkezelés.

BIOKÉMIA**MIKLOVICS NIKOLETT**

Biológia MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Tóth András**tudományos munkatárs, SZTE TTIK***VI. típusú szulfid kinon oxidoreduktáz enzim működési mechanizmusának vizsgálata**

A szulfid oxidációját katalizáló szulfid kinon oxidoreduktáz (Sqr) enzimek rendkívül ősi fehérjék, amelyek feltehetően alapvető szerepet töltek be már a szulfidokban gazdag anaerob környezetben kialakult első élőlények anyagcseréjében is. Jelenleg az élővilág szinte összes csoportjában megtalálhatóak. Az Sqr enzimek a diszulfid reduktáz családba tartozó membrán kötött flavoproteinek. Az enzimes család közös jellemzői az aktív centrumban elhelyezkedő, katalitikus folyamatban kulcsszerepet játszó ciszteinek és FAD kofaktor. Az Sqr fehérjék 6 alcsaládjá különböztethető meg szekvencia motívumok alapján. A különböző típusú Sqr enzimek működési mechanizmusa eltérő lehet. Feltételezett működési modelleket eddig csak az I. és V. típusba tartozó Sqr enzimek esetén írtak le.

A fototróf bíbor kénbaktérium *Thiocapsa roseopersicina* genomja egy IV. (SqrD) és VI. típusú (SqrF) szulfid kinon oxidoreduktáz enzimet kódoló gént tartalmaz. Az SqrF fehérjék konzervált ciszteinjeinek mintázata eltér a már jellemzett enzimekétől, ezért a katalitikus folyamatuk is eltérő lehet.

Munkám során célul tűztem ki az SqrF enzimben található ciszteinek enzimműködésben betöltött szerepének vizsgálatát. Strep II affinitás peptiddel fuzionáltatott vad típusú és cisztein mutáns SqrF fehérjéket termelő *T. roseopersicina* törzseket hoztam létre. Affinitás kromatográfiával tisztított membránfehérjéket denaturáló és natív gélelektroforézissel, abszorbancia spektroszkópiával, biokémiai és enzimkinetikai módszerekkel vizsgáltam.

A *T. roseopersicina* SqrF fehérjében 4 cisztein található. A vad típusú és a cisztein mutáns (C49A, C121A, C272A, C332A) tisztított SqrF fehérjék spektroszkópiai vizsgálata kimutatta, hogy a C121A variáns nem tartalmaz FAD kofaktort. A fehérje változatok aktivitásának összehasonlítása alapján a C121A mutáns fehérje nem aktív, míg a C332A változat aktivitása töredéke a vad típusénak. A C49A és C272A mutánsok aktivitása nem változott számottevően. Meghatároztam az aktivitással rendelkező SqrF változatok enzimkinetikai paramétereit. Megvizsgáltam szulfhidril-csoporttal reagáló jódecetamidnak és jódecetsavnak vad típusú és cisztein mutáns SqrF fehérjék aktivitására, kofaktor kötéseére gyakorolt hatását. Kimutatható volt, hogy a szulfid oxidációban és a FAD megkötésében is a C121 aminosav játszik elengedhetetlen szerepet. A vizsgálatok segítségével felállítottam egy VI. típusú szulfid kinon oxidoreduktáz enzim katalitikus mechanizmusának modelljét.

BIOKÉMIA**NÉMETH ZOLTÁN BÁLINT**

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Pál Gábor**egyetemi docens, ELTE TTK***A szerin proteináz gátló elafin működési mechanizmusának feltárása irányított evolúcióval**

Az elafin egyike a legintenzívebben kutatott kanonikus proteináz inhibitoroknak. Ezt a kisméretű fehérjét epithel- és immunsejtek termelik, és adják le a sejt közötti térbe. Itt egyes neutrofil granulocita szerin proteinázok (leukocita elasztáz, proteináz-3) gátlásán keresztül gyulladásos folyamatokat kontrollál. Emellett más gyulladás szabályzó és antibakteriális hatásait is leírták. Ezen tulajdonságai miatt az elafin a gyulladásos betegségek kezelésének ígéretes gyógyszermolekula-jelöltje. Ahhoz, hogy jobban megértsük az inhibitor és a szerin proteinázok közötti kölcsönhatás mechanizmusát, az elafint irányított fehérjeevolúciónak vettem alá. Az enzimkötésben résztvevő kanonikus térszerkezetű hurok pozícióit randomizálva milliárdos nagyságrendben hoztam létre elafin variánsokat, melyeket fág felszínen fejeztem ki. A könyvtárat a három legrészletesebben karakterizált szerin proteináz modell enzimen (szarvasmarha kationos tripszin és kimotripszin A valamint sertés elasztáz I) szelektáltam. Az egyes enzimekhez hatékonyan kötődő variánsok szekvenciáját összehasonlítva következtettem a hurok egyes pozícióinak kölcsönhatásban betöltött funkciójára. A célenzimtől függetlenül azonos megoldási irányba evolválódó pozíciók a hurok kanonikus szerkezetének stabilizálásában játszhatnak szerepet, míg az enzim-függő módon evolválódó pozíciók a szelektivitásért felelhetnek. Az eredmények alapján kirajzolódik az elafin proteináz-kötő felszínének „funkcionális anatómiája”.

BIOKÉMIA**OLAJOS JUDIT**

Biológia BSc, 5. félév

Állatorvostudományi Egyetem

*Témavezetők:**Dr. Szabó Péter**egyetemi docens, ATE**Dr. Móricz Ágnes**tudományos főmunkatárs, MTA ATK NÖVI***A fehér akác (*Robinia pseudoacacia*) bioaktív anyagai**

A fehér akác (*Robinia pseudoacacia*) Észak-Amerikában őshonos, rendkívül mutatós fa, mely kiválóan alkalmazkodik a gyengébb minőségű életterekhez. Európa szerte invazív, így állománycsökkentése szükséges. Diverz felhasználhatósága, mely kiterjed a növény minden részére, gazdasági szempontból kiemelten fontos lehet.

Az utóbbi időben a gyógyszerkutatás a természetes alapanyagok és molekulák felé kezdett nyitni, így a fehér akác ideális jelölt lehet, mint nagy tömegben rendelkezésre álló és könnyen használható gyógynövény. A fehér akác eddigi vizsgálatai elsősorban a flavonoid származékokat és a toxikus vegyületeket vette górcső alá.

Vizsgálataink célja antioxidáns és antibakteriális hatású anyagok keresése és azok jellemzése, melyhez a kérget, levelet és a virágot használtuk. A kivonatok komponenseit vékonyréteg kromatográfiához (TLC) kapcsolt biológiai értékelésekkel vizsgáltuk.

A TLC-vel elválasztott anyagok antibakteriális hatását a rétegen ún. direkt bioautográfiás módszerrel végeztük különböző baktériumok ellen. Ez a módszer gyors, megbízható és alkalmas nagy áteresztőképességű tesztelésre. Az antioxidánsok jelenlétét egy stabil szabadgyök, DPPH metanolos oldatába való merítéssel teszteltük. Mind az antibakteriális mind pedig az antioxidáns hatást mutató vegyületek kémiai jellemzését TLC reagensekkel végeztük.

Két kimutatott antibakteriális vegyületet sikeresen izoláltunk a rétegről és nagyműszeres analitikai módszerrel (HPLC-DAD-ESI-MS(/MS)) azonosítottunk, mint a két esszenciális zsírsav, a linolsav és a linolénsav.

Megfigyeltünk évszakos változást az aktív anyagok előfordulásában. Mind az antibakteriális, mind az antioxidáns anyagokat vizsgálva levélkivonataink tavasszal nagyobb mennyiségű aktív anyagot tartalmaztak, mint az őszi. Ezzel szemben a kéregkivonatokban tavasztól őszig egyre nagyobb mennyiségben voltak jelen aktív anyagok.

BIOKÉMIA**PAP ÁDÁM**

Biológus MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Darula Zsuzsanna**tudományos főmunkatárs, MTA SZBK***Humán vérszérumból dúsított O-glikopeptidek tömegspektrometriás vizsgálata**

Az emberi szervezetben az egyik leggyakoribb poszttranszlációs módosítás (PTM) a fehérjék glikozilációja, amely felépítését és szerepét tekintve a legváltozatosabbak közé tartozik. Az O-glikoziláció funkcióját tekintve fontos szerepet kap a tumorok metasztázisában, a megtermékenyítésben, a fehérje konformációjának kialakításában és számos más fiziológiás illetve kóros folyamatban, ezért vizsgálata igen fontos. A proteomika területén a fehérjék glikozilációjának tanulmányozására az immunkémiai eljárások mellett az egyik leggyakrabban alkalmazott módszerré a tömegspektrometria vált.

A tudományos dolgozatban bemutatásra kerülő kísérletekben a humán szérumban található fehérjék O-glikozilációjának az ún. mucin 1-es típusát vizsgáltuk. A kísérletek során a bottom-up proteomikai eljárást alkalmaztuk. A glikozilációs helyek azonosítása érdekében a proteomikában általánosan alkalmazott tripszint használtuk a szérumfehérjék emésztésére, emellett egy olyan párhuzamos minta is a kísérlet része volt, amelyet a proteázos emésztést megelőzően peptid N-glikozidáz F (PNGáz F) enzimmel kezeltünk, hogy a zavaró N-glikopeptideket eltávolítsuk a mintákból. A mintaelőkészítés idejének csökkentése érdekében a korábban használt nem-illékony pufferrendszert lecseréltük illékony ammónium-bikarbonátra.

Az O-glikopeptidek dúsítására egy kétlépcsős lektin affinitás kromatográfiás eljárást alkalmaztunk, amely folyamat során búzacsíra agglutinin és Jacalin lektintet használtuk.

Az izolált O-glikopeptidek PTM analizisét nanoLC-ESI-MS/MS módszerrel végeztük. Az MS/MS mérés során gyűjtött HCD és ETD spektrumokat a ProteinProspector interneten elérhető proteomikai szoftvercsomaggal elemeztük, a glikopeptid azonosításokat manuális validálással erősítettük meg.

Az eredmények alapján elmondható, hogy a PNGáz F kezelés jobb lefedettséget biztosít a humán szérumban található fehérjék mucin 1-es típusú O-glikozilációjára nézve, továbbá az alkalmazott illékony ammónium-bikarbonát puffer teljesen kompatibilis a glikopeptid dúsítási eljárással.

BIOKÉMIA**SZENTIRMAI VERONIKA**

Biológia BSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Szóri Milán**egyetemi docens, ME MAK***Alternatív dipeptidok képződésének termodinamikai jellemzése**

Az élővilág egyik legváltozatosabb molekulái a fehérjék. Az őket felépítő 20 féle aminosav kondenzációs reakcióval rövidebb-hosszabb, sorrendjüket tekintve számtalan variációjú lineáris láncot képesek alkotni, melynek kialakulása minden élő szervezetben azonos elven működik. Jelenlegi tudásunk szerint a Földön elsőként a fehérjéket felépítő aminosavak jelentek meg, mint biogén molekulák, tehát a ma ismert kötési sajátságok a kémiai evolúció során alakulhattak ki.

Munkám során két aminosav kémiai kapcsolásából felépülő, konvencionális és alternatív peptidkötést tartalmazó dipeptidok (izodipeptidok és γ -peptidilek) termodinamikai vizsgálatát végeztem el számításon kémiai módszerek segítségével. Kiszámítottam a dipeptidok kapcsolódási reakciójának standard entrópia-, entalpia- és szabadenergia-változását (ΔrH_0 , ΔrS_0 , ΔrG_0), hogy megállapítsam lehet-e kapcsolatot felfedezni a számított termodinamikai adatok, a termodinamikai stabilitás és a kémiai evolúció során szelektálódott aminosavkapcsolódás-típusok között. Az ehhez szükséges számításokat G3MP2B3 kompozit modell és SMD implicit vízmodell kombinációjával végeztem.

A vizsgált dipeptidok lehetséges kapcsolódásait összehasonlítva arra jutottam, hogy a hagyományos peptidkötést tartalmazó dipeptidok aminosav sorrendje hatással van a molekula stabilitására, így érdemes lesz a továbbiakban a dipeptidpárok előfordulási statisztikáit megvizsgálni különböző fehérjékben. Megállapítottam továbbá, hogy az izopeptid kötések közel hasonló stabilitású dipeptideket is eredményeznek, mint a hagyományos kötések, így eredményeink alapján a fehérjék kapcsolódására valószínűleg nem az aminosavak termokémiai folyamatai vannak a legnagyobb hatással, ezzel is alátámasztva az RNS világ hipotézist. Továbbá vannak kitétetett kémiai stabilitással rendelkező izodipeptidok, melyek kötési motívumai megjelennek szilárdító, mechanikai hatásoktól védő fehérjékben.

BIOTECHNOLÓGIA

BAKONYI RÉKA

Biológia BSc

Állatorvostudományi Egyetem

Témavezetők:
Dr. Stéger Viktor
tudományos munkatárs, NAIK MBK
Szabó Krisztián
tudományos segédmunkatárs, ATE

A mézelő méhek higiénias viselkedéséhez kapcsolt mikroszatellita markerek fejlesztése

A mézelő méh (*Apis mellifera*) számára az egyik legkártékonyabb kórokozó a *Varroa destructor* nevű atka és az általa terjesztett betegségek, amelyek már Magyarországon is egyre fenyegetőbb veszélyt jelentenek a méhészek számára. Ezen paraziták ellen bizonyos méhek az úgynevezett higiénikus viselkedéssel hatékonyan tudnak védekezni, mely során a dolgozók a fertőzött/elpusztult lárvákat és bábokat eltávolítják a kaptárból, megakadályozva ezzel a továbbfertőződést.

Dolgozatom célja, hogy genomikai, genetikai módszerekkel összehasonlítsuk a jól tisztító családokat a rosszul tisztítókkal, így lehetőségünk nyílik olyan DNS markerek fejlesztésére, amelyek használatával az előnyös tulajdonságot hordozó vonalak és családok kiválogatása megtörténhet a herefiasítás/fiasítás DNS alapú vizsgálatával.

Összesen 12 méh populációból gyűjtöttünk különböző méh fajtákat, összesen 72 méh egyedet. TDK munkám során a méhek repülőizmait kipreparáltam, majd megfelelő mennyiségű és minőségű genomi DNS-t izoláltam belőlük. Tsuruda és munkatársai (2012) munkája alapján a varroa atka szenzitív viselkedéssel kapcsolt QTL régióra terveztem három mikroszatellita markert, amelyet multiplex PCR rendszerbe optimalizáltam.

A vizsgált markerek jól működnek és polimorfnek bizonyultak a vizsgált méh egyedekben. A későbbiekben szeretnénk kizárólag krajnai méheket (*Apis mellifera carnica*) bevonni a vizsgálatokba, hogy kizárjuk a populációgenetikai különbségek miatti eltéréseket.

A méhészeti genomikai kutatások hosszú távú célja az, hogy a hazai méhanyanevelőket genetikai adatokkal (genetikai profilokkal) támogassa, amelyek segítségével rövidebb idő alatt értékesebb állományok hozhatók létre, amelyek a leggyakoribb méhbetegségekkel szemben ellenállóak.

BIOTECHNOLÓGIA**ERDŐS BALÁZS**

Élelmiszermérnök MSc

Szent István Egyetem

Élelmiszertudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Kovács Zoltán**egyetemi docens, SZIE ÉTK**Dr. Maarten Grachten**tudományos főmunkatárs, Johannes Kepler University, Linz, Ausztria***Frukto-oligoszacharid termelés nyomon követése neurális hálózathoz kötött spektroszkópiás módszerrel**

Az élelmiszer fogyasztási tendenciák növekvő igényt mutatnak az egészségi állapot megőrzéséhez és javításához hozzájáruló élelmiszerek iránt. Ennek hatására vállalatok egyre több olyan termék fejlesztését és piacra vitelét valósítják meg, amelyek valamilyen formában javítják az egészségi állapotot, jobb közérzetet biztosítanak vagy csökkentik bizonyos betegségek kockázatát. Ilyenek az úgynevezett funkcionális élelmiszerek, amelyeknek egy részhalmaza a prebiotikus hatással rendelkező élelmiszerek.

A frukto-oligoszacharidok (FOS) prebiotikus hatású szénhidrát polimerek, melyeket az élelmiszeriparban dúsító anyagként alkalmaznak funkcionális élelmiszerekben. Ipari volumenű előállításukat főként szacharózból enzimreakción keresztül valósítják meg. Az előállított termék szénhidrát összetételének meghatározását jelenleg laboratóriumi HPLC berendezések segítségével végzik, amely bár nagy pontosságú és robusztus, csak késleltetve szolgáltat eredményt. A komplex biológiai eljárás miatt, az iparban szükség van egy olyan szénhidrát összetétel meghatározó módszerre, amely gyorsan, akár valós időben szolgáltat információt a termék kompozíciójáról. Így, lehetőség nyílna a folyamat valós idejű nyomon követésére.

Munkámban egy FOS összetétel meghatározására alkalmas gyorsmódszert fejlesztettem ki, majd teszteltem ismeretlen mintákon. Első lépésben egy mesterséges neurális hálózat tanításához szükséges adathalmaz generálását végeztem el enzimes membrán reaktor működtetésén keresztül. Az így nyert minták szénhidrát összetételét laboratóriumi HPLC-RI berendezésen, UV abszorbanciáját pedig spektrofotométeren megmértem, majd az adatokat feldolgoztam úgy, hogy alkalmazhatóak legyenek a hálózat tanítására. Matlab szoftverben létrehoztam egy neurális hálózatot, amelynek megtanítottam a mintákból nyert szénhidrát összetétel és UV spektrumok közötti kapcsolatot. A hálózat paramétereit statisztikai és tapasztalati módszerek segítségével finomhangoltam. Végül a tanított hálózatot használtam ugyanazon reakcióból származó, ismeretlen összetételű minták kompozíciójának meghatározására UV spektrum alapján. Az ismeretlen mintákra nyert prediktált értékeket összevettem a HPLC berendezésen mért referencia szénhidrát értékekkel. Statisztikai elemzés alapján, a fejlesztett hálózat predikációs képessége kielégítő. A kifejlesztett neurális hálózathoz kapcsolt spektroszkópiás gyorsmódszer könnyen implementálható ipari környezetben, ahol akár valós időben képes FOS összetétel meghatározására.

BIOTECHNOLÓGIA

FEJES BALÁZS

Biomérnök MSc

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezető:**Németh Zoltán**egyetemi tanársegéd, DE TTK****Az *Aspergillus nidulans* sterigmatocystin képződésének vizsgálata különböző szénforrásokon***

A különböző *Aspergillus* speciesek által termelt mikotoxinok, mint például a sterigmatocystin (ST) megjelenve a gabonafélék magjaiban világszerte jelentős károkat okoznak. A gombafertőzések a gabonanövények esetében történhetnek betakarítás előtt vagy a tárolás során is, melyek hatalmas gazdasági veszteségeket jelentenek. Az *A. nidulans* ST bioszintézisének génjei, enzimeit jól ismertek, viszont a növekedése során elérhető szénforrások hatása a produkcióra még nem tisztázottak. Az *A. nidulans* ST termelésének vizsgálatai során folyékony tenyészetekkel dolgoztunk - tettük ezt azért is – mert ennek köszönhetően a homogén közeggel lehetővé vált a paraméterek pontosabb nyomon követése, szemben a széles körben elterjedt szilárd felületen történő tenyésztésekkel.

Annak érdekében, hogy megvizsgáljuk az *A. nidulans* ST termelésének sajátosságait különböző szénforrásokon, vad típusú törzset minimál táptalajon tenyésztve egy gyorsan (D-glükóz) és egy lassan hasznosuló (laktóz) szénhidráton vizsgáltuk meg az ST képződését. A kapott eredmények azt sugallták, hogy az ST bioszintézise karbon katabolit represszió alatt állhat, mivel D-glükóz jelenlétében nem, míg laktózt hasznosítva képződött a mikotoxin. A hipotézis vizsgálata érdekében megismételtük a kísérletet egy karbon katabolit derepresszált CreA-mutáns törzssel. A tenyésztés során azt tapasztaltuk, hogy az ST képződés sem D-glükóz sem laktóz szénforrásokon nem indukálódott a korai növekedési szakaszban, csak a szénhidrát kimerülését követően. Viszont a laktóz hasznosítási ráta a mutáns törzsből majd felére csökkent a vad törzshöz képest.

Míndezek alapján arra következtethetünk, hogy az alacsony növekedési ráta indukálja, míg a magas represszálja az ST bioszintézist *A. nidulans*-ban.

BIOTECHNOLÓGIA**FIKÓ DEZSŐ-RÓBERT**

Fenntartható biotechnológiák MSc

Sapientia Erdélyi Magyar Tudományegyetem

BENEDEK EMŐKE

Környezetmérnöki BSc

Sapientia Erdélyi Magyar Tudományegyetem

*Témavezetők:**Dr. Máthé István**egyetemi docens, RO EMTE**Dr. Felföldi Tamás**egyetemi adjunktus, ELTE TTK*

Szennyezett élőhelyek fenolbontó bakteriális közösségeinek a vizsgálata jó biodegradációs képességű törzsek szelektálása céljából

A fenol számos iparág (pl. gyógyszer-, papír- és vegyipar) szennyvizében megtalálható, így a környezetterhelés csökkentése és az ember egészségének megőrzése érdekében még az expozíció előtt ártalmatlanítani kell, mivelhogy a fenol toxikus, mutagén, és karcinogén tulajdonságokkal rendelkezik. A fenol semlegesítésének egy olcsó és hatékony megoldása a mikrobiális degradáció.

Kutatásunk célja, két extrém élőhely, a cekendi hulladéklerakó csurgalékvizét kezelő reaktor és egy marosújvári szennyezett sósvízű tó mikrobiális diverzitásának vizsgálata, valamint jó biodegradációs képességgel rendelkező baktériumtörzsek izolálása.

A helyszínekről begyűjtött mintákból ásványi tápvelesben elődúsítást végeztünk, amely tápveles egyedüli szénforrásként fenol-t illetve biszfenol-A-t tartalmazott. A dúsított közösségből R2A táptalajon különböző telepmorfológiájú baktériumtörzseket izoláltunk, amelyeket 16S rDNS báziselemzés alapján faji szinten azonosítottunk. A 20 izolált törzsből 17 különböző fajhoz tartozik, a leggyakoribb nemzetségek a *Simplicispira*, *Paracoccus* és *Halomonas*. Kis hasonlósága miatt egy, a *Simplicispira* nemzetséggel rokonságot mutató törzs feltehetően a tudomány számára új faj képviselője.

Az azonosított baktériumtörzsek biodegradációs képességét és annak időbeni változását különböző fenol-koncentrációjú tápvelesekben vizsgáltuk. A tanulmányozott törzsek közül előfordulnak a fenolt magas kezdeti koncentrációban (500 mg/L, 1000 mg/L) is kiválóan bontók, míg más törzsek alacsonyabb fenol-koncentráción (100 mg/L) sem mutattak szaporodást.

BIOTECHNOLÓGIA**HÓDI BARBARA**

Biológus MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Rákhely Gábor**tanszékvezető egyetemi docens, SZTE TTIK***Környezeti izolátumok cellulóz-és hemicellulóz bontó képességének vizsgálata**

Földünk kimertülően lévő, fosszilis energiahordozó-készleteinek felhasználásával a növekvő népesség energiaigényének fedezése hosszútávon egyre kevésbé oldható meg, így a kutatók igyekeznek hosszútávon fenntartható, környezetkímélő megoldásokat keresni.

A növényi biomassa alternatív megoldást kínálhat a problémára, hiszen a fosszilis energiahordozókhoz hasonlóan szintén a napenergia kémiai energiává való átalakításával keletkezik nagy mennyiségben. A növényi eredetű hulladékok fő alkotója, a cellulóz - mely sokoldalúan hasznosítható, megújuló energiaforrás - egy heterogén, komplex mátrixba, a hemicellulózba ágyazottan helyezkedik el a növényi sejtfalban, amely miatt hatékony felhasználása költséges kémiai előkezelést igényel. A cellulóz és hemicellulóz polimerek enzimatis lebonásával keletkező cukrokat pl. acetogén mikroorganizmusok képesek fermentálni, amely eredményeként szerves savak keletkeznek. Más törzsek a szerves savak felhasználásával etanolt, hidrogént és széndioxidot termelnek. A metanogén mikroorganizmusok anaerob körülmények között képesek szerves savakból hidrogént és széndioxidot felhasználva metánt előállítani, amellyel a környezetszennyező fosszilis energiahordozók hatékonyan helyettesíthetők.

Kísérleteimhez nyúl vékonybélartalomból olyan mikroorganizmusokat izoláltam, amelyek hatékonyan képesek a cellulózt, illetve a hemicellulóz legfőbb alkotóelemét, a xilánt egyedüli szénforrásként, aerob módon hasznosítani. Miután Kongó vörös próbával igazoltam a celluláz és xilanáz enzimaktivitások jelenlétét, frissen nevelt kultúrákból tisztított genomi DNS 16S rDNS szekvenciájának analízisével nemzetség szinten azonosítottam a mikroorganizmusokat. A baktériumok növekedéséhez szükséges hőmérsékleti optimum meghatározása után az egyéb enzimatis aktivitásokat biokémiai gyorstesztekkel, illetve az exoglukanáz aktivitást redukáló cukorméréssel vizsgáltam. A cellulóz és xilán hatékony bontásának igazolására gázkromatográffal nyomon követtem a mikroorganizmus által eltérő cellulóz-és hemicellulóz források degradációjának következtében felszabaduló CO₂ mennyiségét; valamint HPLC analízissel vizsgáltam a xilán szénforrás hasznosítása során keletkező anyagcsere-termékek mennyiségét.

Eredményeim alapján elmondható, hogy sikeresen izoláltam nyúl vékonybélartalomból olyan baktériumokat, amelyek hatékonyan képesek a cellulóz és xilán biodegradációjára is, így segítségükkel lehetővé válhat a növényi biomassa költséghatékony, enzimatis előkezelése.

BIOTECHNOLÓGIA**JÁKIM JUDIT**

Biomérnök BSc

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

SZAMOSI REGINA

Biomérnök BSc

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezető:**Dr. Szemán-Nagy Gábor
egyetemi adjunktus, DE TTK***Kapilláris mikroszkóp modell kifejlesztése szuszpenziós sejttenyészetek time-lapse imaging videomikroszkópos megfigyeléséhez**

Dolgozatunkban egy általunk felépített laboratóriumi modellről számolunk be, mely time-lapse imaging rendszerrel összekötve képes szuszpenziós sejttenyészetek valós idejű vizsgálatára. Az átfolyó rendszerű kapilláris mikroszkópra keresztelt modell felépítésekor arra törekedtünk, hogy egyszerű, laboratóriumi körülmények között könnyen elérhető eszközöket, valamint reprodukálható metodikát alkalmazzunk. Munkánk alapjául a Debreceni Egyetem eTox hallgatói munkacsoport által kifejlesztett Long-Term Scan rendszert vettük, mely egyedileg felépített mikroszkópokból és a hozzájuk tartozó képrögzítő programból állnak. Ahhoz, hogy a kapilláris mikroszkóp működését alátámasszuk, két típusú kísérletet végeztünk el egy kiválasztott mintaszervezettel, a *Saccharomyces cerevisiae*-vel. Az általunk negatív kontrollnak hívott kísérletnél az élesztőhöz csak limitáló mennyiségű tápanyagot adtunk és nem vártunk különösebb növekedést. A pozitív kontrollnál megfelelő mennyiségű és minőségű tápanyagot biztosítottunk a biomassza növekedésre számítva. A kísérletek során kapott képszekvenciákat Fiji (Image J) képelemző program segítségével kielemeztük, majd a kapott eredményeket grafikonokon tudtuk ábrázolni. Az elvégzett kísérletek, valamint a párhuzamosan elvégzett kézi mintavételezések alátámasztották, hogy a modell a tervezett felhasználás szempontjából a valóságnak megfelelő eredményeket szolgáltat.

BIOTECHNOLÓGIA**KOVÁCS NOÉMI**

Biomérnöki BSc

Pannon Egyetem

Mérnöki Kar

*Témavezető:**Dr. Jankovics Hajnalka**tudományos munkatárs, PE Bio-nanotechnológiai és Műszaki Kémiai Kutatóintézet***Mesterséges flagelláris exportszubsztrát létrehozása és működésének detektálása**

A baktériumok mozgásszervei a flagellumok, melyek propellerként hajtják előre a sejteket a tápoldatban. A flagellum két fő része a membránba ágyazott nanomotor és a filamentum. A motor tengelyét a kampó kapcsolja össze a filamentummal, lehetővé téve a filamentum forgását. A filamentumok a flagellin fehérje több tízezer kópiájából épülnek fel, melyek exportálódnak a sejtől, majd önszerveződően hozzákapcsolódnak a flagellum végéhez. A filamentum kialakulásához elengedhetetlen, hogy a monomerek kijussanak a baktériumból, ehhez szükség van egy jelre, aminek hatására a molekulák exportálódnak a sejtől. A flagellin N-terminális végén csonkított mutánsainak vizsgálatából kiderült, hogy az exportszignál a fehérje aminosav szekvenciájának 26-47 szakasza tartalmazza. Ezt a szegmenst sejtidegen fehérjékhez kapcsolva, azok is hatékonyan kijutottak a felülűszóba. Emiatt az exportszignál alkalmas lehet arra, hogy a biotechnológiában is alkalmazzák pl. enzimek termelésére. Segítségével elkerülhetővé válna a nagy mennyiségben termelő fehérjék sejt belüli kicsapódása, illetve a termékek tisztítása is könnyebbé válna.

Az exportszignál hatékonyságának további vizsgálata céljából korábban létrehoztunk egy olyan fehérjekonstrukciót, melyben az exportszignálhoz a fluoescens tulajdonsággal rendelkező sfGFP-t (Green Fluorescent Protein) kapcsoltuk (ES-sfGFP). Így a felülűszóba kijutott, és a sejtekben maradt fehérje aránya fluoescencia spektroszkópiával közvetlenül meghatározható.

Kísérleteim azt mutatták, hogy az ES-sfGFP csak igen kis mennyiségben jelenik meg a tenyésztés felülűszójában. Az okok feltárására többféle (SDS, natív, 2D) gélelektroforézis technikát, valamint affinitás kromatográfiát alkalmaztam. Eredményeim azt mutatták, hogy egyrészt a sikeresen exportálódott fúziós fehérje spontán bomlik, megtartva a beépített GFP-t, másrészt valószínűleg ugyancsak a GFP stabilitásának köszönhetően a fúziós fehérje jelentős része a baktériumban reked. Ezen tapasztalatok alapján egy új, az export vizsgálatát célzó fehérjerendszert terveztünk, melyet DNS-szinten megvalósítottam, majd vizsgáltam a kódolt fehérje termelődését és exporthatékonyságát.

BIOTECHNOLÓGIA

MIKLOVICS NIKOLETT

Biológus MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:

Dr. Rákhely Gábor

tanszékvezető egyetemi docens, SZTE TTIK

Dr. Nyilasi Andrea

tudományos segédmunkatárs, SZTE TTIK

Nitrogenáz enzim hajtott biohidrogén termelés ecetsav hozzáadásával *Thiocapsa roseopersicina*-ban

Az emberi civilizáció egyre nagyobb mértékben használja fel a hagyományos energiaforrásokat, melyeknek készlete véges. Az egyik megoldást a legtisztább energiahordozónk, a hidrogén jelentheti. Előállítása biológiai úton is megvalósítható: mikroorganizmusok által biofotólízis, fotofermentáció, sötét fermentáció, illetve utóbbi kettő kombinációja folyamán.

A *Thiocapsa roseopersicina* BBS egy anaerob, fototróf bíbor kénbaktérium, mely fény jelenlétében hidrogenázai és nitrogenáza által hidrogént termel redukált kénvegyületek felhasználásával. Mindemellett képes szerves savak metabolizálásra, mely lehetővé teszi a kétlépcsős hidrogén termelést.

Kutatásaimat a *T. roseopersicina* M539 törzzsel végeztem, melyben az egyetlen hidrogén termelő enzim a nitrogenáz, ami nitrogén-fixálás közben melléktermékként hidrogént termel.

Kutatásaim arra irányultak, hogy a nitrogenáz enzim által termelt hidrogén mennyisége hogyan változik különböző nátrium-tioszulfát koncentrációk - mint elsődleges elektron donor - mellett, illetve ecetsav jelenlétében. Nitrogén fixáló körülmények között. Megmértem a kultúrák in vivo megtermelt hidrogén mennyiségét, illetve a biomassza növekedés nyomon követése érdekében a teljes fehérje-mennyiség mellett meghatároztam a nátrium-tioszulfát és az ecetsav fogyását a tápoldatból. Továbbá vizsgáltam a nitrogenáz enzim két alegységének (α , β) relatív expressziós szintjét.

A kísérletekkel bebizonyítottam, hogy a *T. roseopersicina* M539 törzs képes felhasználni a nátrium-tioszulfát mellett az ecetsavat elektronforrásként, ugyanis jelenlétében több hidrogén termelődött. Ez korrelációt mutat a nátrium-tioszulfát és ecetsav tápoldatbeli változásából levonható következtetéssel: az ecetsav jelenlétében lassabban fogy a nátrium-tioszulfát, mert ekkor a kultúra a szerves savat is hasznosítja. Megállapítottam, hogy a sejtek többlet hidrogén termelésre használják fel a szerves savat, melyet alátámaszt a nitrogenáz enzim alegységeinek megemelkedett expressziós szintje ecetsav jelenlétében.

BIOTECHNOLÓGIA**NAGY ALEXANDRA**

Biológia BSc

Állatorvostudományi Egyetem

*Témavezetők:**Dr. Gócza Elen**tudományos tanácsadó, NAIK MBK**Szabó Krisztián**tudományos segédmunkatárs, ATE***Ősivarsejt specifikus markerek expressziójának összehasonlítása különböző ivarú tyúk embriókból létrehozott ősivarsejt tenyészetekben**

A primordiális csírasejtek (PG sejtek, ősivarsejtek) a csíravonal prekursorai, melyek a későbbi differenciálódás során érett pete-, illetve hímivarsejteké válnak. A X. stádiumú embrió epiblasztjában helyezkednek el, innen a germinális félholdba vándorolnak, ahol osztódni kezdenek. 48-56 órán belül amöboid mozgással a véráramba kerülnek. A keringés utóbéli szakaszán elhagyják az ereket, kemotaxis segítségével az ivarlécekbe jutnak. A PG sejtek a 2 napos embriók dorzális aortájából izolálhatók, ezt követően in vitro sejttenyészetben fenntarthatók, illetve fagyasztással tárolhatók. A madarak, így a házityúk esetében is, a tojók ZW, a hímek ZZ ivari kromoszómákkal rendelkeznek. Régebben csak ZZ genotípusú hímekből származó ősivarsejt tenyészeteket tudtak fenntartani, mára azonban sikerült egy olyan speciális tenyésztőmédiomot kifejleszteni, mellyel a tojó embriókból izolált PG sejttenyészetek is fenntarthatók. Csoportunk arra volt kíváncsi, hogy a laborunkban fenntartott hím és tojó tenyészetek között van-e különbség. Munkám során hím, illetve nőstény házityúk primordiális csírasejt tenyészeteken vizsgáltam a pluripotencia markerek expresszióját, illetve az azokat befolyásoló mikroRNSekeket. Az expressziós mintázat megfigyelésével lehetővé vált a sejttenyészetekben bekövetkező változások észlelése. A donor embriókból sex PCR segítségével ivarmeghatározást végeztünk. Az ivar meghatározását követően 5 hím (ZZ genotípusú), illetve 5 tojó (ZW genotípusú) PG tenyészetet kevertünk össze. Két heti tenyésztést követően a ZZ, illetve ZW pool-okat lefagyasztottuk. A fagyasztásból visszavett tenyészetekből különböző időpontokban mintát vettem, majd RNS izolálás után kvantitatív PCR-t használva vizsgáltam a CVH, cPOUV, NANOG és miR-302a expresszióját. A kapott eredményeket összehasonlítva nem találtunk szignifikáns különbséget a tojó, illetve a hím sejttenyészetek ősivarsejt specifikus markereinek expressziójában. Az eredményünk igazolásaképpen, 3 napos embriók vérkeringésébe visszainjektáltuk a tenyészetekből származó sejteket. Mind a két ivar esetén beépülést tapasztaltunk. További terveink között szerepel a kevert (hím és nőstény ősivarsejtek is tartalmazó) sejttenyészetek vizsgálata. Munkánk a génmegőrzés szempontjából jelentős. A PG sejteket egy recipiens állatba visszainjektálva ivarszervi kimérákat hozhatunk létre. Kipusztulással fenyegetett, illetve őshonos madárfajok megőrzése válhat lehetővé a PG sejteknek köszönhetően.

BIOTECHNOLÓGIA

SZEKÉR PATRIK

Biomérnök BSc

Pannon Egyetem

Mérnöki Kar

Témavezető:

Dr. Jankovics Hajnalka
egyetemi adjunktus, PE**Arzén (III) megkötésére képes flagelláris fehérjék tervezése és előállítása természetes vizek monitorozására alkalmas bioszenzor érzékelő elemeihez**

A *Salmonella* baktériumok mozgásáért felelős flagellum legnagyobb részét a flagellin fehérjéből önszerveződő módon felépülő filamentum alkotja. A flagellin polimerizációjáért csak a fehérje terminális végei felelősek, míg a polipeptid lánc középső szakasza által meghatározott D3 domén a filamentum felszínén helyezkedik el. Célunk a flagellin fehérje átalakítása oly módon, hogy azt molekuláris felismerő funkcióval ruházzuk fel a D3 domén megfelelő idegen kötőfehérjével való helyettesítésével, a polimerizációs képesség hátrányos befolyásolása nélkül.

Számos mikroorganizmusban található olyan fehérjék, amelyek átmeneti és nehézfémek erős és szelektív megkötésére képesek. Sok fémkötő fehérje esetében ismertek azok a szerkezeti motívumok, amik meghatározó szerepet játszanak az adott célmolekula felismerésében és megkötésében. A rendelkezésre álló információk innovatív felhasználásával célunk flagellin alapú fémkötő fehérjék létrehozása. Ezeket polimerizálva rendkívül nagy felületi kötőhelysűrűségű filamentáris nanorudak készíthetők, melyek bioszenzorok érzékelő elemeként szolgálhatnak.

Munkám során génebézési eljárások segítségével olyan arzénkötő motívumokat tartalmazó flagellineket terveztem és hoztam létre, melyek képesek lehetnek a természetes vizekben található arzénszennyezés megkötésére és így kimutatására. Megfelelő oligopeptid linkerekkel az *Acidithiobacillus ferrooxidans* ArsR represszor fehérje 10 aminosavból álló és az *Escherichia coli* ArsR 15 aminosavból álló As-kötő, ciszteineket különböző elrendezésben tartalmazó polipeptideket kódoló oligonukleotidokat sikeresen illesztettem be a D3 domén kódoló szakasza helyére. Fehérje expressziós kísérletek azt mutatták, hogy a módosított flagellin *Salmonella* baktériumban nagy mennyiségben termelődik és nagy része monomer formába szekretálódik a tápoldatba. Vizsgáltam azt is, hogy fehérje alegységek közötti diszulfidhíd képződés megelőzése érdekében a tápoldathoz különböző koncentrációkban adott Zn(II) ionok befolyásolják-e a filamentum képződést a baktériumok felszínén.

BIOTECHNOLÓGIA**TÉGLÁS GYÖNGYVÉR**

Biológus MSc

Állatorvostudományi Egyetem

Témavezetők:
Dr. Lang Zsolt
tudományos főmunkatárs, ATE
Nánássy László
vezető embriológus, Humán Reprodukciós Intézet KFT

Különböző változók terhesség kialakulására gyakorolt hatásainak vizsgálata humán in vitro fertilizációs (IVF) kezelések során

A nyugati társadalmak egyik növekvő problémája a meddőség, ami elsősorban a késői gyermekvállalással hozható összefüggésbe. Egyes becslések szerint párok 10-15 %-a érintett a meddőség valamilyen formájában. Ez csak Magyarországon mintegy 150.000 párt jelent. A fejlett országokban az asszisztált reprodukciós eljárások útján fogant újszülöttek az összes szülés kb. 1,5 %-át teszik ki, de az USA egyes államaiban ez a szám megközelíti az 5 %-ot.

A meddőség okai kb. 50%-ban jól körülhatárolhatóak, azonban a páciensek felénél nincs egyértelműen meghatározható oka a csökkent fertilitásnak. A modern meddőségi kezelésben egyre fontosabbá válik a különböző állapotok, elváltozások komplex szemlélete, amelyhez elengedhetetlen a folyamatok jobb megértése, valamint az eredményeket befolyásoló változók definiálása.

A humán reprodukciós eljárások sikerességét befolyásoló legfontosabb tényezőkről számos szakirodalmi hivatkozás áll rendelkezésünkre, azonban sok esetben ezek egymásnak ellentmondóak, valamint sok változó esetében az összefüggések még nem tisztázottak. Az asszisztált reprodukciós eljárások olyan sokváltozós folyamatok, melyekben nehéz meghatározni az egyes tényezők szerepét, hatását, főleg a páciensek állapotának sokrétűsége mellett.

Kutatásom célja az intézetünkben elvégzett in vitro fertilizációs kezelések elemzése, a páciensek és kezelések jellemzői közötti kölcsönhatások vizsgálata, valamint olyan erős változók keresése, amelyek egyértelműen befolyásolhatják a kezelések sikerét. Ezen kívül célt volt kidolgozni egy olyan predikciós modellt, melynek segítségével megbecsülhető az úgynevezett „ongoing”, azaz 20. gesztációs hetet betöltött terhesség kialakulásának valószínűsége.

A kutatás során felhasznált adatokat a Humán Reprodukciós Intézetben, 2013. január és 2016. május között elvégzett humán in vitro fertilizációs kezelések során gyűjtöttük. A vizsgálatból kizártam az ismert kromoszóma-rendellenességgel rendelkező páciensek adatait, valamint a donor petesejttel történő IVF kezeléseket.

A kutatás során - többek között - a következő változók terhesség kialakulására gyakorolt hatásait elemeztem: anyai életkor, BMI érték, nyert petesejtek száma, ösztadiol érték, alap szérum FSH érték, transzferált embriók száma, transzferált embriók minősége, korábbi sikertelen ciklusok száma, stb.

Dolgozatom során részletesen kitérek a saját intézetünk irodalomban publikált vizsgálatokhoz hasonló és attól eltérő eredményeiről is.

BIOTECHNOLÓGIA**TÖRÖK DÓRA**

Biológia BSc

Állatorvostudományi Egyetem

Témavezetők:
Prof. Dr. Cseh Sándor
egyetemi tanár, ATE
Somoskői Bence
tanszéki mérnök, ATE

PACAP hatásának vizsgálata a preimplantációs embriók fejlődésére

A hipofízis adenilát cikláz aktiváló polipeptidet (PACAP) antiapoptózis hatásának és a szervezetben belüli nagymértékű elterjedésének köszönhetően általános citoprotektív peptidként tartjuk számon. Mivel jelentős mennyiségben megtalálható a gonádokban is, így feltételezhető, hogy a PACAP központi szerepet játszhat a reprodukciós folyamatokban.

Kutatásunk célja, hogy tanulmányozzuk az endogén peptid hatását az embrió fejlődésére és minőségére, PACAP génhianyos (KO) egerekkel összehasonlítva. Valamint radioimmunoassay (RIA) technikával megvizsgáljuk a PACAP progeszteron és ösztradiol termelésre gyakorolt hatását.

A vizsgálatainkat CD1 egértörzsön, vad típusú és PACAP KO egereken végeztük. A nőstényeket szuperovuláltattuk (7,5 NE PMSG, 48 óra elteltével 7,5 NE hCG), majd a hCG injekciót követően egy éjszakára PACAP KO nőstényt PACAP KO hímhez, vad nőstényt vad hímhez helyeztünk. A zigótákat a párzást követő reggelen nyertük ki, majd G1 tápfolyadékban 96 órán keresztül in vitro tenyésztettük őket. Ezt követően megvizsgáltuk a fejlődési állapotot, blasztociszta arányt, SYBR14 festéssel meghatároztuk a sejtszámot, valamint a fejlődési stádiumnak megfelelő morfológiájú embriókban ellenőriztük a blasztomerek kromatin állományát.

Kutatásunk másik területe a nőstények ciklusdiagnosztikája volt. Természetes nemi ciklusokban, 3 héten keresztül naponta gyűjtött bélsárból RIA technikával határoztuk meg 5 KO és 5 vad egyed progeszteron és ösztradiol hormonjának napi termelődési mennyiségét.

Vizsgálataink azt mutatják, hogy a PACAP KO embriók nagyobb átlagos sejtszámmal rendelkeztek, mint a vad típusúak ($p=0,0022$; KO: $58,17\pm 14,9$; vad típusú: $40,40\pm 7,4$). Ugyanakkor a fejlettebb embriók esetében szignifikánsan nagyobb arányban tartalmaztak mikronukleuszt a PACAP KO embriók ($p=0,01$). A két csoport nőstényeinek hormonszintjében eltérés tapasztaltunk. Míg az ösztradiolszint közel megegyezett és a csúcserkékek is egy időben jelentkeztek, addig a progeszteronszint a KO egerek esetében magasabb értékeken mozgott a vad típusúakéhoz képest, ám szignifikáns különbség nem mutatkozott.

A PACAP KO egerek magasabb progeszteronszintjének okát és következményét további vizsgálatokkal szeretnénk megállapítani, így terveink között szerepel az embrió beültetés és a beágyazódási markerek analízisa.

BIOTECHNOLÓGIA**WASHINGTON NELSON LOGRONO VINTIMILLA**

Biológia MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Rákhely Gábor**tanszékvezető egyetemi docens, SZTE TTIK***Mikroalga biofilm katódú egykamrás mikrobiális üzemanyagcella fejlesztése**

A mikrobiális üzemanyagcellák (MFC) ipari alkalmazása kapcsán számos problémával kell szembenéznünk, ilyenek: a cellák magas belső ellenállása, alacsony kimenő teljesítmény, drága alapanyagok illetve bonyolult reaktor konfigurációk. Ezen kérdések megválaszolásához egy új típusú egykamrás mikrobiális üzemanyagcellát (SCMFC) terveztem, amelyben drága platina (Pt) katalizátor helyett mikroalga biokatódot alkalmaztam a festékes szennyvíz biodegradációjára illetve elektromos energia előállítására.

A mikroalgák immobilizálását a katódon 5 nap alatt értem el. A légtérből és a diffúzióból származó CO₂ tette lehetővé az algák növekedését. SEM analízis és ezt követő digitális képfeldolgozás alapján a maximális sejtes felületi borítottság 42%-nak adódott.

A biokatóddal bíró SCMFC elindítása egy 120 mV-os nyitott áramköri feszültséget (OCV) eredményezett, ami gyorsan 420 mV-ra emelkedett. Két szekvenciális szakaszosan végrehajtott kísérlet alapján a biokatódú SCMFC OCV kimenete 18-43%-kal magasabb volt, mint a kontroll MFC értéke. Emellett 6.46 ± 1.38 mW/m² (123.2 ± 27.5 mW/m³) teljesítménysűrűséget tudunk elérni. A rendszer alkalmas valódi textílfestékes szennyvíz kezelésére, a színyanyagok, KOI illetve nehézfémek eltávolítására/csökkentésére. A Zn és a KOI tartalom eltávolítása magas hatékonysággal működött (Zn: 98%, KOI: 92-98%), ennél kisebb mértékű csökkenést értünk el a króm esetén (Cr: 54-82).

Az eredmények alapján ez az üzemanyag cella konstrukció egyszerűbb, mint a kétkamrás rendszer. A bioelektrokémiai kimeneti adatok, a KOI, a fém- és színeltválítási hatások, a pH önstabilizációs sajátosságai alapján a rendszer szennyvízkezelési hatékonysága valamint energianyeresége jobb, mint amit hasonló célú tanulmányokban korábban leközöltek. Így, a biokatód típusú elektród egy ígéretes alternatívája lehet a platinának, amely segítségével egy hatékony és költségtakarékos megközelítést lehet kifejleszteni az egykamrás mikrobiális üzemanyag cellák működési teljesítményének javítására.

ETOLÓGIA, VISELKEDÉSÖKOLÓGIA I.**BOGNÁR ZSÓFIA**

Biológia BSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Kubinyi Enikő**tudományos főmunkatárs, ELTE TTK***Fajtársaik vagy emberek tekintetét nézik hosszabban a kutyák?**

Korábbi tanulmányok már beszámoltak róla, hogy a kutyák nagyobb figyelmet szentelnek az emberi vizuális jelzéseknek, mint a szocializált farkasok. A farkasok a fajtársaikkal történő szemkontaktus felvételt elkerülik, és nehezebben tanulják meg az ember tekintetének követését is. Az embernél a szemkontaktus felvétel fontos kommunikációs eszköz, és megfigyelték, hogy a kutyák is használják a szemkontaktust az emberekkel való kommunikációjuk során. Azonban az jelenleg még nem ismert, hogy milyen tényezők irányítják a kutyák figyelmét az ember tekintetének irányába, vagy hogy ez a viselkedés mennyiben különbözik attól, ahogy a fajtársaikkal kommunikálnak. Kutya és emberi arcokról készült, projektorral vetített képeket használtam a szemkontaktus felvételének vizsgálatára. A képsorozat felében az arcok a néző felé irányultak (portrékép), így lehetővé téve a szemkontaktust, a képsorozat másik felében az arcok 90 fokban elfordultak (profilképek). Hipotézisem szerint a kutyák a fajtársak tekintetét a farkasokhoz hasonlóan kerülik, de az emberek tekintetét keresik, emiatt tovább nézik az emberek portréját, mint a fajtársakét. Vizsgáltam továbbá a nem, a fajta kooperativitása, a fejforma (mint a retinális ganglionsejtek sűrűségének jelzője) és a kor hatását is a nézési viselkedésre és a vászon megközelítésének hajlamára. Azt találtam, hogy a kutyák a portréképeket hosszabban nézték, mint a profilképeket, de hipotézisemmel ellentétben nem az emberek, hanem a fajtársaik képeit nézték hosszabban. A szuka kutyák, a kooperatív fajtacsoportba tartozó kutyák és a rövidfejű kutyák hosszabb ideig nézték a képeket. Emellett a nonkooperatív fajtacsoportba tartozó kutyák, a rövidfejű kutyák, a szukák és az idősebb kutyák lassabban közelítették meg a kivetített kép elé helyezett jutalomfalatot. Az eredményeink arra utalnak, hogy a kutyák fajtársaik tekintete iránti figyelmét hasonló mechanizmusok hajtják, mint az emberek esetében és azok a tényezők, melyek a kutyákat segítik az emberi gesztusok értelmezésében.

ETOLÓGIA, VISELKEDÉSÖKOLÓGIA I.**GYŐRÖSSY KRISZTINA**

Biológus BSc

Állatorvostudományi Egyetem

*Témavezetők:**Kovács Róbert**termékmenedzser, Animalab Hungary Kft.**Dr. Kosztolányi András**tudományos főmunkatárs, ATE*

A zebradánió (*Danio rerio*) csoportkohéziójának tesztelése egy új fejlesztésű vizsgálati rendszer segítségével

A zebradániók számos olyan tulajdonsággal rendelkeznek, melyek kiemelkedő szerepet biztosítanak a modellként használt állatfajok között mind a viselkedésbiológiai, mind az ökotoxikológiai vizsgálatokban. Ezen tulajdonságaik közé tartoznak, hogy kis testűek, rövid generációs intervallummal rendelkeznek, valamint az embriók fejlődése ex utero zajlik, így könnyen nyomon követhető az átlátszó ikrahéjon keresztül. A legutóbbi kutatások kiváló betekintést nyújtottak a lárvakorú halak lokomotoros aktivitásának tanulmányozásába. A felnőtt zebradániók egyik jellemző viselkedése a rajképzés. A faj ezen tulajdonsága segíthet jobban megértenünk az embereknel a különböző idegrendszeri betegségek és toxikus anyagok (például etanol) hatására kialakult viselkedésbéli rendellenességek kialakulását és biológiai mechanizmusát.

A vizsgálatunk célja az volt, hogy egy új fejlesztésű készülék segítségével vizsgáljuk a faj rajképzésekor kialakuló csoportkohéziót, különböző ivararányú és méretű csoportokban. Ezt követően először egy kontroll kísérletet végeztünk, majd etanollal kezelt halakon (1.0%) is elvégeztük a méréseket több csoport nagyságon. A kétperces felvételek elkészítéséhez a „Komi” programot használtuk. Az általunk rögzített legfontosabb változók a lokalizált egyedek által alkotott sokszög területe, valamint az egyedek közötti legkisebb, illetve legnagyobb távolság volt.

A hím, nőstény és vegyes ivarú csoportok esetében az egyedek közti távolság eltérő volt az azonos méretű, de eltérő ivarú csoportoknál, emellett különbség volt az egyes korcsoportokhoz (fiatal és ivarérett) tartozó egyedek között is. Különböző etanol koncentrációk mellett (0.0% kontroll; 1.0%) a csoportkohézió eltérően alakult, például 1.0%-os etanol és 60 perces kitettség gyakorlatilag meggátolta a rajképzést. Következtetésünk, hogy ez az új viselkedés-analizáló rendszer megfelelő a zebradániók csoportkohéziójának (szociális interakciójának) vizsgálatára. Kísérleteink során sikeresen teszteltük az eszközt és a hozzá tartozó programot is. Vizsgálatunk során kvantitatívan értékelhettük ki a különböző ivarú és korú halak által alkotott csoportokon belüli kohéziót és egy referencia vegyület alkalmazásával tanulmányozhattuk a csoportok felbomlását.

ETOLÓGIA, VISELKEDÉSÖKOLÓGIA I.

KASZÁS NOÉMI

Biológus BSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezetők:

Dr. Andics Attila

posztdoktori kutató, ELTE TTK

Gábor Anna

PhD-hallgató, ELTE TTK

Hangalapú személyazonosítási képességek kísérletes vizsgálata kutyákban

Emberek és bizonyos állatfajok is képesek fajon belüli egyedfelismerésre kizárólag hang alapján.

A kutyák (*Canis familiaris*) esetében a domesztikáció során nélkülözhetetlenné vált, hogy képesek legyenek nem csak fajtársaik, de bizonyos személyek (pl. a gazda) felismerésére is, azonban a kizárólag hang alapú személyazonosítási képességükről kevés az ismeretünk.

A családban élő kutyákon végzett kísérletünk során azt vizsgáltuk, hogy a kutyák meg tudják-e különböztetni gazdájuk hangját egy azonos nemű ismerős személyétől. Egy tréninget követő egyszerű választásos feladat 6 próbája során a kutyáknak (N = 27) kizárólag hangingerek alapján kellett eldönteniük, melyik parván mögött rejtőzik a gazdájuk.

Azt találtuk, hogy a kutyák gyakrabban választották a gazdájukat, meg tudták különböztetni a gazdájuk hangját az ismerős személyétől. Ez az eredmény valóban a hangfelismerési képességet tükrözi, mivel a kutyák nem mutattak oldalpreferenciát, nem befolyásolta őket, hogy a gazda vagy az ismerős személy beszélt utoljára, valamint a teszt során nem figyeltünk meg tanulási hatást sem.

Az általunk kifejlesztett kísérleti elrendezés megfelelő kiindulópontként szolgál, hogy a jövőben az ingerkondíciók finomhangolásával többet tudjunk meg a kutyák hangfelismerési képességeiről.

ETOLÓGIA, VISELKEDÉSÖKOLÓGIA I.**KOVÁCS ENIKŐ**

Biológia BSc

Állatorvostudományi Egyetem

Témavezetők:

Dr. Vargáné Kis Anna
tudományos munkatárs, MTA TTK KPI
Dr. Kosztolányi András
tudományos főmunkatárs, ATE

A REM alvás alatti gyors szemmozgások sűrűségének alakulása az életkor előrehaladtával kutyáknál (*Canis familiaris*)

A kutyák (*Canis familiaris*) – tekintve, hogy a domesztikáció során ugyanahhoz a környezethez adaptálódtak, mint az emberek – a humán viselkedés kiváló modelljei. Számos pszichiátriai jelenség, többek között az öregedés kapcsán is végeztek már összehasonlító vizsgálatokat rajtuk. Azonban sok egyszerűen mérhető és elemezhető pszichofiziológiai változó – amit embereknél régóta eredményesen vizsgálnak az életkorral összefüggésben – még feltáratlan náluk. Ilyen például a REM alvás alatti gyors szemmozgások sűrűsége (EMD, Eye Movement Density). Jelen vizsgálat célja az EMD és az életkor közötti összefüggések feltárása volt kutyáknál olyan potenciális mediáló változók figyelembevételével, mint az ivar, a testméret, és a REM alvásfázisban töltött idő hossza.

Harminc különböző korú (9 hónapos - 14,5 éves) és fajtájú, társállatként tartott kutya vett részt egy három órás, non-invazív poliszomnográfias vizsgálaton. Öt alany esetén (1-3,5 év elteltével) megismételtük a vizsgálatot. Az elektrookulogram (EOG) görbéjén történt a REM alvás alatti gyors szemmozgások detektálása, és ez alapján az EMD kiszámítása.

A REM fázisban töltött idő hosszának szignifikáns hatása van az EMD-re, és ez a hatás ellentétesen alakul a rövid, illetve a hosszú REM fázisú kutyák esetén. A rövid REM fázisú kutyák esetében szukáknál az életkor előrehaladtával csökken az EMD, kanoknál nő. Ugyanebben a csoportban szukáknál negatív összefüggés figyelhető meg testsúly és az EMD között, kanoknál nincs ilyen hatás. A hosszú REM fázissal rendelkező kutyáknál nem találtunk ilyen összefüggéseket. Az ismételt vizsgálatok azt mutatják, hogy az EMD változatosan alakul az életkor előrehaladtával.

A kapott eredmények igazolják azt a feltételezést, hogy érdemes a kutyák EMD-jét mint egyszerű pszichofiziológiai változót vizsgálni, hiszen a humán adatokhoz hasonlóan összefüggések figyelhetők meg az EMD és a különböző változók között.

ETOLÓGIA, VISELKEDÉSÖKOLÓGIA I.**LEHOCZKI FANNI**

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Faragó Tamás**tudományos munkatárs, MTA-ELTE Összehasonlító Etológiai Kutatócsoport***Kutyakölyök vokalizáció egyedfejlődése és méretcsoportok közti diverzitása**

Egy faj által vokális kommunikáció során használt hangjelzések összessége a vokális repertoár, melynek mérete, főemlősökön végzett vizsgálatok alapján pozitívan korrelál a faj szociális komplexitásával. Ez a kutyafélék kommunikációjára is igaz lehet, mely csoportból a kutya különösen érdekes, mivel elsődleges szociális közege az emberi környezet, így repertoárjának változásai betekintést adhatnak a vokális kommunikáció evolúciójába.

A kutya vokális egyedfejlődéséről keveset tudunk, ráadásul ezen korai vizsgálatokban kezdetleges, szubjektív hangtípus kategorizálást alkalmaztak. Kutatásunk célja, hogy modern, akusztikai alapú klasszifikáció segítségével felmérjük a hangtípusok osztályozhatóságát, a kategóriák megjelenését az egyedfejlődés során, és a fajták közti méretkülönbség hatását.

A vizsgálat során a kistermetű papillontól és a közepes border collie-től származó kölykökhangokat elemeztünk, melyek egy 2 perces elkülönítés során lettek rögzítve 4 és 11 napos korban. E hangfelvételekből leválogatott vokalizációkban számos akusztikai paramétert mértünk, melyek az alulfrekvenciával, zajossággal és spektrális jellemzőkkel kapcsolatosak. A klaszteranalízis eredményei alapján elkülöníthetők ugyan bizonyos hangtípusok, azonban jelentős akusztikai átfedések figyelhetők meg köztük, feltehetően gradált vokalizációs rendszert alkotnak. Mindemellett egyes paraméterekre hatással volt a kölykök kora, fajtája és belső állapota (stressz) is.

Az osztályozási eredményeink felvetik a kérdést, hogy a korábbi, a vokális egyedfejlődést leíró munkák mennyire közölnek megbízható információkat. Kutatásunk folytatásaként a fuzzy klaszterezési módszer kerül alkalmazásra, amely képes egy folytonosan változó hangkategóriákból álló rendszer elemeinek osztályozására.

ETOLÓGIA, VISELKEDÉSÖKOLÓGIA I.

LENKEI RITA

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Pongrácz Péter

egyetemi docens, ELTE TTK

Vokalizáció vizsgálata kültéri szeparációs helyzetben kutyáknál

Kutyáknál (*Canis familiaris*) a szeparációs szorongás fogalmát arra a szindrómára alkalmazzák, ami akkor jelentkezik, ha az egyed elválasztják a személytől, akihez kötődik. A társállatként tartott kutyák több mint harmada érintett a problémával. Kiváltó okai és tünetei is igen változatosak lehetnek. Egy részük jól detektálható a gazda számára is, mint például a folyamatos ugatás, tárgyak szétszedése, bevizelés, míg mások a stressz általános tüneteivel hozhatóak kapcsolatba, mint a járkálás vagy nyáladzás. Kezelése sokszor sikertelen, így az egyik leggyakoribb oka annak, hogy egy kutya menhelyre kerül és az érintett egyedek elaltatása sem ritka. Mivel a tünetei és súlyossága is változatosak, melyekre legtöbbször a gazda szubjektív véleménye alapján derül fény, diagnosztizálása nehézkes. Így kutatásunk egy objektíven vizsgálható tünetre irányul: a gazda távollétében jelentkező vokalizációra. Kérdésünk, hogy a szorongásban szenvedő és nem szenvedő egyedek különbözőképpen és mértékben vokalizálnak-e szeparációs helyzetben. Hipotézisünk szerint a viselkedési problémában szenvedő kutyák különbözően és különböző mértékben vokalizálnak a gazda távollétében, mint a kontroll egyedek, mivel a hangadást befolyásolhatja az átélt stressz mértéke. Kísérletünkben 45 alany vett részt (24 szorongásos és 21 nem szorongásos, besorolásukat a gazda által kitöltött, előzetesen validált kérdőívvel végeztük). Egy 3 perces kültéri szeparációs helyzetet alakítottunk ki, mely során a gazda egy fánál hagyja kutyáját, majd elsétálva eltűnik a látóteréből. A három perc alatt rögzítettük a kutya vokalizációit, majd e felvételek alapján kielemeztük az ugatások és nyüszítések előfordulását, valamint első megjelenési latenciáját. Ugyan a szeparációs szorongás legismertebb és legzavaróbb tünete a folyamatos ugatás, mégis eredményeink szerint a viselkedési problémával inkább a nyüszítés hozható kapcsolatba. A szorongásos egyedek a gazda távozása során és annak távollétében is előbb kezdenek el nyüszíteni, úgy tűnik, hogy már az elejétől fogva kevésbé jól tűrik az elválást. Majd míg a szeparációs szituáció tart, végig többet nyüszítenek, mint a nem stresszesek. Kutyáknál a nyüszítés a negatív belső állapot kifejeződése lehet, míg az ugatás bírhat inkább figyelemfelkeltő szereppel. Eredményeink szerint tehát, az ugatás -mely a gazda figyelmének felkeltését szolgálhatja- jellemző mindkét csoportra, a szorongásban szenvedő kutyák hangadása, a nyüszítés, viszont jellemzően a stressz kifejeződése.

ETOLÓGIA, VISELKEDEÉSÖKOLÓGIA I.**REICHER VIVIEN**

Kognitív tanulmányok MSc

Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi Egyetem
Természettudományi Kar*Témavezető:**Dr. Gácsi Márta**tudományos főmunkatárs, MTA-ELTE Összehasonlító Etológiai Kutatócsoport***Kutyák neurális folyamatainak vizsgálata nem invazív, alvási EEG mérésekkel**

Kutatásomban a kutyák (*Canis familiaris*) alvás során megfigyelhető neurális aktivitását vizsgáltam egy korábban már kifejlesztett és hitelesített, nem invazív, poliszomnográfias módszert alkalmazva (Kis és mtsai., 2014). Megvizsgáltam a kutyák alvásának makrostruktúrájában bekövetkező változásokat a napszak (nappal vs. éjszaka), az aktivitás (aktív vs. normál nap) és a helyszín (otthon vs. nem otthon) hatásának figyelembe vételével.

A kutyák és gazdáik három alkalommal vettek részt a poliszomnográfias alvásvizsgálaton. Az első alkalom egy 3 órás adaptáció volt, melynek eredményeit nem elemeztem. A második és harmadik alkalom egy 3 órás nappali és egy 6 órás éjszakai mérést tartalmazott kiegyenlített sorrendben. A mérések az alanyok felénél otthon, másik felénél nem otthoni helyszínen történtek. Hasonlóképp a minta felét egy kivételesen aktív nap során/után teszteltem, a másik felét egy normál napon. A három vizsgált faktorra a minta kiegyenlített volt, így nem csupán az egyes faktorok hatását, hanem interakciójukat is tudtam vizsgálni.

Az eredmények szerint mind a három faktor hat a kutya alvásának makrostruktúrájára. A tapasztalt eltérések, azaz az általam készített vizsgálat eredményei és a szakirodalomban olvasott eredmények bizonyos hasonlóságot mutattak. Például a napszak és az aktivitás hatása a mélyalvásra összhangban volt a humán és kutya irodalomban olvasottakkal. Ez biztató motivációt ad a további részletesebb analízisek elvégzésére, mint pl. a mikrostruktúra elemzésre. Továbbá a humán mérések bevonásával tervezzük szélesíteni a projektünket azért, hogy a két faj alvásának jellemzőit mélyebben összehasonlíthassuk.

ETOLÓGIA, VISELKEDÉSÖKOLÓGIA I.

SZAPU JULIANNA SZULAMIT

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Pongrácz Péter**egyetemi docens, ELTE TTK***Kérdőív a házimacska (*Felis silvestris catus*) viselkedéséről és az emberrel való kapcsolatáról**

Bár a házimacska egyike a legelterjedtebb társállatoknak, a macska-ember kapcsolat részletei még kevésbé ismertek. Kérdőíves vizsgálatunkban 158 hazai macskatartót kérdeztünk meg kedvenceik viselkedéséről, kognitív képességeiről és szociális interakcióiról. A válaszokat főkomponens analízis segítségével elemeztük, amelynek eredményeként 11 darab főkomponenst kaptunk. Ezután GLM eljárással vizsgáltuk a változók közötti további összefüggéseket. Az eddigi, főleg kutyás kutatási eredményekkel nagyrészt egyező eredményeket kaptunk, emellett több, valószínűleg csak macskákkal kapcsolatos összefüggést is találtunk. Eredményeink alapján elmondható, hogy a nők empátikusabbnak és kommunikatívabbnak tartják kedvenceiket, mint a férfiak ($p = 0,000$) és úgy találják, hogy több zsákmányt visznek haza ($p = 0,005$). Minél magasabb végzettséggel rendelkezik valaki, annál kommunikatívabbnak és empátikusabbnak gondolja macskáját ($p = 0,000$). A végzettség emellett a legtöbbször interakciók alkotójaként gyakorolt szignifikáns hatást. A fiatalabb gazdák többet irányítják mutatással macskájukat ($p = 0,001$) és gyakrabban utánoznak macskahangot ($p = 0,006$), míg az idősebbek macskáinál jellemzőbb a hangulathoz igazodás ($p = 0,002$). A macskahang utánzás akkor is jellemző a gazdára, ha ő kezdeményezi a kedvencével való játékot ($p = 0,000$). A hangulathoz igazodás sokkal jellemzőbb a macskára, ha a gazda szerint emberszerűen kommunikál ($p = 0,000$). Minél többféle modalitásban hívja fel magára a macska a figyelmet, gazdája annál többet mutat neki ($p = 0,000$). A különböző mutatókra akkor néz oda a macska, ha egyedüli kedvencként tartják ($p = 0,003$). Akkor jellemzőbb a gazdára a kapcsolatfelvétel saját macskájával, ha idegen macska nyávogására is reagál ($p=0,001$). Ezek mellett a gazda szerint a macska mindig, mindentől függetlenül „szól”, ha akar valamit. Eredményeink segítségével átfogó képet kaphattunk a macskatartók véleményéről, akik általában családtagként tekintenek kedvencükre és fejlett szociokognitív képességeket tulajdonítanak nekik. Mivel a macska társállatként ilyen kiemelkedő szerepet tölt be életünkben, ezért viselkedésének tanulmányozása a kutyákhoz hasonló alapossággal indokolt, amelyhez kérdőívünk jó kiindulási alapot nyújt pl. a macska-ember kommunikáció vizsgálatokor. A szociokognitív tulajdonságainak alaposabb feltérképezése pedig előremozdíthatja a macska állatjóléti megítélésének állapotát is.

ETOLÓGIA, VISELKEDÉSÖKOLÓGIA I.

THIEME NÓRA

Környezettudomány BSc

Sapientia Erdélyi Magyar Tudományegyetem

Témavezető:

Dr. Hartel Tibor

egyetemi docens, Sapientia EMTE

Percepciók és attitűdök a medve-ember konfliktusok kapcsán: esettanulmány Székelyföldön

Az erdélyi tájak specifikus sajátossága a szorosan kapcsolt, még nagy mértékben hagyományos szociális ökológiai rendszerek széles elterjedése. Ez a szoros kapcsolat egyrészt azt jelenti, hogy az emberek közvetlenül használják a környező tájak nyújtotta ökoszisztéma szolgáltatásokat. Másrészt viszont azt is jelenti, hogy az emberek ki vannak téve az ökoszisztémák okozta károknak (ökoszisztéma ellenszolgáltatásoknak). Gyakran ezeket a károkat olyan fajok okozzák amelyek egyben emblematikusak és/vagy törvényesen védettek. Ezekben az esetekben különösen fontos megérteni a konfliktusok típusát, karakterisztikáját. A kárpáti barna medve (*Ursus arctos*) egy ilyen faj. A kutatás fő célja a medve által okozott konfliktusok körüli percepciók és attitűdök megértése Románia egyik legfontosabb medve-ember konfliktus régiójában, a Keleti-Kárpátokban (a sajtóban képviselt vélemény szerint). A kárpáti barna medve iránti tolerancia szorosan összefügg a kutatott régió gazdasági-szociális hátterével. Az érintett személyek toleranciahatárát viszont erőteljesen befolyásolja a tapasztalt konfliktusok jellege. Az eredmények értelmezése a „kulturális eltartóképesség” koncepció keretében történt, figyelembe véve a medve konfliktusok iránti egyéni- és szociális toleranciát, a konfliktusok szociális és ökológiai okait, valamint a kontextus-függő megoldások fontosságát.

ETOLÓGIA, VISELKEDÉSÖKOLÓGIA I.**TÓTH KATINKA**

Biológia BSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Vargáné Kis Anna
tudományos munkatárs, MTA KPI
Dr. Maák István Elek
egyetemi adjunktus, SZTE TTIK***A szociális relevancia szerepe az osztrénv előkezelés szociális befolyásolhatóságára gyakorolt hatásában családi kutyák (*Canis familiaris*) esetében**

Napjainkban mind az oxytocin, mint a szociális viselkedés egyik fő szabályozója, mind a kutya, mint a humán szociális viselkedés egyre népszerűbb modellje elterjedt kutatási téma. Ennek ellenére viszonylag keveset tudunk az oxytocin és a kutyák szocio-kognitív képességeinek kapcsolatáról.

Kutatásunk során egy ételpreferencia teszt használatával vizsgáltuk, hogy az oxytocin szintet növelő előkezelés (pozitív szociális interakció: szemkontaktus, simogatás, dajkabeszéd) hogyan módosítja a kutyák szociális befolyásolhatóságát az oxytocin szintet nem növelő (kontroll) előkezelésekhez képest. Az előkezelésben résztvevő ember (szociális hatás) relevanciáját úgy vizsgáltuk, hogy vagy a gazda, vagy egy idegen vett részt az interakcióban. Ezek alapján a résztvevőket (N = 64) négy előkezelési csoportba osztottuk: szociálisan stimuláló gazdával, szociálisan stimuláló idegennel, ignoráló, szeparáló. Az előkezelés utáni ételválasztás során az alanyok először szabadon, majd a kísérletvezető által bemutatott humán befolyás hatására választhattak nagyobb és kisebb ételmennyiség közül (1 vs. 8 szem kutyatáp).

Eredményeink alapján mind a gazdával, mind az idegennel történő szociális előkezelés hatására a kutyák saját preferenciájuk helyett a kísérletvezető preferenciáját követték, míg az ignoráló és szeparáló előkezeléseket követően nem változott a választási mintázatuk a szabad választáshoz képest. A négy csoportot egymáshoz hasonlítva azonban azt találtuk, hogy csak a gazdával történő előkezelés után különbözik a kutyák befolyásolhatósága az ignoráló és a szeparáló helyzetektől, az idegen általi előkezelés után nem.

Következtetésként elmondhatjuk, hogy a szociális előkezelés által megnövelt oxytocinszint általánosan növeli a kutyák befolyásolhatóságát, azonban ezt a hatást az előkezelő személye is befolyásolja.

ETOLÓGIA, VISELKEDÉSÖKOLÓGIA II.**CSIBRA BARBARA**

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Gácsi Márta**tudományos főmunkatárs, ELTE TTK*

A Go/No-Go paradigma alkalmazása kutyán: függ-e a kutyák teljesítménye a személyiségüktől és a figyelmi/aktivitási szintjüktől?

Emberek esetében a hibázási mintázat, valamint az aktivitási és személyiség-kérdőívek eredményei között jelentős összefüggéseket mutattak ki. Kutatásunk célja, hogy megvizsgáljuk, családi kutyák esetében is feltárhatók-e hasonló jelenségek.

A Go/No-Go paradigma alkalmazásával az alanyt olyan feladat elé állítjuk, ahol a folyamatosan megjelenő ingerek közül az egyik fajta ingerre egy tanult motoros válasz a helyes reakció (Go), míg a másik esetén ezt a tanult, vagyis prepotens választ gátolni kell (No-Go). Számos humán vizsgálat bizonyítja, hogy a Go/No-Go feladatban nyújtott teljesítmény (a hibák száma és típusa) összefügg az alany egyes személyiségjegyeivel, és kapcsolatba hozható a figyelemhiányos hiperaktivitási zavarral is (ADHD). Noha kutyák esetében eddig nem vizsgálták ezeket az összefüggéseket, a kutatás ígéretes eredményeket hozhat, hiszen a kutyáról már bebizonyosodott, hogy sok szempontból kitűnő modellje az emberi társas viselkedésnek.

A kutatásban résztvevő kutyákról személyiség-, és ADHD kérdőívet töltöttem ki a gazdáikkal. A Go/No-Go tesztet érintőképernyő segítségével végeztem, ahol a kutyának egy előre tréningezett akciót (bökés) kellett végrehajtania vagy legátolnia a megjelenő ingertől függően. A teszt második szakaszában a két alapinger mellett két új köztes inger került bemutatásra, hogy a hibázási mintázat variabilitását vizsgálhassam.

Bár a kísérletsorozat még tart, a kutyák tanulási teljesítménye, hibázási mintázata és a személyiség-, valamint az ADHD kérdőívből nyert adatok összevetése máris számos összefüggést tár fel. Megfigyeléseink a hasonló humán vizsgálatok eredményeivel is párhuzamba állíthatók.

ETOLÓGIA, VISELKEDÉSÖKOLÓGIA II.**GÓR ÁDÁM KRISTÓF**

Biológia BSc

Állatorvostudományi Egyetem

*Témavezető:**Dr. Kis János**tudományos munkatárs, ATE***Kis Apolló-lepkék (*Parnassius mnemosyne*) táplálkozási stratégiái**

Az élő szervezetek fennmaradásának, szaporodásának feltétele, hogy hatékonyan tudjanak táplálkozni, gyakran jelentős versengésben fajtársaikkal és más fajokkal. E versengés rendkívül változatos táplálkozási módok kialakulásához vezetett. A nektárfogyasztó rovaroknak észlelniük kell a nektárforrásokat, fel kell mérniük azok aktuális értékét más potenciális forrásokhoz képest. A nappali lepkék többsége imágóként nektárokat fogyaszt. A nektárforrás-választást befolyásolhatja az egyedek tanulási képessége, repülési ideje, a pödörnyelv hossza, a lepke testtömege, a szárny terhelése, energiaszükséglete, a virág mérete, színe, mintája és illata, a nektár minősége és mennyisége.

Céлом kis Apolló-lepkék táplálkozásának hatékonyságát elemezni különböző nektárforrásokon. A hímek őrjáratózó repüléssel keresik fel a nőstényeket és erényövet készíthetnek párzáskor. A nőstények tojásokat raknak és oda-vissza repülnek a táplálkozási és tojásrakó területek között. Feltehetően e tevékenységek költségeinek fedezésére mindkét ivar sok időt tölt táplálkozással.

E lepkék a rendelkezésükre álló nektárforrások kb. felén táplálkoznak, de csak néhányat látogatnak gyakran, és ez a néhány évente változhat. A választást legerősebben a nektárnövények relatív gyakorisága és nektártartalma együtt határozhatja meg, a változatos nyelv hossz pedig korlátozhatja legalább egy fontos forrás hozzáférhetőségét. Nem tudjuk azonban, hogy a fajok közötti eltérő virágszerkezet hogyan befolyásolja táplálkozásuk hatékonyságát. Munkámban videófelvételek elemzésével erre a kérdésre keresem a választ.

A videók a Visegrádi-hegységben és a Börzsönyben 2010 és 2016 között készültek az öt leggyakrabban fogyasztott nektárnövényen. Vizsgáltam, hogy a virágokon, virágzatokon töltött idő mekkora hányadában van a nyelv a pártacsóban, és az egyes virágok között milyen módon és mennyit váltanak a lepkék, ezek alapján következtettem a különböző nektárforrásokon történő táplálkozás hatékonyságára (profitabilitására).

Négy forrás profitabilitása hasonló, egynek alacsonyabb. A nőstények a hímeknél több időt töltenek táplálkozással egy virágon és kevesebbszer váltanak, amit az ivarok között eltérő metabolikus ráta magyarázhat. Az egyik táplálékforrásnál több időt töltöttek szomszédos virágtőre váltással, mint más fajoknál. Ez energetikailag költségesebb lehet az egy virágzaton belüli virágváltásnál, mert gyakran repülniük kell.

ETOLÓGIA, VISELKEDÉSÖKOLÓGIA II.

JUHÁSZ ORSOLYA

Biológus MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Maák István Elek

adjunktus, Lengyel Tudományos Akadémia, Állattani Múzeum és Intézet, Varsó

***Formica polyctena* (Hymenoptera, Formicidae) higiénias viselkedési formái entomopatogén gombafertőzés esetében**

A hangyák társas életmódjuknak köszönhetően sok előnyt élveznek a magányos életmódot folytató rovarokhoz képest. Ez az életforma kedvező feltételeket teremt a paraziták számára is. Az intenzív kapcsolatrendszer és a kedvező fészekbeli kondíciók ellenére alacsony a prevalencia a populációikban. Feltételezhetjük, hogy ennek hátterében nagyon hatékony védekezési mechanizmusok állnak.

Vizsgálatainkat két időszakban végeztük 6-6 *Formica polyctena* kolónián, laboratóriumi körülmények között. Munkánk során megfigyeltük a patogénnel szembeni viselkedési mechanizmusokat a különböző fejlődési stádiumban levő *Beauveria bassiana* entomopatogén gombával fertőzött tetemekkel szemben. A dolgozók tetemeit spórákkal fertőztük, majd megfelelő körülmények között lehetővé tettük a gombafonalak (hifák) és a spóratartók (konídiumok) kifejlődését. Megfigyeléseinket mind a három fertőzési stádium, valamint minden esetben fertőzésmentes kontroll tetemek esetében is elvégeztük.

Eredményeink alapján a fertőzött tetemekkel szemben intenzívebb viselkedést tapasztaltunk a kontrollokhoz képest. Minden esetben magasabb volt az agresszív viselkedések száma. Valamint a hifás, és konídiumos tetemek körül jelentősen több dolgozó jelent meg, és elszállításuk is gyorsabb volt a kontroll tetemekhez képest. A többi tetemtípushoz képest a dolgozók a hifás tetemekre gyorsabban reagáltak. A fertőzött tetemet gyakran tisztogatták hangyasavval, esetenként feldarabolták őket. Ezután a fertőzött tetemek jelentős részét a fészekbe szállították, viszont a konídiumos tetemek nagyrészt a temetőre kerültek.

A dolgozók hifás, és konídiumos tetemekkel szemben mutatott intenzívebb reakciója nagyobb fertőzési veszélyüknek köszönhető. Emellett a spórák eltávolítása a testfelszínről egyszerűbb. Emiatt a hifás és konídiumos tetemetek gyakrabban szedték szét kisebb, kezelhetőbb darabokra, és tisztogatták hangyasavval. Eredményeink alapján elmondható, hogy a *F. polyctena* képes elkülöníteni az egyes fertőzési stádiumban lévő tetemetek egymástól, és eltérő védekezési mechanizmusokkal reagálni rájuk. A kevésbé fertőzésveszélyes tetemek fészekbe szállítása jelzi a védekezési mechanizmusok hatékonyságát, mely az alacsony prevalencia magyarázata is.

ETOLÓGIA, VISELKEDÉSÖKOLÓGIA II.

KERESZTES KRISZTA KINCŐ

Biológia BSc

Babeş-Bolyai Tudományegyetem

*Témavezető:**Dr. Markó Bálint**egyetemi docens, rektorhelyettes, RO BBTE***Rokondiszkrimináció és szuperkolonialitás a tölgyfahangyánál (*Liometopum microcephalum*)**

A szociális rovarok körében nagyon jól fejlett egyedfelismerési mechanizmusok alakultak ki, amelyek lehetővé teszik a fészektársak pontos elkülönítését az idegen egyedektől. Így megvalósulhat a rokonokkal szembeni altruisztikus viselkedés, míg a más kolóniákhoz tartozó dolgozókkal szemben elutasítás és agresszió észlelhető. Olyan többfészkes rendszerek, ún. szuperkolóniák esetében ahol állandó fészkek közötti dolgozó- és információcsere zajlik, az egyes fészkekből származó dolgozók kutikuláris szénhidrogén (CHC) profilja meglehetősen hasonlóvá válik, amely azt eredményezheti, hogy a dolgozók nem idegenként kezelik a más fészkekből származó egyedeket, hanem fészektársként viszonyulnak hozzájuk. Egy egykoron egységes, de mára már, a megváltozott tájhasználat miatt, egymástól fizikailag elkülönülő két tölgyfás legelőn végeztük vizsgálatainkat, amelynek fáján a többfészkes rendszereket is kialakító tölgyfahangya (*Liometopum microcephalum*) tart fenn erős kolóniákat. Nullhipotézisünk szerint a tölgyfahangya szuperkoloniális rendszerben él ezen a területen, s a két fás legelő egykori egységes volta is tükröződhet a hangyák viselkedésében, azaz feltehetően egyetlen szuperkolónia egyedeiként viselkednek rokonként felismerve egymást. Interakciós tesztekkel vizsgáltuk a különböző távolságokra található fészkekből származó egyedek közötti interakciók jellegét, míg a kontrollt a fészken belüli interakciók jelentették. Eredményeink alapján az agresszivitás növekvő tendenciát mutatott a távolság függvényében, ami arra utal, hogy a tölgyfás legelők fáján található kolóniák nem működnek igazi szuperkolóniaként, de, feltehetően, a komplexumokon belül kisebb, néhány fészkekből álló klaszterek alakultak ki. Eredményeink alátámasztják az „undok szomszéd” hipotézist, miszerint az egyedek magasabb szintű agressziót mutatnak a szomszédaikkal szemben, mint a távoli fészkekből származó dolgozókkal szemben.

ETOLÓGIA, VISELKEDÉSÖKOLÓGIA II.

KRÁL ADRIENN

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Kun Ádám

tudományos főmunkatárs, ELTE TTK

Az együttműködés evolúciójának vizsgálata Hótorlasz játék esetében, dinamikus gráfokon

A természetben az állatok számos helyzetben együttműködnek, ennek a jellemzésére alkalmas játékelméleti modell a Hótorlasz játék. Az állatokra jellemző szociális csoporton belül az egyes egyedek kapcsolati hálója gyakran változik az életük során, ennek a változásnak az együttműködésre gyakorolt hatását vizsgáltuk egy számítógépes modell segítségével.

Véletlen, véletlen reguláris és skálafüggetlen gráfokon modelleztük a dinamikusan változó kapcsolati hálót, amelyben bizonyos gyakorisággal véletlenszerűen kapcsolatokat kicserélünk egymással. Gyenge szelekciót feltételezve megvizsgáltuk, hogy az együttműködő stratégia mekkora valószínűséggel fixálódik, amennyiben a játékosok Hótorlasz játékot játszanak egymással.

A Hótorlasz játékban gyakori az együttműködő kimenet, amit mi is tapasztaltunk. A haszon – költség arány fokozatos növelésével az együttműködés fixációs valószínűsége egy telítési görbét eredményezett. A kapcsolati háló változása csak kis mértékben csökkentette az együttműködés szintjét.

A Rabok Dilemmája játékkal összehasonlítva, az együttműködő stratégia elterjedési valószínűsége a Hótorlasz játékban kevésbé érzékeny a modell paramétereinek változtatására. Ez összecseng a biológiai megfigyeléssel, hogy igen változatos ökológiai körülmények között is találunk együttműködést.

ETOLÓGIA, VISELKEDÉSÖKOLÓGIA II.

SEBESTYÉN FLÓRA ZSUZSA

Biológus MSc

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

Témavezető:

Dr. Tökölyi Jácint

egyetemi adjunktus, DE TTK

A táplálékélérhetőség és az érzékelt denzitás hatása életmenet jellegekre közönséges hidránál (*Hydra vulgaris*)

Az életmenet evolúció modelljeinek kulcs elemét képezi a túlélést és a szaporodást meghatározó életmenet jellegek közötti csereviszonyok fennállása. Éppen ezért, az életmenetet komponensek közötti forrásallokációt szabályozó faktorok megértése az evolúció biológia egyik központi feladata. Jelen kutatásban, közönséges hidránál vizsgáltuk a környezeti tényezők (táplálékélérhetőség és érzékelt denzitás) hatását alternatív életmenet fázisok meghatározásában részt vevő életmenet jellegekre (ivartalan szaporodás és oxidatív stressztolerancia). Eredményeink alapján az érzékelt denzitás hatással volt mind az ivartalan szaporodási rátára, mind a oxidatív stressztoleranciára, azonban ez a hatás függött az elérhető táplálék mennyiségétől. Elméleti predikciók szerint magas forrás elérhetőség esetén az önfenntartás és a szaporodás maximalizálása egyszerre is lehetséges, melyet vizsgálatunk is alátámasztott. Nagy denzitásos médiumban tartott egyedek ivartalan szaporodási rátája alacsony táplálékszinten szignifikánsan csökkent, míg közepes és magas táplálékszinten ilyen eltérést nem találunk. Ehhez hasonlóan, a denzitás manipulálása csak közepes táplálékszint esetében volt hatással az oxidatív stressztoleranciára, a kedvezőtlen körülmények hatására szignifikánsan magasabb stressztoleranciát okozva. Az azonban, hogy az oxidatív stressztolerancia fokozása nem esik egybe az ivartalan szaporodás csökkentésével arra utal, hogy a két életmenet jelleg nem áll közvetlen kapcsolatban, szabályozásuk egymástól eltérően is lehetséges.

ETOLÓGIA, VISELKEDÉSÖKOLÓGIA II.

SZABÓ GYULA

Biológia BSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Laczi Miklós**tudományos segédmunkatárs, ELTE TTK**Prof. Dr. Török János**egyetemi tanár, ELTE TTK***Viselkedési és fiziológiai változók kovarianciája egy énekesmadárfajnál**

Napjaink viselkedésökológiai vizsgálatainak egyik kiemelt területe az állati személyiség kutatása természetes populációkban. A viselkedési mintázatok tömegesen megjelenő leírása mellett kevés vizsgálat foglalkozik a viselkedések rátermettségével, illetve közvetlen fiziológiai hátterével. A dolgozatban az örvös légykapó (*Ficedula albicollis*) egy vadon élő populációjában vizsgáltam az egyedek fiziológiai és viselkedési változóinak kapcsolatát. A két fiziológiai változó az oxidatív károsodás mértéke és az egészségi állapot volt. Az előbbit a vérplazmában lévő reaktív oxigén metabolitok mennyiségével, az utóbbit vérkeneteken számolt heterofil granulociták és limfociták arányával jellemeztem. A hímektől az udvarlási és az utódgondozási, a tojóktól az utódgondozási periódusban vettünk mintát. A háromféle viselkedési változót (agresszió, kíváncsiság, bátorság) az udvarlási periódusban mértük. Az oxidatív károsodás mértéke az udvarláskor mért fiatal hímeknél nagyobb volt, mint az utódgondozási időszak alatt vizsgált fiatal hímeknél, míg az idősebeknél nem volt különbség. A rosszabb egészségi állapotban lévő tojókat magasabb fokú oxidatív károsodás jellemezte, míg a hímeknél nem volt szignifikáns az összefüggés. A kíváncsibb hímeknél az oxidatív károsodás mértéke nagyobb volt. Az agresszió és a bátorság mértéke nem mutatott szignifikáns kapcsolatot sem az egészségi állapottal, sem az oxidatív károsodás mértékével.

ETOLÓGIA, VISELKEDÉSÖKOLÓGIA II.**TAMÁS MELITTA**

Biológia BSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Zsebők Sándor**tudományos munkatárs, ELTE TTK***Kódolási stratégiák a madarének szerveződésében – az örvös légykapó (*Ficedula albicollis*) énekének hálózatos elemzése**

A madaréneknek az ivari kiválasztódásban kulcsfontosságú szerepe van. Az ének különböző hímjellemzőket kódolhat (például kor, kondíció, egészségi állapot), ami alapján a fajtársak képesek döntést hozni a territórium védelméről és a párválasztásról. Sok fajnál vizsgált klasszikus ének szerveződésbeli bélyeg a repertoárméret, azonban a hierarchikusan felépülő madarének számos egyéb szerveződésbeli jellemzője és ezek kapcsolata a hím jellemzőivel és a párba állással kevésbé vizsgált. A dolgozatomban ezeket vizsgáltam az örvös légykapó (*Ficedula albicollis*) 244 egyedét tartalmazó adatbázisán. A madarénekben a szillabusok szekvenciáját hálózatos módszerrel elemeztem. A csomópontok számával a szillabusfajták számát, az átlagos fokszámmal a szillabusfajták szomszédjainak átlagos számát, az átlagos kapcsolaterősséggel a szillabus szomszédok rögzített előfordulási gyakoriságát, végül a globális klaszterezettségi együtthatóval a szillabusfajták azonos énekekben való együttes előfordulását jellemeztem. Az általam vizsgált tulajdonságokat tekintve megállapítottam, hogy a madarének szerveződése nem véletlenszerű. Általánosságban a vizsgált jellemzők repetabilitása napon belül és napok között magasabb volt, mint évek között. A hálózati csomópontok száma és az átlagos kapcsolaterősség szignifikáns összefüggést mutatott az életkorral és az udvarlási időszakban való érkezési dátummal. Ezen mérőszámok és a párba állási siker között azonban nem találtam összefüggést. Az eredményeim alapján arra lehet következtetni, hogy a párválasztásban nem csak az általam vizsgált énekszerveződési jellemzők lehetnek fontosak, hanem más akusztikus paraméterek, vizuális jelek, illetve az odúnak és környezetének minősége is fontos lehet.

ETOLÓGIA, VISELKEDÉSÖKOLÓGIA II.

VASKUTI ÉVA

Környezettudományi MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Garamszegi László Zsolt

*association professor, Estación Biológica de Donana-CSIC Department of Evolutionary Ecology***A kulturális evolúció nyomai a madarak énekében: dialektus és divat megjelenése az örvös légykapónál**

A kulturális evolúció folyamata – mely nem genetikai úton öröklött, hanem szociális tanulás útján, egyedek vagy generációk között történő információáramlásra alapul – az emberré válás egyik fő mozgatórugója. Ez a kulturális evolúció azonban nemcsak az emberre jellemző sajátosság, hanem az állatok esetében is nagy jelentőséggel bír. A kulturális evolúció egyik alapfeltétele, hogy az egyedek viselkedési elemeket másolnak egymásról. Amikor ilyen másolásra kerül sor az éneklő madarak között, akkor az énekelemek, vagyis a szillablák használatának eloszlása térben és időben nem véletlenszerű, hanem strukturált lesz. Ennek a hipotézisnek a tesztelésére az örvös légykapó (*Ficedula albicollis*) egy pilisi populációjában 103 hím egyed 2005 és 2010 között rögzített 1740 énekét elemeztük. Populációs szinten 476 szillablafajtát definiáltunk. Az egyedek szillablahasználatában megmutatkozó átfedések feltárására hasonlósági mátrixokat számoltunk ki, és ezek között Mantel-tesztel vizsgáltuk, hogy a hímek énekének hasonlósága mutat-e térbeli és időbeli mintázatokat. A populáció énekösszetételében időbeli strukturáltságot írtunk le: az időben egymáshoz közelebb éneklő hímek éneke jobban hasonlít egymáshoz, mint az időben egymástól távolabb éneklő hímeké. Ezek az időbeli mintázatok léptékfüggőek voltak. A térbeli mintázat megléte nem volt statisztikailag igazolható. Ennek hiánya indokolható a rendelkezésre álló adatok alacsony számával, illetve, hogy kis geográfiai távolságokon esetleg nem kimutatható a térbeli mintázat. Összefoglalva tehát vizsgálatunkkal részben igazoltuk a kulturális evolúció meglétét az örvös légykapónál.

FAUNISZTIKA, TAXONÓMIA, POPULÁCIÓBIOLÓGIA**ABONYI TAMÁS**

Biológia BSc

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezető:**Dr. Antal László**egyetemi adjunktus, DE TTK***A Sajó menti kisvízfolyások halfaunája és azok természetvédelmi és ökológiai értékelése**

A Sajó vízminősége és környezeti állapota a 20. század második felére a korszerűtlen technológiára épülő iparosodás és városiasodás következtében gyors ütemű romlásnak indult. A nagymértékű ipari szennyezések a halfaunát is negatívan érintették. Ez az állapot egészen a rendszerváltozásig tartott, az akkor bekövetkező társadalmi-gazdasági átalakulás a szennyezettséget a töredékére szorította vissza, így a folyó vízminősége és halfaunája is pozitívan változott.

Vizsgálatunk során a következő kérdésekre kerestük a választ: 1) A Sajó menti kisvízfolyások a halfauna alapján milyen minőségűek az EU-VKI rendszerében; 2) Magyarország különböző tájain tapasztalható inváziós fajok térhódítása megfigyelhető-e ezeken a kevésbé zavart vízfolyásokban; 3) Az irodalmi adatok alapján a Sajó és az általunk felmért mellékvízfolyások fajkészlete mennyire tér el egymástól; 4) A vizsgált mellékvízfolyások hozzájárulhattak-e a Sajó halközösségének pozitív változásához.

Vizsgálatainkat 2015 szeptemberében végeztük 10 Sajó menti kisvízfolyáson (Keleméri-patak, Hangony, Királd-patak, Bán-patak, Tardona, Szuha, Harica, Bábony-patak, Kis-Sajó, Szinva) a Nemzeti Biodiverzitás-monitorozó Rendszer protokollja szerint. Megállapítottuk a vízfolyások halfaunájának abszolút és relatív természetvédelmi értékét, elvégeztük azok halközösség alapú ökológiai minősítését, továbbá a leggyakoribb indexek segítségével értékeltük azok diverzitását.

Eredményeink alapján a felmért kisvízfolyások többsége értékes halfaunával rendelkezik, a kimutatott fajok majdnem fele képvisel valamilyen természetvédelmi értéket. Örömteli, hogy az adventív fajok száma és azok egyedszáma is csekély a vízfolyásokban. A Sajó és a felmért mellékvízfolyások fajkészlete alapján megállapítható, hogy több kisvízfolyás is alkalmas lehetett arra, hogy a nagyipari szennyezések idején élőhelyül szolgáljon számos halfajnak, így a szennyezések csökkenésével kiváló kolonizációs alapot biztosíthattak, ezért nagy szerepük lehetett a Sajó halfaunájának regenerálódásában.

FAUNISZTIKA, TAXONÓMIA, POPULÁCIÓBIOLÓGIA

BÁNÓ BÁLINT

Természetvédelmi mérnöki BSc

Kaposvári Egyetem

Agrár- és Környezettudományi Kar

*Témavezetők:**Benedek Ildikó**PhD-hallgató, KE AKK**Dr. Molnár Tamás**egyetemi docens, KE AKK***A süllő (*Sander lucioperca* L.) genetikai változatosságának vizsgálata a Balatonban**

Mivel nagy kiterjedésű és egyedi morfológiával rendelkező tó, melyen belül az egyes medencék eltérő karakterrel rendelkeznek, valószínűsíthető, hogy a süllőállomány lokálisan adaptálódhatott. Másrészt a többszöri nagymértékű halpusztulás felveti a Balaton esetében a fogassüllő állomány genetikai variabilitásának csökkenését.

Kutatásunk elsődleges célja tehát a balatoni fogassüllő állomány genetikai változatosságának vizsgálata volt. Ezen felül vizsgálni kívántuk az egyes, a nagyobb medencéket jelölő területek közti migráció mértékét, illetve az ott megtalálható állományok genetikai diverzitását így esetleges elszigeteltségének mértékét is.

A vizsgálatban a Keszthelyi öbölből, Tihanyból, Balatonfüzfőről, Balatonakaliból, Siófokról és Balatonboglárról származó süllők ($n=97$) teljes genomális DNS-n végeztünk, két multiplex reakcióban összesen 11 mikroszatellit markerrel genetikai vizsgálatot.

Két klasztert különíthetünk el a Balatoni állományon belül így a célkitűzésünkben már megfogalmazott feltételezésünk, miszerint a Balatonon belül esetlegesen lokális adaptáció játszódhat le igaznak tűnik.

A részpopulációk elkülönülése az AMOVA vizsgálat alapján azonban nem bizonyítható. A genetikai variancia csak 2%-át tette ki a populációk közti hányad. A migráció mértéke Balatonfüzfü-Siófok közt volt kiemelkedően magas, míg Keszthely-Balatonfüzfü között a legkisebb.

A genetikai távolságok alakulása jól mutatja azonban az állomány részleges elkülönülését K-NY irányban. A földrajzi távolság és a Nei féle genetikai távolság között pozitív korreláció és lineáris kapcsolat figyelhető meg. Keszthelyi medence elkülönülése a besoroló teszt alapján is kivehető, hiszen más populációkhoz alig vagy egyáltalán nem is sorolt be egyedeket a teszt.

A F_{is} értéknél az egyes mintavételi helyek nem mutattak egymástól szignifikáns eltérést. A Hardy-Weinberg egyensúlytól való eltérés egyik populációnál sem volt szignifikáns. Az allélgazdagság hasonlóan alakul mind a hat populációban, az egyedi allélgazdagságban, bár Keszthely átlagértéke mintegy duplája a többi populáció értékének, szignifikáns különbség nem mutatkozott

Eredményeink alapján elmondható, hogy a balatoni fogassüllő állomány genetikai diverzitása nem veszett el, európai viszonylatban is jónak mondható. Érdekes azonban kiemelni, hogy a tó jellegzetes alakja és mérete valószínűsíthetően lokális adaptációkat eredményezett, melyet az állományoptóló telepítéseknél érdemes lenne figyelembe venni.

FAUNISZTIKA, TAXONÓMIA, POPULÁCIÓBIOLÓGIA**BÁRDOS BORÓKA**

Természetvédelmi mérnök BSc

Kaposvári Egyetem

Agrár- és Környezettudományi Kar

*Témavezető:**Prof. Dr. Altbäcker Vilmos
egyetemi tanár, KE AKK***A háziegér és a güzüegér összehasonlító vizsgálata**

Hasonló élőhely igényű, átfedő elterjedésű fajok megbízható elkülönítése a terepi kutatások egyik sarkalatos problémája. A kisméretű vizsgálatok során az elkülönítés két területen is gyakori probléma, a bagolyköpet elemzéskor illetve az élvefogó csapdázáskor. Saját kutatásunkban a két hazai egérfaj, a házi- és güzüegerek morfológiai elkülönítését fejlesztettem tovább, azt kihasználva, hogy a két fajból saját tenyészetünk van, így ismert korú és előéletű egyedeken gyűjthettünk adatokat. A köpet elemzés a koponya bélyegek azonosításán alapszik, célunk az ismert bélyegek kiegészítése volt. A csapdázáskori faji azonosítást segítő ép testű állatokat hasonlítottam össze, amelyek segítségével a két faj élő állapotban is biztonságosan elkülöníthető.

A koponyamérések alapján alátámasztottam a szakirodalomban leírt különbségeket, a két faj egyedei teljes bizonyossággal elkülöníthetők a járomív szélessége alapján, ami a güzüegereknek jóval keskenyebb, fél mm körüli, a háziegereknek 1 mm-es vagy a feletti. Kimutattam továbbá, hogy e két faj megbízhatóan elkülöníthető az orrcsont szélessége, az interorbitális szűkület és a kemény szájpádon lévő nyílás hossza alapján is. A két faj között ivari dimorfizmus mutatható ki a gátméret alapján, ugyanis a nőstények gátmérete kisebb, mint a hímeké. A güzüegernél a gátméreten kívül különbséget találtam a testtömegben, a testhosszban és a testhossz-farokhossz különbségében is, a hímek testváltozói nagyobbak, mint a nőstényeké. Testváltozók alapján a két faj teljes bizonyossággal elkülöníthető a farokátmérő alapján, a háziegerek farka vastagabb, 3-3,5mm, míg a güzüegereké 2-2,5mm.

Vizsgálataim alapján a bagolyköpet elemzéskor a koponyamorfológia bélyegek révén a sérült járomívű vagy nem egész koponyák is biztonságosan elkülöníthetőkké válnak. A testváltozók eredménye alapján a két közelrokon egérfaj már nem csak koponyabélyegek alapján különíthető el, hanem élő állapotban, terepi vizsgálatok során is behatározhatók. Mivel a két faj magyarországi elterjedése jelentősen átfed, és laboratóriumi vizsgálatok alapján tudjuk, hogy lehetséges közöttük hibridizáció, ami a fenti morfológiai változók alapján a terepen is vizsgálhatóvá válik.

FAUNISZTIKA, TAXONÓMIA, POPULÁCIÓBIOLÓGIA

BERTA PÉTER

Biológia/Történelem MSc

Selye János Egyetem

Témavezető:

Dr. Szinetár Csaba
egyetemi docens, SK SJE

A talajfelszíni pókok vizsgálata a komáromi öregvár földszáncaiban

Az emberi tevékenység erőteljesen átalakítja a természetes környezetet. Bizonyos állat és növényfajok nem képesek megélni az új, emberi környezetben, míg mások képesek sikeresen alkalmazkodni az új környezethez. Az emberi környezetet kedvelő fajokat szinantróp fajoknak nevezzük. A szinantróp fajok komplett életközösségeket képesek kialakítani a városokban az ún. urbán ökoszisztémákat. A korábbi külföldi és magyar példákat követve Komárom egy sajátos élőhelyén végeztünk kutatást.

Kutatásunk helyszíne a komáromi Öregvár volt. A vár a XIX. század építészetének megfelelően vastag földdel takart bástyákkal rendelkezik. Mivel a vár elvesztette elsődleges katonai jelentőségét ezért a földszáncon spontán füves, lejtős élőhelyek alakultak ki.

Feltételeztük, hogy a vár sajátos viszonyai miatt a szinantróp fajokon kívül más, eltérő igényű fajokat is találunk. Vizsgálatunk a talajlakó pókokra fókuszált, mint markáns és jól határozható gerinctelen csoportra.

A vár északnyugati bástyáján 13 csapdát helyeztünk el 3 csoportban. Az általunk használt csapdák etilén glikollal töltött talajcsapdák voltak. A csapdákat különféle lejtésű és klímájú helyeken telepítettük.

A csapdákat 2015. április 19. és május 18. között két alkalommal ürítettük. A csapdák tartalmát osztályoztuk és meghatároztuk. A pontos meghatározás csak a felnőtt egyedeknél volt lehetséges. Az általunk gyűjtött 141 egyedből 102 példány volt ivarérett. A begyűjtött mintákból 26 fajt azonosítottunk.

A gyűjtött fajok közt voltak szinantróp és különleges igényű fajok is. A gyűjtött fajok közül kiemelném az *Eresus moravicus*-t. A faj Komárom környékén korábban nem volt ismert. A további fajok közt található néhány száraz vagy extrém száraz élőhelyet igénylő is. A *Crustulina sticta* esetében 2 korábbi szlovákiai élőhely ismert, míg a *Heliophanus lineiventris* esetében csupán 1.

A feltételezésünk beigazolódott. Az Öregvár természeti viszonyai nem csak a szinantróp, de az extrém igényű fajok számára is megfelelőek. Az Öregvár élőhelyei szigeteket jelentenek az ember formálta tájban.

FAUNISZTIKA, TAXONÓMIA, POPULÁCIÓBIOLÓGIA

DERBÁK DÁVID

Biológia BSc

Állatorvostudományi Egyetem

Témavezetők:
Prof. Dr. Hornung Erzsébet
egyetemi tanár, ATE
Csonka Diána
tudományos segédmunkatárs, ATE

Egy barlangi ászkarák (*Mesoniscus graniger* Friv.) életmenet jellemzőinek vizsgálata

A barlangok speciális környezeti adottságai – a fény hiánya, magas relatív páratartalom, állandó és alacsony hőmérséklet – számos reliktum és endemikus fajnak jelentenek élőhelyet. Magyarországon Frivaldszky János nevéhez fűződik a barlangbiológia megalapozása, aki az 1860-as években a Baradla-barlangból írta le a *Mesoniscus graniger*, „szemercsés vakászka” fajt. Az ő munkásságát folytatta az 1920-as évektől kezdődően Dudich Endre, aki ugyanott barlangbiológiai laboratóriumot hozott létre. Ez ideig a faj elterjedési területéről, környezeti toleranciájáról, illetve táplálék forrásairól jelentek meg publikációk. Populációs szintű jellemzőit (ivararány, a nemek közötti esetleges morfológiai különbségek), valamint életmenet stratégiáját (pl. élettartam, szaporodási stratégia, utódszám, utódméret) nem ismerjük. Vizsgálatunk céljaul ezek feltárását tűztük ki.

Az ivararány és a nemek méreteloszlásának (fejszélesség alapján) megállapítására talajcsapdákból származó egyedek adatait használtuk (N=677). A szaporodási stratégia vizsgálatát az aggteleki Baradla-barlang természetes körülményeket biztosító járatában, illetve laborban folytattuk. A barlangban tartott 15x12 egyedből álló modell populációk (N=180) megfigyelését havonta végeztük, 2016 márciusa és szeptembere között. A kisméretű (6.56 ± 0.79 mm), törékeny állatok sérülékenysége miatt a hosszmeterváltozást fotók alapján, ImageJ program segítségével detektáltuk. A faj külső morfológiáját fénymikroszkópos és pásztázó (scanning) elektronmikroszkópos módszerekkel tanulmányoztuk.

Eredményeink alapján a populáció ivararánya nőstény túlsúlyt mutat (hím:nőstény = 0.43:0.57). A nőstények fejszélessége (0.87 ± 0.18 mm) szignifikánsan nagyobb a hímekénél (0.79 ± 0.08 mm) [$p < 0.001$ (t-teszt)]. A kutikula vastagsága 4.29 ± 1.26 μ m. A külső morfológia a nemek között egységes képet mutat, de méretbeli ivari dimorfizmust találtunk. A szaporodás időzítésének, a nőstényenkénti utódszámnak, az utódok méretének statisztikai értékeléséhez további adatokra van szükség. Az eddigiek alapján feltételezhetjük, hogy az utódszám alacsony (3-4), az utód méret relatíve nagy (4.22 ± 0.53 mm), ami a 'K' életmenet stratégiájú fajokra jellemző. A vizsgált időszak alatt a modellpopulációkban folyamatosan jelentek meg kisméretű egyedek. A szaporodás havonkénti valószínűsége 30-40% [(binomialis teszt)].

FAUNISZTIKA, TAXONÓMIA, POPULÁCIÓBIOLÓGIA

FÖLDI CSENGE ANNA

Biológia BSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Péntes Zsolt

egyetemi docens, SZTE TTIK

A nearktikus elterjedésű inkvilin tölgy gubacsdarazsak (Hymenoptera, Cynipidae, Synergini) osztályozása DNS szekvenciák alapján

A fitofág gubacsdarazsak (Hymenoptera: Cynipidae) képesek a leglátványosabb elváltozásokat okozni gazdanövényükön, mely számos előnnyel jár a fejlődő darázslárvák számára. Ezzel szemben a családba sorolt fajok közel 15%-a nem rendelkezik gubacsindukáló képességgel. Ezeket nevezzük inkvilineknek, melyek tipikusan más gubacsdarázs által indukált gubacsban fejlődnek társbérőként. Az inkvilinek gyakoriak, jelentős szerepük van az egyes közösségek trófikus hálózatában, mégis kevés ismerettel rendelkezünk biológiájukról és leszármazási kapcsolataikról.

Dolgozatom alanyai a Synergini nemzetség palearktikus és nearktikus elterjedésű képviselői. Olyan társbérő fajok tartoznak ide, melyek jellemzően a Fagaceae (bükk-félék) fajokra specifikus gubacsdarazsak (Cynipini) gubacsában fejlődnek. Elterjedésük a gubacsdarázs és tölgy gazdáik elterjedésének függvénye. A *Synergini* nemzetség monofiletikus, 7 génuszt sorolnak ide, melyek leszármazási kapcsolatai kérdésesek. Ismereteink elsősorban a palearktikus régióból származnak, a nearktikus fajok taxonómiai besorolása is bizonytalan. Célunk áttekintést adni az utóbbiak filogenetikai helyzetéről és az elkülönített csoportjaik növényi gazda szerinti differenciálódásáról DNS szekvencia adatok alapján. Elemzéseinkben a hártácsszárnyú filogenetikában általánosan használt magi 28S rDNS D2-es régió és a mitokondriális citokróm c-oxidáz I-es alegység gének szekvenciáit használtuk.

A filogenetikai rekonstrukción alapuló osztályozás 141 mitokondriális és 114 magi haplotípus alapján történt, melyek hozzávetőleg 40 %-a a nearktikumból származik. Eredményeink arra utalnak, hogy a nearktikus fajoknak minimum 3 csoportja különíthető el, melyek leszármazási kapcsolatai tisztázatlanok és nem sorolhatóak be egyértelműen a jelenleg elfogadott monofiletikus inkvilin génuszok egyikébe sem. Elkülönülésük csak részben magyarázható növényi gazda szerinti asszociációjukkal.

FAUNISZTIKA, TAXONÓMIA, POPULÁCIÓBIOLÓGIA

JAKAB SZILVIA

Biológus MSc, 3. félév

Állatorvostudományi Egyetem

Témavezető:

Szabó Krisztián

tudományos segédmunkatárs, ATE

Nem-invazív mintavételi módszer megbízhatóságának elemzése parlagi sas (*Aquila heliaca*) populációdinamikai vizsgálataiban

Napjainkban egyre több DNS-alapú populációgenetikai vizsgálat nem-invazív mintavételen alapul. Ennek előnye, hogy nem szükséges az egyedek befogása, nem okoz sérülést és nem jár zavaró hatással, így különösen fontos a ritka, illetve veszélyeztetett fajok vizsgálatában. A parlagi sas (*Aquila heliaca*) a Természetvédelmi Világszövetség vörös listáján sebezhető („vulnerable”, VU) fajként van bejegyezve, Magyarországon pedig fokozottan védett. Veszélyeztetett helyzete miatt fontos a populációk minél alaposabb megismerése, melyhez jelentősen hozzájárulnak a nem-invazív mintákon alapuló populációdinamikai vizsgálatok. Ezeknek a vizsgálatoknak az alapfeltétele, hogy a populációban található költő egyedek nagy részét évről évre azonosítsuk.

A parlagi sas szociálisan monogám faj és erős territoriális viselkedés jellemzi ezért a költés idején, a fészek környékén és a kiülőfák alól gyűjtött vedlett tollak nagy valószínűséggel a rezidens költő egyedekhez tartoznak. Néhány ragadozómadár-fajban azonban előfordult, hogy a foglalt fészek közelében észleltek nem rezidens (betolakodó) egyedeket is. Ez megkérdőjelezheti a fészek alól gyűjtött tollakon alapuló egyedi azonosítás megbízhatóságát.

Elsődleges célunk az volt, hogy a territoriális ragadozómadarak fészekhez köthető DNS-alapú vizsgálataihoz rutinszerűen alkalmazott mintagyűjtési módszer megbízhatóságát ellenőrizzük a magyarországi parlagi sasok költőpopulációjában. Ehhez véletlenszerűen választottunk ki 30 fészket (2013-2015), és fészkenként öt felnőttől származó vedlett tollat és egy fiókatollat dolgoztunk fel. Molekuláris módszerekkel megállapítottuk a minták ivarát, majd kilenc mikroszatellita lókuszon meghatároztuk az egyedek DNS-profilját. A fészkekben mintázott fiókák DNS-profilja alapján azonosítottuk a rezidens egyedeket. Mindezek mellett a kutatócsoport által vizsgált nem-invazívan mintázott parlagisas-territóriumokon (2000-2015; n=175) talált egyedek DNS-profilját leellenőriztük, hogy találunk-e köztük betolakodókat.

A vizsgált 30 fészek között két olyan esetet találtunk, hogy a fészeknél gyűjtött egy-egy toll nem az adott territórium rezidens egyedeihez tartozott. A több éves adatsorban további három betolakodót találtunk. Az öt betolakodóból négytől azonosítottuk, hogy melyik territóriumban volt rezidens az adott évben.

FAUNISZTIKA, TAXONÓMIA, POPULÁCIÓBIOLÓGIA**KAPITÁNY SZILVIA**

Biológus MSc

Állatorvostudományi Egyetem

*Témavezetők:**Dr. Kaján Győző**tudományos munkatárs, MTA ATK ÁOTI**Szabó Krisztián**tudományos segédmunkatárs, ATE***Denevér eredetű cirkovírusszerű vírusok diverzitása**

A közelmúlt metagenomikai kutatásai rávilágítottak, hogy a Circoviridae család a cirkuláris, replikázt kódoló, egyszálú DNS genommal rendelkező vírusoknak (circular replication associated protein-encoding single stranded DNA virus, CRESS-DNS vírus) csak egy kis szeletét alkotja. Ezen nagyon diverz vírusklád tagjait kimutatták már az egysejtűektől kezdve a növényeken és ízeltlábúakon át a gerincesekig a legkülönbözőbb eukarióta fajokból. A denevér eredetű CRESS-DNS vírusok egy része a Circoviridae család tagja, de sok, ettől nagyon távol eső vírust is leírtak már.

A mi vizsgálatunk célja a denevér és denevér táplálék eredetű CRESS-DNS vírusok diverzitásának feltárása, s általuk a CRESS-DNS vírusok jelenleg bonyolultnak tűnő rendszertanának megértése volt. Legfőbb kérdésünk, hogy vajon melyek lehetnek a denevérek saját, az állatokban szaporodni képes vírusai, és melyek jutnak csupán táplálkozásuk révén a szervezetükbe?

Ehhez összesen 392 db európai, afrikai, ázsiai és észak-amerikai denevér mintát dolgoztunk fel, melyek zömében guanó és bélsár eredetűek voltak. A PCR analízis során a CRESS-DNS vírusok egyik megőrzött, a vírus replikációjában szerepet játszó génjének kb. 450 bp hosszú szakaszát erősítettük fel. A vizsgált minták közül 110 db bizonyult pozitívnek a PCR eljárás során. Ezek között pedig 47 db további értékelésre alkalmas, specifikus CRESS-DNS vírus szekvenciát találtunk. A törzsfa-rekonstrukció kimutatta, hogy e minták nagyobb része a Circoviridae családon belül a Circovirus nemzetségbe (n=25) osztályozódik; feltételezzük, hogy ezek lehetnek a denevérek saját CRESS-DNS vírusai. A minták másik nagy csoportja ugyanezen családon belül a másik, Cyclovirus nemzetségbe (n=15) sorolható; feltételezzük, hogy ezek táplálék, azaz rovar eredetű vírusok, ahogy a víruscsládtól távol eső többi minta is.

FAUNISZTIKA, TAXONÓMIA, POPULÁCIÓBIOLÓGIA

MAGONYI NÓRA MÁRIA

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezetők:

Dr. Farkas János

egyetemi adjunktus, ELTE TTK

Görföl Tamás

gyűjteményvezető, MTM Állattár

Észak-Vietnámból származó denevérminták filogenetikai vizsgálata – két új faj felfedezése

Az egérfülű-denevérek (*Myotis*) az egyik legnépesebb és legdiverzebb nemzetség a denevérek (Chiroptera) rendjén belül, képviselőiket az Antarktiszot kivéve az összes kontinensen megtaláljuk. A genusz tagjai az éjszaka aktív rovarok nagymértékű fogyasztásával fontos részei az ökoszisztémáknak. A nemzetségen belüli nagy diverzitás következménye a kriptikus fajok viszonylag magas száma. Különösen az ázsiai *Myotis*-ok taxonómiájában vannak még tisztázatlan foltok.

Egy 2014-es vietnámi expedíciós anyag feldolgozása során az összes külső bélyegek alapján nem identifikálható *Myotis* nemzetségbe tartozó példány „barcoding”, azaz a citokróm c oxidáz 1-es alegység (COI) szekvenciáját meghatároztuk. A tíz példány négy ismert (*Myotis chinensis*, *Myotis siligorensis alticranianus*, *Myotis cf. muricola* és *Myotis annectans*) és kettő eddig ismeretlen fajhoz tartozónak bizonyult.

Az egyik, egy korábbi átfogó „barcoding” munkában „*Myotis* CMF sp. E” munkanéven közölt taxon a *Myotis montivagus* fajsoportba tartozik. A *Myotis montivagus* négy alfaját 2013-ban emelték faji rangra koponyamorfológiai bélyegek alapján, majd a csoport egy újabb, *Myotis indochinensis*-nek elnevezett taggal bővült. A *Myotis* CMF sp. E eredményeim szerint az egyik korábbi alfaj, a *Myotis federatus* közeli rokona.

A másik új faj az eddig a Himalája alacsonyabb régióiban megtalált *Myotis sicarius* fajjal alkot egy törzsfajlódási ágat, azonban cyt b szekvenciájuk jelentősen eltér.

Az eredményeink felhívják a figyelmet a denevérek magas diverzitására és a potenciálisan tudományra új taxonok magas számára még ebben a délkelet-ázsiai viszonylatban jól kutatott térségben is.

FAUNISZTIKA, TAXONÓMIA, POPULÁCIÓBIOLÓGIA

SZANYI KÁLMÁN

Biológia BSc

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezetők:**Dr. Nagy Sándor Alex**egyetemi docens, DE TTK**Prof. Dr. Oláh János**ny. egyetemi tanár, Tessedik Sámuel Főiskola***Tegzes (Trichoptera) imágók vizsgálata a Nagydobronyi Vadvédelmi Rezervátum területén**

A Beregi-sík a Felső-Tisza vidék része, valamint az Alföld észak-keleti peremterülete, amit kettészél a magyar–ukrán államhatár. Kedvező élőhelyi adottságai miatt bővelkedik olyan életközösségekben, amelyek faji összetétele különleges és sokrétű. A sík magyar oldala viszonylag jól ismert, viszont a kárpátaljai rész kutatottsága jelentősen elmarad tőle. A kárpátaljai rész egy értékes területe a Nagydobronyi Vadvédelmi Rezervátum. A rezervátum területén közel egy évtizede folynak rovar-tani kutatások, főleg a nagylepkék és egyenesszárnyúak körében, a vizes élőhelyek vizsgálata azonban mindeddig nem történt meg. Munkámmal ezen szerettem volna változtatni és közölni a terület tegzes faunájáról az első adatokat.

A terepi vizsgálatokat 2015. július közepétől, november elejéig végeztem. A mintavételhez a rezervátum területén a Latorca folyó közelében elhelyezett Jermy típusú erdészeti fénycsapdát használtam. A gyűjtést hetente 2-3 alkalommal ismételtam meg. Mivel a csapda több éjjel aktív rovarcsoport egyedeit is vonzza, ezért a következő lépés a tegzes fajok kiválogatása volt az összegyűjtött tömegből. Megbízható külső faji bélyegek hiányában az összegyűjtött és kiválogatott tegzes imágók határozása mikroszkóp alatt, genitália, azaz ivarszervek alapján történt.

A vizsgálati időszak során 29 mintavételezésből, 30 faj összesen 838 egyedét sikerült begyűjtenem és meghatároznom. A vizsgálat során kapott adatok alapozó jellegűek, az első adatok szerint a terület faunájáról, azonban, már eddig is számos ritka, természetvédelmi szempontból jelentős fajt sikerült kimutatni. A tegzesfauna összetétele, illetve a ritka, szennyezésre érzékeny fajok megléte alapján kijelenthető, hogy a Latorca folyó vizsgált szakasza természetközeli állapotú, számukra kiváló vízminőséggel rendelkezik. Összességében elmondható, hogy a faji összetétel alapján a terület figyelemre méltó, védelemre és további kutatásra érdemes.

FAUNISZTIKA, TAXONÓMIA, POPULÁCIÓBIOLÓGIA**TÁTRAI KITTI**

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Egyed Balázs**egyetemi adjunktus, ELTE TTK***Genetikai struktúráltság vizsgálata kutya populációkban mikroszatellita polimorfizmusok alapján**

Az ELTE Etológia Tanszékén végzett kutatások mindezeitig nem publikált eredményei szerint a kísérleti céllal laboratóriumban felnövő Beagle kutyák viselkedése jelentősen eltér a normális módon, családi körülmények között nevelkedő kutyákétól, ugyanis a laborkutyák emberi közeledésre ún. dermedés jelenségét mutatják. Munkámban a dermedés jelenségének populáció genetikai hátterét vizsgálom, amelynek célja annak felmérése, hogy a vizsgált két Beagle állomány mennyire homogén genetikai poolal rendelkezik, illetve kimutatható-e valamilyen genetikai struktúráltság a Beaglek között, melyre visszavezethető lehet a dermedés.

Első lépésként már igazoltan igazságügyi és populáció genetikai vizsgálatokra alkalmazott kutya mikroszatellita markereket kerestem, majd összesen 12 markert alkalmazva két multiplex PCR rendszert építettem fel és optimalizáltam a Beagle állományok jellemzésére. A 28 illetve 32 egyedből álló labor- illetve családi kutyák mindegyikét genotipizáltam a konstruált két multiplex PCR rendszerrel, és a kapott genotípus adatokat szoftveresen elemeztem. Felmértem a HWE teljesülését az egész, illetve az alpopulációkon, kalkuláltam a heterozigotitás értékeket, valamint a genetikai struktúráltság teszteléséhez Wright-féle F-statisztikát és AMOVA analízist végeztem.

A laborállat és családi kutya alpopulációkat együttesen vizsgálva azt tapasztaltam, hogy a HWE minden osztályozás szerint teljesül, és szignifikáns genetikai struktúráltságot sem az FST sem az AMOVA értékek nem igazoltak az alpopulációk között. A minta-poolt „dermedők” és „nem-dermedők” szerint felosztva azonban az AMOVA analízis szignifikáns interpopulációs varianciát jelzett a WILMS-TF markeren, melynek genomi környezetét megvizsgálva számos szagló receptort kódoló szakaszt találtam.

FLORISZTIKA, CÖNOLÓGIA

BALOGH REBEKA

Biológus MSc

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezetők:**Dr. Matus Gábor**egyetemi docens, DE TTK**Dr. Farkas Edit**tudományos főmunkatárs, MTA ŐK ÖBI***Kriptogám közösség florisztikai és biomassza elemzése nyírségi CORYNEPHORETUM eltérő kezelési részein**

Nyírségi Corynephorum állomány szomszédos legelt, illetve 2008 óta bekerített részleteiben, 2013 tavaszán vett mintákon mértük fel a kriptogám közösség eltéréseit. A pleisztocén korú, savanyú ($\text{pH}_{\text{H}_2\text{O}} = 5,2-5,5$), alacsony szervesanyag-tartalmú (0,3–1,2%) homokon a legelészárás nyomán állandó kvadrátokban az edényes vegetáció jelentős dominanciaváltozását figyeltük meg. Ezt a kriptogámok borításának növekedése kísérte. Kezelésként 40 db, 10×10 cm felületű talajmonolitot vettünk. A kriptogám fajokat kézi válogatással különítettük el, majd a frakciókat 0,001 g pontossággal mértük le. A kezeléseket közti eltérések elemzésére Mann-Whitney próbát, a biomassza-frakciók közti esetleges korrelációk kimutatására Spearman-tesztet alkalmaztunk. Az adatok sokváltozós értékelésére PCA-t végeztünk. Mindkét mintavételi helyet fajszerény közösségek jellemezték: összesen négy moha- és kilenc zuzmótaxon került elő. A zuzmófajok, egy kivétellel a *Cladonia* nemzetségbe tartoznak. Kemotaxonomiai módszereket alkalmazva megerősítettük, hogy a területen korábban csak morfológiai bélyegek alapján meghatározott *Cladonia cf. subulata*-k kivétel nélkül *C. rei*-nek tekinthetők. Detektáltunk olyan zuzmókon élő mikrogombafajt is, amely eddig nem voltak ismert a területről. Természetvédelmi szempontból a védett *C. magyarica* előfordulása említendő. A legelt részletben a kriptogám biomassza kissé meghaladta a 40 g/m^2 -t, a bekerített részletben viszont 90 g/m^2 feletti volt. A bekerített részlet zuzmófajszámátalaga és -biomasszája is szignifikánsan meghaladta a legelt állományét. A kezeléseket mohafajszáma, illetve -biomasszája viszont nem különbözött szignifikánsan. A statisztikailag értékelhető előfordulású fajok közül a *C. rangiformis* és *C. rei*, illetve a *Brachythecium albicans* mennyisége a bekerített részletben volt magasabb, a *C. furcata*, *C. magyarica* és *Syntrichia ruralis* biomasszája nem tért el szignifikánsan. Az egyes biomassza-frakciók között szignifikáns pozitív korrelációk viszont –kezeléstől függően eltérő mintázatban és számban– jelentkeztek. A biomasszaadatok sokváltozós elemzése három faj (*Cladonia rangiformis*, *Syntrichia ruralis*, *Brachythecium albicans*) jelentőségét mutatta a kriptogám közösség szerveződésében. Bár a bekerítést megelőzően nem végeztünk hasonló biomassza-mintavételt, a zuzmóbiomassza hétszeres, ezen belül a *C. rangiformis* tizenegyszeres eltérése minden bizonnyal már a bekerítést követő négy és fél év alatti növekedés során alakult ki.

FLORISZTIKA, CÖNOLÓGIA

DEME JUDIT

Biológus MSc

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Csiky János

egyetemi docens, PTE TTK

A hazai koboldmoha (*Buxbaumia*) fajok elterjedésének, élőhelyi preferenciájának és állománynagyságának vizsgálata magyarországi minták alapján

Magyarországon a koboldmoha nemzetségnek (*Buxbaumia*) két faja ismert: a levéltelen (*Buxbaumia aphylla*) és a zöld koboldmoha (*B. viridis*). Jellegzetességük, hogy szabad szemmel csak életciklusuk sporofiton fázisában láthatóak, a gametofitonjuk erősen redukált. Hazánkban mindkettő ritka: míg a *B. aphylla* „sebezhető” (VU), addig a *B. viridis* „veszélyeztetett” (EN), védett és Natura 2000 jelölő faj is egyben.

A dolgozat célja e taxonok hazai elterjedésének, élőhely-preferenciájának, állománynagyságának és fenológiai viszonyainak feltárása.

2014 és 2016 között szisztematikus felméréseket végeztünk a fajok számára megfelelőnek tartott magyarországi területeken, különös alapossággal a Mecsekben. A lelőhelyek többségénél 1 m²-es cönológiai felvételeket készítettünk, amelyekben feljegyeztük a spóratokok számát, fejlettségi állapotát, maximális denzitását (példány/1 dm²), szintenként a kísérő fajokat, a mohával fedett, a csupasz és a szerves törmelékkel borított felszínnek százalékos arányát, a terület meredekségét és kitettségét.

A célzott térképezések során mindkét fajnak számos már ismert és még több új állománya került elő. Többnyire fajszegény, meredek, északias kitettségű mészkérülő erdők savanyú talaján figyeltük meg őket, ám szárazabb termőhelyeken, mészkérülő tölgyesekben a *B. aphylla* jellemzőbb volt, mint a főként mészkérülő bükkösökben élő *B. viridis*. A leggyakoribb (fr.≥50%) kísérő mohafajok a *Dicranella heteromalla*, *Dicranum scoparium*, *Hypnum cupressiforme* és *Polytrichum formosum* voltak. Ez a fajkészlet a zöld koboldmoha esetében jelentősen eltér a nemzetközi irodalomban leírtaktól.

A megfigyelt termőhelyi preferencia és a MÉTA adatok ismeretében a koboldmohák további potenciális lelőhelyeit feltételezzük hazánk elsősorban középhegységi tájain. Mivel mindkét taxonnak aktuálisan több mint 150 állománya és 1500 példánya ismert, továbbá a populációk többsége viszonylag stabilnak bizonyult, megfontolandónak tartjuk vörös listás átsorolásukat a „veszélyeztetettség közeli” (NT) kategóriába.

Míg a *B. aphylla* esetében nem találtunk lényegi eltérést az irodalmi adatokhoz képest, addig a *B. viridis* magyarországi élőhelyi preferenciája gyökeresen különbözőnek bizonyult az eddigi hazai és nemzetközi megfigyelésektől. Valószínűleg e fajok korábbi, szigorúbb hazai vörös listás besorolása is alulkutatottságuknak, félreismert fenológiájuknak, élőhelypreferenciájuknak volt köszönhető. Eredményeink alapjaiban befolyásolják a *B. viridis* jövőbeli védelmét.

FLORISZTIKA, CÖNOLÓGIA

FEKETE RÉKA

Biológus MSc

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

Témavezető:

Dr. Molnár V. Attila
egyetemi docens, DE TTK**Egy tengerparti növényfaj (*Cochlearia danica* L.) terjedése európai sózott utak mentén**

Az úthálózatok növekvő kiterjedése egyre több növényfaj számára teszi lehetővé az utak mentén való terjedést. Ehhez hozzájárul az utak téli sózása is, ami elősegítheti különféle stressztűrő, halofil növényfajok előretörését. Jelen dolgozat egy hazánkban frissen felfedezett, autóutak mentén intenzíven terjedő, atlantikus, halofil növényfaj, a dán kanálfű (*Cochlearia danica* L.) magyarországi terjedését vizsgálja. Kutatásaink során felmértük *C. danica* mindhárom hazai állományának kiterjedését, egyedsűrűségét, egyedszámát, a faj morfológiai jellemzőit és megvizsgáltuk, hogy miként befolyásolja a sókoncentráció (NaCl) a magjainak csírázását. Emellett, a faj terjedési sebességének meghatározása céljából összegyűjtöttük az eddigi európai, út menti előfordulásait. Szakirodalmi adatok, illetve saját méréseink alapján elvégeztük a faj beillesztését a hazai határozókulcsba. Eredményeink azt mutatták, hogy legnagyobb egyedszámmal és kiterjedéssel, a győri állomány jellemezhető, számításaink alapján ez telepedhetett meg először, mintegy 2-3 évvel ezelőtt hazánkban. Becsléseink szerint a növény terjedésének sebessége az autóutak mentén 53,3 km/év. A csíráztatási kísérleteink során tapasztalt legmagasabb csírázási arány 96%-os volt, ezt a 0,07%-os és a 0,1%-os táptalajokon tapasztaltuk. Innentől kezdve a magasabb koncentrációk felé a magvaknak egyre kisebb része csírázott ki. A legterményebb koncentráció, amelyen csírázást tapasztaltunk 2% volt. A csírázó magok száma és a NaCl koncentráció közötti kapcsolat szignifikánsan csökkenő szigmoid görbével írható le. Vizsgálataink alapján arra a következtetésre jutottunk, hogy más halofil növényekhez hasonlóan a *C. danica* magyarországi terjedését is az utak mentén megnövekedett sókoncentráció teszi lehetővé. A faj sikerességéhez valószínűleg hozzájárul állományainak nagy egyedsűrűsége, kis magtömege, és jelentős stressztűrése. Az általunk összegyűjtött szakirodalmi adatok alapján jól látszik, hogy a *Cochlearia danica* meglehetősen gyorsan terjed az európai utak mentén. A közeljövőben új előfordulásokra számíthatunk szikes vegetáció mellett haladó utak mentén is, ahonnan a faj kolonizálhatja az őshonos élőhelyeket ezért terjedésének nyomon követése és ökológiájának további vizsgálata természetvédelmi szempontból igen fontos feladat.

FLORISZTIKA, CÖNOLÓGIA

KOVÁCS ANDOR

Kertészmérnöki BSc

Budapesti Corvinus Egyetem

Kertészettudományi Kar

RIGÓ ATTILA

Kertészmérnöki BSc

Budapesti Corvinus Egyetem

Kertészettudományi Kar

*Témavezetők:**Németh Csaba**tudományos segédmunkatárs, MTA ÖK BKI**Dr. Lőkös László**főmuzeológus, MTM Növénytár***A Budai Arborétum moha- és zuzmóflórája**

A Budai Arborétum területén számos, a kriptogám élőlények számára alkalmas élőhely található, ide tartozik a közel 2000 fás szárú növény, a sziklakertek mészköszikláai, a beton- és falfelületek, valamint a szabad talajfelszínek.

Kutatásaink eredményeként a Budai Arborétum területén 4 májmoha- (az ország májmohafajainak 2,7 %-a) és 47 lombosmoha fajt (az ország lombosmohafajainak 9,2 %-a) detektáltunk. A kertben észlelt zuzmófajok száma 25, mely a teljes hazai zuzmóflóra 2,9 %-a. A mohafajok térképezése során figyelemmel voltunk elterjedésük mértékére, valamint mennyiségi becsléseket is végeztünk. Ezek eredményeként számos adattal rendelkezünk a fajok elterjedéséről és gyakoriságáról, ezeket az adatokat grafikonokon összegezzük. Megállapítottuk, hogy a különböző aljzatokon (szikla, beton, fakéreg, talaj) közel azonos fajszámmal jelennek meg a mohák, valamint, hogy az egyes aljzatokon mely fajok és milyen gyakorisággal fordulnak elő. Fakérgen 23, mészkösziklákon 23, betonon 22, talajon 21 mohafajt találtunk. Az arborétum leggyakoribb epifita mohafaja az *Orthotrichum diaphanum*. Mészkösziklákon a *Schistidium crassipilum*, betonfelületeken az *Amblystegium serpens*, szabad talajfelszíneken az *Eurhynchium hians* van jelen legnagyobb borítással. A megtalált mohafajok jelentős része országosan gyakori, nem veszélyeztetett, emellett néhány, a vörös-listán veszélyeztetettség közeli besorolással szereplő faj (*Orthotrichum obtusifolium*, *Pseudocrossidium revolutum*, *Gymnosotmum calcareum*, *Orthotrichum pumilum*) is előkerült. Az arborétumban előforduló zuzmók többsége szintén országosan gyakori, nitrofrekvens, toxitoleráns faj, kivételt képez a mészkösziklakertben előforduló *Verrucaria calciseda*. A térképezés kiegészítéseként valamennyi zuzmó- és mohafajról habitus-, illetve mikroszkópos fotósorozat készült melyeket jelen dolgozat törzsanyagával együtt a közeljövőben szeretnénk a területet fenntartó intézmény segítségével az érdeklődők számára közzétenni.

FLORISZTIKA, CÖNOLÓGIA**SZŐKE ELŐD**

Természetvédelmi mérnök BSc

Nyugat-magyarországi Egyetem
Erdőmérnöki Kar*Témavezetők:**Dr. Brolly Gábor**egyetemi adjunktus, NYME EMK**Dr. Kalicz Péter**egyetemi docens, NYME EMK***Tengermelléki káka Fertő tavi állományának változása**

Dolgozatom célja volt felmérni a Tengermelléki káka aktuális állományát, valamint összehasonlítani a 2007-es és 2008-as adatokhoz képest a változást, a foltok számában, a területükben, a sűrűségükben és a virágzati arányaikban. A Fertő tóban korábban 3 állomány volt ismert ez jelenleg 4 stabil nagy létszámú állományra növekedett: Kőbokor, Püspök-tó, Hidegségi-tó, Gémes-tó, továbbá 3 jelenleg kis foltokból álló távoli állomány is megjelent: Fertőrákosi öböl, Herlakni-tó, Rucás öböl.

A káka foltok felvételezése GPS pontmeghatározással történt, ezen adatokat később egy térinformatikai adatbázisba összegeztem. Ezen adatbázis alapján egy tematikus térképet hoztam létre ami bemutatja a faj foltjainak elhelyezkedését, nagyságát, sűrűségét és virágzati adatait.

Adataimat összevettem a 2007-es és a 2008-as adatokkal, ami alapján kijelenthetjük, hogy míg korábban az állományok fő darabszámait a nagy méretű foltok adták (4,5,6 méretűek), addig 2016-ban a foltok 70%-át adták ki az első három kategória méretű foltok. A változás oka lehet a terjedési stratégiája a fajnak, valamint a korábbi nagy méretű foltok feldarabolódása, melyre korábban már utaltam is.

Ahogy a korábban történt vizsgálatnál így, most is a Kőbokor környékén van a legnagyobb Fertő tavi állomány, ez után következik a Püspök-tavi majd a Gémes-tavi állomány, és végül a stabilnak nevezhető állományok sorában a Hidegségi-tóban lévő az utolsó.

Jelentős változatosságot figyelhetünk meg területenként, mind a foltok területében, sűrűségében és virágzati viszonyaiban is, ezért kimondható, hogy Fertő tavi állomány stabilnak tekinthető.

FLORISZTIKA, CÖNOLÓGIA

TÓTH ANNA

Természetvédelmi mérnöki BSc

Nyugat-magyarországi Egyetem

Erdőmérnöki Kar

Témavezető:

Korda Márton

egyetemi tanársegéd, NYME EMK

A Kistóalmi-láprét vegetációjának változása az elmúlt 18 évben

Jelen dolgozat célja a Kistóalmi-láprét aktuális vegetációjának felvételezése, Király Gergely és Bölöni János 1998-ban elvégzett felmérésének (KIRÁLY – BÖLÖNI, 1998) módszertanával megegyező módon. Elsődleges cél a két felmérés eredményeinek összevetése, és ez által a lápréten történt változások meghatározása, azok értékelése és az eredmények függvényében egy kezelési terv kidolgozása, amely a terület kiemelkedő értéket képviselő növényvilágának hosszú távú fennmaradását elősegíti.

A dolgozat első három fejezetében ismertetem a mintaterület adottságait, a kutatás- és használat történetét. Ezen információk lényegesek az eredmények értelmezése és a megfelelő összefüggések feltárása szempontjából. Ebben a fejezetben térek ki az általam végzett kutatás módszertanára és részleteire is. A negyedik fejezet alatt a kutatás eredményeit mutatom be, valamint az alapul szolgáló felvételezés (KIRÁLY – BÖLÖNI, 1998) eredményeivel történő összehasonlítás után ismertetem a számszerűsített változásokat. A nád és a nagy szittyó jelentős mértékű előretörése és az értékes fajok állományainak csökkenése a láprét erőteljes leromlását támasztják alá. Ezen változások a terület kezelésére vezethetők vissza. A záró fejezetben a láprét természetvédelmi szempontból megfelelő kezelésére teszek javaslatokat, melyek igazodnak a láprét értékes fajainak igényeihez, illetve életmenetükhöz, és a terület értékeinek hosszú távú fennmaradását szolgálják.

GENETIKA I.**BENKŐ PÉTER**

Biológia BSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar*Témavezető:
Lőrincz Péter
egyetemi tanársegéd, ELTE TTK***A *Drosophila* Rab2 szerepe az autofagoszóma- és endoszóma-érésben**

Endocitózis során a sejt a környezetéből vesz fel anyagokat, míg az autofágia a saját anyagainak lebontására szolgál. Az így képződő endoszómák és autofagoszómák egy érési folyamaton esnek át, amelynek végén lizoszó mákká alakulnak. Minden sejten belüli vezikula sorsát Rab családba tartozó kis GTP-ázok szabályozzák. A lizoszómák autofagoszómákkal és késői endoszómákkal történő fúziójában a Rab7 fehérje játszik szerepet a HOPS pályvázókomplexszel való kölcsönhatása révén. Újjonnan azonban a Rab2-t is HOPS-interakciós partnereként azonosították, amelyről eddig csak az volt ismert, hogy az endoplazmatikus retikulum és Golgi-készülék közti transzportot szabályozza. A HOPS-szal való kölcsönhatása tehát arra utalhat, hogy nem kizárólag a Rab7 fontos az autolizoszóma és endolizoszóma-képződésben. Ezért ecetmuslicában létrehoztunk egy Rab2 nullmutáns vonalat, hogy a Rab2 funkcióit vizsgálhassuk. Kísérleteink során megállapítottuk, hogy Rab2 hiányában elmarad az autofagoszóma-lizoszóma és késői endoszóma-lizoszóma fúzió is, illetve ennek következtében sérül az autofág lebontás. A Rab2 mutáns állapotokban az autofagoszómák felhalmozódnak, és abnormális méretű késői endoszómák jelennek meg. A Rab2 túltermeltetett konstitutívan aktív formája ellenben növeli a lizoszómális fúziók mértékét. Ezek alapján kijelenthető, hogy a Rab2 a HOPS interakciós partnereként aktív szereplője az említett fúzióknak és fontos faktor az autofág lebontás zavartalan működésében.

GENETIKA I.

KOCSY KLAUDIA

Biológus MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Török Tibor**egyetemi docens, SZTE TTIK***A Karos-Eperjesszőg III. számú temető honfoglaláskori maradványainak mtDNS vizsgálata**

A régészeti maradványokból kinyerhető ásatag DNS (ancient DNA, aDNS) vizsgálata a modern DNS munkákkal összehasonlítva speciális körülményeket és módszereket igényel. A legnagyobb nehézséget az aDNS csekély mennyisége, erősen károsodott mivolta, valamint a modern humán DNS-sel való szennyeződés veszélye okozza. A DNS az emberi szövetek közül a hajban, csöves csontokban, foggyökérben és a halántékcsont koponyaalapi részében, a sziklacsontban őrződik meg legjobban. A mitokondriális DNS (mtDNS) vizsgálata egyszerűbb, mint a genomi DNS-é, mivel magas kópia száma miatt nagyságrendekkel jobb a megőrződése. Az mtDNS anyai ágon öröklődik, nem történik benne rekombináció, a markerek fizikailag kapcsolatosak, így szekvenciája kizárólag mutációkkal változik. A hipervariábilis régió (HVR) nem kódol géneket, csak szabályozó szerepe van, ezért ez a régió az mtDNS legváltozékonyabb szakasza. A mutációk által kialakított SNP-k (egy pontos nukleotid polimorfizmus) alapján az egyének haplocsoportokba, azon belül is haplotípusokba (egyedre jellemző szekvencia változatok összessége) sorolhatók. Az mtDNS szekvenciája alapján az anyai ágú felmenők leszármazási vonalaira, migrációjára lehet következtetni, az egyes változatok földrajzi helyhez és populációkhoz köthetők.

A felső-tiszai Bodroghözben található Karos-Eperjesszőg temető együttes rendelkezik a honfoglalók első generációjának eddig ismert leggazdagabb leletanyagával. Célunk a legkisebb, Karos-III. számú temető genetikai jellemzése volt, eredményeinkkel többek között a Lengyel Imre által paleoszerológiai módszerrel felállított rokoni kapcsolatokat kívántuk igazolni, vagy cáfolni. Munkánk során a temető 19 maradványát vizsgáltuk, és 17 leletből tudunk DNS-t kivonni. Ezek mitokondriális haplotípusát HVR-I és HVR-II mtDNS szakaszok szekvenálásával és a SNaPshot módszerrel határoztuk meg. A temető anyai vonalainak 30-40%-a Kelet-Közép Ázsiából származott, a többi általános eurázsiai elterjedtségű, de gyakorisági értékek alapján Kelet-Európa, a Közel-Kelet és a Kaukázus vidéke felé mutat. A karosi népesség ázsiai és európai eredetű populációk keveréke volt, illetve a rendelkezésre álló aDNS adatbázisokkal történő összehasonlítás alapján a keveredés leghamarabb i.e. 700 táján játszódhatott le Közép-Ázsia és Kelet-Európa sztyeppéin.

GENETIKA I.**KOVÁCS TAMÁS**

Biológia BSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Vas Virág**tudományos munkatárs, MTA TTK***A Tks4 állványfehérje vizsgálata mesenchymalis őssejt kultúrákban**

A Tks4 (tyrosine kynase substrate 4) molekula olyan állványfehérje, mely részt vesz az EGFR jelpályában, a podoszóma képzésben és a sejt migrációban, modulálja a reaktív oxigéngyökök képzését, és befolyásolja a zsír irányú elköteleződést. A Tks4 gén mutációja emberben egy veleszületett rendellenességet, a Frank-ter Haar szindrómát (FTHS) okozza, melyben csont, porc deformitások jelentkeznek. Noha a Tks4 számos funkciója ismert, mégsem térképezték meg fel szerepét a csont irányú differenciáció esetén. Ezért munkám során azt a célt tűztem ki, hogy megvizsgálom a Tks4 funkcióját a mesenchymális eredetű csontképződésben. Ehhez laboratóriumunkban előzőleg előállított Tks4 KO egerek csontvelőjéből izoláltam mesenchymális őssejteket (MSC). Áramlási citometria segítségével az MSC-k sejt felszíni molekuláit mértem. Az eredmények azt mutatták, hogy a vad és a Tks4 KO MSC vonalak negatívak CD44, CD73, CD90 és F4/80 markerekre, de kifejezik az Sca-1 őssejtmarkert, noha a Tks4 KO sejtek gyengébben pozitívak Sca-1-re. Ezután, *in vitro* csont irányú differenciációs kísérleteket végeztem és a sejt kultúrákban a kalcium felhalmozódást Alizarin vörös festéssel követtem nyomon. Azt figyeltem meg, hogy a Tks4 KO MSC-k nem halmoztak fel jelentős kalciumot, és a vad típustól eltérő rendezett sejt morfológiát mutattak. Eredményeim tehát arra utalnak, hogy a Tks4 szükséges a csont irányú differenciációhoz és az MSC-k differenciációs zavara okozhatja – legalábbis részben – a FTHS fenotípust.

GENETIKA I.

LAKATOS ZSOLT

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Lőrincz Péter**egyetemi tanársegéd, ELTE TTK*

A *Drosophila* Vps8 szerepe a korai endoszómák fúziójában

Az endocitózis olyan evolúciósan konzervált sejtbiológiai folyamat, mely során az eukarióta sejt a környezetéből anyagokat vesz fel. Ennek célja lehet a környezetben található szignál molekulák és receptoraik, tápanyagok, folyadékok felvétele, valamint káros anyagok és pusztuló sejtek bekebelezése is.

A Vps8 egy élesztőben leírt fehérje, mely a CORVET komplex egyik tagja. A komplex feladata a korai endoszómák fúziója során két korai endoszóma egymáshoz pályvázása.

Munkám során először a Vps8 *muslica* homológjának expressziós mintázatát és sejtszintű lokalizációját vizsgáltam. Azt találtuk, hogy a Vps8 a legerősebben a *muslica* garland nefrocitáiban és véresejtjeiben fejeződik ki. Továbbá ezekben a sejtekben a Vps8 a korai endoszómákra lokalizál.

Előállítottam egy Vps8 nullmutáns allélt a CRISPR/Cas rendszer segítségével, majd immunfluoreszcens módszerekkel megállapítottam, hogy a Vps8 mutáns állatokban a garland sejtekben a késői endoszómák mérete szignifikánsan csökken. Ezt az eredményt elektronmikroszkópos vizsgálattal is megerősítettük. Ezek mellett sérül bizonyos jelölőanyagok lizoszómákba történő szállítása ezekben a sejtekben. Ezen felül mutáns állatokban megnő a véresejtek száma és melanotikus tumorok is kialakulnak bennük.

A fenti kísérletek alapján azt találtuk, hogy a Vps8 a magas endocitotikus aktivitással rendelkező sejtekben a korai endoszómák homotipikus fúziójának elősegítésén keresztül felel a normális méretű késői endoszómák kialakulásáért és lizoszómákkáéréséért.

GENETIKA I.**SÁNDOR GYÖNGYVÉR ORSOLYA**

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Juhász Gábor**tudományos főmunkatárs, ELTE TTK**Dr. Nagy Péter**tudományos munkatárs, ELTE TTK***Az Atg16 szerepe a bélhomeosztázis fenntartásában**

A gyulladásoos bélbetegségek, mint a Crohn-betegség manapság intenzíven kutatottak, hiszen több millió embert érintenek. Az egyik leggyakoribb betegségre hajlamosító genetikai rizikó faktor az Atg16ll gén mutációja. Az ATG16 szükséges az autofágia normális működéséhez, ami a sejtek általános stresszvédelmi folyamata. A betegség kialakulását általában az autofágia rendellenes működésével szokták magyarázni, de valószínű, hogy az Atg16-nak egyéb funkciói is léteznek. Munkám során *Drosophila melanogaster*-ben vizsgáltam az Atg16 mutációjának hatását. Különböző mutáns törzsek vizsgálata során kiderült, hogy az Atg16 autofágiától független funkciói szükségesek a megfelelő bél homeosztázis fenntartásához. Igazoltam továbbá, hogy a humán bélben található Paneth-sejteknek funkcionálisan megfeleltethető muslica enteroendokrin sejtek differenciálódása hibás. Bizonyítottam, hogy a differenciálódási hibát a Slit-Robo jelátvitel rendellenes működése okozza. Az enteroendokrin sejtek által termelt Slit szintje drasztikusan lecsökken bizonyos Atg16 mutánsokban, így nem gátolja az őssejtek felszínén lévő Robo2 receptorokhoz kapcsolódva az enteroendokrin differenciálódási útvonalat. Mivel a Slit gén megváltozott működése is gyakori rizikó tényező gyulladásoos bélbetegségek kialakulását tekintve, ezért az Atg16 és a Slit között felismert kapcsolat remélhetőleg tovább segíti a betegség kialakulásához vezető folyamatok megértését.

GENETIKA I.

SUTUS ENIKŐ

Biológus MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Pirity Melinda Katalin**tudományos főmunkatárs, MTA SZBK***A retinsav jelátviteli útvonal vizsgálata rybp null mutáns neurális sejt kultúrában**

Dolgozatom egy polikomb családba tartozó fehérje, a „Ring1 és Yy1 kötő fehérje” (Ring1 and Yy1 Binding Protein; röviden: Rybp) retinsav jelátviteli folyamat szabályozásában betöltött szerepét vizsgálja. A retinsav egy A-vitamin származék, mely *in vivo* nélkülözhetetlen az idegrendszer fejlődéséhez, *in vitro* növeli a neurális irányba történő differenciáció hatékonyságát. Munkám kiindulópontjául egy korábbi megfigyelésünk szolgált: az Rybp csökkent dózisa súlyos zavarokat okoz az egér embrionális fejlődésben (pl. az agykéreg rétegződésének rendellenessége) és hiányában az érett neurális sejt típusok kialakulása defektust szenved.

Kísérleteim során összejt alapú *in vitro* differenciálási módszert alkalmaztam, melyhez a vad típusú (rybp+/+) és rybp null mutáns (rybp-/-) egér eredetű embrionális összejteket retinsav segítségével neurális irányba differenciáltattam. A folyamat során az embrionális összejteket szuszpenziós kultúrában aggregáltattam embrionális testekké és 4.-8. napig retinsavat adtam a tenyésztőmédiához, majd a 8. napon disszociáltattam a sejteket és egysejtréteg kultúrában növesztettem tovább. A differenciáció kísérletek során mintát vettem a 0, 3, 7, 10 és 14 napokon és kvantitatív valós idejű polimeráz láncreakció (qRT-PCR) segítségével vizsgáltam a retinsav szignalizáció egyes elemeinek relatív génexpressziós változását. Az összejtek differenciációja során kialakuló embrionális testek morfológiáját is vizsgáltam retinsav jelenlétében, valamint hiányában.

A retinsav a gének promóter régiójában található “retinsav reszponzív elemeken” (RARE) keresztül képes ezen gének expressziójának aktiválására. Az egyik ilyen a Pax6, amely egy korai neurális marker és kulcsfontosságú transzkripciós faktor, mivel a neurális összejtek képződését indukálja. Kísérleteim során immuncitokémiával (ICC) vizsgáltam a Pax6 fehérje kifejeződésének mértékét retinsav jelenlétében, valamint hiányában.

Megfigyeltem a mutáns sejtekben a retinsav hatására kifejeződő faktorok (Pax6, Stra6) megemelkedett expresszióját, a retinsavat a sejtmagba szállító komplextagok (Crabp) magasabb szintjét és fokozott mértékű retinsavlebontra utaló expressziós változást (Cyp26), ez alapján feltételezhető, hogy a rybp null mutáns sejtekbe több retinsav jut be, így megváltozik a retinsav anyagcseréjük. Ezek alapján megállapítható, hogy az Rybp hiányában a retinsav jelátviteli útvonal módosul, ami hatással van a retinsav szabályzás alatt álló gének expressziójára, ezáltal a differenciáció folyamatára.

GENETIKA I.

SZABÓ VIKTÓRIA

Biológus MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Pirity Melinda Katalin

tudományos főmunkatárs, MTA SZBK

Az rybp gén szerepének vizsgálata a kontraktilis szívizom kialakulásában

A szív- és érrendszeri megbetegedések hátterében gyakran genetikai mutációk állnak, melyek nagyrészt még ismeretlenek. Laboratóriumunk egyik fő kutatási célpontja egy, a polikomb csoportba (Polycomb Group; PcG) tartozó Rybp fehérje (Ring1- and Yy1-Binding Protein) szív irányú differenciációban betöltött szerepének megismerése. Csoportunk korábban kimutatta, hogy az Rybp a szívben kifejeződik, azonban szerepe ismeretlen maradt. Dolgozatomban az Rybp kontraktilis szívizom kialakításában betöltött szerepét vizsgáltam. Kísérleteimhez egér őssejt alapú in vitro differenciáltatási módszert alkalmaztam, melynek során a vad típusú (rybp+/+) és rybp null mutáns (rybp-/-) egér embrionális őssejteket 7, 12, 14, 21 és 28 napon keresztül szívizom irányba differenciáltattam és jellemeztem. A differenciáció során szívizomtelepeken a kontrakciós képesség elemzésére Ca²⁺-tranzien és sejtrövidülés méréseket végeztem (fluoreszcens és videó-követéses technikával), majd a struktúrgének relatív génexpressziós szintjét kvantitatív valós idejű polimeráz láncreakcióval; a fehérje kifejeződés mértékét és térbeli mintázatát pedig immuncitokémiával vizsgáltam. Az eredmények arra utalnak, hogy a vad típusú őssejtek képesek ritmikusan összehúzódó (kontraktilis) szívizomtelepeket létrehozni, míg az rybp null mutáns sejtelepek kontrakcióra képtelenek. Megfigyeltem, hogy a mutánsban a szívizomsejtekre jellemző szarkomer struktúra nem alakult ki, a szarkomer struktúrgének expressziója lecsökkent, illetve lokalizációjuk eltért a vad típustól. Továbbá kimutattam, hogy egy, a szív irányú elköteleződésben kiemelten fontos fehérje, a Plagl1 (Pleomorphic adenoma gene-like 1) transzkripció faktor Rybp hiányában nem termelődik. Végezetül, mivel mind az Rybp, mind pedig a Plagl1 fehérjéknek fontos szerepük van a sejtek proliferációjában és apoptózisában, összehasonlítottam a két sejtvonal sejtciklusát és apoptózist fluorezcencia aktivált sejtválogatás segítségével, 5-bromo-2'-deoxyuridine és propidium-jodid jelölést használva. Vizsgálataim rámutattak, hogy Rybp hiányában a differenciáció során kevesebb sejt tartózkodik G1 és több S fázisban, továbbá megemelkedett az apoptózis szintje. Mindezek arra utalnak, hogy az Rybp és a Plagl1 egy közös útvonal tagjaiként vesznek részt a szívizom irányú differenciációban. A leírt eredmények hozzájárulhatnak a veleszületett szívbetegségek megértéséhez és segítséget nyújthatnak az őssejt-alapú terápiák alkalmazásához a szívizomszövet-regenerációban.

GENETIKA I.

SZARKA-KOVÁCS ALEXANDRA BRIGITTA

Biológus MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Jankovics Ferenc

tudományos főmunkatárs, MTA SZBK

A small ovaries, egy új cisztaössejt faktor vizsgálata *Drosophila* herében

Az össejtek folyamatosan, szabályozott módon osztódó sejtek, melyek általában egy speciális mikrokörnyezetben, az össejt niche-ben helyezkednek el. A *Drosophila* heréjében kétféle össejt található: ivarvonal-össejtek (GSC) és a cisztaössejtek (CySC). A GSC-k goniáblasztokat, a CySC-ek pedig cisztasejteket termelnek, melyek körülveszik a képződő goniáblasztokat. Az össejtniche-t a szomatikus sapkasejtek által beindított JAK/STAT és TGF- β jelutak tartják fenn, melyek a GSC-k és CySC-k fennmaradását differenciációjuk megakadályozásával biztosítják. Előzetes vizsgálataink megmutatták, hogy a small ovaries (sov) gén szerepet játszik az ivarsejt képzésben. A sov a *Drosophila* X kromoszómáján található, a róla átíródó fehérje számos Zn-finger motívumot és egy NLS-t tartalmaz. A sov mutáns hím legyek életképtelenek, azonban a hipomorf sov2 allél a hímekben szemisterilitást eredményez. Célunk annak kiderítése, hogy a sov milyen szerepet játszik a hímivarsejtek kialakulásában, a here melyik sejt típusban működik, és az ivarsejtképzés melyik lépésénél fejt ki a hatását. A sov null-mutáns niche-ekben elszaporodnak a GSC-szerű sejtek, ami arra utal, hogy a sov a GSC-k differenciációjához szükséges. A sov gént különböző sejt típus-specifikus meghajtó elemmel csendesítve kimutattuk, hogy a Sov-ra a CySC-ekben és a cisztasejtekben van szükség, tehát nem sejt-autonóm módon hat a GSC-k differenciációjára. Különböző korú hímek heréjének vizsgálatával kimutattuk, hogy a sov az egyedfejlődés első lárvális stádiumától kezdődően, a CySC-ek életben tartásához szükséges. Genetikai episztázis vizsgálatokkal határoztuk meg, hogy a sov az össejtek differenciációját szabályozó jelutak melyik lépésére hat. Kimutattuk, hogy a sov a dpp aktivitás kiterjedését szabályozza, de a JAK/STAT jelút működését nem befolyásolja. Genomi fozmid konstrukton jelölt sov transzgén használatával meghatároztuk a sov expressziós mintázatát. Megmutattuk, hogy a sov a lárvális és az adult herék niche-ének minden szomatikus sejtjében és ivarsejtjében kifejeződik. Kimutattuk, hogy a sov a pozíció-effektus variegáció szupresszora, tehát kromatin-regulátorként hat. Mindezek alapján elmondhatjuk, hogy a sov a CySC-ek fennmaradását a kromatin szerveződésének szabályozásán keresztül biztosítja. A Sov a CySC-kben hatva, a TGF- β aktivitás kiterjedésének beállításával, nem sejt-autonóm módon irányítja a GSC-k differenciációját.

GENETIKA I.**SZINYÁKOVICS JANKA**

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar*Témavezetők:**Kovács Tibor**tudományos segédmunkatárs, ELTE TTK**Prof. Dr. Vellai Tibor**tanszékvezető egyetemi tanár, ELTE TTK***A *Drosophila* MTMR14 ortológ EDTP szerepének tanulmányozása az öregedésben és a neurodegeneratív betegségmodellekben**

Az öregedési folyamatot a sejtes károsodások életkorral történő felhalmozódása okozza. Az autofágia (sejtes önemésztés) egy sejtvédő mechanizmus, melynek aktivitása az életkor előrehaladtával fokozatosan csökken. Ez a változás hozzájárulhat a sejtes károsodások (pl. oxidálódott, letekeredett, aggregálódott fehérjék) felhalmozódásához, amely a sejtek funkcióképességének leromlását, végül pusztulását okozhatják. Számos neurodegeneratív betegség jellemzője a fehérje aggregátumok képződése a neuronokban, amelyek különböző idegrendszeri diszfunkciókhoz vezethetnek. Ezért az autofágia tanulmányozása orvosi biológiai szempontból is nagy fontossággal bír. Az öregkori neurodegeneratív betegségek potenciális kezelési módja lehet az autofágia aktivitásának fokozása. Egyik lehetséges gyógyszer célpont csoportot a miotubularin típusú (MTMR) foszfatázok alkotják, amelyek az autofágiát negatívan szabályozzák (a gátló gátlásán keresztül fokozható tehát az autofágia). Az egyik ilyen MTMR foszfatáz az MTMR14 (Jumpy-nak is nevezik), amely a PtdIns-3K-zal antagonizál, ezáltal gátolva az autofágiát sejtes stressz-körülmények során. A *Drosophila* genom egyetlen MTMR14/Jumpy fehérjét kódol, az EDTP-t. Kutatásom során az EDTP öregedésre (élettartamra) és neurodegeneratív folyamatok kialakulására és előrehaladására gyakorolt hatását vizsgáltam. Eredményeim alapján elmondható, hogy az EDTP expressziója az agyban (a protocerebrum területén) életkor-függő módon növekszik. Továbbá a fehérje farmakológiai gátlásával csökkenthető a Parkinson kórra jellemző dopaminerg neuronok pusztulása. Ezek az eredmények azt sugallják, hogy az EDTP egy új öregedési szabályozó faktor, valamint hogy az MTMR14-szerű foszfatázok ígéretes gyógyszer-célpontot alkotnak számos neurodegeneratív betegség kezelésében.

GENETIKA I.

TAGSCHERER KINGA

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Prof. Dr. Vellai Tibor

tanszékvezető egyetemi tanár, ELTE TTK

Két myotubularin foszfatáz autofágiában betöltött szerepének összehasonlítása *Drosophila melanogaster*-ben

Az autofágia az eukarióta sejtek konzervált, lizoszóma-függő lebontó folyamata, amely során a citoplazmában található károsodott vagy feleslegessé vált fehérjék és egyéb sejtalkotók autofagoszómákba csomagolódnak, majd az ezekből keletkezett autolizoszómákban enzimatikusan lebomlanak. A folyamat során képződött molekuláris építőkövek a felépítő folyamatokban hasznosulhatnak újra. Az autofágiának fontos citoprotektív szerepe van, illetve részt vesz az egyedfejlődés és az öregedési folyamat szabályozásában. Számos degeneratív humán betegség kialakulását az autofágia defektusával hozták kapcsolatba. Az autofagoszómák kialakulásához egy speciális membrán komponens, a foszfatidil-inozitol 3-foszfát (PI3P) szükséges. A PI3P mintázat kialakításában kinázok mellett részt vehetnek myotubularin foszfatázok (MTM) is. A humán MTM géncsalád *Drosophila melanogaster* ortológjai közül a CG3530 és az EDTP autofágiára gyakorolt hatásának összehasonlító vizsgálatát tűztem ki célként lárvális zsírtestben, táplált és éhező körülmények között. A kísérletek során CG3530 és EDTP mutáns és géncsendesített genetikai háttérben a PI3P mintázatot és az autofág folyamatot fluoreszcens riporter konstrukciókkal és vitális festéssel vizsgáltam. A két gén inaktiválása eltérő mértékben változtatta meg a PI3P riporterrel jelölt struktúrák mennyiségét és lokalizációját. Az autofág markerekkel kapott eredmények alapján mindkét MTM hiánya az autofág struktúrák mennyiségének növekedését okozta. Táplált körülmények között főként az EDTP, míg éhezés során mindkét gén defektusa esetén tapasztaltunk változást. Az MTM típusú foszfatázok tehát differenciáltan szabályozzák az autofágia folyamatát standard és stressz-körülmények során.

GENETIKA I.**VÁSÁRHELYI ZSÓFIA**

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Patócs Attila**egyetemi docens, SE ÁOK***A mellékvesekéreg-karcinóma szteroid bioszintézisének módosulása mitotán és 9-cisz-retinsav hatására**

Az adrenokortikális karcinóma (ACC) ritka malignus daganat. Hormonális aktivitása elsősorban a glukokortikoid és az androgén hormonok szekrécióját érinti. Kezelési lehetőségeink szűkösek. Az adjuváns terápiák adrenolitikus gyógyszere a mitotán, illetve újabban a 9-cisz-retinsav.

Munkánk során célunk volt a mitotán és a 9-cisz-retinsav hatásának vizsgálata a szteroid bioszintézis egyes útvonalaira és az ennek háttérében álló génexpressziós változások feltárása, humán mellékvesekéreg sejtvonalban.

Vizsgálatainkat *in vitro* humán mellékvesekéreg-karcinóma sejtvonalon végeztük. A hormonok koncentrációját nagynyomású folyadékkromatográfiát követő tömegspektrometriai módszerrel, a génexpressziós változásokat kvantitatív valós idejű PCR-rel mértük.

A mitotán és a 9-cisz-retinsav is hatékonyan csökkentették a szteroid bioszintézis útvonalak végpontjainak koncentrációját. A mitotánnal ellentétben a 9-cisz-retinsav több intermedier szintjét megemelte. A mitotán csökkentette a szteroidképződés génjeinek expressziós szintjeit, míg a 9-cisz-retinsav hatása eltérő volt az egyes gének esetén.

A 9-cisz-retinsav a mitotánhoz hasonlóan antiandrogén hatású. Ez a hormonútvonalak végpontjainak és egyes enzimek génexpressziós szintjének gátlásában is megjelenik. A 9-cisz-retinsav indukálta hormonszekréciós és génexpressziós változások támogatják a feltételezést, hogy a szer az ACC kezelésében hatóanyagként alkalmazható.

GENETIKA I.

VINCZE KATALIN

Biológia BSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Réthelyi János

tanszékvezető egyetemi docens, SE ÁOK

22q11.2 mikrodélációk vizsgálata multiplex ligációs alapú próba amplifikáció (MLPA) módszerrel a magyar szkizofrénia biobank mintáin

Munkám célja a 22q11.2 deléciónak (22q11.2DS) előfordulási gyakoriságának vizsgálata Semmelweis Egyetem Pszichiátriai és Pszichoterápiás Klinika biobankjában szereplő, szkizofréniával diagnosztizált páciensek mintái között.

A szkizofrénia genetikai hátterére 0,8 körüli heritabilitás jellemző, és többféle típusú genetikai variációnak lehet jelentősége a betegség kialakulásában: ilyenek a gyakori variánsok, az egynukleotidos polimorfizmusok (SNP) és a ritka variánsok, elsősorban a gén kópiaszám változatosság (CNV). Ez utóbbiak néhány Mb méretű mikrodélációk vagy mikroduplicációk.

A 22q11.2 hemizigótadeléciónak a leggyakoribb szkizofréniához köthető CNV, amely korábbi vizsgálatok alapján a betegek 1%-ban fordul elő (Normál populációban gyakorisága 1:4000-2000 élvészüléseket vizsgálva). Rendkívül magas, 5-20% közötti annak az esélye, hogy az ilyen deléciónal rendelkező személynél szkizofrénia alakul ki.

A többi CNV-hez hasonlóan ennek a deléciónak is pleiotropikus a hatása, fejlődési rendellenességekkel, neuropszichiátriai fenotípusokkal járhat. Az eltérő formákat különböző szindrómákként írták le, ezek közül a legismertebb a DiGeorge szindróma.

Vizsgálatunkhoz PCR alapú technológiát, az MLPA-t választottunk, mely több szempontból előnyösebb, mint a diagnosztikában használt FISH. Munkámban arra keresem a választ, hogy a rendelkezésre álló magyar páciensek mintáiban a nemzetközi publikációkhoz hasonló gyakoriságot mutat-e a 22q11 CNV. Ezen kívül szeretném bemutatni a választott módszer előnyeit.

GENETIKA II.

ALMÁSI ÉVA TERÉZ

Biológia MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:

Dr. Krizsán Krisztina

tudományos munkatárs, MTA SZBK

Dr. Nagy László

tudományos főmunkatárs, MTA SZBK

Másodlagos egyszerűsödés, mint alternatív diverzifikációs lehetőség vizsgálata gombákban

Az evolúció során számos diverzifikációs esemény vezethető vissza a leszármazási vonalak másodlagos egyszerűsödésére, ilyen például az egysejtű élesztők konvergens megjelenése komplexebb, fonalas ősektől. Evolúciós események modellezésére alkalmasak olyan élőlények, melyek ontogenezise során morfológiai komplexitásbeli változás következik be, amit felfoghatunk az adott struktúra kialakulásának evolúciós modelljeként. Így az egyszerű soksejtű vegetatív micéliumból komplex soksejtű termőtestet képző gombák fejlődési állapotainak komparatív transzkriptomikai analízise fényt derít arra, hogy mely gének vesznek részt a korábbi állapothoz képest bonyolultabb struktúrák kialakításában. A komplex soksejtűség megjelenésében kulcsfontosságúnak bizonyultak a regulátor gének repertoárjában történő változások – főleg új transzkripciós faktor (TF) családok megjelenése és bővülése.

A *Schizophyllum commune* a bazídiumos gombák Agaricales rendjének morfológiailag másodlagosan egyszerűsödött képviselője. Munkám során irodalmi adatok segítségével azonosítottam a *S. commune* transzkripciós faktorait. További 29 termőtest-képző gomba faj összes fehérje szekvenciáinak klaszterezését követően azonosítottam a transzkripciós faktorokat tartalmazó klasztereket, melynek segítségével az egyes klaszterek kópiaszámait hasonlítottam össze komplex termőtest-képző és másodlagosan egyszerűsödött fajok között. Két másodlagosan egyszerűsödött gomba faj (*S. commune*, *A. ampla*) és egy komplex termőtest képző gomba faj (*C. cinerea*) 5, 5, illetve 6 fejlődési állapotának három-három biológiai ismétléséből RNS-szekvenálással készített transzkriptomból elkülönítettem a fejlődésben ténylegesen szerepet játszó transzkripciós faktorokat. Ezt követően megvizsgáltam a fejlődésben szerepet játszó transzkripciós faktorok expressziós dinamikájának sajátosságait, illetve a faj specifikus transzkripciós faktorok arányát és fejlődésben betöltött lehetséges szerepét.

Összegezve, eredményeim hozzájárulnak a másodlagos egyszerűsödés evolúciós mechanizmusainak megértéséhez, illetve az egyszerűsödött morfológiával kapcsolatba hozható transzkripciós faktorok kópiaszám változások felderítéséhez.

GENETIKA II.

APJOK GÁBOR

Biológus MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:

Dr. Csörgő Bálint

posztdoktor kutató, MTA SZBK

Dr. Pál Csaba

tudományos főmunkatárs, MTA SZBK

Az antibiotikumokkal szemben hiperrezisztens kórokozók evolúciójának megértése a szintetikus biológia eszköztárán át

A többféle antibiotikumnak ellenálló patogén baktériumfajok gyors előretörése ellenére nem tudunk eleget az evolúciójukat irányító folyamatokról. Vajon a különböző kórokozók hasonló úton fejlesztik ki rezisztenciájukat? Hogy megválaszoljuk ezt a kérdést, egy új génszűréses módszert, a pORTMAGE-t használtuk fel. Kutatásunk során beillesztettünk 11, antibiotikum rezisztenciát okozó pontmutációt két, egymástól evolúciósan távoli fajba *Escherichia coli*-ba és *Salmonella enterica*-ba, majd megmértük azok hatását a különböző antibiotikumokkal szembeni érzékenységre. Kimutattuk, hogy a mutációk az esetek 90%-ban hasonló mértékben befolyásolták az ellenállóképeség kialakulását a két fajban. Meglepő módon azonban az eredmények 10%-ka azt jelzi, hogy a mutációk antagonisztikus hatással bírtak a két faj között; az egyik fajban növelték a rezisztencia mértékét, míg a másikban érzékenységet okoztak az adott antibiotikummal szemben. Eredményeink rámutatnak a tényre, hogy ha kórokozó fajok antibiotikummal kerülnek szembe, a mutatott adaptálódás mikéntje erősen függ azok genetikai hátterétől. Munkánk demonstrálja a fajspecifikus antibiotikumterápiák kidolgozásának fontosságát.

GENETIKA II.

BIRÓ JÁNOS BARNABÁS

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Barna János

tudományos segédmunkatárs, ELTE TTK

A HSF-1 életkor függő szerepe a fonálféreg *Caenorhabditis elegans* stressz tűrésében

A környezeti stressz fehérjekárosító hatásainak kivédésére számos védelmi mechanizmus alakult ki az élőlényekben. Ilyen védekező mechanizmus a hősokk válasz, melynek mesterregulátora *Caenorhabditis elegans*-ban a hősokk transzkripció faktor HSF-1. Ez az eukariótákban konzervált transzkripció faktor chaperonok expressziójának aktiválásán keresztül segíti a károsodott fehérjék térszerkezetének helyreállítását. Továbbá a sejtek proteosztázisának fenntartása révén fontos szerepe van az öregedésben, és az időskori neurodegeneratív megbetegedésekben. Humán ortológjának szerepét számos ráktípusban kimutatták. Szerteágazó feladatai ellenére azonban még a legalapvetőbbnek tartott funkciója: a hőstressz válaszban betöltött szerepével kapcsolatban is igen komoly ellentmondásokkal találkozunk a szakirodalomban. Munkám során elsősorban ezeket az ellentmondásokat kívántam tisztázni, klasszikus és modern genetikai eszközök alkalmazásával, hogy kellő alapot kapjunk a HSF-1 egyéb folyamatokban játszott szerepének megértéséhez.

GENETIKA II.

BODNÁR VERONIKA

Biológia BSc

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

Témavezetők:

Gálné Dr. Miklós Ida

egyetemi docens, DE TTK

Madar Anett

tudományos segédmunkatárs, DE TTK

**Mediátor alegységet kódoló sep10 gén deléziós alléljának ellenőrzése és vizsgálata
Schizosaccharomyces pombe hasadó élesztőben**

A Genetikai és Alkalmazott Mikrobiológiai Tanszéken a munkám során a Mediátor komplex egyik alegységét, a *Schizosaccharomyces pombe* hasadóélesztő sep10/med31 nevű génjét vizsgáltuk. Célunk a gén funkciójának részletesebb megismerése volt. Ezért létrehoztunk deléziós mutáns alléleket, mely segítségével fényt deríthetünk a gén egyes szakaszainak fontosságára és funkciójára. Azaz, a Sep10 protein egyes részeinek, doménjeinek pontosabb megismerése céljából csonkolt mutáns alléleket állítottunk elő. Munkám során ezen allélek egyikét, a sep10^{F2}-t vizsgáltam. Feladatomból volt a plazmid konstrukció ellenőrzése. Szerettem volna kideríteni továbbá, hogy a gén első 72 bp-jának hiánya befolyásolja-e a gén működését.

GENETIKA II.

JÁGER OLIVÉR

Biológus MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Csernetics Árpád

tudományos munkatárs, SZTE TTIK

A *Mucor circinelloides* izoprén bioszintézisében szerepet játszó gének csendesítése és funkcionális vizsgálata

Az izoprén származékok alkotják a természetben előforduló vegyületek egyik legnagyobb és mind felépítésüket, mind funkciójukat tekintve, legváltozatosabb csoportját. A csoport képviselői minden élőlényben megtalálhatók, közös jellemzőjük, hogy izoprén- (2-metil-1,3-butadién) egységekből épülnek fel. Ilyen vegyületek, többek közt a 40 szénatomos karotinoidok (pl. béta-karotin és likopin) vagy a 30 szénatomos szteránvázis vegyületek (pl. a gombák membránjában található ergoszterin). A különféle izoprén származékokat az ipar (elsősorban a gyógyszer-, kozmetikai, élelmiszer- és vegyipar) nagy mennyiségben használja. Gombákban (csakúgy, mint állatokban) a központi mevalonsav útvonal során képződnek azok az izoprén egységek, melyek kondenzációjával jön létre minden e csoportba tartozó vegyület alapváza.

Jelen kutatás célja a *Mucor circinelloides* járomspórás gomba, mint modellszervezet, terpén-bioszintézisét meghatározó és abban szerepet játszó gének azonosítása és jellemzése. Ennek során az általános mevalonsav-izoprén út lépéseire felelős enzimek, a HMG-KoA szintáz, mevalonsav kináz, difoszfomevalonsav dekarboxiláz, izopentenil-pirofoszfát izomeráz, farnezil-pirofoszfát és geranilgeranil-pirofoszfát szintáz kódoló génjeinek RNS alapú csendesítését terveztük megvalósítani.

Munkánk során elkészítettük a szükséges vektorkonstrukciókat és megkezdtük a transzformációs kísérleteket, valamint a transzformánsok részletes jellemzését. A difoszfomevalonsav dekarboxilázt és HMG-KoA szintázt kódoló gének esetében nyert transzformánsokkal elvégeztük a csendesített mutánsok növekedésének, makro- és mikromorfológiájának, valamint a spórák csírázóképeségének vizsgálatát. Emellett HPLC analízissel meghatároztuk az izolátumok karotinoid- és ergoszterin tartalmát. A gének csendesítése a karotin- és ergoszterintartalom csökkenéséhez és a hifák morfológiai megváltozásához vezetett.

GENETIKA II.

MÁRKUS RITA

Biológus MSc

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Stranczinger Szilvia
egyetemi adjunktus, PTE TTK**Dr. Kocsis Marianna
egyetemi adjunktus, PTE TTK***Az oltott és hagyományos dinnyefajták szövettani és genetikai összehasonlító vizsgálata**

A görögdinnye (*Citrullus lanatus*) a tökfélék családjába tartozik. Hazánkban a dinnyetermesztés igen nagy hagyományokra tekint vissza. A görögdinnye a harmadik legnagyobb felületen termesztett szabadföldi növény ma Magyarországon, 2010-ben körülbelül 1500 hektáron termesztettek oltott görögdinnyét. Az oltás az egyik legkorszerűbb technológiai újításának számít.

Kutatásunkban a kiválasztott görögdinnyefajták (Lady oltott és oltatlan) szár és levél szövettani metszeteit készítettük el és ezeken összehasonlító méréseket végeztünk. 2015-ben ugyanezen mintákból (Argentario, Lady oltott, Lady oltatlan) DNS-t izoláltunk, hogy RAPD módszerrel megvizsgáljuk nem csak a fajták, de az egyedek közötti genetikai különbségek mértékét. A szövettani vizsgálatok során kapott eredményeink kimutatták, hogy szerkezeti és méretbeli különbségek is megfigyelhetők az oltott és oltatlan egyedek között. Az oltatlan fajtánál 8 db szállítónyaláb figyelhető meg amelyek egy körben helyezkednek el, míg az oltottnál 10 db két körben elhelyezkedő nyaláb látható. T-próbával megállapítottuk, hogy az epidermisz ($p = 0,001064682$), a trachea ($p = 0,042259763$) és a külső hánca ($p = 0,016417412$) vastagsága szignifikáns különbséget mutat az oltott és oltatlan fajták között.

A genetikai vizsgálatok kimutatták, hogy szignifikáns különbség van a tök (Argentario) és a dinnyefajták között, valamint kimutatható különbségek vannak az oltott-oltatlan Lady fajták és egyedek között is.

Kutatásunk eredményei választ adtak azon kérdésre, miért életképesebbek az oltott fajták az oltatlanoknál. A lényegesen jobb tápanyag és vízszállítási mechanizmusok biztosítják az oltott dinnyék számára, hogy sikeresebbek legyenek. További vizsgálatokkal választ kaphatunk arra, hogy a kimutatott genetikai különbségek hogyan alakulnak ki és hogyan befolyásolják a növényeket fejlődésükben.

GENETIKA II.

PAPP ESZTER

Biológus MSc

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezetők:**Dr. Czeglédi Levente
egyetemi docens, DE MÉK
Simon Ádám
PhD-hallgató, DE MÉK***Referencia gének keresése a házityúk hipotalamuszában eltérő takarmányellátottság mellett**

A qPCR módszer normalizálásának leggyakoribb módja a referencia génekkel történő normalizálás, mely a minta előkészítése során elkövetett technikai hibák kijavításában segít. Ha nincs megfelelő módszerrel normalizálva az eredményünk, a gének közötti különbségek eltűnhetnek. Referencia génként a háztartási gének tagjait szokták alkalmazni, azonban ezeknek a géneknek a kifejeződésére is hatással vannak a kísérleti körülmények. A dolgozat célja 10 jelölt referencia gén stabilitásának vizsgálata volt különböző takarmányozási állapotok alatt. A következő géneket vizsgáltuk: ACTB, B2M, GAPDH, HMBS, LBR, POLR2B, RN18S, RPS17, TBP és YWHAZ. A géneket szakirodalom alapján választottuk ki, összesen 146 irodalmat néztünk át, amelyből 100 irodalom esetén csirke mintákkal dolgoztak és qPCR módszert alkalmaztak, 46 irodalom esetén pedig az előző feltételek mellett takarmánymegvonás is szerepelt a kísérletben. A három leggyakrabban alkalmazott gén mind a két esetben az ACTB, a GAPDH és az RN18S voltak. A géneket broiler csirkék hipotalamuszában vizsgáltuk. A hipotalamusz az étvágy szabályozás központja. Három vizsgálati csoportunk volt, egy ad libitum csoport, egy 24 órás takarmánymegvonásnak kitett csoport, és egy olyan csoport, ami a takarmánymegvonás után újra lett etetve. A hipotalamuszból RNS-t izoláltunk amit reverz transzkripció segítségével írtunk át DNS-é, a DNS-t pedig qPCR segítségével amplifikáltuk. A gének C_q értékei alapján szoftverek segítségével rangsoroltuk a géneket. Összesen öt szoftvert alkalmaztunk, melyek különböző algoritmusok alapján számolnak: BestKeeper, geNorm, NormFinder, Összehasonlító Ct (delta Ct) módszer és Chervoneva és mtsai (2010) módszere. A szoftverek segítségével számított sorrendeknek a mértani közepét véve újrarendeltük a referencia géneket, ami alapján a TBP és a POLR2B lett a legstabilabbnak tekinthető gén, a legkevésbé stabil gének pedig a B2M és az RN18S lettek. Szakirodalom alapján azonban az RN18S egyike a három leggyakrabban alkalmazott referencia génnek. A másik kettő leggyakrabban alkalmazott referencia gén az ACTB és a GAPDH, melyek a végleges sorrendünkben közép mezőnyben helyezkedtek el. Javasolt a referencia gének stabilitását ellenőrizni mielőtt kísérletek során alkalmaznánk őket.

GENETIKA II.**SZABADOS TAMARA**

Biológus MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Csabai Zsolt**PhD-hallgató, SZTE ÁO**Prof. Dr. Boldogkői Zsolt**tanszékvezető egyetemi tanár, SZTE ÁOK***Transzkripciós átfedések és a transzkripciós dinamika vizsgálata PacBio IsoSeq technikával**

A szekvenálási technikák intenzív fejlődésével egyre közelebb kerülünk ahhoz, hogy teljesen megértsük a bonyolult génexpressziós szabályozások összefüggéseit, mindazonáltal a jelenleg elterjedt újgenerációs szekvenálási technikák nagy része a rövid leolvasásokat preferálja, ami nem megbízható a transzkript izoformák elkülönítésében. Kutatómunkánk során a hosszú transzkriptek szekvenálásával vizsgáljuk a génexpressziós mintázatot vírusokban. Modellorganizmusokként a következő vírusokat használtuk: Herpesz szimplex 1 vírus (HSV-1), a vaccinia vírus (VACV), humán citomegalovírus (hCMV), az Aujeszky vírus (AyV), sertés circo vírus és sertés endogén retrovírus. RNS mintáinkat több, különböző időpontban megállított vírus fertőzött tenyészetekből tisztítottuk, melyekkel reverz transzkripciót végeztünk és az így kapott cDNS-ekből könyvtárakat készítettünk Pacific Biosciences RS II platform szekvenáláshoz. A transzkriptek mennyiségi méréséhez reverz transzkriptázzal kapcsolt kvantitatív PCR-t (RT-qPCR), a leolvasások térképezéséhez a SMRT Analysis szoftvert és GMAP-et, a vizualizációhoz IGV-t használtunk. Mindegyik általunk vizsgált vírus genomjában találtunk számos eddig nem azonosított transzkript izoformát, melyek közül sokan transzkripciós átfedést mutattak a szomszédos vagy távoli génekkel. Elsőként igazoltuk, hogy az egymolekulás szekvenáló technikák alkalmasak dinamikus transzkriptomok analízisére. Az újonnan leírt kölcsönhatások a génexpresszió szabályozásának egy új szintjét jelenthetik.

GENETIKA II.**SZEIFERT BEA**

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Egyed Balázs**egyetemi adjunktus, ELTE TTK***Filogenetikailag informatív SNP-k a kutya mitokondriális genomban**

Az általános emlős mitokondriális (mt) genomnak megfelelően a kutya mtDNS több mint 90%-a protein és RNS géneket kódol. A fennmaradó kisebb, kb. 1,2 kilobázis méretű, nem kódoló kontroll régió (KR) tartalmazza a hipervariábilis régiókat, melyek a kutya mtDNS polimorfizmusok (SNP) jelentős részét hordozzák. Eddigi eredmények alapján a kutyák nagy százaléka csupán a KR szekvenciák alapján egymástól nem különböztethető meg, ezért ezek a lokuszok azonosítási, leszármazási és filogenetikai szempontból kevésbé relevánsak. Mivel az igazságügyi genetikában gyakran vizsgálnak háziállat, így kutya mtDNS mintákat, szükség van ezen minták minél pontosabb meghatározására.

Laboratóriumunkban eddig 39 vegyes fajtájú kutya mtDNS KR szekvenciát határoztunk meg, melyek a hagyományos besorolás szerint 15 haplotípusba sorolhatók. 8 haplotípus unikális, a többi 7-be összesen 31 egyed tartozik. Figyelembe véve a leggyakoribb KR haplotípusokat, letöltöttem a GenBank adatbázisból elérhető teljes mtGenom szekvenciák legnagyobb részét (440 db), melyek tartalmazzák a hazánkban is leggyakoribb haplotípusokat. A genom szekvenciákat egymással illesztettem és megállapítottam a köztük levő rokonságot az SNP-k tipizálásával. A szakirodalomban eddig alkalmazott, csupán a KR szekvenciákon alapuló mesterséges besorolás helyett egy filogenetikai szempontú – több szerző által már javasolt –, a teljes mtGenomot figyelembe vevő osztályozást vezettem be a hazai mtDNS haplotípusokra.

Célom az volt, hogy az igazságügyi és filogenetikai szempontból releváns, megfelelő fokú polimorfizmust mutató SNP helyeket megtaláljam, és ezekre szelektálva egy hatékony multiplex reszekvenálási módszert fejlesszek ki a kutya mtGenomok jellemzésére és haplocsoportosítására, melynek segítségével megvalósítható az egyedek főbb haplocsoportokba való besorolása, ami megkönnyíti az igazságügyi genetikában való alkalmazásukat.

GENETIKA II.

SZILI PETRA ÉVA

Biológus MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:

Dr. Pál Csaba

tudományos főmunkatárs, MTA SZBK

Nyerges Ákos

PhD-hallgató, MTA SZBK

Átfogó antibiotikum rezisztencia-determináns vizsgálat klinikai kórokozókban

A természetes mutációs folyamatok lassúságuk okán gyakran nem alkalmasak az evolúciós jelenségek - például magas szintű antibiotikum rezisztencia kialakulásának - hatékony, laboratóriumi vizsgálatára. Azonban a szintetikus biológia eszköztára új lehetőséget kínál: a pORTMAGE (Nyerges, Á., Csörgő, B. et al. PNAS March 1, 2016 vol. 113 no. 9 2502-2507) módszere minden korábbi eljárásnál gyorsabban teszi lehetővé célzott mutációk létrehozását mikroorganizmusokban. A pORTMAGE módszerét használva munkámban egy enterobakteriális antibiotikum-rezisztencia kialakulásának folyamatát vizsgálom, laboratóriumi modell és klinikai Escherichia coli törzsekben. TDK-munkámban azt mutatom be, hogy miként lehetséges nagy áteresztőképességű vizsgálatok segítségével mutációk antibiotikum rezisztenciára gyakorolt hatását gyorsan, közvetlenül emberi megbetegedést okozó kórokozókban vizsgálni.

Munkám során olyan módszert dolgoztunk ki, aminek segítségével hatékonyan azonosíthatjuk azon mutációkat, melyek ténylegesen javítják a túlélést antibiotikum jelenlétében. A kísérleteim során sikerrel fedtem fel különbségeket egyazon faj két izolátumának mutációs profilja és az ezen mutációk által okozott antibiotikum rezisztencia mértéke között.

A mutációk hatásának eltérése két, egymástól kis evolúciós távolságra lévő törzs között komoly hatással van az antibiotikum rezisztencia-vizsgálatok klinikai alkalmazhatóságára. Vizsgálataink eredményei azt sugallják, hogy már igen közeli rokon baktériumtörzsek esetében sem feltétlenül biztosít elégséges információt egy laboratóriumi modelltörzssel végzett kísérlet a klinikumban lezajló jelenségekről.

GENETIKA II.

TAISZ ISTVÁN

Általános orvos

Simmelweis Egyetem

Általános Orvostudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Solti Csaba**egyetemi docens, SE ÁOK**Prof. Dr. Vellai Tibor**tanszékvezető egyetemi tanár, ELTE TTK***A kemoattraktáns benzaldehid hatása a DAF-16 stressz-indukált transzkripció faktor aktivációjára *Caenorhabditis elegans*-ban**

Minden élőlény alapvető szüksége a túléléshez, hogy adekvát választ adjon környezetére, azaz a kedvező hatásokhoz vonzódjon, a káros hatásokat elkerülje. A *Caenorhabditis elegans* fonálféreg relatíve egyszerű idegrendszere mégis komplex viselkedési mintái lehetővé teszik ennek a jelenségnek holisztikus vizsgálatát. A *C. elegans* számára az egyik legerősebben vonzó illatanyag a benzaldehid, amiről leírták, hogy tömény formában rövid ideig tartó attrakciót követően averzívvé válik. Munkánk során azt vizsgáltuk, hogy a tömény benzaldehidre létrejövő elkerülő viselkedés hátterében milyen mechanizmus állhat.

A férgek tömény benzaldehid gőzének kitéve azt tapasztaltuk, hogy dóziszfüggő módon paralyiszt és korai halálozást okozott, vagyis a tömény illatanyag súlyos károsodást okoz. Feltételeztük, hogy a szövetkárosító hatás aktiválja az élőlényt védő detoxifikációs és stresszválaszokat. A humán FoxO ortológ DAF-16 transzkripció faktor a sejtek stresszválaszának egyik mesterregulátora, szövetkárosodás hatására a sejtmagba transzlokálódik és szerepet játszik az oxidatív-, hő- és nehézfémstressz elleni védekezésben. A DAF-16::GFP transzgént kifejező törzset fluoreszcens mikroszkóppal vizsgálva megállapítottuk, hogy az averziót okozó koncentrációk dóziszfüggően indukálják a DAF-16 sejtmagi transzlokációját, és a transzkripció faktor aktivációja kisebb mértékű gravid korban, mint L4-es lárvákban. Emellett megfigyeltük, hogy a szövetkárosodásra adott méregtelenítési reakció jeleként a benzaldehid az öregedési folyamat során felszaporodó lizoszóma-rokon bélgranulomok (LRO) akkumulációját okozta, amik autofluoreszcens tartalmuk miatt vad-típusú állatokban is láthatóak.

Kézenfekvő, hogy a károsodás hatására létrejövő celluláris válaszok szerepet játszhatnak a károsodás észlelésében és az averzió kiváltásában. A DAF-16 egyik aktivátora a JNK-1, ami hősokk alatt foszforilációval fokozza a transzkripció faktor magba kerülését. Kezdeti méréseink szerint a jnk-1 mutáns törzs csökkent averziót mutat benzaldehyddel szemben. Jelen vizsgálataink a testi sejtektől az idegrendszer felé jelző illetve a neuronokban közvetítő további mechanizmusok felderítését célozzák, ami kiváltja az elkerülő viselkedést.

Eredményeink hozzájárulhatnak a toxikus hatásokra fellépő sejszintű válaszok és az adaptív elkerülő viselkedés alapvető kapcsolatának feltáráshoz.

GENETIKA II.

VARGA JÚLIA

Biológia MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Nagy Péter**tudományos segédmunkatárs, ELTE TTK***A lizoszómális lebontás szerepe muslica szomatikus őssejtek osztódásában**

Szinte minden gyógyszernek léteznek mellékhatásai. A chloroquine egy nem specifikus autofágia gátlószer, aminek mellékhatásaként megfigyeltek neuropszichiátriai elváltozásokat, valamint diarreát, ami az ideg-, és emésztőrendszer károsodására utal. Ismert továbbá, hogy számos gyógyszer mellékhatásként nem kívánatos, szabályozatlan szomatikus őssejt osztódást eredményez amellet, hogy célzottan akár gátolhatja is tumoros sejtek osztódását. A *Drosophila melanogaster* agy-, és bélőssejtjei kiválóan alkalmazhatók gerinces megfelelőik modellezésére, így ebben az organizmusban vizsgáltam meg a chloroquine hatását az őssejtek osztódására és az autofágiára. Chloroquine hatására az őssejtek osztódási aktivitása megnőtt, valamint az autofágia folyamata sérült. Eredményeimet genetikai tesztekkel erősítettem meg: őssejt-specifikusan gátoltam olyan géneket, melyek az autofágia, valamint a lizoszómális lebontás más-más szakaszában játszanak szerepet, és megvizsgáltam a sejtek osztódási aktivitását. Eredményeim alapján az autofágia kezdeti vagy legutolsó lépéseinek gátlásakor az őssejtek kevesebbet osztódnak, azonban ha az autofagoszóma-lizoszóma fúziót gátoltam, ami az autofagoszómák abnormális mennyiségű felhalmozódását okozza, akkor a sejtek mitotikus aktivitása megnőtt. Ez nagyban hasonló fenotípust eredményezett, mint amit a chloroquine-kezelés váltott ki.

HIDROBIOLÓGIA**BOZÓKI TAMÁS**

Hidrobiológus MSc

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezetők:**Gyulai István**egyetemi tanársegéd, DE TTK**Krasznai Eszter**fiatal kutató, MTA ÖK DKI TKO***Környezeti tényezők hatása a vízi makrogerinctelen közösségekre a Sajó-Hernád vízgyűjtő területén**

A Sajó és a Hernád folyók a Tisza egyik legfontosabb mellékfolyói. A múlt században megjelenő ipari tevékenységek nagyban befolyásolták a két folyó egész vízgyűjtőjének vízminőségét. A század végéhez közeledve a technológiai fejlesztések a vizek minőségének javulását is eredményezték. Célunk a két vízgyűjtő vízfolyásaiban előforduló makrogerinctelen közösségek taxonómiai összetételére ható abiotikus környezeti változók vizsgálata, valamint különböző élőlénycsoportok egymásra gyakorolt hatásainak vizsgálata. Ezért két vízgyűjtő területen 42 mintavételi pont végeztünk mintavételt, melyet az AQEM protokoll alapján végeztünk. A makrogerinctelen mintavétel mellett fitoplankton, makrofita és kovaalga mintavételek is történtek. Az adatainkat az abiotikus környezeti tényezők hatásainak vizsgálatához távolságalapú redundancia analízissel elemeztük, valamint Mantel-tesztet végeztünk a különböző élőlényközösségek egymásra gyakorolt hatásainak vizsgálatához. Az elemzések eredményeiből következtethetünk a makrogerinctelenekkel egy közösségben élő élőlények egymásra gyakorolt hatásaira, valamint környezeti igényeire, melyek befolyásolják elterjedésüket.

HIDROBIOLÓGIA

DOBROCSI PATRIK ANDRÁS

Biomérnök BSc

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezetők:**Dr. Antal László**egyetemi adjunktus, DE TTK**Nyeste Krisztián József**PhD-hallgató, DE TTK*

**A Szamos hazai szakaszán élő domolykók [*Squalius cephalus* (Linnaeus, 1758)]
fémakkumulációjának vizsgálata**

A Szamos évtizedek óta jelentős mennyiségű ipari, mezőgazdasági és bányászati eredetű szennyezéseknek van kitéve. Ezek közül kiemelkedő fontosságúak a nehézfémek, melyek a táplálkozási hálózat magasabb szintjein lévő szervezetekben, így a halakban nagyobb mennyiségben is képesek akkumulálódni. A felhalmozódás mértéke függ az adott faj ökológiai igényétől, táplálkozásától, valamint az egyedek méretétől és korától.

Vizsgálatunk célja, a domolykó táplálkozása az életkor előrehaladtával változik, ami alapján kor szerint három táplálkozási csoportra bontható. Az 1. csoportba kerülnek az elsősorban kova- és zöldalgákat, valamint zooplankton szervezeteket fogyasztó egynyaras (0+) ivadékok, a 2. csoportba főként makrogerincteleneket és kisebb részben még fito- és zooplankton fogyasztó (1+, 2+) egyedek, a 3. csoportba pedig az idősebb, ivarérett domolykók ($\geq 3+$) tartoznak, melyek a makrogerinctelenek mellett főként kétéltűekkel és halakkal táplálkoznak. Munkánk során arra kerestük a választ, hogy a Szamos hazai szakaszán élő domolykó eltérő táplálkozási csoportjai között kimutathatók-e különbségek az egyes fémek alapján, tapasztalható-e szervspecifikus feldúsulás a vázizomban, kopoltyúban és a májban, valamint a domolykó fogyasztása jár-e humán egészségügyi kockázattal.

A vizsgálatunkhoz szükséges halakat 2013 novemberében gyűjtöttük a Szamos csengeri szakaszán. A fémtartalmat a laboratóriumi feltárást követően Agilent Technologies 4100 típusú, mikrohullámú plazma-atomemisziós spektrométerrel (MP-AES) határoztuk meg.

Eredményeink alapján elmondható, hogy a fémkoncentráció alapján az eltérő táplálkozási csoportok és a szervek is jól elkülönülnek egymástól. A makroelemek (Ca, Na, K, Mg) biokémiai funkciójuknak megfelelő eloszlást mutattak. A nehézfémek (Fe, Cu, Mn, Zn, Pb) elsősorban a májban halmozódtak fel nagyobb koncentrációban. Egyes elemeknél (Mn, Zn, Sr) a kopoltyúban is nagyobb mennyiséget mértünk, melyek frissebb szennyezésekre utalhatnak. Emellett a hatályos Európai Unió előírásoknak megfelelően több esetben tapasztaltunk nehézfém-tartalom határértékének túllépését.

Vizsgálatunk rámutat, hogy a Szamosban élő domolykók különböző szöveteiben előfordulnak antropogén eredetű fémek, melyek meghaladhatják a megengedett egészségügyi határértéket.

HIDROBIOLÓGIA**HERMAN PETRA**

Környezettudomány MSc

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

Témavezető:

Dr. Baranyai Edina
egyetemi adjunktus, DE TTK**Zooplankton szervezetek vas és mangán felvételének vizsgálata modellkísérletek segítségével**

A kísérletem során a halak különböző expozíciós utakon történő tápanyagfelvételének tanulmányozásához szükséges előkísérleteket végeztem el. Az alacsonyabb rendű élőlények általi felvétel elemzéséhez egy sósvízi és egy édesvízi zooplankton szervezetben, az *Artemia nauplii*-ban és a *Daphnia pulex*-ben vizsgáltam a vas és a mangán akkumulálódását. A modellkísérleteim során elsőként a sósvízi szervezetek elemfelvételét tanulmányoztam. A vas esetében szignifikáns különbséget nem találtam a kezelések között, a mangán szintje viszont a koncentráció növelésével arányosan változott az élőlényekben, a legnagyobb dózist tartalmazó kezelések statisztikailag különböznek a kontroll és a közepes koncentrációt tartalmazó csoportoktól. Az édesvízi élőlényekben már mindkét elem a dózis emelésével arányos növekedést mutatott. A varianciaanalízis alapján a vas és a mangán esetében is elkülönülnek a kontroll, a közepes és a maximális dózist tartalmazó csoportok. A mangán esetében azonban megfigyelhető egy antagonista hatás, ugyanis a maximális vas dózist tartalmazó csoportokban kevesebb mangán akkumulálódott, mint azoknál a kezeléseknél, ahol közepes dózisban alkalmaztam a vasat a mangán mellett. Az édesvízi és a sósvízi organizmusok által felvett elemeket mennyiségileg is összevettem. Mindkét elem esetében azt tapasztaltam, hogy a Daphniák szárazanyag-tartalomra vonatkoztatva körülbelül négyszeres mennyiségben vették fel a vizsgált elemeket az Artemiákhoz viszonyítva. A következtetéseink szerint ez fajspecifikus különbségekre utal.

HIDROBIOLÓGIA**KOLESZÁR GERGŐ**

Biológia BSc

Nyíregyházi Főiskola

VICEI TIBOR TAMÁS

Biológia BSc

Nyíregyházi Főiskola

*Témavezető:
Dr. Szabó Sándor
főiskolai tanár, NYE*

Tápelem terhelés hatása hínárnövények versenyére

Magyarázatot kerestünk arra, hogy tápelemterhelés hatására a nem gyökerező szubmerz és úszó emerz (free-floating) vízínövényzet fényért és tápelemekért folyó versengésekor a két növénycsoport mely körülmények között alakíthat ki stabil dominanciát. A vizsgálatokat púpos békalencsén (*Lemna gibba*) és érdes tócsagazon (*Ceratophyllum demersum*) végeztük félig átfolyó (semi static) és statikus tápoldatú akváriumokban, kontrollált fény és hőmérséklet viszonyok között. Bizonyítást nyert, hogy alacsony és közepes tápanyag-koncentráción (0,2-1 mg N l⁻¹) tócsagaz dominancia, míg 2 mgN l⁻¹ koncentráció felett, stabil békalencse dominancia alakul ki. A tócsagaz alacsony tápelem koncentráción (<2 mgN l⁻¹) gátolta erősebben a békalencsék növekedését. A *Ceratophyllum* addig képes fenntartani gátlóhatását, amíg a tápelemterhelés nem túl magas. A békalencsére gyakorolt gátlóhatásban a tócsagaz mellett a rajta élő perifita algák is jelentős (20%-os) szerepet játszottak. A perifita algák biomasszáját a pocsolyacsiga (*Radix labiata*) tizedére csökkentette, mely fokozta a tócsagaz növekedését. A közepes tápanyag-koncentráción a szubdomináns békalencse-állomány serkentőleg hatott a tócsagaz növekedésére. A stabil állapotok közötti átmenetek (szubmerz-úszó emerz) a közeg pH és oldott oxigén koncentráció értékeivel is jól nyomon követhetők voltak. Az eredmények megerősítik azt a hipotézist, hogy a szubmerz növények gátolják a tavak úszó emerz növényekkel történő betelepülését.

HIDROBIOLÓGIA

KÖRMENDI KITTI

Környezettan BSc

Pannon Egyetem

Mérnöki Kar

Témavezető:

Dr. Stenger-Kovács Csilla
egyetemi docens, PE MK

Kiskunsági szikes tavak kovaalga és kovavázis ciszta összetétele

A Kárpát-medence szikes tavainak kovaalga összetételéről készült tanulmányokban legtöbbször csak a diatóma közösségek térbeli eloszlását vizsgálták. E sekély tavak vízkémiai paramétereinek változása jellemzően időjárás- és évszakfüggő, melyek a fajösszetételt és a diverzitást erősen befolyásolják, így érdemes a közösségek időbeli változását is tanulmányozni. A sárgásbarna (Chrysophyceae) algák kovavázis kitartósejtjeiről, a cisztákról egyre több tanulmány készül, mióta felismerték kvantitatív klímarekonstrukcióra való alkalmasságukat. Mindkét élőlénycsoport képviselőinek környezeti optimuma és toleranciája jól leírt, ezáltal széles körben alkalmazható indikátorai a környezeti változásoknak.

2013 májusa és 2014 májusa között havi gyakorisággal vizsgáltuk a Kiskunsági Nemzeti Park területén található hat szikes tó (Bába-szék, Bogárczó, Böddi-szék, Kelemen-szék, Sós-ér, Zabszék) iszapján és vízi növényzetén élő kovavázis algákat, illetve cisztákat. A tavakban összesen 55 különböző kovaalga fajt azonosítottunk. Az átlagos fajszám 13 volt. A *Nitzschia austriaca* (tavasszal és télen), a *Navicula veneta*, a *Nitzschia frustulum*, a *Ctenophora pulchella*, a *Mayamaea atomus* var. *permitis* és a *Cocconeis pseudolineata* (nyáron), az *Achnanthydium saprophilum*, a *Nitzschia pusilla* és a *Surirella hoefleri* (ősszel), a *Halamphora veneta* (tavasszal, nyáron és ősszel), a *Surirella brebissonii* és a *Craticula halopannonica* (tavasszal), az *Anomoeoneis sphaerophora* f. *sphaerophora* (nyár végén és télen) és a *Navicula wiesneri* (tavasszal és ősszel) fajok voltak a leggyakoribbak. A vizsgált minták több, mint 44 százalékában a *Nitzschia palea* és *N. supralitorea* voltak az uralkodó fajok. A fajösszetételt elsősorban a turbiditás, a vezetőképesség, a kloridion koncentrációja és a pH határozta meg. A Chrysophyceae ciszták a legmagasabb számban 2013 nyarán fordultak elő. Az átlagos cisztaszám 3,9 darab volt. Az átlagos ciszta-diatóma arány alacsony volt, köszönhetően a tavak magas trofitásának.

HIDROBIOLÓGIA

RÁKOSSY IZABELLA

Környezettudomány BSc

Sapientia Erdélyi Magyar Tudományegyetem

Témavezető:

Dr. Szigyártó Lídia

egyetemi adjunktus, RO EMTE

Erdélyi és bukovinai tőzezlápok kovaalga-közösségei

A tanulmány erdélyi és bukovinai tőzezlápok kovaalga-közösségeinek összehasonlító vizsgálatával foglalkozik, néhány abiotikus környezeti tényezővel összefüggésben. A lápok földrajzi elhelyezkedésétől függetlenül, szignifikáns különbség és elkülönülés mutatkozik a lápszemek és a lápi patakok között, mind a mért környezeti változók, mind pedig az alga-közösségek tekintetében. Ugyanakkor egy átfogó kép kialakításához szükséges egyidőben mindkét élőhely-típust vizsgálni, ugyanis az eredmények arra mutatnak rá, hogy a lápszemek elsősorban az extremofil (acidofil, aerofil) fajoknak biztosítanak életteret, míg a lápi patakokban kevésbé szélsőséges körülményekhez alkalmazkodott, de jóval nagyobb fajszerű és -diverzitású közösségek élnek, melyekben számos ritka faj is előfordul.

HIDROBIOLÓGIA

SÁNDOR DIÁNA

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:

Dr. Cech Gábor

tudományos munkatárs, MTA ATK ÁOTI

Dr. Török Júlia Katalin

egyetemi adjunktus, ELTE TTK

Halak fekete pettyes betegségét okozó *Apophallus* fajok gazdaspecificitásának és diverzitásának vizsgálata morfológiai illetve molekuláris módszerek segítségével

A laposférgek (Platyhelminthes) törzsének, mótelyek (Trematoda) osztályába tartozó férgek közé számos humán illetve állati kórokozó tartozik. A Digenea alosztályba tartozó taxonok bonyolult, gazdaváltó életciklussal rendelkeznek.

Az alosztályon belül, Heterophyidae családba tartoznak a halak fekete pettyes betegségét okozó *Apophallus* genus fajai. Magyarország természetes vizeiből gyűjtött halakon két faj metacerkáriája fordul elő, az *A. muehlingi* és az *A. donicus*. Odening K. 1973-ban megjelent tanulmánya szerint, az *A. muehlingi* faj pontyféléket, az *A. donicus* sügérféléket fertőz.

Célunk a balatoni ponty-és sügérféléken előforduló *Apophallus* fajok gazdaspecificitásának vizsgálata, a tanulmány állításainak ellenőrzése, illetve a fajok morfológiai és molekuláris elkülönítése.

Kutatásunkba pontyfélék közül 6 faj (*Abramis brama*, *Alburnus alburnus*, *Chondrostoma nasus*, *Squalius cephalus*, *Pelecus cultratus*, *Blicca bjoerkna*) 148, illetve sügérfélék közül 2 faj (*Gymnocephalus cernua*, *Perca fluviatilis*) 52 egyedet vontuk be, melyek metacerkáriáit a hámrétegből illetve az uszonyokról gyűjtöttük. Az adult mótelyek hiányát csirkefertőzési kísérlettel sikeresen pótoltuk. A gyűjtött cercária, metacercária és adult alakokat morfológiailag (szövetten, natív mikroszkópos felvételek) azonosítottuk és 27 példányt molekuláris vizsgálatoknak vetettük alá (ITS és COI régió szekvenálása).

A minták 4 elkülönülő kládba rendeződtek, közülük az első azonosítható volt az *A. donicus*-sal, a második pedig az *A. muehlingi* fajhoz tartozott. A harmadik csoportot szintén egy eddig ismeretlen *Apophallus* faj alkotta, melyet 3 minta képvisel. A negyedik kládba került példányok a *Metorchis orientalis* testvércsoportjaként jelentek meg. Eddigi ismereteink szerint, a *Metorchis* fajok nem okoznak fekete pettyes betegséget.

HIDROBIOLÓGIA**TAMÁS MÁRTA**

Biológia BSc

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezetők:**Gyulai István**egyetemi tanársegéd, DE TTK**Berta Csaba**PhD-hallgató, DE TTK***A Bodrogek holtmedreinek összehasonlító vízkémiai elemzése**

Hazánkban egyre inkább előtérbe kerül a természet közeli élőhelyek védelme. A vizes élőhelyek megóvása különösen fontos, mert felszíni vizeink jelentős limnológiai értéket képviselnek. A Bodrogek holtmedrei is ezen okokból érdemelnek különös figyelmet. Az Európai Unió által létrehozott EU Víz-Keretirányelv (EU VKI 2000/60/EC) a felszíni és a felszín alatti vizek jó állapotának megőrzését tartja szem előtt. A vízkémiai háttérváltozók vizsgálata az EU Víz-Keretirányelv egyik fontos alapját jelenti a vizek állapotának meghatározásában. A Bodrog menti holtmedrek méretükből és mélységükből adódóan sérülékenyek, állapotuk pár nap alatt megváltozhat. Céлом volt, hogy összehasonlítsam a medreket és megállapítsam a medrek különbözőségét vagy hasonlóságát az évszakok változása során. Összesen hét medret vizsgáltam meg tavasszal, nyáron és ősszel. A medrek között volt a Bodrog árterében fekvő és a töltésen kívül eső meder is. A mintavételi helyek közül sokat elvesztettem a vízszint csökkenése miatt. A tavaszi 59 helyből nyárra 40 maradt, míg ősszel 49 helyet sikerült mintázni. A vízkémiai vizsgálatok során meghatároztam a vizek ammónium, nitrát-, nitrit-, foszfát-, klorid-ion tartalmát, valamint a kémiai oxigén igényét. A három időszak eredményei szerint egyes medrek hasonlóságot mutatnak, míg más medrek különböznek a többitől. A különbségek nyáron és ősszel, sokkal jellemzőbbek, mint tavasszal. A különbség főként a KOI, a nitrit, ammónium-ion és a foszfát eredményekből adódnak. A Török-ér holtmeder a klorid és az ammónium-ion eredmények alapján nagymértékben különbözik a többi medertől. Emellett a három mintavételi időszak között is különbségeket figyeltünk meg a mért értékek alapján.

HIDROBIOLÓGIA

ZAVANYI GYÖRGYI

Biológianár-Kémianár

Nyíregyházi Egyetem

Témavezetők:

Dr. Szabó Sándor

főiskolai tanár, NYE

Dr. Braun Mihály

vegyész, biológus kutató, MTA ATOMKI

Vizi makrofitonok gadolínium-kontrasztanyag mobilizációja

Az utóbbi negyed évszázad új technológiáinak kifejlesztésével folyamatosan növekszik a gadolínium (Gd) felhasználása és kijuttatása a környezetbe. A pozitív Gd-anomália jellemző a világ azon metropoliszainak térségére, ahol nagy számú MRI (mágneses rezonancias képalkotás) vizsgálatot végeznek, és emiatt óriási mennyiségű gadolínium-tartalmú kontrasztanyag jut a páciensek vizeletéből végül a felszíni vizekbe. Azonban eddig még teljesen ismeretlen, hogy a kontrasztanyagok milyen hatást gyakorolnak a vízi élőlényekre. Jelen vizsgálatainkban választ kerestünk arra a kérdésre, hogy a hínárnövények vajon képesek-e nagyobb mennyiségben felvenni a vízből a Gd-tartalmú kontrasztanyagokat, és azok milyen gyorsan jutnak be és távoznak a növényekből? Vizsgálatainkat kontrollált fény-és hőmérsékletviszonyok között végeztük el felszínen úszó és szubmerz hínarakon (*Lemna gibba*, *Ceratophyllum demersum*, *Elodea nuttallii*, *E. canadensis*).

A vizsgált növényfajok egyikének sem volt szignifikáns hatása a tápoldat Gd-koncentrációjára. A tápoldat Gd-koncentrációjának emelésével viszont a békalencsék szöveti Gd-koncentrációja lineárisan növekedett, de nem érte el a tápoldat Gd-koncentrációját.

A kontrasztanyagok közül a nyílt láncú ligandummal rendelkező Omniscan szignifikánsan nagyobb szöveti Gd-koncentrációt eredményezett, mint a makrociklusos Dotarem. A kontrasztanyagok koncentrációja a békalencsék szövetében egy nap alatt, a tócsagazban pedig négy nap alatt elérte a maximumát, és a tócsagazban szignifikánsan nagyobb szöveti Gd-koncentrációt eredményezett, mint a púpos békalencsében. Amennyiben a magas szöveti Gd-koncentrációjú békalencse-kultúrákat Gd-mentes tápoldaton tenyésztettük tovább, akkor a gadolínium koncentrációja a növényekben a felére csökkent, az Omniscan esetén már egy nap alatt, a Dotarem esetén pedig négy nap alatt. Eredményeink alapján kijelenthetjük, hogy a vizsgált kontrasztanyagok gyorsan jutnak be a makrofitonokba és gyorsan távoznak onnan. A vízinövények egyik kontrasztanyagot sem akkumulálják, így úgy tűnik, hogy nem is okozhatják az antropogén gadolínium dúsulását a táplálékláncban.

IMMUNOLÓGIA

ARADI PETRA

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Prof. Dr. Sármai Gabriella
egyetemi tanár, ELTE TTK***Anti-citrullinált protein ellenanyagok (ACPA) tisztítása, specifitásának és affinitásának mérése**

A rheumatoid arthritis korunk egyik leggyakoribb krónikus autoimmun betegsége, mely során a szinóvium folyamatos gyulladása az ízületek pusztulásához vezet. Gyakorisága ellenére a betegség kialakulásának pontos mechanizmusa még nem ismert, ám a poszttranszlációs módosításokon áteső, bizonyos citrullinált peptidek ellen termelődő autoantitesteknek (ACPA - anti-citullinated protein antibody) kulcsfontosságú szerepet tulajdonítanak.

Munkám során olyan új citrullin peptideket kerestünk, melyeket a betegek szérumában levő ACPA ellenanyagok nagyszámban, specifikusan felismernek. Eredményeink szerint a citrullinált α -enolázt, EBNA-2 antigént és az általunk tervezett, multiepitóp peptidet a betegek szérum mintáinak 27, 48, illetve 66 %-a ismerte fel. Az általunk és a már korábban vizsgált peptidek együttes alkalmazása így egy nagyobb érzékenységű diagnosztikai teszt kifejlesztését teszi lehetővé.

Továbbá bioszenzor analízis segítségével megállapítottuk, hogy az ACPA ellenanyagok nemcsak affinitásukat, hanem specifitásukat tekintve is igen heterogének: a disszociációs konstans értékeik akár öt nagyságrenddel (10^{-3} - 10^{-8} M) is eltérhetnek egymástól. Emellett megerősítettük, hogy a betegek szérumából citrullin peptid oszlopon tisztított IgG ACPA ellenanyagok nagymértékű keresztreaktivitást mutatnak a különféle felismert peptidek (vimentin, filaggrin) között.

Eredményeink hozzájárulhatnak az ACPA ellenanyagok részletesebb jellemzéséhez és patológiás szerepük mélyebb megértéséhez.

IMMUNOLÓGIA

BARÁTKI BALÁZS

Biológia MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar*Témavezető:**Dr. Kövesdi Dorottya
tudományos főmunkatárs, ELTE TTK***A marginális zóna B-sejtek regulátor sejtekké történő differenciálódásának jelátviteli sajátságai**

A marginális zóna (MZ) B-sejtek rágcsálókban a lép marginális zónájában elhelyezkedő, Toll-szerű receptorokat nagymértékben kifejező, polireaktív B-sejt receptorral rendelkező limfociták, amelyek funkcionálisan jelentősen eltérnek a folliculáris (FO) B-sejtektől.

Előkísérleteink kapcsán azt tapasztaltuk, hogy a MZ B-sejtek - ellentétben a FO B-sejtekkel - megfelelő gyulladási szignálok hatására képesek regulátor B-sejtekké differenciálódni és nagy mennyiségben gyulladásgátló hatású IL-10 citokint termelni.

Célul tűztük ki, hogy az IL-10 termelődéséhez vezető jelátviteli folyamatokat megvizsgáljuk és a két sejtípusban összehasonlítsuk.

Vizsgálataink során DBA/1 egerek lépéből izolált MZ és FO B-sejteket – gyulladási mikrokörnyezetet modellezve - BCR, TLR9 és IFN γ receptorokon keresztül egyidejűleg stimuláltunk, majd a receptorok jelátvitelében szerepet játszó molekulák aktivációját, illetve a sejtek IL-10 termelését Western blot, ELISA és áramlási citofluoriméter segítségével vizsgáltuk.

Megállapítottuk, hogy a MZ B-sejtekben a CREB fehérjék foszforilációja szükséges az IL-10 termeléséhez; a hármas receptor stimuláció szinergisztikusan fokozza az IL-10 szekréciót; a CREB, a GSK3 és az Akt molekulák foszforilációjának kinetikája eltérő a két sejtípusban; az IL-10 szekréció CREB inhibitor jelenlétében gátolt, a GSK3 inhibitor ugyanakkor fokozza a szekretált citokin mennyiségét. Feltételezéseink szerint, az utóbbi jelátviteli komponensek tranziens aktivációja/inaktivációja nem elégséges számottevő IL-10 termeléséhez, így a FO B-sejtek regulátoros transzformációjához.

IMMUNOLÓGIA

CSATÁRI MARIANNA

Orvosi biotechnológia MSc

Pázmány Péter Katolikus Egyetem
Információs Technológiai és Bionikai Kar*Témavezetők:
Dr. Nagy István
tudományos munkatárs, MTA SZBK
Dr. Gáspári Zoltán
egyetemi docens, PPKÉ ITK***A gyulladásoos bélbetegségek patomechanizmusában szerepet játszó genetikai tényezők feltárása**

A krónikus gyulladás az egyik jól ismert kockázati tényezője a humán rák kialakulásának. Ezzel összhangban a gyulladásoos bélbetegségek (Inflammatory Bowel Disease, IBD), beleértve a fekélyes vastagbélgyulladást és a Crohn-betegséget, olyan gyulladásoos betegségek, amelyek növelik a vastagbélrák kialakulásának valószínűségét. Ebben a többlépes folyamatban döntő szerepet játszik az epitheliális-mezenhimális tranzíció (EMT), mely során a sejt-sejt tapadásoosban zavar keletkezik, az extracelluláris mátrix összetevőinek (pl. vimentin és metalloproteinázok) kifejeződése megváltozik, ezáltal a sejtek vándorolni képesek, végül az intersticiumba jutva gyulladást okoznak. A folyamatért felelős molekuláris mechanizmusok (pl. transzkripció, poszt-transzkripciósoos módosítások, transláció) pontos megismerése révén azonosíthatjuk a tumoros folyamatokban szerepet játszó molekuláris tényezőket.

Az EMT-ben transzkripciósoos faktorok (pl. Zeb) szabályozzák az epitheliális gének elnyomását: ismert, hogy az E-kadherin (Cdh1) gén kifejeződésének csökkenésével az epitheliális sejt-sejt kapcsolatok módosulnak és mezenhimális fenotípus alakul ki. A folyamatban több jelátviteli út vonal együttesen képes befolyásolni a mezenhimális fenotípus kialakulását. Ebben a folyamatban a transláció szabályozásával szerepet játszanak a kis nem kódoló mikroRNS-ek (miRNS), amelyek képesek hírvívő RNS-hez (mRNS) kötődni, ezáltal befolyásolni azok translációját és/vagy lebomlását. Munkám során célul tűztam ki a bélgyulladás során az EMT út vonalban szerepet játszó gének kifejeződésének vizsgálata mellett, az azok szabályozásában résztvevő miRNS-ek expressziójának meghatározását is. Vizsgálataim során in vivo patkány modellt használtam, melyben 2,4,6-trinitrobenzén szulfonsav indukálással váltottam ki a bélgyulladást. A vastagbélben gyulladt és nem gyulladt régiókat különítettem el, melyekből totál RNS-t izoláltam, majd qPCR módszerrel vizsgáltam az mRNS és miRNS expressziót. Megállapítottam, hogy a mezenhimális fenotípus kialakításában szerepet játszó gének (Egr1, Fgf2, Fgf7, Lox, Mmp9, Vim, Zeb2, Notch2, Hif1 α , Jak2) expressziója szignifikánsan megemelkedett a gyulladt régióban, ezzel szemben az őket szabályozó miRNS-ek (miR-200b, miR-192, miR-125a, miR-375, miR-let7b, miR-let7c, miR-let7i) expressziója szignifikánsan csökkent. A munka során számos, egymással kölcsönható miRNS-t és gént azonosítottam, amelyek megváltozott expressziója szerepet játszik a gyulladásoos bélbetegségek során kialakuló EMT-ben.

IMMUNOLÓGIA

KIRÁLYHIDI PANNA

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar*Témavezetők:**Dr. Nagy György*
*egyetemi docens, SE**Dr. Bajtay Zsuzsa*
*egyetemi docens, ELTE TTK***Az Src-szerű adaptor fehérje kifejeződésének vizsgálata limfocitákban**

A T-sejtek funkcióinak ellátásában fontos szerepet tölt be az Src-szerű adaptor fehérje (Src-like Adaptor Protein; SLAP). Munkacsoportunk, már korábban kimutatta, hogy a SLAP a T-sejt receptor CD3 zéta-láncdimerének proteaszómális degradációjáért felelős. Rheumatoid arthritisben (RA) a gyulladt szövetekben a tumor necrosisfactoralpha (TNF α) termelés fokozott, amelynek hatására a SLAP expressziója is fokozott, ez pedig hozzájárulhat a T-sejtek hiporeaktivitásához. Munkám során a SLAP kifejeződését vizsgáltam különböző T-sejt alcsoportokban, valamint kíváncsi voltam, hogy B-sejtekben is kimutatható-e a fehérje jelenléte.

A vizsgálatok során egészséges donorok és RA-s betegek perifériás véréből ficoll gradiens centrifugálással mononukleáris sejteket (PBMC) izoláltunk, majd az így nyert CD4⁺ T-sejtekből (negatív szelekció), CD45RO⁻ (naiv) és CD45RO⁺ (memória) T-sejteket izoláltunk. A SLAP fehérje expresszióját Western blot módszerrel vizsgáltuk. A CD19⁺/CD27⁻ naiv és CD19⁺/CD27⁺ memória B-sejtek SLAP expresszióját az egészséges donorokból és RA-s betegekben izolált mononukleáris sejtuszupenzióban vizsgáltuk áramlási citometria segítségével.

A T-sejtek vizsgálata során a naiv és memória sejtek SLAP expressziójában nem találtunk szignifikáns különbséget. Az RA-s betegek naiv T-sejtjeinek SLAP kifejeződésére azonban a kontrollokhöz viszonyítva egy emelkedő tendencia jellemző. A B-sejtek vizsgálata során sikeresen kimutattuk a sejtekben intracellulárisan elhelyezkedő SLAP fehérjét.

IMMUNOLÓGIA

KOVÁCS ANTONIETTA

Biológus MSc

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Varjú Cecília**egyetemi adjunktus, PTE KK***COMP, YKL-40 biomarkerek vizsgálata szisztémás sklerosisban szenvedő betegekben**

A szisztémás sclerosis (SSc) a bőr és a belső szervek fibrosisával, degeneratív elváltozásával jellemezhető autoimmun betegség, jellemző biomarkerei a cartilage oligomeric matrix protein (COMP) és a humán porc glikoprotein-39 (YKL-40). Leírták, hogy a biomarkerek szérumban szintje korrelálhat az ízületi problémák mértékével, ezért célunk ezt az összefüggést megvizsgálni, továbbá klinikai adatokkal és a másik biomarker szintjével korrelációkat megállapítani, majd az eredményeket összevetni kontroll csoportokkal.

4 csoportot alakítottunk ki: SSc, RA, Raynaud, egészséges kontroll. A betegeket egy év elteltével újra megvizsgáltunk. Felmértük a betegek mozgásszerveinek állapotát, nemzetközileg elfogadott, funkciókat felmérő kérdőíveket töltöttünk ki velük. Meghatároztuk a COMP, YKL-40 biomarkerek szintjét a betegek szérumban ELISA vizsgálattal. Az eredményeket leíró statisztikával jellemeztük, korrelációanalízist végeztünk, majd Mann Whitney U tesztet használtunk SPSS Statistics 22 program segítségével.

Az SSc-s betegeknél magasabb volt a COMP, YKL-40 szint a kontroll csoporthoz képest. A második éves mérés során alacsonyabb biomarker szintet mértünk az első éveshez képest. Az lcSSc-s betegek COMP értékei magasabbak voltak a dcSSc-ben szenvedő betegekénél mindkét évben. A YKL-40 esetén csak az első évben volt a dcSSc-s betegek YKL-40 szintje magasabb, a második évben az lcSSc-s csoporté. Mindkét évben szignifikáns pozitív korrelációt találtunk az SSc-s beteg csoportnál a biomarkerek, illetve a YKL-40 és Quick DASH eredményei között. Szignifikáns pozitív korrelációt tapasztaltunk mind az aktivitás, mind a károsodás mértékével mindkét biomarker esetén. Nemek tekintetében egyik évben sem tapasztaltunk szignifikáns különbséget a COMP-t vizsgálva, a YKL-40 esetén első évben szignifikáns különbséget tapasztaltunk, második évben viszont nem.

Megállapítottuk, hogy a COMP és YKL-40 biomarkerek szintjének mérését felhasználhatjuk szervi érintettség kimutatására, segítséget nyújthatnak a szervi érintettség változásának és betegség aktivitásának nyomon követésében. Viszont önmagában a biomarkerek vizsgálata nem elegendő, szükséges elvégezni a klinikai vizsgálatokat és a kapott eredményeket együttesen kell elemezni a beteg állapotának felmérésére.

IMMUNOLÓGIA

KOVÁCS KRISTÓF GYÖRGY

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar*Témavezető:**Dr. Iliás Attila**tudományos főmunkatárs, ELTE TTK***IgG Fc-régiójának mutációs módosítása az IgG effektor funkcióinak tanulmányozására**

A neonatális Fc-receptor (FcRn) strukturális hasonlóságokat mutat az MHC-I molekulával, funkcionális téren viszont nagyfokú eltérések tapasztalhatók közöttük. Az FcRn egyik lényeges sajátossága, hogy képes az IgG-t pH-függő módon kötni. E tulajdonság az FcRn-t alapvető jelentőségű fiziológiai folyamatok (pl. a maternális immunitás létrehozása, az IgG-k szérumból való eltávolítása) kulcsmolekulájává teszi. Újabban fény derült arra is, hogy az FcRn antigénprezentációban betöltött szerepe is meghatározó. E funkció alaposabb megismerése áll kutatócsoportunk legújabb vizsgálatainak középpontjában.

Funkcionális vizsgálataink elvégzéséhez egy olyan Fc-fúziós fehérjét készítettünk, amelyben egy gyengén immunogén peptidszakasz van összekapcsolva a humán IgG1 Fc-régiójával. A saját kutatómunkám során helyspecifikus, PCR-alapú mutagenézis segítségével ezen Fc-fúziós fehérjében egy olyan mutációt hoztam létre, amely a fehérje humán IgG1 Fc-részének egyetlen aminosavát (H435A) érinti, hatására viszont a fehérje az FcRn-hez nem köt. A mutáns fehérjét emlős expressziós rendszerben termeltem, affinitás kromatográfiával tisztítottam, inaktivitását felületi plazmonrezonancia (SPR) módszer segítségével igazoltam.

Az általam elkészített mutáns Fc-fúziós fehérjével és vad típusú változatával az FcRn antigénprezentációban betöltött funkciójának pontosabb megértése végett funkcionális vizsgálatokat végeztem: a fehérjék makrofágok általi felvételét és leadását internalizációs assay során, konfokális lézerpásztázó mikroszkóp segítségével vizsgáltam, míg az egyes fehérjékre adott humorális immunválaszt ELISA-módszerrel monitoroztam.

IMMUNOLÓGIA

PAPP ALEXANDRA

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Józsi Mihály Krisztián**tudományos főmunkatárs, ELTE TTK***Az emberi FHR5 fehérje funkcionális vizsgálata, ligandumkötő helyeinek meghatározása**

A komplementrendszer a veleszületett immunitás humorális tényezőjeként jelentős élettani szerepet tölt be. Megfelelő működését szabályozó faktorok, köztük a H-faktor biztosítja. Az FHR5 (factor H-related 5) fehérje szerkezetileg igen hasonló a H-faktorhoz, pontos biológiai funkciója azonban még nem ismert. Genetikai és proteomikai vizsgálatok alapján az FHR5-öt kapcsolatba hozták a komplementrendszer hibás működésére visszavezethető vesebetegségekkel (pl.: C3 glomerulonefritisz, DDD, aHUS, CFHR5 nefropátia), így feltételezhetjük, hogy szerepe van a komplementrendszer szabályozásában. Célul tűztük ki ezért az FHR5 funkcionális vizsgálatát, ligandumai kötőhelyének meghatározását. Rekombináns FHR5 és fragmentumainak előállításával kimutattuk, hogy a középső, SCR 3-7 doménnel kötődik pentraxinokhoz, valamint az általunk azonosított extracelluláris mátrix fehérjékhez és bakteriális ligandumokhoz. A szolubilis C3b-t, a komplementrendszer központi molekulájának aktív fragmentumát viszont az SCR 8-9 doménnel köti. Az FHR5 gátolta a H-faktor kötődését extracelluláris mátrix fehérjékhez és bakteriális ligandumokhoz, melynek következtében csökkent a H-faktor komplementgátló hatása. Emellett növelte a C3 lerakódás mértékét és fokozta az alternatív út aktivációját.

Az FHR5 tehát az SCR 3-7 doménjeivel kötődve a H-faktor kompetitív gátlása és az SCR 8-9 általi C3b kötés révén fokozza a komplementrendszer aktivációját, így szerepet játszhat gyulladásos folyamatokban, baktériumok opsonizációjában, a komplement aktiváció lokális szabályozásában.

MIKROBIOLÓGIA

BENSE VIKTÓRIA

Biológus MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Takó Miklós

tudományos munkatárs, SZTE TTIK

Extracelluláris kitináz aktivitások vizsgálata *Smittium* gombákban: termelés, izolálás, biokémiai és funkcionális jellemzés

A *Smittium* gombák édesvízi kétszárnyú rovarok lárvájának emésztőrendszerében élnek. Az ide tartozó fajok a rovarokkal való sajátos együttélésük okán strukturális és funkcionális jellegzetességekkel rendelkeznek. A nemzetség néhány törzsét izolálták már, azok laboratóriumi tenyésztése is megoldott, azonban a gombacsoport tagjainak fiziológiáját, enzimtermelését eddig még nem tanulmányozták. A gazdával való kapcsolatuk nagyrészt ismeretlen, noha ebben fontos szerepe lehet a gomba exoenzim termelésének is.

A kitinázok kitint hidrolizáló enzimek, melyek a legtöbb gomba sejtfalát alkotó kitin polimert és a rovarok kitinvázát is képesek lebontani. Biotechnológiai jelentőségük nagy, mivel lehetséges antimikrobiális és rovarellenes anyagként alkalmazhatók bizonyos növénypatogén organizmusok ellen. Emellett, olcsó kitináz enzimek előállítására egy fontos tényező lehet a kitines hulladék feldolgozásában is.

Jelen munkánk fő célja, hogy megvizsgáljuk és jellemezzük a Szegedi Mikrobiológiai Gyűjteményben rendelkezésünkre álló öt, jól tenyészhető *Smittium* törzs extracelluláris kitináz termelését. Célul tűztük ki az ígéretes termelő törzsek kitinázainak biokémiai és funkcionális jellemzését is. Eddig főként bakteriális kitinázokat vizsgáltak ipari felhasználásra, ezért a kutatásaink új, biotechnológiai jelentőségű kitináztermelő gombatörzsek/enzimek alkalmazási lehetőségeihez biztosíthatnak hasznos alapot.

A kitináz termelés indukálására koloid kitint alkalmaztunk. Kísérleteink során a *Smittium simulii* bizonyult a legnagyobb kitináz termelőnek, így e gombánál tűztük ki célul az enzim jellemzését. A kitinázt kisózással, ioncserés és méretkizárásos kromatográfiával tisztítottuk, molekulatömegét 60 kDa körülire becsültük, kitináz aktivitását zimográfiai vizsgálattal is azonosítottuk. Az enzim aktivitásának hőmérsékleti és pH optimuma 40 °C, és 5,8-nak bizonyult, továbbá erős stabilitást mutatott a pH 5,4-6,6 közötti és a 10-50 °C közötti tartományokon. Számos kation és gátlószer aktivitásra gyakorolt hatását is megvizsgáltuk. Az enzim gombasejt-fal-bontó képességét *Sclerotinia sclerotiorum* növénypatogén gombával, fénymikroszkópban vizsgáltuk. Micélium és puffer elegyhez tisztított enzimet adtunk, majd 24 óra után fokozott vakuólum képződést tapasztaltunk. Munkánk során elsőként izoláltunk Harpellales rendbe tartozó gombából extracelluláris kitináz enzimet. Eredményeink alapján az enzim biotechnológiai alkalmazás szempontjából ígéretes tulajdonságokkal rendelkezhet.

MIKROBIOLÓGIA

BORUS FANNI

Biotechnológia MSc

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezetők:**Jakab Ágnes**egyetemi tanársegéd, DE TTK**Prof. Dr. Pócsi István**egyetemi tanár, DE TTK***Az opportunista humán patogén *Candida albicans* virulenciáját és oxidatív stressz érzékenységét befolyásoló glükokortikoszteroid**

A sarjadzógombák által okozott fertőzések száma jelentősen megnövekedett az elmúlt évtizedekben, azonban a fertőzések 60-70%-ért a *C. albicans* tehető felelőssé. A *C. albicans* egy oportunista patogén élesztő, amely a normál baktérium flóra kontrollja alatt megtalálható a bélrendszerben, a bőrön, a szájüregben és a hüvelyi flóra tagjaként. Ha azonban a normál flóra egyensúlya felborul a *C. albicans* patogén mikrobává válhat. Igen veszélyeztetett csoportot jelentenek a glükokortikoszteroid terápiában részesülő betegek, ugyanis e szerek gyulladáscsökkentő hatásuk mellett, csökkentik az emberi szervezet immunválaszát, előidézve a gombás fertőzés kialakulását. Ugyancsak jelentős problémát jelent az antibiotikumokkal szemben rezisztens *Candida* izolátumok számának növekedése. Így indokoltá vált új hatásmechanizmussal rendelkező gyógyszerek kifejlesztése. A kandidiázis elleni terápiában esszenciális célpontot képvisel a fehérjék defoszforilációjában szerepet játszó protein foszfatáz Z (CaPpz1) enzimet kódoló gén, amely a stressz válasz és a gombafonalak növekedésének szabályozásában vesz részt. TDK dolgozatomban így a humán gyógyászatban alkalmazott glükokortikoszteroid, a betametazon hatását vizsgáltuk a QMY23 kontroll és a protein foszfatáz Z gén deléciós *C. albicans* mutáns (CaPPZ1) törzs virulenciájára és oxidatív stressz érzékenységére. Eredményeink alapján elmondható, hogy a CaPPZ1 KO törzs növekedése YPD tápoldatban (9. óráig) és YNBA táptalajon (3. napon) egyaránt elmaradt a kontroll törzshöz képest. A CaPPZ1 gén deléciója azonban nem befolyásolta a törzs extracelluláris aszpartát proteáz (EAP) és foszfolipáz (EP) aktivitását. A mutáns sejtek menadion által kiváltott oxidatív stresszel szemben érzékenyebbek voltak a kontrollhoz képest, tehát a CaPPZ1 szerepet játszik a gomba oxidatív stresszel szembeni védekezésében. A BM (2 - 4 mM) előkezelés nem befolyásolta sem a sejtek telepméretét, sem a *C. albicans* törzsek növekedését sülyesztett kultúrában. Azonban a 4,0 mM BM előkezelés hatással volt a *C. albicans* törzsek virulenciájára, ugyanis megnövelte QMY23 kontroll és CaPPZ KO törzs EAP aktivitását és a kontroll törzs foszfolipáz szekrécióját. A BM önmagában nem befolyásolta a sejtek életképességét, de menadionnal kombinálva jelentős fungisztatikus hatást értünk el mindkét törzs esetében.

MIKROBIOLÓGIA

ENYEDI NÓRA TÜNDE

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Anda Dóra**PhD-hallgató, ELTE TTK**Dr. Makk Judit**egyetemi adjunktus, ELTE TTK***Sugárrezisztens baktériumok a Diana-Hygieia termálforrásban képződött biofilmből**

A Budai Termálkarszt a Dunántúli-középhegység triász karbonátos víztartó rendszeréhez tartozik és hipogén karsztosodási folyamattal jellemezhető. A vízzel borított forrásbarlangok falán képződő vasásványokban-gazdag barnás-vöröses biogeokémiai rétegek különféle nyomelemek, köztük a rádium adszorpciójára képesek, ami hozzájárulhat a forrásvizek magas radontartalmához. Emiatt valószínűsíthető, hogy a Rudas-fürdőhöz tartozó Diana-Hygieia forrásrendszerben uralkodó magas radioaktivitásban élő baktériumközösség magas dózisu sugárzást képes tolerálni. Az emberi étellel összeegyeztethetetlen, súlyos szöveti károsodást okozó gamma-sugárdózis 8 Gy-nél kezdődik. Vizsgálataink során a forrásrendszer két alagútjából vett barnás-vöröses biofilm minták egy részét ennél sokkal magasabb, 5, 10 és 15 kGy dózisu gamma-sugárzással kezeltük és oligotróf, illetve vasszulfát-tartalmú táptalajok felhasználásával tenyésztésbe vontuk. A kezeletlen és a besugárzott mintákból izolált baktériumtörzseket a 16S rRNS-gén bázissorrend elemzése alapján a Deinococcus-Thermus, a Proteobacteria, a Firmicutes, az Actinobacteria és a Bacteroidetes törzsek képviselőiként azonosítottuk. Mindkét kezelésű mintában a legnagyobb arányban a Firmicutes törzs képviselői voltak jelen, amelyet az Actinobacteria tagjai követtek, de csak a besugárzott mintából voltak kimutathatóak a Gammaproteobacteria osztály és a Bacteroidetes törzs képviselői, míg a kezeletlen mintákból a Betaproteobacteria osztály tagjai. A kimutatott fajok nagy részére jellemző, hogy közel rokonaik korábban előkerültek erős radioaktív vagy UV-sugárzásnak kitett környezetből, mint sugárszennyezett talajok, sivatagok vagy a sztratoszféra. Ilyenek például az endospórát képző Paenibacillus és Bacillus fajok, valamint az erősen pigmentált *Micrococcus*, *Kocuria*, *Hymenobacter*, *Blastococcus*, *Marmoricola*, *Sphingomonas*, *Agrococcus*, *Kytococcus* és *Deinococcus* nemzetségek tagjai. Az eredmények alapján az izolált baktériumtörzsek tényleges sugárrezisztenciáját újbóli, sejtszuszpenziós besugárzásos kísérlettel lehetne igazolni, illetve további vizsgálatokkal tanulmányozni rezisztenciájuk eredetét. Ezen extrémofil baktériumfajok sugárrezisztens mivoltuk alapján biotechnológiai célokra is alkalmasak lehetnek az élelmiszeripar, a gyógyszeripar és a bioremediáció számára.

MIKROBIOLÓGIA

GABELICS TAMÁS PÉTER

Biológus MSc

Állatorvostudományi Egyetem

Témavezető:

Dr. Földvári Gábor
egyetemi docens, ATE

Három kullancsfaj és a *Borrelia miyamotoi* előfordulásának szezonális változása egy erdei élőhelyen

Európa legismertebb és legelterjedtebb kullancsfajának, a közönséges kullancsnak (*Ixodes ricinus*) elterjedése, életmódja és vektorszerepe mára már jól feltérképezett. Azonban hazánkban előfordulnak egyéb, hasonló viselkedésű, de sokkal kevésbé kutatott kullancsfajok is. A pilisi erdőkben a közönséges kullancson kívül még két, jelentős számban előforduló kullancsfajjal találkozhatunk, ezek a *Haemaphysalis concinna* és *Haemaphysalis inermis*. A kutatócsoport egy pilisi gyűjtőhelyről immár hatodik éve havonta gyűjti a kullancsokat; ebbe a folyamatba becsatlakozva vizsgálom a fajok szezonális változását és *Borrelia miyamotoi* fertőzőképességét. A *Borrelia miyamotoi*-ről csak néhány éve bizonyosodott be, hogy egy humán patogén spirochéta baktérium, amely a Lyme kórt okozó *Borrelia*-któl eltérően visszatérő lázat alakíthat ki az emberi és állati szervezetben.

A kullancsok begyűjtése az aljnövényzetről zászolózásos módszerrel történt. A befogott állatok faj és fejlődési stádium szerint lettek szétválogatva és alkoholban konzerválva. Az egyes fajok és stádiumok mennyiségét a heterogén élőhely miatt nem tér, hanem idő alapú módszerrel kvantifikáltuk. Bár a két *Haemaphysalis*-fajról elmondható, hogy összességében ritkábbak, bizonyos hónapokban egyedsűrűségük meghaladta az *Ixodes ricinus*-ét. A területen előforduló kullancsok közül az *Ixodes ricinus* nimfák és adultok előfordultak minden gyűjtési hónapban.

A molekuláris vizsgálatokhoz első lépésben a 2012-ből és 2013-ból gyűjtött kullancsokból válogattunk úgy, hogy az összes fajt, stádiumot és gyűjtési hónapot lefedjük. A DNS kivonást alkalikus hidrolízissel végeztük. A *Borrelia miyamotoi* jelenlétét valós idejű (real-time) polimeráz láncreakcióval bizonyítottuk. A 752 mintából 10 bizonyult pozitívnak, ezek mindegyike *Ixodes ricinus*-ből (lárva, nimfa, nőstény, hím) származott. Így a vizsgált *Ixodes ricinus* egyedek 0,95%-ából volt kimutatható a kórokozó. Konvencionális PCR segítségével tízből nyolc esetben igazoltuk a real-time PCR eredményeinket. A két *Haemaphysalis*-faj valamennyi stádiumából vizsgált egyedek negatívnak bizonyultak.

A korábban hazánkban csak Gemencen kimutatott kórokozó Pilisben való, viszonylag nagy prevalenciával való előfordulása azt jelzi, hogy az *I. ricinus* kullancsok *Borrelia miyamotoi* fertőzőképessége országsszerte jelen lehet, amely potenciális veszélyforrást jelenthet az emberek számára.

MIKROBIOLÓGIA

HANYICSKA MARTIN

Biotechnológia MSc

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

Témavezető:

Prof. Dr. Vasas Gábor

tanszékvezető egyetemi tanár, DE TTK

***Nostoc* (cianobaktérium) izolátumok azonosítása molekuláris markerekkel**

Az algák egy jelentős csoportját képező cianobaktériumok az egyik legősibb és legelterjedtebb fotoszintetizáló prokarióta szervezetek. Környezeti szempontból igen jelentősek, fontos szerepük van az anyagkörforgásban, illetve a CO₂ megkötésében. Emellett ipari és gazdasági szempontból is egyre nagyobb figyelmet érdemelnek. Az ide tartozó taxonok mérete, megjelenési formája, metabolomikai aktivitása nagymértékben különbözik.

A *Nostoc* nemzetségbe tartozó fajok széles körben elterjedt, fonalas, heterocisztával rendelkező cianobaktériumok, amelyek képesek a légköri nitrogén fixációjára. Elterjedésüket az ellenálló képességük is elősegítette. Jól tűrik az alacsony hőmérsékletet, a kiszáradást, a magas sótartalmat és az UV sugárzást. Megjelenésük a csoporton belül is rendkívül sokszínű lehet. A magas morfológiai diverzitás miatt azonban számos probléma fellép az azonosításuk során.

Munkánk célja az Alföldön található *Nostoc* fajok molekuláris markerekkel történő azonosítása, a *Nostoc*-szerű telepek laboratóriumi körülmények közötti izolálása, valamint a köztük lévő kapcsolatok filogenetikai módszerekkel való meghatározása.

A 65 terepi mintából összesen 43 *Nostoc* morfortípusú izolátumot sikerült elkülöníteni. A minták rokonsági kapcsolatainak feltérképezése során azt az eredményt kaptuk, hogy a legtöbb faj a *Nostoc* nemzetségbe tartozott, ugyanakkor számos más morfológiailag hasonló cianobaktérium (*Calothrix*, *Tolypothrix*, *Leptolyngbya*) is jelentkezett. Az izolátumok nemzetség szintű meghatározására restrikciós fragmentumhossz polimorfizmus (RFLP) elemzést végeztünk a 16S rRNS génszakaszon, amivel valamennyi *Nostoc* genus-t el tudtunk különíteni a többi fonalas cianobaktériumtól. A génszakasz szekvenáltatását követően a filogenetikai vizsgálatok során is az RFLP eredményeihez hasonló végeredményt kaptunk. Az izolátumaink közül a *Nostoc* fajok két klaszterbe tömörülnek, az egyéb nemzetség tagjai pedig jól elkülönülnek.

MIKROBIOLÓGIA

IMRE ALEXANDRA

Biotechnológia MSc

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

BÍRÓ BRIGITTA

Biológia BSc

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

Témavezetők:

Prof. Dr. Pócsi István
egyetemi tanár, DE TTK

Jakab Ágnes
egyetemi tanársegéd, DE TTK

A hemin, pH és a szén-dioxid hatásának vizsgálata a *Candida albicans* morfológiai átalakulására

A munka során vad típusú és oxidatív stressz toleráns, humán patogén *Candida albicans* törzsek morfológiai átalakulásait vizsgáltunk RPMI-FBS tápoldatban a szájüregre, a gasztrointesztinális traktusra, illetve a hüvelyre jellemző pH és CO₂ értékeken. Továbbá a vérzés modellezése érdekében hemint adtunk a tenyészetek tápközegébe. A különböző kísérleti körülmények alkalmazásakor time-lapse videomikroszkópia segítségével követtük nyomon a csírázási idő, a hifahossz, illetve az elágazási idő változását. Meglepő módon az elágazási idő (a csírázás kezdetétől az első elágazás megjelenéséig eltelt idő) jól korrelált a környezeti kondíciók változásával, a csírázási idő (a kísérlet kezdetétől csíratömlő megjelenéséig eltelt idő) esetében azonban nem találtunk hasonló összefüggést. Ezen megfigyeléseinkre alapozva hipotéziseket állítottunk fel, annak érdekében, hogy megállapítsuk az elágazási idő jelentőségét mind a felületi, mind a szisztémás kandidiázis patogenezisében.

MIKROBIOLÓGIA

MÁRTON ZSUZSANNA

Biológia MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Felföldi Tamás**egyetemi adjunktus, ELTE TTK**Szabó Attila**tudományos segédmunkatárs, ELTE TTK***Az észak-kazahsztáni sós tavak ismeretlen prokarióta közösségei a trofikus és szalinitási gradiens mentén**

A nagy szalinitású tavak kémiai összetétel szerint két típusba sorolhatók: szikes és konyhasós tavak lehetnek. A szikes tavak jellegzetes vizes élőhelyei a Kárpát-medencének, ezekre a tavakra jellemző a lúgos pH, a nátrium, a hidrogén-karbonát és karbonát ion dominancia, a nagy napi hőingás és a szalinitás. Irodalmi adatok alapján hasonló tavak szórványosan máshol is előfordulnak Földünkön, azonban ezek jellege több tényező tekintetében eltérő. Mivel Észak-Kazahsztán sztyeppvidékének tájképe és vegetációja nagyon hasonlít az alföldi szikes pusztákéhoz, ezért feltételeztük, hogy az itt található sós tavak esetében találkozunk majd a szikesekre jellemző baktériumközösségekkel. A mintavételezésre 2015. április-májusában került sor. A vizsgált kazah tavak trofikus állapota és szalinitása széles skálán mozgott, egy részük hiperszalin és hipertrofikus jellegűt mutatott. Az itt élő prokarióták taxonómiai azonosítása a 16S rRNS molekuláris markergén alapján történt újgenerációs DNS-szekvenálás alkalmazásával Roche GS Junior platformon. A Bacteria és Archaea domének arányát Real-Time PCR-rel vizsgáltuk. A tíz különböző karakterű tóból származó minták részletes vizsgálata alapján megállapítottuk, hogy a tavak mikrobaközösségei nagyban eltértek egymástól, és jellemzően a sókoncentráció gradiens mentén csoportosíthatók. Mind a tíz tó esetében a legdominánsabb Bacteria csoportok a Proteobacteria és a Bacteroidetes törzsek voltak. Nagy számban fordultak elő a *Halomonas*, *Saccharospirillum*, *Spiribacter*, *Marivita* és *Psychroflexus* nemzetségek képviselői. Jelenlegi eredményeink alapján az észak-kazahsztáni sekély sós tavak mikrobaközösségei markánsan különböznek a hazai szikes tavakétól, inkább az óceánok, tengerek és más konyhasós tavak mikrobiótájához hasonlítanak. Ezek az eredmények összefüggésbe hozhatók a tavak vizének kémiai elemzésével, ami alapján a vizsgált vizek domináns ionjai a nátrium, a klorid és a szulfát.

MIKROBIOLÓGIA

MEGYES MELINDA

Biológia MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Borsodi Andrea

egyetemi docens, ELTE TTK

Aknaszlatinai bányatavak sótűrő baktériumközösségeinek vizsgálata

A Kárpát-medencére is kiterjedő egykori Paratethys-óceán elpárolgásából hatalmas sótömszök keletkeztek a Miocén korban. Kárpátalja területén a 18. századtól számos híres sóbányát telepítettek. A beszivárgó felszíni vizek befullasztottak, később beomlasztottak több mélyen fekvő aknát, aminek következményeként 2010-ben bezárták az aknaszlatinai sóbányát. A sótest feletti kavicsrétegben áramló csapadék és magas állású Tisza vize folyamatosan oldja a sótömszöt, ami különböző típusú dolinák képződéséhez vezet. Ezek idővel vízzel telítődnek és ha a sóréteggel érintkeznek, sós tavakká alakulhatnak. Az általam vizsgált aknaszlatinai tavakban a sókoncentráció 2 és 253,5 ppt között változik. Korukat tekintve a legidősebb tó közel 100, a legfiatalabb kevesebb, mint 2 éves, fejlődésük napjainkban is tart. Sokféleségükből adódóan ezek a tavak „természetes laboratóriumként” szolgálhatnak a tavi szukcesszió vizsgálatához. Több tó antropogén hatásoknak is ki van téve.

TDK munkám során tenyésztési és molekuláris ujjlenyomat módszereket alkalmaztam a sóbányák helyén található tavakból gyűjtött víz- és üledékminták eddig még nem vizsgált baktériumközösségének feltárására és összehasonlítására. Az összesen 11 helyről származó víz- és üledékminták bakteriális diverzitását denaturáló gradiens gél elektroforézis mintázatuk alapján hasonlítottam össze. A tengervizes táptalajról nyert közel 150 izolátum 16S rRNS gén alapú azonosítása során az Actinobacteria (*Arthrobacter*, *Knoellia*, *Rhodobacter*), Bacteroidetes (*Arenibacter*), Firmicutes (*Bacillus*, *Exiguobacterium*, *Fictibacillus*, *Planococcus*) és Proteobacteria (*Acinetobacter*, *Bowmanella*, *Idiomarona*, *Marinobacter*, *Parapusillimonas*, *Pseudomonas*, *Pseudoalteromonas*, *Proteus*, *Vibrio*) törzsekbe tartozó, az irodalomban eltérő sótoleranciával jellemzett fajokat találtam, melyek jól mutatják a változatos sókoncentrációjú élőhelyekhez való adaptációt. A baktériumtörzseken végzett sótolerancia teszt azonban egyes esetekben jelentős eltéréseket fedett fel az izolátumok és a típusú törzsek sótoleranciája között.

MIKROBIOLÓGIA

NOVÉ MÁRTA

Biológus MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Spengler Gabriella

tudományos főmunkatárs, SZTE ÁOK

Efflux pumpa gátlás baktériumokban -kulcsszerepet játszhat-e a környezeti pH?

A fertőző betegségek terápiája szempontjából fontos multidrog rezisztencia (MDR) jelensége az antibiotikumok és a mikrobák elleni szerek kiterjedt használatából fakadó szelekciós nyomás következménye. A baktériumok rezisztenciájának egyik típusa az efflux pumpákhoz kötődő rezisztencia, amely segíti a toxikus vegyületek eltávolítását a sejtekből, beleértve az antibiotikumokat is.

A Gram-negatív baktériumokban található RND transzporterek igen elterjedt MDR efflux pumpák, melyek működéséhez a szükséges energiát a protonmotoros erő szolgáltatja. Korábban már leírták, hogy a külső környezet pH-ja képes befolyásolni az efflux pumpák aktivitását, ezért kísérleteinkben a pumpa működését, illetve az efflux pumpa gének és egyes szabályozók kifejeződését vizsgáltuk savas és semleges kémhatású környezetben, fenotiazin típusú efflux pumpa gátló vegyület, a promethazin (PMZ) jelenlétében.

Vizsgálataink során modellként az *Escherichia coli* K-12 AG100 törzset használtuk fel, amely expresszálja az RND transzporter családba tartozó AcrB pumpát is magában foglaló AcrAB-TolC efflux rendszert. A törzs növekedési görbéjét pH 5-ös és pH 7-es LB táplevesben való tenyésztés során az optikai denzitás mérésével határoztuk meg. Az *E. coli* AG100 AcrAB-TolC pumpájának aktivitását is megvizsgáltuk a két különböző pH-n 25 µg/ml PMZ jelenlétében, az AcrB szubsztrát etidium-bromid (EB) valósidejű akkumulációjával, LightCycler valósidejű thermocycler (Roche) használatával. A génexpressziós vizsgálatokhoz *E. coli* AG100 pH 5, illetve pH 7-es környezetben növesztett törzsből RNS-t izoláltunk különféle időpillanatokban (0, 1, 2, 4, 8, 18 óra). Az efflux pumpa gének, mint az *acrA*, *acrB*, az antibiotikum rezisztenciában szerepet játszó *marA*, *marB* gének, a regulátor *marR*, valamint a *soxS* stressz gén relatív génexpressziós szintjét valósidejű kvantitatív reverz transzkriptáz polimeráz (RT-qPCR) reakcióval határoztuk meg, CFX96 Touch valósidejű PCR detektáló rendszerrel (BioRad).

Kísérleteink során azt tapasztaltuk, hogy az efflux pumpa gátló PMZ hatása pH függést mutatott az EB akkumulációs vizsgálatban, amely az eltérő H⁺ koncentrációval magyarázható. A semleges pH-val ellentétben a savas pH és a PMZ kezelés a baktériumban szignifikáns stressz és efflux választ indukált, a *marB*, *marR*, *acrA*, *acrB* és a *soxS* gén is upregulálódott.

MIKROBIOLÓGIA

VERESS ALEXANDRA

Mezőgazdasági biotechnológus MSc

Szent István Egyetem

Mezőgazdaság- és Környezettudományi Kar

Témavezetők:

Prof. Dr. Hornok László
egyetemi tanár, SZIE MKKDr. Olasz Ferenc
intézetigazgató, NAIK MBKDr. Papp Péter
tudományos főmunkatárs, NAIK MBK**Baktériumok izolálása házi méhek (*Apis mellifera*) mézgyomrából és mézmintákból**

Az emberi szervezetre gyakorolt jótékony hatása miatt a mézet évszázadok óta alkalmazzák a népgyógyászatban. Jelenlegi ismereteink szerint a méz kedvező tulajdonságai részben azoknak az antibakteriális tulajdonságú metabolitoknak köszönhetőek, amelyeket a házi méhek bélrendszerében élő mikroorganizmusok termelnek. Irodalmi források alapján a házi méhekből és az általuk termelt mézből többek között izolálhatóak tejsavbaktériumok (lactic acid bacteria, LAB), amelyeknek baktericid hatásuk van, és humán egészségügyi szempontból is hasznosak lehetnek: a *Lactobacillus* fajokat pl. széles körben alkalmazzák probiotikus készítményekben.

Munkánk hosszú távú célja olyan tejsavbaktérium törzsek izolálása volt, amelyek alkalmasak probiotikus készítmények előállítására. Kísérleteinkben 10, különböző forrásból gyűjtött mézmintát és 10, eltérő származású méhcsaládot vizsgáltunk. Különösképpen *Lactobacillus* fajok izolálására törekedtünk, ezért a tenyésztés során ennek megfelelő körülményeket biztosítottunk.

A baktérium izolátumok azonosítását a 16S rRNS régió szekvenciájának meghatározásával és az NCBI adatbázisban előforduló szekvenciákkal történő összevetésével végeztük el. Az 59 izolátumból 30 baktérium törzset faj szinten azonosítottunk, melyek közül néhány genom szinten ismeretlennek bizonyult. Terveink között szerepel 10 általunk izolált törzs teljes genom szekvenciájának meghatározása. Mézből PCR alapú detektálással kimutattuk a *Lactobacillus plantarum* jelenlétét, míg mézgyomorból *Lactobacillus* fajok izolálását is megvalósítottuk.

A baktérium törzsek jellemzése érdekében plazmid DNS-t tisztítottunk. Az egyes plazmidok fragmentumainak klónozását követően az elemzett szekvenciák között voltak, amelyek nem szerepeltek az adatbázisban; ennek az a jelentősége, hogy az ismeretlen plazmidok értékes tulajdonságokat kódoló géneket hordozhatnak. Az izolátumok antibakteriális hatását is teszteltük, hogy megállapítsuk, vannak-e probiotikus készítmények előállítására alkalmas tulajdonságaik. Az izolált *Lactobacillus* fajok kísérleteinkben gátolták az *E. coli* és *Salmonella* spp. növekedését.

MIKROBIOLÓGIA

VOLFORD BETTINA

Biológia BSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Szekeres András

tudományos főmunkatárs, SZTE TTIK

***Taxus baccata* endofiton gombáinak és az általuk termelt másodlagos anyagcseretermékek biológiai hatásainak vizsgálata**

Az endofiton gombák a növényekben élnek, ahol intra- vagy intercellulárisan kolonizálják az egyes növényi szöveteket, de jelenlétük kóros elváltozásokat a gazdaszervezeten nem okoz. Mind a lágy-, mind a fászszerű növények különböző részeiben előfordulhatnak, mint a levél, szár és gyökér. Jellemző tulajdonságuk, hogy nagy változatosságban és mennyiségben képesek másodlagos anyagcseretermékek termelésére, melyek a gazdanövény számára is előnyösek lehetnek, szerepet játszva akár a különböző megbetegedést okozó mikroorganizmusok elleni védelemben. Hazánkban a Tiszafafélék egyik legismertebb képviselője a *Taxus baccata* (közönséges tiszafa), amely kiemelkedő jelentőségű az erőteljes biológiai aktivitást mutató másodlagos anyagcseretermékei miatt. Közepes termető, kozmopolita elterjedésű, örökzöld fa, lándzsa alakú levelei sötétzöldek, hazánkban főként dísznövényként ültetik.

A munkánk során 40 endofiton gombát izoláltunk a SZTE Fűvészkertjében lévő tiszafák leveleiből és ágaiból. A törzseket ezután először morfológiai bélyegek alapján, majd az rRNS gének nem kódoló ITS szakaszainak amplifikálásával és szekvenálásával, valamint a szekvenciák NCBI adatbázishoz történő illesztésével azonosítottuk. A törzsek rázatott tenyészetek fermentleveleiből ezt követően extraktumok sorozatát állítottunk elő különböző polaritású szerves oldószerekkel. Az extraktumok antimikrobiális hatásait megvizsgáltuk különböző baktérium törzsek és növénypatogén gombák, valamint citotoxicitásukat tumoros sejtvonalakkal szemben. Továbbá analitikai technikákkal, HPLC-UV és HPLC-MS módszerekkel vizsgáltuk az extraktumok összetételét. A kutatásaink eredményei alapján megállapítható, hogy a hazai tiszafákból izolálhatók olyan endofiton gombák, melyek másodlagos anyagcseretermékei jelentős bioaktivitással rendelkeznek és további vizsgálatok után potenciális jelöltjei, mint vezérmolekulák a jövőben alkalmazható gyógyszerkészítményeknek.

MOLEKULÁRIS BIOLÓGIA I.**DANKÓ TITANILLA**

Biológia BSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Sebestyén Anna**tudományos főmunkatárs, SE ÁOK*

Rapamycin kezelés növekedés gátló és metabolikus hatása izocitrát dehidrogenáz (IDH) mutáns tumorsejtekben

A daganatos megbetegedésekben a sejtszintű anyagcsere változások megismerésének és befolyásolásának jelentősége egyre nagyobb szerepet kaphat a jövőben. Az mTOR (mammalian target of rapamycin) a jelátviteli hálózat egyik központi szabályozója hozzájárul a tumorsejtek anyagcserejének változásához. Fokozott aktivitása elősegítheti a megváltozott mikroenvironmenti alkalmazkodást, bizonyos metabolitok túlermelődését is. Adott onkometabolitok (pl.: 2-hidroxi-glutarát) termelésének hátterében elsősorban enzimmutációk ismertek (pl. IDH mutációk leukémiák, gliómák), a laktát termelés (fokozott glikolitikus aktivitás) azonban a legtöbb daganat esetében jellemző. IDH mutáns sejtvonalakban tanulmányoztuk az mTOR aktivitás hatásait és szerepét az onkometabolitok termelésében.

A rapamycin sejtproliferációt érintő hatásait Alamar Blue teszttel, míg metabolikus hatásait fehérje (IHC és Western blot) és metabolit szinten (LC-MS) vizsgáltuk heterozigóta IDH1 mutáns HT1080 humán fibrosarcoma, IDH1 vad és homozigóta mutáns humán glioma sejtvonalakban in vitro, illetve xenograft modellben in vivo.

Kimutattuk, hogy a rapamycin tumornövekedést gátló hatásai mellett a sejtekben a glikolízis és a mitokondriális légzés aktivitását is megváltoztatja; az ezeket a folyamatokat jellemző metabolitok koncentráció változása mellett, a káros onkometabolitok termelését is csökkenti. Az utóbbi változásokat különböző tumor mintákban ki tudtuk mutatni LC-MS-sel, a változások összefüggést mutattak a sejtek rapamycin érzékenységgel, proliferációs változásával is.

Megfigyeléseink felhívják a figyelmet arra, hogy a daganatos megbetegedések felismerésében, kezelésének fejlesztésében is kiemelt jelentőségű lehet a szabályozási útvonalakban érintett mutációk megismerése mellett a tumorsejtek anyagcsere profiljának feltérképezése, változásainak megismerése.

MOLEKULÁRIS BIOLÓGIA I.

DUKAY BRIGITTA DÓRA

Biológus MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Sántha Miklós**tudományos főmunkatárs, MTA SZBK**Dr. Tóth E. Melinda**tudományos munkatárs, MTA SZBK***A Hsp27 szerepének tanulmányozása magzati alkohol szindróma által kiváltott gyulladásban, apoptózisban és gliasejt aktivációban**

A hősokkfehérjék (Hsp) különböző stressz hatásokra gyorsan indukálódó konzervált fehérjék, amelyek feladata a sejtalkotó fehérjék, membránok normál működésének biztosítása, és bizonyos sejt folyamatok (pl. apoptózis) szabályozása. Korábbi eredmények arra utalnak, hogy a gyulladáshoz vezető reakciókat is befolyásolhatják, például gyulladáskeltő és gyulladásgátló molekulák felszabadításában egyaránt szerepet játszhatnak. Munkánk során egy kismolsúlyú hősokkfehérje, a Hsp27 gyulladásban és gliózisban betöltött szerepét vizsgáltuk egy akut idegrendszeri károsodás, a magzati alkohol szindróma során.

A fejlődő agy a szinaptogenetikus periódus során kifejezetten érzékeny az etanol citotoxikus hatására, ezért prenatális korban az alkohol kezelés súlyos idegrendszeri károsodásokat okoz. Ezen periódus a humánnal ellentétben egérben posztnatálisan van jelen, ezért a magzati alkohol szindróma modellezésére 7 napos vad típusú és Hsp27 túltermelő transzgenikus egereket kezeltünk 5g/kg etanollal és azonos mennyiségű fiziológiás sóoldattal.

Az alkohol toxikus hatását mutatja a kezelés által előidézett nagymértékű apoptózis, amelyet TUNEL-próbával tettünk láthatóvá. 24 órával a kezelés után a legtöbb TUNEL-pozitív sejt a kortikális, a hipotalamikus, középagyi és a striatális régióban volt látható, míg a hippokampusz és a kisagy területén nem tapasztaltunk jelentős sejtelhalást. Összehasonlítva a vad típusú és transzgenikus állatokat azt tapasztaltuk, hogy a Hsp27 enyhén mérsékelte az apoptózist, de a különbség nem volt szignifikáns. A gyulladáshoz vezető citokinek (TNF α , IL-1 β), a reaktív asztrogliózis (GFAP) és a mikroglia aktiváció (Iba-1) markergénjeinek expressziós szintjét Real-Time PCR segítségével vizsgáltuk. 24 órával a kezelés után a vad típusú állatokban a TNF α , IL-1 β és a GFAP expressziója megduplázódott, míg a transzgenikus társaikban ugyanezek a gének 10-, 7- illetve 4,5-szeres emelkedést mutattak. A fenti gének expresszióját a Hsp27 túltermelés önmagában nem befolyásolta, azonban az Iba-1 mikroglia marker szintje a kezeletlen transzgenikus állatokban megemelkedett, amelyet az etanol kezelés nem növelt tovább.

Eredményeink alapján arra következtethetünk, hogy a Hsp27-nek szerepe lehet a gyulladáshoz vezető folyamatok szabályozásában azáltal, hogy fokozza különböző citokinek expresszióját, valamint befolyásolja az asztrocita és mikroglia aktivációt akut agysérülést követően.

MOLEKULÁRIS BIOLÓGIA I.

GRÓF ILONA

Biológus MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Deli Mária**tudományos tanácsadó, MTA SZBK***A sejtkapcsolatokat módosító PN159 peptid fokozza a gyógyszerek átjutását a bélhám tenyészetes modelljén keresztül**

A gasztrointesztinális barrier fontos szerepet játszik testünk védelmében és állandó homeosztázisának fenntartásában. Anatómiai alapját az epitelsejtek közötti szoros kapcsolatok alkotják. A szoros kapcsolatok megakadályozzák a sejtek közötti szabad anyag átjutást, ezzel erősen korlátozzák a gyógyszerbejutást is. Célunk az volt, hogy a csoport korábbi munkájában vizsgált PN159 peptid hatását részletesebben is jellemezzük, és bélepitél sejteken vizsgáljuk a szoros kapcsolatok átmeneti megnyitását hatóanyagok átjutásának fokozására.

Kísérleteinkben a humán Caco-2 sejtvonalat, a bélhám jól jellemzett tenyészetes modelljét használtuk. Megvizsgáltuk, hogyan hat a peptid a sejtek életképességére, ehhez a metabolikus aktivitás mérő MTT tesztet és az impedancia mérésen alapuló valós idejű sejtanalízist alkalmaztuk. A morfológiai vizsgálatok során immunfestéssel láthatóvá tettük a sejtközötti kapcsolatokat alkotó fehérjéket. A gátműködést permeabilitási tesztekkel, és a sejtréteg elektromos ellenállásának mérésével vizsgáltuk. A sejtréteg változását a kezelés alatt és a visszaállási fázisban kinetikai vizsgálattal követtük nyomon, a sejtréteg elektromos ellenállásának mérésével. A sejtrégeken négy efflux pumpa ligand hatóanyag (atenolol, cimetidin, kinidin, verapamil) átjutását vizsgáltuk.

Az MTT teszt alapján megállapítottuk, hogy a peptid alacsony koncentrációi (1-10 μM) nem befolyásolták a sejtek életképességét, míg a magasabb koncentrációk (100 μM) sejtkárosodást okoztak. Ezt az eredményt az immunhisztokémiai festések is alátámasztották. A PN159 peptid a sejtek életképességét nem befolyásoló mennyiségben koncentráció-függő módon csökkentette a Caco-2 sejtréteg elektromos ellenállását és ezzel összhangban növelte a jelzőmolekulák átjutását. A kinetikai vizsgálat alapján a peptid hatása gyors és reverzibilis volt, két-három órán belül helyreállt a sejtréteg szorossága. A PN159 peptid hatékonyan fokozta a vizsgált négy efflux pumpa ligand hatóanyag permeabilitását.

Az eredményeink azt mutatják, hogy a PN159 peptid szoros kapcsolatokat megnyitó hatása bélepitél sejteken gyors, koncentráció-függő és visszafordítható, ezért biztonságosan alkalmazható lenne, mint potenciális gyógyszerészeti segédanyag a gasztrointesztinális gátrendszeren keresztüli hatóanyag-átjutás fokozására.

MOLEKULÁRIS BIOLÓGIA I.**HALÁSZ HENRIETT**

Biológus MSc

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Szabó-Meleg Edina
egyetemi adjunktus, PTE ÁOK**Dr. Papp Gábor
egyetemi adjunktus, PTE TTK***Intercelluláris „autópályák”- membrán nanocsövek: felépítés és funkció**

Az élővilág felépítésében kulcsfontosságú szerepet betöltő sejtek rendkívül változatos felépítésű és morfológiájú struktúrákat hoznak létre. Ilyen - sejtek között kialakuló - sokoldalú biológiai struktúrák például a 2004-ben felfedezett membrán nanocsövek. Ezek a vékony extracelluláris membránkitüremkedések szerepet játszanak a sejtek közötti kommunikációban, anyagáramlásban, különböző patogének és patológiás folyamatok terjedésében. Képződésükben és működésükben egyaránt fontosak a citoskeletális elemek (F-aktin és mikrotubulusok). Részletesebb megismerésük új lehetőséget nyithat különböző betegségek terápiájában és terápiás szerek szövetekbe történő bejuttatásában.

Vizsgálatainkat Cos7 és A20 sejteken végeztük Zeiss lézer-pásztázó konfokális és nagyfelbontású Zeiss SIM mikroszkópok használatával (Wide-Field, SIM, Z-stack, Time-lapse funkciók). A tenyészeteket Latrunculin A aktin polimerizációt destabilizáló droggal kezeltük, majd elemeztük membrán nanocsövekre gyakorolt hatását. Megfigyeléseinket fluoreszcens festési és immunhisztokémiai eljárások alkalmazásával erősítettük meg. CellTracker Green/Red általános fehérje jelölőkkel inkubált sejteken az anyagátadás folyamatát vizsgáltuk. Cholera toxin B-vel jelölt sejtek között kialakult nanocsövekben vezikulák transzportját követtük nyomon, majd meghatároztuk vándorlási sebességüket. A képek analízise Fiji és Imaris képelemző programok használatával történt.

Latrunculin A hatására a sejtek zsugorodtak, lekerekedtek, eltávolodtak egymástól, hosszabb inkubáció után az aktin hálózat teljesen feldarabolódott, nem volt kimutatható. A nanocsövek megnyúltak, átmérőjük csökkent. CellTracker fluorofórok alkalmazása során különböző méretű mikrovezikulák áramlását figyeltük meg az azonos színű sejtek között, időben és térben követtük nyomon ezen vezikulák membrán nanocsöveken keresztüli mozgását.

A kutatásaink során alkalmazott különböző sejtvonalak, módszerek, jelölési technikák, mikroszkópiai és képelemző eljárások lehetőséget teremtettek a membrán nanocsövek felépítésében résztvevő kulcsfontosságú citoskeletális struktúrák kimutatására és azok funkcionális jelentőségének felderítésére, a membrán nanocsövekben lejátszódó bizonyos transzport folyamatok tanulmányozására és nyomon követésére.

MOLEKULÁRIS BIOLÓGIA I.

HOLLÓSI ANNA

Biomérnök MSc

Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi

Egyetem

Vegyészmérnöki és Biomérnöki Kar

*Témavezetők:**Dr. Enyedi Ágnes**tudományos tanácsadó, SE ÁOK**Varga Karolina**tudományos segédmunkatárs, SE ÁOK***Az ösztrogén receptor szerepe a plazmamembrán kalcium ATP-áz 4b izoforma expressziójának szabályozásában emlőtumor sejtekben**

Az élő sejtek számára nélkülözhetetlen az intracelluláris Ca^{2+} háztartás fenntartása. A Ca^{2+} jelátvitel számos sejtéletteni funkciót befolyásol, mint például a migráció, túlélés, sejthalál vagy az osztódás. Tumoros sejtekben a Ca^{2+} jelátviteli folyamatokat végző fehérjék kifejeződése megváltozik, aminek a következtében a sejtek Ca^{2+} háztartása felborul. A dinamikus egyensúly fenntartásában nélkülözhetetlenek a plazmamembrán Ca^{2+} ATP-ázok (PMCA), amelyek feladata az alacsony intracelluláris Ca^{2+} szint biztosítása.

Csoportunk munkatársai korábban azt tapasztalták, hogy az ösztrogén receptor (ER) pozitív MCF-7 emlőtumor sejtek kismértékben fejezik ki a PMCA4b izoformát, hiszton- deacetiláz inhibitor (HDACi) kezelés hatására viszont a PMCA4b fehérje expressziója nagymértékben fokozódik. Az alacsony PMCA4b expresszió különböző ingerekre hosszan fenntartott Ca^{2+} jelet eredményez, amely csak a kezelések hatására normalizálódik. Ezzel ellentétben az ER negatív MDA-MB-231 sejtvonalban magas PMCA4b expressziót figyeltek meg, melyet a HDAC inhibitor kezelés csak kismértékben befolyásol.

Munkánk során tanulmányoztuk, hogy az ER által közvetített jelátviteli utak befolyásolják-e a PMCA fehérjék kifejeződését emlőtumor sejtekben. Ezért vizsgáltunk egy ER pozitív és egy ER negatív emlőtumor sejtvonalon ösztadiol (E2) illetve ER gátlószerek hatásait a PMCA fehérjék expressziójára. Azt tapasztaltuk, hogy az ER pozitív MCF-7 sejtekben az E2 fokozza, míg az ER-gátló fulvestrant gátolja a PMCA4b izoforma kifejeződését. Továbbá a HDAC inhibitorok hatása is kisebb mértékű a PMCA4b kifejeződésre, ha a kezeléssel párhuzamosan gátoljuk az ER-t. Ezzel ellentétben az ER negatív MDA-MB-231 sejtek PMCA4b expresszióját nem befolyásolja az E2 jelenléte vagy hiánya, sem önmagában vizsgálva, sem HDAC inhibitor kezelés esetén.

Vizsgálatainkból arra következtethetünk, hogy az ER jelpálya szerepet játszik a PMCA4b fehérje expressziójának szabályozásában, és részben felelős a HDAC inhibitorok által kiváltott fokozott PMCA4b termelésért is. Az ER gátlása az emlőtumorok kezelésének régóta alkalmazott eszköze, hiszen az infiltráló emlőkarcinómák 70-80%-a ER pozitív. Manapság több kutatás zajlik, ahol a hagyományos terápiákat HDAC inhibitor kezeléssel kombinálják. Új terápiás protokollok kifejlesztéséhez fontos megértenünk, hogy ezek a drogok, hogyan változtatják meg a tumorsejtek működését, többek között a tumorsejtek Ca^{2+} homeosztázisát.

MOLEKULÁRIS BIOLÓGIA I.

KORSÓS MARIETTA MARGARÉTA

Biológus MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Vizler Csaba**tudományos főmunkatárs, MTA SZBK***NFAT transzkripciós faktorok szerepének vizsgálata humán melanóma sejteken**

A humán malignus melanóma, a melanociták rosszindulatú burjánzása. Változatos klinikai megjelenés, agresszív metasztázisképzés, és kemorezisztencia jellemzi. A melanóma célzott terápiájában molekuláris célpontokként szolgálhatnak a sejten belüli szomatikus mutációk és a központi jelátviteli útvonalak résztvevői. A Ca^{2+} -függő NFAT (Nuclear Factor of Activated T cells) transzkripciós faktor egyike azon fehérjéknek, amelyek egyre nagyobb jelentőséget tulajdonítanak a tumorigenezis folyamatában. Az NFAT jelátviteli útvonal számos alap sejtfunkció szabályozásában részt vesz, emellett az NFAT izoformák több daganattípusban konstitutívan aktívak, illetve overexpresszálódhatnak. Korábbi kutatások már vizsgálták a melanóma genetikai eltéréseit, illetve az NFAT által szabályozott gének szerepét tumorokban, de kevés adat áll rendelkezésünkre az NFAT melanómában betöltött szerepéről.

Munkánk során vizsgálni kívántuk az NFAT izoformák kifejeződését különböző humán melanóma sejtvonalakon (A375, COLO 800, G-361, Malme-3M, UACC-257), illetve szakirodalmi adatokra támaszkodva kijelöltünk több, az NFAT izoformák által indukált gént (c-myc, STAT3, IL-8, COX-2, DDIAS), amelyeknek szerepe lehet a melanóma progressziójában és metasztázis képzésében. A továbbiakban kísérleti modellként használt A375 sejteket kezelésnek vetettük alá, mely során ionomycinnel (1 μ M) aktiváltuk, takrolimusszal (FK506, 1 μ M) specifikusan gátoltuk a Ca^{2+} -függő NFAT fehérjék működését a kalmodulin/kalcineurin útvonalon keresztül. A célgének időbeli expressziójának változását valós idejű PCR-rel vizsgáltuk a kezelt sejtekből előállított cDNS templátokon. Annak érdekében, hogy megfigyeljük az NFAT sejtmagba történő transzportját, EGFPc1-huNFATc1WW-WT konstrukcióval transzfektáltunk A375 sejteket, majd ionomycin (5 μ M) kezelés után fluoreszcens mikroszkóppal követtük a transzkripciós faktor útját.

Eredményeink azt mutatták, hogy az A375 sejtvonalon az összes NFAT izoforma megtalálható, és a többi melanóma sejtvonalon is igazoltuk jelenlétüket. Az összes vizsgált gén esetében azt tapasztaltuk, hogy az NFAT útvonal aktiválására számottevően megnőtt a sejtekben mért expressziós szintjük, viszont az útvonal specifikus gátlásával a gének kifejeződése csökkent. Mindezekből arra következtethetünk, hogy az NFAT transzkripciós faktoroknak jelentős szerepük van a melanóma sejtek sorsának szabályozásában, és ezeknek a jelátviteli utaknak a mélyebb megismerése újabb terápiás lehetőségekhez vezethet.

MOLEKULÁRIS BIOLÓGIA I.**MÁTYÁSI BARBARA**

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Sebestyén Anna**tudományos főmunkatárs, SE ÁOK**Pálóczy Krisztina**asszisztens, SE ÁOK***Az extracelluláris NM23 szerepe**

A daganatos betegek halálozásáért 90 % -ban az áttétek kialakulása felelős. Az NM23 (non-metastatic clone 23) géncsalád egyik tagja, az NM23-H1 (NME1), az elsőként felfedezett, nukleozid-difoszfát kináz aktivitással rendelkező metasztázis szuppresszor. A metasztázis inhibitorok gátolják az áttétképződés különböző lépéseit, azonban a primer tumor kialakulására, növekedésére nincsenek hatással. Számos szolid tumortípus esetén (melanoma, emlő-, máj-, vastagbél karcinóma) igazolták az NM23-H1 fehérje alacsony szintjét, hiányát a metasztázisban. Fordított összefüggés mutatható ki adott daganat-metasztázisok kialakulásának valószínűsége, invazivitása és az NM23-H1 fehérje szintje között. Emellett emlőkarcinómás betegek szérumban és vastagbél karcinóma sejtek szekrétumban is kimutatták az NM23 fehérje homológokat. Az NM23 fehérje tumorsejtekből az extracelluláris térbe jutásának mechanizmusa és szerepe azonban nem ismert.

Célunk e mechanizmus, valamint az extracelluláris NM23-H1 szerepének felderítése. Munkánk során modellként FLAG::NM23-H1-gyel, MYC::NM23-H2-vel és kontroll vektorral transzfektált MDA-MB-231T invazív emlőkarcinóma sejtvonalat használunk. Ezen transzfektált sejtvonalakból mikrovezikula és exoszóma frakciókat izoláltunk. A vezikula frakciókat sejtfelszíni markerek alapján áramlási citometriával jellemeztük, majd a sejtvonalak felülúszójából származó, abból elválasztott extracelluláris frakciókban (mikrovezikulák, exoszómák) Western blottal és áramlási citometriával vizsgáltuk a fúziós fehérjék megjelenését.

Western blottal és áramlási citometriával is sikerült detektáltunk a MYC::NM23-H2 fúziós fehérjét mind az exoszómális, mind a mikrovezikuláris frakcióban. Eddigi eredményeink, a beállított modellek és technikák alkalmasak lehetnek az extracelluláris NM23 funkcióinak vizsgálatára. Vizsgálataink segíthetik, a szérumban NM23, mint potenciális metasztázis biomarker vizsgálatát, későbbi klinikai felhasználását is.

Támogatás: MedInProt Szinergia IV.

MOLEKULÁRIS BIOLÓGIA I.

NAGY BRIGITTA

Biológus MSc

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Rákósy Zsuzsa
egyetemi adjunktus, PTE ÁOK***Magyarországi hajléktalan emberek tápláltsági állapota**

Hazánkban, annak ellenére, hogy a hajléktalan populáció egyre növekszik, még nem készült olyan felmérés, amely a hajléktalanok táplálkozási szokásairól, és ennek egészségi állapotokra gyakorolt hatását vizsgálta volna. Kutatásunk célja, a magyarországi hajléktalan emberek tápláltsági állapotának - kiemelt figyelmet szentelve a vérlipid szintek megállapításának -, és tápláltsági állapotok epigenetikai szabályozásra gyakorolt hatásának vizsgálata volt.

Felmérésünket Pécs, Budapest és Debrecen hajléktalanellátó intézményeiben, 453 hajléktalan személy bevonásával végeztük. Vizsgálatunkhoz saját szerkesztésű kérdőívet, testösszetétel-mérő készüléket és vérminta analízist használtunk. A metiláció vizsgálatához 148 buffy coat-ból izolált DNS minta LINE1 transzpozonális szekvencia 6 CpG szigetét piroszekvenáltuk. A statisztikai elemzéshez leíró statisztikai próbákat, Mann-Whitney-, ANOVA-, Kruskal-Wallis-tesztet és korrelációs számítást használtunk.

Az általunk vizsgált hajléktalan emberek több mint egyharmada túlsúlyos illetve elhízott, mely emelkedett koleszterin, triglicerid és LDL laborértékekkel társult ($p < 0,001$). A férfiak átlagos testtömegindexe $24,1 \pm 4,8 \text{ kg/m}^2$, a nőké $25,7 \pm 7,1 \text{ kg/m}^2$ volt. A testzsírarány a nőknél (férfiak: $20 \pm 10\%$; nők: $34,3 \pm 11,4\%$), a viscerális zsírszint a férfiaknál (férfiak: $8,3 \pm 5,1\%$; nők: $6,9 \pm 3,4\%$) érte el, illetve haladta meg az egészséges tartomány felső értékét. A megkérdezettek 52%-nál magas koleszterin-, 27%-nál magas triglicerid-, 43%-nál magas LDL szintet detektáltunk. Szignifikáns különbséget mutattunk ki az átmeneti szállón, az éjjeli menedékhelyen, és az utcán élő nők antropometriai értékei között ($p < 0,002$). Szubjektív bevallás alapján 92%-uk érzi a tápláltsági állapotát normálisnak, ugyanakkor 30%-uk nem jut rendszeresen élelemhez. Mintáinkban a LINE1 transzpozon 1-es CpG sziget metilációja pozitívan korrelált a 3-as és a 6-os CpG sziget metiláltsági szintjével ($R = 0,684$). Ez utóbbi két CpG sziget metiláltsága szignifikánsan nagyobb mértékű az emelkedett HDL szinttel rendelkezők körében ($p < 0,005$).

Adataink felhívják a figyelmet arra, hogy az elhízás lehet a malnutrició új formája a hajléktalan emberek körében.

MOLEKULÁRIS BIOLÓGIA I.

NÉMETH CSILLA

Biológia BSc

Nyugat-magyarországi Egyetem

Természettudományi Kar

GYARMATHY GERGŐ

Biológia BSc

Nyugat-magyarországi Egyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Szilák László**egyetemi docens, NYME TTK***Proteoglykanok rákos sejtosztódásra gyakorolt hatásának vizsgálata egy lehetséges terápianyomában**

TDK munkánkban a heparán-szulfát, proteoglikán syndecan-4 tumornövekedésre gyakorolt hatását vizsgáltuk.

A syndecanok I. típusú transzmembrán proteoglykanokhoz tartoznak, az ectodomáinjeik heparán és kondroitin szulfát láncokat viselnek. Számos biológiai folyamatban részt vesznek, többek között a sejt-mátrix és a sejt-sejt közötti kapcsolatok kialakításában, az extracelluláris mátrix alapállományának létrehozásában, a sejtek differenciációjában, a proliferációban és a migrációban.

A syndecan-4 eltérően a család többi tagjától szabályozza a Rac1 GTPáz aktivitását, befolyásolva ezzel a Rho-család, tágabb értelemben a teljes Ras-szuperfamilia aktivitását, amik az effektor fehérjéiken keresztül manifesztálódnak.

Előzetes vizsgálataink során észrevettük, hogy a syndecan-4 citoplazmás szerinje foszforilálódhat és ez szignálutakat szabályozhat. Ezért alapvetően két formát tanulmányoztunk a dolgozatban: a foszfoserint utánzó formát egy Ser179Glu mutánsal, illetve a nem foszforilált formát egy Ser179Ala mutánsal.

Különböző syndecan-4 konstrukciókat hoztunk létre, és ezekkel stabilan transzfektáltunk mC26 colon karcinoma sejteket, amikkel BALB/c egereket szubkután oltottunk. A tumornövekedést 30-40 napig monitoroztuk. Felfedeztük, hogy a Ser179Glu syndecan-4 tumor szupresszorként viselkedik az in vivo állatkísérletekben, míg a nem foszforilálható forma inkább növeli a tumor méretet.

A Ser179Glu mutánsból különböző deléciós vonalakat készítettünk, és a megállapításaink a következők:

- a Ser179Glu mutáns syndecan-4 expressziója gátolta a tumornövekedést
- az extracelluláris szegmens eltávolítása fokozta a tumorszupressziós képességet;
- a PDZ kötőhely eltávolítása fokozta a tumornövekedést;

Megállapítottuk, hogy a HSPG syndecan-4 szabályozhatja a sejtosztódást a különböző mutációktól függően lassíthatja vagy gyorsíthatja a tumor növekedést in vivo kísérletekben.

MOLEKULÁRIS BIOLÓGIA I.**RIGÓ RÉKA**

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar*Témavezető:**Dr. Laczka Csilla**tudományos főmunkatárs, MTA TTK***Szteroid származékok, mint lehetséges új stratégia Organikus Anion Transzporter Polipeptid (OATP) 2B1- termelő tumorsejtek elpusztításában**

Az Organikus Anion Transzporter Polipeptidek, OATP-k membránfehérjék, amelyek nagyméretű, amfipatikus vagy negatívan töltött molekulák, például hormonok, epesók, bilirubin és prosztaglandinok sejtbe történő szállítását végzik. 11 OATP-t ismerünk, amelyek jellemzően epitheliális vagy endotél eredetű szövetekben fejeződnek ki. Az OATP-k megtalálhatók például a májban, vesében, vékonybélben és a vér-agy gátban. Fontos fiziológiás szerepük mellett bizonyos OATP-k ektopikusan is megjelenhetnek tumorokban. A hormonfüggő tumorok elpusztításában az egyik fő stratégiai irányzat a tumor hormon-felvételének, szintézisének vagy metabolizmusának gátlásán alapszik. Különböző szintetikus ösztrom származékok, például 13-epi-ösztrom származékok a sejtproliferációt segítő aktív ösztadiol kialakításában részt vevő enzim gátlása révén, ígéretes molekulák a hormonfüggő tumorok elpusztításában. Mivel az OATP2B1 expressziója megnövekedett emlőtumorokban, és ez a transzporter képes szteroid hormonokat szállítani, munkám célja az OATP2B1 és szintetikus 13-epi-ösztrom származékok közötti kölcsönhatás vizsgálata volt. Ennek érdekében három stratégiát követünk:

1) Az OATP2B1 és 13-epi-ösztrom származékok közötti kölcsönhatás vizsgálata indirekt fluoreszcens esszével, OATP2B1 fehérjét overexpresszáló A431 epidermoid karcinoma (A431-OATP2B1) sejteken

2) Az OATP2B1 fehérjével kölcsönhatást mutató, és endogén fluoreszcenciával rendelkező szteroidok direkt transzportjának vizsgálata A431-OATP2B1 sejteken

3) A 13-epi-ösztrom származékok citotoxicitási esszében történő vizsgálata A431-OATP2B1 sejteken.

A háromféle vizsgálati módszer alapján többféle kölcsönhatást sikerült kimutatni, mind potenciális szubsztrát, mind pedig inhibitor molekulákat azonosítani tudunk. Találtunk továbbá olyan molekulákat, amelyek szelektíven képesek elpusztítani az OATP2B1-t termelő A431 sejteket. Munkánk eredményeként célzott OATP2B1 szubsztrát és inhibitor molekulák tervezhetők. Ezen kívül a szelektív vegyületek további fejlesztése és vizsgálata indokolt, amely OATP-függő anti-tumor terápia kidolgozásához vezethet.

MOLEKULÁRIS BIOLÓGIA I.

ROKONÁL PATRIK

Állatorvos

Állatorvostudományi Egyetem

*Témavezetők:**Dr. Pásztiné Dr. Gere Erzsébet
tudományos munkatárs, ATE**Dr. Mátis Gábor
egyetemi adjunktus, ATE***Matriptáz-2 gátlás hatásainak vizsgálata májsejttenyészetben és májsejt-Kupffer-sejt ko-kultúrán**

A matriptáz-2 a kettes típusú transzmembrán szerin-proteázok (TTSP) közé tartozó sejtfelületi enzim, mely főleg a májban található, és a hepcidin szintjének befolyásolásával az egyik legjelentősebb modulátor a szervezet vasháztartásában. Jelenleg viszonylag kevés gyógyszerjelölt vegyület áll rendelkezésre a hepcidin szintjének szelektív befolyásolására, ezek közül kísérleti munkánkban két 3-amidinofenilalanin alapvázú matriptáz inhibitor (MI) vegyületet alkalmaztunk. Kutatásunk célja a két gyógyszerjelölt, az MI-460 és az MI-461 in vitro farmakológiai vizsgálata májsejteken, valamint máj- és Kupffer-sejteket is tartalmazó ko-kultúrán.

Munkánkhoz magyar nagy fehér sertésekből származó májsejteket használtunk a csak májsejtekből álló primer sejttenyészet létrehozásához, valamint készítettünk egy Kupffer-sejteket is tartalmazó ko-kultúrát (2:1 hepatocytá – Kupffer-sejt aránnyal) a gyulladáshoz való állapot modellezésére. Ezekben a tenyészetekben MTS-próbával megállapítottuk, hogy a matriptáz gátlók befolyásolják-e a sejtek életképességét. Az extracelluláris hidrogén-peroxid szintjét Amplex Red reagens hozzáadásával mértük. Immunfluoreszcens festéssel vizsgáltuk két tight junction fehérje, a claudin-1 és az occludin sejten belüli elhelyezkedését a matriptáz gátló kezelések hatására. További vizsgálatok tárgyát képezték azok a funkcionális vizsgálatok, melyek a vasháztartásra és a gyulladáshoz való folyamatokra vonatkoztak. A májsejtek hepcidin szintjének meghatározását és a gyulladáshoz való mértékének nyomon követését külön-külön sertés-specifikus hepcidin és IL-8 ELISA kittel végeztük.

Eredményeink alapján megerősítettük, hogy az MI-460 és az MI-461 nem rendelkezik citotoxikus hatással az alkalmazott koncentrációban. A tight junction fehérjék közül csak az occludin esetében tapasztaltunk változást a gyulladáshoz való ko-kultúrán, de itt már a kontroll csoport esetében sem tapasztaltuk az occludin élettani elhelyezkedését a sejtmembránon. Megállapítottuk, hogy mindkét vegyület szignifikáns mértékben növeli a hepcidin szintet mind gyulladáshoz való, mind intakt májban in vitro. Az IL-8 koncentrációk mérési eredményei alapján kiderült, hogy az MI-461 mindkét sejttenyészet esetében okozott statisztikailag kimutatható gyulladáscsökkenést.

MOLEKULÁRIS BIOLÓGIA I.

SZÚCS DIÁNA

Biológus MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Pankotai Tibor

tudományos munkatárs, SZTE TTIK

A DNS hibajavítást segítő hiszton poszt-transzlációs módosítások in vivo vizsgálatára alkalmas kísérleti rendszer létrehozása *Drosophila* és humán modellrendszerben

Az eukarióta sejtekben a DNS kromatin szerkezetbe tömörül, ami befolyásolja a DNS károsító kémiai anyagok és sugárzások hozzáférhetőségét az egyes kromoszómális régiókhoz. Ugyanakkor befolyásolja a DNS hibajavító komplexek hozzáférhetőségét is a DNS törésekhez, ezáltal hatással van a DNS hibajavítás sebességére. A kettős szálú törések során a DNS mindkét szála érintett, és a hibajavítás idejének növekedése emeli a kromoszómális transzlokációk kialakulásának esélyét. Célkitűzésünk annak megértése hogyan történik a DNS törések azonosítása az eukarióta kromatin szerkezetben és a törések milyen kromatin szerkezeti változásokat hoznak létre a hibajavítás során.

Kutatócsoportunk egy olyan kísérleti rendszer előállítását tűzte ki célul, amely az egyedi hiszton PTM-ek DNS hibajavításra gyakorolt hatásának in vivo vizsgálatát teszi lehetővé. A H2A hiszton génben in vitro mutagenézis segítségével meghatározott pozíciókban pontmutációkat hoztunk létre, amelyek a hiszton fehérjében aminosav cserét eredményeznek. A létrehozott mutációk egy adott PTM jelenlétét mimikálják, vagy a módosítás kialakulását akadályozzák. Kísérleti elrendezésünkben *Drosophila* modellállatokat használunk, amelyekben egyedülálló lehetőség nyílik az endogén hiszton régió eltávolítására és az általunk vizsgálni kívánt hiszton mutációk visszajuttatására. A *Drosophila* modellrendszer és humán sejt kultúrák alkalmazásával azonosítottunk két hiszton PTM-et, amelyek potenciális szerepet játszanak a kromatin szerkezeti változásokban a kettős szálú DNS törések hibajavítása során.

Eredményeink segíthetnek megérteni, hogy a kromatin szerkezet milyen hatással van a kromoszómális transzlokációk kialakulásának valószínűségére, ezáltal a rákos folyamatok kialakulására. Így az általunk használni kívánt kísérleti rendszer nagymértékben hozzájárulhat olyan eddig nem ismert kromatin szerkezetet érintő folyamatok megértésében, amelyek nemcsak új rákterápiás célpontok azonosítását teszi lehetővé, hanem rákellenes gyógyszerek tesztelésének lehetőségeit is.

MOLEKULÁRIS BIOLÓGIA II.

BALI KRISZTINA

Biológus MSc

Állatorvostudományi Egyetem

Témavezetők:
Egediné Dr. Fehér Enikő
tudományos főmunkatárs, MTA ATK
Dr. Pásztor-Kovács Szilvia
tudományos munkatárs, ATE

Virális és gazda eredetű tényezők vizsgálata házi és vadon élő víziszárnyasok polyomavírus fertőzésében

A libák vérzéses vese- és bélgyulladás az Anser anser polyomavírus 1 (AaPyV1, korábban lúd haemorrhagiás polyomavírus) által okozott súlyos megbetegedés, amelyet 1969-ben Magyarországon jegyeztek le először. A vírust kimutatták pézsmarécéből és mulard kacsából is. A fertőzött egyedek egyik kacsza faj esetében sem mutattak klinikai tüneteket, viszont potenciális rezervoárnak számítanak.

Az AaPyV1 (Polyomaviridae víruscsalád, *Gammapolyomavirus* nemzetség) kettősszalú DNS genommal rendelkezik, amely a többi polyomavírusban szintén megtalálható korai és késői fehérjéket kódoló gének mellett egy további, feltételezett génnel is rendelkezik (ORF-X). Bár a vírus genom kódját sikeresen meghatározták, a gének funkciója és a fertőzés pontos mechanizmusa nem ismert.

Tanulmányunk céljai közt szerepelt a hazai állományokat fertőző liba és kacsza eredetű AaPyV1 genomok vizsgálata, a virális gének funkcionális vizsgálatának megkezdése, illetve a potenciális vírus rezervoár szervezetek felderítése.

Munkánk során a Nemzeti Élelmiszerlánc-biztonsági Hivatal Állategészségügyi Diagnosztikai Igazgatóságára polyomavírus fertőzés gyanújával érkezett házi kacsza és lúd vese és bursa szövetmintákat, valamint influenza vírusszűrésre érkezett vadmadár (köztük víziszárnyas) kloáka tampon mintákat használtunk fel. Három, a tavalyi évben (2015) gyűjtött AaPyV1 törzs teljes genomjának nukleotid sorrendjét felsokszorozást követően újgenerációs szekvenáló rendszer segítségével határoztuk meg. Mindhárom törzs genetikai kódja nagy hasonlóságot mutatott a GenBank adatbázisban elérhető néhány szekvenciával. A rendelkezésünkre bocsátott 90 vadmadár mintából nagy érzékenységgű, széles spektrumú nested PCR rendszerrel végeztünk polyomavírus szűrést, ám egy mintában sem mutattuk ki a vírusok jelenlétét. RT-PCR rendszer segítségével vizsgáltuk házi kacsza és liba szövetmintából a feltételezett ORF-X gén kifejeződését, ám a géntermék megjelenését nem sikerült igazolni.

A kutatás folytatásaként a jövőben a fertőzés vírus és gazda eredetű tényezőinek átfogó vizsgálatára mRNS transzkriptom analízist hajtunk végre, amellyel közelebbi képet kaphatunk a virális gének kifejeződéséről, köztük a feltételezett ORF-X génről is. Illetve folytatjuk a cirkuláló AaPyV1 törzsek és potenciális rezervoár szervezetek felkutatását is.

MOLEKULÁRIS BIOLÓGIA II.

BENKŐ PÉTER

Biológus MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

*Pichererné Dr. Gémes Katalin
tudományos munkatárs, MTA SZBK***Az auxin gátolja a szomatikus embriógenesis folyamatát indukált *Arabidopsis* gyökéren**

A szomatikus embriógenesis (SE) során a már differenciálódott testi sejtekben újra aktiválódik az embriófejlődés genetikai programja. A növények különböző egyedfejlődési fázisai közötti átmenetek szabályozásáért a növényi hormonok felelősek, melyek közül a legáltalánosabb az auxinok szerepe. A SE az esetek túlnyomó többségében külső auxin kezelés hatására indul el a sejtekben és a magasabb endogén auxin szint sok esetben magasabb szintű embriógén válasszal jár együtt.

Laboratóriumunkban korábban kimutatták, hogy az oldalgökér primordiumok indukálásának céljából rövid ideig alacsony auxin koncentráció mellett tenyésztett *Arabidopsis thaliana* (lúdfű) gyökereken magas koncentrációjú átmeneti citokinin kezelés szomatikus embriók kialakulását váltja ki. A citokinin általában hajtások megjelenését serkenti. Ha azonban a csíranövényről eltávolított, oldalgökér kezdeményeket tartalmazó, citokinin-kezelt gyökér explantumokat egy meghatározott időpontban hormonmentes táptalajra helyezték, a gyökerek felületén hajtás helyett embriók képződtek.

Célunk volt annak a vizsgálata, hogy ezek a kezelések (alacsony auxin majd ezt követően magas citokinin-koncentráció) teljes csíranövények esetében is kiváltják-e a SE-t. Megfigyeltük, hogy ha a teljes csíranövényt kezeljük hasonló módon, mint a gyökér explantumokat, akkor elmarad az embrió képződés. Ezzel összefüggésben vizsgáltuk, hogy a hajtás csúcsi részéből a gyökér felé irányuló auxin transzport milyen hatással van az embrióképződés folyamatára ebben a kísérleti rendszerben. A hajtásból gyökérbe irányuló auxin transzport gátlásával (TIBA, 2,4,6-trijód-benzoésav) a teljes növény gyökerén is indukálható volt az embriógenesis folyamata. Összességében elmondható tehát, hogy *Arabidopsis* csíranövény gyökerén a hajtásból gyökérbe transzportálódó auxin gátolja a citokinin-indukált embriógenesis folyamatát.

MOLEKULÁRIS BIOLÓGIA II.

FARAGÓ ANIKÓ

Biológus MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Bodai László**egyetemi docens, SZTE TTIK***Az öregedés során csökkenő expressziót mutató hiszton acetiltransferázok azonosítása és vizsgálata *Drosophila melanogaster*-ben**

Az öregedés folyamata során jelentős változások figyelhetők meg sejtes és molekuláris szinten is, ilyenkor a génexpressziós mintázat kiterjedt változása zajlik le. A hisztonok acetilációs állapotának megváltozása egy olyan öregedéssel kapcsolatba hozható epigenetikai folyamat, amely közrejátszik a kromatin szerkezet átformálásában és a génexpresszió regulációjában. A hisztonok acetiláltsági állapotát az antagonistá hiszton acetiltransferáz (HAT) és hiszton deacetiláz (HDAC) enzimek szabályozzák. Egyes HDAC fehérjék mennyiségének megváltozása növeli az élettartamot, ami alapján feltételezhető, hogy a HAT enzimek is befolyásolhatják az öregedést. Kutatásom során különböző életkorú egyedekben (1 és 3 napos; 1, 2, 4 és 6 hetes) HAT enzimek és kofaktoraik génexpressziós szintjének változását tanulmányoztam RT-qPCR segítségével. Eredményeim alapján az öregedés előrehaladtával a dCBP/nejjire, enok és Naa60 gének mRNS szintje csökkent számottevően, míg a chm, Tip60, ATAC2, mof, Gcn5 géneknek és ez utóbbi kofaktoraiknak (Ada3, Ada2a, Ada2bL és Ada2bS) szintje nem változott. A dCBP a humán CBP ortológja, amely egy fontos transzkripciós koaktivátor, a cAMP-függő szignáltranszdukciós út eleme. Funkcióvesztéses mutációja mentális retardációval járó Rubinstein-Taybi szindrómát okoz; emellett kapcsolatba hozható poliglutamin extenzióval járó neurodegeneratív betegségekkel. A dCBP gén fokozott illetve csendesített expressziójának életképességre és élettartamra gyakorolt hatását UAS/GAL4/GAL80ts transzgenikus rendszerben vizsgáltam. Lárva stádiumban a dCBP idegrendszerbeli csendesítése, valamint túltermelése is letálisnak bizonyult, mely arra utal, hogy expressziós szintje szűk határok között szabályozott és létfontosságú a neuronális fejlődés során. Adult idegrendszerben történő dCBP csendesítés, illetve túlzott mértékű expresszió hatásának vizsgálatára túlélés analízist végeztem, az egyedek spontán napi aktivitását TriKinetics monitorral, motoros aktivitását mászási tesztekkel tanulmányoztam. Eredményeim szerint a dCBP csendesítése és túltermelése is a motoros képességek romlásához és csökkent élettartamhoz vezet. A napi aktivitás mérés során kiderült, hogy a dCBP csendesítése hiperaktivitást, míg túltermelése hipoaktivitást eredményez; ami alapján a gén a cirkadián ritmus szabályozásában is szerepet játszhat. További terveim között szerepel ez utóbbi vizsgálata; valamint az enok és Naa60 gének megváltoztatott expressziójának öregedésre gyakorolt hatásának vizsgálata.

MOLEKULÁRIS BIOLÓGIA II.

ISKI GERGELY

Mezőgazdasági biotechnológia MSc

Szent István Egyetem

Mezőgazdaság- és Környezettudományi Kar

Témavezetők:

Dr. Silhavy Dániel

tudományos tanácsadó, NAIK-MBK

Prof. Dr. Kiss Erzsébet

egyetemi tanár, SZIE MKK

Hírvivő RNS szabályozó elemek vizsgálata *Chlamydomonas reinhardtii*-ban

A zöldalgák a mai növények (Viridiplantae) legközelebbi élő rokonai. Napjainkban ipari céllal bioüzemanyag előállításra próbálják hasznosítani, de emellett számtalan alapkutatói téma népszerű modellorganizmusai, mint például a fotoszintézis, lipid szintézis és endoszimbiózis tanulmányozása.

Munkánk során egy RNS minőségbiztosítási rendszer, a Nonsense Mediated Decay (NMD) rendszer működését vizsgáltuk a Chlorophyceae osztályba tartozó *Chlamydomonas reinhardtii*-ban. Az NMD egy az eukarióta világban általánosan elterjedt RNS minőségbiztosítási rendszer, amely felismeri a korai STOP kodont tartalmazó hibás mRNS-eket és azokat hatékonyan elbontja. Ha az NMD rendszer nem működik, a korai stop kodont tartalmazó hibás mRNS-ekről képződő csonka fehérjék domináns negatív tulajdonság kialakulásához vezethetnek.

Az NMD rendszer működését eddigiekben leírták növényekben, állatokban, gombákban és humán sejtenyészetekben is. Ezen organizmusok mind diploidok. Az NMD rendszer diploidokban nyilván előnyös, hiszen egy heterozigóta gén esetén, ha az NMD lebontja a mutáns allélről származó korai STOP kodont tartalmazó mRNS-eket, megelőzi a csonka, hibás fehérjék képződését. A másik, vad típusú allélről átíródó normál mRNS-ekről pedig vad típusú fehérjék keletkeznek. Mivel eddig diploid rendszerekben tanulmányozták, felvetődik a kérdés, hogy haploidokban is működik-e az NMD rendszer? Ugyanis egy haploidban a mutáns gén csak egy kópiában van jelen. Elképzelhető, hogy előnyösebb, ha a mutáns génről képződő korai STOP kodont tartalmazó mRNS-ek nem bomlanak le. Ezen hibás mRNS-ről csonka, esetleg részlegesen aktív fehérjék szintetizálódnak, mintha az NMD következtében lebomlana, így a mutáns génről nem képződhetne semmilyen fehérje.

Munkánk során ezért azt szerettük volna megtudni, hogy (1) működik-e az NMD rendszer a haploid *C. reinhardtii* unicelluláris zöldalgában, illetve (2) azt, hogy ha működik az NMD *Chlamydomonas*-ban, akkor mennyire hasonlít a diploid organizmusokon leírt NMD rendszerekhez?

Programunk során kidolgoztunk egy *Chlamydomonas* transzformációra épülő NMD tesztrendszert amelyben luciferáz riportergént használtunk. Különböző, más eukariótákban NMD-t kiváltó cisz elemeket tartalmazó tesztkonstrukciókat állítottunk elő. Ezekkel a konstrukciókkal transzformáltuk a CC-4350 genotípust, majd mértük meg a luciferáz lumineszcenciáját és a luciferáz mRNS expresszióját. A kapott adatok alapján valószínűsíthető, hogy az NMD a haploid *C. reinhardtii*-ban is működik.

MOLEKULÁRIS BIOLÓGIA II.**KAGAN FERENC**

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Várallyay Éva**tudományos főmunkatárs, Mezőgazdasági Biotechnológiai Kutatóközpont**Pesti Réka**PhD-hallgató, Mezőgazdasági Biotechnológiai Kutatóközpont***Virális géncsendesítést gátló fehérjék által indukált miR168 promóter analízise tranzien্স génexpressziós rendszerben**

A növények életük során több stresszforrással is szembesülnek. Egyik ilyen stresszforrás a vírusfertőzés, mely ellen az RNS interferencia védi meg őket. A vírusok azonban több mechanizmust is kialakítottak e folyamat gátlására. Az RNS interferenciában központi szerepű az AGO1 fehérje, amely viszont a miR168 szabályozása alatt áll. Ebbe a szabályozásba avatkozhatnak be a virális géncsendesítést gátló fehérjék (VSR).

Munkám során a miR168 VSR általi transzkripciós indukcióját vizsgáltam tranzien্স génexpressziós kísérletekben. Korábbi eredmények alapján már kiderült, hogy az indukció a miR168 promóterén keresztül zajlik. Arra kerestem választ, hogy a promóteren belül hol található az indukció helye. Ehhez különböző hosszúságú *Arabidopsis thaliana* miR168 promótereket klónoztam egy promóter tesztelő GFP riporter gént tartalmazó plazmidba, majd ezt *Agrobacterium tumefaciens*-be konjugáltam. Tranzien্স génexpressziós kísérletek során a teljes és a rövidített promóterekről GFP-t expresszáló baktériumot együtt infiltráltam egy-egy 35S promóterrel működő VSR-t expresszáló baktériummal *Nicotiana benthamiana* növények fiatal leveleibe. A GFP expresszióját vizuálisan és Northern blottal elemeztem.

A fenti kísérletek eredményeképpen sikerült beazonosítani egy olyan promóter szakaszt, amelynek hiányában a VSR által történő miR168 indukció megszűnik. Jövőbeni terveink között szerepel, hogy irányított mutagenézissel tovább vizsgáljuk az indukcióban kulcsszerepet játszó promóter szakaszt.

MOLEKULÁRIS BIOLÓGIA II.

KOVÁCS ZOLTÁN

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar*Témavezetők:**Dr. Harami Gábor**tudományos munkatárs, ELTE TTK**Prof. Dr. Kovács Mihály**egyetemi tanár, ELTE TTK***Az egyszálú DNS-kötő fehérje (SSB) és a RecQ helikáz közötti kölcsönhatás funkcionális szerepe a genomkarbantartásban**

Az élővilágban széles körben elterjedt egyszálú DNS-kötő fehérjék (SSB) központi szerepet játszanak a sejt genomkarbantartó folyamataiban. Fő feladatuk a DNS-anyagcsere során keletkező egyszálú (ss) DNS-szakaszok beborítása, hogy azt stabilizálják és védjék. Azonban az SSB-k emellett nagyszámú DNS-módosító fehérjével képesek kölcsönhatást létesíteni. Ismert, hogy e kölcsönhatások együttes hiánya letális a sejt számára, azonban ennek ellenére szerepük nagyrészt felderítetlen. Kiemelt partnerek a RecQ helikáz család tagjai. Ezen enzimek egyedi kétszálú (ds) DNS-szálszétválasztó aktivitásukkal kulcsszerepet töltenek be a DNS-hibajavításban, hibás működésük genom instabilitáshoz, ember esetében rákos elváltozáshoz vezethet. Kutatásom fő célja, hogy a RecQ - SSB kölcsönhatás szerepének felderítésével hozzájáruljak a genomkarbantartó folyamatok működésének jobb megértéséhez. In vitro vizsgálatimhoz modellként tisztított formában előállítottam az *E. coli* SSB és RecQ fehérjéket. Méréseimet a széles körben használt kloridionokat tartalmazó, valamint a sejtbeli körülményeket pontosabban utánozó glutamátot tartalmazó pufferben is elvégeztem. Kimutattam, hogy az SSB nem változtatja meg a RecQ-nak sem a helikázaktivitást hajtó ATPáz aktivitását, sem pedig a DNS-kötési affinitását. Eredményeim rávilágítottak, hogy a két fehérje együttműködése nem allosztérikus enzimaktiváció révén jön létre. Ezen és további eredményeink alapján felállítottunk egy modellt a kölcsönhatás in vivo szerepére. Elképzelésünk szerint az interakció révén az SSB a beborított DNS-hez toborozza a RecQ-t. Továbbá a kölcsönhatás DNS-kötésmód váltást idéz elő az SSB-ben, mely következményeként az SSB-DNS komplex lokálisan fellazul. Ezen folyamatok lehetővé teszik, hogy a RecQ helikáz hozzáférjen az eredetileg SSB-vel borított DNS-hez és aktivitása a megfelelő DNS-szakaszokon nyilvánuljon meg. Modellünk alapján jelenleg teljes belső visszaverődés fluoreszcencia mikroszkópiás kísérleteket folytatok, melyekhez előállítottam az SSB és a RecQ fehérjék fluoreszcens festékekkel jelölt változatait. Módszerünkkel vizualizáció révén az egyedi molekulák szintjén, valós időben egyszerre vizsgálható a helikáz SSB-DNS nukleoprotein-szálhoz való kötődése és a szálaban a kölcsönhatás során lezajló változások. Reményeim szerint kísérleteim a kölcsönhatás további részleteire derítenek fényt szélesítve ezáltal ismereteinket a genomkarbantartó folyamatokról.

MOLEKULÁRIS BIOLÓGIA II.

MEZEI ZOLTÁN

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Zelenyánszki Helga**PhD-hallgató, ELTE TTK****Salmonella enteritidis* elleni ehető vakcina előállítására *Arabidopsis thaliana* modellnövényben**

Célunk a különböző gyomor-bél rendszeri panaszokat okozó *Salmonella enteritidis* elleni ehető vakcina előállítása *Arabidopsis thaliana* modellnövényben. A szájon át beadható vakcinának jelentős szerepe van, mivel ily módon a szisztémás immunrendszeren túl az emésztőtraktus védelmét is biztosítani lehet a bélnyálkahártya immunrendszerének aktiválásán keresztül. A termelendő antigént kódoló DNS szakaszt a betegséget nem okozó kolera toxin B alegység (CTB) és a *Salmonella enteritidis* flagellin C (fliC) fehérjét kódoló gének fúziójából hoztuk létre. A munka első fázisában az egész növényben fehérjetermelést biztosító, konstitutív promotert használtunk a vakcina antigén *A. thaliana* növényeiben történő megtermelésére. 11 hygromycin rezisztens növényt hoztunk létre, melyekben ellenőriztem a vakcinafehérjét kódoló transzgen jelenlétét, illetve vizsgáltam az arról történő mRNS expressziót is. A fehérjét nem tudtuk Western blot módszerrel kimutatni, de a fehérjetermelés problémájának kiküszöbölésére megoldást jelenthet egy újabb, szövetspecifikus promóter alkalmazása, például egy endospermium specifikus búza promóter (Bx17 HMW glutenin gén promótere), ami arabidopsis növényekben magspecifikus expressziót biztosít. A promóter cseréjét követően az újonnan elkészült konstrukció *A. thaliana*-ba történő transzformálása jelenleg folyamatban van, és további terv a hygromycin rezisztens vonalak vizsgálata DNS, mRNS és fehérje szinten. Távlati célunk az antigén termelése árpa endospermiumban, mert így akár szabadföldön is elő lehet állítani a fehérjét, stabilan eltárolható és könnyen belekeverhető a takarmányba. Az árpa transzformálása hosszabb folyamat, ezért a könnyen transzformálható, gyors generációs idejű arabidopsist használjuk modellnövénynek.

MOLEKULÁRIS BIOLÓGIA II.**MICZI MÁRIÓ**

Biotechnológia MSc

Debreceni Egyetem

Általános Orvostudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Mótyán János András
egyetemi tanársegéd, DE ÁOK**Szójka Zsófia Ilona
PhD-hallgató, DE ÁOK***HIV-2 regulatórikus és tartozék gének hatása a HIV-1/2 duplafertőzésre**

A humán immundeficiencia vírus 1-es és 2-es típusai az AIDS betegség kialakulásáért felelős retrovírusok. A HIV-1 pandémiás, míg HIV-2 fertőzéseket főleg Nyugat-Afrikában regisztrálnak. A HIV-1 és HIV-2 vírusokkal történő kettős fertőzés esetén a betegek mind a két lentivirussal fertőztek. Húsz évvel ezelőtt írták le először a szakirodalomban a HIV-2-nek a HIV-1-el szembeni protektív hatását. A koinfektált betegek esetén ezen hatás többek között az alacsonyabb plazma vírus szintben, illetve a HIV-1 mono-infekcióhoz képest lassabban kialakuló szerzett immundeficiencia tünetegyüttes (AIDS) kialakulásában jelenik meg.

Jelenleg csak klinikai tanulmányok foglalkoznak a humán immundeficiencia vírusok által okozott dupla fertőzéssel. Így célunk a HIV-1 / 2 koinfekció tanulmányozása sejtlaboros körülmények között.

Hipotézisünk szerint a dupla fertőzött betegeknél tapasztalható csökkent HIV-1 patogenezis háttérében valamilyen intracelluláris folyamat állhat, mely a vírusok közötti interakció következtében alakul ki. Feltételezésünk szerint, valamely HIV-2 regulatórikus (tat, rev) vagy tartozék gén (vif, vpr, vpx) terméke érintett ebben az inter-virális kölcsönhatásban, ami a HIV-1 replikáció csökkenéséhez vezet.

A koinfekció tanulmányozása céljából a klinikumban már leírt három féle dupla-fertőzéses modell rendszert készítettünk: szimultán fertőzés, HIV-2 szuperinfekció és HIV-1 szuperinfekció. A HIV-2 szuperinfekció esetén a humán 293T sejteket először HIV-1-el „fertőztük” (virális transzdukció által), majd ezt követően HIV-2-vel.

Eredményeink alapján a szimultán infekció esetén 67%-kal csökkent, míg HIV-2 szuperinfekció esetén a HIV-1 pozitív sejtek száma alig volt detektálható.

Annak vizsgálata érdekében, hogy mely HIV-2 regulatórikus vagy tartozék gén játszik szerepet a HIV-1 replikáció gátlásában, hely-specifikus mutagenezissel inaktíváltuk azokat. Ezek alapján az inaktívált HIV-2 vpx esetén emelkedett meg a HIV-1 fertőzött sejtek száma. Ez arra enged következtetni, hogy a HIV-2 virális protein X állhat a HIV-1 inhibíció háttérében.

Kísérleteink értékes információkkal szolgálhatnak a HIV-1 / 2 duplafertőzés során jelentkező gátló mechanizmusról.

MOLEKULÁRIS BIOLÓGIA II.

SÁRKÁNY PÉTER

Biológia BSc

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Szatmári Dávid**egyetemi tanársegéd, PTE ÁOK**Dr. Barkó Szilvia**egyetemi adjunktus, PTE ÁOK***Kétértékű kationok hatása a *Leptospira interrogans* MreB polimerek szerkezetére és stabilitására**

Kétértékű kationok hatása a *Leptospira interrogans* MreB polimerek szerkezetére és stabilitására

A murein régió B (MreB) egy bakteriális vázfehérje, ami már az 1990-es évek óta foglalkoztatja a nemzetközi kutatócsoportokat, ugyanis feltehetően ezen fehérjének polimerje más bakteriális fehérjékkel (ParM, FtsZ, FtsA stb.) együttműködve részt vesz a bakteriális sejtosztódásban. A legtöbb eubacteria és archeobacteria is rendelkezik vele. Emellett fontos megemlíteni, hogy az eukariótákban található aktin fehérjével jelentős azonosságot mutat azonban az még kérdéses, hogy funkcionálisan hasonló feladatot látnak-e el.

Kutatásunk fő célja volt kideríteni, hogy milyen kémiai körülmények biztosítják a MreB polimerek rugalmasságát (flexibilitását), illetve szilárdságát (rigiditását). Emellett spektroszkópiai módszerekkel vizsgáltuk bizonyos esszenciális kationok hiánya okozta változásokat, valamint a morfológiai elváltozásokat, fluroforral jelölt polimereken, konfokális mikroszkópiával. Eredményeinket a sejten belüli ionkoncentráció mérésével kiegészítve próbáltuk meghatározni a MreB polimerizálódásához szükséges élettani körülményeket.

Vizsgálatainkból kiderül, hogy a magas Ca^{2+} szint a polimerek rigiditását okozza, míg Ca^{2+} hiányában sokkal rugalmasabb struktúrákat kapunk. Ca^{2+} hiányos szuszpenzióhoz lokálisan hozzáadott extra Ca^{2+} a polimerek reasszociációját, vagy újrapolimerizálódását okozza, így egy hálózatos szuperstruktúrát létrehozva in vitro. Ha a rendszert a Ca^{2+} - és Mg^{2+} -tól is megvonjuk, akkor a polimerkötegek teljes mértékben szétesnek.

Eredményeink alapján valószínűsíthető, hogy a Mg^{2+} felelős a monomerek stabilitásáért. A Ca^{2+} feltehetőleg az óriáskötegek filamentumai közötti intermolekuláris erők kialakításában játszik szerepet. Továbbá a hozzáadott többlet Ca^{2+} a polimerek összehúzódásához és termikus mozgásuk lassulásához vezet. Azt sem zárhatjuk ki, hogy a két kation helyettesíteni tudja egymást konformációváltozást követően. Megállapítottuk továbbá, hogy különböző taxonokba tartozó baktériumfajok sejten belüli ionkoncentrációi eltérőek, ezért lehetséges, hogy más-más polimerizálódási optimummal rendelkeznek.

Kutatásaink a későbbiekben hozzájárulhatnak a bakteriális sejtosztódás folyamatának részletesebb megértéséhez és célzott orvosi készítmények, antibiotikumok kifejlesztéséhez.

MOLEKULÁRIS BIOLÓGIA II.

SZIKORA PÉTER ANDRÁS

Biomérnök BSc

Szent István Egyetem

Élelmiszertudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Pomázi Andrea**egyetemi docens, SZIE ÉTK**Dr. Khayer Bernadett**biológus, OKI****Legionella* baktériumok fenó- és genotípusos vizsgálata kórházi eredetű vízmintákból**

Napjainkban a kórházi eredetű fertőzések egyre inkább foglalkoztatják a szakmai és laikus közvéleményt. A nozokomiális fertőzéseknek számos forrása és formája lehet, melyek közül a víz az egyik legfontosabb környezeti tényező. A *Legionella* baktériumok a leggyakoribb ivóvíz eredetű patogének közé tartoznak, ubiquiter szervezetek, amelyek amőbák intracelluláris parazitáiként elterjedtek. A természetes vizekből a vízhálózatokon keresztül juthatnak be épületgépészeti rendszerekbe, ahol a pangó szakaszok, elhasználdott csövek és a biofilm-képződés növelik a fertőzésveszély kialakulását.

Kutatómunkám során egy budapesti kórház vízrendszeréből származó, különböző pontokon, illetve időpontokban vett 80 *Legionella* izolátum vizsgálatát végeztem el annak érdekében, hogy többféle tipizáló módszerrel jellemezzem a *Legionella* törzsek diverzitását.

Célom volt a törzsek molekuláris tipizálása ERIC-PCR és MALDI-TOF MS technikákkal annak érdekében, hogy csoportosítsam a törzseket, valamint kiderítsem, mennyire diverz a *Legionella*-közösség a vízhálózatban, változik-e a közösség összetétele térben és időben. Az ERIC-PCR a törzsekre jellemző genetikai ujjlenyomat alapján, a MALDI-TOF MS pedig a citoszolfehérjék töltégségére eső molekulatömege alapján felvett tömegspektrumok proteomikai identifikációjával képezi a faj alatti csoportokat.

Klaszteranalízis során elkészítettem az egyes technikákhoz tartozó dendrogramokat, amelyekben ezt követően csoportokat különítettem el, illetve jellemeztem is azokat a törzsek mintavételi paramétereit alapján. A kialakított klaszterek között számos összefüggés látható volt, több esetben kapcsolat volt a törzsek szerotípusaival, a mintavétel helyével és idejével, de a hőmérsékleti értékekkel is találtam összefüggést. Az azonos tulajdonságokkal rendelkező csoportokhoz összesített csoportszámot rendeltem, majd megállapítottam, többféle *Legionella pneumophila* törzs volt megtalálható a hálózatban, azonban a közösség összetétele változott. Találtam számos olyan törzset, melyek klónjai több épületben, hosszabb időszakon keresztül perzisztáltak, illetve amelyek csak bizonyos időszakban tenyésztek ki, sőt, teljesen egyedi tulajdonságokkal bíró törzseket is le lehetett írni.

Az eredmények fényében látható, hogy napjaink molekuláris tipizálási módszerei nagy segítséget jelentenek a járványügyi mikrobiológia számára, amely a biotechnológia fejlődésével egyre precízebb, gyorsabb és nagyobb mintaáteresztő képességgel rendelkező eszközökkel operálhat.

MOLEKULÁRIS BIOLÓGIA II.

TAKÁCS KINGA

Biológus MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Gallé Ágnes Anna

egyetemi adjunktus, SZTE TTIK

Növényi mikroRNS-ek szerepe a *Brachypodium distachyon* mellékgyökérzetének kialakulásában

Az elmúlt évtizedekben azonosították a kis RNS-ek számos csoportját, melyeknek szabályozó szerepük van a növényekben. A kis RNS-ek egyik konzervatív csoportja az mikroRNS-ek (miRNS-ek), melyek a fejlődési- és stresszfolyamatok posztranszkripcionális modulátoraiként váltak ismertté. Annak ellenére, hogy szekvenciáik igen konzerváltak a növények körében, mégis a fejlődésben betöltött szerepükben számos eltérés mutatkozott kétszikűek és egyszikűek között. Ezért tartottuk fontosnak az *Arabidopsis thaliana*-n végzett kísérletek révén kétszikűekben már ismert miRNS-ek vizsgálatát szálkaperje növények fejlődési folyamataiban.

A kísérleteink során célunk volt az oldalgyökér fejlődésben szerepet játszó miRNS-ek azonosítása szálkaperjében, illetve az azonosított nagyobb jelentőségű miRNS-ek mennyiségének vizsgálata gyökérfejlődés befolyásolása után (ozmotikus stressz).

Vizsgálatainknak a szálkaperje két ökotípusát vetettük alá (Bd21, Bd21-3), melyeket MS ferde táptalajon növesztettünk. A mellékgyökér-növekedést a gyökércsúcs eltávolításával indukáltuk és ezt követő öt napon át közel azonos időpontban mintát vettünk. Vizsgáltuk az miRNS mennyiségi változásokat az idő függvényében, kontroll és polietilén glikollal indukált ozmotikus stressz esetén.

Az általunk kiválasztott 30 szálkaperjében aktív miRNS-nek a nagy részénél emelkedő transzkripció aktivitást detektáltunk, de 6 miRNS transzkript szintje kiemelkedően magas volt mindkét általunk vizsgált vonal esetén, csak a Bd21-es ökotípusnál ezt a gyökércsúcs levágását követő 4. napon, míg a Bd21-3-nál a 3. napon mértük.

A továbbiakban megvizsgáltuk a gyökérfejlődés befolyásolásának a hatását (ozmotikus stressz hatását) az miRNS mennyiségére a két legnagyobb génexpressziós változásokat mutató mintavételi napokon. A hiperozmotikus közeg számos változást okozott az miRNS-ek relatív mennyiségében, a szárazságra eddigi irodalmi adatok alapján érzékenyebb Bd21-es vonal esetében ez különösen jelentős volt.

Mіндеzen eredmények hozzájárulnak ahhoz, hogy megértsük oldalgyökér fejlődés során a növényi génexpresszióra ható transzkripció és posztranszkripció folyamatokat, melyekben az miRNS-ek mint a génexpresszió finomhangolójaként vannak jelen.

MOLEKULÁRIS BIOLÓGIA II.

VARGA ÁRPÁD

Biológus MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Pankotai Tibor

tudományos munkatárs, SZTE TTIK

A DNS hibajavítást in vivo vizsgáló modellrendszer részét képező deléciós hiszton géncsoportok létrehozása *Drosophila melanogaster*-ben

Az eukarióta sejtekben a DNS, az evolúciósan konzervált hiszton fehérjékből felépülő heterooktamereken keresztül, kromatin szerkezetbe tömörül. A kromatin szerkezetének fellazítása elengedhetetlen olyan biokémiai folyamatok számára, mint a replikáció, a transzláció vagy a hibajavító mechanizmusok, melyek a DNS-t mintaként használják reakcióik során. A hisztonok N-terminális régióiban megfigyelhető kovalens módosítások (pl.: acetiláció, metiláció, ubiquitiláció), más néven hiszton poszt-transzlációs módosítások (PTM), szabályozó szerepet játszanak a kromatin szerkezetének dinamikus változásában. A megfelelő PTM-ek és hiszton variánsok megjelenése szignálként funkcionál a hibajavító mechanizmusok kiválasztása és működése során. A kettős szálú DNS törések kromoszóma részletek transzlokációját vagy delécióját okozhatják, így hozzájárulhatnak a rákos folyamatok kialakulásához.

A *Drosophila* korai embriógenézisekor szükséges hiszton fehérjék transzlációja a génklaszterbe rendeződött hiszton génekről (H1, H2A, H2B H3 H4) történik, melyek egyetlen genomi lókuszban több mint száz kópiában vannak jelen a *Drosophila* genomban. Kísérleti rendszerünk egyik alappillére az említett géncsoportot tartalmazó genomi klón, egyedi hisztonok delécióját tartalmazó változatainak előállítás.

A deléciós klaszterek előállítása során egy-egy gént részben vagy egészben, exo- vagy endonukleázok használatával eltávolítottunk a géncsoportból. A mutáns génklaszterek 4 kópiáját tartalmazó pUAST-attB klónozó vektor létrehozása jelenleg is folyamatban van. Feltételezzük, hogy a *Drosophila* genomjából DrosDel módszerrel deletált endogén hiszton géncsoportok letális fenotípusát az általunk létrehozott DNS szakaszok 12 kópiája a genomba visszajuttatva menekíteni képes. Kísérleti elrendezésünk lényege, hogy az *Drosophila* genomjába egyidejűleg visszajuttatott deléciós klaszterek, valamint a géncsoportból eltávolított eredeti hiszton mutáns változatai lehetővé teszik a mutációt hordozó fehérjék megjelenését a nukleoszómákban, így a kettős szálú DNS törések indukciójával vizsgálható az egyes PTM-ek szerepe a hibajavítás során.

NEUROBIOLÓGIA

BÓSZ EMÍLIA

Kognitív tanulmányok MSc

Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi

Egyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Acsády László**tudományos tanácsadó, MTA KOKI***A hídi formatio reticularis motoros afferenseinek fény- és elektronmikroszkópos vizsgálata**

Irodalmi adatok alapján az agytörzsi formatio reticularis központi szerepet játszik az ébrenlét szabályozásában. Munkacsoportunk a hídi formatio reticularis rostrális részén (nucleus pontis oralis- PnO), glicinerg sejtpopulációt fedezett fel, amelyek szelektív kapcsolatban állnak az intralaminaris thalamus magvaival. Az intralaminaris thalamusban lévő glicinerg rostok szelektív optogenetikai aktiválása, az egerek viselkedésében csökkent mozgást, csaknem teljes mozdulatlanságot eredményezett. Az eredmények felvetik annak a lehetőségét, hogy a hídi formatio reticularis nem csak az alvás ébrenlét szabályozásában, hanem mozgáskoordinációban is szerepet játszik.

Annak érdekében, hogy morfológiai kísérletekkel teszteljük ezt a hipotézist megvizsgáltuk e terület afferenseinek lokalizációját. A rostrális hídi formatio reticularisból retrográd pályajelölés után a másodlagos motoros és a cinguláris agykéreg ötödik rétegi piramisneuronjai jelölődtek meg. Emellett, a laterális cerebelláris magban is retrográd módon jelölt neuronokat találtunk. Anterográd jelölőanyagot a motoros és cinguláris agykéregbe adva, a rostrális hídi formatio reticularis gátló neuronjain látunk putatív kontaktusokat.

Eredményeim mutatják, hogy a PnO kizárólag motoros bemenetet kap és figyelembe véve, hogy az intralaminaris thalamus vetít a motoros kérgi területekre és kapcsolatban áll mind a dorsolateralis striatummal és a laterális cerebelláris maggal, valószínűsíthető hogy a PnO az IL-en keresztül befolyásolja a mozgáskoordinációt.

NEUROBIOLÓGIA

FINSZTER CINTIA KLAUDIA

Biológia BSc

Szent István Egyetem

Állatorvos-tudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Dobolyi Árpád**tudományos főmunkatárs, ELTE TTK**Dr. Vitéz-Cservenák Melinda**tudományos munkatárs, SE ÁOK**Csonka Diána**tudományos segédmunkatárs, ATE***Neurális és prolaktin-indukált aktiváció szoptató anyapatkányok agyában**

A laktáció egy különleges fiziológiás állapot jellegzetes viselkedési, endokrin és neuronális adaptációkkal, melyek szabályozásában az egyik domináns szereplő a prolaktin. A prolaktint a dopamin permanens gátló hatása alól felszabadulva, az agyalapi mirigy elülső lebenyének laktotróp sejtjei szintetizálják és megfelelő stimulusokra a vérkeringésbe szekretálják. A prolaktin receptora a citokin receptor családba tartozik. Jelátvitelét a JAK2 adaptor fehérje által foszforilált STAT5 dimerek közvetítik, amelyek a magba transzlokálódva elősegítik bizonyos gének transzkripcióját.

A laktáció időszakában az anyai agyi központok aktiválásában és annak fenntartásában a hormonális változások mellett a neuronális információk is részt vesznek. Egyrészt tehát a fejlődő újszülött - különösen a szopási stimuluson keresztül - határozza meg, hogy milyen változások zajlanak le az anya agyában. A szopási stimulus aktiválja a felszálló útvonalat, amely a posterior intralaminaris thalamicus komplex tuberoinfundibuláris peptid-tartalmú sejtjein keresztül fut az anyai agyi központokhoz.

Immunhisztokémiai módszerrel térképeztük fel a prolaktin, illetve a neuronális hatásra aktiválódó neuronokat szoptató anyapatkányoknál. Ehhez megbízható markernek bizonyult a STAT5 fehérje foszforilált formája és az idegsejtek aktivitását jelző cFos fehérje. Ahhoz, hogy megvizsgálhassuk a prolaktinra és a neuronális aktivációra adott válasz agyon belüli eloszlását és időbeli lefutását 20 órás szeparációt követően az anyapatkányoknak 30 percre, 2-, illetve 6 órára lehetővé tettük a szoptatást, majd perfundáltuk az állatokat. A fluoreszcens és konfokális mikroszkópos kiértékelés során azt találtuk, hogy vannak olyan integráló központok, melyek, a nagyszámú duplán jelölődő neuron alapján, mindkét „útvonal” felől kapnak információt, tehát ezek az agyterületek egyrészt értesülnek a prolaktin szintjében bekövetkező változásokról, másrészt a kölykök felől érkező neuronális információról is. Emellett vannak olyan agyrégiók, ahol a neuronok aktiválódása a szoptatást követően a felszabaduló prolaktin hatására figyelhető meg, míg másoknál maga a szopási stimulus aktiválja a neuronokat.

Összefoglalva elmondható, hogy a prolaktin egy komplex, térbeli és időbeli mintázat szerint hat a receptorát kifejező neuronokra, amely néhány százalékban átfed a szoptatás hatására megjelenő cFos aktivációval. Tehát bizonyos agyterületek aktivitását a szoptatás direkt neuronális hatása mellett a hormonszint is befolyásolhatja.

NEUROBIOLÓGIA

GLAVINICS JUDIT

Molekuláris bionikai mérnök BSc

Pázmány Péter Katolikus Egyetem
Információs Technológiai és Bionikai Kar*Témavezetők:**Dr. Katona István**tudományos főmunkatárs, MTA KOKI**Miczán Vivien**PhD-hallgató, PPKE ITK***Szinaptikus fehérjék eloszlásának vizsgálata Bayes-féle klaszteranalízis alkalmazásával**

Az endokannabinoid rendszer a központi idegrendszeri szinapszisok erősségének szabályozásában fontos szerepet betöltő retrográd jelpálya. Az agy számos idegsejt típusának axonterminálisain elhelyezkedő CB_1 kannabinoid receptor az anterográd szinaptikus ingerület-átvivő anyagok felszabadulását képes hatékonyan gátolni. Különösen magas szintű CB_1 expresszió jellemző a GABAerg gátló interneuronok bizonyos alcsoportjaira. Annak ellenére, hogy a CB_1 funkciójának zavarai számos neurológiai betegség, például az epilepszia kialakulásában is szerepet játszanak, nagyon keveset tudunk arról, milyen elvek határozzák meg a CB_1 receptor mennyiségét és elhelyezkedését a különféle neurontípusok axonterminálisain. Csoportunk korábbi eredményei megmutatták, hogy az egér hippokampusz különféle (a principális sejtek periszomatikus illetve dendritikus régióit beidegző) CB_1 -pozitív interneuron típusaiban az axonterminálisok eltérő arányban tartalmazzák a CB_1 receptort és a bassoon preszinaptikus aktív zóna alkotó fehérjét. A CB_1 /bassoon arány együtt változott a sejtípusok szinapszisainak kannabinoid-érzékenységgel, ezért fontos jellemzője lehet az endokannabinoid jelátvitel hatékonyságának.

Ismert, hogy a CB_1 -et expresszáló interneuronok további altípusokat alkotnak, melyeket a vezikuláris glutamát transzporter 3 (vGluT3) jelenléte vagy hiánya különböztet meg. Korábbi méréseink alapján a CB_1 +vGluT3⁺ sejtekben a CB_1 fehérje nagyobb mennyiségben van jelen, mint a CB_1 +vGluT3⁻ sejtek esetében. A dolgozatban ezért célul tűztük ki, hogy összehasonlítsuk a CB_1 és a bassoon arányát a két interneuron-altípus között. Immunfestést végeztünk a bassoon fehérje ellen, majd korrelált konfokális és STORM szuperrezolúciós mikroszkópiával feltérképeztük a bassoon eloszlását az egyedi sejtek axonterminálisaiiban. Az eloszlás objektív kvantifikációjához egy új, Bayes-féle statisztikán alapuló klaszterezési eljárást alkalmaztunk. A módszert beépítettük a csoportunk által fejlesztett, a konfokális és STORM képek korrelált analizésére szolgáló szoftverbe. Megállapítottuk, hogy nincs kimutatható különbség a bassoon mennyiségében, a bassoon klaszterek számában, illetve a klaszterek méretében a CB_1 +vGluT3⁺ és a CB_1 +vGluT3⁻ periszomatikus interneuronok axonterminálisai között. Figyelembe véve a CB_1 nagyobb sűrűségét az előbbi sejtípusban, eredményeink arra engednek következtetni, hogy az endokannabinoid jelátvitel hatékonyabban működhet a vGluT3-at kifejező interneuronok szinapszisaiban.

NEUROBIOLÓGIA

HIDEG ORSOLYA

Biológia BSc

Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar**CSAPÓ HEDVIG**

Biológia BSc

Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar*Témavezető:**Dr. Dénes Viktória
egyetemi docens, PTE TTK***A hipofízis adenilát-cikláz aktiváló polipeptid (PACAP) és a horizontális sejtek ontogenetikus kapcsolatának komplex vizsgálata posztnatális patkány retinában**

A komplex biológiai hatásokkal rendelkező neuropeptid, a PACAP1-38, valamint receptorai nagyfokú expressziót mutatnak a fejlődő idegrendszerben. A PACAP neuroprotektív, anti-apoptotikus hatását számos neurodegeneratív kórkép esetében leírták. Bár a peptid, neurális sejtproliferációban- és differenciációban betöltött szerepe bizonyított, a retina természetes fejlődésében betöltött funkciójáról kevés információ áll rendelkezésünkre. Kísérleteink a PACAP1-38 szerepének felderítését célozták, a posztnatális patkány retina horizontális sejteinek fejlődésében. Vizsgáltuk, hogyan alakul PACAP1-38 hatására a horizontális sejtek száma, a retina folyó apoptózis, a sejtorsz elköteleződés, a proliferáció és a migráció.

Egy és három napos Wistar patkányok szemébe intravitrealisan 100 pmol PACAP1-38-at, vagy fiziológiás sóoldatot injektáltunk. A sejt számolást anti-calbindin immunhisztokémiát követően, teljes preparátumon végeztük. A kaspáz-3, -7, -9 és -12 enzimek, illetve a PCNA, Tau és p-Tau mennyiségi változását western blot analízissel, az apoptotikus enzimek aktivitását caspase 3/7 assay segítségével határoztuk meg. Az apoptotikus sejteket TUNEL jelöléssel detektáltuk. A génextpressziós változásokat (Foxn4, Ptf1a, Lim1) Q-PCR módszerrel vizsgáltuk.

A PACAP1-38 kezelt retinákban 20%-os horizontális sejt szám növekedést tapasztaltunk. A kezelést követő 24. órában a kaspáz-3, -7, -9 és -12 enzimek jelentős mennyiség-, és aktivitásbeli emelkedést mutattak, valamint a kezelt retinákban több apoptotikus sejtet detektáltunk. PACAP kezelés hatására a horizontális sejtorsz irányításáért felelős gének expressziója csak tranzienzen változott (Foxn4), vagy gátlódott (Ptf1a). A migrációért felelős gén (Lim1) expressziója, és a sejt migrációt jelző Tau fehérje mennyisége növekedett a kezelést követően. A p-Tau fehérje mennyisége nem mutatott változást kezelés hatására. A sejtproliferációs markerünk, a PCNA szintje PACAP kezelés hatására jelentősen emelkedett.

Megállapíthatjuk, hogy a horizontális sejt szám emelkedés sem a peptid anti-apoptotikus hatásával, sem a sejtorsz elköteleződés pozitív szabályozásával nem magyarázható. Valószínű, hogy a PACAP1-38 a sejtosztódás indukcióján keresztül hat, de nem zárható ki, hogy a migráció serkentésével is befolyásolja a horizontális sejt populáció méretét. Eredményeink új utat nyitnak a retinoblastoma patológiájának megértéséhez, mely daganatos betegség bizonyítottan a horizontális sejtek kontrolálatlan osztódásának eredménye.

NEUROBIOLÓGIA

JEZSÓ BÁLINT

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Molnár Kinga**egyetemi adjunktus, ELTE TTK***Nyomozás elektronmikroszkóppal: Mi nincs rendben a Hunter-szindrómás neurális őssejtek háza táján?**

E dolgozat keretei között a lizoszómális tárolási betegségek (LSD) közé tartozó Hunter szindróma (MPS II) egy humán indukált pluripotens őssejteken (iPSC) alapuló, neurális sejteket tartalmazó modellrendszerének ultrastrukturális jellemzését, illetve immuncitokémiai vizsgálatát mutatom be. A munka célja elsősorban e sejtenyészetek a betegség modellezésben való használhatóságának megítélése volt. Ennek szükségességét az indokolja, hogy a jelenleg alkalmazott leghatékonyabb terápia a központi idegrendszerre a vér-agy gát jelenléte miatt nem képes kifejteni hatását.

A betegség hátterében a sejtközi állomány heparán- és dermatán szulfát komponenseinek lebontásában közreműködő lizoszómális enzim hiánya, vagy csökkent működése áll. Az enzimhiány e molekulák akkumulációján keresztül az LSD-kre általában jellemző ún. raktározó vezikulumok kialakulását és felhalmozódását eredményezi. Az irodalomban ezeket primer, globuláris, multilamelláris és szekvesztrált típusokba sorolják.

A neurális tenyészetek immuncitokémiai vizsgálata során a fenti vezikulum típusok eredetét akartuk meghatározni. Ennek érdekében vizsgáltuk, hogy kimutathatóak-e rajtuk lizoszómális és/vagy endoszómális markerek. A globuláris-, multilamelláris és szekvesztrált típusok igazolhatóan kapcsolatban állnak az endo lizoszómális rendszerrel, a vezikulumok felszínén RAB7, lumenében CATHEPSIN D jelenléte volt igazolható. A citopatogenezis során legkorábban megjelenő primer raktározó vezikulumok azonban negatívak voltak a RAB7, CATHEPSIN D és RAB5 markerekre, tehát nem az endo-lizoszómális rendszer származékai, és nem is endocitotikus eredetűek. De ha nem, akkor mégis honnét származnak?

Eredményeinket az irodalmi adatokkal összevetve azt feltételezzük, hogy a primer vezikulumok forrása a szekréciós útvonal korai állomásainak egyike (az endoplazmatikus retikulum, vagy a Golgi készülék), melynek rendellenes működése alapvetően hozzájárul az idegszöveti sejtekben leírt citopatológiai elváltozások megjelenéséhez.

NEUROBIOLÓGIA

KIRÁLY KITTY

Biológianár MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Bereczki Zsolt**egyetemi adjunktus, SZTE TTIK***A sebészi trepanációk és különböző patológiás elváltozások kapcsolatának vizsgálata
oszteoarcheológiai leleteken**

A sebészi trepanáció egy olyan szándékos, műtéti jellegű beavatkozás, mely során a koponyatetőn a teljes csont vastagságát érintően csontrészt eltávolítása történik terápiás célból. Magyarországon a sebészi trepanációk leírása nem egységes irányvonalak mentén történik, ezért az adatok nehezen összehasonlíthatóak. Általában kevés hangsúlyt kap a koponya és a posztkraniális váz járulékos patológiás elváltozásainak vizsgálata.

Dolgozatom témája a sebészi trepanációk és a különböző aktív életmóddal összefüggő elváltozások, illetve betegségek kapcsolatának vizsgálata, valamint a gyakorisáértékek statisztikai összehasonlítása avar és honfoglalás kori leletek körében. Feltételezésünk, hogy azon egyéneknél végeztek gyakrabban ilyen beavatkozást, akik aktívabb életmódot folytattak kortársaiknál, így a maradványaikon a koponyasérülések mellett más aktivitásmarkerek is nagyobb gyakorisággal fordulnak elő.

Az összehasonlítás alapját 8 avar- és 9 honfoglalás kori temető sebészileg trepanált eseteinek (22 egyén) korábbi elemzése adja. Saját vizsgálataimat Hódmezővásárhely-Nagysziget 10-11. századi temető embertani anyagán végeztem (116 egyén). Alapvetően makromorfológiai vizsgálatot alkalmaztunk, emellett CT és RTG felvételek is készültek. A klasszikus nozológiai csoportosítás helyett 17, anatómiai elhelyezkedés és jelleg szerint kialakított tünetcsoportot vizsgáltunk, melyek közül ötöt kezeltünk kiemelt jelentőséggel (a koponya traumás elváltozásai, a gerinc ízületi elváltozásai, posztkraniális ízületi elváltozások, posztkraniális enthesopathiák, posztkraniális traumák). A statisztikai elemzés IBM SPSS Statistics 21 program segítségével készült. Szignifikáns különbséget mutató eredményt kaptunk a koponya traumákra, a posztkraniális ízületi és a posztkraniális traumás elváltozásokra. Mindhárom esetben a trepanált egyéneknél mutatható ki nagyobb gyakoriság, ami alátámasztja azon feltételezésünket, hogy olyan egyének esetén volt szükséges a sebészi trepanáció, akik aktívabb életmódot folytattak.

NEUROBIOLÓGIA

KOVÁCS KÁRMEN

Biológus MSc

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Dénes Viktória**egyetemi docens, PTE TTK*

A hipofízis adenilát-cikláz aktiváló polipeptid (PACAP) szekretagóg hatásának farmakológiai analízise és az általa szabályozott fehérjék (Fgf1, Bmp4, Gdf3, Wnt1) expressziójának kimutatása újszülött patkány retinában

A PACAP1-38, neurotrofikus, neuroprotektív hatása miatt a neurotoxicitással foglalkozó kutatások középpontjában áll. Mindazonáltal a peptid komplex feladatokat tölt be az idegrendszer hisztogenezisében is. Hatását PAC1, VPAC1 és VPAC2 receptorok közvetítik. A PACAP1-38 és a retinogenezis kapcsolatáról ismereteink hiányosak, azonban korábbi eredményeink bizonyítják, hogy hatással van a retina fejlődésében kulcsszerepet játszó fehérjék (Fgf1, Bmp4, Gdf3, Wnt1) expressziójára. A jelen dolgozatban ismertetett kísérletek célja az volt, hogy a PACAP1-38 hatásának mediálásában közrejátszó receptorokat, valamint ezen szekréción fehérjéket termelő sejtpopulációkat azonosítsuk újszülött patkány retinában.

A vizsgálatok során 1 napos Wistar patkányok retinájában, intravitrealis PACAP1-38, PAC1 antagonistá (PACAP6-38 és M65), VPAC1 antagonistá (PG97-269) injekcióját követően mértük meg a Fgf1, Bmp4, Gdf3, Wnt1 expressziós változásait. Immunhisztokémiai eljárás során, anti-Fgf1, anti-Bmp4, anti-Gdf3 antitestek segítségével azonosítottuk a fehérjéket termelő retinális sejteket a kontrol és PACAP1-38 kezelt retinákban, illetve kettős jelöléssel megvizsgáltuk a fehérje-PAC1 receptor kolokalizációt.

Jelen eredményeink bizonyítják, hogy a Fgf1, Bmp4 és Wnt1 esetében a hatást PAC1 és VPAC1 receptorok közvetítik, míg Gdf3 esetében a PACAP1-38 valószínűleg VPAC2 receptoron keresztül szabályoz. Fgf1 és Gdf3 immunpozitív sejteket a neuroblaszt rétegben (NBL) ganglionsejt rétegben (GCL) detektálunk. Bmp4 esetében a pigment epitheliumban (RPE), NBL-ben és GCL-ben is megfigyelhetők immunreaktív sejtek. A kettős immunjelölés bizonyította, hogy a PAC1 receptor részben vagy teljes mértékben kolokalizál a fehérjékkel.

Következésképpen, (1) az RPE, az NBL még differenciálatlan sejtjei és a GCL sejtjei PACAP1-38 hatására növekedési faktorokat termelnek. (2) A PACAP1-38 mindhárom receptora (PAC1, VPAC1, VPAC2) részt vesz a szekréción fehérjék szabályozásában. (3) A PACAP1-38 a fehérjék (Fgf1, Bmp4, Wnt1) serkentésén keresztül befolyásolhatja a progenitor sejtek szaporodását, az őssejt állapot fenntartását (Gdf3), valamint a retinális sejtek differenciációját (Fgf1, Bmp4, Gdf3). (4) Eredményeink új megvilágításba helyezik a mindhárom fehérjék expresszáló retinális ganglionsejteket, melyek fontos szekréción fehérjék termelésén keresztül parakrin funkciót tölthetnek be az újszülött emlős retinában.

NEUROBIOLÓGIA

LŐRINCZ DÁVID LAJOS

Biológia BSc

Szent István Egyetem

Állatorvos-tudományi Kar

Témavezetők:

Prof. Dr. Kálmán Mihály

egyetemi tanár, SE ÁOK

Csonka Diána

tudományos segédmunkatárs, ATE

A pikkelyes hüllők és a teknősök gliaszerkezetének összehasonlítása a GFAP immunhisztokémiai kimutatása alapján

A Pikkelyes hüllő-alakúak (Squamata) rendje a Diapsida (Kettős halántéklakúak) csoportjába tartozik, míg a Teknős-alakúakat (Testudines) régebben az ősbibb Anapsida (Halántéklakl nélküliek) recens képviselőinek tartották, azonban a legújabb kutatások alapján ők is a Diapsida rokonságba illenek bele. Mindkét renden belül több rendszertani kategória reprezentatív fajtát vizsgáltuk, azzal a céllal, hogy rámutassunk az esetleges gliaszerkezeti különbségekre. A gyíkok közül: *Timon tangitanus* (Lacertidae), *Pogona vitticeps* (Agamidae), *Eublepharis macularis* (Eublepharidae, a Gekkófélék alrendjéből), *Chameleo calypratus* (Chameleonidae), a kígyó közül: *Epicrates cenchria maurus* (Boidae), *Python regius* (Pythonidae), *Pantherophis guttata* és *P. obsoletus quadrivittatus* (Colubridae) míg a Nyakrejű teknősfajok (Cryptodira): *Testudo hermanni* (Testudinidae), *Trachemys scripta* (Emydidae), *Mauremys sinensis* (Geoemydidae), a Nyakfordító teknősök (Pleurodira): *Pelomedusa subrufa* (Pelomedusidae). Az állatokat Nembutál oldattal túllaltattuk, majd 4%-os paraformaldehid oldattal transzkardiális perfúziót hajtottunk végre. Koronális agymetszeteken immunperoxidáz reakciót végeztünk a következő asztrogliia-markerek kimutatására: GFAP (Glial Fibrillary Acidic Protein), glutamin-szintetáz, vimentin és S-100 protein.

Eredményeink alapján a fő asztrogliia típus a radiális endimoglia, melynek rostrendszerét nem-radiális elemek keresztezik a nagy erek környékén. A pikkelyes hüllők esetében két fő újdonságot találtunk: a) számos agyi területen találtunk asztrocitákat, bár sehol sem dominánsan voltak jelen; b) jelentős mennyiségű GFAP-mentes területet találtunk, az agámák és a kígyófajok agyában, sőt a kaméleonnak szinte az egész agya GFAP-mentesnek bizonyult.

A nagy GFAP-mentes területek előfordulása tekintetében a Squamata agy jobban hasonlít a madarakéhoz, mint a teknőskéhez, annak dacára, hogy a Squamata és a madarak a Diapsida más-más alcsoportját képviselik (Lepidosauria ill. Archosauria). Az emlős- és madáragyban a GFAP-mentes agyi területek rendszerint rendkívül fejlettek és plasztikusak, habár ebben a GFAP szerepe nem tisztázott. Lehetséges, hogy a Squamata GFAP-mentes területei összefüggnek azzal, hogy a hüllők között a Squamata-k komplex viselkedésformákat mutatnak.

NEUROBIOLÓGIA

MISKOLCZI CHRISTINA

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Mikics Éva**tudományos főmunkatárs, MTA KOKI***A korai stressz, a neurális plaszticitás és a kóros agresszió**

A korai szociális elhanyagolás felnőttkorban kóros agresszív magatartásformák megjelenéséhez vezethet. A jelenség mögött álló mechanizmusokról keveset tudunk, és a jelenlegi kezelések nem elég hatásosak, ezért szükség szerű az új, megbízható terápiás stratégiák kidolgozása. Laboratóriumi állatmodellünkben hím patkányokat az anyától való elválasztás után szociálisan izoláltunk. Ez felnőttkorban abnormális agresszióformák megnyilvánulásához vezetett, melyet még a pszichoterápiát modellező felnőttkori reszocializáció (az izolált állatok elhelyezése 4 fős csoportokba) sem csökkentett. Munkánkban a felnőttkori reszocializációt krónikus fluoxetin kezeléssel kombináltuk. A fluoxetin kezeléssel a korai idegrendszeri plaszticitás állapotát akartuk előidézni, lehetővé téve, hogy az állatok fogékonyá váljanak új szociális behatásokra. A fluoxetin kezelés sikeresen csökkentette a kóros agresszió mértékét, de csak akkor, ha a reszocializációval együttesen alkalmaztuk. A kombinált kezelés hatására az agresszió szabályozásában kiemelt szerepet játszó agyrégiókban (laterális hypothalamus, mediális és centrális amygdala, a prefrontális kéreg infralimbikus és prelimbikus része) változás következett be plaszticitásbeli (brain-derived neurotrophic factor 1 és 4), epigenetikai (DNS-metiltranszferáz 1) és agresszióra releváns (monoamin-oxidáz A) génexpressziós mintázatokban, továbbá változott az agyterületek közötti projekciók sejt száma. Eredményeink alapján a fluoxetin feltehetően a plaszticitás mértékének növelésével fejtette ki hatását, ami új hangsúlyt helyez a pszichoterápia és a farmakológia együttes alkalmazására.

NEUROBIOLÓGIA

NÉMETH MARGIT

Biológus MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Prof. Dr. Sáry Gyula**tanszékvezető egyetemi tanár, SZTE ÁOK**Bognár Anna**PhD-hallgató, SZTE ÁOK***Transzkraniális egyenáram-ingerlés hatása a magnocelluláris pályarendszerhez kapcsolt döntési folyamatokra**

Bevezetés: a vizuális kategorizáció alapvető a környezetünkben lévő információk feldolgozásában, azonban e folyamat neuronális alapja még nem ismert. Két fő hipotézis létezik, melyek egyetértenek abban, hogy az előzetes interpretációk háttérében a magnocelluláris pálya gyors feldolgozóképesége állhat, az azonban még nem tisztázott, hogy ez a ventrális pályával párhuzamosan futó magnocelluláris rostoknak vagy egy olyan top-down folyamatnak köszönhető, mely során a dorzális pályán szállított, elnagyolt információk az orbitofrontális kérgen (OFC) keresztül továbbítódnak az inferotemporális kéregbe. A frontális területek top-down szerepének vizsgálatára transzkraniális egyenáram-ingerléssel moduláltuk az OFC működését.

Módszerek: vizsgálatunkban 200 hétköznapi tárgyról készített képet használtunk, amelyeket a két pályarendszerhez optimalizáltunk, vagyis alacsony és magas téri frekvenciára szűrtünk. A képek bemutatása random sorrendben, történt. Az első 100 kép után a kontroll csoport kivételével 20 percen át 1mA-es anodális vagy katodális transzkraniális egyenáram-ingerlést alkalmaztunk, majd a második 100 kép következett. A résztvevőknek el kellett dönteniük, hogy az adott tárgy a valóságban kisebb vagy nagyobb, mint egy átlagos cipősdoboz. Elemzésünkben az ingerlés előtt és után mérhető, a különböző csoportok által nyújtott reakcióidőket és teljesítményeket hasonlítottuk össze.

Eredmények: az OFC ingerlése egyik csoportnál sem volt hatással a parvocelluláris pályára optimalizált képekre, míg a magnocelluláris pályára optimalizált képekről való döntéseket jelentősen befolyásolta. A kontroll csoport esetén nem volt különbség a teljesítményben, míg a katodális ingerlés a teljesítmény romlásával, az anodális ingerlés pedig a feladat pontosabb elvégzésével párosult.

Megbeszélés: az alkalmazott ingerlés csak a dorzális pályarendszer által szállított információkról való döntésre volt hatással, mely alátámasztja az elméletet, miszerint az OFC a magnocelluláris pályarendszer információin alapuló predikciókkal segíti elő a tárgyfelismerést.

NEUROBIOLÓGIA

SZENTE LÁSZLÓ

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Aliczki Manó**tudományos főmunkatárs, MTA KOKI***Az anandamid és a 2-arachidonoil-glicerol jelátvitelének szerepe a traumára adott magatartási válaszok szabályozásában**

Az endokannabinoid (eCB) jelátvitel fontos szerepet játszik a traumatikus eseményekre adott viselkedési válaszok és a traumatikus emlékek szabályozásában, a kérdéskörben azonban a két eCB, az anandamid (AEA) és a 2-arachidonoil-glicerol (2-AG) pontos szerepe és esetleges interakciói még nem ismertek.

Munkánk során patkányokban szisztémás farmakológiai kezeléssel fokoztuk az AEA, illetve 2-AG jelátvitelt, majd egy elektromos sokksorozat során vizsgáltuk az akut félelmi reakciót, ezt követően pedig a sokk-kontextusba történő visszahelyezés során a traumatikus memória megszilárdulását. Lokális kezelésekkkel a ventrális hippocampusban (vHC), illetve a prelimbikus kéregben (PrL) zajló eCB hatásokat is vizsgáltuk. Következő kísérletsorozatunkban a fenti elrendezés szerint vizsgáltuk az eCB-k hatásait a kioltódásra, ez esetben a szisztémás kezelés időpontja a kontextuális emlékeztetők elé esett.

A 2-AG jelátvitel szisztémás fokozása csökkentette az akut félelmi választ, mely hatást az AEA eltörölt. Az AEA serkentette a traumás emlékek megszilárdulását, mely hatást a 2-AG gátolt. Utóbbi hatás a vHC-ban, illetve a PrL-ben zajló eCB folyamatokhoz köthető. A vHC-ban fokozott AEA jelátvitel tompította az akut félelmi választ, mely hatást a 2-AG gátolt. Mindkét eCB közvetlenül serkentette a traumás emlékek kioltódását.

Eredményeink szerint a két eCB egymástól eltérően, egymással interakcióban szabályozza a traumára adott akut félelmi válaszokat és a traumatikus memóriát.

NEUROBIOLÓGIA

TÓTH KRISZTINA

Biológus MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Mihály József**tudományos tanácsadó, MTA SZBK**Dr. Szikora Szilárd**tudományos munkatárs, MTA SZBK***Az axonális mikrotubulus szerveződés és a DAAM formin kapcsolata**

Az axonok növekedése egy összetett, több szinten koordinált folyamat eredménye, amelynek során a sejtvez szabályozott átrendeződésére van szükség. A sejtvez alapvető elemei az aktin filamentumok és a mikrotubulusok. Az axon növekedés irányát és sebességét a külső jelek hatására megváltozó sejtvez dinamika, valamint az aktin és mikrotubulus sejtvez elemeinek kölcsönhatása szabályozza. A folyamat mögött húzóó molekuláris mechanizmus megértése, kiemelt fontosságú fejlődésneurobiológiai probléma. Kutatócsoportunk a közelmúltban kimutatta, hogy a *Drosophila* DAAM, formin típusú fehérjének nélkülözhetetlen szerepe van az idegsejtek aktin sejtvezének szabályozásában, a filopódiumok kialakulásában. Dolgozatomban bemutatom, hogy *Drosophila* embriókból nyert primer neuronális sejt kultúrák alkalmasak a fejlődő idegsejtek sejtvezének tanulmányozására. Továbbá bemutatom, hogy a DAAM fehérjének a jól ismert formin funkción, az aktin sejtvez szabályozásán túl, szerepe van az mikrotubulus sejtvez szabályozásában is. Eredményeink tükrében, a DAAM fehérje a két sejtvezrendszer összehangolt működésének fontos szabályozó faktora az idegsejtekben.

NEUROFIZIOLÓGIA

BÓDI VERONIKA

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Varró Petra**egyetemi tanársegéd, ELTE TTK***A Fumonisin B1 akut hatásai túlélő agyszeleteken**

Kutatásaim során egy mikroszkopikus gombák által termelt toxin, a fumonisin B1 idegsejtekre kifejtett hatását vizsgáltam. A toxin nemcsak a legfontosabb mezőgazdasági növényeink termésében lehet jelen, de magas hőstabilitásának köszönhetően a feldolgozott élelmiszerekben is.

Túlélő agyszelet preparátumokat két különböző toxinkoncentrációjú (50 μM és 100 μM) mesterséges agy-gerincvelői folyadékkal kezeltünk 30 percig. Az agyszeletek elektromos ingerléssel kiváltott aktivitását vizsgáltuk a hippocampusban valamint kiváltott és spontán aktivitást a másodlagos szomatoszenzoros és laterális entorhinális kéregben.

A hippocampusban, tesztingerlés során mért adatok alapján a kisebb koncentrációjú kezelésnek nem volt számottevő hatása a kiváltott válaszokra, annak emelésével azonban szignifikáns serkentő hatást tapasztaltam. Az LTP-indukció elvégzése után már az 50 μM -os kezelés is növelte a válaszok amplitúdóját, 100 μM esetében pedig a kezdeti szignifikáns serkentő hatás végül a sejtek kimerüléséhez, a potenciáció hatásának gyors elmúlásához vezetett.

A kérgi mérések is hasonló eredményeket hoztak, a kisebb koncentrációnak a legtöbb esetben önmagában nem volt hatása, de a 100 μM -os koncentráció szignifikánsan növelte a kiváltott válaszokat. A spontán aktivitás esetében is egyértelmű serkentő hatást figyeltem meg a koncentráció emelésével. A kezelés hatására korábban kialakuló, nagyobb amplitúdójú, hosszabb görcsök jelentkeztek.

Összességében azt mondhatjuk, hogy a toxin neuronális hálózatok érzékenységet befolyásolja, mely hatással van az elemi tanulási folyamatokra (LTP) és a patológiás, epileptikus aktivitásra is agyszelet preparátumban.

NEUROFIZIOLÓGIA

BÚS BÁLINT

Biológia BSc

Eszterházy Károly Főiskola
Természettudományi Kar*Témavezetők:**Dr. Emri Zsuzsanna**tanszékvezető egyetemi docens, EKE TTK***Intralamikus kapcsolatok szerepe a fiziológiás és patológiás oszcillatorikus aktivitás kialakításában**

A talamusz sejttípusai többféle fiziológiás és patológiás oszcilláció kialakításában játszanak fontos szerepet. A patológiás aktivitások közül az abszensz epilepszia a legismertebb, az erre jellemző szinkron 3-4 Hz-es aktivitás farmakológiai és genetikai hátteréről tudunk a legtöbbet. Az abszensz roham kialakításában a talamikus sejtek közötti kapcsolatok szerepe kevésbé tisztázott, mivel ennek kísérletes vizsgálata nehezen megvalósítható, ezért vizsgáltuk ezt realisztikus modell segítségével. A NEURON programozási környezetben hoztunk létre 30 talamokortikális és 30 retikuláris sejtől álló hálózatot és ennek kapcsolatait úgy alakítottuk ki, hogy összhangban legyenek a kísérleti eredményekkel. A modellben vizsgáltuk a serkentés - gátlás egyensúlyának illetve a kapcsolatok relatív erősségét változtattuk és megvizsgáltuk hatását az alvásra jellemző orsó aktivitásra. Az alvási orsó patológiás 3-4 Hz-es folyamatos oszcillációvá alakult át, ha a retikuláris sejtek közötti gátlás csökkent, összhangban a kísérletes eredményekkel. Ezen felül kimutattuk, hogy az aktivitás kialakítása szempontjából nemcsak a serkentés - gátlás aránya, hanem a különböző kapcsolatokkal rendelkező sejtek elhelyezkedése és a sejtek kapcsolatainak száma is fontos. Ha a retikuláris gátlást nem kapó sejtek egy csoportban helyezkedtek el, az az orsó aktivitás fennmaradásának kedvezett. Amennyiben a gátlást nem kapó sejtek számát csökkentettük tovább segítette az orsó aktivitást, míg a gátlást nem kapó sejtek arányos elhelyezkedésekor a kezdeti orsó-szerű aktivitás fokozatosan folyamatos oszcillációba ment át. Modellünkkel sikeresen reprodukáltuk a kísérleti eredményeket, és megállapítottuk, hogy az aktivitási mintázat kialakulásának szempontjából a talamikus sejtek kapcsolatrendszere is fontos szerepet játszik.

NEUROFIZIOLÓGIA

DIMÁK BALÁZS

Info-bionika MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Tóth Ferenc

tudományos munkatárs, SZTE ÁOK

Objektív intraoperatív elektrofiziológiai mérési módszerek gyakorlati alkalmazása cochlearisan implantált betegeknél.

A szakirodalomban utalást találunk arra, hogy különböző objektív elektrofiziológiai mérési technikák (elektromosan kiváltott intraoperatív stapedius reflex (ESRT), intraoperatív neurális válasz telemetria (NRT)) eredményeit a szubjektív komfortküszöb értékek becslésére alkalmazzák. Célunk volt a klinikán vizsgált postlingualis felnőtt beteganyagból a lehetséges korrelációt bebizonyítani.

39 felnőtt Nucleus implantátummal kezelt beteg intraoperatív ESRT, valamint NRT értékeit hasonlítottuk össze a posztoperatív beállítások során regisztrált komfortküszöb értékekkel. Méréseinket a stabilizációs időszakig végeztük. Megvizsgáltuk az intraoperatív küszöbértékek és a komfortküszöb kapcsolatát különböző elektróda régiókban. Az első posztoperatív, valamint az operációt fél, egy és másfél évvel követő beállítások eredményeit használtuk fel munkánk során.

Azt tapasztaltuk, hogy az elektromosan kiváltott intraoperatív reflexküszöb értéke megbízható becslést ad felülről az első posztoperatív beállításon konfigurálandó szubjektív komfortküszöb értékekre. A neurális válasz telemetria értékek nem mutatnak ilyen magas fokú korrelációt, de a két érték között szignifikáns kapcsolat definiálható. Ez kifejezetten igaz az apicalis és medialis régiókban, még mérsékelten a basalis régióban.

Eredményeink alátámasztják, hogy megbízhatóan becsülhetjük meg az ESRT szintje alapján a beszédprocesszor beállítandó szubjektív paramétereit, amit később felhasználhatunk a kisgyermekek posztoperatív beállításai során is. Az NRT szintje alapján ez a becslés kevésbé megbízható.

NEUROFIZIOLÓGIA

FRANK RITA

Biológus MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Prof. Dr. Toldi József
egyetemi tanár, SZTE TTIK***A kinurénsav dózis-hatás függésének karakterizálása, a hatás vizsgálata oxigén-glükóz deprivációs modellben**

Az ischemia során létrejött hypoxiás, hypoglikémiás állapot a sejtek energiaháztartásának felborulásához vezet és a neuronok pusztulását idézi elő. A szívmegállás következtében kialakuló globális agyi ischemia, in vitro körülmények között oxigén-glükóz deprivációval (OGD) modellezhető. A kinurénsavnak (KYNA), mint endogén NMDA receptor antagonistának, szerepe a glutamáterg transzmisszióban kiemelt jelentőségű. Mindezek mellett képes a glutamát által indukált excitotoxicitás mérséklésére, illetve antioxidáns hatása révén csökkenti az ischemiás állapot következtében kialakuló oxidatív károsodásokat. Kísérleteinkben hím, Wistar patkányokat használtunk. Az állatok dekapitálását követően a hippocampust tartalmazó agyi régióból túlélő agyszelet preparátumokat készítettünk. Elektrofiziológiai méréseink során a hippocampus CA1-es régiójának stratum radiatum rétegéből elektromos ingerléssel kiváltott serkentő poszt-szinaptikus mezőpotenciálokat (fEPSP) vezettünk el. Első kísérletsorozatunkban dózis-hatás görbét készítettünk a KYNA nyolc különböző koncentrációban való alkalmazásával. Második kísérletsorozatunkban az OGD modell optimalizálását követően vizsgáltuk az inzultus fEPSP-kre gyakorolt hatását, majd méréseinket KYNA rámosással egészítettük ki az esetleges protektív hatás vizsgálatának érdekében. A KYNA szeletekre mosása során a fEPSP-k amplitúdójának csökkenését figyeltük meg, melynek mértéke összefüggést mutatott az alkalmazott koncentrációkkal. Az OGD modell segítségével sikerült globális ischemiát előidézni az agyszeleteken, melynek eredményeként a regisztrált amplitúdó értékek jelentős mértékű csökkenését tapasztaltuk. Az OGD és a KYNA együttes alkalmazása során az ischemiát követően a fEPSP-k amplitúdójának növekedése, regenerálódása volt megfigyelhető. Kísérleteink során a KYNA hippocampális neuronok fEPSP amplitúdójára gyakorolt hatásának dóziszfüggő jellegét figyeltük meg. Továbbá megfigyeltük, hogy a KYNA potenciálisan neuroprotektív hatással rendelkezik, ugyanis az OGD által jelentős mértékben/teljesen lecsökkentett fEPSP amplitúdók közel kontroll szintre történő visszatérését eredményezte. Ez a hatás feltételezhetően a kinurénsav antioxidáns tulajdonságának tudható be.

NEUROFIZIOLÓGIA

IGNÁCZ ATTILA

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Schlett Katalin**egyetemi docens, ELTE TTK***A RIN1 fehérje hatása a neuronok strukturális plaszticitására**

Központi idegrendszerünkben a serkentő szinapszisok rendszerint filopódiumokból létrejövő dendrittüskéken lokalizáltak. A kitüremkedések aktivitásfüggően változó morfológiáját az aktin vázrendszer dinamikus átalakulása határozza meg, ami a szinaptikus plaszticitást befolyásoló egyik fontos hatás. A Ras and rab interactor 1 (RIN1) fehérje elsősorban a központi idegrendszerben fejeződik ki. Ismert, hogy a RIN1 az Abl kinázok aktiválásán keresztül befolyásolja az aktin vázrendszert, valamint a már kialakult, averzív memória kioltásában, illetve módosításában is szerepet játszhat.

Embrionális idegsejttenyészetekben, fluoreszcensen jelölt, vad típusú és különböző pontmutáns RIN1 fehérjét kifejező élő neuronokról készült felvételsorozatok elemzésével igazoltam, hogy a dendritikus filopódiumok mozgékonyágát a RIN1 jelenléte gyorsítja. A neuronokkal az aktint jelölő fluoreszcens fehérjét is kifejeztettem, amit szelektíven fakítottam az egyes dendrittüskékben. A fluoreszcencia visszanyerésének követésével a protrúziókban zajló aktin átépülés dinamikáját elemezve kimutattam, hogy a RIN1 a filopódiumok mozgékonyágát az Abl kinázok aktiválásán keresztül, az aktin átépülés gyorsításával serkenti.

Fixált, fluoreszcensen jelölt neuronok konfokális mikroszkópos vizsgálatával megmutattam, hogy a RIN1 a neuronok teljes dendrit-morfológiájára is hatással van, emellett csökkenti a gomba alakú tüskék arányát a dendritágakon. Vad típusú egerekből származó neuronokban kimutattam, hogy a kémiai kiváltott szinaptikus hatékonyságcsökkentés (cLTD) hatására mind a gomba alakú dendrittüskék, mind a vékony és szinaptikus kapcsolattal még nem rendelkező filopódiumok sűrűsége csökken. Ezzel ellentétben a RIN1 hiányos neuronokban a vad típusú idegsejtben megfigyelt morfológiai változások cLTD hatására nem történtek meg, így a RIN1 a szinaptikus hatékonyság szabályozásában alapvető szerepet játszik.

Eredményeim alapján a RIN1 az Abl kináz útvonalon át szabályozott aktin dinamika regulálásával a leendő kapcsolatok kialakítását megnehezíti, a már kialakult szinaptikus kapcsolatokat pedig destabilizálja. A RIN1 szinaptikus plaszticitásban betöltött destabilizáló szerepe magyarázhatja azokat a viselkedési megfigyeléseket is, melyek szerint a RIN1 elsősorban az averzív memória kioltásában tölt be fontos szerepet.

NEUROFIZIOLÓGIA

KLEIN KRISTÓF

Molekuláris bionika mérnöki BSc

Pázmány Péter Katolikus Egyetem

Információs Technológiai és Bionikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Varga Viktor Lajos**tudományos főmunkatárs, MTA KOKI**Dr. Barth Albert Miklós**tudományos munkatárs, MTA KOKI**Dr. Káli Szabolcs**tudományos főmunkatárs, MTA KOKI***Raphe-hippokampális glutamáterg bemenet szerepének vizsgálata a hippokampusz helykódjának kialakulásában, illetve modulációjában.**

Az agytörzsi medián (MR) és dorzális raphe magvak adják az agykéreg fő szerotoninerg bemenetét. Csoportunk közelmúltban elért eredményei rámutattak, hogy a MR-ból induló szerotoninerg/glutamáterg raphe-hippokampális (RH) pálya különösen hatékonyan lehet képes a hippokampuszban zajló kódolási folyamatokat befolyásolni. Az utóbbi évek eredményei alapján feltételezhető, hogy az általunk leírt, szelektíven gátló neuronokat célzó serkentő RH kapcsolat igen hatékonyan befolyásolhatja averzív ingerek térbeli kódhoz asszociálását, így negatív memórianyomok kialakulását. A hippokampusz szabályozása mellett a MR glutamáterg neuronjainak kulcsszerepe lehet továbbá a helyi hálózat, így a felszálló szerotoninerg moduláció szabályozásában. Célunk a MR lokális glutamáterg kapcsolatrendszerének feltárás.

Kísérleteim során transzgenétaltatott egerekben juxtacelluláris egy-sejt elvezetéssel mértem a MR egyes sejtjeinek aktivitását. A 3-as típusú vezikuláris transzportert (*vGluT3*) kifejező, glutamáterg neuronokba az optogenetikai vizsgálathoz szükséges fényérzékeny fehérjéket juttattam vírusos expressziós rendszerek segítségével. Ezáltal vizsgálhattam az egyes sejtek különböző frekvenciájú és intenzitású ingersorozatokra adott válaszát. Amennyiben az ingerlés reakciót váltott ki az adott sejtől, úgy azt juxtacellulárisan jelöltem, majd a hisztológiai vizsgálatok során próbáltam azonosítani.

13 genetikailag módosított állat MR régiójában mértem összesen 64 sejt aktivitását, melyeknek csak kis része adott tényleges választ a fényingerekre. A kiértékelés során a stimulációra reagáló sejtek részletes bemutatására és a lokális kapcsolat rendszerben betöltött szerepének feltárására törekedtem. Több eredményesen manipulált neuron stimulációja révén azonosítottam direkt aktiválódó, illetve indirekt gátló neuronokat, továbbá egy feltételezhető mikrohálózatot, melyek elemzése, és a hálózat feltérképezése alapvető lehet a lokális kapcsolatok leírásánál. A megfigyelésekkel rámutattam az egyes sejtípusok paramétereire, melyekkel a későbbiekben egyszerűbb azonosítás érhető el, illetve a frekvencia preferencia, vagy a burst-ök között eltelt késleltetés figyelembevételével az ingerlési paraméterek szelektív optimalizálása válhat lehetővé. Szintén sor került azon sejtek áttekintésére, melyekből a fény impulzusos ingerlés nem váltott ki reakciót. Továbbá igyekeztem a hosszabb távú serkentő, vagy gátló hatást detektálni, melyek elősegítik a helyi és később a hálózati kapcsolatok feltárását.

NEUROFIZIOLÓGIA

MÁJER TÍMEA

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Világi Ildikó**egyetemi docens, ELTE TTK***Az entorhinális kéreg ex vivo vizsgálata: a kainát receptorok szerepének vizsgálata a fejlődés és a szinkronizált működések során**

Az epilepszia egy meglehetősen gyakori betegség, amely sokszor már a gyermekkor során jelentkezik. Erőteljes, szinkronizált agyi túlaktiválódás jellemzi, aminek modulálásában valószínűleg kiemelt szereppel bírnak a kainát típusú serkentő aminosav receptorok. A görcsiniciációért ugyan valószínűleg nem felelősek, de moduláló szerepüknek jobb megismerése az esetleges új terápiák, gyógyszeres kezelések kialakítása miatt kiemelten fontos. Kísérleteim során több korcsoportból származó (2-, 3-, 4 hetes, ill. felnőtt) patkányok entorhinális kérgéből készített túlélő horizontális agyszeleteket vizsgáltam. A mérések során elsőként görcskeltőt alkalmaztam (Mg²⁺-mentes módosított ACSF), majd specifikus GluK1/2 antagonistával (UBP-296) kezeltem a spontán görcsaktivitást mutató agyszeleteket. Az elektrofiziológiai jeleket sokcsatornás rendszerrel vezettem el (MEA chip, 60 elektród). A kísérleti eredményeim szerint a mezőpotenciál és az egyedi sejtek szintjén is különbségek voltak tapasztalhatóak az egyes korcsoportok között. A felnőtt állatok esetében az antagonistá hatására a görcsök hosszúságának szignifikáns csökkenését tapasztaltuk. A többi korcsoportokban is megfigyelhető változások alapján elmondható, hogy az epilepszia kezelésére vonatkozóan a moduláló szereppel bíró kainát receptorokat érdemes részletesen tanulmányozni, potenciális gyógyszer célpontokként számba venni.

NEUROFIZIOLÓGIA

MAROSI ENDRE

Biológia BSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Szabadics János**csoportvezető, MTA KOKI***Hippocampalis gátló szinapszisok fiziológiás idegsejt aktivitás mintázat-függő szabályozása**

Az emlős hippocampus fontos szerepet játszik bizonyos memória folyamatokban és az itt leírt több mint, 20 gátló idegsejt-típus precíz idegi jelfeldolgozást tesz lehetővé, eltérő morfológiájuk, serkenthetőségük és szinaptikus működésük révén. A TDK munkám során vizsgált, a hippocampus CA1 területén található cholecystokinint (CCK) expresszáló GABAerg gátlósejteket az endocannabinoid receptorok (CB1R) által szabályozott szinapszisaik teszik egyedivé a többi gátló sejtől. Ugyanis a preszinaptikus CB1R lehetővé teszi, hogy posztszinaptikus CA1 piramissejtek aktivitása hatására csökkenjen a GABA felszabadulása a CCK-sejtekből. Ezt a jelenséget nevezzük depolarizáció-indukált gátlás elnyomásnak (DSI). Azonban, a CB1R hatása csökken preszinaptikus aktivitás következtében, azaz felülíródhat a posztszinaptikus aktivitás-függő szinaptikus változás. Kísérleteimben a két ellentétes folyamat kölcsönhatását vizsgáltam fiziológiás preszinaptikus aktivitás mintázatok alatt, túlélő agyszeletben, páros patch clamp elvezetéssel. Ehhez a hippocampalis theta aktivitás alatt előforduló CCK-sejt aktivitást utánozva, 3 akciós potenciált (AP) váltottam ki 160 ms-onként és hasonlítottam össze 1 AP hatásával, miközben a DSI-t 500 ms hosszú depolarizációval váltottam ki a posztszinaptikus sejtekben. Az eredményeim azt mutatják, hogy a DSI mértéke a két esetben hasonló, viszont a theta-mintázat alatt rövidebb ideig tart. Ugyanakkor, amikor a DSI hatást rövidebb, 50 ms hosszú posztszinaptikus depolarizációval váltottam ki, függetlenül a preszinaptikus aktivitástól, a kiváltott DSI mértéke kisebb, mint az 500ms esetében. Ezen eredmények azt mutatják, hogy a CB1R-közvetített szabályozás mind pre- és posztszinaptikus aktivitás mintázat-függő.

NEUROFIZIOLÓGIA

NAGY LILI VERONIKA

Biológus MSc

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Hernádi István**egyetemi docens, PTE TTK**Dr. Bali Zsolt Kristóf**tudományos segédmunkatárs, PTE TTK***Az $\alpha 7$ -típusú kolinerg receptorokra ható agonista vegyületek és pozitív alloszterikus modulátorok hatásának in vivo elektrofiziológiai vizsgálata patkány hippocampusban**

Az $\alpha 7$ nikotinos acetilkolin-receptor ($\alpha 7$ nAChR) egy pentamer szerkezetű kalcium csatorna. Számos, kognitív funkcióval összefüggő agyterületen expresszálódik (pl. hippocampus), így egyes neurokognitív zavarok is kapcsolatba hozhatók az $\alpha 7$ nAChR-ok hibás működésével (pl. Alzheimer-kór). Az $\alpha 7$ nAChR-ok aktivitásának növelése hatékony stratégia lehet a kognitív képességek javítására. Kísérleteink során az $\alpha 7$ nAChR-specifikus agonisták illetve pozitív alloszterikus modulátorok (PAM) hatását vizsgáltuk hippocampalis neuronok tüzelési aktivitására, hogy részletesebb képet kapjunk a vizsgált farmakonok hatásairól.

Az $\alpha 7$ nAChR-ok farmakológiájának vizsgálatához extracelluláris elvezetést alkalmaztunk, amely során megfelelő szűrés segítségével egysejt-aktivitást regisztráltunk a hippocampus CA1-es régiójában. A kísérletek során spontán és NMDA-val kiváltott tüzelési aktivitást egyaránt detektáltuk. Az NMDA, az $\alpha 7$ receptor agonista PHA-543613 (PHA), valamint a különböző PAM-ok (PNU-120596, PNU; NS-1738, NS) lokális beadása mikrointoforézis technikával történt.

Az $\alpha 7$ nAChR agonista PHA beadása után a vizsgált 13 sejt 46%-a esetén növekedett az NMDA-val kiváltott aktivitás, míg a sejtek 31%-án gátló hatásokat regisztráltunk. Az NMDA-val kiváltott tüzelési frekvencia átlagosan 40,1 \pm 3,4 Hz-ről 56,5 \pm 7,8 Hz-re ($p = 0,065$) nőtt a PHA hatására. Ezzel szemben az NS nevű PAM hatására a vizsgált 26 sejt 85%-ánál növekedett az NMDA-val kiváltott aktivitás, míg csökkenést csupán a neuronok 4%-ánál detektáltunk. Az NS hatására a tüzelési frekvencia átlagosan 49,7 \pm 3,6 Hz-ről 72,9 \pm 5,6 Hz-re ($p < 0,001$) nőtt. A PNU az NS-hez hasonlóan többnyire növelte az NMDA-val kiváltott aktivitást (6 neuron 83%-a). Az NMDA-val kiváltott tüzelési aktivitásokhoz hasonlóan a PAM vegyületek a neuronok spontán tüzelési frekvenciáját is nagyobb arányban növelték (NS – serkentés: 22/26, gátlás: 1/26, PNU – serkentés: 6/6), mint a PHA, amelynek hatására néhány esetben gátlást is megfigyeltünk (serkentés: 7/13, gátlás: 3/13). A PHA és az NS együttes iontoforézise esetén a PHA gátló hatását a vizsgált 4 sejtől 3 esetén a PAM szimultán adása visszafordította, így két vegyület kombinált adása esetén nőtt az NMDA-val kiváltott tüzelési aktivitás.

Eredményeinket összegezve kijelenthetjük, hogy az $\alpha 7$ nAChR agonista vegyületek és a különböző a PAM-ok eltérő hatással vannak a neuronok NMDA érzékenységére. Az eltérő hatást valószínűleg az $\alpha 7$ nAChR agonista vegyületek deszenzitizáló hatásának tulajdoníthatjuk.

NEUROFIZIOLÓGIA

NAGY ROLAND

Info-bionika MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Tóth Ferenc**tudományos munkatárs, SZTE ÁOK**Dr. Kiss József Géza**tudományos tanácsadó, SZTE ÁOK***Pszichofizikai paraméterek vizsgálata cochlearisan implantált betegek esetén**

A technika fejlődése lehetővé tette a hallószerv szerepének mesterséges pótlását, melynek legeredményesebb eszköze a cochlearis implantátum. Célunk az implantált páciensek hallás és komfortküszöb alakulásának posztoperatív követése volt.

Kutatásunk során 78 praelingualis (hallásvesztés a beszédfejlődés előtt) és 14 postlingualis (hallásvesztés a beszédfejlődés után) beteg leleteit dolgoztuk fel. A tanulmány részét képezte a páciensek elektromos hallás- és komfortküszöbének beállítása, majd a kontrollvizsgálatokon regisztrált intenzitás értékek változásának statisztikai módszerekkel való elemzése.

Az eredmények alapján három fázist különítettünk el betegeink posztoperatív követési idejét tekintve. Kezdetben, egy adaptációs fázis, melyben intenzitás értékek növekednek, majd egy rövid stabilizációs fázisban stagnáltak vagy csak kis mértékben változtak, végül egy regenerációs fázisban az értékek csökkenő tendenciát mutattak. A csoportok adaptációs fázisát összehasonlítva az elektródasor basalis régióját tekintve átlagosan 12,90%-os intenzitásemelkedést tapasztaltunk a postlingualis betegeknél (átlag 22,64 hét), míg praelingualis társaiknál 25,44% -os volt a változás (átlag 46,13 hét). Ugyan ezt az elektródarégiót megfigyelve a regeneráció során a postlingualis csoportnál átlagosan 6,98%-os csökkenést tapasztaltunk, amely ~ 71. hétben kezdődött meg, míg praelingualisoknál 12,48%, amely a 104. héten vette kezdetét. Medialis és apicalis régióban is hasonló intenzitásváltozást figyelhettünk meg.

A cochlearis implantátum a hallássérült emberek leghatékonyabb kezelési eszköze, melynek pontosabb ismerete nélkülözhetetlen. Tanulmányunk során arra az eredményre jutottunk, hogy prae- és postlingualis betegcsoportokban az adaptációs és a regenerációs fázisok alatt a küszöbérték változása eltérő mértékű és idejét tekintve különböző, de csoporton belül mindezek mértéke nagyon hasonló.

NEUROFIZIOLÓGIA

VIGH JUDIT PIROSKA

Biológia BSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Hoyk Zsófia**tudományos munkatárs, MTA SZBK***A neurovaszkuláris egység morfológiai vizsgálata a humán érlemeszesedés egyik egér modelljében**

A magas triglicerid szint a szív- és érrendszeri betegségek kialakulásának egyik közismert rizikó faktora, ugyanakkor az újabb kísérleti adatok szerint a neurodegeneratív betegségek létrejöttének kockázatát is növeli. Feltehetően a neurovaszkuláris egység sejtes és molekuláris tulajdonságai is megváltoznak magas szérum triglicerid szint esetén, ez azonban jelenleg kevésbé ismert.

Munkánk során a neurovaszkuláris egység sejtes alkotóira jellemző fehérjék immunfestődési mintázatát vizsgáltuk az érlemeszesedés egyik állat modelljében, a humán ApoB-100 fehérjét expresszáló transzgenikus egerekben, agyi metszeteken. Elemeztük (i) az agyi endotél sejtek közti szoros kapcsolatok két fő fehérjéjének (klaudin-5 és okludin), (ii) az asztroglia sejtekre jellemző fehérjéjének (GFAP) és főleg a reaktív asztrocitákban kifejeződő vimentinnek, valamint (iii) a mikrogliaakra specifikus Iba-1 fehérjéjének az immunhisztokémiai festődését. A szoros sejtkapcsoló fehérjék és a mikroglia sejtek immunjelölődésében nem találtunk különbséget a vad és a transzgenikus egerek között. Az asztrociták immunfestődési mintázata azonban lényegesen eltért a két csoport között a frontális kéregben. A GFAP immunreaktivitás az agyi kapillárisokkal szorosan asszociált képletekben, valamint asztroglia sejtestekben és nyúlványokban volt megfigyelhető a vad típusú egerekben, míg az ApoB-100 fehérjét expresszáló egércsoportban inkább a sejtes GFAP mintázat volt jellemző. A GFAP, illetve Iba-1 immunreaktív struktúrák által lefedett terület arányban és a struktúrák átlagos méretében sem volt jelentős különbség kimutatható a vad és a transzgenikus egerek között. Vimentin immunreaktivitás jellemzően az agyi kapillárisok mentén volt látható a vad típusú egerek frontális kéregében.

Eredményeink alapján kijelenthetjük, hogy magas szérum triglicerid szint esetén a frontális kéregben bekövetkező morfológiai változásokban részt vesznek az agyi kapillárisokhoz szorosan asszociált asztroglia sejtek.

NÖVÉNYÉLETTAN

BALASSA GYÖRGY

Biológia BSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Rudnóy Szabolcs**egyetemi adjunktus, ELTE TTK***Az S-metilmetionin-szalicilát (MMS) hatása a poliamin-bioszintézisre kukoricában
hidegstressz esetén**

A kukorica a világon legnagyobb mennyiségben termesztett haszonnövényeink egyike. Trópusi eredete révén 10°C alatti hőmérséklet már olyan károkat okozhat a fiatal növényben, ami később termésvesztéssel jár. A csökkenő termésmennyiség nemzetgazdasági probléma, amelyre az újabb és újabb fajták nemesítése mellett érdemes gyorsabb, olcsó, környezet- és egészségkímélő, mégis hatékony védekezési stratégiákat is figyelembe venni, mint pl. a biológiailag aktív vegyületek alkalmazása.

Az S-metilmetionin-szalicilát (MMS) egy olyan vegyület, mely a növényekben univerzálisan is jelen lévő S-metilmetionin és szalicilsav kombinációjából származik. Mindkét alkotóelem fontos szereppel bír abiotikus és biotikus stressz esetén mind a jelátviteli útvonalak, mind az anyagcsereutak befolyásolásával. A vegyület alkalmazásával egy olyan kombinált kezelés adható a növényeknek, amely feltételezésünk szerint a stresszválasz gyorsabb, komplexebb és hatékonyabb kialakulását teszi lehetővé, ezáltal csökkentve a növényben okozott károkat. Stressz esetén a kezelés hatására javulhat a növények élettani állapota.

Munkám során arra kerestem a választ, hogy MMS exogén adagolásával megfigyelhető-e a növények általános fiziológiai állapotát is jól jellemző fotoszintetikus paraméterek javulása, illetve milyen változások mennek végbe a poliamin-bioszintézis útvonalán és az összes poliamintartalomban? Fontos kérdés volt továbbá, hogy az MMS-kezelés hatása mennyi ideig tart és ez megnyilvánul-e a növények méret-és tömegadataiban?

A fiziológiai állapot megváltozásának jellemzésére egy fontos paramétert a kettes fotokémiai rendszer (PSII) maximális kvantumhatékonyságát mértem. Nyomon követtem a klorofill tartalom, illetve a növények friss és száraz tömegek és a hajtás hosszának változását. Eredményeim alapján az MMS-kezeléssel csökkenthetőek a fotoszintetikus apparátust ért károsodások hideg esetén, így jobb élettani állapot érhető el. A génexpressziós és HPLC eredmények megerősítik, hogy az MMS képes serkenteni a stresszvédelemben fontos szerepet betöltő poliaminok szintézisét. Az MMS-kezelés hatására a poliamin-anyagcsereúthoz köthető több gén is szignifikáns aktivitásnövekedést mutatott. A tömeg-és hosszadatok elemzésével kiderült, hogy az MMS-nek nemcsak rövid, hanem hosszabb távú hatása van, melyet a klorofilladatok is megerősítenek. Eredményeim alátámasztják, hogy az MMS alkalmas lehet a növényt erő stresszhatások enyhítésére.

NÖVÉNYÉLETTAN

CSOMOR GÁBOR

Biológia BSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:

Dr. Mainé Dr. Csiszár Jolán

egyetemi docens, SZTE TTIK

Dr. Horváth Edit

tudományos segédmunkatárs, SZTE TTIK

Ozmotikus és só stressz vizsgálata *Arabidopsis thaliana* gstu19 és gstu24 mutáns növényekben

A glutation transzferázoknak (GST-k) jelentős szerepük van az oxidatív stressz, illetve az abiotikus és biotikus stressz hatások elleni védelemben és az endogén citotoxikus vegyületek detoxifikációjában is. A GST-k expresszióját különböző stressz hatások (indukálhatják, fontos detoxifikálók és katalizálhatnak izomeráz reakciókat is. Az *Arabidopsis thaliana* (lúdfű) modellnövényben 55 GST gént hét szolubilis és egy mikroszómális csoportra osztottak. Közülük legtöbb taggal a tau csoportúak (GSTU-k) rendelkeznek.

Az AtGSTU-k közül az AtGSTU19 legáltalánosabban előforduló enzim, illetve transzkriptum, amely számos abiotikus stressz kezelés során indukálódik. Legerősebb expressziót az oldalgyökér gyökérsüvegében mutat. Túltermelése megnövekedett só- szárazság- és oxidatív stressz toleranciát eredményez. Az AtGSTU24 is elsősorban gyökérben fejeződik ki és transzkripciója erősen indukálódik különböző xenobiotikumok, hatására.

Kísérleteink során az *Arabidopsis thaliana* Columbia ökotípusú növények (Col-wt), illetve az Atgstu19 és Atgstu24 inszerciós mutánsok stressz válaszában bekövetkezett változásokat vizsgáltuk. Különböző ozmotikumok (NaCl, mannitol) alkalmazása után meghatároztuk a glutation transzferáz és a GPOX aktivitásukat. A mutánsok megnövekedett stressz érzékenységére, az oxidatív stressz által előidézett, a károsodás mértékét jelző; malondialdehid megemelkedett szintjéből következtethettünk.

Vizsgálataink során arra a kérdésre kerestünk választ, hogy milyen módon befolyásolja az egyes génekben bekövetkezett mutáció az *Arabidopsis* növények stressz válaszát a 150 mM-os NaCl-ot, illetve a 300 mOsm-os mannitolt tartalmazó táptalajokon.

NÖVÉNYÉLETTAN

FARKAS ZSUZSANNA

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Fodor Ferenc

tanszékezető egyetemi docens, ELTE TTK

Mikroelemhiány korrekciója Fe-, Mn- és Zn-tartalmú nanoferrit alkalmazásával hidroponikus rendszerben

A növényi szervezet megfelelő működéséhez elengedhetetlenek a mikroelemek. A növényi mikroelemhiány fejlődési rendellenességhez, csökkenő terméshozamhoz vagy a növények pusztulásához is vezethet. A mikroelemek közül a cink-, mangán- és különösen a vashiány okozhat súlyos mezőgazdasági károkat. Dolgozatomban egy Fe-, Mn- és Zn-tartalmú nanoferrit hatását vizsgáltam tápoldatban nevelt uborka (*Cucumis sativus* L. cv Joker F1) növényekre. Vizsgálataim alapkérdése az volt, hogy a nanoferritet a növények képesek-e felvenni és hasznosítani. A kérdés megválaszolásához először a különböző tápanyaghiányokat karakterizáltam. Mn-, Zn-, Fe-hiányos uborkákat neveltem tápoldatban és mértem a növények növekedését, pH-ját, víztartalmát, transzpirációját, klorofill tartalmát és a gerjesztési energia-hasznosítási jellemzőit. Ezután a Mn-, Zn-, Fe-mentes tápoldatban nevelt növényeket nanoferrittel kezeltem és a fiziológiai változásokat összevettem a nem kezelt, mikroelemhiányos növényekével. A kezelés hatására a vashiányos növények minden általam mért paraméterben jelentős javulást mutattak. A mangánhiányos növényeknél regeneráció a száraz tömegükben és a fotoszintetikus apparátusuk funkcionális állapotában történt. A cinkhiányos növények vizsgált paramétereiben a kontrolltól való eltérés nem volt szignifikáns, de a kezelés hatására mindegyik elérte a kontroll növények szintjét. Ezeket a változásokat alátámasztja az elemanalízis eredménye, ami azt mutatja, hogy a növények a nanoferritből a vasat felveszik és transzlokálják, míg a Mn és Zn felvétele mérhető, de koncentráció növekedésük a levélben nem szignifikáns.

NÖVÉNYÉLETTAN

HOLINKA BOTOND

Biológia BSc

Babeş-Bolyai Tudományegyetem

Témavezető:

*Dr. Fodorpataki László
egyetemi docens, RO BBTE*

Vízszennyező anyagok együttes hatásainak bioindikációja a kis békalencse életműködési változásai által

A felszíni vizek szennyezése gyomirtókkal és nehézfémekkel lényegesen megzavarja a vízi szervezetek életműködéseit és végül kihatnak az ember egészségére is. Kutatásunk fő célja megtalálni azokat az életműködési paramétereket, amelyek hatékonyan képesek kimutatni a vízszennyezés hatásait a kis békalencsében, mely kozmopolita natáns növény. Tekintve, hogy a vízszennyező anyagok közül egyszerre több lehet jelen, kísérleteink herbicidek és nehézfémek társított hatásaira vonatkoznak, melyekről nagyon kevés eddigi adat létezik. Laboratóriumi körülmények között vizsgáltuk a réz és a kadmium, illetve két herbicid, a diuron és a glufozinát egyenkénti és páronként társítva kifejtett hatásait a növény növekedési és fotoszintetikus paramétereire. Eredményeink azt mutatják, hogy a karotenoidok mennyisége és az egyedyszám változása érzékeny indikátora a réz és a glufozinát szinergisztikus kölcsönhatásának, a maximális klorofill-fluoreszcencia szintjén pedig a kadmium fokozza a réz gátló hatását.

NÖVÉNYÉLETTAN

KOLBERG FLÓRA

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Fodor Ferenc

tanszékvezető egyetemi docens, ELTE TTK

A Szarvasi-1 energiafű cinktoleranciájának élettani vizsgálata

A Szarvasi-1 energiafű (*Elymus elongatus* subsp. *ponticus* cv. Szarvasi-1) a Szarvasi Mezőgazdasági Kutató-Fejlesztő Kht. által nemesített fűfajta. Nagy biomassza hozama és tűrőképessége miatt nemcsak potenciális energianövény, hanem fitoremediációs talajjavítási eljárásban és rekultivációban is fontos szerepet játszhat, hiszen kísérletek igazolták nehézfémekkel szembeni toleranciáját, továbbá cink esetében nagymértékű transzlokációt figyeltek meg a hajtásba.

Jelen munka célja a Szarvasi-1 energiafű cinktoleranciájának vizsgálata, és a cinkakkumuláció mértékének meghatározása. A kísérletek során hidropónikus kultúrában nőtt, különböző cink-koncentrációkkal (0, 0,01, 0,05, 0,1, 0,5 és 1mM ZnSO₄) kezelt növények tömegét, víztartalmát, transpirációját, klorofill koncentrációját, klorofill-a fluoreszcencia indukcióját és a lipid peroxidáció mértékét mértem.

Eredményeim alapján a Szarvasi-1 energiafű jól tolerálja a megnövelt cink mennyiséget is. Az alacsonyabb koncentrációkkal (0,01 és 0,05 mM) kezelt növények esetében enyhe növekedésserkentés volt megfigyelhető, míg szignifikáns csökkenést az élettani mutatókban csak a két legmagasabb koncentrációnál (0,5 és 1 mM) tapasztaltam. A cinkfelvétel mértéke a koncentrációval arányosan nőtt, és a hajtásban maximálisan 2 mg g⁻¹ Zn-et is lehetett mérni. A cink akkumulációjának mértékére magyarázatot adhat, hogy a növény által leadott fitosziderofórok nemcsak a vasfelvételben, hanem más elemek komplexálásában is szerepet játszanak, mint például a cink. A növény cink- és a vasfelvételét vizsgálva feltételezhető egy kompetíció a két elem között az elérhető fémkeláló ligandumokért. Az aktív cinkfelvételt alátámasztja, hogy nem az öreg, hanem a fiatal levelekben mérhető nagyobb cinktartalom.

Az eredmények igazolják a Szarvasi-1 energiafű cinktoleranciáját, illetve érdemes megemlíteni, hogy hiperakkumulátor növényekhez megközelítő mértékben halmoz fel cinket a hajtásban.

NÖVÉNYÉLETTAN

NAGY DÓRA

Biológus MSc

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

*Prof. Dr. Hideg Éva
egyetemi tanár, PTE TTK*

Szárazság és UV-B stressz hatása *Nicotiana benthamiana* növények fotoszintetikus és antioxidáns kapacitásaira

Eddigi eredményeink alapján elmondható, hogy az alkalmazott kis dóziszú UV-B kezelés a fotoszintetikus aktivitást nem befolyásolva alkalmazkodási folyamatokat indukált a *N. benthamiana* levelekben. Korábbi megfigyelésekkel összhangban, a kísérletünkben is megnövelte a nem enzimatis antioxidasokat jellemző teljes antioxidas kapacitást és a peroxidáz enzim aktivitását, lehetővé téve a fotoszintetikus folyamatok kontroll növényekéhez hasonló szinten tartását.

A szárazság önmagában stresszként hatott, megnövelte a levelek nem szabályozott nem fotokémiai kioltását. A fokozott SOD, POD aktivitás és a teljes antioxidas kapacitás növekedése azonban arra utalt, hogy ez a stressz enyhe volt.

A szárazság és az UV-B kezelés együtt alkalmazva fokozta az egyes tényezők hatását, amit a teljes antioxidas kapacitás csökkenése igazolt.

Modell kísérletünk eredménye alátámasztja a környezeti UV kutatások azon megállapítását, mely szerint a szárazföldi növények életében a napfény UV komponense önmagában nem stresszor, azonban más stresszhatásokkal kiegészülve fokozhatja azok hatását.

További kísérleteinkben az UV-B szárazságra gyakorolt hatásának tartósságát fogjuk vizsgálni, UV-B előkezelést követően önmagában alkalmazva a szárazság stresszt.

NÖVÉNYÉLETTAN

PAPP GEORGINA

Biológus MSc

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

FREYTAG CSONGOR

Biológus MSc

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

Témavezető:

Dr. Máthé Csaba

egyetemi docens, DE TTK

Mikrocisztin LR (MCY-LR) hatása a növényi sejtek poláris auxin transzport fehérjéinek eloszlására *Arabidopsis thaliana*-ban

Dolgozatunkban a mikrocisztin-LR (MYC-LR, cianobakteriális toxin) *Arabidopsis* modellnövény gyökérmorfológiájára és fiziológiájára kifejtett hatásaival, valamint a GFP-vel jelölt PIN1, PIN2 és PIN3 auxintranszport-fehérjék lokalizációjával foglalkoztunk elsősorban hosszútávú kezelések során.

Az 1 és 10 $\mu\text{g ml}^{-1}$ MYC-LR-rel kezelt csoportokban gyökérmorfológia rendellenességeket tapasztaltunk, laterális irányban duzzadt meg a főgyökér a megnyúlási és az osztódási zónában.

A citoskeletális elemek destabilizációja valószínűleg a kettes típusú protein foszfatáz (PP2A) gátlásának a következménye, amit a MYC-LR protein-foszfatáz gátló hatásának tudhatunk be. Így tehát a PIN fehérjék rendellenesen lokalizálódtak sejten belül. Mivel a MYC-LR protein foszfatáz gátló (PP1 és PP2A) és ROS indukáló szer, valószínűleg a PP2A a PIN1 proteinek transzcitózisa során játszott reguláló szerepét gátolja. Ez a folyamat felborítja a poláris auxin transzportot a sejten belül: a PIN1 a szállító endoszómák membránján marad, ami az auxin felhalmozódásához vezet, hasonlóan a poláris auxin transzport inhibitorok hatásához.

További kísérleteink során az mTalin::GFP *Arabidopsis* növényben vizsgáltuk a GFP-vel jelölt mikrofilamentum rendszert.

1 $\mu\text{g ml}^{-1}$ MYC-LR koncentrációval, 3 napig kezelt növényekben az aktin filamentumok normál, a kontrollhoz hasonló eloszlást mutattak. Tapasztalataink alapján feltételezhető, hogy a mikrocisztin-LR kezelt növényekben a mikrofilamentum rendszer nem függ össze a PIN1 fehérjék újraeloszlásával, de ez további vizsgálatokat igényel.

NÖVÉNYÉLETTAN

RÁCZ ARNOLD

Biológus MSc

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Czégény Gyula**tudományos segédmunkatárs, PTE TTK**Prof. Dr. Hideg Éva**egyetemi tanár, PTE TTK***A dohány peroxidáz enzimei: szerepük az UV-B-hez történő alkalmazkodásban, mérési eljárások összehasonlítása különböző korú levelekben**

Növényekben számos biotikus és abiotikus stressz válthatja ki a hidrogén-peroxid (H_2O_2) fokozott mértékű bioszintézisét. Ilyen stresszor az UV-B sugárzás is, melynek hatására a H_2O_2 átalakul hidroxilgyökké ($\bullet OH$), amely reaktív oxigén származékként oxidatív károsodásához vezethet. Ennek kivédésére az UV-B-hez történő akklimáció során a növények peroxidáz központú antioxidáns rendszert alakítottak ki. UV-B besugárzás esetén a növényi sejtekben elsősorban az aszkorbát-peroxidáz és a III-as típusú peroxidázok (POD, EC 1.11.1.7) végzik a H_2O_2 enzimatisz semlegesítését. A széles szubsztrát specifitású, többféle sejtalkotóban is megtalálható POD enzimek a növényi stresszválaszok fontos résztvevői.

Munkánk során növénynevelő kamrában nevelt, hathetes dohánynövények (*Nicotiana tabacum* cv. Petit Havanna) teljesen kifejlett leveleinek POD aktivitásbeli változásait vizsgáltuk. Gélelektroforézissel kimutattuk, hogy UV-B hatására egy olyan POD izoforma aktiválódik a kezelt levelekben, mely a kontroll levelek esetében nem volt detektálható. Az eredményeink alapján elmondható, hogy a mérés során használt különböző szubsztrátok befolyásolták a peroxidáz aktivitás mért értékeit. A laboratóriumi kísérletekben használt, kezeletlen dohánynövények teljesen kifejlett (nem szeneszscens) leveleinek peroxidáz enzimaktivitásai nem térnek el egymástól. Akklimációt előidéző hatnapos kiegészítő UV-B kezelés hatásait megvizsgálva pedig azt találtuk, hogy a kezelés különböző korú levelekben különböző mértékű POD válaszokat eredményez. Ezeket a vizsgált módszerek közül legérzékenyebben az OPD szubsztrát használatával tanulmányozhatjuk. Eredményeink azt mutatják, hogy a növények stresszválaszainak vizsgálata során fontos lehet a különböző korú levelek különböző válaszainak komplex értékelése, illetve a természetes folyamatok modellezésére használt szintetikus szubsztrátok megfelelő kiválasztása.

NÖVÉNYÉLETTAN

TAR ÁGNES MÁRIA

Gyógyszerész

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezetők:**Prof. Dr. Vasas Gábor
egyetemi tanár, DE TTK**Riba Milán
predoktor, DE TTK****Nostoc* (Cianobaktérium) metabolitjainak bioaktivitás és LC-MS spektroszkópiás vizsgálata**

A cianobaktériumok az élővilág legváltozatosabb fotoszintetizáló élőlényei közé tartoznak. Előfordulhatnak édes és sós vizekben, hóforrásokban hó-, jégfelületeken, talajban és sziklák felső rétegében is. Rendkívül nagy a szárazságtűrésük. Szimbiózisban élhetnek gombákkal vagy harasztok szöveveivel. Egyes fajaik képesek az elemi nitrogén megkötésére, így a talaj minőségének a javításában is részt vehetnek. Szekunder metabolitjainak (antibakteriális, tumorellenes, antivirális, antifungális hatású metabolitok) számtalan felhasználási lehetősége van mind egészségügyi mind farmakológiai szempontból, melyek nagy része peptid vagy oligopeptid típusú, de megtalálhatóak az aminosav, diterpenoid, szacharid és a lipoproteid típusú anyagsoportok is. Genetikai változatosságukat a poliketid szintáz (PKS) és a nem-riboszómális peptid szintáz (NRPS) útvonalak biztosítják. Célkitűzésünk, hogy a hazai szikes területeken megjelenő *Nostoc* telepeket izoláljuk, neveljük és biológiai aktivitásukat csíranövényeszt segítségével megvizsgáljuk valamint az izolátumoknak LC-MS spektrometriával ismert és kevésbé ismert metabolitjait azonosítsuk. Az izolált fajokat Allen tápoldatban CO₂-al kevert levegő bebuborékolatásával neveltük. A csíranövényeszt során a mustárnövény kontrollhoz viszonyított növekedését határoztuk meg. Az LC-MS vizsgálatban metanolos extraktumok adatait elemeztük. Eredményeinkben a csíranövényeszt során különböző mértékű gátló hatás megjelenését figyeltük meg. Kísérleteink során LC-MS módszerrel 65 terepi mintából 135 izolátumot sikerült létrehozni. Az azonosított *Nostoc* izolátumok között 37-et sikerült elkülöníteni, azon belül is 7 izolátumban nostoginint, 13 izolátumban anabenozeptint, 1 nostopeptolidot, 16 izolátumban egyéb szerkezetű *Nostoc* csoportot. Az LC-MS és a csíranövényeszt összesített eredményeiben az mondható el, hogy a nostogininekben közepesen gátló, az anabenozeptinekben erősen gátló, a nostopeptidokban közepesen gátló, az egyéb szerkezetűekben pedig erősen gátló hatás mérhető. Eredményeink alapján egyes *Nostoc* izolátumok kiváló fotoautotróf hatóanyag-forrásként szolgálhatnak számos területen.

NÖVÉNYÖKOLÓGIA, SZÜNBOTANIKA

CSIZMÁR ALIZ

Biológia BSc

Nyíregyházi Egyetem

Témavezető:

Dr. Szabó Sándor
főiskolai tanár, NYE**Előny-e vagy hátrány a koegzisztencia? Denzitásfüggő kölcsönhatások hínárnövények között**

Az úszó emez és a szubmerz hínár egyaránt képes stabil dominanciájú állományokat létrehozni. A közöttük folyó verseny kimenetelét a hínárnövények denzitása jelentősen befolyásolhatja. Választ kerestünk arra a kérdésre, hogy hogyan befolyásolják a különböző denzitásértékek a szubmerz és úszó emez hínarak kultúráiban a köztük levő kölcsönhatások minőségét és erősségét.

A púpos békalencse (*Lemna gibba*) és érdes tócsagaz (*Ceratophyllum demersum*), illetve az aprólevelű átokhínár (*Elodea nuttallii*) növények 2 literes, félig átfolyó rendszerű akváriumokban különböző denzitáson lettek tenyésztve. A kísérlet során a tenyészedenyekben a kísérleti növények biomassa-változásait mértük.

Bármelyik vizsgált *Lemna*-biomassa denzitásának hatására az *Elodea* hozama szignifikánsan csökkent, ugyanakkor viszont az alacsony *Lemna*-denzitás (250 g m^{-2}) stimulálta a tócsagaz növekedését. A békalencsék a maximális hozamot 5 g/tenyészedeny (250 g m^{-2}) denzitás értéken mutatták. A tócsagaz alacsony *Lemna*-denzitáson gátolta legintenzívebben a békalencsék hozamát, a békalencse-denzitás emelkedésével viszont békalencsékre gyakorolt gátló hatása fokozatosan gyengült. A *Lemna*-denzitás növelésével a tócsagaz hozama, tápoldat oldott oxigén-koncentrációja és pH-értéke folyamatosan csökkent. Ezek az értékek a tócsagaz denzitásának növelésével viszont folyamatosan emelkedtek mindaddig, amíg a *Lemna*-denzitás $40 \text{ g/tenyészedeny}$ alatti volt.

A tócsagaz teljesen kipusztult azokban a kultúrákban, amelyekben a kiindulási békalencse-denzitás elérte a $40 \text{ g/tenyészedeny}$ (2000 g m^{-2})- szintet, az átokhínárral pedig már fele ekkora békalencse-denzitáson történt meg ez a folyamat. Eredményeink bizonyítják, hogy a *Ceratophyllum*-kontrollkultúrákon a perifita algák hínárnövényekre gyakorolt gátló hatása (árnyékolás, tápelemfelvétel) erősebb lehetett, mint a békalencsék tócsagazra gyakorolt gátló hatása. Eredményein alapján úgy tűnik, hogy a szubmerz növények békalencsékkel történő kölcsönhatásainak eredményei jelentősen denzitásfüggőek.

NÖVÉNYÖKOLÓGIA, SZÜNBOTANIKA

HAFENSCHER VIKTÓRIA PRISZCILLA

Biológia BSc

Állatorvostudományi Egyetem

*Témavezetők:**Dr. Koncz Péter**tudományos munkatárs, SZIE MKK**Dr. Szabó Péter**egyetemi docens, ATE***Távérzékelés alapú fitomasszabecslési módszerek fejlesztése**

A vegetációs indexek a föld feletti fitomassza (növényi tömeg) mennyiségének becslésére, és a növényzet egészségi állapotának felmérésére használható mérőszámok. Az indexeket a növényzetről reflektált és a szenzorok által detektált fény alapján állítjuk elő.

Az indexek felhasználási köre a primer produkció-becsléstől a természetvédelmi gyepterületeken át a növényzet klímaváltozásra adott válaszána kutatásáig terjed.

Az indexekkel kapcsolatban általános probléma, hogy magas, és dús vegetációban romlik a fitomassza-becslés pontossága, mert a fedésben lévő levelek kiesnek az szenzorok látóteréből, alulbecslik a potenciális fitomasszát.

Jelen dolgozat célja a fitomassza és vegetációs indexek közti kapcsolat vizsgálata diverz, jelentős fitomasszájú gyepekben, hogy új indexek, módszerek kifejlesztésével növeljük a becslés hatékonyságát. A fitomassza közvetlen mérése mellett különböző szenzorokkal (ceptométer, hagyományos és módosított digitális Canon és Pentax kamerák, Tetracam) becsültük a fitomassza mennyiségét és összehasonlítottuk a két értéket.

Az irodalomban általánosan ismert telítődési görbével ellentétben, a különböző vegetációs indexek egy adott értékig jól becsülték a fitomasszát, de e fölött a kapcsolat megszűnt. A módosított Canon kamera által nyert egyik új index (Near-infrared, Green, Blue, NGB1) esetében pl. az index és a fitomassza között szoros lineáris kapcsolatot tapasztaltunk egy tartományon belül (117 g m^{-2} - 462 g m^{-2} , $R^2 = 0,5$, $p < 0,05$; $n=37$), de e fölött - max. fitomassza: $1398,5 \text{ g m}^{-2}$ - a kapcsolat megszűnt, és sem lineáris sem telítődési görbével nem volt jellemezhető. ($R^2 < 0,01$; $n=53$).

Ez arra utal, hogy diverz vegetációban (ahol a fajok fenológiája eltérő, szemben korábbi, jellemzően alacsony fajszámú gyepekben végzett vizsgálatokkal) feltehetően fajspecifikus a vegetációs indexek időbeli dinamikája.

Megállapítottuk, hogy a vizsgálatban alkalmazott vegetációs indexek megbízhatóbb becslést adtak a növényzet friss tömegére a száraztömeghez képest. Továbbá a különböző magasságú, illetve nedvesség-tartalmú vegetációban a különböző indexek hatékonysága eltérő. Így a felhasználók számára célirányosabb módszerek állnak rendelkezésére.

További vizsgálataink során különböző korrekciók alkalmazásával (pl. fajspecifikus szárazodási és virágzási mutatók felhasználása) kívánjuk tesztelni a fitomassza távérzékeléssel történő becslésének lehetőségeit.

NÖVÉNYÖKOLÓGIA, SZÜNBOTANIKA**JAKAB MELINDA**

Ökológia BSc

Babeş-Bolyai Tudományegyetem

*Témavezető:**Dr. Ruprecht Eszter
egyetemi docens, RO BBTE***Mennyi ideig életképesek a magvak a magbankban? Kísérletes tesztelés eláással**

Egy terület vegetációjának összetételét nem csak a földfelszínen levő növényközösségek alkotják, hanem a talajokban található magbank is. A magbankok igen fontos információt szolgáltatnak, az ökológiai restaurációkban és olyan kérdések megválaszolásában, mint például, hogy hogyan védjünk egyes fajokat és közösségeket? A vizsgálatunk célja az volt, hogy meghatározzuk 16 növényfaj esetében, hogy a magvak meddig és milyen arányban őrzik meg életképességüket a talajban két és fél éven keresztül. A begyűjtött és megtisztított magokat külön negyvenesével csomagolt tüllezsckókba csomagolva blokkosítva ástunk el. Majd félévente újabb és újabb csoportokat ástunk ki. A kiásott magokat csírákamrában csíráztattuk, majd életképességet vizsgáltunk TTC teszttel. Az elásás előtt csíráztatási és életképességi eredményeket tekintettük kontrollnak, s a későbbiekben is ehhez az értékekhez viszonyítottunk. Az eredményeink azt igazolták, hogy a pillangósvirágúak (Fabaceae) és a keresztesvirágúak (Brassicaceae) családjába tartozó fajaink perzisztensek mutatkoztak, míg a fészekvirágzatúak (Asteraceae) családjába tartozó fajoknál különböző mértékű életképesség-csökkenést találtunk a vizsgált két és fél év alatt, tehát nem egyértelmű ezek besorolása. A pázsitfűfélék (Poaceae) családjába tartozó fajok között vannak egyértelműen tranzien magbankkal rendelkezők, de perzisztensek is. Bár korábbi vizsgálatok eredményei azt mutatják, hogy a kisméretű és gömbölyű magvak tartósabb magbankot képeznek, mi ezt nem sikerül bizonyítsuk a választott 16 faj alapján.

NÖVÉNYÖKOLÓGIA, SZÜNBOTANIKA

LUKÁCS KATALIN

Biológia BSc

Babeş-Bolyai Tudományegyetem

Témavezető:

Dr. Ruprecht Eszter

egyetemi docens, RO BBTE

A mérsékelt övi lágyszárú fajok magjainak tűztűrése erőteljesen függ hidratáltsági állapotuktól

Romániában egyre gyakoribb jelenség, hogy tavasszal és ősszel gyepeket égetnek fel. Korábbi vizsgálatokból tudjuk, hogy az égetés negatívan érinti az őshonos fajok magjainak csírázását, így jelenlegi vizsgálatunk arra fókuszál, hogy a tűz magvakra gyakorolt hatását mennyiben magyarázza ezek hidratáltsága. A kísérletünkhöz négy családból választottunk lágyszárú növényfajokat, melyek magjait három csoportra osztottuk: egyik csoport szárazon maradt, a második magjait vízbe áztatva hidratáltuk és a harmadik volt a kontrol. A száraz és hidratált magokat égetést imitáló hőkezelésnek vetettük alá: 5 percig tartó, 100°C-on. Ezt követően a magvakat csíráztattuk, majd a válaszokat összehasonlítottuk. Eredményeink alapján a magvak tűz általi károsodásának a megóvása érdekében, óvatosságra hívjuk fel az emberek figyelmét, hiszen a mérsékelt égövben alkalmazott égetések időszakában a magvak hidratált állapotban vannak, ezért nagyobb mértékben károsodnak.

NÖVÉNYÖKOLÓGIA, SZÜNBOTANIKA

MOLNÁR VANDA ÉVA

Környezettudomány MSc

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

Témavezető:

Dr. Simon Edina

egyetemi adjunktus, DE TTK

Légszennyezettség vizsgálata klorofill tartalom alapján

A falevelek klorofill tartalma alapján jól becsülhető a városi légszennyezettség. Vizsgálataink során a légszennyezés hatásait vizsgáltuk egy urbanizációs gradiens mentén Debrecenben, három fafaj esetén (*Acer campestre*, *Celtis occidentalis* és *Corylus avellana*). A begyűjtött levélmintákból laboratóriumi előkészítés után etanolos extrakcióval vontuk ki a klorofillt, majd a kivonatokat spektrofotométerrel elemeztük. A mért abszorbancia adatokból a klorofill-a-t, a klorofill-b-t, az összklorofill tartalmat, illetve a klorofill-a/b mennyiséget számoltuk ki. Eredményeink alapján a *C. occidentalis* és az *A. campestre* esetében a klorofill-a, klorofill-b és összklorofill tartalom a rural területeken szignifikánsan nagyobb volt az urban és suburban területekhez képest, amely csökkenés valószínűsíthetően a városi környezetre jellemző légszennyezettségnek köszönhető. Ez a két faj jó bioindikátornak tekinthető. A *C. avellana* esetén nem tapasztaltunk szignifikáns különbségeket a klorofill tartalomban a területek között, így feltételezhetjük, hogy ez a faj az előbbieknél toleránsabb a légszennyezéssel szemben, illetve városi környezetben bioremediációs jellegű felhasználásra alkalmas.

NÖVÉNYÖKOLÓGIA, SZÜNBOTANIKA

RADÓCZ SZILVIA

Természetvédelmi mérnöki MSc

Debreceni Egyetem

Mezőgazdaság-, Élelmiszertudományi és

Környezetgazdálkodási Kar

*Témavezetők:**Dr. Valkó Orsolya**egyetemi adjunktus, DE TTK**Dr. Deák Balázs**tudományos munkatárs, MTA-DE Biodiverzitás Kutatócsoport**Dr. Gyüre Péter**egyetemi adjunktus, DE MÉK***Telepített gyepek fajgazdagságának növelése kolonizációs ablakok segítségével**

Természetvédelmi célú gyeprekonstrukciós vizsgálataimat a Hortobágyi Nemzeti Parkban végeztem 2013-2015 között. A kutatási területeken, Egyek-Pusztakőcson 2005-ben egykori szántókon végeztek természetvédelmi célú gyeptelepítést szikes- és löszgyepekre jellemző fűfajok magjait tartalmazó magkeverékekkel. A vetett gyepek fajgazdagságának növelése érdekében 2013-ban egy sokfajos magkeveréket vetettünk úgynevezett „kolonizációs ablakokba”. Vizsgálataim során arra kerestem a választ, hogy milyen méretű kolonizációs ablakok a legmegfelelőbbek a célfajok megtelepítéséhez, illetve, hogy a megtelepedés sikerét hogyan befolyásolja a legeltetés, illetve a legelés-kizárás. Nyolc gyepesített területen, területenként 4 darab (1m², 4m² és 16m² legelt és 16m² bekerített) kolonizációs ablakot létesítettünk. Talajmunkákat követően 2013 októberében a kolonizációs ablakokba elvetettük a szikes- és löszgyepi célfajok magjait tartalmazó, 35 fajból álló sokfajos magkeveréket.

A vizsgálat során a vetett fajok mindegyikét sikerült megtalálnunk legalább egy területen. 31 faj már 2014-ben megtelepedett, 7 faj borítása szignifikánsan nőtt 2015-re. Kimutattuk, hogy a célfajok fajszáma és összborítása is a nagyobb méretű ablakokban volt a legnagyobb. A legsikeresebben betelepülő faj a magyar szegfű (*Dianthus pottederae*) volt, amelynek minden ablaktípusban növekedett a borítása. A gyomok borítása 2014-ben 26-31%, 2015-ben 16-23% volt, így intenzív gyomosodás nem veszélyezteteti a gyepesített területeket. Eredményeink alapján a legtöbb célfaj a legelt ablakokhoz kötődött.

Vizsgálatunk alapján a kolonizációs ablakok alkalmasak a gyepesített területek fajgazdagságának növelésére. A talajelőkészítés alkalmas volt a vetett kompetitor fűvek dominanciájának megtörésére, ezáltal csökkentette a mikroélelőhely-limitációt, a diverz magkeverék vetése pedig hatékonyan csökkentette a propagulum-limitációt. Ahhoz, hogy a célfajok a környező területekre is kiterjedjenek, elengedhetetlen a területek hosszú távú megfelelő kezelése.

NÖVÉNYÖKOLÓGIA, SZÜNBOTANIKA

SÜLE GABRIELLA ERZSÉBET

Biológus MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Körmöczi László**egyetemi docens, SZTE TTIK***Cönológiai szerkezet és mikroklíma mintázatok összefüggése erdőssztyepp életközösségekben**

A globális klímaváltozás korunk egyik legjelentősebb problémája. A makroklímának jelentős hatása van a mikroklímára, és a kettőnek együtt fontos szerepe van az élőhelyek és az élővilág kialakításában. Az életközösségek finomszerkezetét a mikroklíma alakítja ki, így több lépésen keresztül, de a globális klímaváltozás befolyásolja az életközösségek szerkezetét, és emiatt van jelentősége a mikroklíma méréseknek. Azért, hogy bebizonyítsam a mikroklíma jelentős hatását, a fülöpházi homokbuckás területén négy szelvényben mikroklíma méréseket végeztem, mely magába foglalja a hőmérséklet, páratartalom és szórt fény adatok rögzítését. A szelvények mentén mikroöcnológiai felvételeket készítettem, valamint rögzítettem a szelvény közvetlen környékének domborzati és egyéb jellemzőit az időjárási tényezők változásával együtt. Az erdőssztyepp élőhely erdőszegélyeiben a mikroklíma általános trendje az, hogy az erdőfoltok belseje, a szegély és a gyepi területek elkülönülnek, mely főleg a hőmérséklet és páratartalom adatokon látszik. A szelvények adatainak külön elemzése után elmondható, hogy az általános trendektől eltérés mutatható ki, ha megváltoznak a körülmények, például eltérő égtáji elhelyezkedés, magas és sűrű állománnyal reprezentált növényfaj jelenléte, fehér nyár gyökérsarjak elszaporodása a gyepes területen, nyíltabb vagy zártabb lombkorona. A vizsgálat másik eredménye, hogy egy facsoport nem mutat teljesen ugyanolyan viselkedést, mint egy erdőfolt, a mikroklíma mérséklő és stabilizáló hatása kevésbé erős. Ezek mellett célja volt még a vizsgálatnak, hogy kimutassa az erdőfolt árnyékolásának szerepét a vegetációhatár kialakulásában, tehát a vizuálisan meghatározott szegély helyzetének különbözőségét a mikroöcnológiai felvételek adataiból megállapítható szegélytől. A mozgó ablakos módszer alapján meghatározott vegetációhatárok pedig eltérést mutattak a vizuális és a mikroklímamérő eszközök által mért adatoktól. Végeredményként elmondható, hogy egy nyílt homokpusztagyepen található fehér nyár erdőfoltok jelentős hatást fejtenek ki a terület mikroklímájára, az erdőbelsőben stabilizálják a mikroklíma paramétereket, a gyepen pedig az árnyékolással eltoltják a vegetációhatárokat a fahatárhoz képest. Ezzel szemben egy néhány fából álló facsoportnak a mikroklíma-módosító hatása gyengébb, ennek az esetben a kitétség hatása érvényesül erőteljesen.

NÖVÉNYÖKOLÓGIA, SZÜNBOTANIKA

VADAS ÁKOS

Biológia BSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Ódor Péter

tudományos főmunkatárs, MTA ŐK ÖBI

Epifiton és epixyl mohafajok túlélésének kísérletes vizsgálata különböző erdészeti kezelések során

A kutatás kísérletesen vizsgálja különböző erdészeti kezelések hatását egy epixyl (korhadéklakó) májmohafaj (*Lophocolea heterophylla*), valamint egy epifiton (kéreglakó) lombosmohafaj (*Hypnum cupressiforme*) gyepeinek túlélésére. Egy 80 éves gyertyánoskocsánytalan tölgyesben az erdészeti beavatkozások (1) egyenletes bontás, (2) lékvágás, (3) mikrotarvágás, (4) hagyásfacsport, és (5) kontroll állomány voltak. Feltételeztük, hogy a kiegyenlített mikroklíma viszonyokra érzékeny epixyl májmoha túlélése korlátozott lesz a jelentős záródáshiányt létrehozó kezelésekben, míg az epifiton mohafaj esetében kisebb mértékű kezeléshatást vártunk. Az epixyl májmoha a kontrollban mérsékelten, a lékben és a bontásban kevésbé mutatott túlélést, a vágásterületen és a hagyásfacsportban viszonylag gyorsan kipusztult. Az epifiton mohafaj csupán a tarvágás esetében szorult vissza, a lékben, a bontásban, és a hagyásfacsportban enyhe növekedést mutatott. Vizsgálataink alapján megállapítható, hogy a gyertyános-tölgyes klímában zárterdei viszonyok mellett is mikroklíma által korlátozott epixyl májmohák igen érzékenyen reagálnak a korona fellazulására, és ezáltal a párás, zárterdei viszonyok megváltozására. Ezzel szemben a párás viszonyokat kevésbé igénylő epifiton mohák jobban tudnak élni, azonban a vágásterületek mikroklímája e fajokat is korlátozza.

NÖVÉNYÖKOLÓGIA, SZÜNBOTANIKA**ZOLTÁN LÁSZLÓ**

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Standovár Tibor**tanszékvezető egyetemi docens, ELTE TTK***2014-es jégtörés okainak és hatásainak elemzése a Börzsöny erdeiben**

Az elmúlt 40-50 év során Európa erdeit egyre nagyobb intenzitású természetes bolygatások érték, sokszor jelentős gazdasági károkat okozva. E bolygatások jellemzői (kiváltó ok, mintázat stb.) regionálisan eltérőek, így időbeli összehasonlító vizsgálatokat célszerű az adott régióban végzett korábbi kutatások eredményeire alapozni.

2014. december első napjaiban az elmúlt 50 év legnagyobb intenzitású és kiterjedésű jégtörése történt a Börzsönyben. Korábbi börzsönyi vizsgálatok tapasztalataira építve BSc szakdolgozatomban a hegység teljes területén vizsgáltam a jégtörés hátterében állható okokat légifotón detektált, saját készítésű bolygatási térkép és erdőrésztlet léptékű háttér adatok (domborzat, erdőállomány) elemzésével.

TDK munkám keretében a távérzékelt adatok terepi validálását, illetve a jelenség finomabb léptékű vizsgálatát lehetővé tevő terepi felméréseket végeztem (egyenként 500 m²-es mintavételi pont).

A vizsgált területek egy részén a jégtörés előtt is történt adatgyűjtés (azonos módszertan alapján, mint amit én használtam), így ezek újra felvételezése lehetővé tette a jégtörés erdőre gyakorolt hatásainak felmérését. A mintegy 700 pont elemzése alapján megállapítható, hogy az első két vegetációperiódusban a jégkár okozta lombkoronavesztés legmarkánsabban a nitrofil lágyszárúak tömeges felszaporodását, illetve az alacsony (< 50 cm) újulat borításának növekedését váltotta ki.

Az erdőgazdálkodásból több évtizede kivont Pogány-Rózsás Erdőrezervátum területén az erdők a gazdaságiakhoz képest valamivel kevésbé károsodtak: mind a dőlés/koronatörés arányban, mind a nitrofil lágyszárúak borításának és az újulat mennyiségének növekedésében.

A háttérben állható okokat feltáró (összehasonlító vizsgálatot kiegészítendő) CART elemzésbe vont potenciális magyarázó változók (kitettség, magasság, meredekség, fafajszám, fafaj elegyarányok stb.) relatív fontossága az új – finomabb léptékű adatokon alapuló – elemzésben eltért a szakdolgozatban megállapítottaktól. Ennek ellenére azt lehet elmondani, amit a korábbi kutatások is sugalltak: összetételben és korban homogén, magas bükk elegyarányú, gazdasági művelés alatt álló területek a legérzékenyebbek a jégtörésekre.

A dolgozat eredményei egy, a természeteshez közelebbi gazdálkodási módszer kialakításának szükségességét támasztják alá.

TERMÉSZETVÉDELMI BIOLÓGIA**BOZÓKI BALÁZS**

Biológia BSc

Eszterházy Károly Egyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Varga János**főiskolai docens, EKE TTK**Németh András**őrkerület-vezető, DINPI***Kétéltű faunisztikai és vonulás kutatási vizsgálatok a Tápió-Hajta vidéke Tájvédelmi Körzetben**

A kutatás célja a Tápió-vidéken élő kétéltű populációk vonulási szokásainak és élőhely használatának alapos feltérképezése, valamint a kutatás fontos részét képezi a kétéltű állományok évenkénti változásának hátterében álló tényezők feltárása, az állományokra potenciálisan veszélyt jelentő tényezők megismerés és ezen eredmények felhasználása a gyakorlati természetvédelemben a célcsoport fajainak hosszú távú megőrzése érdekében.

Farmos határban 2004 óta zajlik a kétéltűmentési akció, a közúti gázolások csökkentése érdekében. A kétéltűek élőhelyét a 311-es műút szeli ketté, ezzel óriási veszélynek vannak kitéve mikor a telelőhelyeikről vonulnak a szaporodó helyek felé. A nemzeti park munkatársai és önkéntesek terelő kerítéseket építettek ki újrashasznosított anyagból a műút azon szakaszán, ahol a kétéltűek átkelnek.

A békamentés kiemelten fontos természetvédelmi akció a terület biodiverzitásának és ökológiai egyensúlyának megőrzése szempontjából. A békamentés keretében zajlik a Tápió-Hajta Vidéke Tájvédelmi Körzetben élő kétéltű populációk monitorozása. A 2007-es szezontól kezdve a mentésről napi szinten vödrönként és fajonként kerültek feljegyzésre az előforduló kétéltűek egyedszámadatai, 8 faj és egy fajkomplex jelenlétét észleltük. Az egy évtizede tartó adat felvételezés során, 2007-2016 között 348491 kétéltű egyedet mentettünk meg és rögzítettünk adatként. A három legnagyobb egyedszámban előforduló fajok a barna ásóbéka, a vöröshasú unka és a dunai tarajosgöte volt, melyek közül az utóbbi kettő európai közösségértékű Natura 2000-es jelölőfaj. A 10 év alatt megmentett kétéltűek 97,47%-a barna ásóbéka. A mintavételezési sáv mentén négy élőhely típus található. A barna ásóbéka állomány évenkénti egyedszáma nagy fluktuációt mutat és az adott élőhelyek preferáltsága sem aránytartó a különböző években. A békák vonulását több tényező is befolyásolja és ezek a tényezők állnak az évenkénti állományingadozás és az élőhelyek közötti átrendeződés hátterében. A legfontosabb tényezők az időjárás elemei. Szerte a világon megfigyelhető jelenség a kétéltű állományok rohamos csökkenése. Ez a drasztikus tendencia összefüggésben áll, a környezetszennyezés következtében kialakuló éghajlat és klímaváltozással. A kétéltűek élettere folyamatosan beszűkülnek, a szaporodásukhoz optimális feltételek megszűnnek. A kétéltűfajok megőrzéséhez elengedhetetlen az élőhelyek és szaporodóhelyek együttes védelme.

TERMÉSZETVÉDELMI BIOLÓGIA

ERŐS RÉKA

Biológia BSc

Babeş-Bolyai Tudományegyetem

Témavezetők:

*Dr. Pap Péter László
egyetemi docens, RO BBTE
Benkő Zoltán*

biológus, Román Madártani Egyesület / BirdLife Romania

A sárgahasú unka (*Bombina variegata*) elterjedését befolyásoló tényezők a kolozsvári Bükk-Malomvölgy Natura 2000-es területen

A sárgahasú unka (*Bombina variegata*) szaporodása időszakos tócsákhoz kötött, így jelenlétének kedvez a mérsékelt emberi zavarás. A hazánkban gyakori kétéltű faj populációinak csökkenését Nyugat-Európában már több helyről is jelezték. A Bükk-Malomvölgy Natura 2000-es terület 2014-ben végzett előzetes felmérése során egy jelentős sárgahasú unkapopulációt azonosítottunk. Fajvédelmi szempontból meghatározóak az elterjedést befolyásoló tényezők, ezért 2015-ben két mintavételi területen 8 élőhelyi paraméter mentén igyekeztünk jellemezni a faj élőhely választási potenciálját. A 114 tócsáról gyűjtött adatot általános lineáris modellek segítségével elemeztük. Eredményeink alapján a faj előnyben részesíti az út mentén kialakult, közepesen zavart, zárt, nagy felületű tócsákat, és elkerüli az árnyékolt, mély és források által táplált élőhelyeket. Vizsgálatunk által sikerült jobb rálátást nyerni a faj lokális elterjedését befolyásoló tényezőkre, ami hozzájárulhat a faj védelméhez.

TERMÉSZETVÉDELMI BIOLÓGIA**HORVÁTH IDA**

Természetvédelmi mérnök BSc

Kaposvári Egyetem

Agrár- és Környezettudományi Kar

*Témavezetők:**Csuvár Adrienn**PhD-hallgató, KE AKK**Dr. Molnár Tamás**egyetemi docens, KE AKK***Mocsári teknős fészkek predációjának vizsgálata a Nagybereki Fehérvíz TT-n**

A Fehér-vízi láp a legértékesebb területe a Nagybereknek. Korábbi vizsgálatainknak köszönhetően tudjuk, hogy a területen csak az adult mocsári teknős példányok jellemzőek, a megfogott egyedek alapján a legfiatalabb egyed kb. 6 év körüli, döntő többségük azonban már 10 év fölé tehető. Feltételezhető tehát, hogy az elmúlt 10 évben a szaporulat a területen jelentősen sérült. Mivel a területen található kifejlett teknősök ivararánya és állapota nem indokolta a szaporulat elmaradását, feltételeztük, hogy a lerakott fészkek sérülnek valamilyen módon. A 2014-2016-közti végzett felmérésünknek célja a fészkelőhelyek felderítése, a fészkealj predáltságának méretének meghatározása és kamera csapdás módszerrel a predátorok beazonosítása volt.

Összességében elmondható, hogy a tapasztalatok alapján a berek vízzel borított része kevésbé alkalmas tojásrakásra az alacsony térszín miatt, a fészkekrakó helyek a töltések oldalában az úton, a főnyenyen, a homokdombok tetején voltak megtalálhatóak. A rendelkezésre álló fészkelőhelyek limitáltságát mutatja az is, hogy 2015-ben és 2016-ban is a csatorna fölött átívelő betonhíd közepén felhalmozódott talajban is találtunk ugyan azon a helyen kifosztott teknősfészket.

A fészkepredáció mértéke a területen gyakorlatilag 100%-os volt. A három év alatt nem találtunk sem érintetlen fészket sem teknős fiókat. Erősen korlátozott az élőhelyen a fészkekrakásra alkalmas mikroélőhelyek mennyisége. Ezek elhelyezkedése ráadásul a víztest melletti töltéseken néhány méteres (<50m) távolságon belül van, ami lehetővé teszi a teknős számára a minimális predációs kockázat vállalását. A limitált fészkelőhely terület tehát veszélyt jelent hiszen lehetőséget biztosít a predátorok számára megtanulni azok helyzetét.

A fészkek száma 37, 38 és 86 volt 2014, 2015 és 2016-ban. A fészkealj méretek láthatóan évente változóak, a 2014-ben 7-8 db-ot tartalmazó, 2015-ben a 4-5 db-ot tartalmazó fészkek domináltak, míg 2016-ban a magasabb fészkealj számok is (10) jelentős mértékben megtalálhatóak voltak.

Kameracsapdával a predátorok közül teljes bizonyosságot egyedül a vörös róka esetén nyertünk. Emellett sikerült kimutatni a borz és a nyuszt jelenlétét, ezek predációját azonban nem tudtuk igazolni. A területen a fényképek elemzése alapján a róka, illetve a borz napi rendszerességgel vizsgálta az esetleges fészkek jelenlétét, aktivitási idejük azonban a területen eltért: a róka 19.10 és 21.16 közt, míg a borz 20.40 és 02.15 közt volt megfigyelhető.

TERMÉSZETVÉDELMI BIOLÓGIA

JÁNOSA GERGELY

Biológus MSc

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Horváth Győző**egyetemi adjunktus, PTE TTK***Lékes felújító vágás kisémlős közösségekre gyakorolt hatása erdőrezervátumi pufferterületen**

A Bükkhát Erdőrezervátum területén végzett monitoring alapján a lékes felújító vágás során kialakuló mesterséges lécek kisémlős együtteseinek fajkészletét és diverzitását elemeztük, valamint vizsgáltuk a fajok együttes előfordulási és a kisémlős közösségek egymásba ágyazottsági mintázatát.

A kisémlős felméréshez a vizsgálati területen 5 fiatalkorú (1-2 év) és kisméretű (0,1 - 0,3 ha) mesterséges lék, valamint 4 zárt erdőtagban helyeztünk ki mintavételi kvadrátot. A lécekben és az erdőfoltokban egyenként 7×7-es csapdahálót alkalmaztunk, ahol a csapdák közötti távolság 12 m volt.

Hipotézisünk szerint a mesterséges lécekben megjelenő nyílt területekre jellemző fajok növelik a rendezetlenséget, így a lécek és a zárt erdők egymásba ágyazottsági mintázata eltér. Feltételeztük, hogy a lécek területére kolonizálódó nyílt területek fajai lesznek azok az idioszinkratikus fajok, amelyek megjelenésükkel rendezetlenséget okoznak.

A közösségi paraméterek értékeit tekintve, mind a fajgazdagság, mind a diverzitás indexek értéke a lécek területén volt szignifikánsan magasabb, mint a zárt erdőfoltokban. Az egymásba ágyazottsági mintázatot eltérő időszakokban teszteltük, külön a lécekre és az erdőfoltokra. Az elemzéshez használt két időszakot a mezei pocok (*Microtus arvalis*) gradációs időszakban a lécekben megjelenő jelentős kolonizációja alapján különítettük el. Az első időszak (2013-2014) a mezei pocok növekvő fázisú demográfiai változását és gradációs csúcsát különítette el, míg a második időszak (2015-2016) a mezei pocok összeomlását és a következő demográfiai periódus kezdeti növekvő fázisát jelentette. A két időszak elkülönítésével az egymásba ágyazottsági mintázat 2013-2014-ben az erdőkben szignifikánsan eltért a random mintázattól, tehát a zárt erdőfoltok kisémlős együtteseinél egymásba ágyazottsági mintázatot kaptunk eredményül, viszont a második időszakban ezzel ellentétes értékeket mutattunk ki.

TERMÉSZETVÉDELMI BIOLÓGIA

JÓZSEF JÚLIA

Biológus MSc

Állatorvostudományi Egyetem

*Témavezetők:**Dr. Aszalós Réka**tudományos munkatárs, MTA ÖK**Dr. Szabó Péter**intézetvezető egyetemi docens, ATE***Természetvédelmi erdőkezelés hatásai hazai lombhullató élőhelyeken**

Magyarországon jelenleg is széles körben alkalmazott az úgynevezett vágásos üzemmód, mely jelentősen módosítja az erdők természetes összetételét és szerkezetét. Egykorú, szerkezetében homogén faállományt hoz létre, illetve csökkenti az elegyfajok arányát. Ezekben az erdőkben a természeteshez képest sokkal kevesebb holtfát találunk. A természetes erdőszerkezeti elemek és az elegyfajok jelenléte a legtöbb erdei élőlénycsoport számára nélkülözhetetlen életfeltételt jelentenek, ezért egyre nagyobb szükség van a természetes erdők összetételét és szerkezetét kialakító természetvédelmi tevékenységekre.

2014-ben az MTA ÖK Ökológiai és Botanikai Intézete egy monitoring vizsgálatot kezdett el a Bükk Nemzeti Park Igazgatóságának által végzett természetvédelmi erdőkezelés hatásait illetően. A több szempontú természetvédelmi kezelésre a Cserhátban, Garáb község mellett került sor egy tölgyerdőben. Ennek során az állomány megbontásra került egy-egy fa, kisebb facsoport kivágásával, így elindulhat a heterogénebb faállomány-szerkezet, az elegyfajokat és holtfát nagyobb arányban tartalmazó állomány kialakulása. A beavatkozás hatására létrejövő változások vizsgálata során a faállomány szerkezeti és összetételbeli változókat és a holtfa mennyiségi viszonyait érintő módosulásokra koncentráltunk.

A kezelés hatására a területen uralkodó kocsánytalan tölgyek (*Q. petraea*) tőszáma és körlepősszege mérsékelten csökkent ($p = 0.03$, illetve $p = 0.06$; Student-féle t-próba). Így az arányok kis mértékben eltolódtak az elegyfajok javára. Ez a változás még rendkívül kis mértékű, melynek valószínűsíthető oka, hogy a területen csak nagyon kis számban fordulnak elő ezek a fafajok. Ezzel ellentétben mind az álló, mind a fekvő holtfa mennyisége nagymértékben nőtt, összességében a teljes holtfa mennyisége a háromszorosára növekedett ($11.7 \text{ m}^3/\text{ha}$ -ról $34 \text{ m}^3/\text{ha}$ -ra; p -érték < 0.0001 ; Student-féle t-próba).

Az eredmények fényében elmondható, hogy a természetvédelmi kezeléssel sikerült növelni az elegyfajok arányát. Bár ez az eltérés egyelőre kismértékű, a természetes regenerációs folyamatok beindulásával és az elegyfajok megsegítését célzó esetleges további beavatkozásokkal nagyobb eltérések detektálása várható. A kezelés hozzájárult a területen levő holtfa mennyiségének jelentős növeléséhez. A jövőben tervezzük a terület faállományának további monitorozását, illetve a fényviszonyok, a cserje- és a gyepszint beavatkozás utáni felvételét.

TERMÉSZETVÉDELMI BIOLÓGIA

KÁSLER ANDREA

Biológia BSc

Állatorvostudományi Egyetem

*Témavezetők:**Tóth Zsolt**PhD-hallgató, ATE**Prof. Dr. Hornung Erzsébet**egyetemi tanár, ATE***Városi erdőfoltok biodiverzitás-megtartó szerepe**

Napjainkban időszerű téma a talaj élővilága ökoszisztéma-szolgáltatásokban betöltött szerepének vizsgálata. Ez különösen fontos a fokozódó urbanizáció veszélyeztette élőhelyeken, ahol a természetes életközösségek fennmaradása, és így az ökoszisztémák egyensúlyi működése a tét. A globális léptékű urbanizációs folyamatok, a városok szerkezetének hasonló alakulása, a tájidegen fajok megtelepedése a városi talajok faunájának homogenizálódásához vezet. Budapest metropoliszként ideális helyszín a folyamat tanulmányozására.

Kutatásunk célja volt a talajélőlények makrolebontó izeltlábúinak, a szárazföldi ászkarákok (Isopoda: Oniscidea) és ikerszelvényesek (Diplopoda) közösségeinek felmérése városi erdőfoltok fajgazdagsága és fajösszetétele alapján. Feltételeztük, hogy a természetközeli, vagy kevésbé beépített, kertvárosi élőhelyeken főleg a specialistább natív, míg az erősen urbanizáltakon inkább a kozmopolita, szinantróp és generalista fajok dominálnak.

Mintavételi helyeinket Budapest budai oldalának 23 különböző zavartságú erdőfoltjai jelentették. A mintavétel 2016 májusában és októberében, egyeléses időgyűjtéssel történt. A helyszíneken növényzeti felmérést végeztünk, és talajmintát gyűjtöttünk. Műholdképek felhasználásával, a mintavételi helyek 1 km²-es körzetének beépítettsége és növényboritottsága alapján urbanizációs indexeket számoltunk. A gyűjtött egyedeket faji szinten meghatároztuk, azokat jellemző élőhely típusaik alapján csoportosítottuk. Az ászkarákokat természetességi index (TINI) alapján is minősítettük.

A gyűjtések 13 Oniscidea és 14 Diplopoda fajt eredményeztek. A növényzeti jellemzők közül a holt fa mennyisége befolyásolta az Diplopoda fajsámot ($p = 0.0008$) és az Oniscidea fajösszetételt ($p = 0.022$), avarboritottság pedig a Diplopoda fajösszetételt ($p = 0.005$). Az ászkarákok esetén a területek faj együtteseire jellemző természetességi index (ARI) és az urbanizációs index között negatív összefüggést találtunk ($p = 0.0007$).

Megállapítottuk, hogy a lebontó izeltlábú fauna felmérése – ismerve és figyelembe véve a fajok zavarás tűrését, ökológiai igényeit – jó eszköz lehet az élőhelyek természetességi minősítésére, és segítséget nyújthat a védendő területek monitorozásában. Vizsgálatunk bizonyította, hogy az urbanizáltabb élőhelyeken nagyobb volt az idegenhonos/generalista fajok aránya, ami a biodiverzitás minőségi változása, természetes életközösségek eltűnése mellett következménnyel lehet az ökoszisztémák működésére is.

TERMÉSZETVÉDELMI BIOLÓGIA**SÓLYOM NORBERT**

Biológia BSc

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezető:**Dr. Antal László**egyetemi adjunktus, DE TTK***Antropogén beavatkozások hatása az Öreg-Túr halfaunájára**

A Túr a Tisza bal oldali mellékfolyója, melynek a 20. század első felében zajló folyószabályozások során lecsatolt alsó szakaszát nevezik ma Öreg-Túrnak. Az elmúlt évtizedekben számos mederrendezési és folyószabályozási tevékenységet végeztek az Öreg-Túron. A munkálatok célja a folyó vízviszonyainak és vízvisszatartásának javítása volt, de nagymértékben megváltoztak a folyó áramlási viszonyai is, amely befolyásolta az ott élő élőlényközösség, így a halfauna összetételét is.

Munkánk során a következő kérdésekre kerestünk válaszokat: 1.) Milyen az Öreg-Túr egyes szakaszainak, illetve a fő mellékvízfolyásainak ökológiai állapota a halközösség alapján; 2.) Milyen hatást gyakorolhatnak az antropogén beavatkozások a vízfolyás egyes szakaszainak halállományára; 3.) Alkalmasak-e az EU VKI által előírt szisztematikus felmérésekhez használatos hazai fejlesztésű, halközösség alapú minősítési rendszerek az Öreg-Túr antropogén hatásainak kimutatására és értékelésére.

Vizsgálatainkat 2015 őszén és 2016 tavaszán a Nemzeti Biodiverzitás-monitorozó Rendszer alapján végeztük, mely során az Öreg-Túr teljes szakaszának (Sonkádtól az olcsvaapáti Tisza torkolatig) és három fő mellékvízfolyásának halfaunáját is felmértük. Megállapítottuk az egyes szakaszok és mellékvízfolyások halfaunájának abszolút és relatív természetvédelmi értékét, elvégeztük azok halközösség alapú ökológiai minősítését, továbbá a leggyakoribb indexek segítségével értékeltük azok diverzitását.

Eredményeink alapján elmondható, hogy a sonkádi zsiliptól a Tisza torkolat irányába a halfauna értéke és minősége egyre romlott, melynek hátterében a halak számára a hosszirányú átjárhatóságot nem biztosító műtárgyak és azok visszaduzzasztó hatása állhat. Ellenben a kotort szakaszok jobb halfaunával rendelkeznek, érzékelhető azok pozitív hatása. A fő mellékvízfolyások gyenge vagy rossz állapotúak, így azok csekély mértékben befolyásolják az Öreg-Túr halfaunáját. Elmondható, hogy az általunk használt halközösség alapú minősítési rendszerek kiválóan alkalmasak az antropogén hatások kimutatására és értékelésére.

TERMÉSZETVÉDELMI BIOLÓGIA

SÜTŐ DÁVID

Biológus Msc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Katona Krisztián
egyetemi docens, SZIE MKK***Szelektív vadrágás szerepe erdei lékek fásszárú fajszerkezetének kialakulásában**

A patás vadfajok szelektív táplálkozásukkal módosítják az erdei vegetáció mintázatát. Munkámban azt vizsgáltam, hogy ezek a hatások segíthetik-e egy homogén vágásos erdő változatosabb fajösszetételűvé alakítását. Feltételezéseim szerint a talajtól felfelé haladva az egyes fásszárú fajok jelenlétét a rájuk eső vadrágás befolyásolja. Az elemzéseimhez Királyréten, egy átalakító üzemmódú cseres-tölgyes erdőben 2007 és 2011 között 10 lékben szezonálisan végzett felmérések biztosították az adatokat. A mérések a vadfajaink számára elérhető magasságokban zajlottak (0-50; 50-100; 100-150; 150-200 cm). A mintapontokon fajonként az összes elérhető és rágott hajtások száma került meghatározásra. Eredményeim szerint az átlagos fajszám a talajtól felfelé folyamatosan csökkent. A főfafajok, a tölgyek (*Quercus cerris* és *Q. petraea*), kevésbé voltak rágottak, arányuk felfelé kis mértékben nőtt. A nagyobb mértékben fogyasztott szeder (*Rubus* sp.) virágos kőris (*Fraxinus ornus*), gyertyán (*Carpinus betulus*) és fagyal (*Ligustrum vulgare*) kínálati aránya a magassági kategóriák növekedésével csökkent. A vizsgálatokból megállapíthatjuk, hogy a patás vadfajaink diverz cserjeszint mellett segíthetik a főfafajt azáltal, hogy az elegyfajokat és a cserjéket fogyasztják körülöttük. A változatos újulat biztosítása és a mérsékelt szelektív vadrágás kedvező hatásainak érvényre jutása összehangolt erdő- és vadgazdálkodást igényel, ami végül természetvédelmi szempontból is kedvező erdőállapothoz vezethet.

TERMÉSZETVÉDELMI BIOLÓGIA

SZABÓ CSILLA

Ökológia és természetvédelem MSc

Babeş-Bolyai Tudományegyetem

Témavezető:

*Dr. Ruprecht Eszter
egyetemi docens, RO BBTE*

Herbivória versus égetés hatása gyepekben élő évelő lágyszárú növények éves növekedésére és virágzására

Hagyományosan, a kaszálásra és a legeltetésre korlátozódott a gyepek cserjésedésének és alom-felhalmozódásnak megfékezése Erdély gyepein. Az utóbbi években azonban elterjedt az égetés, mint olcsó „gyepkarbantartási” lehetőség. Kutatásunkban arra kerestük a választ, hogy milyen módon reagálnak lágyszárú növényfajaink a régi és az új típusú zavarásra. 11 őshonos, lágyszárú növényfajjal dolgoztunk, melyeknek eltávolítottuk a biomaszójukat (1) vágással, (2) gyenge vagy (3) erős intenzitású tűzzel. A kontroll cserepekben a növények biomaszája érintetlen maradt. A vágás jelentős mértékben lecsökkentette a tölevélrózsás kétszikűek és pázsitfűvek teljes biomaszáját a kontroll csoporthoz képest. A hajtás/gyökér arányt tekintve a vágott tölevélrózsások értékei nagyobbak voltak mind a gyenge, mind az erős tűzzel kezelt egyedekénél. A vágott pázsitfűvek virágzati tömege nagyobb volt, mint az erős tűzzel kezelt egyedek értékei.

TERMÉSZETVÉDELMI BIOLÓGIA

SZÚCS BOLDIZSÁR

Biológia BSc

Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar*Témavezetők:**Dr. Horváth Győző**egyetemi adjunktus, PTE TTK**Somogyi Balázs**PhD-hallgató, PTE TTK***Zöldfolyosók szerepe a kisméltősök abundancia viszonyainak megoszlásában agrárterületen**

Az agrárterületek növekedése és a mezőgazdaság intenzitása jelentősen csökkentik a környezet diverzitását. Ezzel szemben a művelt területek szegélyein meghagyott sövényeknek, erdősávoknak jelentős kompenzációs szerepe van. Mivel a kisméltősök megfelelő modellállatok az emberi tájhasználat és a mezőgazdasági aktivitás élőhelyekre gyakorolt hatásainak vizsgálatára, ezen indikátor csoport populációs és közösségi szintű monitorozása alkalmas arra, hogy értékeljük a különböző földhasználat eredményeként kialakuló populációs és közösségi szintű mintázatok változását.

Vizsgálatunkat a Bóly Zrt. tulajdonában álló lucerna táblákon, és a táblák közötti sövényekben végeztük, melyek az intenzív mezőgazdasági mátrixban ökológiai folyosóként funkcionálnak. Az elemzéshez 2 lucerna parcellába kihelyezett 11×11-es csapdahálók (1 ha), illetve ezeket szegélyező sövényekben kihelyezett 26 csapdát tartalmazó, egyenként 200 m hosszú transztek (3-3) 2016-os fogás adatait használtuk fel. Négy alkalommal (április, július, augusztus, szeptember), öt éjszakai periódusokban fogás-jelölés-visszafogás módszerrel végeztük a mintavételt.

Elsődleges célunk az volt, hogy a lucerna parcellákhoz viszonyítva a környező sövényekben vizsgáljuk a kisméltősök minőségi és mennyiségi eloszlását, továbbá a sövények, mint ökológiai folyosók paraméterei (szélesség + 7 vegetációstruktúrát leíró változó) alapján vizsgáljuk a folyosóstruktúra és a kisméltősök mennyisége közötti összefüggéseket. Ehhez 50 m-es szakaszokat jellemeztünk a mért strukturális változókkal.

A lucerna parcellákban 6, a szegélyekben 9 fajt regisztráltunk. A két terület egység sövényeinek kisméltős összetétele és a jellemző közösségi struktúra eltért. A B4A parcella menti sövényeknél a pirók erdeiegér volt az eudomináns faj. Ezzel szemben a kisebb B07-es táblát szegélyező sövényekben a sárganyakú erdeiegér volt az eudomináns faj, azonban a pirók és a közönséges erdeiegér is nagyobb gyakorisággal fordult elő. A kisebb méretű parcellánál a szegélyek és a lucerna tábla diverzitási viszonyai között nem volt szignifikáns különbség, míg a nagy parcellánál a lucerna ültetvényen kimutatott kisméltős együttes szignifikánsan diverzebb volt. A kisméltősök mennyiségi megoszlása és a sövények strukturális változói közötti regresszió-analízis eredményeiből látszik, hogy a pirók erdeiegér a cserje dominálta szakaszokat preferálta, a sárganyakú erdeiegérral nem kaptunk szignifikáns eredményt, a keleti cickány számára pedig kedvezett a magas gyeborítás.

FÜGGELÉK



B owl, a konferencia kabalafigurája
(készítette: Tóth Mária)

STATISZTIKÁK

Nevezett dolgozatok tagozatonkénti bontásban

Állatélettan	9	Genetika II.	12
Állatökológia, Szünzoológia I.	9	Hidrobiológia	9
Állatökológia, Szünzoológia II.	8	Immunológia	7
Bioinformatika, Biofizika	8	Mikrobiológia	11
Biokémia	11	Molekuláris biológia I.	12
Biotechnológia	13	Molekuláris biológia II.	12
Etológia, Viselkedésökológia I.	10	Neurobiológia	12
Etológia, Viselkedésökológia II.	9	Neurofiziológia	11
Faunisztika, Taxonómia, Populációbiológia	11	Növényélettan	9
Florisztika, Cönológia	6	Növényökológia, Szünbotanika	9
Genetika I.	12	Természetvédelmi biológia	10

Nevezett dolgozatok intézményi/kari bontásban

intézmény-kar	dolgozat	%
ATE	23	10,5
BME-TTK	1	0,5
BME-VBK	4	1,8
DE-MÉK	1	0,5
DE-TTK	26	11,8
EKE-TTK	3	1,4
ELTE-TTK	59	26,8
ETDK-RHK	9	4,1
FTDK	1	0,5
KE-AKK	4	1,8
NYE	3	1,4
NYME-EMK	2	0,9
NYME-TTK	2	0,9
PE-MK	3	1,4
PPKE-ITK	6	2,7
PTE-TTK	21	9,5
SZIE-ÉTK	2	0,9
SZIE-KERTK	1	0,5
SZIE-MKK	2	0,9
SZTE-TTIK	47	21,4
összesen	220	100

NÉVMUTATÓ

A konferencián résztvevő előadók és társszerzők

A

Abonyi Tamás, 117
 Almási Éva Teréz, 146
 Apjok Gábor, 147
 Aradi Petra, 167

B

Bakonyi Réka, 85
 Baksa Viktória, 40
 Balassa György, 232
 Bali Daniella, 58
 Bali Krisztina, 197
 Balogh Rebeka, 128
 Bánó Bálint, 118
 Barátki Balázs, 168
 Bárdos Boróka, 119
 Barna Lilla, 41
 Becsky Dániel, 74
 Benedek Emőke, 88
 Benkő Erzsébet, 42
 Benkő Péter, 134, 198
 Bense Viktória, 174
 Berta Péter, 120
 Bíró Brigitta, 179
 Bíró János Barnabás, 148
 Blanár Eszter, 66
 Bódi Veronika, 221
 Bodnár Veronika, 149
 Bognár Zsófia, 98
 Borus Fanni, 175
 Bozóki Balázs, 250
 Bozóki Tamás, 158
 Börzsei Denise, 43
 Bósz Emília, 209
 Bukor Boglárka, 49
 Bús Bálint, 222

Cs

Csaplár Marianna, 75
 Csapó Hedvig, 212
 Csatári Marianna, 169
 Csibra Barbara, 108
 Csizmár Aliz, 241
 Csomor Gábor, 233

Csonka Gábor, 67

D

Dankó Titanilla, 76, 185
 Deme Judit, 129
 Demkó András Ferenc, 50
 Derbák Dávid, 121
 Dimák Balázs, 223
 Dobrocsi Patrik András, 159
 Drexler Tamás, 59
 Dudás Bálint, 68
 Dukay Brigitta Dóra, 186

E

Enyedi Nóra Tünde, 176
 Erdős Balázs, 86
 Erős Réka, 251

F

Faragó Anikó, 199
 Farkas Zsuzsanna, 234
 Fehér Virág Piroska, 44
 Fejes Balázs, 87
 Fekete Réka, 130
 Ficze Hargita, 77
 Fikó Dezső-Róbert, 88
 Finszter Cintia Klaudia, 210
 Földi Csenge Anna, 122
 Frank Rita, 224
 Freytag Csongor, 238

G

Gabelics Tamás Péter, 177
 Glavinics Judit, 211
 Gór ádám Kristóf, 109
 Gróf Ilona, 187
 Gul Lejla, 69

Gy

Gyarmathy Gergő, 193
 Győrössy Dorottya, 60
 Győrössy Krisztina, 99

H

Hafenscher Viktória Priscilla, 242
Hajdú Fanni, 78
Halász Henriett, 188
Hanyicska Martin, 178
Harmat Máté, 51
Herman Petra, 160
Hideg Orsolya, 212
Hódi Barbara, 89
Holinka Botond, 235
Hollósi Anna, 189
Horányi Nóra, 45
Horváth Ida, 252
Horváth Krisztina, 46

I

Ignác Attila, 225
Imre Alexandra, 179
Iski Gergely, 200

J

Jáger Olivér, 150
Jakab Melinda, 243
Jakab Szilvia, 123
Jákim Judit, 90
Jánosa Gergely, 253
Jezsó Bálint, 213
József Júlia, 254
Juhász Erika Mária, 52
Juhász Orsolya, 110

K

Kagan Ferenc, 201
Kalács Krisztina Ildikó, 47
Kapitány Szilvia, 124
Kásler Andrea, 255
Kaszás Noémi, 100
Kelemen Krisztina, 53
Keresztes Kriszta Kincső, 111
Király Kitty, 214
Királyhidi Panna, 170
Kiss Alexandra, 40
Klein Kristóf, 226
Kocsy Klaudia, 135
Kolberg Flóra, 236
Koleszár Gergő, 161
Konrád Krisztina Dóra, 61
Korsós Marietta Margaréta, 190

Kovács Andor, 131
Kovács Antonietta, 171
Kovács Enikő, 101
Kovács Kármén, 215
Kovács Kristóf György, 172
Kovács Noémi, 91
Kovács Tamás, 136
Kovács Zoltán, 202
Körmendi Kitti, 162
Kővári Petra, 48
Král Adrienn, 112
Kusz Petra, 56

L

Lakatos Zsolt, 137
Lanszki Zsófia, 54, 62
Lehoczki fAnni, 102
Lénárt Kinga, 79
Lenkei Rita, 103
Lőrincz Dávid Lajos, 216
Lukács Katalin, 244

M

Magonyi Nóra Mária, 125
Májjer Tímea, 227
Márkus Rita, 151
Marosi Endre, 228
Márton Zsuzsanna, 180
Mátyási Barbara, 191
Megyes Melinda, 181
Mészáros Ádám, 63
Mezei Zoltán, 203
Miczi Márió, 204
Miklovics Nikolett, 80, 92
Miski Marcell, 70
Miskolczi Christina, 217
Mizsei Edvárd, 64
Molnár Vanda Éva, 245

N

Nagy Alexandra, 93
Nagy Brigitta, 192
Nagy Dóra, 237
Nagy Lili Veronika, 229
Nagy Roland, 230
Nagyfenyvesi Zoltán, 65
Németh Csilla, 193
Németh Margit, 218

Németh Zoltán Bálint, 81
Nové Márta, 182

O

Olajos Judit, 82

P

Pap Ádám, 83
Papp Alexandra, 173
Papp Eszter, 152
Papp Georgina, 238

R

Rácz Arnold, 239
Radócz Szilvia, 246
Radványi Ádám, 71
Rákossy Izabella, 163
Reicher Vivien, 104
Rigó Attila, 131
Rigó Réka, 194
Rokonál Patrik, 195

S

Sándor Diána, 164
Sándor Gyöngyvér Orsolya, 138
Sárkány Péter, 205
Schneider Zoltán, 55
Sebestyén Flóra Zsuzsa, 113
Sólyom Norbert, 256
Sutus Enikő, 139
Süle Gabriella Erzsébet, 247
Sütő Dávid, 257

Sz

Szabados Tamara, 153
Szabó Csilla, 258
Szabó Gyula, 114
Szabó Márton Richárd, 72
Szabó Viktória, 140
Szalenko-Tökés Ágnes, 74
Szamosi Regina, 90
Szanyi Kálmán, 126
Szapu Julianna Szulamit, 105
Szarka-Kovács Alexandra Brigitta, 141
Szeifert Bea, 154
Szekér Patrik, 94

Szente László, 219
Szentirmai Veronika, 84
Szikora Péter András, 206
Szili Petra Éva, 155
Szinyákovics Janka, 142
Szőke Előd, 132
Szűcs Boldizsár, 259
Szűcs Diána, 196
Szünstein Máté, 56

T

Tagscherer Kinga, 143
Taisz István, 156
Takács Kinga, 207
Tamás Márta, 165
Tamás Melitta, 115
Tar Ágnes Mária, 240
Tátrai Kitti, 127
Téglás Gyöngyvér, 95
Thieme Nóra, 106
Tóth Anna, 133
Tóth Katinka, 107
Tóth Krisztina, 220
Török Dóra, 96
Török Henrietta Kinga, 57

V

Vadas Ákos, 248
Varga Árpád, 208
Varga Júlia, 157
Varga Julia Kornélia, 73
Vásárhelyi Zsófia, 144
Vaskuti Éva, 116
Veress Alexandra, 183
Vicei Tibor Tamás, 161
Vigh Judit Piroska, 231
Vincze Katalin, 145
Volford Bettina, 184

W

Washington Nelson Logrono Vintimilla,
97

Z

Zavanyi Györgyi, 166
Zoltán László, 249

A konferencián bemutatott dolgozatok témavezetői**A**

Acsády László, 209
 Aliczki Manó, 219
 Altbäcker Vilmos, 119
 Anda Dóra, 176
 Andics Attila, 100
 Antal László, 117, 159, 256
 Aszalós Réka, 254
 Atlasz Tamás, 48

B

Bajtay Zsuzsa, 170
 Bali Zsolt Kristóf, 229
 Balog Erika, 68
 Baranyai Edina, 160
 Barkó Szilvia, 205
 Barna János, 148
 Barth Albert Miklós, 226
 Benedek Ildikó, 118
 Benkő Zoltán, 251
 Bereczki Zsolt, 214
 Berta Csaba, 165
 Bodai László, 199
 Bodzsár Éva, 44
 Bognár Anna, 218
 Boldogkői Zsolt, 153
 Borics Attila, 72, 77
 Borsodi Andrea, 181
 Braun Mihály, 166
 Broly Gábor, 132

C

Cech Gábor, 164
 Czégény Gyula, 239
 Czeplédi Levente, 152

Cs

Csabai Zsolt, 153
 Cseh Sándor, 96
 Csernetics Árpád, 150
 Csiky János, 129
 Csonka Diána, 46, 121, 210, 216

Csörgő Bálint, 147

Csuvár Adrienn, 252

D

Darula Zsuzsanna, 83
 Deák Balázs, 246
 Deli Mária, 41, 45, 187
 Dénes Viktória, 212, 215
 Dobolyi Árpád, 210

E

Egediné Fehér Enikő, 197
 Egyed Balázs, 127, 154
 Emri Zsuzsanna, 222
 Enyedi Ágnes, 189
 Estók Péter, 60

F

Faragó Tamás, 102
 Farkas Edit, 128
 Farkas János, 125
 Farkas Sándor, 57
 Fazekas Dávid, 69
 Felföldi Tamás, 88, 180
 Fodor Ferenc, 234, 236
 Fodorpataki László, 235
 Földvári Gábor, 177

G

Gábor Anna, 100
 Gácsi Márta, 104, 108
 Galgóczi László, 77
 Gallé Ágnes Anna, 207
 Gálné Miklós Ida, 149
 Garamszegi László Zsolt, 116
 Gáspári Zoltán, 68, 70, 169
 Gócza Elen, 93
 Görföl Tamás, 125

Gy

Györffy Balázs, 67
 Gyulai István, 158, 165

Gyüre Péter, 246

H

Harami Gábor, 202
 Harnos Andrea, 61
 Hartel Tibor, 106
 Hernádi István, 229
 Hettyey Attila, 59
 Hideg Éva, 237, 239
 Hornok László, 183
 Hornung Erzsébet, 121, 255
 Horváth Edit, 233
 Horváth Győző, 51, 53, 54, 56, 65,
 253, 259
 Horváth Roland, 50
 Hoyk Zsófia, 231

I

Iliás Attila, 172

J

Jakab Ágnes, 175, 179
 Jankovics Ferenc, 141
 Jankovics Hajnalka, 91, 94
 Józsi Mihály Krisztián, 173
 Juhász Edit, 58
 Juhász Gábor, 138

K

Kaján Győző, 124
 Káli Szabolcs, 226
 Kalicz Péter, 132
 Kálmán Mihály, 216
 Katona István, 211
 Katona Krisztián, 257
 Keller-Pintér Anikó, 74
 Khayer Bernadett, 206
 Kis János, 109
 Kiss Erzsébet, 200
 Kiss József Géza, 230
 Kocsis Marianna, 151
 Koncz Péter, 242
 Korcsmáros Tamás, 69
 Korda Márton, 133

Kosztolányi András, 99, 101
 Kovács Krisztina, 46
 Kovács Mihály, 202
 Kovács Róbert, 99
 Kovács Tibor, 142
 Kovács Zoltán, 86
 Körmöczy László, 247
 Kövesdi Dorottya, 168
 Krasznai Eszter, 158
 Krizsán Krisztina, 146
 Kubinyi Enikő, 98
 Kun Ádám, 71, 112
 Kustán Péter, 47

L

Laczi Miklós, 114
 Laczka Csilla, 194
 Lang Zsolt, 95
 Leitgeb Balázs, 66
 Lengyel Szabolcs, 64
 Liker András, 49
 Lőkös László, 131
 Lőrincz Péter, 134, 137
 Ludány Andrea, 47

M

Maák István Elek, 107, 110
 Maarten Grachten, 86
 Madar Anett, 149
 Mádi András, 79
 Mainé Csiszár Jolán, 233
 Makk Judit, 176
 Markó Bálint, 111
 Máthé Csaba, 238
 Máthé István, 88
 Mátis Gábor, 195
 Matus Gábor, 128
 Miczán Vivien, 211
 Mihály József, 220
 Mikics Éva, 217
 Molnár Kinga, 213
 Molnár Tamás, 118, 252
 Molnár V. Attila, 130
 Molnárné Biró Marianna, 52

Móricz Ágnes, 82
Mótyán János András, 204

N

Nagy Gergely Nándor, 78
Nagy György, 170
Nagy István, 169
Nagy László, 146
Nagy Péter, 138, 157
Nagy Sándor Alex, 126
Nánássy László, 95
Németh András, 250
Németh Csaba, 131
Németh Zoltán, 87
Nyerges Ákos, 155
Nyeste Krisztián József, 159
Nyilasi Andrea, 92

O,Ó

Ódor Péter, 248
Oláh János, 126
Oláh Judit, 75
Olasz Ferenc, 183

P

Pál Csaba, 147, 155
Pál Gábor, 81
Pálóczi Krisztina, 191
Pankotai Tibor, 196, 208
Pap Péter László, 251
Papp Gábor, 188
Papp Péter, 183
Pásztiné Gere Erzsébet, 195
Pásztory-Kovács Szilvia, 49, 197
Patócs Attila, 144
Pénzes Zsolt, 122
Pesti Réka, 201
Pichererné Gémes Katalin, 198
Pirity Melinda Katalin, 139, 140
Pócsi István, 175, 179
Pomázi Andrea, 206
Pongrácz Péter, 103, 105
Pósa Anikó, 43
Purger Jenő, 62

R

Rákhely Gábor, 89, 92, 97
Rákosy Zsuzsa, 192
Réthelyi János, 145
Riba Milán, 240
Rudnóy Szabolcs, 232
Ruprecht Eszter, 243, 244, 258

S

Sántha Miklós, 186
Sármay Gabriella, 167
Sáry Gyula, 218
Schlett Katalin, 225
Sebestyén Anna, 76, 185, 191
Silhavy Dániel, 200
Simon Ádám, 152
Simon Edina, 245
Somogyi Balázs, 56, 259
Somoskői Bence, 96
Sótiné Bagyánszki Mária, 42
Sőti Csaba, 156
Spengler Gabriella, 182
Standovár Tibor, 249
Stéger Viktor, 85
Stenger-Kovács Csilla, 162
Stranczinger Szilvia, 151

Sz

Szabadics János, 228
Szabó Attila, 180
Szabó Krisztián, 85, 93, 123, 124
Szabó Péter, 82, 242, 254
Szabó Renáta, 43
Szabó Sándor, 161, 166, 241
Szabó-Meleg Edina, 188
Szatmári Dávid, 205
Szekeres András, 184
Szemán-Nagy Gábor, 40, 90
Szigyártó Lidia, 163
Szikora Szilárd, 220
Szilák László, 193
Szinetár Csaba, 63, 120
Szojka Zsófia Ilona, 204
Szóri Milán, 84

Szövényi Gergely, 55

T

Takó Miklós, 174

Toldi József, 224

Tóth András, 80

Tóth Dániel, 51, 65

Tóth E. Melinda, 186

Tóth Ferenc, 223, 230

Tóth Zsolt, 255

Tóth-Molnár Edit, 42

Tökölyi Jácint, 113

Török János, 114

Török Júlia Katalin, 164

Török Tibor, 135

Tusnády Gábor, 73

U

Ujszegi János, 59

V

Váczy Alexandra, 48

Valkó Orsolya, 246

Várallyay Éva, 201

Varga János, 250

Varga Karolina, 189

Varga Viktor Lajos, 226

Vargáné Kis Anna, 101, 107

Varjú Cecília, 171

Varró Petra, 221

Vas Virág, 136

Vasas Gábor, 178, 240

Végyvári Zsolt, 58, 64

Vellai Tibor, 142, 143, 156

Vértessy G. Beáta, 73, 78

Világi Ildikó, 227

Vitéz-Cservenák Melinda, 210

Vizler Csaba, 190

W

Winkler Zsuzsanna, 46

Z

Zelenyánszki Helga, 203

Zsebők Sándor, 115

JEGYZETEK

JEGYZETEK

JEGYZETEK

TÁMOGATÓK



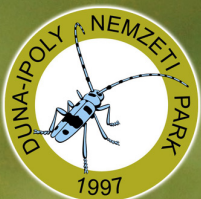
EMBERI ERŐFORRÁSOK
MINISZTERIUMA



ORSZÁGOS
TUDOMÁNYOS
DIÁKKÖRI
TANÁCS



University of
Debrecen
Debreceni Egyetem



Felső-Tisza-vidéki
Vízügyi Igazgatóság



Zöld Ember
Környezetvédelmi Kft.



Scientia Amabilis
Alapítvány



AMERICAN
SOCIETY FOR
MICROBIOLOGY



Derecskei Gyümölcsös
természetesen a kertből
www.derecskegyumolcsos.hu