



Biológia
Szekció



OTDK

XXXV. ORSZÁGOS TUDOMÁNYOS DIÁKKÖRI KONFERENCIA

BIOLÓGIA szekció

Babeş-Bolyai
Tudományegyetem

Kolozsvár
2021. május 3-6.

Szervezők:



UNIVERSITATEA BABEȘ-BOLYAI
BABEȘ-BOLYAI TUDOMÁNYEGYETEM
BABEȘ-BOLYAI UNIVERSITAT
BABEȘ-BOLYAI UNIVERSITY
TRADITIO ET EXCELLENTIA



Sapientia
Hungariæ
Alapítvány



Támogatóink:



INNOVÁCIÓS ÉS TECHNOLÓGIAI
MINISZTERIUM



NEMZETI KUTATÁSI, FEJLESZTÉSI
ÉS INNOVÁCIÓS HIVATAL



EMBERI ERŐFORRÁSOK
MINISZTERIUMA



35. Országos Tudományos Diákköri Konferencia

BIOLÓGIA SZEKCIÓ

Előadáskivonatok



UNIVERSITATEA BABEŞ-BOLYAI
BABEŞ-BOLYAI TUDOMÁNYEGYETEM
BABEŞ-BOLYAI UNIVERSITÄT
BABEŞ-BOLYAI UNIVERSITY
TRADITIO ET EXCELLENTIA

Babeş-Bolyai Tudományegyetem

Kolozsvár

2021

Tartalom

Köszöntő	5
Roska Tamás Tudományos előadás	6
Roska Tamás díj	8
Szervezők	9
Program	10
Előadáskivonatok	32
Bioinformatika és rendszerbiológia	33
Biotechnológia	42
Etológia és viselkedésökológia	53
Genetika	63
Immunológia	72
Mikrobiológia 1	79
Mikrobiológia 2	90
Mikrobiológia 3	101
Molekuláris és sejtbiológia 1	112
Molekuláris és sejtbiológia 2	124
Neurobiológia 1	137
Neurobiológia 2	148
Növényélettan 1	159
Növényélettan 2	167
Ökológia 1	175
Ökológia 2	185
Taxonómia, faunisztika és florisztika	195
Természetvédelmi biológia	203
Statisztika	213

Köszöntő

Báthory István aláír Vilnóban. 1581. Mária Terézia ellenjegyez. Heil Miksa csillagokat les, és Herman Ottó már készíti is pályamunkáját. Albinó pacsirta. Cím a pakkon: Erdélyi Múzeum-Egyesület, Kolozsvár. Itt indul majd nagy útjára. Idősebb Entz Géza csomagol, készül Budapestre. Apáthy István pedig Kolozsvárra. A legfiatalabb professzor, harsogják az újságok. Gondterhelten vonja össze szemöldökét: nincs elég hely az akváriumoknak. Mi végre itt, Kolozsváron, az első tengerkutató intézet az országban, ha nincs hely. Majd lesz! Gelei József Münchenből jelentkezik kétségbeesve: baj van itt a felszereltséggel, bezzeg otthon. Küldjenek hát, esedezik. Móczár László inkább a Biharba indul gyűjteni. A Mikó-kert lombjai zölden susognak, és Soó Rezső mosolyogva sétál a Botanikus Kert sétányain. Szokatlan. Mint Kol Erzsébet kriobiológiája, vagy mint majd egy kötetnyi Hieracium. Jegyzi Nyárády Erazmus Gyula, akadémikus, botanász. A Péterfik, Csűrösék, Gyurkó, Kis Béla, lehetne sorolni, mind, mind. A '80-as években az erdélyi magyar irodalom helyét keresték. Erdélyi, magyar. A hely szelleme, vagy a szellem helye? Egyszerűbb nekünk, biológusoknak? Van-e jelentősége, hogy Selye János, vagy a Megnyitó plenáris előadója, Albert Réka honnan indult? Melyik sarkából a Kárpát-medencének? Igen, persze! És nem. A tudomány nyelve univerzális. De azért mégis! Amikor megkaptuk a megtisztelő lehetőséget a 35. OTDK Biológia szekciójának megrendezésére, akkor arra gondoltunk: íme az alkalom, hogy ezt a várost, ezt az egyetemet, Románia legjobb egyetemét, amit egy orvosbiológusról, a Budapesten is tanító Babeşről, és a matek zseni Bolyairól neveztek el, végérvényesen visszatehetjük a magyar biológusok mentális térképére. Valamit mutatni a múltból és felvillantani a színes jelent, azt a lüktető kavalkádot, amit ma Kolozsvár jelent, ezt a nyüzsgő muszaj-metropoliszt a maga több mint 70.000 diákjával, kisvárosnyi magyar egyetemistájával. Vagy csak beszélgetni a Bulgakov kocsmá teraszán, a Rhédey kávéház előtt egy májusi napon. Online-on innen és túl, azonban az ünnep az adott és nem elhalasztható. A tudomány, ez a komolykodó játék, amilyennek lennie kell. A felfedezés izzadtságos öröme. A biológus diákok ünnepe, mert ez az övék. Ökológiától immunológiáig, Révkomáromtól Csíkszeredáig. 18 tagozaton keresztül, mint egy láthatatlan fonal, ami összeköt.

Köszöntünk mindenkit Kolozsváron, a Farkas utcából!

dr. Markó Bálint, egyetemi tanár,
rektorhelyettes, ügyvezető elnök

Roska Tamás Tudományos Előadás

„Énekeljete az elmétekkel”

A „Roska Tamás Tudományos Előadás” bevezetéseként próbáljuk meg felidézni, ki volt ő, mire tanít életpéldája? Nem véletlen, hogy ezt a rangos díjat Roska Tamásról nevezték el.

Roska Tamás Széchenyi- és Bolyai-díjas akadémikus, professzor, a celluláris hullámszámítógép architektúrájának megalkotója, a Pázmány Péter Katolikus Egyetem Információs Technológiai és Bionikai Karának alapító dékánja, a hazai bionikai képzés megteremtője. Tudományos tevékenységét számtalan hazai és nemzetközi díjjal ismerték el.

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

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

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

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

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

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



Roska Tamás (1940-2014)

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

„Ti vagytok családoknak és a nagy közösségnek, ennek a nemzetnek a reménységei. Itt ülnek köztetek a jövő sikeres kutatói, feltalálói, tanárai, felelős vezetői. A család, a tudás, az igazi művészet és a nemes erkölcsi értékek megbecsülése és támogatása a ti boldogulásotok és az ország felemelkedésének sarkköve. Sokan küzdünk ezért az értékrendért, és bár nem tudjuk mindig elég hitelesen felmutatni, de az értékek tisztelete kötelez bennünket. ... A fenti értékekre épül a XXI. század új gazdasága, a koncepció vezérelte gazdaság. A sikeres szakemberek felkészülésében, a szakmai ismeretek mellett a klasszikus értékek mentén található humán műveltségnek, az irodalomnak, a zenének, a képzőművészetnek ugyancsak fontos szerepe van. Csodálatos élmény e két világ összekapcsolása. Mindezt egy szép Szent Pál-i hasonlattal kifejezve: énekeljétek az elmétekkel! ... Kívánom, hogy sikerüljön nektek. A marsallbot a zsebetekben van.”

Roska Tamás-díj

Miskolczi Christina

Semmelweis Egyetem,
Szentágotthai János Idegtudományi Doktori Iskola

A korai szociális elhanyagolás hatása a felnőttkori szociális viselkedésre és az idegrendszer működésére, avagy hogyan befolyásolhatják a korai életkörülmények az idegrendszer fejlődését, a viselkedési mintázatok kialakulását?

A korai élet során az idegrendszer a környezetből érkező szociális ingerek mintája szerint formálja saját szerkezetét, ami a továbbiakban meghatározza a szociális helyzetekre adott válaszainkat, viselkedésünket. Gyermekkori elhanyagolás esetén ezekben a fejlődési folyamatokban rendellenességek léphetnek fel, melynek következtében felnőttkorban nagyobb eséllyel alakulhatnak ki pszichiátriai zavarok. A jelenség pontos neurobiológiai háttere azonban nem ismert. A prefrontális kéreg a szociális viselkedés egyik fő szabályozó agyterülete és érése elnyújtott, kora felnőttkorban is tart, ezért a káros környezeti hatásokra különösen érzékeny. Kutatásunk célja a korai szociális elhanyagolás felnőttkori viselkedésre és a prefrontális kéreg működésére gyakorolt hatásának a vizsgálata volt egy egérmodellen keresztül. Ennek során hím egereket 21 napos kortól (embereknél a gyermekkorok felel meg) szociálisan (4 állat/doboz) vagy izoláltan (1 állat/doboz) tartottunk 6 héten keresztül, felnőttkorig. Megvizsgáltuk az állatok szociális viselkedését egy kisebb méretű hím ellenféllel szemben (szociális kihívás), ezután pedig a prefrontális kéreg egyes al régióinak az aktivációs mintázatát néztük meg a szociális kihívást követően. Eredményeink szerint az izolált állatoknál felnőttkorban kóros viselkedésformák jelentek meg: többet támadtak az ellenfélre és a támadások nagy része sérülékeny területekre (fej, torok, has) irányult. Emellett az izolált állatok több időt töltöttek védekezéssel és fenyegetéssel, továbbá viselkedésük fragmentálódott: többször, következtelenül váltottak az egyes viselkedésformák között. Ezzel összefüggésben a szociális állatokhoz képest izolált állatoknál a prefrontális kéreg eltérő aktivációs mintázatot mutatott nyugalmi állapotban, és eltérő módon válaszolt az azonnali szociális kihívásra is. Az izoláció fellehetően rendellenességeket okozott a prefrontális kéreg fejlődésében, ami hozzájárulhatott a felnőttkorban tapasztalt viselkedési zavarok megjelenéséhez.

Szervezők

A Biológia Szakmai Bizottság elnöke: **Dr. Padisák Judit** akadémikus, egyetemi tanár, intézetigazgató - Pannon Egyetem

Babeş-Bolyai Tudományegyetem

Ügyvezető elnök: **Dr. Markó Bálint** egyetemi tanár, rektorhelyettes

Ügyvezető társelnök: **Dr. Jakab Endre** egyetemi adjunktus, dékánhelyettes

Ügyvezető titkár: **Dr. László Zoltán** egyetemi docens, intézetigazgató

Ügyvezető társtitkár: **Dr. Vágási Csongor** egyetemi adjunktus, intézeti TDK felelős

Hallgatói képviselő: **Buryán Tünde** egyetemi hallgató

Helyettes hallgatói képviselő: **Pethő Csongor** egyetemi hallgató

Kommunikációs munkatárs: **Bilibók Renáta** referens, Kommunikáció és PR iroda

Kolozsvári Magyar Diákszövetség

KMDSZ elnök: **Hatos Attila** egyetemi hallgató

KMDSZ elnökhelyettes, tanügyekért felelős vezetőtanács tag: **Ambarus Egyed Ágnes** egyetemi hallgató

Programkoordinátor: **Struber Henrik Iliász** egyetemi hallgató, BBTE diákalprefektus

Középiskolások részvételéért felelős munkatárs: **Kiss Oszkár** egyetemi hallgató

Középiskolás programokért felelős: **Antal Erika** egyetemi hallgató

Kommunikációért felelős: **Jancsó Helén** egyetemi hallgató

KMDSZ pénzügyekért felelős vezetőtanács tag: **Csenteri András Gergely** egyetemi hallgató

Pénzügyi felelős: **Örmény Márk** egyetemi hallgató

Határon túliak részvételéért felelős munkatárs: **Bogyor Ágota Katalin** egyetemi hallgató

Sportprogramokért felelős munkatárs: **Kovács Ákos** egyetemi hallgató

A **BÖSZ** részéről: **Bakó Gabriella, Ferencz Paula, Kencse Zsuzsa, Láng Borbála, Sztojka Mátyás, Varga Gergő**

Szakmai partnerek

Sapientia Erdélyi Magyar Tudományegyetem

dr. Máthé István egyetemi docens, Biomérnöki Tanszék

dr. Urák István, egyetemi docens, Környezettudomány Tanszék

Program

2021. május 3., hétfő - nyitóesemény

16:00 (Magyarország) / 17:00 (Románia)

Köszöntőbeszéd

Dr. Soós Anna - egyetemi docens, rektorhelyettes, BBTE

Dr. Szendrő Péter - egyetemi tanár, elnök, OTDT

Dr. Maruzsa Zoltán - köznevelésért felelős államtitkár, Emberi Erőforrások Minisztériuma

Dr. Padisák Judit - egyetemi tanár, akadémikus, elnök, OTDT Biológiai Szakmai Bizottsága

Dr. Markó Bálint - egyetemi tanár, rektorhelyettes, ügyvezető elnök, BBTE

Buryán Tünde - hallgatói képviselő, ügyvezető, KMDSZ

16:30 (Magyarország) / 17:30 (Románia)

Plenáris előadás

Dr. Albert Réka (Pennsylvania State University, AEÁ): *Biológiai rendszerek rejtett mintázatai*

17:00 (Magyarország) / 18:00 (Románia)

Roska Tamás kisfilm

Roska Tamás Tudományos Előadás

Miskolczi Christina (Semmelweis Egyetem, Budapest): *A korai szociális elhanyagolás hatása a felnőttkori szociális viselkedésre és az idegrendszer működésére, avagy hogyan befolyásolhatják a korai életkörülmények az idegrendszer fejlődését, a viselkedési mintázatok kialakulását?*

18:00 (Magyarország) / 19:00 (Románia)

Technikai eligazítás hallgatóknak és a zsűritagoknak

Dr. Jakab Endre adjunktus, dékánhelyettes, ügyvezetői társelnök és a **Diversity Advertising** csapata (**Polacsek Péter** és **Mandel Szabolcs**)

2021. május 4., kedd - tagozati ülések

09:00 - 12:00 (Magyarország) / 10:00 - 13:00 (Románia)

Ökológia 1.

Genetika

Növényélettan 1.

Taxonómia, faunisztika és florisztika

09:00 - 11:00 (Magyarország) / 10:00 - 12:00 (Románia)

Immunológia

09:00 - 13:00 (Magyarország) / 10:00 - 14:00 (Románia)

Biotechnológia

15:00 - 18:00 (Magyarország) / 16:00 - 19:00 (Románia)

Ökológia 2.

Bioinformatika és rendszerbiológia

15:00 - 19:00 (Magyarország) / 16:00 - 20:00 (Románia)

Mikrobiológia 1.

Molekuláris és sejtbiológia 1.

Neurobiológia 1.

Molekuláris és sejtbiológia 2.

2021. május 5., szerda - tagozati ülések

08:00 - 12:00 (Magyarország) / 09:00 - 13:00 (Románia)

Természetvédelmi biológia

09:00 - 13:00 (Magyarország) / 10:00 - 14:00 (Románia)

Növényélettan 2.

Etológia és viselkedésökológia

Mikrobiológia 2.

Mikrobiológia 3.

Neurobiológia 2.

16:00 - 20:00 (Magyarország) / 17:00 - 21:00 (Románia)

Zsúrielnökök ülése

2021. május 6., csütörtök - záróünnepély és díjkiosztás

12:00 (Magyarország) / 13:00 (Románia)

Záróbeszéd

Dr. Szendrő Péter - egyetemi tanár, elnök, OTDT

Dr. Padisák Judit - egyetemi tanár, akadémikus, elnök, OTDT Biológiai Szakmai Bizottsága

Dr. Markó Bálint - egyetemi tanár, rektorhelyettes, ügyvezető elnök, BBTE

Hatos Attila - elnök, KMDSZ

Dr. Bugyik Edina, a Pro Scientia Aranyérmesek Társaságának képviselője

Díjkiosztás

A tagozatok díjazottjainak kihirdetése

Az OTDT staféta átadása a 36. OTDK Biológia szekcióját szervező intézménynek.

Fogadja: **Dr. Varga Máté** egyetemi docens, Eötvös Lóránd Tudományegyetem

Zárszó

Kötetlen beszélgetés a meghívottak, szervezők, díjazottak és zsűritagok részvételével

Tagozati ülések

2021. MÁJUS 4., KEDD
09:00 (Magyarország)/10:00 (Románia)
-
12:00 (Magyarország)/13:00 (Románia)

Ökológia 1

Zsűri: **dr. Padisák Judit** elnök (Pannon Egyetem), **dr. Rózsa Lajos** (ELKH ETI), **dr. Vincze Orsolya** (ELKH VÖI)

Fajkicserélődés és sötét diverzitás alföldi szitakötő közösségek esetében	Antal Orsolya Mária
Kiskunhalas-Zöldhalom temető embertani anyagának fejlődési rendellenességei	Gara Barbara Erika
A Lankóci erdő Natura 2000 erdőállományaiban jellemző kisemlős együttesek összehasonlítása	Hollósi Árpád
A gyöngybagoly (<i>Tyto alba</i>) táplálkozása Szilágyin	Rekecki Tibor
Regeneráció és morfogenezis az élelciklus során édesvízi hidráknál	Révész Hanna Boros Adrienn
Prediktálja-e a nőstény kis Apolló-lepkék (<i>Parnassius mnemosyne</i>) termete és repülési ideje a párzási dugó típusát?	Somlay Dorottya
Szabályos ciklus vagy késleltetett populáció összeomlás: a mezei pocok (<i>Microtus arvalis</i>) abundancia változása két gradáció között	Szünstein Máté
A fenyvescinege (<i>Periparus ater</i>) őszi vonulása két magyarországi élőhelyen	Takács Péter
Táplálék-hálózatok stabilitásának vizsgálata: a nagy hálózatok fejezete	Veres Róbert

2021. MÁJUS 4., KEDD
09:00 (Magyarország)/10:00 (Románia)
-
12:00 (Magyarország)/13:00 (Románia)

Genetika

Zsűri: **dr. Bene Judit** elnök (PTE), **dr. Nagy Melinda** (Selye János Egyetem), **dr. Vedelek Viktor** (SZTE)

Az IRES-függő transzláció vizsgálata zebrahalban

Borbély Noémi

A fonálféreg *Caenorhabditis elegans* operonok bioinformatikai elemzése és az operonszerkezet felhasználása eukarióta gének funkciójának prediktálásában

**Derzsi-Kovács Szávitri
Virág**

Az IGF1, GH és MSTN növekedésért felelős gének relatív expressziós szintjének nyomon követése hajdúszoboszlói ponty tájfajtákon

Hegedűs Bettina

Új autofágia aktivációs célpont vizsgálata *Drosophila* neurodegenerációs és öregedési modellekben

Kiss Eszter Anna

Univerzális, genetikai alapú magzati ivarmeghatározás anyai vérplazmából unipara emlősökben

Kőszegi Hanna

A GLUT-1 membránfehérje és a génjében található polimorfizmusok vizsgálata kettes típusú diabéteszben

Kulin Anna

A qpAdm módszer optimalizálása népvándorlás kori populációk genomtörténetének rekonstruálásához

Schütz Oszkár Bence

Fejlődésgenetikai vizsgálatok paradicsomhalon

Szabó Nóra

2021. MÁJUS 4., KEDD
09:00 (Magyarország)/10:00 (Románia)
-
12:00 (Magyarország)/13:00 (Románia)

Növényélettan 1

Zsűri: **dr. Janda Tibor** elnök (ELKH ATK), **dr. Fodorpatáki László** (BBTE), **dr. Máthé Csaba** (DE)

A Basagran főbb antioxidánsokra gyakorolt napszakfüggő hatásainak vizsgálata **Farkas Máté János**

A kloroplasztisz vas-homeosztázisában szerepet játszó gének expresszió-változása szeneszscens levelekben **Farkas Sophie Zoe**

Növényi stresszválaszok redox folyamatai és regulációjának vizsgálata két paradicsom fajtában **Hajnal Ádám Barnabás**

Aszálystressz hatásának vizsgálati lehetőségei SNP markerek és levélanatómiai módszerek alkalmazásával - *Pinus nigra* Arn. egyedeken **Majerhoffer Nóra**

Az etilén szerepének vizsgálata a flagellin által indukált szisztemikus védelmi válaszokban **Martics Atina**

AtGPXL3 szerepének vizsgálata tunikamicin indukált ER stresszválasz folyamán **Milodanovic Dávid**

Nem-ionizáló sugarak hatásai a növényi sejthosszra **Takács Szilárd László**

2021. MÁJUS 4., KEDD
09:00 (Magyarország)/10:00 (Románia)
-
12:00 (Magyarország)/13:00 (Románia)

Taxonómia, faunisztika és florisztika

Zsűri: **dr. Hornung Erzsébet** elnök (ÁTE), **dr. Balog Adalbert** (Sapientia EMTE), **dr. Tölgyesi Csaba** (SZTE)

Duna menti *Festuca taxonom* morfortaxonómiai és ploidszint revíziója

Hurta Adrienn
Fűrész Attila Zoltán

A Mátravidék egyenesszárnyú rovarfaunájának jellemzése

László Márk

Poaceae fajok palinológiai vizsgálata

Szabó Dóra

Kiválasztott emlős- és madárfajok életmódjának jellemzése a Szlovák-karszt területein

Szilágy Melinda

A fajkészlet változása a Völgyfő Projekt 34 éve magára hagyott tölgyesében

Tóth Balázs

Hány selyemgomba van Magyarországon? Az *Amanita* nemzetség Vaginatae szekciójának taxonómiai revíziója

Varga Dóra

Székelyföldi áványvízforrások kovaalga-közösségei

Vincze József-Róbert

2021. MÁJUS 4., KEDD
09:00 (Magyarország)/10:00 (Románia)
-
11:00 (Magyarország)/12:00 (Románia)

Immunológia

Zsűri: **dr. Bódizs György** elnök (KRK), **dr. Koncz Gábor** (DE), **dr. Nagy Előd** (MOGYTTE)

Humán keratinocita sejtvonalak kölcsönhatása *C. albicans* és *C. parapsilosis* élesztőgombákkal

Csikós Máté Lajos

Human factor H-related protein 5 (FHR5) modulates the activation of the classical complement pathway

Hammad Hani

Lactobacillus kezelés immunológiai hatásai egéreiben

Nagy Bence

Ujjlenyomatkeresés myelomában - molekuláris krimi

Osváth Magdolna

A PRINS hosszú nem-kódoló RNS szerepe az IL-23A mRNS kifejeződésének szabályozásában keratinocitákban

Sági Stella Márta

A limfoid folliculusok cortexének karakterizálása és kialakulása a bursa Fabricii-ben

Szőcs Emőke
Soós Ádám

2021. MÁJUS 4., KEDD
09:00 (Magyarország)/10:00 (Románia)
-
13:00 (Magyarország)/14:00 (Románia)

Biotechnológia

Zsűri: **dr. Vajna Balázs** elnök (ELTE), **dr. Bélafi-Bakó Katalin** (Pannon Egyetem), **dr. Székely Gyöngyi** (BBTE)

A PSD-95 fehérje GK doménjének és interakciós partnerének biotechnológiai előállítása, szerkezeti és funkcionális vizsgálata

Farkas Fanni

Probiotikus és szájüregi patogén törzsek közti kölcsönhatások

Gönczi Noémi Nikolett

A chlorotoxin és tumor-asszociált partnereinek in vitro interakciós vizsgálata

Horváth Patrik

P-glikoprotein funkcionális identifikálása a dermális barrierben

Kocsis Dorottya

Mikrofluidikai szeparáció determinisztikus laterális elválasztás alapján

Kós Tamás

Funkcionális rekombináns növényi PRLIP1 fehérje termeltetése baktériumban (*Escherichia coli*)

Major Gyöngyi

A posztzinaptikus Homer-1 fehérje kétszeresen jelölt EVH1 doménjének biotechnológiai előállítása NMR szerkezet meghatározására

Maruzs Brigitta Alexandra

Alternatív biomasszák felhasználása és optimalizálása biogáz előállítás céljából

Schoblocher Dzszenifer

Hím- (ZZ), és nőivarú (ZW) tyúk ősvarsejt tenyészetek proliferációs rátájának vizsgálata automata sejtszámláló készülék segítségével

**Sima Krisztina
Kepler Tamara**

A fumaráz gén kiütésének hatása az *Escherichia coli* metabolizmusára

Törsök Brigitta

2021. MÁJUS 4., KEDD
15:00 (Magyarország)/16:00 (Románia)
-
18:00 (Magyarország)/19:00 (Románia)

Ökológia 2

Zsűri: **Dr. Valkó Orsolya** (ELKH ÖBI), **Dr. Benedek Klára** (Sapientia EMTE), **Dr. Ruprecht Eszter** (BBTE)

Őshonos sőtűző növényfajok terjedése közutak mentén	Bak Henrietta Mária
Az északi pocok nyomában	Bodor Bálint Holló Milán
Miről árulkodik az aszimmetria? Szitakötők szárnymorfológiájának változását előidéző környezeti tényezők nyomában	Dénes Anna
A gyöngybagoly (<i>Tyto alba</i>) táplálék-fogyasztása és rágcsáló kontrollban betöltött szerepe intenzív művelésű agrártájban	Fekete Fanni Kaló Orsolya
Új inváziós faj hódít hazánkban: a <i>Sporobolus cryptandrus</i> hatása az őshonos homoki növényzetre	Hábenczyus Alida Anna
Külső beavatkozás hatása és annak stabilitása egy áldozat-ragadozó modellben	Marti Andrea
A <i>Ligula pavlovskii</i> parazita hatása a folyami gébek (<i>Neogobius fluviatilis</i>) szaporodására	Megyeri Eszter
Az erdei fülesbagoly téli táplálkozása Törökkanizsán	Rekecki Tibor
A visszazöldített parcellák, mint új időszakos élőhelyek szerepe kisemlősök területhasználatának változásában	Soós Anna

2021. MÁJUS 4., KEDD
15:00 (Magyarország)/16:00 (Románia)
-
18:00 (Magyarország)/19:00 (Románia)

Bioinformatika és rendszerbiológia

Zsűri: **dr. Mészéna Géza** elnök (ELTE), **dr. Balácsi Gábor** (SBU, AEÁ), **dr. Doleschall Márton** (Semmelweis Egyetem)

A kompenzáló evolúció hatása a *Saccharomyces cerevisiae*
makroszkópikus morfológiájának diverzitására

Birtyik Fanni

Az epizootikus nyúl enteropátia patomechanizmusának vizsgálata
metagenom bioinformatikai analízissel

Bódizs Szabolcs

Mathematical modelling of the connection between the cell cycle,
the circadian clock and the DNA damage

Bujtár Zsófia

Neurodegeneratív betegségeket okozó ágensek sejtek egészségére
gyakorolt hatásainak elemzése

Dvorzsák Fruzsina

Biomarkerek keresése a mikrobiomban

Kalcsevszki Regina

Nagyskálájú biológiai adatok integrációja – Gyógyszer-fehérje interakciók

Marton Marcell

Mitől válik egy molekula jó nátriumcsatorna gátlóvá?

Tóth Ádám

Elvesztett életévek számítása a COVID-19-járványban

Zsichla Levente

2021. MÁJUS 4., KEDD
15:00 (Magyarország)/16:00 (Románia)
-
19:00 (Magyarország)/20:00 (Románia)

Mikrobiológia 1

Zsűri: **dr. Venekei István** elnök (ELTE), **dr. Kaszab Edit** (MATE), **dr. Papp Judit** (BBTE)

Arzénnel szennyezett talajok bioremediációja őshonos mikroorganizmusokkal	Bodor Imre-Zsolt
Alacsony hőmérséklethez és kis szervesanyag tartalomhoz adaptálódott extremofil baktériumok egy magashegyi permafroszt olvadéktó üledékéből	Faragó Viktória
Szennyvízből izolált <i>Escherichia</i> és <i>Klebsiella</i> törzsek sejtfal szintézist gátló antibiotikumokkal szembeni rezisztenciájának vizsgálat	Héninger Réka
Biokalcifikációs potenciállal rendelkező sporogén, alkalofil baktériumok izolációja különböző forrásokból és jellemzői	Holpert Csilla
Zöldségek talajából izolált <i>Bacillus</i> törzsek lipopeptid termelési profiljának vizsgálata HPLC-MS technikával	Hunkár Henriett
Széles spektrumú béta-laktamáz és karbapenemáz kódoló gének gyakoriságának vizsgálata szennyvízből izolált <i>Pseudomonas aeruginosa</i> törzseken	Kulágin Dominika
Magashegyi üledékmintákból izolált extremofil baktériumok UV-C toleranciája	Medvegy Anna
Élesztők viselkedése alaktani jellemzőik vizsgálata	Molnár Nóra
<i>Aspergillus</i> fajok aflatoxin termelésének átfogó tanulmányozása különböző tenyésztési paraméterek alapján	Nagy Babett Edit
<i>Aspergillus</i> fajok taxonomiai célú zsírsavprofil analízise	Papp Dóra Anna

2021. MÁJUS 4., KEDD
15:00 (Magyarország)/16:00 (Románia)
-
19:00 (Magyarország)/20:00 (Románia)

Molekuláris és sejtbiológia 1

Zsűri: **dr. Szondy Zsuzsanna** elnök (DE), **dr. Horváth Emőke** (MOGYTTE), **dr. Kósa Ferencz** (BBTE)

A hipertrófiás kardiomiopátia patogenezisével összefüggésbe hozható gének expressziós vizsgálata

Árva Hédi

Fajspecifikus elemek felderítése a *Candida* fajokkal szemben kialakuló természetes immunválaszban humán szájüregi epitelsejtek esetén

Horváth Márton

Müller-sejtek diverzitásának vizsgálata humán retinában

Jánoska Dóra Katalin

A Gpr155 G-protein kapcsolt receptor fehérje tumorigenezisben betöltött szerepének in vivo vizsgálata szomatikusan transzgenikus egér modellben

Kopasz Anna Georgina

Extracelluláris vezikulák szerepe a nem alkoholos zsírmáj patogenezisében

Lenzinger Dorina

Új interakciók azonosítása a sejtek endolizoszomális rendszerének pányvázó faktorai között

Molnár Márton

Candida albicans-eredetű extracelluláris vezikulák hatása orális laphámsejtes karcinóma sejtek migrációjára és áttétképzésére

Nagy Ferenc István

A dendrittüskék aktin-átrendeződésének követésére használt fluoreszcens jelölések összehasonlítása

Nagy-Herczeg Domonkos

Egy putatív RasGEF szerepe a cirkadián óra működésében

Sárkány Orsolya

Alanin és glutation ligandok kombinációjával célzott nanorészecskék sejtfelvételének vizsgálata a neurovaszkuláris egység sejttypusain

Szecskó Anikó

Az STL-fehérje hatásának vizsgálata humán daganat sejt vonalakban

Takács Ágnes

2021. MÁJUS 4., KEDD
15:00 (Magyarország)/16:00 (Románia)
-
19:00 (Magyarország)/20:00 (Románia)

Neurobiológia 1

Zsúri: **dr. Gáspári Zoltán** elnök (PPKE), **Sótiné dr. Bagyánszki Mária** (SZTE), **dr. Szilágyi Tibor** (MOGYTTE)

A colliculo-talamikus kapcsolatrendszer sejtes és szinaptikus feltérképezése	Bakacsi Anna Virág
A LED-fény retina károsító hatásának vizsgálata	Balogh Boglárka
A Casin1 fehérje szerepe a dendrittüskék kialakulásában és érésében in vitro	Csehó Fruzsina
Különböző mutációkkal rendelkező amiotrófiás laterálszklerózis betegek kalcium homeosztázisának vizsgálata passzív transzfer egérmodellben	Körmöczy Laura
Emberi és patkány agykérgi piramissejtek dendritikus vezetési sebességének vizsgálata és összehasonlítása	Lákovics Rajmund
Automatizált patch clamp rendszer emberi és rágcsáló in vitro agyszelet elektrofiziológiához	Mihut Norbert
A szorongásos és depresszív vonások komorbid megjelenése egér modellben	Pejtsik Diána
Az uridin és adenzin receptor antagonisták együttes alkalmazásának hatása az abszensz epilepsziás rohamokra WAG/Rij patkányokban	Rauch Enikő
A tirozin-kináz receptor B (TrkB) jelátvitel interneuron-specifikus szerepe a megküzdési stratégia modulációjában	Varga Áron Bendegúz
Depresszív tünetek és kognitív zavarok vizsgálata az Alzheimer kór háromszoros transzgen egér állatmodelljében	Várkonyi Dorottya

2021. MÁJUS 4., KEDD
15:00 (Magyarország)/16:00 (Románia)
-
19:00 (Magyarország)/20:00 (Románia)

Molekuláris és sejtbiológia 2

Zsűri: **dr. Csősz Éva** elnök (DE), **dr. Miklóssy Ildikó** (Sapientia EMTE), **dr. Villányi Zoltán** (SZTE)

A tumor nekrozis faktor receptor 2 bélszakasz-specifikus expressziós változása streptozotocin-indukált diabéteszes patkányban

Barta Bence Pál

Autofágia aktiváló kismolekulák (AUTEN-67 és -99) hatásának vizsgálata *Drosophila* indirekt repülőizmában

Csiha Előd Koppány

A PP4 fehérje foszfatáz szubsztrátum-felismerő mechanizmusának molekuláris vizsgálata

Dán Kinga

Az ubiquitin lehetséges szerepe a szekréciós granulumok lebontási útra való terelésében

Dósa Anna

Aktin izoformák biofizikai tulajdonságainak vizsgálata oxidatív körülmények között

Góra Valér

A Syntaxin7 szerepe az amfiszóma képződésben

Hargitai Dávid

Az ORA1 csatornán keresztüli raktár-független Ca²⁺ beáramlás meghatározó szerepe a poláris epitél sejtek CFTR aktivációjában

Kiss Aletta Kata

A gyulladással járó bélbetegség modellezése humán vastagbél organoidok segítségével

Molnár Tünde

Fluoreszcensen jelölt élesztősejtek vizsgálata mikrofluidikai cellákkal

Szakadáti Helga

A mintaelőkészítés előtti körülmények hatása a vérből felszabadított N-glikánprofil meghatározására

Török Rebeka

A Rab26 kis GTPáz szerepe a krinofágiában

Varga Luca

A Hsp27 gyulladással járó betegségben betöltött szerepének vizsgálata primer asztrogliák és mikroglia sejteken gyulladáskeltő citokin és etanol kezelést követően

Vigh Judit Piroska

2021. MÁJUS 5., SZERDA
08:00 (Magyarország)/09:00 (Románia)
-
12:00 (Magyarország)/13:00 (Románia)

Természedvédelmi biológia

Zsúri: **dr. Magura Tibor** elnök (DE), **dr. László Zoltán** (BBTE), **dr. Takács Péter** (ELKH BLKI)

A tiszai ingola (*Eudontomyzon danfordi* Regan, 1911) állományának
felmérése, élőhelyének ökológiai állapotértékelése a Tisza vízgyűjtőjén

Bodnár Bálint
Tóth Richárd

Kisemlős közösségi mintázatok a Kis-Balaton Vízüdelmi Rendszer
II. ütem rekonstrukciója alapján elkülönített időszakok összehasonlításában

Bognár Lili
Kalocsai Nóra

A gödi Huzella kert mohafiórája

Fintha Gabriella

A mecseki töbrök refúgiális kapacitását befolyásoló tényezők:
környezeti stabilitás, növényzet és klímaváltozás

Frei Kata

A hosszúszárnyú denevér (*Miniopterus schreibersii*) populációgenetikai vizsgálata

Győrössy Dorottya

Felhagyott vadszörök növényzetének vizsgálata a Mátrai Tájvédelmi Körzetben

Kispál Luca

Poiana Stampei-tőzegláp mikromozaikos élőhelyszerkezetének hatása
a pókközösségek összetételére

Könczey Boróka

A veszélyeztetett szép hegyisáska (*Arcyptera fusca*) bükki populációinak
méretbecslése és élőhely használata - egy védelmi program kezdeti lépései.

Somogyi Júlia

A kolozsvári „Al. Borza” Botanikus Kertben terjedő inváziós fajok
felmérése és visszaszorítási lehetőségeik

Tifán Sára

2021. MÁJUS 5., SZERDA
08:00 (Magyarország)/09:00 (Románia)
-
12:00 (Magyarország)/13:00 (Románia)

Növényélettan 2

Zsúri: **dr. Jakab Gábor** elnök (PTE), **dr. Marschall Marianna** (Eszterházy Károly Egyetem),
dr. Szigyártó Irma-Lídia (Sapientia EMTE)

Aszálystressz hatásának tanulmányozása tölgy fajok molekuláris
genetikai elemzésével

Fejes Fruzsina

Szárazságstressz hatása búza alloplazmás árpa növényekre és szülői vonalaikra

Horváth Sára

A fitokrómok poszttranszlációs módosulásainak funkcionális vizsgálata
*Arabidopsis*ban

Madár Valentina

Éjszakai vörösfény glutation S-transzferázra gyakorolt hatásának
vizsgálata búzában

Pelsőczi Alina Beatrix

Az etilén és a fény szerepe a kitozán indukálta védelmi válaszok
kialakulásában paradicsomban

Pollák Boglárka Dóra

Az effuzol és a junkuzol élettani hatásainak vizsgálata *Arabidopsis*
thaliana csiranövényeken

Sípos Lilla

Az alacsony dóziséjú szelén kezelések hatása a sztivia (*Stevia rebaudiana* L.)
antioxidáns kapacitására

Valyon Emil Péter

2021. MÁJUS 5., SZERDA
08:00 (Magyarország)/09:00 (Románia)
-
12:00 (Magyarország)/13:00 (Románia)

Etológia és viselkedésökológia

Zsúri: **dr. Barta Zoltán** elnök (DE), **dr. Csata Enikő** (UR, DE), **dr. Pap Péter László** (BBTE)

A fiatalabb és rövidebb fejű kutyák hamarabb létesítenek szemkontaktust

Bognár Zsófia

Egyforma-e a kapcsolatunk két legnépszerűbb társállatunkkal? -
Macskák és kutyák viselkedésének összehasonlító vizsgálata

Csepregi Melitta

Ivararány-manipuláció és utódgondozás az örvös légykapónál

Gyarmathy Hela

Eltérő tanítási helyzetek hatása kutyák viselkedésére és alvásmintázatára

Kovács Tímea

Eszközökkel vagy eszközök nélkül? A táplálékszállító eszközhasználat
összehasonlítása mindenevő és maggyűjtő hangyáknál

Lőrincz Ádám

Táplálék preferencia és táplálkozási innováció barlangi és felszíni
közönséges víziáskánál (*Asellus aquaticus*)

Nyitrai Viktória

A fészekaljok ivararányának hatása a fiókák visszatérési rátájára

Sarkadi Fanni

Az állati személyiség evolúciós jelentősége: exploráció és szaporodási siker
széncinegéknél (*Parus major*)

Sztruhala Sára

A félelmi kondicionálási procedúrához társítható feltételes ingerek szerepe
a kialakult emléknym előhívásában

Varga Bence Tamás

2021. MÁJUS 5., SZERDA
09:00 (Magyarország)/10:00 (Románia)
-
13:00 (Magyarország)/14:00 (Románia)

Mikrobiológia 2

Zsűri: **dr. Táncsics András** elnök (MATE), **dr. Mara Gyöngyvér** (Sapientia EMTE), **Székely Edit** (MOGYTTE)

Az ergoszterin bioszintézisben résztvevő gének szerepe
a *Mucor circinelloides* azol érzékenységében

Bauer Kitti

Gyökérendofiton gombák másodlagos anyagcseretermékeinek
genomikai predikciója, LC-MS analízise és bioaktivitás vizsgálata

Csíkos Sándor

Ergometrin tisztítása *Claviceps pururea* izolátumokból
centrifugális megoszlási kromatográfiával

Hercegfalvi Dániel

A PDR transzporterek szerepe a *Mucor circinelloides* azol-rezisztenciájában

Kiss Sándor

Vorikonazol kezelés hatásának vizsgálata *Candida albicans* biofilm
oxido-redukciós állapotára

Makkai Enikő

Fungicid-rezisztencia és A/B-genetikai csoportok vizsgálata egy tokaji
dülő lisztharmatgomba populációjában

Matolcsi Fruzsina

Antibiotikumok és illóolajok hatása a *Serratia marcescens* biofilmképzésére

Öry Inez

A hsf1 és hsf2 gének funkcionális vizsgálata *Mucor circinelloides*-ben

Rafael Bence

Korábban nem vizsgált *Trichoderma* fajok által termelt peptaibolok
mennyiségi és minőségi vizsgálata HPLC-HRMS technikával

Rozsnyói Ákos

Az mfs1 és mfs2 transzportfehérjék szerepének vizsgálata
a *Mucor circinelloides* azol rezisztenciájában

Vágó Bernadett

2021. MÁJUS 5., SZERDA
09:00 (Magyarország)/10:00 (Románia)
-
13:00 (Magyarország)/14:00 (Románia)

Mikrobiológia 3

Zsűri: **dr. Dobay Orsolya** elnök (Semmelweis Egyetem), **dr. Jakab Endre** (BBTE),
dr. Mészáros Ildikó (Közegészségügyi Igazgatóság, Csíkszereda)

Felnőtt fogágygyulladásához asszociált mikrobióta jellemzése
újgenerációs amplikon illetve metagenom szekvenálási módszerek segítségével

Barta Nikolett

Bakteriofágok specificitásának vizsgálata

Eszenyi Bálint Dénes

Bioaktív lipidek enzimatisz előállítása növényi és állati olajokból

Furka Zsófia Terézia

A purin hidroxiláz I és purin hidroxiláz II enzim aktív centrumában található
aminosavak módosításának hatásai az enzimaktivitásra

Kanyó Andor

Gyakori nyugat-európai SARS-CoV-2 mutációk tér-időbeli vizsgálata
Magyarországon az első - és második járványhullám kapcsán

Nagy Míra Dorina

Opportunista humánpatogén gombák mikovírusainak azonosítása

Sávai Gergő Norbert

Új állati poliómavírusok felfedezése és molekuláris jellemzése

Surján András

Az orális candidiasis szájüregi laphámsejtes karcinóma progressziójára
gyakorolt hatásának vizsgálata in vivo egér modellben

Szücs Balázs

A FET3 gén szerepének vizsgálata a *Candida parapsilosis*ban

Tóth Zsófia Edit

Genomi epidemiológiai elemzés a COVID-19 második magyarországi
járványhulláma kapcsán

Varga Zsaklin

2021. MÁJUS 5., SZERDA
09:00 (Magyarország)/10:00 (Románia)
-
13:00 (Magyarország)/14:00 (Románia)

Neurobiológia 2

Zsúri: **dr. Bácsi Attila** elnök (DE), **dr. Andics Attila** (ELTE), **dr. Nagy Nándor** (Semmelweis Egyetem),

Ismétlődő enyhe traumás agysérülésekkel kiváltott krónikus memóriazavarok modellezése és kognitív teljesítményfokozó vegyületek tesztelése patkányban

Árki Virág

Az agykérgi szabályosan-tüzelő interneuronok (SZTI) szerepe az alvási orsókban.

Bozsó Boglárka

A spermidin hatása az öregedő hippocampusra

Juhász Péter

The effect of the absence of amylin on the behaviour of mice

Junó Vanda Katalin

Kolinerg és dopaminerg rendszerek szimultán vizsgálata asszociatív tanulási feladatban

Pillár Vivien

Alzheimer-kór ellenes szolid lipid nanopartikulumok vizsgálata a vér-agy gát sejtenyészetes modelljén

Porkoláb Gergő

A Schwann sejtek kalcium homeosztázisának vizsgálata ülőideg axotómiát követő Waller-féle degenerációban.

Spisák Krisztina

Kinurénsav analóg hatása a glia sejtek túlélésére az oxidatív stressz állatkísérletes modelljében

Szabó Ágnes

Mitokondriumok vizsgálata a prefrontális kortexben kvantitatív ultrastrukturális módszerekkel egy depresszió állatmodellben

Tornai Abigél

A hipotalamusz paraventriculáris magjában elhelyezkedő TRH idegsejtek elektrofiziológiai karakterizálása

Venczel Alexandra

ELŐADÁSKIVONATOK

Bioinformatika és rendszerbiológia

BIRTYIK FANNI
birtyikfanni@gmail.com
Biológus
MSc, 3. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:
Dr. Papp Balázs
tudományos főmunkatárs, SZBK
Sarkadi Zsuzsa
ügyvivő szakértő, SZBK

A kompenzáló evolúció hatása a *Saccharomyces cerevisiae* makroszkópikus morfológiájának diverzitására

A *Saccharomyces cerevisiae* makroszkópikus morfológiája nagy változatosságot mutat, amelyet legtöbbször a környezethez való alkalmazkodással magyaráznak. A korábbi tanulmányok azonban rámutattak, hogy az élesztő morfológiája kevésbé függ össze a környezeti háttérrel (Hope et al, 2014). Ez azt sugallja, hogy vannak más evolúciós folyamatok, amelyek a morfológiát irányítják. Az volt a hipotézisünk, hogy a kompenzáló evolúciónak szerepe van a makroszkópikus morfológia megváltozásában. A kompenzáló evolúció során a genom valamely részén megjelenő de novo mutáció vagy részben vagy teljes mértékben képes egy káros mutáció hatását helyreállítani és így elterjedhet a populációban. A hipotézis teszteléséhez 2 makroszkópikus jelleg evolúciós változását tanulmányoztam. A flokkulációs képesség és a biofilm képzés a sejtek közötti adhézió alapuló, az ipari és klinikai jelentőségük miatt alaposan vizsgált jelleg. A flokkuláció az élesztő azon képessége, mely miatt a sejtek képesek egymáshoz kapcsolódva aggregátumokat kialakítani, így gyorsabb ülepedést eredményezve, amit a sörfőzés során használnak ki a végtermék elválasztásának megkönnyítéséhez. A biofilm létrehozása az élesztősejtek egymáshoz és valamilyen abiotikus felszínhez kitapadásával történik, ami az előnytelen környezetben növelheti a túlélést a sejtek számára. A biofilmek relevanciáját a patogén élesztőgombák azon képessége adja, amely miatt képesek orvosi eszközökhöz hozzátapadva súlyos fertőzéseket okozni. Ahhoz, hogy megvizsgáljuk a kompenzáló evolúció hatását az élesztő makroszkópikus morfológiájára egy korábbi kompenzáló evolúciós kísérletből származó 97 ő és 179 evolvált törzset használtunk (Szamecz et al. 2014), amelyeknek megnéztük a flokkulációs és biofilm létrehozó képességét. A kísérletek során azon a törzsek azonosítása volt a cél, melyek a vad típustól jelentősen eltérnek a vizsgált makroszkópikus tulajdonságokat tekintve. Összefoglalva, azt találtuk, hogy a kompenzáló evolúció hozzájárul a makroszkópikus morfológia változásához. A kezdetben nem flokkuláló és csökkent biofilmet létrehozó törzsek az evolúció során olyan tulajdonságokra tettek szert, amivel az evolvált törzsekben megnőtt a flokkulációs és biofilm létrehozó képesség. Mivel ezekre a tulajdonságokra nem szelektáltunk, elmondható, hogy ezek az evolúció melléktermékeként alakultak ki. Mindez azt sugallja, hogy egy állandó környezetben a káros mutációk által hajtott kompenzáló evolúció is hozzájárulhat a morfológia diverzitásához.

BÓDIZS SZABOLCS

szab.bodizs@gmail.com

Biotechnológia

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Szenes Áron

tudományos munkatárs (ÁTE), ATE

Az epizootikus nyúl enteropátia patomechanizmusának vizsgálata metagenom bioinformatikai analízissel

Világszerte, így hazánkban is a húsnyúl-telepek legsúlyosabb, járványos megbetegedései közé tartozik az epizootikus nyúl enteropátia (ERE). A betegség terjedése elleni jelenlegi legjobb módszer a kórokozó populációjának antibiotikumos kezelése. A hatékony védekezéshez szükséges a patogén ismerete, azonban ezzel kapcsolatban a hagyományos mikrobiológiai módszerekkel idáig nem sikerült még alapvető kérdésekre sem választ adni. Jelen dolgozat célja a lehetséges patogén fajok felfedezése; valamint az intesztinális metagenom-egyensúly változásának karakterizálása az ERE-vel összefüggésben, ami jobb rálátást adhat a betegség patomechanizmusára. Kutatásom során beteg és egészséges nyulak vakbeléből izolált DNS mintákkal dolgoztam. A mintákat egy összetett metagenom-elemzésnek vettem alá: megvizsgáltam az egyes mikrobióták diverzitását, és készítettem egy differenciál abundancia analízist a tünetekkel legerősebb asszociációt mutató taxonok azonosítására. A főkomponens-analízis (PCoA) alapján a beteg és egészséges egyedek metagenomja egyértelmű különbségeket mutat, vagyis az emésztőrendszer bakteriális egyensúlya jelentősen változik a betegség során. Az alfa diverzitási értékek szerint ez nem a mikrobiális fajösszetétel, hanem az egyes taxonok relatív abundanciájának változásából adódik. A beteg egyedekben jelentősen nőtt az opportunistá patogének, mint a *Bacteroides* és az *Escherichia* egyedszáma, valamint jelentős mennyiségben kimutathatóak a betegség legvalószínűbb okozójának tartott *Clostridium* egyedei.

BUJTÁR ZSÓFIA

zsofi.bujtar@gmail.com

Info-bionika mérnöki

MSc, 4. félév

Pázmány Péter Katolikus Egyetem

Információs Technológiai és Bionikai Kar

Témavezető:

Dr. Csikász-Nagy Attila

egyetemi tanár, PPKE ITK

A sejtciklus, a napi ritmus és a DNS-károsodás kapcsolatának matematikai modellezése

A legtöbb daganatos beteg kezelése során DNS-károsodást indukálnak, hogy elpusztítsák a gyorsan osztódó, rákos sejteket. Ez a folyamat viszont az egészséges sejteket is károsíthatja: a sejtek eltérően reagálnak annak függvényében, hogy a kezelés alatt a sejtciklus melyik fázisában vannak, amit a napi ritmus is befolyásol. Ebből kiindulva egy olyan matematikai modellel foglalkoztam, ami rendszerszinten tartalmazza a sejtciklus, a napi ritmus és a DNS-károsodás (PRD-4-en keresztül) útvonalának a kapcsolatát *Neurospora crassa* esetén. A rendszer elemzéséhez in-silico kísérleteket végeztem, amit Matlab programozási nyelven implementáltam. Többféle fejlesztést végeztem a modellen. Beállítottam, hogy a PRD-4 expressziója folyamatos (napi ritmustól független) is lehessen, hozzáadtam a modellhez a DNS-károsodás sejtciklusra gyakorolt közvetlen hatását. Zajt adtam a sejtciklus időtartamához, valamint a napi ritmus és sejtciklus közötti kapcsoltsághoz. Szimulációkban DNS-károsodással megzavartam a napi ritmust és a sejtciklust, és elemeztem ennek rövidebb és hosszabb távú következményeit, azok okait. Különböző scenáriókat hasonlítottam össze: a DNS károsodás csak a napi ritmusra, csak a sejtciklusra vagy mindkettőre hatással volt, és a PRD-4 expressziója folyamatos vagy napi ritmusfüggő volt az egyes esetben. A DNS károsodás hosszú távú kimenetelét egy fázis-válasz görbével vizsgáltam. Rövid távon a sejtciklus napi ritmikusságát ellenőriztem, valamint, hogy a sejtciklusokat milyen hosszú ideig késlelteti, milyen erősen szinkronizálja a megzavarás. Megfigyeltük, hogy a DNS károsodás a realiztikusabb modellben eltérő reakciókat vált ki a napi ritmus és a sejtciklus fázisának függvényében. Számít, hogy a DNS-károsodás melyik napszakban történik. Hosszútávon nagy fáziseltérést okozhat, képes ideiglenesen megzavarni a sejtciklus napi ritmikusságát, valamint rövidebb távon a sejtciklus erős szinkronizációját okozhatja. Emellett előfordulhat, hogy a DNS károsodásnak szinte egyáltalán nincs hatása a napi ritmusra és a sejtciklusra. Ez fontos a daganatos kronoterápiák során: ha a kezelés idejét a beteg belső órájához igazítjuk, a kezelés hatékonysága növelhető és egészséges sejtekre gyakorolt mellékhatása csökkenthető.

DVORZSÁK FRUZZSINA

dvorzsakfruzsina@gmail.com

Molekuláris bionika mérnöki BSc

BSc, 7. félév

Pázmány Péter Katolikus Egyetem

Információs Technológiai és Bionikai Kar

Témavezetők:

Csikász-Nagy Attila

Egyetemi Tanár, PPKE ITK

Keömley-Horváth Bence

PhD hallgató, PPKE ITK

Neurodegeneratív betegségeket okozó ágensek sejtek egészségére gyakorolt hatásainak elemzése

A neurodegeneratív betegségek előfordulási gyakoriságának növekedésével az e betegségeket molekuláris szinten vizsgáló kutatások minden eddiginél nagyobb figyelmet kapnak. A legújabb kutatások szerint bizonyos fehérjék kulcsfontosságú neurotoxikus ágenseknek számítanak egyes neurodegeneratív betegségek kialakulásában, például az Alzheimer-kór, a Parkinson-kór, a Huntington-kór vagy az amiotrófiás laterálszklerózis esetében. E fehérjék rendellenes felhalmozódása fehérje aggregátumok képződéséhez vezet, amelyek változásokat idézhetnek elő a sejtben jelen lévő fehérjék szerkezetében és mennyiségében. A sejt proteomprofiljának ilyen változásai befolyásolhatják a sejt folyamatokat irányító fehérjekomplexek kialakulását és megfelelő működését, a fehérjeaggregátumok jelenléte tehát szoros összefüggésben van a sejtek homeosztázisának felborulásával és a betegségek kialakulásával. Érdekes módon a különböző fehérjék felhalmozódása más-más klinikai hatást vált ki, így más-más betegségek patogeneziséhez vezet. A jelenség vizsgálatához öt humán neurotoxikus fehérjét expresszáltak *Saccharomyces cerevisiae*-ben egy indukált fehérje-aggregációs kísérlet részeként, hogy a különböző neurotoxikus fehérjék hatása alatt álló sejtekből proteomikai adatokat nyerjenek ki. Az adatok alapján számítógépes szimulációkkal modellezhetőek a sejtek, azaz becsülhető a sejtekben lévő fehérjekomplexek szerkezete és mennyisége. A fehérjekomplexek predikciójára a Cytocast szimulátor szoftvert használtam, amely sztochasztikusan képes megbecsülni, hogy az adott sejtben mely fehérjekomplexek voltak jelen, miközben ezek mennyiségeire is közelítést ad. A szimuláció eredményeinek segítségével össze tudtam hasonlítani a sejtek szimulált komplexom profiljait, így az expresszált fehérjék specifikus tulajdonságaira tudtam következtetni. Ezenkívül megvizsgáltam a neurotoxikus fehérjék hatása közötti hasonlósági mintákat, amelyek értékes ismereteket szolgáltatnak az aggregáció okozta sejthalál megértésében. Dolgozatom olyan kvalitatív és kvantitatív különbségeket mutat be, amelyeket a különböző neurotoxikus ágenseket expresszáló élesztősejtekben találtam; ezenkívül tárgyalja a kiváltott sejtválaszok főbb hasonlóságait is a sejthalál korai jeleinek vizsgálatával. A szimulált komplexom profilok ezen különbségeinek vizsgálata remélhetőleg közelebb viszi a tudományt a fehérje-aggregáció által kiváltott mechanizmusok megértéséhez, ezzel is segítve a neurodegeneratív betegségek minél hatékonyabb terápiáját.

KALCSEVSZKI REGINA

kalcsevszki.regina@hallgato.ppke.hu

Mérnök-informatikus

MSc, 4. félév

Pázmány Péter Katolikus Egyetem

Információs Technológiai és Bionikai Kar

Témavezető:

Ligeti Balázs

adjunktus, PPKE ITK

Biomarkerek keresése a mikrobiomban

Az elmúlt évek során egyre több tudományos cikk foglalkozik a humán mikrobiom és a betegségek kapcsolatával. A mikrobiom az emberi testben és annak felületén élő mikroorganizmusok összessége. A kutatások kimutatták, hogy bizonyos betegségek esetén a mikrobiom összetétele megváltozik, ennek hatására egyes betegségek (pl. kettős típusú cukorbetegség, májcirrózis) predikálására is alkalmas lehet. Ismereteink szerint nincsen olyan biomarker adatbázis, ahol ezek átfogó módon meglennének. Kifejezetten baktérium arányokat szeretnénk azonosítani, mert úgy hisszük, hogy jobb indikátorai a közösségben történt változásnak, mint ha csak fajokat azonosítunk. Olyan eredményeket szeretnénk előállítani, amik tesztelhetőek a 16S szekvenálási technológiával, ami azonban csak nemzetség (genus) szinten képes vizsgálni a mikrobiomokat. A mikrobiom összetételét az adott környezetből vett minta szekvenálásával és az adatok elemzésével lehet meghatározni. A témában született cikkek egy jó része azonban nem foglalkozik azzal, hogy a mikrobiom összetételi adatok kompozíciós adatok, így az általános statisztikai módszereket nem lehet közvetlenül alkalmazni rajtuk. A munka során feldolgoztunk tizenkét adathalmazt, majd kiválasztottunk kettő vastag- és végbélrákos betegek székletmintájából származó mikrobiom szekvenálás adathalmazt és összehasonlítottuk a beteg és kontroll csoportokat. Az elemzésnél különös figyelmet fordítottunk az adatok kompozíciós mivoltára, és külön az ilyen adatokra kifejlesztett módszereket alkalmaztunk. Különböző arányokat próbáltunk azonosítani egy mostanában publikált algoritmus segítségével. Több nemzetség (genus), sőt törzs (phylum) szintű markert találtunk, amik alapján sikerült osztályoznunk a rákos és kontroll csoportokat.

MARTON MARCELL

martonmarcellaszlo@gmail.com

Molekuláris bionika mérnöki

BSc, 9. félév

Pázmány Péter Katolikus Egyetem

Információs Technológiai és Bionikai Kar

Témavezető:

Csikász-Nagy Attila

Egyetemi Tanár, PPKE ITK

Nagyskálájú biológiai adatok integrációja – Gyógyszer-fehérje interakciók

A sejtekben található fehérjék biológiai funkciójukat sokszor komplexekbe rendeződve valósítják meg. A komplexek képződése egy dinamikus folyamat, ami függ a jelen lévő fehérjék mennyiségétől és minőségétől. Ezt a rendszert, a proteom interakciós hálózatát gyógyszermolekulákkal megzavarva a fehérjekomplexek minősége és mennyisége megváltozik, ami kihat a sejt élettani működésére. Ennek a változásnak a predikciója több területen is rendkívül hasznos lehet. A predikcióval szerzett tudás a hagyományos gyógyszerfejlesztéseket és gyógyszerkísérleteket is segíteni tudná, ahol a kutatások idejének és ezzel költségének csökkentésére nagy erőfeszítések történnek és minden olyan kutatás, ami ennek elősegítését szolgálja, nagy értékkel bír. Kutatásom során egy in-silico egészsejtes szimulációkat végző programot használva szimulálom a metformin gyógyszer hatását virtuális egérsejtekre. A program bemenő paraméterként fehérje-fehérje és domain-domain interakciós hálózatokat használ többek között. Ezekbe a hálózatokba illesztjük bele virtuálisan a vizsgálni kívánt gyógyszert, ezért minél pontosabb tudás szükséges arról, hogy az adott gyógyszer mely fehérjékkal, azon belül is a fehérjének milyen részével képes kölcsönhatásba kerülni. Azonban az elérhető információ a gyógyszer interakciójáról legtöbbször hiányos, nem pontosan ismert, ezért kutatásom másik része ennek a kölcsönhatási információnak feltérképezése, szimulációkkal való kinyerése volt. A szimuláció előkészítésében nagy problémát okozott az interakciókról meglévő és elérhető információk mennyisége. Ezért másfajta szimulációkat használva próbáltam feltérképezni, hogy a vizsgált gyógyszermolekulám milyen fehérjékkal, azon belül is mely domainjével léphet fizikai interakcióba. Több dokkoló szoftvert is használok, mivel eltérő szoftverek eltérő módon kezelik a molekulákat, az interakció folyamatát és az eredményül adott mérőszámokat ezért több független program együttes használatán alapuló pontozással a megbízhatóság növelhető és a molekuláris dokkolások eredményeit felhasználva további, pontosabb in-silico szimulációkat elvégzése válik lehetségessé. Tehát kutatásom során in-silico szimuláció segítségével vizsgálom a metformin nevű gyógyszer egér májsejtekre kifejtett hatását, amely szimuláció korábbi tanulmányokon alapszik. Ezután dokkoló szoftverek segítségével a gyógyszerrel feltehetően interakcióba lépő molekulákat identifkálom és a kapott eredményeket újabb, pontosabb in-silico kísérlet elvégzéséhez használom.

TÓTH ÁDÁM

tothad95@gmail.com

Biológus

MSc, 1. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Mike Árpád

tudományos főmunkatárs, ELTE TTK

Mitől válik egy molekula jó nátriumcsatorna gátlóvá?

A feszültségfüggő nátriumcsatornák az ideg- és izomsejtek membránjában elhelyezkedő transzmembrán csatornafehérjék, melyek az ingerületek továbbításában töltenek be fontos szerepet. Mutációik számos betegségben kimutathatók, így fontos gyógyszer-célpontok. Gyógyszer-kötőhelyük azonban speciális, szinte csak apoláros oldalláncok határolják. Ennek következtében ez az egyik legkevésbé válogatós ismert kötőhely, rendkívül sok, diverz szerkezetű anyag képes nem-specifikus kölcsönhatást kialakítani és így gátolni a csatornát. Egyes tanulmányokban a gyógyszerek kb. negyede, ill. fele is hatékony nátriumcsatorna-gátlónak bizonyult. Adódna a kérdés, hogy pontosan milyen kémiai szerkezetű anyagok képesek ill. nem képesek a nátriumcsatornát gátolni, erre vonatkozó szisztematikus vizsgálatot azonban mindezidáig nem végeztek. Természetesen a nátriumcsatorna-gátló-képesség még nem tesz egy vegyületet jó gyógyszerré. A jó terápiás profillal rendelkező hatóanyagok nem nagy affinitásuknak, hanem kedvező hatásmechanizmusuknak köszönhetik terápiás hatásukat. A gátlószerek hatásmechanizmusukban jelentősen különböznek, és fontos lenne megérteni, hogy milyen kémiai tulajdonságok határozzák meg a különbségeket. Legfontosabb kérdés a nem-specifikus és specifikus kötés elkülönítése; a specifikus kötésben egy fenilalanin-oldalláncnak van kulcsszerepe. Vizsgálataink során keminformatikai eszközökkel feltártuk, mely fiziko-kémiai tulajdonságok meghatározóak a fenilalaninhoz történő specifikus kötődésben. Kutatásunk alapjául egy korábbi publikáció (Zheng és mtsai, 2015) adatait használtuk, amely azért különleges, mert nem csupán nagy mennyiségű vegyületet vizsgáltak meg azonos metodikával, hanem ugyanazon kísérleten belül párhuzamosan mértek vad-típusú és kötőhely-mutáns csatornán. Kísérleteinkben a "Library of Pharmacologically Active Compounds" (LOPAC) hatásait vizsgálták, ez 1280 molekulát jelent, amelyet a Sigma-Aldrich DMSO-ban készített 10 mM-os törzsoldatban forgalmaz. Vizsgálataink alapján sikerült azt a térrészt definiálni a leírók által meghatározott kémiai térben, ahol a nagy affinitással és specifikusan (fenilalanin-függő módon) kötő nátriumcsatorna-gátló anyagok összpontosulnak.

ZSICHLA LEVENTE

zsichla.levente@gmail.com

Biológia

BSc, 5. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Müller Viktor

egyetemi docens, ELTE TTK

Elvesztett életévek számítása a COVID-19-járványban

A Covid19-járvány társadalmi szintű hatásának felméréséhez az egyik legintenzívebben vizsgált statisztikai mutató a fertőzések halálozási aránya (infection fatality ratio, IFR), ami megmutatja, hogy a SARS-CoV-2 által megfertőződött személyek mekkora hányada veszíti életét a betegség folyamánként. Ezen túl további fontos mérőszám az elvesztett életévek száma (years of potential life lost, YPLL), ami azt a maradék élettartamot fejezi ki, amire az elhunytak várhatóan számíthattak volna. Mivel a Covid19 halálozási aránya erősen korfüggő, az elvesztett életévekre vonatkozó korábbi számítások a felmért populációkban az elhunytak korosztályának várható élettartamát vették alapul. Pályamunkámban egy új módszert mutatok be az elvesztett életévek (populációs átlagának és eloszlásának) becslésére, melynek alapja az a feltételezés, hogy a fertőzés lefolyásának súlyosságát nem közvetlenül a kor, hanem a kor előrehaladtával is egyre romló általános egészségi állapot befolyásolhatja. Ebből következik, hogy egy adott korosztályon belül is azok halnak meg nagyobb valószínűséggel, akiknek rosszabb az egészségi állapotuk, így a korosztályon belüli átlagnál kisebb a várható élettartamuk. Becslési módszerünkkel jó illeszkedés érhető el az ismert korfüggő halálozási arányokhoz, ugyanakkor a halálozások számával ellentétben az elvesztett életévek átlagos számára a korábbi becsléseknél lényegesen alacsonyabb értéket kapunk. Különböző demográfájú populációknál tapasztalható lehetséges következmények megbecslését is elvégeztük. Eredményeink jelentőséggel bírhatnak a járvány elleni intézkedések árának és nyereségének mérlegelésénél.

Biotechnológia

FARKAS FANNI

farkasfanni0704@gmail.com

Orvosi Biotechnológia

MSc, 4. félév

Pázmány Péter Katolikus Egyetem

Információs Technológiai és Bionikai Kar

Témavezetők:

Gáspári Zoltán

Egyetmi docens, PPKE ITK

Péterfia Bálint

Tudományos főmunkatárs, PPKE ITK

A PSD-95 fehérje GK doménjének és interakciós partnerének biotechnológiai előállítása, szerkezeti és funkcionális vizsgálata

Az idegsejtek kommunikációjában, az ingerület átadásában, pontosabban a szinaptikus palszticitásban így a tanulásban, a memória kialakulásában elengedhetetlen szerepe van a posztzinaptikus denzitásnak. A több ezer itt található fehérje egymáshoz kapcsolódva komplex hálózatot alakít ki, interakcióikkal segítik az információ sejten belüli áramlását a membrántól egészen a sejt mélyebb rétegéig. Az általam vizsgált állványfehérje, a PSD-95 központi szervezője a PSD-nek. Kapcsolatot alakít ki egyrészt a posztzinaptikus membránon található AMPA és NMDA receptorokkal, másrészt GK doménje révén a GKAP fehérje GBR régiójával, tehát nagyon fontos szerepe van az információ átadásában, így nem meglepő, hogy meghibásodása súlyos idegrendszeri betegségeket okozhat. A szakirodalom szerint az interakció létrejöttéhez a GBR régiónak foszforilálnak kell lennie. Munkám célja a PSD-95 GK doménjének biotechnológiai előállítása volt NMR spektroszkópiai mérésre alkalmas mennyiségben és tisztaságban. Az NMR mérések segítségével sok információhoz juthatunk a fehérje funkcióját és szerkezetét illetően. Emellett feladatomban volt még a GKAP GBR régiójának előállítása, majd a megtermelt két fehérje között kialakuló interakció vizsgálata különböző módszerek segítségével. Laboratóriumi munkám során először *Escherichia coli* baktériumsejtekkel termeltem meg a PSD-95 fehérje GK doménjét jelöletlen, ^{15}N jelölt és végül ^{13}C , ^{15}N jelölt formában. Majd ennek interakciós partnerét, a GKAP fehérje GBR régióját is jelöletlen formában. A fehérjék izolálására affinitás-, ioncsere- és méretkizárásos kromatográfiát alkalmaztam. Az interakció vizsgálatokhoz pull-down esszét és biolayer interferencia vizsgálatokat végeztem, melyhez CAMKIIIB kináz kezelt és kezeletlen GBR fehérjét is használtam. Mindkét fehérje expressziós és tisztítási protokollját sikerült optimalizálnom. Az izotóposan jelölt GK doménről ígéretes NMR spektrumokat kaptunk, melyek jelhozzárendelését megkezdtem. Az interakció vizsgálatok eredménye szerint a GK domén a foszforilálatlan GBR régióval nem, vagy csak egy rendkívül gyenge interakcióra képes. A kináz kezelt GBR esetében az interakció erősödését nem lehetett kimutatni, itt a kezelés további optimalizálására lesz szükség.

GÖNCZI NOÉMI NIKOLETT
nikolett.noemi.gonczi@gmail.com
Biológus MSc
MSc, 4. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:
Prof. Dr. Kovács Kornél
emeritus professzor, SZTE TTIK
Strang Orsolya
tudományos segédmunkatárs, SZTE TTIK

Probiotikus és szájüregi patogén törzsek közti kölcsönhatások

A szájüregben található több milliárd baktérium és egyéb mikroorganizmus törékeny egyensúlyban él egymással, mely könnyen felborulhat. Ennek során a betegséget okozó patogén mikroorganizmusok elszaporodhatnak, és ezáltal kóros folyamatok indulhatnak el, mint a fogszuvasodás, halitózis, vagy fogágybetegségek. Ezen betegségek következményei sokak számára ismertek. Noha életet veszélyeztető állapot csak ritkán alakul ki, az életminőséget nagyban képesek lerontani. Kezelésük gyakorta kellemetlen és költséges. A kísérletek során arra kerestük a választ, hogy a kialakult diszbiózis visszafordítható-e, ezáltal a szájüregi betegségeket megelőzhetnénk, még mielőtt maradandó kárt okoznának. Kísérleteim során 8 patogén, illetve 8 probiotikus törzssel és egy kereskedelmi forgalomban is kapható kevert probiotikus készítménnyel dolgoztam. Az általam vizsgált patogén törzsek a *Fusobacterium nucleatum*, *Porphyromonas gingivalis*, *Aggregatibacter actinomycetemcomitans*, *Streptococcus mutans*, *S. oralis*, *S. gordonii*, *Enterococcus faecalis*, *Prevotella buccae* voltak. A felsorolt baktériumok nagy része kulcsszerepet játszik a szájüregben megjelenő betegségek kialakulásában. A felhasznált probiotikus baktériumok a *Lactobacillus plantarum*, *L. rhamnosus*, *L. casei*, *L. acidophilus*, *L. delbrueckii*, *Bifidobacterium thermophilum* illetve két *Streptococcus dentisani* törzs volt. Munkám során azt vizsgáltam, hogy a probiotikus mikrobák képesek-e a fent említett patogén baktériumok növekedését gátolni, így a jövőben alkalmasak lehetnek-e terápiás felhasználásra, felhasználhatjuk-e őket arra, hogy a diszbiózist megszüntessük. A kísérletek során azt tapasztaltam, hogy mindegyik patogén ellen legalább ötféle probiotikum hatással volt és gátolta a növekedésüket. A mikrobák egymásra gyakorolt hatását egy módosított agar diffúziós módszerrel követtem nyomon.

HORVÁTH PATRIK

htpatrik@gmail.com

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezetők:

Boros Eszter

tudományos segédmunkatárs, ELTE TTK

Dr. Nyitray László

egyetemi tanár, ELTE TTK

A chlorotoxin és tumor-asszociált partnereinek in vitro interakciós vizsgálata

A chlorotoxin egy 36 aminosav hosszúságú minifehérje, amelyet a *Leiurus quinquestriatus* skorpió mérgéből izoláltak. A fehérje érdekes tulajdonsága, hogy képes nagy specifitással tumorsejtek felszínéhez kötődni, ezáltal megjelölni azokat. Ezért a chlorotoxin különböző diagnosztikai és terápiás eljárásokban való alkalmazásában nagy potenciál rejlik. A chlorotoxin több tumor-asszociált kölcsönható partnerét is számon tartják, azonban in vitro kísérletekben még nem minden esetben igazolták az interakciót, illetve nem jellemezték részletesen a kölcsönhatást. Feltételezések szerint a chlorotoxin fő receptora a tumorsejtek felszínén a mátrix metalloproteáz 2 (MMP2), amelynek többek közt szerepe van a metasztázis, a sejtinvázió, az angiogenezis egyes lépéseiben. A fentebb felsorolt folyamatokban szintén szerepel a chlorotoxin egy másik feltételezett partnere, az annexin A2 (ANXA2) fehérje is. Kutatómunkám során a chlorotoxin és feltételezett fehérjepartnerei közötti kölcsönhatás in vitro vizsgálatával és a komplexek térszerkezetének meghatározásával foglalkozom. Előállítottam az MMP2 katalitikus doménjének és az ANXA2 fehérjének avidin-címkével ellátott változatát és vizsgáltam ezek chlorotoxinnal való kölcsönhatását. Ezen kívül fehérjekristályosítási céllal előállítottam az MMP2 címke nélküli változatát is. In vitro vizsgálati módszerekkel kimutattam, hogy az ANXA2 és a CTX nem hat kölcsön, valamint előkísérletek során azt tapasztaltam, hogy az MMP2 katalitikus domén szubmikromólos affinitással képes chlorotoxint kötni. A vizsgált kölcsönhatások pontosabb megismerése nagymértékben hozzájárulhat a chlorotoxin diagnosztikai és terápiás célokra történő továbbfejlesztéséhez.

KOCSIS DOROTTYA

kocsis.dorottya.1@hallgato.ppke.hu

Orvosi biotechnológia

MSc, 4. félév

Pázmány Péter Katolikus Egyetem

Információs Technológiai és Bionikai Kar

Témavezető:

Vidáné Dr. Erdő Franciska

Egyetemi docens, PPKE ITK

Functional identification of P-glycoprotein at the dermal barrier

The presence of efflux transporters in the skin has already been described in several cell types in the epidermis, dermis and in dermal blood vessels. However, the exact role of these proteins has not been verified yet. The aim of this study is to characterise the function of the most abundant efflux pump (Permeability-glycoprotein, P-gp) in the drug absorption across the dermal barrier. In order to get insight in one aspect of transdermal drug absorption and drug-drug interactions, two P-glycoprotein substrates (erythromycin and quinidine) were used as model substrates in cream and gel formulations. The penetration was tested through rat skin in the presence and absence of P-gp inhibitor with a widely used Franz-diffusion cell system and a skin-on-a-chip microfluidic device, which is a miniaturised, dynamic version of the Franz-cell. The penetrated concentration of the drug was measured in the acceptor compartment using mass spectrometry technique. Our questions focused on 1) the effect of the P-gp inhibitor on substrate absorption; 2) the differences between the examined substrates (erythromycin versus quinidine); 3) the differences between the given formulations (cream versus gel); 4) the differences between the conventional Franz-diffusion cell system and the newly developed microfluidic device, and 5) the preservation of P-gp functionality after a freezing/melting procedure. The results show that the absorbed drug concentration is significantly higher in the absence of the inhibitor, both in the case of erythromycin and quinidine (using either creams or gels), but only on freshly-prepared skin surfaces. That indicates that the P-glycoprotein plays an essential role in the transdermal penetration process as transporting the compound out from the cell, enabling its uptake by a deeper cell and pumping it into blood vessels. This phenomenon could not be observed on previously frozen skin samples, which means that the transporter protein is most probably deactivated, it cannot enhance the penetration. The studies should be continued to have the precise characteristics of the penetration profile. Besides the results demonstrating the transporter's role in transdermal absorption, it can also be seen that the results gained from experiments on microfluidic device are reproducible and confirm the data of the classical method, therefore this technique might be an effective tool and good alternative to Franz-diffusion cell system.

KÓS TAMÁS
kostomi0128@gmail.com
Molekuláris bionika mérnök
BSc, 5. félév
Pázmány Péter Katolikus Egyetem
Információs Technológiai és Bionikai Kar

Témavezető:
Laki András József
Egyetemi adjunktus, PPKE ITK

Mikrofluidikai szeparáció determinisztikus laterális elválasztás alapján

Dolgozatomban egy mikrofluidikai szeparációs módszert, a determinisztikus laterális elválasztást (DLD) mutatom be. A DLD-alapú eszközök olyan geometriai tulajdonságokkal rendelkeznek, aminek segítségével lehetséges az eszközön átáramló folyadékban lévő mikrorészecskéket méret, alak, sűrűség és egyéb fizikai tulajdonságok alapján elválasztani. Az eszközök elsősorban mikrobiológiai és diagnosztikai vizsgálatok során alkalmazhatók, például a vér különböző komponenseinek elválasztására vagy a metasztázis során a vérben megjelenő cirkuláló tumorsejtek detektálására. A DLD-alapú készülékekben a részecskék áramlási iránya elméletileg kétféle lehet, ezért az elválasztott komponensek külön kimenetekbe gyűjthetők össze. A részecskék útvonalát az határozza meg, hogy az átmérőjük nagyobb vagy kisebb-e az eszközre jellemző kritikus átmérőnél. Kísérletekben azonban megmutatták, hogy a megfelelő mérettartományban az áthaladó komponensek "kevert mozgás"-t végeznek, és elmozdulási szögük a két szélső tartomány közé esik. A szakirodalomban eltérő magyarázatok olvashatók a "kevert mozgás" kialakulásával kapcsolatban, okozhatja a jelenséget a részecskék diffúziója vagy a folyadékáramlás egyenetlensége a bemenetek és az oldalfalak következtében. Dolgozatomban leírom egy DLD-alapú mikrofluidikai eszköz megtervezését és legyártását, és a mikrofluidikai mérés menetét. A mérés során mikrofluidikai eszközökön 6, 7, 8 és 10 mikrométeres mikrogöngyöket áramoltattam át. Az eredményeket Bürker-kamra és videofelvételek készítése segítségével kiértékeltem, majd megbecsültem a tervezett eszköz kritikus átmérőjét, amit összehasonlítottam a szakirodalomban fellelhető egyenletek alapján kiszámolt értékekkel. A "kevert mozgás" jelenségét is sikerült megfigyelnem az eszközökben a részecskék elmozdulási szögének és oldalirányú elmozdulásának megméréssel, és megvizsgáltam, melyik elmélet írja le a legmegfelelőbbben a mérési tapasztalatokat.

MAJOR GYÖNGYI

gyoongyus@gmail.com

Biológia

MSc, 3. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Jakab Gábor

egyetemi tanár, PTE TTK

Funkcionális rekombináns növényi PRLIP1 fehérje termeltetése baktériumban (*Escherichia coli*)

A növények a különböző biotikus stresszre válaszként helyileg és szisztémásan patogenezishez kapcsolódó (PR) proteineket termelnek, amelyek segítik a védelmet. Ezek expressziója eltérő mértékben jellemző az olyan növényi hormonok, mint a szalicilsav, a jázmonsav és/vagy az etilén felhalmozódása után. A PRLIP gének expressziós mintázata és géncsaládba szerveződése a PR proteinek génjeihez hasonló. A géncsalád patogén fertőzés során indukálódó tagja a PRLIP1, ami a géncsalád többi tagjával megegyezően egy 3-as típusú lipáz enzimekhez hasonló fehérjét kódol. Nem tudjuk pontosan, mi a PRLIP1 fehérje szerepe a növény védelmi válaszában. A PRLIP1 biokémiai funkciójának feltérképezésére a fehérjét baktérium (*E. coli*) sejtekben termeltettük meg. Ehhez egy arabinóz indukálható promotert (pBAD) és a GFP riportergént, mint fúziós partnert tartalmazó vektorkonstrukciót választottuk, mivel a szakirodalmi adatok alapján a GFP fluoreszcenciája használható a fehérje oldhatóságának meghatározására. Munkám során különböző hőmérsékleten tenyésztettük a fúziós fehérjét expresszáló baktériumtörzseket. A korrekt fehérjeszerkezet kialakulását a GFP fluoreszcenciájának monitorozásával vizsgáltuk. Eredményeink alapján a tenyésztési hőmérséklet csökkentése növelte az oldható fehérje mennyiségét, de még így is nagy mennyiségű protein került zárványtestekbe. A Tween 20 észterrel kiegészített minimál táptalajon (Mg) történő tenyésztés során igazoltuk a GFP-PRLIP1 fehérjét expresszáló baktériumtörzsek megnövekedett észteráz aktivitását. Az in vitro észteráz assay-t p-nitrofenil butiráttal végeztük el a szolubilis frakcióban lévő, valamint a tisztított zárványtestekből kioldott fehérjékkel is. Mindkét frakció esetében kimutatható volt a fúziós PRLIP1 fehérje észteráz aktivitása. Ezen eredmények alapján a baktériumban megtermeltetett rekombináns GFP-PRLIP1 fehérje alkalmas további tisztításra és biológiai szubsztrátjának vizsgálatára, amit további munkáinkban tervezünk.

MARUZS BRIGITTA ALEXANDRA
maruzsbrigi@gmail.com
Molekuláris Bionika Mérnöki
BSc, 7. félév
Pázmány Péter Katolikus Egyetem
Információs Technológiai és Bionikai Kar

Témavezetők:
Gáspári Zoltán
Egyetemi Docens, PPKE ITK
Péterfia Bálint
Tudományos munkatárs, PPKE ITK

A posztzinaptikus Homer-1 fehérje kétszeresen jelölt EVH1 doménjének biotechnológiai előállítása NMR szerkezet meghatározására

Az idegsejtek közötti kommunikációnak, valamint a szinaptikus plaszticitásnak a megértése elengedhetetlen az idegrendszer különböző folyamatainak, így az agy működésének megismerésében. Az erre irányuló kutatómunkák teszik lehetővé olyan elemi tevékenységeink feltérképezését, mint az alvás vagy a tanulás. A szinapszis működésében fontos szerepet tölt be a fogadó sejt membránja alatt található elektrodenz megvastagodás, a posztzinaptikus denzitás (PSD). A Molekuláris Biotechnológiai Laboratóriumban ezen struktúra különböző fehérjével foglalkozunk. Dolgozatom keretein belül a posztzinaptikus denzitás egyik állványfehérjéjének, a Homer1-nek az EVH1 doménjével végeztem kutatásokat. Többek között ez a fehérje adja a PSD fő vázát, EVH1 doménje pedig azért fontos a PSD vizsgálata szempontjából, mivel ezzel a régióval tud a Homer1 más fehérjékhez kötődni. Munkám célkitűzése az volt, hogy nukleáris mágneses rezonancia (NMR) spektroszkópiás mérésekhez megfelelő mennyiségű és tisztaságú, rekombináns EVH1 domént állítsak elő, amely mágnesesen gerjeszthető nitrogén- és szénatomokat tartalmaz. Az így meghatározott térszerkezet alapján a molekula belső dinamikáját és annak funkcióval való összefüggését, a fehérje egyes tulajdonságaiban betöltött szerepét tudjuk majd vizsgálni. Először *Escherichia coli* baktériumokkal termeltettem meg a Homer1 kétszeresen jelölt EVH1 doménjét, majd az előállított fehérjét különböző kromatográfiás lépésekkel izoláltam NMR mérésre alkalmas tisztaságba. A felvett NMR spektrumok alapján jelhozzárendelést végeztem, a kapott kémiai eltolódások pedig korrelálnak a 2000-ben leírt asszignáció eredményeivel. A tömegspektrometriás vizsgálat alapján a jelölés hatékonysága 98,9%-os. A jelöletlen és a jelölt fehérjéken is különböző spektrofotometriai vizsgálatokat hajtottam végre: cirkuláris dikroizmus spektroszkópiával a fehérje másodlagos szerkezetét, illetve abszorpciós spektroszkópiával a minták koncentrációját és minőségét vizsgáltam. A fehérjekonstrukció tartalmaz egy 6-His-tag régiót, mely szerkezeti vizsgálatok esetén levágható. Feladataimat először ezzel a konstrukcióval végeztem el, majd egy TEV hasítást követően megismételtem a méréseket. Az eredmények alapján elmondható, hogy egy jól feltekeredett, megfelelő másodlagos szerkezettel rendelkező, nagy tisztaságú fehérjét sikerült előállítanom.

SCHOBLOCHER DZSENER
schoblocher.dzsenifer@gmail.com
Biológus
MSc, 3. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:
Dr. Wirth Roland
tudományos munkatárs, SZTE TTIK

Alternatív biomasszák felhasználása és optimalizálása biogáz előállítás céljából

Napjainkban a fosszilis energiahordozók gazdaságosan kiaknázható forrásai kimerülő félben vannak, illetve kitermelésük és felhasználásuk különféle természeti, környezetvédelmi problémákat okoznak. Annak érdekében, hogy ezeket a problémákat kiküszöböljük, illetve a Föld népességének folyamatosan növekvő energiaigényét kielégíthessük, környezetbarát alternatív energiahordozók alkalmazását szükséges előnyben részesítenünk. Egy ígéretes jelölt erre a biogáz. A biogázból villamos energia és hő termelhető, illetve minden olyan tevékenységre felhasználható, amire ma fosszilis földgázt használunk. További előnye, hogy bármilyen biomassza felhasználásából elő lehet állítani. Tanulmányomban egy fenntartható körkörös gazdaságon alapuló rendszer áll a középpontban, melyben gyorsnövésű energia fűzfa, csirketrágya, illetve alternatív módon tenyésztett mikroalga biomassza keverékének biogáz előállításának lehetőségét vizsgálom. A hatékony biogáz termelés eléréséhez nem csak a fermentációs paraméterek megfelelő beállítása, de a folyamatban részt vevő mikrobák azonosítása és anaerob bontásban játszott szerepeinek ismerete is elengedhetetlen. A folyamatban jelenlévő mikrobák detektálására ezért modern metagenomikai módszereket alkalmaztam. Leolvasás alapú és genom-centrikus metagenomikai módszerekkel fényt derítettem a biogáz előállító tápláléklánc részvevőire, valamint azok feladataira. Az eredmények azt mutatták, hogy a folyamatban egy diverz mikrobiális közösség dolgozik együtt, melyet a biomassza hidrolizálásában részt vevő Firmicutes törzsbe tartozó *Clostridium* nemzetségek uralják. A biogáz előállításáért két törzs, a Methanomicrobiales és a Methanobacteriales volt felelős. Összességében megállapítható, hogy a megfelelő alapanyagok megválasztása, és az anaerob bontásban részt vevő mikrobiomról szerzett információk segíthetnek abban, hogy a jövőben még hatékonyabb biogáztermelő rendszerek kialakítására tehesünk szert.

SIMA KRISZTINA

krisztinasima@gmail.com

Molekuláris bionika mérnöki

BSc, 5. félév

Pázmány Péter Katolikus Egyetem

Információs Technológiai és Bionikai Kar

KEPLER TAMARA

kepler.tara@gmail.com

Molekuláris bionika mérnöki

BSc, 3. félév

Pázmány Péter Katolikus Egyetem

Információs Technológiai és Bionikai Kar

Témavezetők:

Dr. Gócza Elen

Tudományos tanácsadó,

NAIK, MBK, Állatbiotechnológiai Főosztály -

Alkalmazott Embriológia és Őssejt Kutatócsoport

Tokodyné Szabadi Nikolett

Tudományos segédmunkatárs,

NAIK, MBK, Állatbiotechnológiai Főosztály -

Alkalmazott Embriológia és Őssejt Kutatócsoport

**Hím- (ZZ), és nőivarú (ZW) tyúk ősvarsejt tenyészetek
proliferációs rátájának vizsgálata automata sejtszámláló készülék segítségével**

A biodiverzitás mértékének csökkenése és a fajok kihalása miatt napjainkban fontossá vált az egyes fajok genetikai anyagának megőrzése. Lehetségessé vált az ősvarsejtekkel való hatékony munka a technológia fejlődésével. E sejtek génbankban történő tárolásával megőrizhetővé válik a faj diverzitásának egy része, ezzel járulva hozzá a jelenség elleni küzdelemhez. Munkánk során házityúk embrionális ősvarsejtekkel foglalkoztunk. Ezek a sejtek jól izolálhatóak a madárembrióból, megfelelő körülmények között jól növekednek, tenyészetben fenntarthatók. A laborban több, a modern technikákat alkalmazó géppel dolgoztunk, azonban ezek üzemeltetéséhez viszonylag költséges kitekrekre van szükség. A munka gyorsítása és költséghatékonyabbá tétele miatt jött létre és fejlődik folyamatosan a KALSZIM program. A program későbbi használatával több adatot tudnánk nyerni az egyes vizsgálatoknál, illetve többféle mérés elvégzése is lehetségessé válna. Tyúkszérumos és szérummentes médiumokkal való munkánk során azt találtuk, hogy vannak sejtvonalak, amiknek nem megfelelő a szérummentes médium, míg más sejtvonalak a mért adatok alapján nagyon gyors és intenzív növekedésnek indultak. Az általunk kapott, és további rendelkezésünkre álló adatok alapján elmondható, hogy mind a tyúkszérumos, mind a szérummentes médium megfelelő hosszú távon az ősvarsejt tenyészetek fenntartására. A szérumos és a szérummentes médiumban tartott sejtek osztódási, apoptózis és nekrozis rátái között nem fedezhető fel szignifikáns különbség.

TÖRSŐK BRIGITTA

torsokbrigi@yahoo.com

Génebézészet

BSc, 6. félév

Sapientia Erdélyi Magyar Tudományegyetem

Csíkszeredai Kar

Témavezető:

Dr. Bodor Zsolt

egyetemi adjunktus, RO EMTE CSK

Dr. Csató Kovács Erika

egyetemi adjunktus, RO EMTE CSK

A fumaráz gén kiütésének hatása az *Escherichia coli* metabolizmusára

A biotechnológia a XXI. század egyik legdinamikusabban fejlődő tudományterületei közé tartozik, hiszen számos előnye mellett fenntartható és környezetbarát megoldásokat kínál. Ennek köszönhetően lehetőségünk van pl. magas hozzáadott értékkel rendelkező metabolitok bioszintézisére olyan megújuló alapanyagokból, mint glükóz vagy éppen glicerin. Napjainkban bioszintézissel, megújuló alapanyagok felhasználásával előállított molekulák száma exponenciálisan növekedik. E célra egyik leggyakrabban alkalmazott mikroorganizmus az *Escherichia coli*, amely számos előnnyel rendelkezik az anyagcsere-mérnökségben való felhasználásban pl. genom-léptékű metabolikus modell, széles spektrumú szubsztráthasznosítás és körülmény, stb. Ugyanakkor alkalmas olyan magas hozzáadott értékkel rendelkező vegyületek előállítására, mint a szukcinsav, amelyet számos iparág hasznosít mint kiinduló prekursor. Kutatásunk során az *E. coli* fitneszének valamint metabolikus potenciáljának elemzését végeztük aerob körülmények között különböző szénforrások és genetikai módosítások mellett. A kitűzött cél megvalósításához első lépésben meghatároztuk számítógépes modellezés segítségével a várható elméleti értékeket a biomasszára és a szukcinsavra vonatkoztatva az adott szénforrásokat és fermentációs körülményeket alkalmazva. Ezt követően λ -Red rekombinációs rendszer alkalmazásával tanulmányoztuk a fumaráz gén (fum) eliminálásának hatását in silico és in vivo a sejt metabolizmusára nézve. A mért adatok alapján, a legmagasabb szukcinsav hozamot ($3,74 \pm 1,18$ g/g) a 20 g/l glicerin tartalmú minimál táplevesben nevelt mutáns törzsek érték el, míg a legmagasabb szukcinsav koncentrációt ($26,05 \pm 3,62$ mmol/g*DCW) a 20g/l glükóz tartalmú táplevesben szintén a mutáns törzsek esetében érték el.

Etológia és viselkedésökológia

BOGNÁR ZSÓFIA

bognarzsosof@gmail.com

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezetők:

Dr. Kubinyi Enikő

Tudományos főmunkatárs, ELTE TTK

Szabó Dóra

PhD-hallgató, ELTE TTK

A fiatalabb és rövidebb fejű kutyák hamarabb létesítenek szemkontaktust

Az emberek leggyakrabban a szemkontaktust használják annak kifejezésére, hogy kommunikációt szeretnének kezdeményezni valakivel. A kedvencként tartott kutyák szintén érzékenyek az emberi szemkontaktusra. Az emberrel való szemkontaktus kialakítására való hajlandósággal mérhető az ember iránti szociális figyelem. A kedvencként tartott kutyák megnövekedett szociális figyelme az emberek iránt fokozhatja a kutya-ember kommunikáció és kooperáció hatékonyságát. A szociális figyelmet számos tényező befolyásolhatja. Azt vizsgáltam, hogy [1] a kor, [2] a fajtafunkció, [3] a cephalikus index (a fejforma mérőszáma (rövidebb fej – magasabb cephalikus index érték – jobb látásélesség)) és [4] az emberrel való játékosság befolyásolja-e egy idegen emberrel való szemkontaktus kialakítására való hajlandóságot. A kutyákat (N = 103) két viselkedéstesztben vizsgáltuk meg: mértük 1) a játékosságukat egy ismeretlen kísérletvezető által irányított játékhelyzetben és 2) a kísérletvezetővel való szemkontaktus kialakítások latenciáját (maximum 15 alkalom vagy 5 perc), miközben ismételten jutalmazta a kutyát virslifalatokkal a kialakított szemkontaktusokért. Szintén lemértem minden kutya cephalikus index értékét. [1] A fiatalabbak gyorsabban létesítettek szemkontaktust, összhangban korábbi tanulmányokkal, melyek az öregedés során bekövetkező figyelemcsökkenésről számoltak be. [2] A fajta funkciója is befolyásol: a kooperatív fajták gyorsabban létesítettek szemkontaktust, mint a vizuálisan független munkára szelektált fajták. [3] A magasabb cephalikus index értékű kutyák gyorsabban alakítottak ki szemkontaktust, talán a jobb látásélességük miatt. [4] A játékosabb kutyák gyorsabban kialakították a szemkontaktust. A cephalikus index nagy tartományban változik a fajtán belül is, és nincs szignifikáns összefüggésben a fajtafunkcióval. A kutatásomban bemutattam, hogy a cephalikus index érték egyedi szinten vizsgálva is összefüggést mutat a vizuális kommunikációs viselkedéssel.

CSEPREGI MELITTA
melittacsepregi@gmail.com
Biológus
MSc, 3. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Gácsi Márta
tudományos főmunkatárs, ELTE TTK

Egyforma-e a kapcsolatunk két legnépszerűbb társállatunkkal? - Macskák és kutyák viselkedésének összehasonlító vizsgálata

Korábbi vizsgálatokból ismert, hogy a kutya-gazda és a gyerek-anya kapcsolat viselkedési szempontból hasonló, az azonban kérdéses, hogy a macska-gazda kapcsolatra is igaz-e ugyanez. Kutatásunk célja macskák (N = 40) és kistestű kutyák (N = 27) gazdával való kapcsolatának összehasonlítása volt egy standard humán kísérlet, a gyerek-anya kapcsolat vizsgálatára kidolgozott Idegen Helyzet Teszt (IHT) módosított változatával. Az állatok viselkedésének elemzésével három fő aspektust különítettünk el: a gazdához való kötődést, az idegen környezet miatti stresszt és az idegen személlyel való interakciós készséget. A macskák nem mutattak a kötődési kritériumoknak megfelelő preferenciát a gazdájuk felé az idegen személlyel szemben, és kötődési pontszámaik szignifikánsan alacsonyabbak voltak, mint a kutyáké. A macskák kötődési és idegenelfogadási pontszámai pozitív összefüggést mutattak, míg a kutyáknál épp fordítva, a magas kötődési pontszámú kutyák kevésbé kerültek interakcióba az idegennel. A macskáknál az ismeretlen környezet okozta stressz mértéke is pozitív összefüggést mutatott a kötődési pontszámmal. Amellett, hogy ismét igazoltuk a kutyák gazda iránti kötődését, eredményeink alapján a macskák esetében inkább egyfajta általános szocialitásbeli különbség mutatkozott meg az emberek irányába. Mindez a vad ősz szociális rendszere és a háziasításuk jellegzetességeinek tükrében nem meglepő, ugyanakkor valamelyest ellentmond néhány nemrégiben megjelent kutatási eredménynek. Munkám során részt vettem a macskák és kutyák tesztelésében, viselkedésük kódolásában, valamint a statisztikai számításokban és az eredmények kiértékelésében.

GYARMATHY HELGA

gyhelga97@gmail.com

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Rosivall Balázs

egyetemi adjunktus, ELTE TTK

Ivararány-manipuláció és utódgondozás az örvös légykapónál

Számos fajnál megfigyelték, hogy az utódok ivararánya nem véletlenszerű. Ezt a jelenséget hívjuk ivararány-manipulációnak, amely háttérben az állhat, hogy ha a környezeti és szülői minőség az utódokból származó rátermettségyereséget ivarfüggő módon befolyásolja, akkor a szülőknek előnyösebb lehet az adott feltételek mellett kisebb nevelési költséggel, nagyobb túlélési vagy szaporodási eséllyel rendelkező ivar felé eltolni az utódok ivararányát. Célunk az volt, hogy az örvös légykapónál (*Ficedula albicollis*) vizsgáljuk a fiókák ivararányának a szülők rátermettségyére gyakorolt hatását teljes fészekaljcsérés kísérlettel. Bár korábbi eredmények azt sugallják, hogy ennél a fajnál a hím fiókák energiaigényesebbek, mégse találtak összefüggést a fészekaljak kísérletesen manipulált ivararánya és a fiókák növekedési rátája között. Erre lehetséges magyarázatként szolgálhat, hogy több hím utód esetén a szülők intenzívebben etettek. Dolgozatomban ezt vizsgáltam oly módon, hogy a szülők etetési aktivitását néztem kísérletesen manipulált ivararányú fészekaljakról készült videófelvételek elemzésével. Predikcióim szerint amennyiben a hímek valóban energiaigényesebbek, akkor a több etetésre képes szülők eredeti fészekaljában több a hím utód, és a kísérletesen több hímre tartalmazó fészekaljaknál a szülők többet etetnek. Az eredmények szerint azonban a nevelt utódok ivararánya nem volt hatással a szülők etetési rátájára, és az eredeti ivararányal is csak a hímeknél volt kapcsolat. A hímek, a várttal ellentétes módon azoknál a fészkeknél etettek gyakrabban, ahol eredetileg több tojó volt. Jelenlegi eredményeim, valamint a fiókák növekedését a fészekaljak ivararányával összefüggésben vizsgáló korábbi tanulmány eredményei nem támasztják alá, hogy az örvös légykapó vizsgált populációjában megfigyelt nem véletlenszerű ivararányok adaptívak lennének. Mindez azonban nem zárja ki annak a lehetőségét, hogy egy még nem vizsgált összefüggésben, az utódok jövőbeli szaporodási sikere szempontjából adaptív ivararány-manipuláció történne.

KOVÁCS TÍMEA

ki.ti.migg@gmail.com

Biológia

BSc, 5. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezetők:

Dr. Gácsi Márta

tudományos főmunkatárs, ELTE TTK

Reicher Vivien

doktorandusz, ELTE TTK

Eltérő tanítási helyzetek hatása kutyák viselkedésére és alvásmintázatára

A kutya (*Canis familiaris*) evolúciós szempontból és egyedfejlődését tekintve is az emberi környezethez adaptálódott faj, így számos neurális és viselkedésbeli hasonlóság teszi az ember lehetséges modelljévé. Ismert, hogy az érzelmi előkezelés hatással van az alvásra és a tanulásra. Utóbbi enyhe stresszhatás alatt a legeredményesebb. Kutatásom az érzelmi előkezelést a tanulás kontextusába helyezi: hipotézisünk szerint a tanítás stílusa (támogató és kontrolláló) hatással lehet a kutya tréning alatti viselkedésére, tanulási teljesítményére és alvásmintázatára. Húsz kutyát teszteltünk (a tervezett végső elemszám $N = 30$): egy adaptációs EEG mérést követően két kísérletvezető egy-egy alkalommal tanította őket az egyik, majd a másik stílusban arra, hogy angol nyelvű vezényszavakra hajtsanak végre két-két, már ismert feladatot. Mindkét tréning után teszteltük a tanulási teljesítményt, majd egy kétórás, neminvaszív poliszomnográfias módszerrel mért alvásvizsgálat következett. Ezt követően újra teszteltük a tanulási teljesítményt. Előzetes elemzésünk szerint a tanulási teljesítmény esetében a tréninget közvetlenül követő teszten az első alkalommal kondíciótól függetlenül jobban teljesítettek a kutyák. Az alvást követő újratestelés során a támogató tréning után sikeresebbek voltak a kutyák. Az alvási változók közül az alváshatékonyságra hatott a kondíció: a kontrolláló tréning után többet aludtak a kutyák. A tréning alatt több időt a gazda közelében töltő kutyák esetében nagyobb NREM és kisebb REM értékeket mértünk. A kondíciótól független jobb teljesítmény az első alkalom tesztjén proaktív interferenciának tudható be. A kondíció az első teszt eredményességét nem befolyásolta, viszont hatott az alvásra és az újratestelés eredményességére is. Az alváshatékonyság esetében kapott eredményeink egyedülállóak mind a humán, mind a kutya irodalomban, a NREM és REM értékek alakulása pedig az alvás érzelemfeldolgozásban és memóriakonzolidációban játszott összetett szerepére utal. Az elemszám növelésével részletesebb és még megalapozottabb elemzésre nyílik majd lehetőségünk.

LŐRINCZ ÁDÁM

lorincz.adam1297@gmail.com

Biológia (ökológia, evolúció és konzervációbiológia)

MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Lőrinczi Gábor

egyetemi adjunktus, SZTE TTIK

Eszközökkel vagy eszközök nélkül? A táplálékszállító eszközhasználat összehasonlítása mindenevő és maggyűjtő hangyáknál

Az eszközhasználat képességével az állatvilág lényegesen nagyobb része rendelkezik, mint azt korábban feltételezték. Bár a viselkedés terén a főemlősök és az énekesmadarak élvezik a legnagyobb figyelmet, az egyéb állatcsoportoktól, mindenekelőtt a rovarokról szóló ismeretanyag is folyamatosan bővül. Utóbbi csoport eszközhasználatának legismertebb és legtöbbet kutatott példája a bütyköshangyákhoz (Formicidae: Myrmicinae) köthető, amelyeknek egyes képviselői folyékony táplálékforrást fellelve különböző apró, környezetükben található tárgyakat helyeznek annak felületére, majd miután az elhelyezett tárgyakra tapadt némi táplálék, azokat a fészekbe szállítják fészektársaik táplálása céljából. A viselkedés a táplálékgyűjtés hatékonyságának növelése és új kompetíciós mechanizmusok kialakítása révén számos előnnyel ruhazza fel a folyékony táplálékforrásokat is hasznosító mindenevő fajokat, meglepte viszont magyarázatra szorul az olyan specializált életmódú csoportoknál, amelyek ezt a viselkedést természetes körülmények között feltehetőleg nem mutatják. Vizsgálatunk során egy mindenevő faj, a vörös karcsúhangya (*Aphaenogaster subterranea*) és egy táplálékspecialista faj, a maggyűjtőhangya (*Messor structor*) eszközhasználatát hasonlítottuk össze annak megállapítására, hogy az eszközhasználat mennyiben tér el a két különböző életmódot folytató hangyafaj között. Eredményeinkből kiderült, hogy a *M. structor* mind az eszközök ráhordásának és elszállításának dinamikája, mind a felhasznált eszközök mennyisége tekintetében alulmaradt mindenevő rokonával szemben, valamint, szemben az *A. subterranea*val, nem mutatott preferenciát egyik eszköztípus iránt sem. Mindez arra utal, hogy a *M. structor* az eszközhasználó viselkedés egy egyszerűbb, kevésbé kifinomult formája jellemzi, amely alighanem a mindenevő, fejlett eszközhasználatot mutató fajokkal alkotott közeli rokonságából eredeztethető, és egyfajta evolúciós maradványviselkedést képvisel.

NYITRAI VIKTÓRIA
nyitraiviki97@gmail.com
Biológia
MSc, 3. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
Dr. Herczeg Gábor
tanszékvezető, egyetemi tanár, ELTE TTK
Dr. Horváth Gergely
tudományos munkatárs, ELTE TTK

Táplálék preferencia és táplálkozási innováció barlangi és felszíni közönséges víziáskánál (*Asellus aquaticus*)

A viselkedési innováció kulcsfontosságú faktor az új élőhelytípusok sikeres kolonizációja során, ugyanakkor az érzékszervi és idegrendszeri háttere energetikailag költséges. Ezért új, alacsony komplexitású, stabil és izolált élőhelyek kolonizációját követően a viselkedési innováció evolúciós csökkenése várható. E hipotézis tesztelésére összehasonlítottam egy genetikailag izolált (legalább 60 000 éve) barlangi közönséges víziászka (*Asellus aquaticus*) populáció táplálékpreferenciáját és táplálkozási innovációját három felszíni populációéval és a legközelebbi felszíni populáció barlangban megtalált egyedeivel (ezeket kolonizáló egyedekként kezeltem). A barlangi táplálékforrás végletesen egyszerű, kizárólag endogén eredetű baktériumszőnyegek alkotják. Ezzel szemben a felszíni populációk változatos táplálékon élnek, elsősorban a különböző élő és elhalt növényi anyagokkal, valamint a rajtuk növekvő baktériumokkal és gombákkal táplálkoznak. A táplálkozási preferenciát felszíni (bomlásnak indult falevél) és barlangi (baktériumszőnyeg) táplálék jelenlétében, a táplálkozási innovációt pedig természetes élőhelyeken elő nem forduló két tápláléktípussal (bolti ráktáp és nyers uborka) szemben teszteltem. Minden vizsgált populáció a felszíni tápláléktípust preferálta, és mind fogyasztotta a természetben elő nem forduló táplálékforrásokat. A barlang vízrendszeréhez nem kapcsolódó felszíni populációk szinte teljesen elkerülték a barlangi táplálékot. A kolonizáló egyedek mutatták a legerősebb preferenciát a felszíni táplálék iránt. Az eredményeim alapján az izolált barlangi populáció megtartotta a felszíni táplálék iránti preferenciáját, és a táplálkozási innovációs képessége sem csökkent a legalább 60 000 barlangi év alatt. A barlangi táplálék inkább tűnik akadállynak, mint kiváltó oknak a barlang kolonizációjában.

SARKADI FANNI

sarkadifannig6@gmail.com

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Rosivall Balázs

egyetemi adjunktus, ELTE TTK

A fészekaljok ivararányának hatása a fiókák visszatérési rátájára

A rátermettség az evolúciós ökológia és viselkedésökológia központi fogalma, mérőszáma, melyet az egyedek sikerességének kifejezésére használnak. A vizsgálatokban a rátermettség becslésekor az élettartam alatti szaporodási sikert próbálják a lehető legpontosabban meghatározni. Madarak esetében a szaporodási siker legjobb becslésének általában a költőhelyre visszatérő szaporodóképes utódok (rekruták) számát tekintik. Itt azonban torzíthatja a becslést, ha nem vesszük figyelembe a rekrutákra ható nem véletlenszerű hatásokat, mint például az ivarfüggő születési területhűséget. Madaraknál általában a tojó a kevésbé területhű ivar, és ismert, hogy jelentős eltérések mutakozhatnak a fészekaljok ivararányában egy populáción belül. Ha nem vesszük figyelembe a rekruták számának vizsgálatokor az utódok ivararányát, előfordulhat, hogy a több tojót létrehozó szülők rátermettségét helytelenül alábecsüljük. Kutatásomban azt vizsgáltam, hogy az egyes fészekaljok ivararánya összefügg-e az ezen fészekaljakból visszatérő utódok számával, tehát az ivararány befolyásolhatja-e a rátermettségbecslésünket. A vizsgálatot az örvös légykapó (*Ficedula albicollis*) egy több évtizede kutatott hazai populációjában végeztem, öt év fészekaljainak adatai alapján. Hipotézisem szerint, amennyiben van eltérés az ivarok diszperziója között, a tojók felé eltolt ivararányú fészekaljakból arányában kevesebb utód tér vissza költetni, mint a hímek felé eltolt ivararányú fészekaljakból. Várakozásommal ellentétben a kirepüléskori ivararány nem mutatott összefüggést a rekruták számával, így eredményeim szerint a fészekaljok ivararánya ebben a populációban nem torzíja a rátermettségbecslést.

SZTRUHALA SÁRA

sara.sztruhala@gmail.com

Biológus MSc

MSc, 9. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezetők:

Prof. Herczeg Gábor

Tanszékvezető egyetemi tanár, ELTE TTK

Dr. Benedikt Holtmann

Postdoc, LMU München, Biozentrum Martinsried

Az állati személyiség evolúciós jelentősége: exploráció és szaporodási siker széncinegéknél (*Parus major*)

Az utóbbi években az állati személyiség (hosszú időn át és különböző kontextusok között megfigyelhető konzisztens egyedi viselkedésbeli eltérések, statisztikai kifejezője a szignifikáns repetabilitás) a viselkedésökológia egyik központi témájává vált. Az egyedek közötti viselkedési változatosság nagyon sok fajnál örökletesnek bizonyul. A széncinege (*Parus major*) explorációs viselkedésének mesterséges körülmények között végzett vizsgálata kimutatta, hogy ez a viselkedésjelleg (i) repetábilis, (ii) örökölhető és (iii) összefügg az egyedek diszperziójával. Továbbá az explorációs személyiség kovarianciát mutatott az élőhelyválasztással, párválasztással, túlélési rátával és az egyedek szaporodási sikerével. A németországi Seewiesen széncinege populációjáról 2010-2018 között begyűjtött hosszútávú adatbázison teszteltem (i) az explorációs viselkedés jelenlétét, (ii) a természetes szelekció hatását az explorációs személyiségre és (iii) meghatároztam a szelekció típusát (irányító, szétválasztó vagy stabilizáló szelekció). Lineáris vegyes modellek eredményei alapján az explorációs viselkedés mind a hím, mind a tojók esetében szignifikánsan repetábilis. Továbbá, azok a hímek, amelyek átlagos explorációs személyiségűek, több utódot hoztak létre, mint az szélsőséges explorációs személyiséget mutató egyedek. A kilenc év adatai alapján nem találtam lineáris trendet az egyedek explorációs viselkedésében. A kutatásom alapján arra a következtetésre jutottam, hogy az explorációs viselkedés hosszú távon jelen van a vizsgált populációban és a hímek explorációs személyisége stabilizáló szelekció alatt áll.

VARGA BENCE TAMÁS

v.bence.tamas@gmail.com

Biológus MSc

MSc, 3. félév

Állatorvostudományi Egyetem

Témavezetők:

Dr. Gyertyán István

kutatócsoport vezető, tudományos munkatárs, SE - Semmelweis

Egyetem, Farmakológiai és Farmakóterápiás Intézet, Kognitív

Transzlációs Viselkedésfarmakológiai Kutatócsoport

Dr. Hornung Erzsébet

egyetemi tanár, ÁTE, Biológiai Intézet, Ökológiai Tanszék

A félelmi kondicionálási procedúrához társítható feltételes ingerek szerepe a kialakult emlényom előhívásában

Kutatócsoportunk célja egy olyan komplex kognitív tesztrendszer felállítása, melynek a részét képező állati modellek, más és más kognitív képesség vizsgálatára irányulnak. A beállított és összehangolt módszerek később kognitív zavarokban hatékony szerek tesztelésére alkalmazhatóak. A félelmi kondicionálási paradigmák olyan szorongásos betegségek, mint a poszttraumás stressz szindróma (PTSD) tanulmányozására és esetleges kezelésére irányulnak, kardinális részét képezve a transzlációs orvoslásnak. A félelmi kondicionálás során egy averzív feltétlen ingert, leggyakrabban áramütést, valamilyen diszkrét feltételes ingerhez (pl. fény vagy hang) társítunk (akvizíció). Az így kialakuló félelmi memória a későbbi előhívási ülésekben tesztelhető, ahol az állatok nem kapnak áramütést, de a társítás alatt alkalmazott feltételes ingerek jelen vannak. A jelen dolgozatban ismertetett munka annak vizsgálatát célozta, hogy az akvizíció során alkalmazott diszkrét feltételes ingerek, valamint a kísérleti eljárás kontextuális elemei milyen mértékben járulnak hozzá a félelmi emlényom felidézéséhez. A mérések alatt az állatok (24 Hannover Wistar patkány) dermedési viselkedése és ultrahangos vokalizációja került rögzítésre. Az 5 akvizíciós alkalom során averzív ingerként ötször ismételt gyenge áramütést társítottunk, majd a 7 előhívási ülésben az emlényom felidézését vizsgáltuk különböző időpontokban, ismerős és új kontextusban, a társított diszkrét ingerekkel vagy anélkül. Eredményeink szerint a társított ingerek más kontextusban is képesek felidézni a félelmi emléket, bár kisebb mértékben, mint az eredeti környezetben. Az ismerős kontextus hang- és fényinger nélkül nem okozott szignifikánsan megnövekedett dermedést a korai előhívásos ülésekben, 3 hetes kihagyást követően azonban részleges, de szignifikáns dermedést váltott ki, feltételes ingerrel és anélkül is. Az akvizíciós ülésekben az áramütés előtti periódusban a dermedés emelkedett, a vokalizáció pedig lecsökkent, majd közvetlenül az áramütés után ennek fordítottja volt tapasztalható. A későbbi előhívási ülésekben a dermedési reakció a hang- és fényingerek ismétlésének függvényében haranggörbét mutatott. Konklúzióink: 1) a dermedés anticipációs, míg a vokalizáció reaktív válasz 2) az állatok rövidtávon a társított feltételes ingerekhez kötötték az áramütést, nem a környezethez, hosszabb memóriakonzolidációs periódust követően azonban az averzív élmény kontextusa is „megcímkéződött”.

Genetika

BORBÉLY NOÉMI

borbelynoemi9702@gmail.com

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Varga Máté

egyetemi docens, ELTE TTK

Az IRES-függő transzláció vizsgálata zebrahalban

Az eukarióta sejtekben a fehérjeszintézis templátjaként a messenger RNS (mRNS) szolgál, melyről a transzláció iniciációja alapvetően kétféle mechanizmussal történhet meg: a kanonikus, „sapkától” (cap) függő úton, illetve a belső riboszóma-kötőhelyeknek (IRES- Internal Ribosome Entry Site) köszönhetően egy ettől eltérő, alternatív módon. Az IRES-szekvenciák felismerésében fontos rRNS-szakaszok gazdagok módosult nukleozidokban, például pszeudouridinben, melyek jelenléte elengedhetetlen a riboszómák helyes biogeneziséhez és a megfelelő riboszóma-térszerkezet kialakulásához. A pszeudouridilációt végző enzimkomplex egyik fő alkotója a diszkerin enzim, melynek defektusa esetén a riboszómák térszerkezete megváltozhat, így az IRES-felismerés képessége és az erről történő transzláció mennyisége is változhat. Kutatócsoportunk több funkcióvesztéses zebrahal (*Danio rerio*) vonallal is rendelkezik a diszkerin génre, melyek segítségével szeretnénk megérteni, hogy a pszeudouridilációnak milyen hatása van az IRES-függő transzlációra, képes-e azt általánosan szabályozni. Munkám során létrehoztam egy riporter rendszert, mellyel IRES-szerű szekvenciák injektálhatók be zebrahal embriókba: a riporter genomba épülését, valamint az IRES-szerű szakasról történő transzlációt egy-egy fluoreszcens fehérje létrejötte jelzi. Ezáltal vizsgáltam, hogy egy adott IRES-szerű szekvenciáról történik-e transzláció (ezek a zebrahal connexin 55.5, hoxa9b és tp53 gének prediktált IRES elemei voltak), illetve látható-e különbség a diszkerin mutáns és a vad típusú egyedek között.

DERZSI-KOVÁCS SZÁVITRI VIRÁG

szavitrig8@hotmail.com

Biológia

BSc, 5. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezetők:

Dr. Barna János

tudományos munkatárs, ELTE TTK

Bohár Balázs

doktorandusz, ELTE TTK

A fonálféreg *Caenorhabditis elegans* operonok bioinformatikai elemzése és az operonszerkezet felhasználása eukarióta gének funkciójának prediktálásában

Az operon mint transzkripciós egység optimális megoldás az organizmusok számára, hogy a legkevesebb energia felhasználásával a leoptimálisabb fehérje készletet állítsák elő. A környezeti változásoknak megfelelő gyors adaptáció, a szaporodás rátája és összességében a faj fenntartása függ mindettől. Bár a gének operonokba rendeződése elsősorban a prokarióta szervezetekre jellemző, számos eukarióta csoportban is előfordul. A fonálféreg *C. elegans* génjeinek mintegy 15%-a található operonban. Kutatásunk során a *C. elegans* operonjait bioinformatikai módszerekkel elemeztük. Génszett dúsulási analízisek segítségével meghatároztuk, hogy milyen funkciójú génekre jellemző az operon szerkezet. Kimutattuk, hogy az egy operonban található gének jelentős része egymással homológ, ami arra utal, hogy az operonok kialakulásában fontos szerepe van a gén duplikációnak. Transzkriptomikai adatok alapján elemeztük, hogy az egy operonba sorolt gének valóban koexpressziót mutatnak-e. Gén ontológiai analízisekkel megvizsgáltuk, hogy az egy operonban található gének között megfigyelhető-e funkcionális kapcsolat. Eredményeink szerint elképzelhető, hogy az operonok vizsgálatával eddig ismeretlen funkciójú gének szerepe prediktálható, illetve az egy operonba tartozó gének között korábban fel nem tárt funkcionális összefüggés lehet.

HEGEDŰS BETTINA

hegedusbettina10@gmail.com

Biomérnök

BSc, 8. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

Témavezetők:

Dr. Kusza Szilvia

tudományos főmunkatárs, DE MÉK

Dr. Bagi Zoltán

ügyvivő-szakértő, DE

Az IGF1, GH és MSTN növekedésért felelős gének relatív expressziós szintjének nyomon követése hajdúszoboszlói ponty tájfajtákon

A dolgozatban taglalt vizsgálat során az IGF1, GH és MSTN növekedésért felelős gének expresszióját figyeltük meg hajdúszoboszlói pikkelyes és tükrös tájfajtájú pontyokon, melyeket lassú és normál növekedési ütemű vizsgálati csoportokra osztottunk. Mintavétel hat hetente, összesen hét alkalommal történt, ami alatt lemértük a halak testhosszát, testsúlyát, és vért vettünk tőlük. A vizsgált gének relatív expressziós szintjeit RT-qPCR vizsgálattal és Pfaffl módszer alkalmazásával állapítottuk meg, majd összevetettük az eredményeket a vizsgálati csoportokra jellemző értékekkel. Ezután láthattuk, hogy bár a tükrös és normál csoport testméretei nőttek a legnagyobb mértékben, a csoportok expressziós szintjei és növekedési ütemei nem minden esetben követték a várt mértéket. A három vizsgált gén közül az első mintavételnél az IGF1 gén aktivitása volt a legmagasabb a pikkelyes tájfajtájú, lassú növekedésű csoportnál. Azonban az idő múlásával a gének aktivitása növekedésnek indult, aminek eredményeképpen a harmadik mintavételre a tükrös és a pikkelyes tájfajta közül, a lassú növekedésű egyedek némelyike méreteiben meghaladta egyes normál példányok értékeit is. Eredményeink alapján valószínűsíthetjük, hogy a növekedés visszamaradása mögött a három általam vizsgálton kívül, más gének is állnak. Mivel az általam vizsgált gének az állatok növekedését befolyásolják, így vizsgálatuk a halgazdaságok által tenyésztett egyedek értékcsökkenésének elkerülésében segíthetnek.

KISS ESZTER ANNA
kisseszteranna@gmail.com
Biológia
MSc, 3. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Kovács Tibor
egyetemi adjunktus, ELTE TTK

Új autofágia aktivációs célpont vizsgálata *Drosophila* neurodegenerációs és öregedési modellekben

Az autofágia egy lizoszómális lebontó folyamat, melynek során a sérült vagy hibásan működő sejtkomponensek degradálódnak, ezzel hozzájárul a sejtek homeosztázisának fenttartásához. A leginkább tanulmányozott makroautofágia folyamata során egy kettős membránú fagofór körbeveszi a lebontandó egységet, majd autofagoszómává érik. A membránzáródást követően az autofagoszóma fuzionál a lizoszómával, autolizoszómát alkot, amelyben végbemegy az emésztés. Az öregedés során romlik az autofágia hatékonysága, ami káros fehérjék, sejtorganellumok felhalmozódásához vezet. Ez a probléma súlyosabb az osztódásra képtelen neuronok esetén, ami neurodegeneratív betegségek kialakulásához is vezethet. Több autofágiában is résztvevő fehérjéről bizonyított, hogy neurodegeneratív betegségekben érintett lehet, ilyenek például a Pink1 és Parkin, melyek a Parkinson-kór kialakulásában játszanak szerepet vagy a Huntingtin, mely a Huntington-kór okozója. A Rab2 kis GTP-áz fehérje a savas lebontás szempontjából fontos membránfúziókban vesz részt. Az autofágiának több kulcsfontosságú fúziós eseménye is ismert, ilyenek az autofagoszóma-lizoszóma fúzió vagy a Golgi felől érkező vezikulumok egyesülése a lizoszómával, melyekben kiemelt szereppel bír a Rab2 fehérje. Ezért kutatásaim során a Rab2 fehérjét, mint új autofágia aktivációs célpontot vizsgáltam, *Drosophila* öregedési és neurodegeneratív modellekben. Az eredményeim azt mutatják, hogy a konstitutívan aktív (folytonosan GTP-kötött) Rab2 fehérje növelte az állatok mászásképpességét és élettartamát, a kontroll állatokéval szemben. Emellett felnőtt állatok idegrendszerében növelte az autofágia mértékét. Hasonló eredményeket kaptam a Parkinson-kórban leggyakrabban előforduló, humán mutáns α -szinukleint (A53T) termelő állatok esetében is. A Rab2 csendesítése azonban rontotta a vad típusú állatok mozgási és túlélési képességeit. Eddigi eredményeim biztatóak, hiszen a végső cél egy olyan autofágia aktiváló célpont megtalálása, amely új gyógyszerjelöltként lehetséges megoldást nyújthat a még gyógyíthatatlan neurodegeneratív betegségek kezelésére.

KÓSZEGI HANNA
hanna.koszegi@gmail.com
Biológus
MSc, 9. félév
Állatorvostudományi Egyetem

Témavezető:
Dr. Zenke Petra
tudományos főmunkatárs, ATE

Univerzális, genetikai alapú magzati ivarmeghatározás anyai vérplazmából unipara emlősökben

A magzati ivarmeghatározás a hosszú vemhességi idejű unipara emlős fajok - mind a gazdaságilag jelentős, mind pedig a fogságban élő egzotikus állatok - tenyésztésében nagy jelentőséggel bír, azonban a jelenleg elérhető módszerek a releváns fajoknak csak szűk körében kivitelezhetők. A sejtmentes magzati DNS (cffDNS) anyai vérkeringésben való előfordulását az emlős fajok széles körében feltételezve, kutatásunk elsődleges célja volt egy cffDNS-en alapuló univerzális genetikai ivarmeghatározó teszt kidolgozása. Az Y-kromoszómán lokalizált, hím specifikus SRY gén, és egy autoszómás, reakció kontrollként használandó gén (GAPDH) erősen konzervatív régióit in silico vizsgálattal azonosítottuk, majd a legtöbb szempontnak megfelelő régiókra univerzális primereket terveztünk. A primerpárokat elsőként a releváns fajok széles köréből gyűjtött, ismert ivarú egyedektől származó kontroll mintákon (szőr, ürülék, izom, vér) teszteltük. A vizsgált állatok köre kiterjedt a főemlősökre (pl. gorilla), páros és páratlanujjú patásokra (pl. szarvasmarha, takin, muflon, ló, zebra, rinocérosz) és ragadozókra (pl. oroszlánfóka). A simplex (egy markeres) PCR programokkal történő primer-tesztelés után a specifikus termékeket megszekvenáltuk, majd optimalizáltuk a duplex (két markeres) reakciót is, ún. touch-down technika segítségével. A sokszorosított fragmenseket agarózgél- és kapilláris elektroforézis technikával mutattuk ki. Megfelelő minőségű hím kontroll minták esetén a vártan megfelelően mind az Y-kromoszómás és autoszómás, míg nőstény kontroll minták esetén kizárólag a GAPDH génszakasz volt kimutatható. Az érzékenységi és előtesztelési vizsgálatok után ismert ivarú vehemmel rendelkező zebra, ló és szarvasmarha plazmamintáit teszteltük a kutatás jelen fázisáig; a GAPDH génszakasz minden esetben sikeresen kimutatható volt, azonban az Y specifikus SRY génszakaszt egyelőre nem sikerült kimutatnunk. A protokoll további optimalizálása, valamint további fajok kontroll- és anyai vérplazma mintáinak tesztelése folyamatban van, s a későbbiekben tervezzük meghatározni a teszt megbízhatóságát, specificitását és szenzitivitását. Az univerzális teszt létrehozásával a kutatás jelentősen elősegítheti az állatok tenyésztésével kapcsolatos tevékenységeket, különös tekintettel a fogságban élő vadállat fajok konzervációs programjára, s emellett elsőként nyújthat információt a cffDNS anyai vérkeringésben való jelenlétéről számos, korábban nem vizsgált emlős fajban.

KULIN ANNA
kulin.anna@gmail.com
Biológus szak
MSc, 3. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
Dr. Egyed Balázs
egyetemi adjunktus, ELTE TTK
Dr. Szabó Edit Zsuzsanna
tudományos munkatárs, TTK

A GLUT-1 membránfehérje és a génjében található polimorfizmusok vizsgálata kettes típusú diabéteszben

Kutatómunkámban korunk egyik leggyakoribb multifaktoriális betegsége, a kettes típusú diabétesz (2TDM) kapcsolatát vizsgáltam a sejtek bazális glükóz felvételében nélkülözhetetlen szerepet játszó glükóz transzporter1 (GLUT1, SLC2A1) membránfehérjével. Céлом olyan genetikai variánsok keresése volt, amelyek befolyásolhatják a GLUT1 membránfehérje kifejeződését és hatással lehetnek a betegség vagy szövődményei kialakulására, azaz a későbbiekben biomarkerként szolgálhatnak. Munkám során kontroll és beteg egyének vérmintáiból először a GLUT1 expressziós szintjét mértem vörösvérsejt membránpreparátumon, úgynevezett ghostokon, majd a vérből DNS izolálást követően genetikai vizsgálatokat végeztem. Az SLC2A1 gén szekvenálási eredményei alapján kerültek kiválasztásra a vizsgálandó variánsok, melyeket qPCR módszerrel analizáltam a teljes vizsgált populáción. Két olyan polimorfizmust (rs841848, rs1385129) elemeztem részletesebben, amelyek korábbi irodalmi adatok alapján kapcsolatot mutattak a diabetikus vesebetegséggel, a 2TDM egyik leggyakoribb szövődményével. Mindkét variáns esetében megfigyeltem, hogy a kisebb gyakoriságú allélt tartalmazó mintákban a GLUT1 fehérje magasabb expressziós szintje volt mérhető. Ezen eredmények statisztikai elemzése során szignifikáns kapcsolatot találtam a GLUT1 fehérje mennyisége és a variánsok jelenléte között. A vizsgált SNP-k a GLUT1 fehérjeszinttel szignifikáns összefüggést mutattak, azonban a kettes típusú diabétesz és az SNP-k között nem találtunk közvetlen kapcsolatot. További terveim között szerepel szövődményes betegek vizsgálata, amelynek során a GLUT1 fehérjeszint jelentősebb változását, esetleg újabb polimorfizmusok megjelenését várom. Ezen vizsgálatok a későbbiekben alkalmasak lehetnek egy olyan diagnosztikai panel kidolgozásához, amelynek segítségével a 2TDM következtében kialakuló társbetegségeket előre lehetne jelezni.

SCHÜTZ OSZKÁR BENCE

schutzoszi@gmail.com

Biológus

MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Török Tibor

egyetemi docens, SZTE TTIK

A qpAdm módszer optimalizálása népvándorlás kori populációk genomtörténetének rekonstrukciójához

A qpAdm egy statisztikai program, mely segítségével meghatározható egy vizsgált populáció genomjában történt, két vagy akár több forrás populációt is magában foglaló keveredési esemény. Az analízis eredményeként több elfogadható keveredési modellt kapunk, sőt még a keveredő komponensek viszonylagos arányáról is információt nyerhetünk. Az archeogenetika területén nem ismeretlen a módszer, de a szakirodalomban eddig csak nagyon ősi, egyszerűen jellemezhető populációk vizsgálatára használták. Kutatásunk során honfoglalás kori genomokat vizsgálunk, melyek viszont sokkal bonyolultabbak, akár többszörös keveredési történettel is rendelkezhetnek. A qpAdm egy igen erőteljes eszköz az ismeretlen genomok eredetének meghatározásához, ám limitációi ismeretének hiányában nehéz jól magyarázható eredményeket produkálni. Szükségesnek tűnt tehát az analízis optimalizálása magas komplexitású genomok vizsgálatára is. Dolgozatomban egy olyan módszertani összefoglalást prezentálok, mely segítségével eredményesen sikerült a vizsgált honfoglaló egyének genomját jellemezni, jól összhangban az ismert populáció történeti elvárásokkal.

SZABÓ NÓRA

szabonora1996@gmail.com

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Varga Máté

egyetemi docens, ELTE TTK

Fejlődésgenetikai vizsgálatok paradicsomhalon

A kínai paradicsomhal (*Macropodus opercularis*) figyelemre méltó társas viselkedése miatt az elmúlt évszázad során az etológiai vizsgálatok egyik népszerű alanya lett. Az érdeklődés és megannyi magatartásról szóló publikáció ellenére azonban a fajról rendelkezésre álló molekuláris biológiai ismereteink meglepően felületesek. Tudományos diákköri munkám célja, hogy a zebradániókon csoportunkban is évtizedek óta sikeresen alkalmazott molekuláris vizsgálati módszereket paradicsomhalakra adaptáljuk. Ezek a következők: vizsgálni kívánt gének kifejeződésének nyomon követése in situ hibridizációval, jelátviteli útvonalak működésnek in vivo tanulmányozása, illetve (hosszabb távon) transzgenikus vonalak létrehozása. A két faj anatómiai különbségei miatt ezen módszerek paradicsomhalban optimalizálásra szorulnak. Dolgozatomban szeretnék kitérni a kísérletek során tapasztalt nehézségekre és azok lehetséges megoldásaira. További célom számos, a fejlődésben fontos gén kifejeződési mintázatának vizsgálata és annak összehasonlítása a zebrahal ortológokkal. Célzottan tanulmányozunk olyan géneket is, amelyek feltételezhetően szerepet játszanak a paradicsomhalak családjára jellemző szerv, a labirintuszszerv létrehozásában. Reményeink szerint az így kidolgozott technikákkal, ismeretekkel, illetve később egyes gének célzott kiütésével bővíteni tudjuk a fejlődésgenetika tudástárát és szorosabb kapcsolatot teremthetünk a már leírt etológiai tanulmányok és molekuláris biológiai ismeretek között.

Immunológia

CSIKÓS MÁTÉ LAJOS
mate1260@gmail.com
Biológus
MSc, 3. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:
Prof. Dr. Gácsér Attila
egyetemi tanár, SZTE TTIK

Humán keratinocita sejtvonalak kölcsönhatása *C. albicans* és *C. parapsilosis* élesztőgombákkal

Az elmúlt évtizedekben egyre nagyobb jelentőséggel bírnak a *Candida* élesztőgombák által kiváltott mikózisok. Ezen fajok az életet veszélyeztető szisztémás fertőzések mellett bőrbetegségeket is okozhatnak. Leggyakrabban ezeket a *Candida albicans* okozza, amely faj az egészséges bőr felszínéről csak ritkán izolálható. Ezzel ellentétben a *Candida parapsilosis* kommenzalistaként van jelen a humán bőrön, és ritkán okozhat kóros elváltozásokat. A bőr hámsejtjei (keratinociták) immunológiai funkciókkal rendelkeznek. Mivel a *C. parapsilosis* része a normál humán bőr mikroflórájának, vizsgálni kívántuk, hogy kommenzalista jelenléte képes-e befolyásolni és ha igen, milyen mértékben a *C. albicans* fertőzésre adott keratinocita immunválaszt. Célul tűztük ki, hogy élő és hővel inaktivált *C. parapsilosisszal* történő előkezelést követően vizsgáljuk a keratinociták *C. albicansszal* szemben kialakított immunválaszt. Vizsgálatainkat HaCaT és HPV-KER humán keratinocita sejtvonalakon végeztük, élő és hőinaktivált *C. parapsilosis* GA1 és CLIB214, illetve *C. albicans* SC5314 és WO-1 törzseket használtunk fel. A sejtkárosodás mértékét laktát-dehidrogenáz (LDH) aktivitás mérésével határoztuk meg. HaCaT sejtvonalon a hőinaktivált *C. parapsilosis* GA1 előkezelés kis mértékben csökkentette a sejtkárosodás mértékét. HPV-KER sejtvonalon mindkét típusú előkezelés csökkentette a sejtkárosodást *C. albicans* SC5314-gyel való fertőzést követően. Az élő és hőinaktivált *C. parapsilosis* GA1 és CLIB214 kis mértékben, de csökkentette a sejtkárosodás mértékét WO-1-gyel való fertőzést követően. A *Candida* törzsek adhéziós képességét CFU (colony forming unit) módszer segítségével határoztuk meg. Ezzel az eljárással az adhézió mértékét számszerűen tudtuk meghatározni. A *C. albicans* SC5314 és WO-1 törzsek jelentősebb adhéziós képességgel rendelkeznek, mint a *C. parapsilosis* törzsek, illetve, a *C. albicans* törzsek jobban adherálnak a HPV-KER keratinocitákhoz. Vizsgáltuk a keratinociták fagocitáló képességét. Előzetesen kimutattuk, hogy mind a két sejtvonal mindkét gomba internalizációjára képes, ezért vizsgálni kívántuk az internalizációs hatékonyságot. Ehhez pHrodo™ Red festést alkalmaztunk. A fagocitózis pozitív események száma igen alacsony volt (<5%) mindkét sejtvonal esetén. Eredményeink hozzájárulnak ahhoz, hogy jobban megértsük, milyen folyamatok alakulnak ki humán keratinociták és *Candida* gombák között, illetve, hogy keratinociták esetében is megfigyelhető-e a „tréningelt” immunitás jelensége.

HAMMAD HANI
hani.hammad142@gmail.com
Biology
MSc, 3. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Józsi Mihály Krisztián
Tudományos Főmunkatárs, ELTE TTK

Human factor H-related protein 5 (FHR-5) modulates the activation of the classical complement pathway

The complement system is an essential humoral part of innate immunity. It can be activated through three different pathways: the classical, lectin and alternative pathway. To prevent excessive complement activation and cell lysis in the host, complement is tightly regulated by soluble and membrane-bound proteins. C4b-binding protein (C4BP) is the main soluble regulator of the classical pathway and factor H (FH) inhibits alternative pathway activation. Next to FH, in humans there are five structurally similar proteins, the factor H-related (FHR) proteins, whose function is poorly understood. FHR-5 consists of 9 complement control protein (CCP) domains with homology to CCPs 6-7, 10-14 and 19-20 of FH. FHR-5 binds to similar ligands as FH and C4BP, such as C3b, C-reactive protein (CRP) and extracellular matrix (ECM) proteins. FHR-5 competes with FH on different ligands and surfaces and enhances alternative pathway activation. Our aim was to study the potential effect of FHR-5 on classical pathway activation and on the regulatory activity of C4BP. We performed binding studies by ELISA and found that FHR-5 competed with C1q for binding to CRP and the ECM protein osteoadherin in a dose-dependent manner, and reduced classical pathway activation, measured by decreased C4-deposition from serum in the presence of FHR-5. We show that the CCPs 5-9 of FHR-5 bind to monomeric C-reactive protein (mCRP) and are responsible of competing with C1q molecules. At higher concentrations, FHR-5 was able to inhibit C4BP binding to CRP and ECM. Thus, our results identify a novel role of FHR-5 in modulating the activity of the complement classical pathway.

NAGY BENCE

nagy.bencep94@gmail.com

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezetők:

Dr. Bajtay Zsuzsanna

egyetemi tanár, ELTE TTK

Kuti Dániel

tudományos munkatárs, ELKH-Eötvös Loránd Kutatási

Hálózat KOKI-Kísérleti Orvostudományi Kutatóintézet

***Lactobacillus* kezelés immunológiai hatásai egéreb**

Egy ideje már ismert a központi idegrendszer immunmoduláló képessége, amit főképp a stressztengelyen keresztül, glükokortikoidok segítségével fejt ki. Ez a kapcsolat közel sem egyoldalú, az immunrendszer képes visszacsatolással befolyásolni a stressz válasz alakulását, tovább növelve vagy akár lecsökkentve annak mértékét. Az előbbin kívül az immunfolyamatok működésére a mikrobióta is jelentős hatást gyakorol; annak állapota, illetve összetétele. Ez a hármas, a központi idegrendszer, az immunrendszer és a mikrobióta, jelentős mértékben képesek kihatni egymásra, az egyikben bekövetkezett változás a másik kettő működésében is észrevehető különbségeket okoz. Kísérletünk során konstans változó stressznek kitett egereket hasonlítottunk kontroll állatokhoz és azt vizsgáltuk, hogy egy *Lactobacillus* törzs probiotikumként, illetve vakcinaként való adagolása okoz-e bárminemű különbséget a stressz által kiváltott hatásokban. Vizsgálatom főképp az immunrendszer működésében bekövetkezett változásokra terjedt ki, a sejtek aktiváltságának, valamint az immunfolyamatok polarizáltságának meghatározásának segítségével. Ehhez RT-PCR felhasználásával perifériás, továbbá centrális nyirokszövetek immunológiai profilját derítettem fel, azok összehasonlítása céljából. Az állatok feláldozását követő előzetes vizsgálatok is mutattak különbséget a csoportok között. A CVS-sel kezelt egerekben a vártaknak megfelelően jelentősen megnőtt a kortikoszteron szint. A thymusnak, aminek hipotrófiáját a magas glükokortikoid szint gyorsítja, a probiotikumot kapott állatoknál kisebb mértékben csökkent a mérete, míg a vakcináltaknál nem volt különbség a kontroll alanyokhoz képest. Továbbá a lép mérete míg a többi csoportban hasonló volt, a vakcináltaknál jelentősen megnövekedett. Sajnálatos módon számos vakcinával kezelt egérnél granulóma jelent meg, ami 4-es típusú túlérzékenységi reakció kialakulására enged következtetni és bizonyos különbségeket a csoportok között ez válthatott ki.

OSVÁTH MAGDOLNA

o.magdi8@gmail.com

Biotechnológia

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezetők:

Dr. Kacs Kovics Imre

egyetemi tanár (dékán), ELTE TTK

Marx Anita

doktorandusz, ELTE TTK

Ujjlenyomatkeresés myelomában - molekuláris krimi

A myeloma multiplex egy olyan rosszindulatú daganatos betegség, mely főként idősebb korban jelentkezik. Világszinten a férfiak érintettebbek, bár Magyarországon ez nem mutatható ki egyértelműen. Kialakulása során a beteg plazmasejtjei kórosan szaporodnak, amelynek a háttérében különféle okok állhatnak, például az általunk vizsgált 4. és 14. kromoszóma transzlokációja. A kóros elváltozásokat a malignusan transzformált plazmasejtek által termelt M-protein okozza, amely a tumorosan osztódó plazmasejtek által termelt monoklonális ellenanyag, a szervezetben komoly panaszokból álló, úgynevezett CRAB-tünetegyüttest eredményez. Diagnosztizálása és nyomon követése klasszikus (CT, FACS, szérum elektroforézis) és újgenerációs (pl. qPCR, NGS) módszerekkel egyaránt zajlik; utóbbiakkal képesek lehetünk a betegség kiújulásának korábbi detektálására. Kutatásunkban myelomás betegek csontvelőbiopsziáit és vérmintáit (folyadék biopszia) elemezzük különböző DNS- technikákkal és in silico módszerekkel. Célunk a beteg tumoros plazmasejtjeiben egyedileg átrendeződött immunglobulin (Ig)-génjeikre jellemző, úgynevezett ujjlenyomat („fingerprint”) -szekvenciák azonosítása. Ezen eredmények segítségével nyomon követhetjük a betegség lefolyását és hozzájárulhatunk a szervezetet súlyosan megterhelő kezelés folytatásáról vagy abbahagyásáról való döntés meghozatalához. Központi kérdésünk, hogy a csontvelő biopsziát felválthatja-e a sokkal kíméletesebb vérvétel? Eddigi eredményeink biztatóak a betegség genomai DNS-ből történő monitorozását illetően.

SÁGI STELLA MÁRTA

sagi.stella98@gmail.com

Biológia

BSc, 6. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Danis Judit

tudományos segédmunkatárs, SZTE ÁOK

A PRINS hosszú nem-kódoló RNS szerepe az IL-23A mRNS kifejeződésének szabályozásában keratinocitákban

Bevezetés: A PRINS hosszú nem-kódoló RNS magasabb szinten expresszálódik a pikkelysömörös tünetmentes hámszövetben, mint a tüneteket mutató, illetve az egészséges hámszövetben. Kutatócsoportunk korábban kimutatta, hogy a PRINS képes szekvencia-specifikus RNS-mRNS kötődésre az IL-6 és a CCL-5 mRNS-ekkel, ezáltal csökkentve kifejeződésüket. Jelen kísérleteinkben megvizsgáltuk, hogy ez a szabályozási mechanizmus, más molekulák esetén is tapasztalható-e. Módszerek: A pikkelysömörben lejátszódó gyulladásos folyamatok modellezéséhez normál humánepidermális keratinocitákban szintetikus RNS [poly(I:C)] és DNS [poly(dA:dT)] transzfekciót alkalmaztunk. 84 a pikkelysömörben feltételezhetően szerepet játszó gyulladásos molekula mRNS kifejeződését valós idejű qPCR-array-vel vizsgáltuk. Eredmények: Mindkét kezelés beindította a keratinociták IL-23A termelését, de eltérő intenzitással és időkinetikával. A PRINS túlexpresszálsának hatására csökkent a nukleinsavak által indukált IL-23A expresszió. Az IL-23A esetén nagymértékű eltéréseket tapasztaltunk az egyes donorokból származó hámsejtek válaszában. Bioinformatikai módszerekkel azonosítottunk egy lehetséges kötőhelyet az IL-23A mRNS-e és a PRINS RNS-e között, amely szakasz 13, a két molekula kötődését potenciálisan befolyásoló egynukleotidos variánst (SNV-t) hordozhat. Elvégeztük az IL-23A gén genotipizálását, azonban nem találtunk összefüggést az SNV-k hordozása és az mRNS-szint variabilitása között. Ugyanakkor a Pearson-féle korrelációs-analízis szignifikáns negatív korrelációt ($r=-0,5579$; $p=0,005765$; $n=23$) mutatott ki a kezelés hatására bekövetkező IL-23A mRNS indukció és a PRINS túlexpresszáltatás hatására bekövetkező IL-23A mRNS csökkenés mértéke között. Megbeszélés: Eredményeink alapján a PRINS szabályozza az IL-23A mRNS kifejeződését, de ez a szabályozó hatás csupán az IL-23A bizonyos expressziós szintje felett érvényesül. Ez arra utal, hogy a PRINS egy RNS-mRNS kölcsönhatásokon keresztül részt vesz a gyulladásos génkifejeződés finomhangolásában, ezáltal a pikkelysömörös tünetmentes hámszövetben megnövekedett expressziója segítheti a tünetmentes fenotípus fenntartását.

SZŐCS EMŐKE

szocs.emokee@gmail.com

Biológia

BA, 6. félév

Babeş-Bolyai Tudományegyetem

SOÓS ÁDÁM

soos.adam10@gmail.com

Biológia

BA, 6. félév

Babeş-Bolyai Tudományegyetem

Témavezető:

Dr. Nagy Nándor

habilitált egyetemi docens, SE ÁOK

A limfoid folliculusok cortexének karakterizálása és kialakulása a bursa Fabricii-ben

A bursa Fabricii a madarak primer nyirokszerve, melynek szerkezeti és működési alapegységeiben, a limfoid folliculusokban zajlik a B sejtek proliferációja és differenciálódása. A folliculusok két, szövettanilag és fejlődéstanilag jól elkülönült kompartmentből az ektodermális eredetű velőállományból és a mesodermális eredetű kéregállományból állnak. Annak ellenére, hogy a B sejtek éréshez szükséges folliculáris velőállomány szövettana részletesen karakterizált, az ontogenetikailag később megjelenő kortikális régió szöveti és molekuláris összetétele nem ismert. Munkánk során a limfoid folliculusok kéregállományának immuncitokémiai és hisztológiai jellemzését végeztük kikelt állatok bursa Fabricii metszetein, illetve nyomon követtük kialakulását különböző korú embriókban. A chB6+/IgM+ molekulákat kifejező medulláris B sejtekkel ellentétben a kéreg B sejtjei IgM-et nem expresszálnak. A kéregben dendritikus sejt nincs, viszont kisszámú makrofág megtalálható. A desmin+/vimentin+ molekulákat kifejező kérgi retikulumsejtek collagén (I-es típusú, III-, IV-, VI típusú), laminin, tenascin-C, illetve HSPG-ben gazdag extracelluláris mátrix (ECM) hálózatot képeznek a B sejtek számára. Az ECM karakterizálás során azt találtuk, hogy míg a mátrix fehérjék többsége embrionális bursában is jelen van, addig a tenascin-C expressziója először csak a 16 napos embrió bursa kezdeményében figyelhető meg a folliculusbimbók körül. Végül, infectious bursal disease vírussal (*Gumboro vírus*) fertőzött 4 hetes csirkékben kimutattuk, hogy miközben a velőállomány chB6+ B-sejt állománya és hámretikulum hálózata jelentős leépülésen esik át, addig a kéregállomány retikuláris szerkezetében és az ECM expressziójában nem történik változás. Feltételezzük, hogy 1.) a folliculusok kéregállományának B sejt kolonizációjában a tenascin-C expressziójának kiemelt szerepe lehet. 2.) A Gumboro fertőzésre jellemző csökevényes bursa regenerációja a kérgi sejtekből kiindulva történik meg.

Mikrobiológia 1

BODOR IMRE - ZSOLT

bodorzsolt2@gmail.com

Környezetmérnöki szak

BSc, 7. félév

Sapientia Erdélyi Magyar Tudományegyetem

Csíkseredai Kar

Témavezető:

dr. Máthé István

egyetemi docens, RO EMTE CSK

Arzénnel szennyezett talajok bioremediációja őshonos mikroorganizmusokkal

A világ számos pontján az arzénnel történő szennyezés veszélyezteti a környezetet és az emberi egészséget, főleg annak következtében, hogy már alacsony dózisokban is rákkeltő. Egészen kis mennyiségekben esszenciális, de leginkább toxikus hatásai jelentősek. Az emberi szervezetben az emésztőrendszert, a csontvelőt és az idegrendszert károsítja, nagyobb dózisokban gyorsan ható mérgező képessége miatt sok mikroorganizmust rendelkezik olyan anyagcsere-mechanizmusokkal, amelyek révén csökkenteni tudja a veszélyes hatásokat: például extracelluláris kicsapás, intracelluláris megkötés, vagy biovolatilizáció révén. Egyes mikrobák képesek akár különféle arzénvegyületek anyagcseréjükben történő aktív felhasználására is, elektron donorként vagy akár terminális elektron akceptorként. Ezért az arzénre gyakorolt mikrobiális reakciók megértése fontos az arzénnel szennyezett talaj és egyéb környezetek biológiai megtisztítása során alkalmazható technológiák fejlesztése szempontjából. A jelen dolgozat áttekintést ad az arzén baktériumokkal való kölcsönhatásaira, valamint a méregtelenítésre és eltávolításukra szolgáló egyes biotechnológiai folyamatokra. A vizsgálataink végső célja mikrobatörzsek arzénnel szembeni adaptációs és méregtelenítési kapacitásának a tanulmányozása, törzsek kiválasztása potenciális talajoltóanyag előállítás céljából, arzénnel szennyezett területek bioremediálására. Ezen cél érdekében arzénnel szennyezett területekről izoláltunk arzént toleráló törzseket, teszteltük őket és a legjobb arzén biovolatilizációs képességgel rendelkező törzseket kiválasztottuk majd DNS alapon azonosítottuk. A négy szelektált mikrobatörzsek ígéretesnek bizonyult, így arzénnel szennyezett talajok bioremediációja és hatékonyságuk vizsgálata érdekében további mikrokozmosz kísérleteket tervezünk a jövőben.

FARAGÓ VIKTÓRIA

viktoriafarago27@gmail.com

Biológia

BSc, 5. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Borsodi Andrea

egyetemi docens, ELTE TTK

Alacsony hőmérséklethez és kis szervesanyag tartalomhoz adaptálódott extremofil baktériumok egy magashegyi permafroszt olvadátkó üledékéből

Dél-Amerikában, Chile és Argentína határán, az Atacama-sivatag keleti részén található Földünk legmagasabb szunnyadó vulkánja az Ojos del Salado (6893 m). Az itt élő mikroorganizmusoknak alkalmazkodniuk kell a hideg és száraz klímához, az erős UV sugárzáshoz, a nagy napi hőingáshoz, ami akár 50 °C is lehet, az alacsony tápanyag ellátottsághoz, valamint a negatív vízháztartáshoz. Magashegyi területeken permafroszt talajok figyelhetők meg. Az elmúlt 50 évben bekövetkezett klímaváltozás hatására a permafroszt talajok kiterjedése világszerte csökken, a hőmérséklet emelkedése miatt a felolvadt talajban pedig megnövekszik a mikrobiális aktivitás, ami üvegházhatású gázokat, szén-dioxidot és metánt juttat a légkörbe. Jelen kutatás célja az volt, hogy feltárja az Ojos del Saladon 5900 méteren található permafroszt olvadátkó üledékének prokarióta közösség összetételét tenyésztésen alapuló és tenyésztéstől független módszerek alkalmazásával. A tenyésztésbe vont baktériumtörzseket a 16S rRNS gén bázissorrend elemzése alapján az *Arthrobacter*, a *Pseudarthrobacter*, a *Cryobacterium* (*Actinobacteria*), a *Massilia*, az *Acidovorax* (*Proteobacteria*) és a *Paenisporosarcina* (*Firmicutes*) nemzetségek tagjaiként azonosítottam. Illumina MiSeq amplikon szekvenálást alkalmazva nagy számban jelentek meg többek között a Bacteroidota, a Proteobacteria és az Actinobacteriota törzsek képviselői is.

HÉNINGER RÉKA

heninger.reka@gmail.com

Biológus MSc

MSc, 1. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezetők:

Dr. Gazdag Zoltán

egyetemi adjunktus, PTE TTK

Christopher Mutuku

PhD hallgató, PTE TTK

Szennyvízből izolált *Escherichia* és *Klebsiella* törzsek sejtfal szintézist gátló antibiotikumokkal szembeni rezisztenciájának vizsgálata

Az elmúlt évtizedekben világszerte egyre növekvő aggodalomra ad okot az antibiotikumok jelenléte a környezetben. Az emberi tevékenységek fokozzák az antibiotikum rezisztens baktériumok számának növekedését, kiemelt szerepet töltenek be az egészségügyi intézmények. A gyógyászatban alkalmazott antibiotikumok elsősorban a szennyvíztisztító telepen rosszul kezelt szennyvízből jutnak a környezetbe, mivel a hagyományos tisztítás nem elég hatékony az antibiotikumok eltávolítására. A vizsgálat során klinikailag releváns ceftriaxone rezisztens baktériumok rezisztencia mintázatait vizsgáltuk a Pécs területén található egészségügyi intézmények szennyvizében, valamint a szennyvíztisztító telep víz-mintáiban. A ceftriaxone rezisztens baktériumok minden helyszínről való mintában kimutathatóak voltak. A kórházak esetében magas a ceftriaxone rezisztens törzsek aránya. A H1-es kórház esetében 51,33%, a H2-es kórháznál 45,43% a törzsek közül. A Baptista szeretetszolgálat esetében a rezisztens törzsek aránya 9,56%. A magasabb koncentrációval szemben rezisztens törzseket csak a H2 kórház esetében tudtunk kimutatni. A kórházak szennyvizében lévő baktériumok között magasabb volt a rezisztens törzsek aránya a ceftriaxone-al szemben, mint a szennyvíztisztító telepen. A szennyvíztisztító telepen a kezelés során csökkent a rezisztens mikrobák száma. A szelektált törzseknél tíz antibiotikumra vizsgált rezisztencia azt mutatta, hogy a baktériumok közt sok volt a multidrog rezisztens. Az *Escherichia* törzsek rezisztensek voltak ceftriaxone, ceftazidime, cefotaxime, cefpodoxime sejtfalszintézis gátló antibiotikumokkal szemben. *Klebsiella oxytoca* és *K. pneumoniae* törzsek rezisztensek voltak ceftriaxone, ceftazidime, cefotaxime, cefpodoxime-al szemben. Imipenemmel, meropenemmel és cifoxitinnel szemben viszonylag kevés a vizsgált törzsek esetén előforduló rezisztencia mind az *Escherichia*, mind a *Klebsiella* törzsek esetén, kivéve a H1-es kórház esetében. A DNS-giráz gátló ciprofloxacinnal és a fehérjeszintézis gátló gentamycinnal hasonló fokú rezisztencia mintázatot mutat. A törzsek plazmid vizsgálatai során az *Escherichia* törzsek esetén 68,75%-os esetben volt jelen a CTX-M gén és 50%-ban a TEM. Az SHV gén nem volt jelen egy vizsgált törzsben sem. *K. pneumoniae* minden törzsében jelen volt a CTX-M gén, 80%-ban a TEM és 70%-ban az SHV gén. 4 olyan törzs volt, ami mindhárom gént hordozta. *K. oxytoca* törzsek 75%-a hordozta a CTX-M, 50%-a a TEM gént.

HOLPERT CSILLA
holpert.csilla@gmail.com
Biokémiai mérnöki szak
BSc, 7. félév
Újvidéki Egyetem

Témavezetők:
Šovljanski Olja
tudományos munkatárs, RS UE
dr Markov Siniša
egyetemi tanár, RS UE

Biokalcifikációs potenciállal rendelkező sporogén, alkalofil baktériumok izolációja különböző forrásokból és jellemzői

Az utóbbi évtizedekben, mikrobiológiailag indukált karbonát precipitációt (MICP- microbologically induced carbonate precipitation) alaposan tanulmányozták, a mérnöki használatnak köszönhetően. A biokalcifikációs potenciállal rendelkező baktériumok nagyobb figyelmet kapnak, mivel fel lehet őket használni a kisebb repedések gyógyítására a történelmi műemlékekben, régi épületekben vagy az öngyógyító biobeton fejlődésére. A mikroorganizmusok befolyásolhatják a széntartalmú ásványok, különösen a kalcium-karbonát (CaCO_3) anyagcsere-folyamatait, mint például a karbamid-hidrolízis és a denitrifikáció. Az összes talaj és iszap mikroorganizmus, baktérium biokalcifikációs potenciálja abban nyilvánul meg, hogy tud módosítani a talaj jellemzőin MICP folyamatával. A jelen tanulmány célja a különböző forrásokból származó alkalofil sporogén baktériumtörzsek izolálása és jellemzése, valamint biokalcifikációs aktivitásának vizsgálata volt. A talaj, az iszap és a víz mintáit különböző helyekről gyűjtötték be: a Duna, a cementgyár szennyvize, mészkő-lerakat a Bešenovo-tónál, és a Fruška Gora Beli Majdan barlangja. Az négy izolációból csak 43 törzs maradt meg a teljes elkülönítési eljárás után. Az izolált telepeket módosított R2A agarlemezeken tisztították, és Gram-festési, KOH-teszt-, méret-, alak-, mobilitási-, kataláz-és oxidáz-próbával, valamint a sporuláció vizsgálatával lettek a törzsek jellemezve. Csak néhány baktériumtörzs mutatott ureolízis és/vagy denitrifikációs tevékenységet, jelezve a biokalcifikációs potenciál jelenlétét. Az eredmények alapján megállapítható, hogy a tesztelt baktériumtörzsek nagy potenciállal rendelkeznek arra, hogy különböző környezeti körülmények között alkalmazott öngyógyító anyagokként használják őket.

HUNKÁR HENRIETT

h.henriett94@gmail.com

Biológia

MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:

Dr. Szekeres András

tudományos főmunkatárs, SZTE TTIK

Zöldségek talajából izolált *Bacillus* törzsek lipopeptid termelési profiljának vizsgálata HPLC-MS technikával

MSc tanulmányaim folyamán egy biológiai eredetű felületaktív anyagot, a surfactint vizsgáltam. Ez a vegyület a gyűrűs lipopeptidek családjába tartozik, melynek elsőként azonosított tagját egy *Bacillus subtilis* tenyészet fermentlevéből izolálták először. Kutatásom során számos *Bacillus* törzs surfactin termelésének mennyiségi és minőségi vizsgálatát végeztük el egy HPLC rendszerrel kapcsolt hármas kapcsolású kvadrupól tömegspektrométer segítségével. Célunk a surfactin molekulák elválasztása, mennyiségi meghatározása, valamint a mintákban található különböző surfactin variánsok azonosítása volt. Továbbá megfigyeltük a *Bacillus* törzsek által termelt surfactin homológok szénláncainak hosszát, illetve a heptapeptid gyűrű aminosavsorrendjét. A sikeres elválasztás és a kvantitatív meghatározás során azt tapasztaltuk, hogy a *B. megaterium* fajba tartozó törzsek nem termeltek surfactint. A *B. alcalophilus* és a *B. atrophaeus* fajok mintáiban is 2-5 µg/ml-es koncentrációtartományban találtunk surfactint. A *B. cereus* egyik törzsének a fermentlevében detektáltunk legnagyobb mennyiségben surfactin molekulákat. A *B. pumilus* fajba tartozó négy törzs közül három termelése igen változatos volt. A *B. subtilis* törzsek esetében alacsony lipopeptid szintézis volt megfigyelhető. A molekulák szerkezetét MS2 vizsgálatokkal feltérképeztük, ezáltal azonosítani tudtuk az egyes surfactin variánsokat és homológokat. A kapott eredmények azt mutatták, hogy mindegyik vizsgált fajnál legnagyobb mennyiségben [Sur] és [AME5] volt detektálható. A *B. atrophaeus* esetében csak az előbb említett két variánst találtuk. A *B. alcalophilus* törzseiben még [Val7]-et figyeltünk meg, kisebb területarányal. A *B. cereus* minta esetében [Leu4,AME5] nem, a többi is csak kis relatív mennyiségben volt jelen. A *B. pumilus* és *B. subtilis* törzseknél ugyancsak [Val7] fordult elő nagyobb arányban.

KULÁGIN DOMINIKA
kumido19@gmail.com
Biológus
MSc, 1. félév
Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
Dr. Gazdag Zoltán
egyetemi adjunktus, PTE TTK
Christopher Mutuku
PhD hallgató, PTE TTK

Széles spektrumú béta-laktamáz és karbapenemáz kódoló gének gyakoriságának vizsgálata szennyvízből izolált *Pseudomonas aeruginosa* törzseken

Az antibiotikumok mértéktelen és nem megfelelő használata miatt egyre nagyobb számban diagnosztizálnak antibiotikumokkal szemben rezisztens baktériumok okozta fertőzéseket. Az antimikrobiális szereket tartalmazó klinikai szennyvíz előkezelés nélkül a szennyvízhálózatba engedve folyamatos szelektív nyomást gyakorol. Bár a szennyvízkezelési folyamat lépései során a patogén mikroorganizmusok mintegy 99,9%-a elpusztul, mégis lehetnek olyan rezisztencia géneket hordozó mikrobák, melyek így eljutnak akár termőföldekre is, a szennyvíziszap biogáz előállításra való felhasználása által. Jelen vizsgálat során Pécs városának különböző egészségügyi intézményeinek szennyvíz mintáit, valamint a szennyvíztisztító telepről származó mintákat vizsgáltunk, majd hasonlítottuk össze, antibiotikum rezisztens baktériumok kimutatása és tanulmányozása céljából. A mintákból oxacillin és vancomycin rezisztens *Staphylococcus*okat, ceftazidime/ceftazidime, ciprofloxacín, gentamicin rezisztens *Pseudomonas*okat, illetve sulfamethoxazol-trimethoprim és imipenem rezisztens *Stenotrophomonas maltophilia* törzseket szelektáltunk. A rezisztens *Pseudomonas* spp izolátumok közül MALDI-TOF tömegspektrométerrel történő azonosítást végeztünk a *P. aeruginosa* törzsek kiválasztása céljából. Majd korong diffúziós tesztekkel vizsgáltuk azok antimikrobiális érzékenységét 5 különböző antibiotikumokra nézve. Ezután az izolátumokat széles spektrumú béta-laktamáz (ESBL) és metallo-béta-laktamáz (MBL) enzim termelés szempontjából kombinált lemez tesztel vizsgáltuk. Ezt követően pedig plazmid DNS izolálást, illetve PCR amplifikációt végeztünk az ESBL-t és az MBL-t kódoló gének molekuláris tipizálása céljából. Kísérleteink során legnagyobb gyakorisággal oxacillin rezisztens *Staphylococcus* törzseket, illetve sulfamethoxazol/trimethoprim és imipenem rezisztens *S. maltophilia* törzsek izoláltunk a kórházi szennyvízmintákból. A *P. aeruginosa* izolátumok antimikrobiális vizsgálata során magas volt a rezisztens törzsek aránya mind a béta-laktám, mind pedig az aminoglikozid és fluoroquinolon antibiotikumok esetében. Számos izolátum volt, amely mind TEM, mind CTX-M típusú ESBL-t és főként VIM típusú MBL-t termelt. Az eredményeink egyértelműen alátámasztják, hogy ezek az intézmények jelentős forrásai a rezisztens baktériumoknak. A kórházi és a szennyvíztelepről származó mintákat összehasonlítva, az is kiderül, hogy a kórházi szennyvizek nagyobb mértékben tartalmaznak rezisztencia géneket hordozó törzseket.

MEDVEGY ANNA

medvegyanna@gmail.com

Biológia

BSc, 5. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

dr. Borsodi Andrea

egyetemi docens, ELTE TTK

Magashegyi üledékmintákból izolált extrémofil baktériumok UV-C toleranciája

A dolgozatomban a Száraz-Andok magashegyi sivatagának üledékmintáiból izolált, extrémofil baktériumtörzsek UV toleranciáját vizsgáltam. A dolgozat első részében a témával kapcsolatos szakirodalmat foglaltam össze, írtam az extrémofil mikroorganizmusok kutatásának korábbi eredményeiről, az UV sugárzás hatásáról az élő szervezetekre és a mikroorganizmusok UV toleranciájával kapcsolatos munkákról. A dolgozat második részében a kísérletes munkámat ismerttettem. Ennek során különböző időtartamú UV-C sugárzás hatását teszteltem a *Pseudarthrobacter siccitolerans*, az *Arthrobacter livingstonensis* és a *Shewanella putrefaciens* fajokba tartozó baktériumtörzsek szaporodására. A vizsgált törzsek UV-C toleranciáját egymáshoz, illetve az *Escherichia coli*-hoz viszonyítva értékeltem.

MOLNÁR NÓRA

molnar.nora@hallgato.ppke.hu
molekuláris Bionika mérnöki BSc
BSc, 7. félév
Pázmány Péter Katolikus Egyetem
Információs Technológiai és Bionikai Kar

Témavezetők:
Csikász-Nagy Attila
egyetemi tanár, PPKE ITK
Gaizer Tünde
Doktorandusz, PPKE ITK

Élesztők viselkedése alaktani jellemzőik vizsgálata

A *Saccharomyces cerevisiae* nevű élesztőgomba által képzett kolóniák változatos alakúak lehetnek. Növekedésének karakterizálása lehetőséget ad arra, hogy a természetben megfigyelt több törzs kevert kolóniáinak a viselkedését meg tudjuk jósolni és azokat kísérletesen tesztelhessük. Iparilag (sör-, bor-, kenyérgyártás) és egészségügyileg (gombás fertőzések) is fontos megértenünk, hogy vegyes élesztőközösségek hogyan növekednek. Dolgozatomban megfigyeltem több alaktani tulajdonságukat is, mint az egyes kolóniák sejtszámának, sejtsűrűségének, a telepek méretének és alakjának változása az idő múlásával arányosan. Majd ezen adatok összefüggéseit elemeztem. Elsődlegesen mindezt a BY4743 labor- és az M28-1B természetből izolált törzsekre fókuszálva. A dolgozatomat egy irodalmi áttekintéssel kezdem az élesztőkről és tulajdonságaikról általánosságban, majd az alaktani jellemzőkre, növekedésre fókuszált publikációkkal folytatom. Ezt követően ismert módszerekre alapozva kialakítottam egy saját protokollt a telepek sejtszámának, a kolónia területének, átmérőjének -különböző szilárd, majd folyékony tápközegben egyaránt- vizsgálatához. Vizsgálom a fennálló különbségeket, továbbá a különböző típusú (labor vagy természetből izolált) telepek közötti eltéréseket is. A mérésekkel párhuzamosan fényképekkel is dokumentálva van a telepek aktuális kinézete, mérete. Ezen fényképeket egy képelemző program segítségével értékelem ki. A mérési adatok alapján a szilárd táptalajon növesztett kolóniák növekedésére legnagyobb mértékben a táptalaj tápanyag-tartalma van hatással. A kicseppentés mérete nem befolyásolja számottevően a kolóniák területének-, továbbá sugarának növekedési ütemét, ellenben a sejtek számát igen. A kapott eredmények lineáris növekedésre utalnak. A kiindulási sejtszám is befolyásolja kismértékben a telepek növekedését. Továbbá az is megfigyelhető, hogy a filamentesen növekedő vad törzs (M28-1B) sejtszáma, területe és sugara is nagyobb ütemben nő a labortörzshöz képest (BY4743). Ugyanakkor az azonos körülmények mellett növesztett azonos törzsű telepek egymástól való eltérése is nagyobb a filamentesen növekedő törzs esetében. A telepek különböző morfológiai jellemzői között fennálló lehetséges kapcsolat a vizsgált élesztő telepek területeire és sejtszámaira vonatkozó adatsorok között fedezhető fel. Végezetül kitérek arra is, hogyan tehetőek az általam kialakított protokollok még optimálisabbá a későbbiek során, mik a jövőbeli terveim.

NAGY BABETT EDIT
nagy.babett99@gmail.com
Biológia
BSc, 5. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:
Dr. Szekeres András
tudományos főmunkatárs, SZTE TTIK
Endre Gábor
tudományos segédmunkatárs, SZTE TTIK

***Aspergillus* fajok aflatoxin termelésének átfogó tanulmányozása különböző tenyésztési paraméterek alapján**

Az *Aspergillus* nemzetséget elsőként Pier Antonio Micheli írta le 1729-ben (MICHELI 1729). A széleskörűen elterjedt nemzetségbe több mint 250 faj tartozik. Jelentőségüket növeli, hogy egyes *Aspergillus* fajok az élelmiszeriparban jelentős károkat képesek okozni annak köszönhetően, hogy különböző mikotoxinokat (fumonizinek, ochratoxinok és aflatoxinok) termelnek (VARGA és mtsi. 1996). Ezen toxikus szekunder metabolitok az élelmiszerbe kerülve, azt biztonságosan fogyaszthatatlanná teszik. Mindezek miatt fontos lehet a különböző fajokba tartozó izolátumok toxintermelésének feltérképezése. A különösen veszélyes aflatoxinokat a nemzetség számos faja termeli, de főként a *Flavi*, *Nidulantes* és az *Ochraceorosei* szekcióba tartozó gombák (VARGA 2009). Munkánk során ezen három szekciót képviselő *Aspergillus* törzsek aflatoxin termelését vizsgáltuk. A kísérletek kezdetén meghatároztuk a toxintermelés szempontjából optimális tenyésztési körülményeket, melyhez modellorganizmusként egy igazoltan jól termelő *Aspergillus parasiticus* izolátumot (SZMC 2473) választottunk (GÖMÖRI 2018). Kísérleteinket a tápközeg optimalizálásával kezdtük, mely során összesen 12 féle táptalaj és tápoldat hatását vizsgáltuk meg. Ezt követően a toxintermelés hőmérsékletfüggését vizsgáltuk a kiválasztott tápközegben, a tenyésztéseket több hőmérsékleten is elvégezve. Az optimális hőmérsékleten mértük a toxintermelés időfüggését: 16 napos tenyésztés során naponta meghatározva a termelt aflatoxinok mennyiségét. Végül az aflatoxin termelésre optimalizált tenyésztési paraméterekkel 5, a Szegedi Mikrobiológiai Gyűjteményben található *Aspergillus* izolátum toxintermelését határoztuk meg HPLC-MS/MS módszerrel.

PAPP DÓRA ANNA

papp.dori.anna@gmail.com

Biológus Msc

MSc, 4. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:

Dr. Szekeres András

tudományos főmunkatárs, SZTE TTIK

Dr. Varga Mónika

tudományos munkatárs, SZTE TTIK

***Aspergillus* fajok taxonómiai célú zsírsavprofil analízise**

A fonalas gombák megfelelő azonosítása nagy jelentőséggel bír, nem csak klinikai vonatkozásban, hanem a mikrobiális eredetű növénybetegségek diagnózisában, a biodegradációban, a biotechnológiában is. Napjainkban leginkább a molekuláris és morfológiai azonosításuk az elterjedt. Kutatásunk célja az volt, hogy eldöntsük, hogy a zsírsavösszetétel gázkromatográfiás vizsgálata, amit manapság rutinszerűen alkalmaznak baktériumok esetén, alkalmas-e *Aspergillus* fajok taxonómiai jellemzésére, gyors azonosítására. A munka első lépése a tenyésztési körülmények optimalizálása volt, mely során meghatároztuk, hogy a tenyésztés során hogyan változik a zsírsavak mennyisége és összetétele. A rázatott tenyészetek zsírsavtartalmát naponkénti mintavételezés mellett GC-MS módszerrel határoztuk meg. Eredményeink szerint az 5.-7. napon volt a legnagyobb az összes zsírsav mennyisége, valamint ekkor ért el egy állandó értéket a telítetlen és telített zsírsavak aránya. Ez alapján 42 *Aspergillus* izolátum zsírsavprofilját vizsgáltuk meg 6 napos tenyésztést követően. A mintákban 20 zsírsav komponenst azonosítottunk, amelyeket fő és mellék komponensekre bontottunk. A főkomponensek a következők voltak: palmitinsav (C16:0), sztearinsav (C18:0), olajsav (C18:1) és linolsav (C18:2). A legnagyobb mennyiségben a palmitinsavat (C16:0) és a linolsavat (18:2) detektáltuk. A mellékkomponensek körülbelül 10 %-át tették ki a főkomponenseknek. A legnagyobb mennyiségben jelen lévő mellékkomponens a margarinsav (C17:0) és a linolénsav (C18:3) volt. Az adatok vizsgálata során főkomponens analízist végeztünk, hogy eldönthessük, a zsírsav összetétel ismerete alkalmas-e az egyes törzsek azonosítására. Ehhez elvégeztük az izolátumok azonosítását molekuláris biológiai módszerekkel is. Eredményeink szerint a vizsgált *Aspergillus* fajok az általunk alkalmazott módszerrel a zsírsavprofil alapján jól azonosíthatók.

Mikrobiológia 2

BAUER KITTI
b.kitti15@gmail.com
Biológia
MSc, 3. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:
Prof. Dr. Papp Tamás
egyetemi tanár, SZTE TTIK
Dr. Nagy Gábor
tudományos munkatárs, SZTE TTIK

Az ergoszterin bioszintézisben résztvevő gének szerepe a *Mucor circinelloides* azol érzékenységében

A Mucorales rend képviselői a világ minden táján jelenlévő, többségükben szaprotróf fonalas gombák. Számos ide tartozó faj képes immunszuppresszált betegekben gyakran halálos kimenetelű, szisztémás fertőzést, ún. mucormikózist kiváltani. A leggyakrabban izolált opportunistáknak humán patogén fajok a *Rhizopus*, *Mucor*, *Rhizomucor*, *Absidia* és *Cunninghamella* nemzetség tagjai. A gomba sejtmembránjának fő szterol komponense az ergoszterin, ezáltal az ergoszterin bioszintézis útvonal számos gombaellenes szer célpontja az emberek, állatok és növények gombás fertőzésének kezelésében. Munkánk során három célt tűztünk ki. Egyrészt a *Mucor circinelloides* ergoszterin bioszintézisben szerepet játszó gének relatív transzkripciós szintjeinek vizsgálata különböző antifungális szerekkel való kezelés hatására. Másrészt a *M. circinelloides* erg6 génjének elrontása és a létrehozott deléciós mutáns törzsek jellemzése. Posakonazol kezelést követő teljes transzkriptom analízis (RNAseq) során az erg7, erg4a, erg25a, erg6a, erg2, valamint erg3 gének felülszabályozását detektáltuk. Eredményeinket valós idejű, kvantitatív PCR segítségével is validáltuk, valamint további két antifungális szert (amfotericin B és terbinafin) is bevontunk a gének kifejeződésének vizsgálatához. Eredményeink azt mutatják, hogy a vizsgált gének relatív transzkripciós szintje posakonazol kezelés hatására szignifikáns növekedést mutatott, míg terbinafin és amfotericin B kezelés hatására az erg6b és erg6c kifejeződése emelkedett meg szignifikánsan. Megvizsgálva a *Mucor genom* adatbázist, 3 darab szterol 24-C-metiltranszferázt kódoló erg6 gént (erg6a, erg6b és erg6c) azonosítottunk. Az RNAseq és a qPCR vizsgálatok eredményei alapján, CRISPR-Cas9 technikával létrehoztunk egy erg6a deléciós mutáns törzset. Megvizsgálva a deléciós mutáns növekedését azt tapasztaltuk, hogy az erg6a deléciójának hatására, a gomba növekedési képessége szignifikánsan csökkent a kontrollként használt szülői törzshöz képest. Emellett a Δ erg6 mutáns érzékenysége ketokonazol, itrakonazol, posakonazol, ravukonazol, izavukonazol és amfotericin B kezelésre szignifikánsan megnőtt a kontroll törzshöz képest. Eredményeink azt sugallják, hogy az erg6a gén és az általa kódolt enzim fontos szerepet játszik az antifungális szerekkel szembeni rezisztenciában.

CSÍKOS SÁNDOR

csikossandor95@gmail.com

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezetők:

Dr. Kovács M. Gábor

tanszékvezető, egyetemi tanár, ELTE TTK

Boldizsár Imre

egyetemi adjunktus, ELTE TTK

Gyökérendofiton gombák másodlagos anyagcseretermékeinek genomikai predikciója, LC-MS analízise és bioaktivitás vizsgálata

A gombák számos másodlagos anyagcsereterméket képesek termelni, melyeket bioaktivitásuk miatt hasznosíthatunk is. Az endofiton gombákat, melyek tünetmentesen kolonizálják a növények szöveteit, szintén jelentős metabolit-termelés jellemzi. Ezek a növény szempontjából jelentős hatással is rendelkezhetnek, mégis a legtöbb esetben keveset tudunk az endofiton gombák másodlagos anyagcseretermékeiről. Munkám célja két, gyökérben élő sötét szeptált endofiton (DSE) gomba metabolit-termelésének elemzése volt. Ehhez egyrészt genomikai megközelítést alkalmazva, *in silico* azonosítottam összesen 147 metabolikus génklasztert, melyek közül 29-nek volt megjósolható a terméke. Másrészt, eltérő körülmények között nevelt gombák UHPLC-MS technikával meghatározott metabolit-profiljában kerestem az *in silico* prediktált, szakirodalomban leírt vegyületeiket. Így 9 metabolitot tudtam detektálni. Három izokumarin-származékot preparatív HPLC technikával izoláltam, melyek szintézisútvonala a genomikai eredmények alapján felírható volt. Ezen anyagok növényekre gyakorolt bioaktivitását salátamag-bioteszt alkalmazásával teszteltem.

HERCEGFALVI DÁNIEL
hercegfalvi2@gmail.com
Biológia
BSc, 5. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:
Dr. Szekeres András
tudományos főmunkatárs, SZTE TTIK
Endre Gábor
tudományos segédmunkatárs, SZTE TTIK

Ergometrin tisztítása *Claviceps purpurea* izolátumokból centrifugális megoszlási kromatográfiával

A *Claviceps purpurea*, egy növénypatogén gomba, mely az érett kalászosokban egy megnyúlt képletet, görbült szkleróciumot hoz létre. A faj egyedei nagyszámú alkaloidot, specifikusan ergot alkaloidokat termelhetnek, melynek legfontosabb képviselői az ergometrin és az ergotamin, melyek drog perkurzoroknak tekinthetőek, hiszen a szervezet könnyen állít elő belőlük lizergsavat és lizergsav-dietilamidot. Ezért az Európai Unióban indítványt készítettek határértékek beállítására és az ergot alkaloidok mennyiségeinek monitorozására a különböző gabonákban. A két vegyület monitorozása feltehetően szükség lehet, így szükség van tiszta referenciavegyületekre is. Ebben nyújthat segítséget a folyadék-folyadék kromatográfia egyik fajtája, a centrifugális megoszlásos kromatográfia. A technika két egymással nem elegyedő fázisokból álló oldószerrendszert alkalmaz, melyben a komponensek elválasztása a fázisonként eltérő megoszlásuk alapján történik. Munkánk során fertőzött tritikáléból gyűjtöttünk anyarozst, melyet táptalajra helyezve *C. purpurea* törzseket izoláltunk. Ezek közül kiválasztottuk a legjobb ergometrin termelő izolátumot, majd a tenyésztés optimalizálásával (tápközeg, tenyésztési idő) meghatároztuk az ergometrin termelés szempontjából legelőnyösebb körülményeket. A kiválasztott körülmények között a *Claviceps* törzset nagy mennyiségben tenyésztettük, majd a fermentációs terméket extraháltuk, hogy megkezdhessük a folyadék-folyadék kromatográfiás módszer optimalizálását. A módszerfejlesztést a „legjobb oldószer módszer”-rel kezdtük, melyben sikerült meghatároznunk egy olyan éter-alkohol-víz ternerrendszert, melyben a nyers extraktum komponensei megfelelően elválaszthatóak egymástól. A kiválasztott oldószerrendszerrel műszeres elválasztást is végeztünk, melynek eredményeként az ergometrint sikeresen izoláltuk a nyers kivonatból.

KISS SÁNDOR

kjsandorgo@gmail.com

Biológus

MSc, 1. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:

Prof. Dr. Papp Tamás

egyetemi tanár, SZTE TTIK

Dr. Nagy Gábor

tudományos munkatárs, SZTE TTIK

A PDR transzporterek szerepe a *Mucor circinelloides* azol-rezisztenciájában

A járomspórás (Mucoromycotina) gombák közé tartozó Mucorales rend néhány tagja, mint opportunistá humán patogén, képes immunszuppresszált betegekben, gyakran halálos kimenetű, úgynevezett mucormikózist kiváltani. A fertőzés kezelését nehezíti, az egyre gyakrabban fellépő rezisztencia a klinikumban használatos antifungális szerekkel, így az azol vegyületekkel szemben is. Az azol rezisztencia háttérében eltérő mechanizmusok állhatnak, mint például aktív efflux pumpák működése. Az ABC transzporterek a membránfehérjék közé tartozó egyik szupercsalád, melyek minden élő sejt membránjában megtalálhatók. Az ABC transzporterek közül a gyógyszer rezisztenciával legszorosabban összefüggésbe hozható csoport a PDR alcsalád. A PDR fehérjék szerepét a *Mucor* azolrezisztenciájában még ez idáig nem vizsgálták. Munkák során célul tűztük ki a *Mucor circinelloides* PDR fehérjét kódoló génjeinek azonosítását és azok transzkripciós mintázatának vizsgálatát azol kezelés hatására. A *Mucor* genom adatbázisban 8 PDR fehérjét kódoló gént azonosítottunk. Az azonosított gének expressziós mintázatát megvizsgálva azt tapasztaltuk, hogy a pdr1 gén transzkripcióját minden tesztelt azol vegyület indukálta, míg a további gének eltérő expressziós mintázatokat mutattak a különböző azol vegyületekre. További célunk volt az azonosított pdr gének elrontása CRISPR-Cas9 rendszer felhasználásával és az így létrehozott deléciós törzsek funkcionális vizsgálata. A kísérleteinkhez a pdr1 és pdr2 géneket választottuk ki. A létrehozott deléciós törzsek vizsgálatai azt mutatták, hogy a kiválasztott gének elrontása eltérő módon befolyásolta a további pdr gének aktivációját és negatív hatást gyakorolt a növekedés intenzitására. Megvizsgálva deléciós törzseink azol érzékenységét mind aerob, mind pedig anaerob körülmények mellett, azt tapasztaltuk, hogy aerob körülmények között Δ pdr1 deléciós törzs érzékenysége a posakonazol, ravukonazol és izavukonazol kezelésre, anaerob körülmények között itrakonazol, ravukonazol és izavukonazol kezelésre megnőtt. A Δ pdr2 deléciós törzs érzékenysége aerob körülmények között posakonazolra és ravukonazolra, míg anaerob körülmények között itrakonazolra és ravukonazolra nőtt meg. Anaerob körülmények között a Δ pdr2 törzs érzékenysége lecsökkent ketokonazollal szemben. Eddigi eredményeink arra engednek következtetni, hogy a vizsgált pdr gének szerepet játszanak az azolokkal szembeni rezisztenciában, valamint, hogy a pdr gének működése között kapcsolat állhat fenn.

MAKKAI ENIKŐ
makkaienikog8@gmail.com
Biotechnológia
MSc, 1. félév
Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
Dr. Gazdag Zoltán
egyetemi adjunktus, PTE TTK
Báló Viktória
PhD hallgató, PTE TTK

Vorikonazol kezelés hatásának vizsgálata *Candida albicans* biofilm oxido-redukciós állapotára

A *Candida* fajok különböző fertőzések kialakítására képesek. A *C. albicans* által okozott megbetegedések száma jelentősen megnövekedett az elmúlt évtizedekben. Jelenleg korlátozott számban érhetőek el antifungális szerek, így ezen fertőzések kezelése nem minden esetben hatékony. A természetben gyakran biofilm formájában találhatóak meg a *Candida* törzsek. Ebben a formában jelentősen ellenállóbbak a külső behatásokkal, így a gombaellenes szerekkel szemben is. A vorikonazol egy fungicid hatású azol, amely ROS akkumulációt indukál a *C. albicans* sejtjeiben, miközben gátolja a ergoszterin szintézisét. A folyamat eredményeképpen 14 α -methyl-3,6-diol keletkezik, ami feltételezésünk szerint oxidatív stresszt okoz lipidperoxidáció által. A *C. albicans* SZMC 1424-es törzsét vizsgáltuk. Az oxidatív stressz tanulmányozásához 64 μ g/ml-es koncentrációjú vorikonazollal kezeltük a biofilmet, ekkor 70%-os metabolikus aktivitást mértünk a biofilmben. Ekkor a vorikonazol már jelentős hatással van a sejtekre, de a nagyobb részüket még nem pusztítja el. A biofilm képződést 16 órás YEPD tápoldatban lévő planktonikus sejtekkel indítottuk. Ezt követően a biofilm képződése során a 6., 12., és 24. órában vettünk mintákat. A minták eredményeit a 0 órás biofilmhez viszonyítottuk. A 24 órás tenyészetek felét további 1, 6, 12 és 24 órán keresztül kezeltük vorikonazollal, így a biofilmek kora már 25, 30, 36 és 48 óra lett. Az ebből vett mintákat, az azokkal egy idős, kezeletlen biofilmek mintáival hasonlítottuk össze. Az enzimaktivitás mérések során azt tapasztaltuk, hogy a kataláz enzim aktivitása a biofilm képződése során alacsonyabb a planktonikus sejtekénél. Szignifikánsan nagyobb enzimaktivitást mértünk a 30, 36 és 48 órás vorikonazol kezelt biofilmek esetében összehasonlítva a kezeletlen mintákkal. A glutation-reduktáz aktivitása folyamatosan nő a biofilm korával előrehaladva. A 25 és a 30 órás biofilm esetében az enzim aktivitása szignifikánsan kisebb a kezelt mintákban, míg a 36 órás biofilm esetében a kezeletlen minta mutat jelentősen alacsonyabb glutation-reduktáz aktivitást. A glükóz-6-foszfát dehidrogenáz enzim aktivitása a biofilm 30 óráig folyamatosan nő, majd csökkenni kezd. A 25, 30 és 36 órás biofilmek esetében a kezelt minták szignifikánsan alacsonyabb enzimaktivitás értéket mutatnak.

MATOLCSI FRUZZSINA
matolcsifruzsina@gmail.com
Biológus
MSc, 3. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
Hegedűsné Dr. Pintye Alexandra
tudományos főmunkatárs
ATK, Növényvédelmi Intézet
Dr. Kovács M. Gábor
tanszékvezető egyetemi tanár, ELTE TTK

Fungicid-rezisztencia és A/B-genetikai csoportok vizsgálata egy tokaji dűlő lisztharmatgomba populációjában

A szőlőlisztharmat az egyik leggyakoribb és legfontosabb szőlőbetegségek egyike, amelyet az *Erysiphe necator* gomba okoz. A betegség jelentős termésveszteséget eredményez, költséges a kontroll alatt tartása, valamint a fertőzött szőlőfürtök befolyásolják a bor minőségét is. A szőlőlisztharmat ellen általában fungicidekkel védekeznek, melyek egy rendszeresen alkalmazott csoportját képezik a demetiláz-inhibitorok (DMI-fungicidek). A DMI-fungicidek hosszútávú és intenzív használata következtében a szőlőlisztharmat populációkban elterjedt az ezen gombaölőszerekkel szembeni rezisztencia, melyet a CYP51 gén A495T pontmutációja jelez. Eddigi ismereteink szerint két genetikailag elkülönülő csoportra osztható az *E. necator* populáció Európában: az A és a B genotípusra. Szakirodalmi adatok alapján a két csoport különbözhet: eltérhet a szezonálisuk, különböző mértékű lehet a fungicid-rezisztenciájuk és más lehet az okozott tünetek jellege is. A mádi Szent Tamás dűlőn 2017 és 2019 között összesen mintegy 290 mintát gyűjtöttünk. Az A/B genotípusok és a DMI-rezisztencia markereinek kimutatását qPCR alkalmazásával és PCR-termékek szekvenálásával végeztem 221 minta esetében. Meghatároztam a genotípusok- és rezisztenciamarkert hordozó minták arányát, és a vizsgált lókuszok alapján elkészítettem a minták haplotípus hálózatát. Továbbá fungicidtesztet végeztem egy in vitro fenntartott *E. necator* izolátumon.

ÖRY INEZ

ory_inez@yahoo.com

Orvosi biológia

MA, 1. félév

Babeş-Bolyai Tudományegyetem

Témavezető:

Papp Judith

Egyetemi adjunktus, RO BBTE

Antibiotikumok és illóolajok hatása a *Serratia marcescens* biofilmképzésére

A baktériumok egy adott felületre letapadnak, szaporodnak, majd exopoliszacharidok termelésével egy szerves mátrixot képeznek maguk köré, így sokszorosára növelve rezisztenciájukat. A biofilmképzés egy sejtsűrűséggel összefüggésben álló, quorum sensing által szabályozott folyamat. Vizsgálataink során három illóolaj, nyolc antibiotikum, illetve ezek kombinációinak hatását teszteltük egy Gram-negatív baktérium, a *Serratia marcescens* biofilmképzésére. A baktériumellenes hatást korongdiffúziós és fluoreszcens mikroszkópos módszerrel mértük fel. Az illóolajok közül az oregánó bizonyult a leghatékonyabbnak a biofilmképzés visszaszorításában, míg a teafa olaja esetén tapasztaltuk a leggyengébb gátló hatást. Az antibiotikumok közül a ceftazidim, a ciprofloxacín és a gentamicin fejtette ki a legerősebb gátló hatást, a vizsgált törzs viszont rezisztensnek bizonyult a vankomicin, ampicillin és a cefuroxim hatásával szemben. A gátló hatás mértéke a mennyiségek növelésével erőteljesebb lett. Az illóolajok minden esetben felerősítették az antibiotikumok biofilmgátló hatását.

RAFAEL BENCE

micobiol19@gmail.com

Biológus MSc

MSc, 1. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Nagy Gábor

tudományos munkatárs, SZTE TTIK

A hsf1 és hsf2 gének funkcionális vizsgálata *Mucor circinelloides*-ben

A hősokk faktorok (HSF) olyan transzkripciós faktorok, melyek minden organizmus számára nélkülözhetetlenek az akut stressz túléléséhez. Legismertebb funkciójuk a hősokk gének kifejeződésének szabályozása, de más stresszválaszokban is szerepük lehet (pl. ozmotikus stressz, oxidatív stressz, proteotoxikus stressz). Továbbá olyan folyamatokban is részt vehetnek, melyek a patogenitással kapcsolatosak (pl. alaki dimorfizmus jelensége). A Mucorales rend tagjai javarészt szaprofita fonalas gombák, azonban előfordulnak köztük oportunistá human patogén fajok is. Ezek rendszerint legyengült-, valamint immunszuppresszált betegekben alakítanak ki, gyakran halálos kimenetelű fertőzéseket. Az általuk kialakított fertőzést mucormikózisnak nevezzük. Munkánk során két fő célkitűzésünk volt. Egyfelől, hogy megvizsgáljuk a HSF gének kifejeződésének változását különböző stressz hatásokat követően. Másfelől, hogy a *Mucor circinelloides* két hsf génjére (hsf1 és hsf2) nézve deléciós mutánsokat hozzunk létre, majd a mutáns törzseket fiziológiailag, illetve morfológiailag jellemezzük. A hősokk transzkripciós faktorok számos sejten belüli folyamatban játszanak szerepet, azonban a járomspórás gombák esetében a funkciójuk nem tisztázott a mai napig. Végrehajtottuk a szülői törzs transzkriptom elemzését, valamint megvizsgáltuk a különböző stresszhatásokat követően a kérdéses gének relatív transzkripciós szintjeit. A gének relatív transzkripciós szintjeinek vizsgálata során azt tapasztaltuk, hogy anaerob stressz hatására megemelkedett ezek szintje. Azonban a deléciós mutánsokkal végzett fiziológiai vizsgálatok eredményei azt mutatták, hogy a kérdéses gének kiütése nem okozott szignifikáns változást sem a stresszel szembeni ellenállóképességben, sem pedig a szilárd táptalajon való növekedési képességben. Ugyanakkor a folyékony táptalajban való növekedésükben szembevető volt a különbség anaerob körülmények között. Továbbá a morfológiai vizsgálatok mutattak eltéréseket a szülői törzshöz képest mind szilárd-, mind pedig folyékony táptalajban való növesztés során. Ezen eredményekre alapozva megkezdjük a gének stressz válaszokban-, valamint a morfológiában betöltött szerepének részletes tanulmányozását.

ROZSNYÓI ÁKOS

akosrozsnyoi@gmail.com

Biológia MSc.

MSc, 1. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:

Dr. Kredics László

egyetemi docens, SZTE TTIK

Marik Tamás

doktorjelölt, SZTE TTIK

Korábban nem vizsgált *Trichoderma* fajok által termelt peptaibolok mennyiségi és minőségi vizsgálata HPLC-HRMS technikával

A *Trichoderma* nemzetség az Ascomycota törzs Sordariomycetes osztályán belül a Hypocreales rend legnagyobb mikoparazita életmóddal rendelkező nemzetsége. A *Trichoderma* fajokra jellemző számos szekunder metabolit termelése, melyek közé tartoznak a peptaibolok is. Ezekre a biológiailag aktív metabolitokra jellemző a nem-riboszómális szintézis, felépítésüket nem-riboszómális peptid-szintetáz (NRPS) enzimek végzik. Szerkezetük lineáris, legfeljebb 20 aminosav hosszúságú oligopeptidek, tartalmaznak nem fehérjealkotó aminosavakat, pl. izovalint (Iva), vagy α -aminoizovajsavat (Aib). Szerkezetükre jellemző továbbá az acetilált N-terminális és a C-terminálison elhelyezkedő amino-alkohol csoport. Felépítésüknek köszönhetően képesek a kettős foszfolipid membránokon ioncsatornák létrehozására, ezáltal a parazitált szervezetek sejtjeinek roncsolására. Jelenleg mintegy 350 *Trichoderma* fajt tartanak számon, mely szám a molekuláris azonosításoknak köszönhetően folyamatosan nő. Kutatásunkban 6, korábban peptaibol termelésre nem vizsgált *Trichoderma* törzs (*T. estonicum* TUCIM 1518, *T. tomentosum* TUCIM 2696, *T. cerebriforme* comb. nov. TUCIM 1657, *T. camerunense* TUCIM 1720 és a *T. rossicum* TUCIM 3235 és TUCIM 889 törzseinek) peptaibolprofilját határoztuk meg új peptaibolok azonosítása céljából. A kutatás során a nagy teljesítményű folyadékkromatográfia – nagy felbontású tömegspektrometria (HPLC–HRMS) eljárását alkalmaztuk. A termelt peptaibolokra mennyiségi, minőségi, filogenetikai és bioaktivitási vizsgálatokat is végeztünk. A kutatás során a 6 törzsben összesen 103 peptaibol termelését mutattuk ki, melyek közül 96 szekvencia bizonyult teljesen újnak. Kutatásunk során megfigyeltünk korábban peptaibolokban nem azonosított Tyrol amino-alkohol csoportot is. A *Trichoderma* fajok által termelt peptaibolok és a termelő törzsek tef1 α -szekvenciái alapján filogramokat készítettünk, melyek alapján megállapítottuk, hogy a *Trichoderma* fajok a peptaibol-szekvenciáik alapján is hasonló kládokba sorolhatóak, mint a tef1 α -szekvenciáik alapján. A baktériumok ellen végzett bioaktivitástesztek során megállapítottuk a különböző kivonatok minimális gátló koncentráció (MIC) értékeit. Megállapítottuk továbbá, hogy a peptaibolok szerkezete, valamint aminosav sorrendje nagyban befolyásolja az általuk kifejtett gátló hatást. Eredményeink a szakirodalmi adatokat tovább bővítve betekintést nyújtanak a peptaibolok diverzitásába, valamint azok bioaktivitásába.

VÁGÓ BERNADETT

vagodettike@gmail.com

Biológus

MSc, 7. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:

Prof. Dr. Papp Tamás

egyetemi tanár, SZTE TTIK

Dr. Nagy Gábor

tudományos munkatárs, SZTE TTIK

Az mfs1 és mfs2 transzportfehérjék szerepének vizsgálata a *Mucor circinelloides* azol rezisztenciájában

A Mucorales fonalas gomba rend tagjai többnyire szaprotróf életmódot folytató szervezetek, de előfordulnak közöttük opportunistáknak humánpatogének, amelyek immunszuppresszált betegekben komoly, gyakran halálos szisztémás fertőzéseket okoznak. A fertőzések kezelését nehezíti, hogy a rend tagjai rezisztensek a klinikumban használt legtöbb azol típusú gombaellenes szerrel szemben. Az azol rezisztencia hátterében, számos folyamat állhat. Okozhatják például a sejtmembránban található efflux pumpák, melyeknek két legfontosabb típusa az ABC (ATP-binding cassette) transzporterek és az MFS (Major facilitator superfamily) proteinek. Azol kezelés hatására megfigyelhető, hogy megnő ezeknek a géneknek az expressziója. Az MFS proteinek olyan másodlagos aktív transzporterek, melyek az elektrokémiai proton gradienst használják ki a működésükhöz szükséges energia előállítására. Az MFS fehérjéknek az azol rezisztenciában betöltött szerepe nem tisztázott a Mucorales gombák esetén. A laborunkban korábban teljes transzkriptom analízist hajtottunk végre, mely során posakonazol és flukonazol kezelés hatására két MFS transzportert kódoló gén (mfs1 és mfs2) kifejeződése megnőtt. Munkánk során ennek a két génnek az azol rezisztenciában betöltött szerepét vizsgáltuk *Mucor circinelloides*ben. Mindezek alapján először a gének kifejeződését vizsgáltuk valós idejű kvantitatív PCR segítségével. A posakonazol mellett egyéb azolok és amfotericin B hatására figyeltük meg a gének indukcióját. Ezt követően a két gént CRISPR/Cas9 módszer segítségével elrontottuk és vizsgáltuk az így nyert mutánsok azolokkal szembeni érzékenységét, illetve a növekedési képességüket. A qPCR vizsgálat során azt tapasztaltuk, hogy mindkét gén kifejeződése megnőtt flukonazol és posakonazol kezelés hatására illetve az mfs1 gén kifejeződése izavukonazol kezelés hatására is. A deléciós törzsek vizsgálata azt mutatta, hogy a törzsek érzékenyebbek lettek posakonazolra és izavukonazolra a kontroll törzshöz képest, tehát a két génnek fontos szerepe lehet a rezisztenciában. Flukonazol kezelés hatására nem tapasztaltunk szignifikáns különbséget, így ebben az esetben más mechanizmusok okozhatják a rezisztenciát. Megfigyeltük továbbá, hogy a gének főként aerob körülmények között voltak aktívak.

Mikrobiológia 3

BARTA NIKOLETT

bartanikol@gmail.com

Biológus

MSc, 2. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:

Dr. Wirth Roland

tudományos munkatárs, SZTE TTIK

Prof. Dr. Kovács Kornél

emeritus professzor, SZTE TTIK

Felnőtt fogágygyulladásához asszociált mikrobióta jellemzése újgenerációs amplitikon illetve metagenom szekvenálási módszerek segítségével

A fogágygyulladás, avagy periodontitisz a fogágy rögzítő szöveteinek károsodásából adódó betegség, mely globálisan tekintve a népesség 10,8%-át, körülbelül 743 millió embert érint. Az orális biofilm egy speciális környezetben kialakuló mikroba közösség, számos mikrobája szoros összefüggésben áll a fogágy egészséges illetve beteg állapotával. A fogágygyulladásban szerepet játszó mikrobákat patogenitásuk alapján különböző szinkódú komplexekbe sorolják. Ezek egymáshoz képesti arányai szabja meg a fogágygyulladás súlyosságát. Esettanulmányunk során felnőtt fogágygyulladásban szenvedő páciensek (n=9) fogágyából vett különféle mintákat amplitikon (n=121), illetve ugyanezen páciensek nyál mintáin metagenom (n=9) vizsgálati módszereket alkalmaztunk. Az adatok kiértékelése során egyedi moduláris feldolgozási rendszert építettünk fel, mely napjaink legmodernebb bioinformatikai megoldásait foglalja magában. Értékelési rendszerünket alkalmazva a nagyszámú mintán alkalmazott amplitikon szekvenálás adatai alapján három fő csoportot különböztettünk meg: súlyos, mérsékelten beteg és kontrol csoportokat. A két beteg csoport közti eltéréseket főként a vörös komplexbe sorolható *Tannerella forsythia*, *Filifactor alocis* és *Porphyromonas gingivalis*, valamint a narancssárga komplexbe tartozó *Fusobacterium nucleatum* adta. Ezzel szemben a kontrol csoportot leginkább a sárga és a zöld komplex tagjai uralták. A legsúlyosabb fogágygyulladásra jellemző fajokat azonosítottuk a páciensekből származó nyálminták metagenom eredményei között is. Ebből arra lehet következtetni, hogy nem csak a szomszédos fogak állnak potenciális veszélyben, de a nyál közege is elősegíti a betegség terjedését. Alap kutatásunk eredményei a szájhigiénia való figyelemfelkeltést, illetve a személyre szabott gyógyászat fejlődésének elősegítését hivatott szolgálni.

ESZENYI BÁLINT DÉNES
eszenyibalint@gmail.com
Biológia
BSc, 4. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:
Dr. Kintses Bálint
tudományos főmunkatárs, ELKH
Ød7{

Bakteriofágok specificitásának vizsgálata

Korunk egyik nagy problémája az antibiotikum rezisztencia. A hibás és felelőtlen használatuk eredményezte, hogy rohamos mértékben növekszik a bakteriális patogének által elhunyt emberek száma. Egyes becslések alapján 2050-re átlépi a rákos megbetegedések számát is. Egyre sürgetőbb új alternatívák kifejlesztése, melybe beletartozik a bakteriofágok (fágok) alkalmazása, avagy a fágterápia. A bakteriofágok olyan vírusok, amik specifikusan csak baktériumokat támadnak meg. Emberre nem veszélyesek, közel sincs annyi bizonyított mellékhatásuk mint az antibiotikumoknak. Természetesen a bakteriofágok sem tökéletesek. A baktériumok képesek ellenük is védekezni. A fágok számára receptorként funkcionáló lipopoliszacharidok szerkezetének megváltoztatásával, CRISPR rendszerek használatával, a genetikai állományuk bejuttatásának blokkolásával és sok más módon tudnak ellenük védekezni. Kutatásom során a T7-es bakteriofágot alkalmaztam és vizsgáltam az interakcióját három a KEIO kollekciónból kiválasztott fágrezisztens *E. coli* törzsön. A laborunkban előzetesen fejlesztett pORTMAGE és DivERGE módszerek alkalmazásával a T7 fág farki régiójában mutációkat idéztem elő. A farki régió felelős a baktériumon való megtapadásért. Ennek módosításával befolyásolni tudom a fág megtapadásának képességét, akár a rá teljes mértékben rezisztens *E. Coli* törzseken is. A kutatásomban rövid idő alatt, sok előzőleg az irodalomban nem leírt mutációt sikerült azonosítanom és ezen mutációkat hordozó fágokat előállítanom. Ezen mutáns fágok specificitása nagymértékben változott. Több olyan mutáns is sikerült előállítanom melyek képesek voltak mind a három rezisztens *E. Coli* törzset fertőzni és az eredeti kontroll törzsön a hatékonyságuk növekedett. Ezek az eredmények bizonyítják, hogy a laborunkban kifejlesztett módszerrel képesek vagyunk fágokat adaptálni rövid idő alatt rájuk rezisztens baktérium törzsekre.

FURKA ZSÓFIA TERÉZIA

furka.zsofi@gmail.com

Biológia

MSc, 1. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:

Dr. Takó Miklós

egyetemi adjunktus, SZTE TTIK

Dr. Kovács-Kotogán Alexandra

tudományos munkatárs, SZTE TTIK

Bioaktív lipidek enzimatisz előállításza növényi és állati olajokból

A lipáz enzim triglicerid molekulákat hidrolizál szabad zsírsavakra és glicerinre, valamint szintetikus aktivitása révén észterező és átészterező reakciókat is katalizál. Aktivitásainak számos gyakorlati felhasználása ismert az élelmiszer- és a gyógyszeriparban, ezért fontos kutatási területet képeznek. Egyes növényi és állati eredetű olajok egészségre gyakorolt hatása jól ismert. Belőlük bioaktív hatású zsírsavak vonhatók ki, melyek közül egyes vegyületek antimikrobiális aktivitással is rendelkezhetnek. A zsírsav kivonás környezetbarát és gazdaságos kivitelezéséhez jó eszköz lehet a mikrobiális lipáz enzimek hidrolitikus aktivitása. Munkánkban különféle növényi és állati eredetű olajok lipázokkal kivitelezett hidrolízisét, a reakció során felszabadult zsírsavak kimutatását, illetve a reakcióelegyek mikroorganizmusok növekedésére gyakorolt hatásának vizsgálatát tűztük ki célul. A kísérletekhez a mogyoró, mandula, repce, szőlőmag, olíva és lenmag növényi olaj, valamint a menhaden halolaj, bioaktív zsírsavakat tartalmazó szubsztrátokat választottuk ki. Az olajok bontására *Aspergillus niger*, *Rhizopus oryzae*, *Rhizopus niveus*, *Rhizomucor miehei* és *Candida rugosa* gombák által termelt, kereskedelmi forgalomban elérhető lipázokat, illetve egy, a kutatócsoportunk által *Mucor corticolus* gombából előzetesen kivont enzimet teszteltünk. Az enzimatisz hidrolízist elsőként a megfelelő olajat és fenolvörös sav-bázis indikátort tartalmazó szilárd közegeken tanulmányoztuk, ahol a legjobb bontást a *R. miehei* lipáz mutatta. A reakciók során szabaddá váló zsírsavak minőségének és mennyiségének megállapításához folyadék közegben, biokatalizátorként *R. miehei* lipázt alkalmazva állítottunk össze reakciókat. Nagyhatékonyságú folyadékkromatográfia (HPLC) technika segítségével linolsav, linolénsav, sztearinsav, palmitinsav és olajsav, illetve egyéb telített és telítetlen zsírsavak koncentrációjának növekedését azonosítottuk az inkubációt követően. A hidrolizátumok növekedést befolyásoló aktivitását *Bacillus subtilis* baktériumon vizsgáltuk, ahol az enzimmentes mintával összehasonlítva számos olajnál antimikrobiális hatást tapasztaltunk. Nagy növekedésgátló aktivitást a mandula, szőlőmag, lenmag és menhaden hal olajokkal előállított hidrolizátumoknál mutattuk ki. Eredményeink szerint a *R. miehei* lipáz alkalmas lehet élelmiszer adalékanyagként és/vagy természetes tartósítószerként is felhasználható bioaktív lipidek nagy hozamú feldúsítására növényi és állati olajokon.

KANYÓ ANDOR

akanyo20@gmail.com

Biológus

MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Hamari Zsuzsanna

egyetemi docens, SZTE TTIK

A purin hidroxiláz I és purin hidroxiláz II enzim aktív centrumában található aminosavak módosításának hatásai az enzimaktivitásra

Az *Aspergillus nidulans* genomjában 2 paralóg xantin dehidrogenáz (XDH) enzimet kódoló gén található, a *hxA* és *hxnS*. A génduplikációt követően a *HxnS* neofunkcionalizáción esett át, mely során nem csak más transzkripciószabályozó faktor szabályozása alá került, hanem megváltozott az enzim szubsztrátkötő képessége is. Míg a klasszikus XDH *HxA* a purin lebontási útvonalban vesz részt (szubsztrátja a hipoxantin és xantin) és az *hxA* gén kifejeződése az *UaY* transzkripciószabályozó faktor által szabályozott, addig az *HxnS* a nikotinsav lebontási útvonalban vesz részt (szubsztrátja a nikotinsav) és a *hxnS* gén kifejeződése a *HxnR* transzkripciószabályozó faktor által szabályozott. A neofunkcionalizáció során a *HxnS* enzim szert tett a nikotinsav szubsztrátként való elfogadására miközben elvesztette xantin, de megőrizte hipoxantin kötő és átalakító képességét. Felvetődik a kérdés, hogy melyek azok az aminosav (AS) változások, amelyek a *HxnS* neofunkcionalizációjához vezettek? A kérdést az enzimevolúció rekonstrukciójával igyekezünk megválaszolni, mely értékes szerkezet-hatás összefüggéseket tárhat fel, melyek biokonverzióra használt enzimek fejlesztését segíthetik elő a jövőben. Munkánk során azonosítottuk az AS-akat, amelyek a *HxnS* és annak ortológjaiban erősen konzerváltak és az *HxA*, valamint az ismert szerkezetű *Bos taurus* XDH enzim megfelelő AS-aitól eltérőek. Ezt követően *in silico* megcseréltük a kijelölt AS-akat a *HxA* és *HxnS* között, és minden megváltoztatott fehérjének elkészítettük a háromdimenziós modelljét, majd a módosított molekulák szerkezeti modelljeit a vad típusú *HxA*, *HxnS* és *BtXDH* szerkezeti modelljeivel hasonlítottuk össze és megfigyeltük, hogy az egyes AS cserék milyen térszerkezetbeli változásokat okoznak az enzimek aktív centrumában. Ezzel párhuzamosan *in vivo* kísérleteket is elvégeztünk. A *hxA* és *hxnS* gének irányított mutagenézisét és klónozását követően a módosított géneket megfelelő deléciós recipiens törzsekbe transzformálva kifejeztettük, és a módosított fehérje aktivitását *in vivo* vizsgáltuk hipoxantin, xantin és nikotinsav hasznosítás vizsgálatokkal. A fehérjemodellezés eredményeit összevetve a nitrogénforrás hasznosítási képesség eredményeivel azonosítani és értelmezni tudtuk az AS változásokat, amelyek az enzimaktivitásra a leginkább kihatnak. Nem vártuk azt, hogy egyetlen AS cserével megváltozott enzimfunkciót eredményez, ezért a legígéretesebb AS cserék kombinálását tervezzük a jövőben addig, amíg sikerül a neofunkcionalizáció rekonstrukciója.

NAGY MÍRA DORINA
nagymiradorina@gmail.com
Biológia
MSc, 3. félév
Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Kemenesi Gábor
egyetemi adjunktus, PTE

Gyakori nyugat-európai SARS-CoV-2 mutációk tér-időbeli vizsgálata Magyarországon az első - és második járványhullám kapcsán

A koronavírusok esetében a tüskefehérje mutációk kiemelt figyelmet érdemelnek, hiszen a gazdasejt receptorához való kötésért és a sejtbe jutásért ez a fehérje felelős, emellett az immunogenitásban is ennek jut főszerep. Így célunk egy hazai, SARS-CoV-2 mutációs monitoring elvégzése volt, egyidejűleg az általános mutációs térképezésre teljes virális genomikai adatokból, illetve a B.1.1.7-es variáns célzott monitoringjára fókuszálva. Eredményeink azt sugallják, hogy a D614G variáns tavasztól, az S477N mutáció nyár végétől lehetett megfigyelni hazánkban. A vizsgált időszakban nem találtuk az A222V és az Y453F mutációt. Az N439K mutáció megtalálható a szeptember 2-ai hazai szekvenciában. A hazai járványhelyzet kezdetétől már a D614G dominanciája (minták 99,6%-ában) figyelhető meg hazánkban. Az ausztrál eredetű S477N, az első hullámba nem volt megfigyelhető, ellenben a második járványhullám során jelentős prevalenciával (70,7%) azonosítottuk Magyarországon. Az említett vizsgált mutációkon kívül, leelemzett mintákban egyéb tüskefehérje mutációk is előfordultak egyelőre ismeretlen funkcionális jelentőséggel. A B.1.1.7-es variáns célzott monitoringja során a szekvenciaadatok többszörös illesztését követően a száz vizsgált mintából öt bizonyult N501Y aminosavcserét hordozó mutánsnak. Az így azonosított N501Y variánsok teljes genomikai elemzése egyértelműen az angliai B.1.1.7-es variánst igazolta, az arra jellemző összes specifikus mutációs pont megtalálható a hazai mintákban is.

SÁVAI GERGŐ NORBERT
savaijuve1997@gmail.com
Biológia
MSc, 1. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:
Dr. Nyilasi Ildikó
tudományos munkatárs, SZTE TTIK

Opportunista humánpatogén gombák mikovírusainak azonosítása

A járomspórás gombákat a valódi gombák közé soroljuk, melyek egyike a legkorábban megjelent gombacsoportoknak a Földön. Mikovírusoknak nevezzük a gombák vírusait. Genomszerveződésük alapján csoportosítják őket, miszerint több mint 70%-ukat hét lineáris dsRNS genommal rendelkező családba sorolják. A mikovírusok gyakran fordulnak elő gombákban, általában látens fertőzést okoznak, és csak ritkán idéznek elő látható tüneteket vagy okoznak változást a gomba fenotípusában. Egyes mikovírusok azonban drámai változásokat okoznak a gazdaszervezetben, ilyen lehet például a szabálytalan növekedés, rendellenes pigmentáció és a megváltozott szexuális reprodukció. Emellett okozhatnak hiper- illetve hipovirulenciát, valamint előidézhethetnek killer fenotípust is. A 38 oportunista humánpatogén izolátum közül 7 *Rhizopus* izolátumban négyféle, míg 2 *Lichtheimia* és 1 *Dichotomocladium* izolátumban kétféle dsRNS mintázatot azonosítottunk. Virulenciájuk összehasonlításánál a vírushordozó *R. arrhizus* izolátum kevésbé virulens, míg a vírushordozó *L. hyalospora* és *L. ramosa* izolátumok virulensebbek voltak, mint a vírusmentes izolátumok. A *Rhizopus* izolátumokban detektált gombavírusok szekvenciája alapján szinte mindegyik a Totiviridae víruscsaládba sorolható. Jövőbeli kutatási terveink között szerepel, hogy a szekvencia adatok segítségével megválaszoljuk a felmerülő filogenetikai és evolúciós kérdéseket. Ezenfelül szeretnénk megvizsgálni a vírus és a gazdaszervezet egymásra gyakorolt hatását, különös hangsúlyt fektetve az oportunista patogén izolátumok vírushordozására. Ennek érdekében tervezzük a detektált vírusok eliminációját, majd az így előállított vírusmentes és az eredeti vírushordozó izolátumok virulenciájának összehasonlító elemzését.

SURJÁN ANDRÁS

surimano1996@gmail.com

Biológus - Molekuláris-, Immun- és Mikrobiológia
szakirány

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Vidovszky Márton

tudományos munkatárs,

Agrártudományi Kutatóközpont

Állatorvos-tudományi Intézet

Új állati poliómavírusok felfedezése és molekuláris jellemzése

A poliómavírusok (PyV-ok) a Polyomaviridae családba tartozó, kisméretű, cirkuláris genommal rendelkező, duplaszálú DNS vírusok. Kapszidjuk ikozaéder-szimmetriájú, átmérőjük 40-50 nm, fehérje burokkal nem rendelkeznek. Az állatvilágban széles körben elterjedtek, elsősorban emlősökben és madarakban fordulnak elő, de találtak már halakban is, és ízeltlábú fajokban is jelen lehetnek. Kutatásunk során PyV-okat mutattunk ki, genetikailag és filogenetikailag elemeztük őket, valamint in silico modelleztük strukturális fehérjeiket. Más gerinces gazdák PyV-ai mellett, elsősorban a denevér fajok vírusaira összpontosítottunk. A large tumor antigen (LTA_g) alapján elvégzett filogenetikai vizsgálat megerősítette, hogy két, általam korábban kimutatott, denevér-PyV új vírusfajnak minősül, a Nemzetközi Vírusrendszertani Bizottság (ICTV) kritériumai szerint. VP1 génjük alapján in silico modelleztük a szerkezeti fehérjét, annak pentamerjét, a kapszidot felépítő hattagú aszimmetrikus egységet, és a teljes kapszidot is. Európai állatkerti főemlősök bélsár és szívmintáiból 5 PyV-t mutattam ki. Ezek mindegyike már korábban leírt PyV fajok feltételezhető új variánsai, típusai. Magyarországra újra telepített európai hódállomány szervmintáiból 1 új PyV-t mutattam ki. Az előzetes genetikai vizsgálatok alapján ez feltételezhetően egy új PyV faj képviselője. A teljes genetikai és filogenetikai vizsgálata folyamatban van.

SZŰCS BALÁZS

szucsbalu99@gmail.com

Biológia

BSc, 7. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:

Prof. Dr. Gácsér Attila

egyetemi tanár, SZTE TTIK

Vadovics Máté

tudományos segédmunkatárs, SZTE TTIK

Az orális candidiasis szájüregi laphámsejtes karcinóma progressziójára gyakorolt hatásának vizsgálata in vivo egér modellben

A szájüregi daganatok komoly egészségügyi kihívásokat okoznak világszerte. A WHO adatai alapján 2018-ban 350.000 új esetet regisztráltak, illetve hozzávetőleg 170.000 haláleset köthető valamilyen szájüreget érintő daganatos megbetegedéshez. Az összes szájüregi daganat közül a szájüregi laphámsejtes karcinóma (OSCC) a leggyakoribb (90%). Egy tanulmány szerint az OSCC-vel diagnosztizált betegek 75%-ánál orális candidiasis alakul ki a megváltozott immunológiai mikro környezet, illetve az alkalmazott kemoradioterápia következtében. Laboratóriumunk egy előzetes kutatása alapján megállapítható, hogy OSCC-vel diagnosztizált betegek szájüregében megnő a kolonizáló élesztőgombák száma és fajdiverzitása, diszbiózis állapota lép fel. Kutatásunk során azt vizsgáltuk, hogy a szájban kialakuló diszbiózis, illetve az orális candidiasis hogyan befolyásolja a szájüregi laphámsejtes karcinóma progresszióját. In vitro eredményeinkre alapozva szerettünk volna létrehozni egy in vivo egér modellt, ahol kortizon acetát segítségével immunszuppresszált állatok nyelvébe HSC-2 humán OSCC sejteket injektáltunk, ezt követően orális candidiasist idéztünk elő. Hisztopatológiai vizsgálatokat végeztünk, amely során OSCC prognózis markereket hasonlítottunk össze a kontroll, illetve orális candidiasist elszenvedő állatok között. Az in vivo tumormintákon transzkriptomikai vizsgálatokat végeztünk szekvenálás segítségével. Eredményeink alapján elmondható, hogy sikeresen létrehoztunk egy in vivo egér modellt az orális candidiasis OSCC progressziójára gyakorolt hatásának vizsgálatához. Az orális candidiasist elszenvedő állatoknál magasabb szinten expresszáldott, illetve lokalizálódott a nukleuszba a p63 fehérje, amely egy gyakran használt rosszabb végekimenetelt jelző prognosztikai marker a pathológiákon. Hisztopathológiai eredmények alapján elmondható, hogy *Candida albicans* jelenlétében erős gyulladás alakul ki, valamint thrombózis és epitheliális-mesenchymális tranzíció jelei, vimentin pozitív sejtek és E-cadherin vesztés, figyelhető meg. Ezen felül sikerült azonosítanunk olyan markergéneket, amelyeknek szakirodalom alapján bizonyított szerepük van az OSCC invázióban, illetve orális candidiasis hatására expressziós szintjük szignifikánsan megemelkedik.

TÓTH ZSÓFIA EDIT
zsofid98@gmail.com
Biológus
MSc, 3. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:
Dr. Tóth Renáta
tudományos munkatárs, SZTE TTIK
Prof. Dr. Gácsér Attila
egyetemi tanár, SZTE TTIK

A FET3 gén szerepének vizsgálata a *Candida parapsilosis*ban

A *Candida parapsilosis* a második, vagy harmadik leggyakoribb *Candida* faj, mely szisztémás és felszíni *Candida* fertőzéseket okozhat immunszuppresszált páciensekben. Az általa okozott szisztémás fertőzések különösen az alacsony születési súlyú csecsemők körében jelentősek. A szabad vas több anyagcsere-folyamat fenntartásához szükséges. Mivel nehezen elérhető a gazdaszervezetben, patogén gombákban különböző vas felvételi és anyagcsere mechanizmusok fejlődtek ki. Bár a *C. parapsilosis* az invazív candidiasis egyik gyakori oka, keveset tudunk arról, hogy a faj milyen vas-anyagcsere mechanizmusokkal rendelkezik, amelyek hozzájárulhatnak a faj virulenciájához. A *Saccharomyces cerevisiae*-ben azonosított FET3 egy sejt felszíni ferrooxidáz, mely a magas affinitású vastranszportban játszik szerepet. *C. albicans*-ban 5 FET3 ortológot azonosítottak, melyek szerepet játszanak a faj vasfelvételében, növekedésében és a proszttaglandin bioszintézisében. Kutatócsoportunk korábbi kutatásai során *C. parapsilosis*-ban 3 FET3 ortológot azonosítottak, melyek egy bebizonyítottan szerepet játszik a faj proszttaglandin bioszintézisében, és befolyásolja a faj virulenciáját. Előzetes kísérleteink során a *C. parapsilosis* 3 FET3 ortológjának expresszióját vizsgáltuk vashiányos közegben. A 3 gén közül, a CPAR2_603600 expressziója emelkedett meg leginkább, így ezt választottunk további vizsgálataink tárgyául. Célunk volt, hogy feltárjuk, hogy a proszttaglandin bioszintézisen kívül, milyen egyéb folyamatokat szabályozhat a CPAR2_603600 ebben a fajban. Ehhez a korábban létrehozott $\Delta/\Delta 6036001/1$ és $\Delta/\Delta 6036002/1$ törzseket használtuk, valamint létrehoztunk egy CPAR2_603600 gént reintegráltan tartalmazó törzset. Munkám során a deléciós mutáns törzsek fenotípezálását végeztem, továbbá azok pszeudohifa és biofilm képző képességét vizsgáltam, és részt vettem a génexpressziós vizsgálatok elvégzésében. Eredményeink alapján a létrehozott null mutáns törzsek vaslimitált körülmények között lassú növekedést mutatnak és érzékenyek számos stresszor jelenlétére. A mutánsok továbbá kevésbé képesek pszeudohifa és biofilm képzésre, azonban ez vas pótlásával javítható volt. qPCR segítségével megállapítottuk, hogy több vas-anyagcserével kapcsolatos gén kifejeződése szintén megváltozott a mutánsban a vad típusú törzshöz képest. Eredményeink arra utalnak, hogy a CPAR2_603600 gén kritikus szerepet játszik a faj vashomeosztázisában, a pszeudohifa és biofilm képzésében, melyekkel szintén befolyásolhatja a faj virulenciáját.

VARGA ZSAKLIN

zsaklinka66@gmail.com

Biológia

MSc, 3. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Kemenesi Gábor

egyetemi adjunktus, PTE

Genomi epidemiológiai elemzés a COVID-19 második magyarországi járványhulláma kapcsán

2019 végén Wuhan városában több olyan beteget jelentettek, akik egy addig ismeretlen kórokozó ágenssel fertőződtek. Néhány héten belül sikerült azonosítani ezt a kórokozót, ami a SARS-CoV-2 nevet kapta. A SARS-CoV-2 2020. év elején hazánkba is eljutott. Március 4-én regisztrálták az ország első betegeit, az azóta elmúlt közel egy évben a járvány az egész világra kiterjedő pandémiás vészhelyzetté nőtte ki magát. A vírus megismerésének, illetve az ellene való hatékony fellépésnek igénye előtérbe helyezte a szekvenálási és az azt követő epidemiológiai vizsgálatok fontosságát. Célunk a magyarországi 2020-as második járványhullám eredetének és terjedési mintázatainak vizsgálata volt. Ennek teljesítéséért következő generációs genomszekvenálási módszerrel szekvenáltuk a Magyarország különböző területeiről érkezett mintákat. A szekvenálási munkafolyamatokat az Oxford Nanopore Technologies nanopórus-alapú szekvenálási eljárással végeztük. A laboratóriumi munkát bioinformatikai adatfeldolgozás követte. Ennek során több programot használtunk, többek között MAFFT, GeneDoc, GISAID és az NGPhylogeny online rendszereket is. Kutatásunk eredményeként pedig egy olyan filogenetikai fát kaptunk melyből levonhatók többek között olyan főbb következtetések, mint a terjedési mintázatok és a magyarországi járvány eredetének lehetséges kiindulópontjai. Két fő terjedési mintázatot állapítottunk meg: a lokális transzmissziót és a többszörös behurcolást. A helyi terjedési láncok főként a tömeges embermozgások következményei lehettek, míg a többszörös behurcolás a külföldi munkavégzés, repülési aktivitás stb. által jöhetett létre. Az egyes gócpontok földrajzi forrásaiként főként a szomszédos országokat állapítottuk meg, de egyes Európán kívüli országok, mint például az USA is szerepet játszottak a magyar járvány kialakulásában. Direkt behurcolást nem sikerült igazolnunk, de a régiós földrajzi eredetre jó közelítést nyújt az elemzés.

Molekuláris és sejtbiológia 1

ÁRVA HÉDI

arvahedi8@gmail.com

Biológus MSc

MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:

Huliák Ildikó

egyetemi tanársegéd, SZTE TTIK

Dr. Csontné Dr. Kiricsi Mónika

egyetemi adjunktus, SZTE TTIK

A hipertrófiás kardiomiopátia patogenezisével összefüggésbe hozható gének expressziós vizsgálata

A világszerte vezető haláloknak számító szív- és érrendszeri kórképek egyik típusa a hipertrófiás kardiomiopátia (HCM), ahol a miofibrillumok méretének és számának növekedése miatt a kamrafal izomzata koncentrikusan megvastagszik. Kialakulásának elsődleges oka a kontraktilis apparátus fehérjéit kódoló gének mutációi, ám a helyzet tovább romolhat a Ca^{2+} -ciklus fehérjéit érintő mutációk esetén, ugyanakkor a kórállapot krónikus volumenterhelés hatására is kialakulhat. A hipertrófiás szívben megfigyelhető mitokondriális diszfunkció, valamint a kardiomiociták megváltozott szubsztrát preferenciája révén a sejtek energetikai homeosztázisa is károsodik. A sejtek anyagcseréjének központi szabályozójaként számon tartott AMP-aktivált protein-kináz (AMPK) az intracelluláris energiaszint függvényében a katabolikus útvonalak fehérjéinek foszforilálásával serkenti az ATP generálással járó folyamatokat. A sejtek metabolikus aktivitása azonban tovább módosulhat, ha a kórállapotot hipertrigliceridémia súlyosbítja. Ezen folyamatok megértéséhez kezeletlen egészséges, valamint műtéti úton, krónikus volumenterheléssel létrehozott hipertrófiás kardiomiopátiás patkányok szívének bal kamra szöveteit vizsgáltunk. A HCM-es állatok egy-egy további csoportja krónikus trigliceridetetésben, valamint a trigliceriddel egyidejűleg, a humán terápiában használatos fenofibrát bevitelben részesült. qPCR segítségével mRNS szinten vizsgáltuk az AMPK és számos, a szénhidrát- és lipidanyagcserében résztvevő kulcsenzim expresszióját. Ezt kiegészítve meghatároztuk a szöveti triglicerid és koleszterin szinteket is a 4 vizsgált csoportban. Eredményeink arra utalnak, hogy bár a HCM kialakulása önmagában nem befolyásolta jelentősen az AMPK alegységeinek expresszióját, a triglicerid etetés fenofibráttal, vagy anélkül, markánsan megemelte az AMPK katalitikus alegységének kifejeződését. Az AMPK aktivációja hipertrigliceridémia esetén azzal magyarázható, hogy az anyagcsere glikolitikus irányba terelődése protektív hatású lehet a kórképben. A fenofibrát kezelés képes volt a hipertrigliceridémia okozta expressziós eltolódásokat (Foszfofruktokináz, HMG-KoA-reduktáz) kompenzálni és ezzel párhuzamosan a szöveti triglicerid és koleszterin szintet csökkenteni. Ezért a fenofibrát használata előnyös lehet a hipertrigliceridémiával súlyosbított hipertrófiás kardiomiopátia terápiájában.

HORVÁTH MÁRTON

gota.rivers@gmail.com

Molekuláris bionika mérnök

BSc, 7. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:

Prof. Dr. Gácsér Attila

egyetemi tanár, SZTE TTIK

Dr. Tóth Renáta

tudományos munkatárs, SZTE TTIK

Fajspecifikus elemek felderítése a *Candida* fajokkal szemben kialakuló természetes immunválaszban humán szájüregi epitelsejtek esetén

A *Candida* nemzetség tagjai opportunistáknak ismertek, melyek közül a *C. albicans* és *C. parapsilosis* előfordulásukat tekintve a leggyakoribbak. A *C. parapsilosis*, a *C. albicans*-szal ellentétben tagja az egészséges bőrflórának, továbbá, mindkét faj jelen van egészséges egyének szájüregében. Azonban, míg immunszuppresszált páciensek esetén a szájüregi candidiázis esetek fő kiváltója a *C. albicans* (több mint 80%), kifejezetten ezen felszíni fertőzések kiváltása *C. parapsilosis*-ra ritkán vagy egyáltalán nem jellemző. Ez alapján, a szájüregben tehát míg a *C. albicans*-ra valódi opportunistáknak, addig a *C. parapsilosis*-ra inkább kommenzalista fajként tekinthetünk. Ennek valószínűsíthető oka, hogy a két faj fertőzésbiológiája számos szempontból, nagymértékben eltér. Ezt a jelenséget a kísérleteink során egészséges eredetű szájüregi hámsejteknél is megfigyeltük. Az eredményeink alapján a szájüregi hámsejtekben csak a *C. albicans* váltott ki jelentős gazdasejt károsodást és hasonlóképpen, jelentősebb gyulladási válasz is csak e faj esetén volt megfigyelhető. Mindezekből adódóan célunk ennek a jelenségnek, illetve a megvalósulás mikéntjének a feltárása volt, tehát annak megválaszolása, hogy miféle fajspecifikus válaszok jönnek létre egy kommenzalista és egy patogén faj megkülönböztetésének érdekében, illetve mi történik a kommenzalista megemelkedett dózis esetében. A fertőzés utáni transzkriptóm analízis arra utalt, hogy génexpresszió szintjén a legtöbb változás később következik csak be (6 óránál), valamint, hogy a *C. albicans* jóval több gén expresszióját befolyásolja, mint a *C. parapsilosis*. Sikeresen fajspecifikusan megváltozott kifejeződésű géneket beazonosítottunk, valamint további analíziseink arra utaltak, hogy a *C. albicans* jelenléte szinte kizárólag gyulladási útvonalakat és funkciókat aktivált, míg a *C. parapsilosis* fertőzés hatására változatos útvonalak, elsősorban vér- és érzékeléssel kapcsolatos és oxidatív stressz választ szabályozó folyamatok aktiválódtak. További kísérleteink közé tartozott a miRNS szekvenálás is, aminek az elmezése során kifejezetten olyan miRNS-eket azonosítottunk, amik fajra specifikusan jelentek meg. Ezek közül számos miRNS-t ténylegesen a transzkriptóm analízis során beazonosított génexpressziós változásokhoz tudunk kötni. Összefoglalva, elmondható, hogy szájüregi ehámsejtek esetén aktív megkülönböztetés zajlik a két faj között, valamint az is, hogy ez feltehetőleg miRNS-ek révén is szabályozott.

JÁNOSKA DÓRA KATALIN
janoskadora@gmail.com
molekuláris bionika mérnök
BSc, 7. félév
Pázmány Péter Katolikus Egyetem
Információs Technológiai és Bionikai Kar

Témavezető:
Szabó Arnold
Egyetemi tanársegéd, SE ÁOK

Müller-sejtek diverzitásának vizsgálata humán retinában

Az emberi szem ideghártyája a nehezen kutatható, csak részben karakterizált szervek közé tartozik. A retinára vonatkozó tudásunk nagyrészt állatkísérletekből, halakon, hüllőkön, madarakon illetve rágcsálókön végzett kutatásokból származik. Az állati modelleken végzett vizsgálatok, minden előnyük ellenére, nem adnak az emberre közvetlenül adaptálható eredményeket, melynek oka - legalább részben - a főemlősök és az ember retinájának speciális felépítésében keresendő. Az eltérő gerinces fajok közötti különbségek a retina fő gliasejtjeinek, a Müller-sejtek működésében is megnyilvánulnak. Ezek a sejtek az alacsonyabb rendű gerincesekben fontos szerepet játszanak a retina regenerációjában. Az emlősökben a Müller-sejt retina regenerációs képessége elvész, a spontán sejtciklusba lépése elmarad. Munkám során az emberi retina Müller-sejtjeinek részletes morfológiai karakterizálására törekedtem. Munkámhoz szemészeti betegségektől mentes multi-organ donorok nagyon rövid post mortem idejű, a keringés leálltától számított egy-két órán belül eltávolított bulbusait használtam fel. A szövetek fixálását követően orientált fagyasztott metszeteket és whole mount preparátumokat készítettem. Ezeken a mintákon immunhisztokémiai jelölést végeztem, amelyhez GFAP-t, vimentin-t és S100 β ellenes antitesteket alkalmaztam. A jelölt mintákon az adott fehérje expressziójára jellemző fluoreszcens jelet konfokális lézer mikroszkóppal dokumentáltam, és vizsgáltam a Müller-sejtekre jellemző fehérjék expressziójának centropériális eltéréseit. A megfigyeléseim szerint a GFAP és a vimentin esetében az expressziós mintázat a perifériától a centrum perifoveális területei felé egy csökkenő jelintenzitást mutatott. Az S100 β -ra is jellemző volt az azonos gradiens menti csökkenés, azonban az S100 β fehérje expressziója csak a Müller-sejtek egy alpopulációjában volt kimutatható. A whole mount preparátumok esetében is a konfokális mikroszkóppal rekonstruált képeken határoztam meg a teljes és a speciális expressziót mutató Müller-sejtek denzitás értékeit. A preparátumokon végzett számításaim alapján kvantitatív eredményekkel is alátámasztottam azt a megfigyelést, hogy a felnőtt humán retina esetén a Müller-sejtek populációja nem egységes. Kvantitatív vizsgálattal igazoltam, hogy az S100 β pozitivitást mutató Müller-sejtek sűrűsége az ora serrata közelében szignifikánsabb magasabb, mint a perifoveális területeken, míg a vimentin-pozitív sejtek száma a retinán belüli lokalizációtól független.

KOPASZ ANNA GEORGINA

annageorgina.k@gmail.com

biológia

BSc, 6. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Mátés Lajos

Tudományos főmunkatárs

ELKH Szegedi Biológiai Kutatóközpont

A Gpr155 G-protein kapcsolt receptor fehérje tumorigenezisben betöltött szerepének in vivo vizsgálata szomatikusan transzgenikus egér modellben

Az elmúlt évek során a tudományos világ érdeklődése a rákos megbetegedések genetikai hátterének feltárása, ezen belül is a rák kialakulását elősegítő ún. „driver” mutációk azonosítása felé fordult. Azonban a rákos sejtekben található genetikai elváltozások komplexitása nagyon megnehezítette a „driver” mutációk azonosítását a nagy mennyiségben jelen levő, de a betegség szempontjából jelentőséggel nem bíró „passenger” mutációk között. Ezért laboratóriumunkban a közelmúltban kidolgoztunk egy a hepatocelluláris karcinóma „drivereinek” vizsgálatára alkalmas szomatikusan transzgenikus egér modellt. A Gpr155 egy ismeretlen funkciójú, a G-protein kapcsolt fehérjék szupercsaládjába tartozó fehérje. Ezen fehérjecsalád képviselői a G-proteinhez kapcsolt jelátviteli útvonalak fontos szereplői, és közülük mintegy 130 fehérje jóváhagyott gyógyszerek célpontja. A GPR155 gén számos mutációja megtalálható a nagy emberi rák genom adatbázisokban, valamint korábbi cikkek a GPR155 fehérje mint prognosztikus marker használatára tettek javaslatot. Jelen kísérleteink során célul tűztük ki, hogy igazoljuk a GPR155 fehérje tumorigenezisben betöltött szerepét transzgenikus egér modellben. A GPR155 fehérje potenciális onkogén szereppel bíró leggyakoribb mutáns változatait a nagy emberi rák genom adatbázisokból azonosítottuk, majd elkészítettem az ezen humán fehérjék egér homológjait kódoló CDS-eket. Az így kapott CDS-eket transzpozon plazmid konstrukcióba építettem, amelyben a CDS-eket Fah szelekciós markergénhez kapcsoltam, majd a konstrukciókat hidrodinamikai oltással juttattuk be Fah -/- egerek farokvénájába. Az oltást követő 7 hónap elteltével az állatok máját sztereomikroszkóppal megvizsgáltuk, ennek során az állatokban tumorfejlődést nem tapasztaltunk. Ezt követően az állatok májából RNS, DNS és fehérje mintákat vettünk és a májak mediális lebenyét formalinba helyeztük későbbi hisztológiai vizsgálatok céljából. A májmintákon RT-qPCR vizsgálatokat végeztem, amelyek igazolták a bevitt transzgének összemérhető kifejeződését. A Gpr155 potenciális tumorszupresszor szerepének vizsgálatához több a Gpr155 mRNS-sel komplementer amiR struktúrát terveztünk, majd ezek hatékonyságát ellenőriztem egy emlős szövetkultúra testrendszerben in vitro. Az eddig elvégzett kísérletek nem igazolták a vizsgált GPR155 mutációk „driver” szerepét, azonban hátra van még a minták mélyebb analízise, valamint a GPR155 tumorszupresszor szerepének részletes in vivo jellemzése.

LENZINGER DORINA

lenzi.dorcsi@gmail.com

Biológia

BSc, 5. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Tamási Viola

egyetemi docens (SE), SE ÁOK

Extracelluláris vezikulák szerepe a nem alkoholos zsírmáj patogenezisében

Bevezető: A máj meghatározó szerepet játszik az extracelluláris vezikulák (EV) felvételében és eltávolításában. Hiperlipidémia esetén növekszik a májsejtek zsírfelvétele, felhalmozódásuk a zsírmáj kialakulását fokozza. Kísérleteinkben plazma EV-k fehérjeösszetételében történő változását, valamint hepatociták (HEP), Kupffer (KC) és máj szinuszoidális endothél sejtek (LSEC) mikropartikulum felvételét / leadását vizsgáltuk fiziológiás és hiperlipidémiás körülmények között. Módszerek: In vivo kísérleteink során, 20 és 30 hétig 45% zsírtartalmú tápon tarott (HFD) egereken vizsgáltuk a hiperlipidémia plazma EV tartalomra kifejtett hatását. In vitro vizsgálatokhoz, kontroll egerekből perfúzióval májsejteket izoláltunk. Sejtkultúras rendszerünkben a hiperlipidémiás körülményeket olajsav és palmitinsav elegyével modelleztük. Az EV-eket partikulumszám, fehérjetartalom és EV markerfehérje mennyiség alapján karakterizáltuk. Az EV felvétel vizsgálata HEK-293T-palmGFP eredetű közepes (mEV) és kis méretű (sEV) vezikulák segítségével történt HEP mono- és HEP-KC-LSEC kokultúrában. Eredmények: 30 hetes HFD egerek esetében a CD63 és a CD81 pozitív plazma eredetű sEV-k számában szignifikáns növekedést találtunk. A CD81 pozitív EV-k száma HEP monokultúrában is nő lipotoxikus körülmények között. Kokultúránkban, az mEV-k felvételét főképp a KC-k végzik, míg az sEV-eket az LSEC sejtek veszik fel leginkább. Hiperlipidémiás körülmények között lecsökkent mind a KC, mind az LSEC sejtek EV felvétele. Konklúzió: Az EV felvételt és leadást jelentősen befolyásolják a hiperlipidémiás körülmények. A sejtek eltérő intenzitással veszik fel az EV-eket, nőtt a plazma EV tartalma és a HEP-k EV termelése, de csökkent a májsejtek EV felvétele. Mindemellett, eltérést találtunk a különböző markerfehérjéket tartalmazó EV-k számában.

MOLNÁR MÁRTON

molnarmarton1999@gmail.com

Biológus

MSc, 1. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Simon-Vecsei Zsófia

tudományos munkatárs, ELTE TTK

Új interakciók azonosítása a sejtek endolizoszomális rendszerének pányvázó faktorai között

A sejtek endo-lizoszomális rendszere egy komplex organelláris szerveződés, melynek fő feladata az anyagfelvétel és lebontás. A rendszer működésében központi szerepet játszanak a vezikulafúziós események, melyeket a SNARE fehérjék hajtanak végre -többek között- különböző pályvázó faktorok segítségével. Közülük a CORVET és a Rabenosyn-5 (Rbsn) korai, míg a HOPS késői endoszomák fúzióját mediálja. A sejtélettani folyamatok zavartalanságának alapvető kritériuma a pályvázó faktorok megfelelő működése; mutációik számos rendellenességgel hozhatóak összefüggésbe. A pályvázó faktorok közötti kölcsönhatások és azok szabályozása azonban kevésbé ismertek, és egyre több fehérje-fehérje interakció utal a rendszer dinamikus jellegére. Célunk a pályvázó faktorok közötti interakciók feltárása humán sejt rendszerben. Korábbi kutatásaink során a Rbsn, valamint a HOPS és a CORVET alegységeinek interakcióit mutattuk ki, különösen a Vps18 esetében. Jelen vizsgálataink során kimutattuk, hogy a Rbsn ismert kötőpartnere, a Vps45, a Vps18-cal is kölcsönhatást mutat ko-immunoprecipitációs (koIP) kísérletekben. Élesztő két-hibrid technikával a Rbsn és Vps45 között direkt interakciót mutattunk ki, míg a Vps18 és Vps45 között ez nem állt fenn. Mivel a Rbsn képes mindkét Vps fehérjét kötni, és megállapítottuk hogy kötőhelyeik nem fednek át, így feltételezzük, hogy a Rbsn szolgálhat összekötő molekulaként a Vps18 és Vps45 között. További kísérletekkel kívánjuk ennek lehetőségét megvizsgálni a jövőben. Az általunk vizsgált interakciók és azok funkciójának megismerése nem csak lehetővé tenné a rendszer jobb megismerését, de esetlegesen annak manipulációját is, gyógyszeres kezelés vagy akár génterápia révén.

NAGY FERENC ISTVÁN
ferencistvann@gmail.com
Biológia-kémia osztatlan tanári
Osztatlan, 9. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:
Dr. Csontné Dr. Kiricsi Mónika
egyetemi adjunktus, SZTE TTIK

***Candida albicans*-eredetű extracelluláris vezikulák hatása orális laphámsejtes karcinóma sejtek migrációjára és áttétképzésére**

A tumoros megbetegedések számtalan emberéletet követelnek világszerte. Ezen halálesetek egy része orális tumoros megbetegedések következménye, melyek közül az orális laphámsejtes karcinóma (oral squamous cell carcinoma - OSCC) bír a legnagyobb jelentőséggel. A közelmúltban megfigyelték, hogy OSCC-ban szenvedő betegek szájüregéből jelentősen több és nagyobb diverzitású gombafaj izolálható, mint az egészséges egyénekéből, és az izolátumokban a *Candida* nemzetség képviselteti magát a legnagyobb fajszámmal, ezen belül is a *Candida albicans*. Feltételezhető, hogy az OSCC és a *C. albicans* sejtek együttes szájüregi előfordulása során valamilyen interakció alakul ki közöttük. Ilyen kommunikáció megvalósulhat a *C. albicans* által kibocsájtott, majd az OSCC sejtek által felvett extracelluláris vezikulák révén is. Munkánk során erre a kapcsolatra fókuszáltunk, azaz a gomba és a rákos sejtek közötti, vezikulák által kialakított parakrin szignalizáció hatásait vizsgáltuk az OSCC sejtek proliferációs és migrációs képességére. Ehhez *C. albicans* tenyészetből extracelluláris vezikulákat izoláltunk, majd ezen vezikulumokkal különböző koncentrációban (3200, 50000 vezikula / sejt), és eltérő ideig (12, 24 óra) kezeltünk metasztatikus (HSC-2), és nem metasztatikus (HO-1-N-1) OSCC sejteket. Ezután qPCR módszerrel olyan gének relatív expressziós szintjét vizsgáltuk a rákos sejtekben, amelyek összefüggésbe hozhatók azok proliferációs és migrációs képességével. Eredményeink azt mutatták, hogy míg a sejtszódással kapcsolatos gének (c-Myc, Ki-67, PCNA, TOP2A) relatív génexpressziós szintje különösebben nem változott, addig a migrációs aktivitás szempontjából releváns gének (MMP-1, MMP-2, MMP-3, MMP-9, MMP-10, MMP-13, MMP-16) közül többnek is biológiailag releváns mértékben – a MMP-3 és MMP-13 esetében ötszörösére – nőtt az expressziója. Wound healing-esszé segítségével detektáltuk a kezelt sejtek migrációs és proliferációs aktivitásának megváltozását. A kisebb vezikula koncentrációval kezelt sejtek szignifikánsan gyorsabban nőttek be a sebést, viszont a jelentősen nagyobb vezikula mennyiség nem volt ilyen hatással sem a metasztatikus, sem a nem metasztatikus rákos sejtekre. Eredményeink alapján arra következtethetünk, hogy a *C. albicans* jelenléte és az általa kibocsátott extracelluláris vezikulák szignifikáns mértékben befolyásolhatják az OSCC sejtek migrációs képességét, és így ez a patogén gomba parakrin szignalizációval hozzájárulhat az OSCC sejtek fokozott áttétképzéséhez.

NAGY-HERCZEG DOMONKOS
domonkos98.nagy@gmail.com
Biológia
MSc, 1. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
Dr. Schlett Katalin
egyetemi docens, ELTE TTK
Ignác Attila
doktorandusz, ELTE TTK

A dendrittüskék aktin-átrendeződésének követésére használt fluoreszcens jelölések összehasonlítása

A serkentő szinapszisokat fogadó dendrittüskék aktivitásfüggő változásait az aktin vázrendszer dinamikája határozza meg. A szinaptikus kapcsolatok megerősödéséhez és az új szinapszisok létrejöttéhez elengedhetetlen az aktin vázrendszer megfelelő működése. Az aktin vázrendszer dinamikájának vizsgálatára az egyik legelterjedtebb módszer az aktin monomerek fluoreszcens jelölése, a jelölés fakítása lézerrel, majd a fluoreszcencia időbeli visszatérésének meghatározása. Ez az ún. aktin-FRAP módszer az átrendeződés kinetikájának és az átrendeződő/stabil aktin elemek arányának meghatározására is alkalmas. Annak eldöntésére, hogy az idegsejtekben mely jelölések alkalmasak FRAP kísérletek végrehajtására, háromféle, az aktin sejtvázat jelölő konstrukciót fejeztünk ki egér embriónális idegsejt-tenyészetekben. Az Actin-EGFP fúziós fehérje a sejtvázatba beépülő aktin monomert és egy hozzá kovalensen kapcsolt zöld fluoreszcens fehérjét tartalmaz. Az Actin-Chromobody-GFP és a LifeAct-GFP az elmúlt évtizedben előállított fúziós fehérjék amik az endogén aktin monomerekhez és filamentumokhoz nem kovalens módon kapcsolódnak. A jelölt idegsejtek dendrittüskéin aktin-FRAP méréseket végeztünk kontroll körülmények mellett, illetve az aktin vázat stabilizáló jasplakinolid jelenlétében. A sejtvázat stabilizációja után az Actin-EGFP fluoreszcencia visszatérése teljesen megszűnt, ezzel szemben a másik két jelölés változatlan fluoreszcencia visszatérést mutatott. Eredményeink alapján a nem kovalens jelölések a sejtváztrendszer megjelenítésére ugyan alkalmasak, de az aktin átrendeződés dinamikájáról hamis képet adnak: mivel a fluoreszcens jelzőmolekulák a citoplazmában szabadon is jelen vannak, a fakítást követően a fluoreszcencia az aktin valódi átépülésétől függetlenül is visszaáll. Tehát az aktin dinamika megfelelő vizsgálata csak direkt aktin jelöléssel lehetséges. A kísérletek során felhasznált 12 tenyészetből kilencet én állítottam elő, a transzfekciót mindegyik tenyészetben én végeztem el. A FRAP kísérleteket részben egyedül, részben Ignác Attila felügyelete alatt végeztem. Az ekkor készített felvételeket használtam a morfológia és a motilitás vizsgálatához is. A felvételek kiértékelését az elemzésekhez szükséges FIJI pluginok felhasználásával én végeztem el. A statisztikai elemzéseket a Graph Pad Prism programmal szintén önállóan végeztem el.

SÁRKÁNY ORSOLYA

piszke94@gmail.com

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezetők:

Dr. Gyöngyösi Norbert

Adjunktus, SE ÁOK

Dr. Káldi Krisztina

Docens, SE ÁOK

Egy putatív RasGEF szerepe a cirkadián óra működésében

A cirkadián ritmus a környezethez való alkalmazkodás egyik fontos tényezője, melyet egy sejtszintű endogén oszcillátor hoz létre. A cirkadián óra számos gén expresszióját szabályozza, többek között az anyagcseréért és a sejtosztódásért felelős gének egy részét is. A cirkadián oszcillátor felépítésének nagyfokú konzerváltsága lehetővé teszi a ritmust létrehozó mechanizmusok vizsgálatát modellorganizmusokban, így például a régóta használt *Neurospora crassa* fonalas gombában. A Ras proteinek olyan monomer G-fehérjék amelyek számos eukarióta sejt életfolyamataiban szabályozóként működnek. Az ún. GEF fehérjék (guanin-nukleotid cserélő faktorok) a monomer G fehérjék aktivitását növelik a GDP-GTP csere elősegítése által. A molekuláris óra metabolikus kompenzációjának eredményeként a cirkadián oszcillátorok állandó sebességgel működnek különböző tápanyag kínálat mellett. Laboratóriumunkban korábban kimutatták, hogy a Ras2 fehérje szerepet játszik a cirkadián ritmus glükóz kompenzációjában. Kutatásunk során egy putatív RasGEF fehérjének a szerepét vizsgáljuk a *N. crassa* cirkadián órájának tápanyag kompenzációjában. Eredményeink szerint, noha a cirkadián óra működése tápanyag-kompenzált, a cirkadián oszcillátor molekuláris komponenseinek aránya megváltozik extrém éhezésben. Az óra pozitív faktorainak mennyisége vad típusú törzsben csökken, míg a RasGEF mutánsban ez a változás elmarad, ami azt sugallja, hogy a cirkadián ritmus éhezésre adott válaszában kitüntetett szerepet játszhat a Ras által közvetített útvonal. Munkám során klónoztam és expresszáltam az NCU09758 putatív rasgef gént *Neurosporában*. Emellett visszajuttatva az NCU09758 gént a génkiütött törzsbe (Δ rasgef), az kompenzálta a konidizációs ritmusban és a tartós glükózmegvonás során megfigyelhető különbségeket az órakomponensek szintjeiben. Ezen kívül sikeresen klónoztam a putatív RasGEF és BirA* fúziós fehérje génjét, ami lehetővé teszi a jövőben a putatív RasGEF fehérje interaktómjának vizsgálatát BioID módszerrel.

SZECSKÓ ANIKÓ

szeckskoaniko@gmail.com

Info-bionika mérnöki

MSc, 2. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:

Dr. Veszelka Szilvia

tudományos főmunkatárs,
SZBK

Dr. Mészáros Mária

tudományos munkatárs,
SZBK

Alanin és glutation ligandok kombinációjával célzott nanorészecskék sejt felvételének vizsgálata a neurovaszkuláris egység sejt típusain

A központi idegrendszert érintő betegségeknek különösen nehéz a gyógyszeres kezelése, mivel a vér-agy gát jelentősen korlátozza a biofarmakonok bejutását az idegszövetbe. A vér-agy gát anatómiai alapját képező agyi hajszálerek endotélsejtjei pericitákkal, asztrogliaakkal, idegsejtekkel, valamint a környező mikrogliaakkal szoros morfológiai és funkcionális kapcsolatban állnak, együttesen egy neurovaszkuláris egységet alakítanak ki. A vér-agy gát védelmi rendszerei miatt sem a toxikus anyagok, sem a gyógyszerjelölt molekulák jelentős része nem éri el az agyi célpontjait. Az agyi gyógyszerbejutás fokozására egy innovatív stratégia a hatóanyagok nanorészecskékbe csomagolása. A központi idegrendszer sikeres eléréséhez nélkülözhetetlen a nanopartikulumok ellátása a vér-agy gátra specifikus célzó molekulákkal. A nanorészecskék felszínére az agyi endotélsejtek szállítófehérjéinek ligandjait kötve a sejtek képesek felismerni és megkötni a nanohordozókat. Csoportunk korábbi munkáiban az alanin és a glutation kettős ligandkombinációja fokozta a leghatékonyabban a nanopartikulumok felvételét és átjutását az agyi endotélsejteken. A nanorészecskék töltetének azonban el kell érnie az endotélsejteken, a szomszédos pericitákon és asztrogliaon keresztül a terápiás célpontjaikat, az idegsejteket. Ezért célul tűztük ki, hogy megvizsgáljuk a korábban endotélsejteken sikeresen alkalmazott célzott vezikuláris nanohordozók felvételét és a bejutás lehetséges mechanizmusait a neurovaszkuláris egység többi sejt típusában is. Kísérleteinkhez nem ionos felületaktív anyagokból és koleszterinből fluoreszcens modellfehérjékkal töltött nioszómákat állítottunk elő. Az alanin és glutation ligandkombinációval jelölt nioszómák nemcsak a patkány primer és humán hCMEC/D3 agyi endotélsejtekben, hanem primer pericitákban, asztrogliaiban, differenciált humán SH-SY5Y neuroblasztóma sejtekben is fokozták a töltetük felvételét. A bezárt modellanyagok sejtekbe jutása az összes vizsgált sejt típus esetén hőmérsékletfüggő volt, és csökkent a sejtek metabolizmusát és endocitózist gátló szerek alkalmazása után. Ezzel igazoltuk, hogy a nioszómák felvétele aktív folyamatokhoz kötődik. Feltételezzük, hogy a két különböző szállítófehérje egyidejű célzása erősebb dokkoláshoz vezethet a sejtek felszínén, amely elősegítheti a nanohordozók membránfúzióját és endocitózist. Arra következtethetünk, hogy az alanin és a glutation kombinációjával célzott nioszómák alkalmasak lehetnek hatóanyagok agyi célpontú bejuttatására.

TAKÁCS ÁGNES

takacsagi95@gmail.com

Biológia

MSc, 1. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezetők:

Pálinkás Hajnalka Laura

tudományos segédmunkatárs, Természettudományi

Kutatóközpont, Enzimológiai Intézet

Prof. Vértessy Beáta

egyetemi tanár, csoportvezető, BME VBK

Az STL-fehérje hatásának vizsgálata humán daganat sejtvonalakban

Az uracil DNS-ben való feltűnésére két fő útvonalat ismerünk: a már beépült citozin oxidatív deaminációja és az uracil közvetlen beépülése. Habár alapvetően nem DNS-alkotó bázis, a DNS-polimeráz enzimek jelentős része képtelen megkülönböztetni az uracilt és timint, így az uracil is beépülhet. A sejtbeli dTTP/dUTP arány meghatározó, amit a dUTPáz tart megfelelő szinten. Az uracil DNS-ben való felszorzódása timinmentes sejthalálhoz vezethet, melyet feltételezhetően a hiperaktív hibajavító rendszer okoz. Nemrég felfedeztek egy STL nevű fehérjét a *Staphylococcus aureus*-ban, mely többféle fajból származó dUTPáz aktivitását képes gátolni. Munkám során azt vizsgálom, hogy az STL fehérje milyen hatással van a humán daganatos sejtekre. Ennek érdekében virális transzdukcióval kíséreltünk meg létrehozni STL fehérjét stabilan kifejező „mismatch repair” -deficiens, illetve -proficiens HCT116 sejtvonalakat, melyek hosszútávon fenntarthatónak bizonyultak. A fúziós mCherry-STL konstrukció lehetővé tette a fehérje lokalizációjának tanulmányozását. A vizsgálat során eltérő mintázatot tapasztaltunk attól függően, hogy az STL mellett a fő DNS-glikoziláz, az UNG enzim gátolva volt-e. Továbbá dot blot alapú genomi uracil szint mérési eljárásunk egyértelműen igazolta, hogy az STL fehérje jelenléte szignifikánsan befolyásolja a genomi uracil szintet. A létrehozott sejtvonalak segítségével új ismeretek szerezhetőek a genomi uracil megjelenéséről és a timinmentes sejthalál ismeretlen részleteiről.

Molekuláris és sejtbiológia 2

BARTA BENCE PÁL

bbencepg6@gmail.com

Biológus

MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Bódi Nikolett

egyetemi adjunktus, SZTE TTIK

A tumor nekrozis faktor receptor 2 bélszakasz-specifikus expressziós változása streptozotocin-indukált diabéteszes patkányban

Korábbi vizsgálatainkban megfigyeltük, hogy a krónikus hyperglykaemiás állapot bélszakasz-specifikus neurodegeneratív változásokat eredményez a myentericus neuronokban. Ezenkívül a myentericus neuronok közelében elhelyezkedő kapillárisok, a bél-mikrobióta és az endogén hemoxigenáz rendszer is jelentősen sérül az I-es típusú diabéteszes állatokban. A tumor nekrozis faktor alfa (TNF α) olyan proinflammatorikus citokin, mely képes protektív és neurodegeneratív folyamatokat is indukálni, attól függően, hogy mely receptoron (TNFR1 és TNFR2) keresztül fejti ki hatását. Korábbi vizsgálatainkban megfigyeltük, hogy a TNF α expresszió bélszakasz-specifikus változást mutat az I-es típusú diabéteszes patkányokban. Ezért munkánk elsődleges célja az volt, hogy felmérjük milyen hatással van a krónikus hyperglykaemiás állapot, továbbá az azonnali inzulinkezelés a TNFR2 receptor eloszlására a bélcsatorna különböző szakaszaiban. Kísérletünkben felnőtt hím Wistar patkányokat vizsgáltunk, melyeket random módon 3 csoportra osztottunk (kontroll, diabéteszes, inzulin-kezelt diabéteszes). 10 héttel a hyperglykaemia kiváltása után az állatok különböző bélszakaszaiból (duodenum, ileum, colon) származó szövetmintákon kvantitatív posztembedding elektronmikroszkópos immunhisztokémiai és enzimhez kötött ellenanyag vizsgálatot (ELISA) végeztünk. A kontroll állatokban a TNFR2-t jelölő arany szemcsék denzitása a bélcsatorna hossz tengelye mentén disztális irányba csökkent. A diabéteszes patkányok duodenumában, ileumában és colonjában a TNFR2-t jelölő arany szemcsék mennyisége csökkent, míg az inzulin-kezelt patkányok duodenumában az arany szemcsék száma a kontroll érték közelében maradt. A TNFR2 szöveti szintje a diabéteszes duodenumban szignifikánsan lecsökkent, míg az ileumban és a colonban nem mutatott jelentős változást. Az azonnali inzulinkezelés az egyes bélszakaszokban eltérő módon fejtette ki hatását. Eredményeink alapján elmondható, hogy a TNFR2 expresszióban bekövetkező bélszakasz-specifikus változások hozzájárulnak a krónikus diabétesz következtében kialakuló myentericus neuropátia patogeneziséhez. Munkánk folytatásaként a TNFR1 és a nukleáris faktor-kappa B (NF κ B), továbbá a BCL-2 anti-apoptotikus fehérje eloszlását tervezzük vizsgálni.

CSIHA ELŐD KOPPÁNY

csihak@gmail.com

Molekuláris bionika mérnöki

BSc, 7. félév

Pázmány Péter Katolikus Egyetem

Információs Technológiai és Bionikai Kar

Témavezetők:

Kovács Tibor

Egyetemi adjunktus, ELTE TTK

Gáspári Zoltán

Egyetemi docens, PPKE ITK

Autofágia aktiváló kismolekulák (AUTEN-67 és -99) hatásának vizsgálata Drosophila indirekt repülőizmában

Az autofágia (görög eredetű szó, jelentése 'önemésztés') folyamatának minél mélyebb megértése a 21. században az orvostudomány dinamikus fejlődésével egyre fontosabbá válik. Azt az eukarióta sejtekre jellemző, konzervált lizoszómális lebontási útvonalat nevezzük autofágiának, amellyel a sejtek a citoplazmatikus komponenseiktől szabadulhatnak meg. Ezzel a folyamattal a fölösleges, sokszor citoxikus fehérjéktől, vagy sérült organelumoktól szabadulhat meg a sejt. A lebontás során energia és monomerek is visszanyerhetők. Fenti okokból az autofágia esszenciális folyamat a sejt homeosztázisának szempontjából. Az öregedés előrehaladtával viszont e folyamat lecseng, melynek eredménye a kóros sejtek szervezetben való felszaporodása vagy pusztulása. Ez pedig a potenciális tumorsejtek számát növeli, mely folyamat végén rák is kialakulhat; olyan osztódásra képtelen sejtek esetén pedig, mint a neuronok, a funkcionális sejtek számának csökkenése neurodegenerációs kórok kialakulásához is vezethet. Kutatásunkhoz ecetmuslicákat (*Drosophila melanogaster*) használunk, mely állatok az egyik leggyakrabban használt kísérleti alanyok a genetikai, sejtbiológiai vizsgálatok során. A muslicákban az autofágia hatékonyságát megnöveljük farmakológiai úton, öregedés esetén. A kutatás egy másik nagyon fontos szegmense az MTMR (myotubulin-related protein) fehérjék hatása az autofágiára. A Vps34 (vacuolar protein sorting 34) komplex antagonistá molekulája az MTMR14 (myotubulin-related protein 14), amelynek ecetmuslica ortológja az EDTP (egg-derived tyrosine phosphatase). Jelenlétük negatívan szabályozza az autofágia mértékét, viszont mutációjuk centronukleáris miopátiával jár. A kutatás célja volt megvizsgálni, hogy a két gyógyszerjelölt kismolekulánk az AUTEN-67 és -99 (az MTMR14 fehérje gátlásával) képesek-e autofágiát fokozni és vizsgálni ezen farmakológiai kezelés szövettani és élettani eredményeit. TDK dolgozatom kutatásához a kutatócsoportunk korábbi, a muslica idegrendszerén végzett autofágia kutatásának eredménye szolgál előzményként. Ezen kutatási munkában az AUTEN molekulák izomra gyakorolt hatását tanulmányoztuk és vetettük össze az EDTP mutációja okozta tünetekkel (farmakológiai és genetikai gátlás különbségeinek összevetése). Amint az a dolgozatomból kiderül, a hatóanyagok fokozzák az autofágiát a választott szövetben (indirekt repülőizom) és javítják az állatok repülési képességét szemben a mutánsokkal. A kapott különbség feltételezhető fejlődésbiológiai okát is vizsgáltam.

DÁN KINGA
dankinguci@yahoo.com
Biológus
MSc, 3. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:
Dr. Lipinszki Zoltán
tudományos főmunkatárs
Sd7{ Biokémia Intézet

A PP4 fehérje foszfatáz szubsztrátum-felismerő mechanizmusának molekuláris vizsgálata

A reverzibilis fehérje foszforiláció meghatározó szerepet játszik a sejtek megfelelő működésének szabályozásában. A foszforiláció kialakulását a fehérje kinázok, míg eltávolítását a kevésbé ismert fehérje foszfatázok katalizálják. A három alegységből álló, evolúciósan konzervált PP4 foszfatáz enzim kulcsfontosságú az eukarióta sejt homeosztázisának fenntartásában. Részt vesz a sejtosztódási ciklus, a DNS károsodás javítása, jelátviteli útvonalak vagy az idegsejtek fejlődésének szabályozásában. Régóta ismert, hogy a PP4 foszfatáz szabályozó R3 alegység (emlősökben SMEK1, ecetmuslicában Falafel/Flfl) EVH1 doménje játszik szerepet a szubsztrátum felismerésében és megkötésében, azok FxxP és MxPP konszenzus kötő-motívumain keresztül. Habár ezt a folyamatot részleteiben nem ismerjük, korábbi eredményeink alapján feltételezzük, hogy a SMEK1/Flfl EVH1 domén 70/69. (muslica/humán számozás) pozíciójában található és minden ismert R3 ortológban konzervált leucin (L) aminosav kulcsfontosságú az R3 alegységek szubsztrátum kötésében. Ezt támogatja az a megfigyelésünk is, miszerint a kanonikus EVH1 fehérjékben (pl. ena/Vasp/Homer/Spred családok) ebben a pozícióban mindig fenilalanin található, amely egy kitüntetett triptofán és tirozin aminosavval alakítja ki a prolinban gazdag (poliprolin) ligandumokat-kötő hidrofób felületet. Célunk a konzervált leucin aminosav nélkülözhetetlenségének a bizonyítása volt in vitro DNS rekombinációs, fehérjebiokémiai és molekuláris biológiai technikákat alkalmazva. Kísérleteinkkel igazoltuk, hogy a leucin alaninra történő cseréje megszünteti a PP4 és FxxP/MxPP-szubsztrátumai közti kölcsönhatást, viszont fenilalaninra való csere esetében a kölcsönhatások fennmaradnak. Továbbá az eredményeink alapján úgy gondoljuk, hogy a PP4 fehérje EVH1 doménje egy új variánst képez az EVH1 domének családjában.

DÓSA ANNA

annad9962@gmail.com

Biológia

BSc, 5. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Csizmadia Tamás

egyetemi adjunktus, ELTE TTK

Az ubiquitin lehetséges szerepe a szekréciónak lebontási útra való terelésében

A krinofágia a sejtes önméztés (autofágia) egy speciális változata, melynek során a feleslegessé váló szekréciónak granuluma a kiürülés helyett lizoszómákkal egyesülnek, így azok tartalma lebomlik. Munkatársaink korábban már azonosították a krinofágia membránfúziós apparátusának legfontosabb komponenseit (SNARE-eket, kis GTP-ázokat és a pányvázó komplexet), azonban a folyamat szabályozásáról még csak keveset tudunk. Az ubiquitin az élővilágban univerzálisan jelen lévő poszttranszlációs szabályozó fehérje, melynek legismertebb funkciója adott fehérjék kijelölése a proteaszóma általi degradációra. Megfigyelték azonban, hogy az ubiquitin az autofág folyamatokban, így például a szelektív makroautofágia során szükséges a sérült vagy felesleges sejtorganellek lebontásához is. Az ubiquitin szerepét kimutatták élesztőben a glükoneogénikus fehérjék gyors degradációját biztosító, a krinofágiához mechanisztikus jellegét tekintve hasonlóan zajló Vid útvonal során. Ezek alapján nem kizárható, hogy az ubiquitin szükséges lehet a *Drosophila* lárvák nyálmirigyében a bebábozódásakor lejátszódó intenzív krinofágia lezajlásához is. Vizsgálataim során fluoreszcens és immuncitokémiai jelölési technikákkal sikerült ubiquitint kimutatnom a krinofágia indukciója során a szekréciónak granuluma membránján. Kisléptékű, háromlépcsős genetikai szűréssel azonosítottam egy E3 ubiquitin-ligázt, mely génjének csendesítése szekréciónak granuluma-lizoszóma fúziós defektushoz, a fehérje túltermelése pedig korai krinofágiához vezet a nyálmirigysejtekben, fluoreszcens és elektronmikroszkópos módszerekkel vizsgálva is. Eddigi eredményeim alapján valószínűsíthető, hogy a szekréciónak granuluma membránfehérjéinek ubiquitinilációja szükséges annak lizoszómális lebontási útvonalra való tereléséhez.

GÓRA VALÉR

goravalerg6@gmail.com

Biológus MSc

MSc, 3. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezetők:

Dr. Barkó Szilvia

egyetemi adjunktus, PTE ÁOK

Dr. Szatmári Dávid

egyetemi adjunktus, PTE ÁOK

Aktin izoformák biofizikai tulajdonságainak vizsgálata oxidatív körülmények között

Az alfa vázizom és alfa szívizom aktin aminosav szekvenciája 98,93%-os egyezést mutat, azonban a két fehérje 4 aminosavban különbözik egymástól, így szerkezetük feltehetően részben eltérő. Kiemelendő ezek közül a 299. aminosav, ami vázizom aktin esetén metionin, szívizom aktin esetén leucin. Az említett aminosav a polimerizáció szempontjából fontos aminosavak környezetében található, így az izoformák polimerizációs tulajdonságai különbözhetnek. A H₂O₂ képes oxidálni a kéntartalmú aminosavakat, így az oxidált izoformák szerkezete és funkciója is eltérő módon változhat, mivel a 299. aminosav csak vázizom aktin esetén képes oxidálódni. A profilin egy aktin kötő fehérje, mely fontos szerepet tölt be az aktin citoskeleton szerveződésében. A profilin-aktin interakció jelentősen függ a fehérjék térszerkezetétől, így feltehetően a profilin eltérő hatást fejt ki az oxidált izoformákra. Az izoformák szerkezeti különbségének vizsgálatához az aktin triptofán emissziós spektrumát határoztuk meg spektrofluoriméterrel, megmértük a minták olvadási hőmérsékletét differenciális pásztázó kaloriméterrel, valamint meghatároztuk az aktin profilinhez való affinitását, melyhez az anizotrópiát mértük spektrofluoriméterrel. Az izoformák funkcionális különbségeinek vizsgálatához az ATP-áz aktivitást mértük spektrofotométerrel, a polimerizáció sebességének meghatározásához a minták fényszórását követtük nyomon spektrofluoriméterrel, a polimerizáció mértékének vizsgálatához pedig a monomereket és filamentumokat ultracentrifugálással elkülönítettük, majd arányukat gélelektroforézissel vizsgáltuk. Mind a natív, mind pedig az oxidált izoformák szerkezete különbözik egymástól, így funkciójukban is különbséget tapasztaltunk. A vázizom aktin ATP-áz aktivitása, polimerizációs sebessége és a polimerizációjának mértéke is nagyobb, mint a szívizom aktinnak. A vázizom aktin érzékenyebb az oxidációra, mivel H₂O₂ hatására nagyobb mértékben csökkent annak ATP-áz aktivitása, polimerizációs sebessége és a polimerizációjának mértéke is. A profilin részben eltérő hatást fejt ki a natív és az oxidált izoformák polimerizációs tulajdonságaira. Összefoglalás: A vázizom és szívizom aktin szerkezetének és funkciójának megváltozása részben különbözőnek bizonyult oxidáció hatására, ami feltételezhetően eltérő szerepüknek tulajdonítható az egyes izom típusokban. A profilin affinitása nagyobbak adódott az oxidált izoformákhoz, aminek élettani jelentősége lehet az oxidációra adott sejtválaszban.

HARGITAI DÁVID

dhargitaigg@gmail.com

Biológia

BSc, 5. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Lőrincz Péter

egyetemi adjunktus

MTA Prémium posztdoktor, ELTE TTK

A Syntaxin7 szerepe az amfiszóma képződésben

Az eukarióta szervezetek számára nélkülözhetetlen szerepet töltenek be a bennük megtalálható belső membránrendszerek. Ezek közül összetett hálózatot képeznek a különböző nagyméretű sejten kívülről és belülről származó struktúrák lebontását megvalósító vezikuláris rendszerek. A vezikuláris lebontási hálózat különböző elemei különféle folyamatok során egymással eltérő mértékű kölcsönhatásba kerülhetnek, melynek következtében funkcionálisan is új struktúrák képződhetnek. Ezen kölcsönhatások közül kiemelten fontos és meghatározó jelentőségű a membránok és az elkülönült belső terek egyesülésével járó folyamat: a vezikulafúzió. A vezikulák egyesülési folyamatának központi jelentőségű végrehajtó elemei a SNARE-fehérjék, amelyek a fúzióra ítélt vezikulák egymást megközelítő membránjaihoz kapcsolódva egymással komplexeket kialakítva kritikus közelségbe húzzák a vezikulákat, ahol megtörténhet a kétrétegű membránok egyesülése. A különböző vezikulák egyesülését eltérő SNARE-fehérjékből álló komplexek végzik, amelyek azonosítása, a SNARE-fehérjék nagyméretű családjának köszönhetően, pár kivételtől eltekintve még nem történt meg. Kutatómunkám során egy SNARE-fehérje, a Syntaxin7 (Syx7) funkcióját vizsgálom ecetmuslicia (*Drosophila melanogaster*) modellállaton. Korábbi kutatások a Syx7-et endocitózissal felvett anyagok lebontásához tartják szükségesnek, míg a humán ortológoknak a a sejt saját anyagainak lebontásában (autofágia) is jelentőséget tulajdonítottak. Jelen tanulmányban megállapítottuk, hogy a Syx7 ecetmuslicában is szükséges az autofágiához, de a humán ortológtól eltérő módon a vezikuláris lebontási útvonalak összekapcsolódási pontjánál, a lebontandó sejtalkotókat és az endocitózissal felvett anyagokat egyaránt tartalmazó vezikulák, az amfiszómák kialakulásánál. Az általunk elvégzett és tervezett kísérletek következtében teljesebb képet kaphatunk a vezikuláris lebontási hálózat szerveződéséről és jobban megérthetjük, a különböző résztvevő útvonalak kapcsolódásának molekuláris hátterét.

KISS ALETTA KATA
kissalettakata@gmail.com
Biológus
MSc, 3. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:
Dr. Maléth József
tudományos főmunkatárs, SZTE ÁOK
Varga Árpád
Ph.D. hallgató, SZTE ÁOK

Az ORAI1 csatornán keresztüli raktár-független Ca²⁺ beáramlás meghatározó szerepe a poláris epitél sejtek CFTR aktivációjában

A cisztás fibrózis transzmembrán konduktancia regulátor (CFTR) az epitél sejtek apikális oldalán elhelyezkedő anion csatorna, amelynek aktivitását a cAMP és a Ca²⁺ intracelluláris jelátvitel szinergista módon szabályozza. A két szignalizációs út közötti kapcsolat egyik fontos pontja a cAMP termeléséért felelős adenil cikláz (AC) fehérjecsald, melyek közül a Ca²⁺/kalmódulin aktivált (AC1/3/8) és Ca²⁺ gátolt (AC5/6) fehérjék szerepe a CFTR szabályozásában továbbra is feltáratlan. Célunk ezért a CFTR csatornát szabályozó Ca²⁺/cAMP mikrodomén elemeinek és működésének feltárása poláris epitél sejtekben. Kísérleteinkhez hasnyálmirigy, tüdő és máj szövetekből organoid kultúrákat hoztunk létre. Az organoidokat felépítő sejtek epitél eredetét RNS szekvenálással, immunfluoreszcens festéssel és pásztázó elektronmikroszkópiás képalkotással vizsgáltuk. A fehérje-fehérje interakciók kimutatására szuperrezolúciós direkt sztochasztikus optikai rekonstrukciós mikroszkópiát alkalmaztunk. Az egerek hasnyálmirigyéből izolált duktális fragmentumokon és organoidokon egyaránt intracelluláris Cl⁻szintet mértünk MQAE festékkel a CFTR aktivitásának megállapításához. Igazoltuk az organoidok epiteliális sejsorsát és poláris felépítését. Az organoidokban transzkripciósan aktiv AC1/3/6/8/9 közül a Ca²⁺/kalmódulin aktivált formák (AC1/3/8) és a CFTR közötti interakciót feltételező kolokalizációt mutattuk ki kotranszfektáns és primer sejteken egyaránt. AC6 esetében a kolokalizáció nem volt kimutatható, míg az AC9 szabályozó szerepét a poláris epitél sejteken megfigyelt bazolaterális elhelyezkedése miatt zártuk ki. A CFTR és az ORAI1 kalcium csatorna közötti 10-20 nanométeres, fizikai kölcsönhatásra is alkalmas közelséget detektáltunk. Mindhárom szövetből származó organoid kultúrákon elvégzett funkcionális vizsgálat során az ORAI1 farmakológiai gátlása és géncsendesítése csökkentette a CFTR aktivitását. Eredményeink alapján az ORAI1 és az SPCA2 kapcsolata kiemelt fontosságú a CFTR aktivitásának szabályozásában, ami az AC-k serkentésén keresztül jön létre. Eredményeink újgenerációs képalkotási módszerek és háromdimenziós sejkultúrák alkalmazásával szemléltetik, hogy az eltérő szöveti származású poláris epitél sejtekben az ORAI1 csatornán keresztül megvalósuló Ca²⁺ beáramlás elengedhetetlen a CFTR aktivációjához.

MOLNÁR TÜNDE

moltunde93@gmail.com

Biológus

MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:

Dr. Maléth József

tudományos főmunkatárs, SZTE ÁOK

Jórárt Boldizsár

PhD hallgató, SZTE ÁOK

A gyulladós bélbetegség modellezése humán vastagbél organoidok segítségével

A gyulladós bélbetegségek (Inflammatory Bowel Diseases-IBD) a gasztrointesztinális rendszert érintő, multifaktoriális, autoimmun, krónikus gyulladással járó kórképek. A pontos patomechanizmusa nem ismert, de a gyulladáskeltő és megelőző citokinek felborult egyensúlya hozzájárul a gyulladós folyamatok kialakulásához, valamint a betegek terápiás válaszához. A klinikumban az IBD kezelésében nagy arányban alkalmazzák a TNF- α gátló biológiai terápiákat, melyek forradalmasították az IBD kezelését. Mindazonáltal a biológiai terápia a betegek 10-30%-ában nem vált ki választ vagy a kezdeti sikerességet követően veszíti el hatásfokát. A közelmúltban leírt felnőtt szövet specifikus őssejtekből létrehozható 3 dimenziós ex vivo organoid sejtkultúrák alkalmasak lehetnek a beteg-specifikus terápiás válasz prediktálására. Azonban nincs információnk, hogy ezen organoid sejtkultúrák mennyire tükrözik a citokinek in vivo expressziós mintázatát. Kutatásunk célja a humán vastagbél organoidok és a primer szövetminta citokin mintázatának összehasonlítása. Munkánk alatt öt IBD-ben szenvedő beteg vastagbél szövetmintáiból indítottunk organoid kultúrát. A biopsziák egy részéből totál fehérjét, a másik részéből kriptákat izoláltunk, majd organoid sejtkultúrát indítottunk belőle. A citokin profil vizsgálatához egy szemikvantitatív módszert alkalmaztunk, amely segítségével 36 különböző citokint tudtunk detektálni egy mintában. A TNF- α koncentrációját ELISA-val, lokalizációját immunfluoreszcens festéssel vizsgáltuk. A citokin profil vizsgálat során azt tapasztaltuk, hogy a biopszia és a vele azonos organoid fehérje mintázata nagymértékben megegyezik az első passzálásig. Ezt követően az egyes pro-inflammatórikus citokinek expressziója csökken, illetve eltűnik. A TNF- α koncentrációja a harmadik passzálás után is detektálható volt, de a koncentrációja folyamatosan csökkenést mutatott. Az immunfluoreszcens festés során is hasonló eredményt kaptunk, a TNF- α pozitív sejtek száma a passzálások után csökkent. Eredményeink alapján elmondható, hogy az organoid sejtkultúrák az első passzálás után megtartják citokin mintázatukat. Ez alapján az organoidok felhasználhatóak lehetnek a beteg-specifikus terápiás válasz előrejelzésében, figyelembe véve az időbeli korlátokat.

SZAKADÁTI HELGA

helga.szakadati@gmail.com

Molekuláris bionika mérnöki

BSc, 7. félév

Pázmány Péter Katolikus Egyetem

Információs Technológiai és Bionikai Kar

Témavezetők:

Gaizer Tünde

PhD hallgató, PPKE ITK

Dr. Pongor Csaba István

tudományos munkatárs, PPKE ITK

Dr. Csikász-Nagy Attila

egyetemi tanár, PPKE ITK

Fluoreszcensen jelölt élesztősejtek vizsgálata mikrofluidikai cellákkal

A humán sejtek sejtciklusát, öregedését már régóta tanulmányozzák kutatók az egész világon. Egyre több részlet derül ki a sejtek élettartamának szabályozásáról, azonban még mindig nagyon sok feltáratlan mechanizmus jellemzi a sejtek öregedését. A kutatócsoportunk a *Saccharomyces cerevisiae* sarjadzó élesztő vizsgálatán keresztül igyekszik hozzájárulni a sejtciklust és az öregedést övező rejtélyek megoldásához, ugyanis számos, a humán génekkel homológ gént tartalmaznak ezek az eukarióta élőlények. Az élesztősejtek sejtciklusát és annak változását a sejt élettartama során szeretnénk vizsgálni az annak elindulását gátló Whi5 nevű fehérje megfigyelésével, amely a humán Rb (retinoblasztóma) fehérje homológja. Ezt úgy szeretnénk kivitelezni, hogy az említett fehérjét fluoreszcens jelölés után egyedi sejteken követjük nyomon azok teljes élettartama során mikrofluidikai eszközök segítségével. Ezen kívül különböző törzseket vizsgálva szeretnénk jobban megismerni a morfológia, különböző tápközegek és a genetikai háttér befolyásoló hatásait. Feladatom ezen kísérlet előkészítése volt. Ez magába foglalja a fluoreszcens jelölés megtervezését és kivitelezését: egy plazmidról kellett a megfelelő, EGFP-t (Enhanced Green Fluorescent Protein) tartalmazó szakaszt PCR (Polymerase Chain Reaction – Polimeráz láncreakció) reakció segítségével felszaporosítanom, majd a PCR terméket megtisztítás után az élesztősejtekbe transzformálni. Ezen kívül a rendelkezésre álló mikrofluidikai eszközök tesztelését is elvégeztem, illetve a tesztelés során fellépő sejt flokkulálást és az azt gátló módszereket kutattam fel, vizsgáltam.

TÖRÖK REBEKA
torokrebeka@gmail.com
Biomérnök
BSc, 9. félév
Pannon Egyetem
Mérnöki Kar

Témavezetők:
Dr. Járvás Gábor
tudományos munkatárs, PE MK
Dr. Guttman András
egyetemi tanár, PE MK

A mintaelőkészítés előtti körülmények hatása a vérből felszabadított N-glikánprofil meghatározására

Világszerte kiemelkedő kihívást jelent a daganatos megbetegedések időben történő diagnózisa, szűrése és kezelése. Számos kutatás irányul új biomarkerek felfedezésére, melyekkel már korai stádiumban kimutathatók lehetnek bizonyos rákos elváltozások. Ezekben a kísérletekben leggyakrabban emberi vért vizsgálnak, mert számos olyan potenciális markert tartalmaz (például a széteső tumorsejtek DNS-e, fehérjéi, vagy az egyes fehérjék felszínéhez kötött oligoszacharid struktúrák), amelyek alapján feltételezhető lehet a betegség jelenléte. A gyakorlatban nem mindig adott a lehetőség, hogy a kísérletekhez vett vérminták azonos ideig és körülmények között legyenek tárolva a fagyasztásig vagy az adott vizsgálatok elvégzéséig. Ennek jelentős hatása lehet a módszerek reprodukálhatóságára és megbízhatóságára, hiszen az eltérő tárolási körülmények miatt esetleg bekövetkező változások befolyásolhatják a kapott eredményeket. Munkám során a tárolási körülmények hatását tanulmányoztam vérmintából felszabadított N-kötött glikán profilokra. Kísérleteimben egészséges humán teljes és szérum vérmintákat vizsgáltam, annak alapján, hogy mennyi idő telt el a vér levétele és a mintaelőkészítési protokoll megkezdése előtt. Különös figyelmet fordítva a szialsavas szerkezetek megőrzésére, amelyek fontos biológiai jelentőséggel bírhatnak. Ezen kívül a teljes vérmintáknak a szobahőmérsékleten, valamint 40C-on történő tárolásának hatását is vizsgáltam a mintaelőkészítési protokoll megkezdése előtt. A minta feldolgozása során első lépésként a fehérjéket denaturáltam, majd endoglikozidáz emésztéssel lehasítottam a fehérjéken található Asp-kötött oligoszacharidokat. Az így kapott cukrokat fluoreszcensen jelöltem és lézer indukált fluoreszcens detektálással kapcsolt kapillaris elektroforézissel elválasztottam. A kapott glikán profilokat összehasonlítva megállapítottam, hogy hogyan befolyásolják a tárolási körülmények a minták elemzése során kapott eredményeket. Ezeket tekintve a kísérleteim sikeresnek tekinthetőek, ugyanis kimondható, hogy nem következett be számottevő változás a minták N-glikánprofiljában. Megfigyeléseim hozzájárulhatnak a glikán biomarkerek klinikai validálásához, valamint azok gyakorlati alkalmazásához.

VARGA LUCA

midalany@gmail.com

Biológia

BSc, 5. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Boda Attila

Doktorandusz, ELTE TTK

A Rab26 kis GTPáz szerepe a krinofágiában

A Rab kis GTPázok a Ras kis G-fehérje szupercsalád tagjai és a membránfúziós folyamatokat, valamint a vezikulák sejten belüli szállítását irányítják. A krinofágia egy speciális autofág folyamat, amely során a mirigysejtek a saját maguk által megtermelt szekréciós granulumok egy részét lebontják a lizoszómákkal való egyesülés révén létrejövő krinoszómákban. Kísérleteim során az *ecetmuslica* Rab26 fehérjéjét vizsgáltam a krinofágiában. Kimutattam, hogy a Rab26 csendesítése esetén a nyálmirigyben a granulumok és lizoszómák fúziója, így a krinofág lebontás gátlódik. Ugyanakkor, makroautofág hibát nem detektáltam, ami arra engedett következtetni, hogy a Rab26 nem a lizoszomális oldalon szükséges a lebontáshoz. Ezt bizonyítja, hogy míg a granulumokon sikerült a Rab26-ot kimutatnom, addig a krinoszómákon már nem volt jelen. A fehérje konstitutívan aktív formájának túlexpresszállása korai szekréciót és krinofágiát okozott, ami összhangban van a fenti eredményeimmel, miszerint a gén kiesése a folyamat hibásodásához vezet. A Rab26 egy korábban leírt interakciós partnere, a Spatacsin csendesítése szintén krinofág defektust okozott a szekréciós granulum-lizoszóma fúzió gátlása révén, így a két fehérje valószínűleg közösen vesz részt a folyamat szabályozásában. A Spatacsin egy másik kötőpartnere, a Rab7 nem volt képes a granulumok felszínére kötődni a Rab26 hiányában, így arra következtettem, hogy a Rab26 és a Spatacsin a Rab7 toborzását segítik a szekréciós granulumokra, hogy azok kompetenssé váljanak a lizoszomális fúzióra. Eredményeim szerint a Rab26 a Rab7 toborzása mellett a granulumok homotipikus fúzióját is segíti, tehát alapvetően azok éréséhez szükséges. Hipotézisem szerint amikor a Rab7 túlsúlyba kerül a Rab26-hoz képest a granulumok felszínén, akkor azok már egymás helyett inkább a lizoszómákkal fognak fuzionálni, ezzel megtörténik az eltávolításuk a sejtéből. Összegezve, eredményeim alapján a Rab26 kis GTPáz szükséges a krinofág lebontáshoz, a szekréciós granulumok érésének, valamint a lizoszomális fúzióra való kompetenssé válásuknak segítése révén. Saját eredményeim közé tartozik a Rab26 fehérje csendesítése által okozott fenotípus karakterizálása különböző fluoreszcens módszerekkel a krinofágia és a makroautofágia kontextusában, a Western blot és PCR kísérletek elvégzése, a különféle Rab26-fehérjeformák lokalizálása nyálmirigyben, a Spatacsin csendesítésének vizsgálata és a Rab26-ot túlexpresszálló nyálmirigyek Lysotracker-festése.

VIGH JUDIT PIROSKA

judit1712@gmail.com

Biológus

MSc, 4. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:

Prof. Dr. Deli Mária

tudományos tanácsadó

SZBK, Biofizikai Intézet

Dr. Walter Fruzsina

tudományos munkatárs

SZBK, Biofizikai Intézet

A Hsp27 gyulladásban betöltött szerepének vizsgálata primer asztroglia és mikroglia sejteken gyulladáskeltő citokin és etanol kezelést követően

A hősokk fehérje B1 (HSPB1; Hsp27/25) a kis mólsúlyú hősokk fehérjék családjába tartozik, amelyek fontos szerepet töltenek be a protein-homeosztázisban és részt vesznek a sejtmembrán és a sejt szerkezet épségének fenntartásában. Részt vesznek továbbá a gyulladási folyamatok szabályozásában: serkentik mind a gyulladáskeltő, mind a gyulladásgátló citokinek felszabadulását. A magzati alkohol szindróma az anya terhesség alatti alkohol fogyasztása miatt alakul ki. Az etanol lipidoldékony, így képes átjutni mind a placentán, mind a vér-agy gáton, amelynek következtében idegrendszert károsító hatása lehet. Ezt modellezve együttműködő partnereink kimutatták, hogy mind akut, mind krónikus etanol kezelést követően a Hsp27 jelenléte védő hatású a humán Hsp27 fehérjét túltermelő transzgenikus egértörzsből. A hősokk fehérje szabályozza a gyulladáskeltő citokinek expresszióját, a gliasejt aktivációt és a sejt szintű apoptózist *in vivo*. Az asztroglia mellett a mikroglia sejtek fontos immunológiai funkciókkal rendelkeznek, ezért feltételezzük, hogy az etanol kezelést követően befolyásolhatják a sejtek túlélését. Célul tűztük ki, hogy megvizsgáljuk a Hsp27 szerepét humán Hsp27 fehérjét túltermelő egér törzsből izolált primer egér asztroglia és mikroglia sejtekben, így azonosítva az *in vivo* megfigyelésekért felelős sejt típusokat. Ezt követően az akut gyulladás modellezése céljából mindkét sejt típuson 24 órás kezelést végeztünk humán rekombináns IL-1 β , TNF- α citokinekkal (10 ng/ml) és etanollal (50 mM). Megvizsgáltuk az asztroglia sejtek életképességét valós idejű sejtanalízis módszerével, morfológiai vizsgálatokat végeztünk és felülűszót gyűjtöttünk, hogy megmérhessük a felszabadult TNF- α mennyiségét. Kimutattuk, hogy gyulladáskeltő citokin és etanol kezelést követően szignifikánsan csökkent az asztroglia sejtek életképessége, és mindkét sejt típus morfológiája megváltozott. A felülűszóból TNF- α felszabadulást tudtunk kimérni, ami nagyobb mértékű volt a mikroglia esetén. Citokin kezelés hatására a transzgenikus mikroglia sejteken szignifikánsan több TNF- α felszabadulást mértünk a vad típushoz képest, amely arra enged következtetni, hogy a folyamatban a mikroglia sejtek lehetnek az elsődleges válaszadók. Eredményeink segítik a Hsp27 hősokk fehérje neuroprotektív szerepének megértését, így későbbiekben jó célpontként szolgálhatnak a gyulladáskeltő és gyulladásgátló folyamatok megfelelő szabályozásában.

Neurobiológia 1

BAKACSI ANNA VIRÁG

bakacs.anna@gmail.com

Biológia

BSc, 5. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Mátyás Ferenc

tudományos főmunkatárs, 2013-2014

A colliculo-thalamikus kapcsolatrendszer sejtes és szinaptikus feltérképezése

Az asszociációs tanulás az állandóan változó környezethez való alkalmazkodásunk alapja. Ennek során a külvilági jelekből a feltétlen és feltételes ingerek társítása révén emléknymok alakulhatnak ki. Elképzelésünk szerint e társítás nem a korábban az asszociáció színtereként elfogadott amygdala nevű agyterületben történik, hanem szinaptikusan az amygdalát megelőző tecto-thalamikus hálózat szintjén. A hálózat tagjai az alsó és a felső ikertest, más néven az inferior (IC) és a superior colliculus (SC), melyek a rájuk érkező szenzoros jellegű (halló illetve látó és fájdalmi) információkat a thalamus felé továbbítják, onnan pedig a már társított jel éri el az amygdalát. Ezen kapcsolatrendszer sejtes és szinaptikus elrendeződésének megfigyelésére klasszikus és virális pályajelölési, immunhisztokémiai technikákat, valamint mikroszkópos módszereket alkalmaztam transzgenikus egereken. Mindkét ikertest serkentő glutamaterg és gátló GABAerg sejtpopulációja is vetít a laterális thalamus calretinin-t kifejező területeire, melyek biztosítják a laterális amygdala thalamikus bemeneteinek döntő többségét. A nagyfelbontású konfokális mikroszkópiai vizsgálataink arra utalnak, hogy mind az IC, mind pedig az SC sejtjei küldhetik axonjaikat akár egyazon thalamikus sejtre is. Mindez arra utal, hogy az ikertestek által közvetített multiszenzoros információkat a laterális thalamus sejtjei valóban képesek lehetnek konvergálni, ami egy összetett colliculo-thalamikus jel-integrációt feltételez az asszociációs tanulási folyamatokban.

BALOGH BOGLÁRKA

boglarka.balogh311@gmail.com

Biológia

BSc, 5. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Kovács-Öller Tamás

tudományos munkatárs, PTE TTK

A LED-fény retina károsító hatásának vizsgálata

A mai világban széles körben elterjedt LED-ek (Light Emitting Diode) a szem számára hasznos információt tartalmazó fotonokat bocsát ki, azonban a spektrumában található kék fény az UV után a legmagasabb energiájú fény, amely a retinát eléri. Kutatásunk során ki szeretnénk deríteni, hogy pontosan milyen hatást gyakorol a retinára ez a fény. Ehhez egy egér állatmodellt alkottunk, ahol a kezelt állatok LED-kitettsége egy átlagos irodai dolgozóéval egyeztek meg. A kezelés után a hatások vizsgálatára globális szinten apoptotikus markerek (Bax, Casp3) és túlélési faktor (Bcl-2) expresszióját határoztuk meg qPCR segítségével, a primer gyulladási folyamatokat pedig mikroglia és kaszpáz-3 aktivációval vizsgáltuk immunhisztokémiai jelölések segítségével. Azt tapasztaltuk, hogy globális szinten a LED-kezelés hatására megnőtt az apoptotikus markerek szintje, azonban a túlélési faktor expressziója szignifikánsan nagyobb volt, mint a két apoptotikus marker szintje, így az apoptotikus jel ellensúlyozódik a vizsgált állatokban. A primer gyulladási folyamatok vizsgálata során azt figyeltük meg, hogy a mikroglia és kaszpáz-3 aktiváció szignifikánsan megnőtt azon állatok retinájában, melyek LED kezelve voltak. Összességében elmondható, hogy a LED-fény változásokat indukál a retinában, azonban a túlélési faktorok szintjének növekedése ezt ellensúlyozhatja. A gyulladási folyamatokat indukáló mikroglia aktiváció a belső retinában mindenhol megfigyelhető az állatmodellünkben, amely a LED technológiák óvatosabb használatára figyelmeztet.

CSEHÓ FRUZZSINA

fruzsinacseho@gmail.com

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Bencsik Norbert

adjunktus, ELTE TTK

A Caskin1 fehérje szerepe a dendrittüskék kialakulásában és érésében in vitro

A Caskin1 multidomén állványfehérje nagy mennyiségben fejeződik ki az agyban és a szinapszisok területén feldúsulva jelenik meg. Laborunk már korábban igazolta, hogy a Caskin állványfehérjék hiánya rontja az állatok kognitív memóriáját és azok térbeli tanulási képességét. Érett idegsejt-tenyészetekben (DIV15-16) a Caskin fehérjék hiánya gátolja az érett gomba alakú dendrittüskék kialakulását in vitro. Kísérleteim során a Caskin1 multidomén állványfehérje SH3 domén és prolin gazdag régió mutáns foszforilációs helyeinek hatásait vizsgáltam az idegsejtek dendritjein kialakuló tüskék morfológiájára és a filopódiumok (hosszú, vékony instabil membránkitüremkedések) motilitására (DIV10-11) korú tenyészetekben. A morfológia és a motilitás kísérletekhez Caskin génhiányos egerek hippocampusából kiültetett idegsejt-tenyészeteket készítettem. Pont-pásztázó konfokális mikroszkóppal, fixált mintákon végeztem el a tüskék morfológiai elemzését. Azt az eredményt kaptam, hogy a morfológiai eredményeink megegyeznek az érett tenyészetekben megfigyelttel. A Caskin1 túltermelése szignifikánsan megnöveli a széles fejjel rendelkező gomba alakú tüskék arányát, ezzel párhuzamosan csökkenti a fonalas tüskék számát a kontrollhoz viszonyítva. A Caskin1 vizsgált mutációi ezt a hatást blokkolják és a filopódiumok száma lesz nagyobb. Élősejtes videómikroszkópiával a fonalas protrúziók motilitásának elemzését végeztem el. A fonalas protrúziók motilitásának vizsgálatakor azt tapasztaltam, hogy a Caskin hiányos sejtekhez képest a Caskin1 WT (vad típusú) sejtekben szignifikánsan megnő a filopódiumok motilitása és ez tovább erősödik az SH3 foszforilációjának pontmutációval történő gátlásakor. A PKA/PKC mediált foszforilációban szerepet játszó prolin gazdag régió T1065-ös helyének mutációja blokkolja a vad típusú Caskin1 hatását. Az adatok alapján feltételezhető, hogy a Caskin1 állványfehérjének szerepe van a növekedési faktor függő jelátvitelben és a szinapszisok stabilizációjában.

KÖRMÖCZY LAURA

laura.kormoci96@gmail.com

Biológia

MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Patai Roland

tudományos munkatárs, Szegedi Biológiai

Kutatóközpont Biofizikai Intézet

Különböző mutációkkal rendelkező amiotrófiás laterálszklerózis betegek kalcium homeosztázisának vizsgálata passzív transzfer egérmódelben

Az amiotrófiás laterálszklerózis (ALS) egy végzetes kimenetelű motoneuron betegség, mely a motoneuronok pusztulásával, az izmok denervációjával és ebből kifolyólag azok gyengülésével jár együtt. A kalcium szint intracelluláris megemelkedése közös jelenség e kórkép folyamataiban, amit korábbi eredményeinkben az ALS transzgenikus egérmódeljében és sporadikus ALS betegek izombiopszia mintáin is kimutattunk. A kalcium homeosztázis felborulásának különböző mutációkban betöltött szerepéről, azonban keveset tudunk. Így célunk, hogy e központi kapcsolóelem szerepét különböző mutációk kapcsán is megvizsgáljuk az ALS immunológiai módeljében, bizonyítva a kalcium-mediált folyamatok központi szerepet játszanak az ALS megvizsgált altípusaiban is. Balb/c him egereken (n=36) végzett kísérleteink során a különböző mutációval rendelkező ALS betegek vagy korban megegyező egészséges kontroll páciensek szérumjait intraperitoneálisan injektáltuk (1 ml; naponta) 2 napig. Az injektálási periódus után 24 óra elteltével a hátsó végtag interosseus izmait és a lumbális gerincvelőt kalciumra specifikus módszerrel fixáltuk. Transzmissziós elektronmikroszkóppal minden mintából 15-15 axon terminálist vizsgáltunk, míg a mozgató idegsejtek számát 10-10 metszeten határoztuk meg. A kalciumot jellemző elektrondenz depozitumok mennyiségét, a motoneuronok és a szinaptikus vezikulumok számát szterológiai módszerrel kvantifikáltuk, majd eredményeinket egyszempontos varianciaanalízissel értékeltük ki. A négy különböző szuperoxid diszmutáz 1 (SOD1), a ciklin F (CCNF), az szekvesztoszóm 1 (SQSTM1), a NimA-függő kináz 1 (NEK1) és az ubiquilin 2 (UBQLN2) mutációt tartalmazó ALS betegek szérumjaival injektált egerek motoneuron terminális régióiban megemelkedett az axoplazmikus kalcium szint és a szinaptikus vezikulaszám, míg a mozgató idegsejtek száma jelentősen csökkent. E jelenségek a C9ORF72 mutáció esetében voltak a legmeghatározóbbak. A mitokondriális morfológia az összes ALS szérum hatására megváltozott, aminek jellemzésére a Feret átmérőt használtuk. A kalcium központi szerepe számos más neurológiai kórképben, mint például Huntigton-, Parkinson- és Alzheimer-kór esetén is megfigyelhető. Ez felveti annak a lehetőségét, hogy e központi szerepű mediátor vizsgálata egy, a neurodegeneratív folyamatokra általános érvényű tudást biztosít. Így a kalcium szint megemelkedés elleni terápiás eljárások számos más betegség kapcsán is prominens terápiás stratégiát jelenthetnek.

LÁKOVICS RAJMUND

rajmundlakovics@gmail.com

Biológus

MSc, 1. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:

Prof. Dr. Tamás Gábor

egyetemi tanár, SZTE TTIK

Dr. Molnár Gábor

tudományos főmunkatárs, SZTE TTIK

Emberi és patkány agykérgi piramis sejtek dendritikus vezetési sebességének vizsgálata és összehasonlítása

Az elmúlt néhány év emberi agyat vizsgáló kutatásának eredményei azt mutatják, hogy számos alapvető különbség létezik az emberi és a modell állatokon észlelt neurális struktúrák és mechanizmusok között. Tekintve, hogy az emberi agykéreg jóval nagyobb, a benne található idegsejtek mérete is eltér az általában vett modell állatoktól, ezáltal az agykérgi neuronhálózatokban terjedő elektromos ingerületeknek nagyobb távolságot kell megtenniük, vagyis lassabb információáramlás lenne várható. Kutatásunkban az emberi és patkány piramis sejtek dendritikus vezetési sebességét vizsgáltuk szimultán szomato-dendritikus whole cell patch clamp elvezetésekkel és azt találtuk, hogy az emberi piramis sejtek dendritjein tovaterjedő elektromos jelek terjedési sebessége nagyobb, mint a patkány piramis sejtek esetében. Kísérleteket végeztünk a két faj dendritikus vezetési sebességében látható eltérés fiziológiai hátterének vizsgálatára. Vizsgáltuk a hiperpolarizáció aktivált kálium csatornák (HCN) blokkolásának hatását és a dendriteken található aktív konduktanciák gátlásával a passzív komponensek szerepét. Az ingerületvezetés passzív komponenseinek vizsgálata során méréseket végeztünk a sejtek specifikus membránkapacitásának meghatározására, valamint vizsgáltuk a dendritikus átmérő és az ingerületvezetés összefüggését. Eddigi eredményeink alapján elmondható, hogy az emberi piramis sejtek dendritjei gyorsabban vezetik az elektromos ingerülteket, mint a patkány piramis sejtek dendritjei, valamint az általunk vizsgált aktív és passzív membránjellemzők nem okozhatják ezt az eltérést. A szerző a dolgozatban szereplő elektrofiziológiai méréseket, a mérésekhez tartozó adatok pre processzálását, a sejtek bemenő ellenállásának mérését, valamint a mérések során rögzített fluoreszcens Z-stackek készítését saját maga végezte. A szerző részben segített a dolgozatban szereplő elektrofiziológiai mérések során rögzített fluoreszcens Z-stackek kiértékelésében.

MIHUT NORBERT

norbert.mihut@gmail.com

Biológus

MSc, 1. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:

Prof. Dr. Tamás Gábor

egyetemi tanár, SZTE TTIK

Dr. Molnár Gábor

tudományos főmunkatárs, SZTE TTIK

Automatizált patch clamp rendszer emberi és rágcsáló in vitro agyszelet elektrofiziológiához

A neurobiológiában használt folt zár elektrofiziológiai mérés egész sejt konfigurációja az idegsejtek membrán áramainak és feszültségeinek mérésére szolgáló alap technika, melynek megvalósítása idő- és munkaigényes folyamat. Együtműködésben a Mikroszkópos Képfeldolgozó és Gépi Tanulási Csoporttal kifejlesztettünk egy olyan eszközt, amely teljesen automatikusan kialakítja az elektrofiziológiai méréshez szükséges konfigurációt agyszeletekben. Az automatizált rendszer mélytanuló algoritmus használatával detektálja a neuron sejttesteket, majd megközelíti a kijelölt sejtet az üveg mikroelektródával, kialakítja az egész sejt konfigurációt és rögzíti az elektromos jeleket. Hozzájárulásom a rendszer kialakításához munkám kisebb részét tették ki. Hangsúlyosabb részt a folyamatok optimalizálásában és tesztelésében vállaltam. A rendszer segítségével méréseket végeztem több száz emberi és rágcsáló idegsejten és teszteltem az idegsejtek rendszerünkkel elvégezhető vizsgálatára alkalmasságát. E rendszer alkalmasnak bizonyult küszöbpotenciál alatti jelek rögzítésére, hosszú idejű elvezetések elvégzésére, és további, az előzőleg elektromosan jellemzett idegsejtekről, molekuláris biológiai és anatómiai analízis is elvégezhető.

PEJTSIK DIÁNA

pejtsikdiana@gmail.com

Számítógépes és Kognitív Idegtudomány

MSc, 3. félév

Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi

Egyetem

Természettudományi Kar

Témavezetők:

Dr. Mikics Éva

tudományos főmunkatárs, kutatócsoport vezető

KOK

Varga Zoltán Kristóf

tudományos segédmunkatárs

KOK

A szorongásos és depresszív vonások komorbid megjelenése egér modellben

A major depressziósok közel fele szorongásos zavarban is szenved. A magas komorbiditás ellenére a két betegség kapcsolata és hátterük kevésbé feltárt. A megértést célzó állatmodellek hátránya az alacsony reprodukálhatóságuk és limitált klinikai alkalmazhatóságuk. Ezenfelül a komorbid depresszió és szorongás modellezésére nincs bevett eljárás. A depresszióra jellemző passzív megküzdést mérő tesztek, így a Kényszerített Úszás, Farokfelfüggesztés és Hátrafordítás teszt elkerülhetetlen veszélyhelyzetet teremtve vizsgálják az állat passzív állapotban töltött idejét. A szorongástesztek, így a Sötét Világos, Nyílt Tér és Emelt Keresztpalló teszt averzív ingerre adott elkerülő választ mérnek. Rágcsálómodellekben végzett vizsgálataink rámutattak, hogy ezen szorongástesztek többszöri ismétlésével végzett mintavételezéssel állapotszorongás helyett vonásszorongást mérhetünk. A vonásszorongás képes volt kondicionált félelmi választ és averzív környezetben mutatott magatartást előrejelezni. Vizsgálatunk során az eljárást kiterjesztettük a megküzdéstesztekre, majd ezek vonásszorongással mutatott összefüggései segítségével komorbid alpopulációt körvonalaztunk egér modellben. A komorbiditást ezután a Tanult Tehetetlenség depressziómodellben vizsgáltuk, ami depressziójellegű magatartást alakít ki a populáció erre fogékony hányadában. Eredményeink alapján a megküzdéstesztekben kapott egyedi megküzdési mutató szignifikánsan korrelál a szorongástesztekben jövő elkerülési mutatóval, az erősen elkerülő egyedek magasabb immobilitást mutatnak. Az ismételt tesztek összevonásával a komorbiditás, vagyis az elkerülési és megküzdési mutató közti összefüggés növelhető. Az egyedi komorbiditási mutató képes előrejelezni az egyedek depressziómodellben mutatott megküzdését. Ezenfelül a Tanult Tehetetlenség teszt előtti komorbiditási mutató képes prediktálni a modell magatartási hatásait az utána végzett tesztekben. Az összes tesztkombináció alapján látható, hogy a komorbid populáció leírására elég a Sötét-Világos és a Kényszerített Úszás teszt, illetve kombinációjuk. A bemutatott mintavételi eljárással elsőként karakterizáltunk komorbiditást állatmodellben, mely megbízhatósága többszörös mintavétellel javítható. A természetes populáció ilyen módon történő vizsgálatával egyedszinten prediktálható az állatok depressziómodellben mutatott viselkedése. Jelentős részem volt a kísérleti tervezésben, magatartástesztek végzésében, elemzésében és kiértékelésében, így sajátomnak tekintem az eredményeket.

RAUCH ENIKŐ

raucheniko9810@gmail.com

angol nyelv és kultúra - biológia (egészségtan)

tanár

Osztatlan, 7. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Berzsenyi Dániel Pedagógusképző Központ

Témavezető:

Dr. habil. Kovács Zsolt

egyetemi docens, ELTE BDPK

Az uridin és adenozin receptor antagonisták együttes alkalmazásának hatása az abszensz epilepsziás rohamokra WAG/Rij patkányokban

Igazolták, hogy az uridin és az adenozin A1-es receptorok csillapítják az epilepsziás aktivitást különböző epilepszia modellekben, így például a humán abszensz epilepszia modellállatainak egyikében, WAG/Rij (Wistar Albino Glaxo/Rijswijk) patkányokban is. A hatásmechanizmus kapcsán felmerült, hogy az uridin annak feltételezett receptora és az adenozin receptorok közötti interakció révén fejtheti ki jótékony hatásait a központi idegrendszerben. Azonban, az adenozin A1 és A2A receptorainak modulátoros hatását az uridin kiváltotta abszensz epilepsziás aktivitásváltozásra eddig még nem tanulmányozták. Következésképp megvizsgáltuk, hogy vajon a specifikus A1 receptor antagonista DPCPX (1,3-dipropil-8-ciclopentilxantin) és a szelektív adenozin A2A receptor antagonista SCH58261 [7-(2-fenil-etil)-5-amino-2-(2-furil)-pirazolo-[4,3-e]-1,2,4-triazolo[5-c]pirimidin] intraperitoneális (i.p.) injekciója befolyásolja-e az uridin kiváltotta abszensz epilepsziás aktivitásváltozást WAG/Rij patkányokban. Az EEG regisztrálásához csavarelektrodákat ültettünk be WAG/Rij patkányokba (n = 30; 10 hónapos hímek) és megvizsgáltuk az i.p. injektált uridin (1000 mg/kg), DPCPX (0,2 mg/kg) és SCH58261 (0,5 mg/kg) önmagában vagy kombináltan (uridin + DPCPX és uridin + SCH58261) történő alkalmazásának hatását a túske-hullám kisülések számára és időtartamára. Megerősítettük előzetes eredményünket, amennyiben az önmagában alkalmazott uridin csökkentette a túske-hullám kisülések számát. Szintén saját, de új eredményeink segítségével kimutattuk, hogy a DPCPX és az uridin kombinált alkalmazása eltörölte az önmagában alkalmazott uridin túske-hullámok számára kifejtett jótékony hatását, azonban az SCH58261 hatástalannak bizonyult. Eredményeink tehát arra utalnak, hogy az A2A receptorok nem játszanak szerepet az uridinnak a túske-hullám kisülések számára gyakorolt hatásában, de az uridin az A1- es receptorokkal interakcióban csökkentheti az abszensz epilepsziás aktivitást. Az uridin és az A1- es receptorok között feltételezhető interakció pontos mechanizmusának feltárásához további vizsgálatokra van szükség.

VARGA ÁRON BENDEGÚZ
varga.bendeguz@tdk.koki.hu
Biológia
BSc, 3. félév
Állatorvostudományi Egyetem

Témavezetők:
Dr. Aliczki Manó
tudományos főmunkatárs
KOK
Dr. Rácz Bence
egyetemi docens, ATE

A tirozin-kináz receptor B (TrkB) jelátvitel interneuron-specifikus szerepe a megküzdési stratégia modulációjában

A tirozin-kináz receptor B (TrkB) jelátvitel kiemelt fontosságú a neuronális fejlődésben és szinaptikus plaszticitásban, de specifikus funkciói a különböző neuronpopulációkon kevésbé ismertek. A szomatosztatint expresszáló (SOM+) interneuronokról - melyek nagy százalékban TrkB-t koexpresszálnak - már ismert, hogy számos viselkedési folyamat szabályzásában részt vesznek, különösképpen a stresszel asszociálódó kihívások során mutatott passzív megküzdési stratégia modulációjában. Jelen kutatásban célunk volt, hogy felmérjük a TrkB szerepét a SOM+ interneuronok által mediált, megküzdési stratégiát érintő viselkedési válaszokban. Ehhez olyan feltételesen génkötött (CKO) egereket használtunk egy számos viselkedési domént érintő teszt sorozatban, amelyeknek SOM+ interneuronjai nem expresszáltak TrkB-t. C57BL/6 törzsből származó SOM-TrkB CKO egereket hoztunk létre kísérleteinkhez a cre-lox technikát használva. Az első kohort állat egy nagyszámú viselkedési domént (motoros funkciót, szorongást, kognitív teljesítményt, szociális magatartást, félelmi memóriát) érintő teszt sorozaton ment keresztül, majd ezt követően egy második kohort, egy kifejezetten a stresszes körülmények közötti, akut megküzdési stratégiát felmérő vizsgálatsorozaton esett át. Míg a SOM-TrkB CKO egerek nem mutattak eltérést a vad típusú kontrollokhoz képest motoros aktivitás, szorongás, szociális magatartás és kognitív funkciók terén, konzisztensen aktívabb megküzdési választ adtak a hátrafordítás tesztben, a farokfelfüggesztés tesztben és a kényszerített úszás tesztben, mely csökkent mértékű immobilitásban mutatkozott meg. Ezen felül a pavlovi félelmi kondicionálás során a CKO egerek tompult akut félelmi reakciót és sérült félelmi memória akvizíciót mutattak, mely csökkent dermedési válaszként jelentkezett. Eredményeink szerint a SOM+ interneuronok sérült TrkB szignalizációja egy az aktív megküzdési stratégiák irányába történő magatartásbeli eltolódást eredményez, amikor averzív körülmények közötti kihívásokkal néz szembe egy egyed. Mindez alapján feltételezhető, hogy a TrkB jelátvitel alapvető fontossággal bír a SOM+ interneuronok passzív megküzdési stratégiát moduláló funkciójában.

VÁRKONYI DOROTTYA
dorka0720@gmail.com
Biológia
BSc, 7. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Sipos Eszter
tudományos munkatárs
KOK

Depresszív tünetek és kognitív zavarok vizsgálata az Alzheimer kór háromszoros transzgén egér állatmodelljében

Az Alzheimer-kór (AD) súlyos kognitív hanyatlással járó neurodegeneratív betegség, mely gyakran társul depresszióval. Kísérleteink fókuszában ez a komorbiditás állt. Egy transzgén AD egér modellt (3xTg-AD) használtuk, mely presenilin, amiloid prekursor protein és tau fehérje mutációkat hordoz. Bennük az AD legfőbb szövettani jelei – β -amiloid plakkok – irodalmi adatok szerint 6 hónapos korban jelennek meg. A viselkedési változások progresszióját 4 és 8 hónapos állatokon (Bl/6 kontrollok, 3xTg-AD mutánsok) követtük nyomon. A depresszióra jellemző szorongásos tüneteket (nyílt tér teszt, OF), önápolás (Splash teszt) és a szociális interakció (SI) csökkenését vizsgáltuk. A kognitív hanyatlást Morris-féle vízilabirintusban (MWM) figyeltük meg. Az OF tesztben mindkét korcsoport mutáns állatai kevesebbet mozogtak, míg a Splash teszt során mindkét korcsoportban a 3xTg-AD egerek fordítottak kevesebbet időt önápolásra. Az SI tesztben 4 hónaposan nem különböztek, 8 hónapos korban azonban a mutáns állatok a kontrollokhöz képest kevésbé voltak szociálisak. A MWM során már a 4 hónapos mutáns egerek is lassabban tanultak a kontrolloknál, ez a különbség 8 hónapos korra tovább nőtt. Összességében megállapítható, hogy a kognitív hanyatlás és a szociális érdeklődés hiánya progresszív, a különböző szorongásos és depresszív tünetek pedig már 4 hónapos korban is megfigyelhető a 3xTg-AD állatoknál.

Neurobiológia 2

ÁRKI VIRÁG

volly99girl@gmail.com

Biológia

BSc, 5. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezetők:

Dr. Hernádi István

egyetemi docens, PTE TTK

Dr. Bali Kristóf Zsolt

tudományos munkatárs, PTE TTK

Ismétlődő enyhe traumás agysérülésekkel kiváltott krónikus memóriazavarok modellezése és kognitív teljesítményfokozó vegyületek tesztelése patkányban

A traumás agysérülés (TBI) világszerte ismert népegészségügyi probléma. Az ismétlődő enyhe koponyatraumákról bebizonyosodott, hogy memória zavarokat idéznek elő és idős korban növelik a neurodegeneratív rendellenességek, mint például az Alzheimer-kór kialakulásának valószínűségét. Kutatócsoportunk korábbi tanulmányában kimutatta, hogy az ismételt enyhe sérülés okozza a legnagyobb mértékű romlást a patkányok kognitív teljesítményében, továbbá olyan molekuláris biomarkerek azonosítására is sor került, melyek kiemelt jelentőségűek lehetnek a farmakológiai beavatkozások szempontjából. Szakdolgozatomban kognitív teljesítményfokozó vegyületek és kombinációjuk hatását vizsgáltuk az állatok ismételt enyhe sérülést követő viselkedésbeli változásaira. Kísérleteink során az állatok kognitív funkcióit vizsgáltuk, és mértük a használt farmakonok hatását. Vizsgáltuk az állatok lokomotoros aktivitását porond tesztben, és memóriáját új tárgy felismerési (NOR) tesztel. Ezekén túl neurológiai tesztek is végeztünk, hogy kizárjuk az állatok egyéb motoros és szenzoros zavarait. A kísérletekben különböző farmakonok dózis-hatás összefüggését vizsgáltuk, mint az NMDA receptor antagonistá memantin, alfa7 nikotinos acetilkolin receptor agonista PHA-543613. Vizsgáltuk továbbá ezen vegyületek kombinációs kezelése során mutatott hatását. Eredményeink azt mutatták, hogy a kombinációs terápiák javították állataink kognitív teljesítményét a NOR tesztben, mind a vehikulummal kezelt kontroll csoporthoz, mind a monoterápiás kezelésekhöz képest. A diszkriminációs indexben szignifikáns különbség tapasztalható a kombinált terápia és a többi kezelés eredményei között ($F(3,18) = 5,104$; $p < 0,01$). Eredményeinkből látszik, hogy az általunk használt kognitív serkentő vegyületek és kombinációik képesek visszafordítani az ismételt enyhe traumás agysérülés által okozott kognitív hanyatlást, és ez által feltételezhetően jól használhatók lehetnek különböző neuro-degeneratív betegségek kezelésére.

BOZSÓ BOGLÁRKA

bozso.boglarka@gmail.com

biológia

MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:

Prof. Dr. Tamás Gábor

egyetemi tanár, SZTE TTIK

Averkin Róbert

tudományos segédmunkatárs, SZTE TTIK

Az agykérgi szabályosan-tüzelő interneuronok (SZTI) szerepe az alvási orsókban

A lassú hullámú alvásban a talamusz az agykéregre periodikus serkentő hatást gyakorol, melynek eredményeként orsó formájú oszcillációk (alvási orsók) alakulnak ki. Ezek 400-2000 ms-ig tartanak és 8-18 Hz a frekvenciatartományuk. Az alvási orsóknak fontos szerepet tulajdonítanak az új tapasztalatok memórianyomokká való átalakulásának folyamataiban. Az alvási orsók lefolyása alatt az agykéreg szupragranuláris rétegeinek (I-III réteg) idegsejtjei többnyire az orsó ciklusainak a völgyeiben aktiválódnak, amikor a talamik bemenetek következtében a serkentési állapot eléri a maximumot. Ekkor jelennek meg a kis amplitúdójú fodor oszcillációk is. Ezért, ha elfogadjuk azt a feltételezést, miszerint az alvási orsók a memória kialakulásában vesznek részt, akkor nagy valószínűséggel az emléknymok „rögzítésének” a folyamata az orsó hullámok völgyében történhet a fodor oszcillációk lefolyása alatt. A szakirodalomban elenyésző azoknak a kísérleti munkáknak a száma, amelyek anatómiailag beazonosított idegsejtek aktiválását vizsgálják természetes alvásban. Kutatócsoportunk korábbi eredményei azt mutatják, hogy a juxtacellulárisan elvezetett és anatómiailag azonosított periszomatikus gátlást biztosító gyorsan tüzelő interneuronok (GYTI) 3 alcsoportjának aktivitási mintázatai az orsó ciklus völgyében megjelenő magas frekvenciájú oszcillációkkal korrelálnak, egyben erősen behatárolva a piramis sejtek tüzelési időablakait. Viszont, nem tisztázott a beazonosított dendritikus gátlást biztosító szabályosan tüzelő interneuronok (SZTI) szerepe az alvási orsók lefolyásában. Az adott munkánk fő célja az volt, hogy jellemezzük a SZTI tüzelési mintázatait az alvási orsó lefutása alatt és összehasonlítsuk azokat a GYTI és a piramis sejtek aktivációs mintázataival. A kérdés megválaszolásához juxtacelluláris elvezetés/jelölés módszerét használtuk jól adaptált, szabadon mozgó rágcsálók természetes alvása során. Míg a periszomatikus gátlást biztosító GYTI aktivitása főleg az orsó ciklus völgye körül dominált, úgy, a dendritikus gátlásért felelős egyes SZTI aktivitási mintázatai kiterjedtek az alvási orsó ciklusának a többi fázisára is, ezzel biztosítva a gátlás hatásának fenntartását az orsó egész lefolyása alatt. Elképzelhető, hogy a SZTI különböző csoportjai a piramis sejtek dendritjeinek különböző részeit gátolják. Emellett, azok a SZTI-k, amelyek az orsó ciklus völgy környékén aktiválódnak a GYTI és piramis sejtek aktivitásának a precízebb időzítésében játszhatnak szerepet.

JUHÁSZ PÉTER

peti0528@vipmail.hu

állatorvos

Osztatlan, 5. félév

Állatorvostudományi Egyetem

Témavezető:

Dr. Rácz Bence

egyetemi docens, ATE

A spermidin hatása az öregedő hippocampusra

A modern orvostudomány tevékenységének hála a civilizált világban szignifikánsan nő az átlagéletkor, azonban a tanulás- és memóriefunkciók zavara negatív tényezőként jelentkezik az időskori tünetek között. Az életkor előrehaladtával szinte minden élőlényben csökkennek a kognitív funkciók, melynek egyik feltételezhető oka az idegrendszerben is jelenlévő endogén poliaminok szintjének csökkenése. A spermidin – a szervezetben természetesen jelenlévő poliamin – táplálék általi pótlása ígéretes eredményeket mutat az időskori demencia enyhítésében. A bélcsatornából felszívódva a spermidin átjut a vér-agy gáton, és a központi idegrendszerben fejti ki neuroprotektív hatásait. Kutatásunkban fiatal, idős és idős, de spermidin kiegészítéssel táplált egerek hippocampus CA1 régió neuropiljének ultrastruktúráját vizsgáltuk kvantitatív transzmissziós elektronmikroszkópiával. Ez az agyterület kiemelkedően fontos a kognitív, tanulási és memóriefunkciók kialakításában. Vizsgálataink során a három vizsgált csoportban a neuropilben található mitokondriumok sűrűségére, alakjára, méretére is fókuszáltunk. Megállapítottuk, hogy a spermidin kiegészítés jótékonyan befolyásolta a szinapszisok jellemzőin túl a hippocampusbeli mitokondriumok denzitását, mely az öregedés során a kontroll állatokban jelentősen lecsökken. Adataink alapján arra következtetünk, hogy a spermidin terápia alkalmazható az életkorfüggő kognitív hanyatlás lassítására.

JUNÓ VANDA KATALIN
juno.vanda@gmail.com
Biológia
MSc, 3. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Dobolyi Árpád
tanszékvezető, egyetemi tanár, ELTE TTK

Az amylin gén hiányának hatása az egér viselkedésére

Az amylin, vagy más néven Islet Amyloid Polypeptide (IAPP), egy 37 aminosavból álló peptid, mely a hasnyálmirigy β -sejtjeiből szekretálódik az inzulinnal együtt és szerepet játszik a teltségérzet és táplálékfelvétel irányításában. Neuropeptidként is számon tartják, hiszen korábban megemelkedett amylin kifejeződést találtak postpartum anya patkányok hypothalamusában, azon belül is a preoptikus areában. A preoptikus terület anyai viselkedésben betöltött szerepe, valamint az amylin megemelkedett expressziós szintje arra utalnak, hogy amylin, mint neuropeptid szerepet játszik az anyai viselkedés irányításában. Az amylin agyi eloszlási mintázatát zebra pintyeken is megvizsgálták, ahol szélesebb eloszlást mutatott és elsősorban olyan agyterületeken volt jelen, melyek a szociális viselkedés irányításában vesznek részt. Mindezen kutatások arra engednek következtetni, hogy az amylinnek szerepe van a szociális viselkedés szabályozásában, beleértve az anyai viselkedést is. Az amylin és a szociális viselkedés kapcsolatának feltárásához amylin knock-out transzgenikus és vad típusú egereket használtunk, melyeket különböző szociális környezetben vizsgáltunk. Az amylin hiányának és a szociális környezetnek a viselkedésre gyakorolt hatásának vizsgálata során elsődleges célunk volt, hogy meghatározzuk az amylin és a szociális izoláció hatását a szociabilitásra, lokomotív aktivitásra, szorongás- és depresszió-szerű viselkedésre. A genotípus, a szociális környezet és az ivarok többszintű interakciójának vizsgálatával betekintést nyertünk az amylin és az amylin gén-környezet interakciójának a szociális viselkedésre gyakorolt hatására. A genotípus alapján különbségeket találtunk a szociabilitásban, lokomotív aktivitásban és a depressziószerű viselkedésben, illetve a genotípus és környezet függvényében ivari különbségeket is azonosítottunk. Legjelentősebb különbséget a depresszió-szerű viselkedés és a szociabilitás esetén tapasztaltunk: a knock-out egerek esetén alacsonyabb mértékű volt mindkét viselkedés a vad típusú egerekhez képest, azonban a szorongás-szerű viselkedés megjelenésében nem találtunk különbséget.

PILLÁR VIVIEN

pillar.vivien@tdk.koki.hu

Biológia

BSc, 5. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezetők:

Hangya Balázs

kutatásvezető

KOK

Király Bálint

PhD hallgató

KOK

Kolinerg és dopaminerg rendszerek szimultán vizsgálata asszociatív tanulási feladatban

A neuromodulátorok, mint az acetilkolin és a dopamin nélkülözhetetlen szerepét a tanulásban számos kutatás támasztja alá. A különböző neuromodulátor-rendszerek közti kapcsolat és esetleges szinergikus vagy antagonistá hatások viszont szinte teljesen ismeretlenek. Kutatásukat még fontosabbá teszi, hogy rendellenességük áll olyan idegrendszeri elváltozások hátterében, mint az Alzheimer- és Parkinson-kór. Újabb eredmények alapján a korábban kizárólag dopaminhoz kapcsolt jutalomelőrejelzési hibát a kolinerg-rendszer is kódolhatja. Felvetődik, hogy a két rendszer által reprezentált információ milyen hasonlóságokat és különbségeket mutat, és milyen mértékben független vagy kauzális. Munkám során egyidejűleg vizsgáltuk a két rendszert egy speciális auditoros operáns kondicionálási feladatban, elektrofiziológiai módszerrel, olyan génmódosított egerekben, akikben specifikus fényérzékeny ioncsatornákat fejeztünk ki a kolinerg és a dopaminerg sejtekben, lehetőséget teremtve optogenetikai azonosításukra. A tesztek során több, mint 1000 sejtet vezetünk el a bazális előagy és a középagy területeiről. A tanulás meghatározó eseményeinek időkörnyezetét vizsgálva különböző karakterisztikus tüzelési mintázatot követő neuroncsoportokat találtunk, melyek közül azonosítottuk a dopaminerg és a feltételezhetően kolinerg populációkat számos más azonosítatlan neurokémiai identitású csoport mellett. Eredményeink arra utalnak, hogy a két rendszer korrelált információt kódol, de különböző időskálákon.

PORKOLÁB GERGŐ

porkolab.gergo96@gmail.com

Biológus

MSc, 4. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:

Prof. Deli Mária

tudományos tanácsadó

SZBK, Biofizikai Intézet

Dr. Veszelka Szilvia

tudományos főmunkatárs

SZBK, Biofizikai Intézet

Alzheimer-kór ellenes szolid lipid nanopartikulumok vizsgálata a vér-agy gát sejttenyészetes modelljén

Az Alzheimer-kór az időskori demenciák leggyakoribb oka, melyet a kognitív funkciók fokozatos romlása jellemez. Több mint 47 millió embert érint világszerte és ez a szám 2050-re valószínűleg megtriplázódik. Az intenzív kutatások ellenére még mindig nem rendelkezünk olyan terápiás szerrel, mely a betegséget gyógyítaná, vagy képes lenne a kór lefolyását jelentősen lassítani. Gyógyszeres kezelését, számos más központi idegrendszeri megbetegedéshez hasonlóan, megnehezíti, hogy a hatóanyagok többsége nem képes megfelelő mértékben a vérből az agyszövetbe jutni. Ennek oka az agyi kapillárisok endotélsejtei által kialakított vér-agy gát. Az Alzheimer-kór terápiájában használt hatóanyag, a donepezil szájon át bevehető gyógyszer formájában számos mellékhatást vált ki a periférián, miközben a vér-agy gátnak köszönhetően a bevett dózis töredéke jut csak el az agyba. Kutatásunk célja egy olyan nanoméretű gyógyszerbeviteli rendszer kifejlesztése volt, mely segítségével hatékonyabban juttatható a sejtekbe a donepezil. Kísérleteink során rodamin B-vel jelölt, donepezilt tartalmazó szolid lipid nanopartikulumokat állítottunk elő, melyek felszínére a vér-agy gát receptorfehérjéit célzó ligandot, ApoE-t kötöttünk. Kísérleteinket agyi endotélsejtek és neuronok sejttenyészetes modelljén, illetve agyi endotélsejtek, periciták és asztrociták együtt tenyésztésével létrehozott vér-agy gát modellen végeztük. Az előállított nanopartikulumokat méret és felszíni töltésük alapján jellemeztük, morfológiájukat transzmissziós elektronmikroszkópiával vizsgáltuk meg. A nanorészecskék sejtkárosító hatását kolorimetriás és impedanciamérésen alapuló sejtanalízissel vizsgáltuk. A rodaminnal jelölt, célzott és nem célzott nanorészecskék sejt felvételét és vér-agy gáton való átjutását fluoreszcens spektrofotometriával mértük. A 110-150 nm átmérőjű, negatív felszíni töltésű partikulumok a sejtek életképességét nem befolyásolták. A nem célzott részecskékhez képest az ApoE célzott szolid lipid nanopartikulumokat mind az agyi endotélsejtek mind pedig a neuronok hatékonyabban vették fel, és szignifikánsan jobban átjutottak a vér-agy gát tenyészetes modelljén is. Eredményeink igazolják, hogy az agyi endotélsejtek fehérjéinek célzása jelentősen fokozza a nanopartikulumokba zárt donepezil vér-agy gáton való átjutását. Kutatásaink hozzájárulhatnak az Alzheimer-kór terápiájában használható hatékonyabb gyógyszerbeviteli rendszerek kifejlesztéséhez.

SPISÁK KRISZTINA

spisakkrisztinag6@gmail.com

Biológia

MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Patai Roland

tudományos munkatárs

SZBK

A Schwann sejtek kalcium homeosztázisának vizsgálata ülőideg axotómiát követő Waller-féle degenerációban

A kalcium fő mediátorként ismeretes számos neurodegeneratív kórkép, mint például az Alzheimer-kór, vagy a Parkinson-kór kialakulásában, illetve szerepet játszik heveny idegi sérülés során. A megemelkedett intracelluláris kalcium szint – többek között – kóros mitokondriális működéshez, oxidatív stresszhez, axon degenerációhoz, végül pedig sejtpusztuláshoz vezet. A környéki ideg sérülésének jól ismert következménye a sérüléstől disztálisan elhelyezkedő axon és mielinhüvely pusztulása, amit Waller-féle degenerációnak (WD) nevezünk. Ennek patológiai lefolyása jól karakterizált motoneuronokban, azonban a környező Schwann sejtekben (SS) zajló molekuláris- és celluláris mechanizmusok és e sejtek regeneratív szerepe már kevésbé ismert. Kutatásunk során meghatároztuk a sérülés helyétől disztálisan és egy attól még távolabbi helyen elhelyezkedő SS-ek kalcium homeosztázisában és mitokondriális morfológiájában fellépő változások mértékét traumás idegsérülést követően. Ennek vizsgálatára egyoldali ülőideg axotómiát végeztünk Balb/c egereken (n=48). 12- és 24 óra elteltével mind a sérüléstől disztálisan található ülő- mind a még disztálisabban elhelyezkedő sípcsonti idegen kalcium specifikus fixálási technikát alkalmaztunk a preparálást követően. A mitokondriumok morfológiájában ultrastrukturális változások, illetve a kalcium szintben történő szignifikáns emelkedés a sípcsonti idegben már 12 órával az axotómiát követően tapasztalható volt, ami még karakterisztikusabbá vált 24 órás túlélési időt követően. Az intracelluláris kalcium szint szignifikáns emelkedése az ülőidegben 24 órával a műtétet követően jelent meg. A geometriai statisztikával származtatott kvantitatív eredményeinket egyszempontos varianciaanalízissel értékeltük ki. Kvalitatív elváltozásként apró invaginációkat, kaveolákat fedeztünk fel a sérült axont borító SS-ek plazmamembránjában. Az eredményeink bebizonyították, hogy nem csak a neuronok, de a SS-ek is mutatják a WD-ban megfigyelhető morfológiai változásokat. Kutatócsoportunk távolabbi céljai közé tartozik a SS-ek kalcium homeosztázisában fellépő változások kezdeti időpontjának és térbeli lefutásának meghatározása, illetve a SS-ek plazmamembránjában megfigyelt kaveolák szerepének megismerése. A háttérben álló molekuláris mechanizmusok megismerése kapcsán új terápiás stratégiák kidolgozását is lehetővé teheti, ami így az alap kutatásból származó eredmények alkalmazott kutatásba történő transzlációját biztosítja.

SZABÓ ÁGNES

agnesgicaszabo@gmail.com

Biológus

MSc, 4. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Fülöpné Dr. Bohár Zsuzsanna
tudományos munkatárs, SZTE ÁOK

Kinurénsav analóg hatása a glia sejtek túlélésére az oxidatív stressz állatkísérletes modelljében

Az Alzheimer-kór egy gyakori neurodegeneratív betegség, amely kognitív zavarokkal és a memóriefunkciók romlásával jellemezhető leginkább. Az öregedő népesség körében növekedő prevalenciája miatt nemcsak az érintettek, hanem a hozzátartozókra, a gondozókra és a globális gazdaságra is jelentős terheket ró. A megbetegedés patomechanizmusának hátterében feltehetőleg szerepe van a kinurenin útvonalnak és a mitokondriális légzési lánc diszfunkciójának. A kinurenin útvonal egyik terméke a kinurénsav (KYNA), amely endogén glutamát receptor moduláló hatásai révén neuroprotektív hatásokkal bír. Kedvező tulajdonságainak felhasználása és erősítése céljából szintetikus, analóg vegyületei kerültek kifejlesztésre, amelyek közül az SZR 72 korábbi vizsgálatokban kedvező hatásúnak bizonyult neurológiai betegségek állatmodelljeiben. Kísérletünk során arra voltunk kíváncsiak, hogy a nátrium-azid mitokondriális toxin által kiváltott neurodegenerációs modellben az SZR 72 előkezelés hatással van-e a gliális fibrilláris savas fehérje (GFAP) immunreaktivitást mutató asztrociták mennyiségére. A kísérlethez hím Sprague-Dawley patkányokat használtunk (összesen 80 db), akiket 5 napig 12,5 mg/kg, majd újabb 7 napig 10 mg/kg nátrium-aziddal kezeltünk intraperitoneálisan. Az azid kezeléssel párhuzamosan az állatok különböző dózisu SZR 72 kezelésben is részesültek (0,1; 0,3 és 1 mmol/kg). A kezeléseket követően GFAP immunhisztokémiai jelölést végeztünk az asztrociták számának becslésére a hippocampus CA1 areájában. Eredményeink alapján a toxinkezelés csökkentette a GFAP pozitív asztrociták számát a hippocampus stratum radiatum rétegében, amely hatást az SZR 72 kezelés csak részlegesen volt képes mérsékelni. A nátrium-azid adagolást követő, magatartásvizsgálatokkal kimutatható memóriefunkciók romlásához az asztrociták károsodása is hozzájárul. Ezen károsodások mérséklése elősegítheti a kognitív funkciók hosszútávú megőrzését. A kinurénsav szintetikus analógja, illetve annak továbbfejlesztése egy lehetséges, az asztrociták károsodását mérséklő vegyület, de pontos hatásmechanizmusának felderítése még további vizsgálatokat igényel. Dolgozatom elkészítése során részt vettem a GFAP immunhisztokémiai festésekben, a megfestett metszetek mikroszkópos fényképezésében, elemzésében és mérésében, illetve a statisztikai elemzésben, továbbá én készítettem a dolgozatban megtalálható ábrákat, és végeztem az irodalmi feldolgozást a pályamunka releváns részeihez.

TORNAI ABIGÉL

tornai.abigel@gmail.com

Biológia

BSc, 5. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezetők:

Prof. Czéh Boldizsár

egyetemi tanár, PTE ÁOK

Csabai Dávid

PhD hallgató, PTE ÁOK

Mitokondriumok vizsgálata a prefrontális kortextben kvantitatív ultrastrukturális módszerekkel egy depresszió állatmodellben

Kutatásunk során egy nagyobb projekt részeként tovább elemeztük a hosszútávú enyhe stressz hatását az agy egy stresszre érzékeny területén, azaz a prefrontális kortext infralimbikus szubáreáiban. Ezen terület neuronjainak mitokondriumait vizsgáltuk, adatokat gyűjtöttünk arról, hogy a patkányokon elvégzett kezelés miképpen változtatja meg a kontroll csoporthoz képest a mitokondriumok számát és nagyságát. A kapott statisztikai elemzéseket tekintve elmondhatjuk, hogy a degeneráció megjelenik a vizsgált struktúrák szintjén, mivel a kontroll csoporthoz viszonyítva a mitokondriumok száma jelentősen csökkent és valószínűleg egy kompenzatorikus mechanizmus eredményeképpen a kezelt csoport mitokondriumainak nagysága nőtt. További morfológiai paramétereket elemezve elmondhatjuk, hogy ezen módszerek nem adnak elegendő információt a morfológiáról, így az egyes degenerációra utaló jeleket más módszerek segítségével kellene tovább kutatnunk. Erre jó megoldás lehet a 3D képalkotásos, képelemzéses megoldások használata. Jövőbeni kutatásunk célja a mitokondriumok eloszlásának vizsgálata axon-dendritikus szinten és a depresszió kialakulásának hátterében zajló folyamatok strukturális szinten való vizsgálata.

VENCZEL ALEXANDRA

venczel.alexandra@hallgato.ppke.hu

Info-bionika mérnök

MSc, 2. félév

Pázmány Péter Katolikus Egyetem

Információs Technológiai és Bionikai Kar

Témavezetők:

Fekete Csaba

tudományos Tanácsadó,

KOK

Kalló Imre

tudományos Főmunkatárs

KOK

Electrophysiological characterisation of TRH neurons of the hypothalamic paraventricular nucleus in mice

A hipotalamusz paraventrikuláris magjában (PVN) két tirotropin-releasing hormont (TRH) termelő sejtcsoport található, a hipotalamusz-hipofízis-pajzsmirigy (HHP) tengely irányításában kulcsszerepet játszó, az eminencia mediána területére vetülő hipofizeotrop TRH sejtek és a TRH-t neuromodulátorként használó nem hipofizeotrop TRH sejtek. Munkám célja, hogy a TRH-IRES-tdTomato egérvonal felhasználásával meghatározzam és összehasonlítsam e két TRH sejtcsoport alapvető elektrofiziológiai tulajdonságait. A hipofizeotrop sejteket intravénásan injektált retrográd tracer, FluoroGold segítségével jelöltük. A tdTomato fluoreszcenciája alapján azonosított TRH idegsejteken végzett elektrofiziológiai mérések során elvégeztük a nyugalmi membránpotenciál, membrán ellenállás, időállandó, kapacitancia, akciós potenciál küszöbérték, akciós potenciál amplitúdó, maximális tüzelési frekvencia és tüzelési mintázat, illetve T-típusú kalciumcsatornák jelenlétének meghatározásához szükséges mérési protokollokat és a vizsgált sejteket biocytinnel töltöttem fel. A mérést követően immunhisztokémia és konfokális mikroszkópia alkalmazásával azonosítottuk a mért sejteket és soroltuk be a két TRH sejt típus egyikébe FluoroGold tartalmuk alapján. A TRH sejtek aktív membrántulajdonságainak elemzéséhez MATLAB nyelven írt saját programot használtam. Méréseink alapján a PVN hipofizeotrop és nem hipofizeotrop TRH sejtjeinek nyugalmi membránpotenciálja $-45,38 \pm 3,49 \text{ mV}$ ($n=9$), és $-39,16 \pm 3,45 \text{ mV}$ ($n=11$), ($P=0,2257$), membrán ellenállása $969,15 \pm 105,48 \text{ M}\Omega$ ($n=8$) és $1328,18 \pm 142,35 \text{ M}\Omega$ ($n=11$) ($P=0,0673$), időállandója $44,12 \pm 4,08 \text{ ms}$ ($n=9$) és $32,42 \pm 3,74 \text{ ms}$ ($n=11$) ($P=0,0494$), kapacitanciája $49,26 \pm 5,62 \text{ pF}$ ($n=9$) és $25,01 \pm 1,89 \text{ pF}$ ($n=12$) ($P=0,0003$), konduktanciája, $1,16 \pm 0,15 \text{ nS}$ ($n=9$) és $0,86 \pm 0,11 \text{ nS}$ ($n=11$) ($P=0,1423$) volt. Összegzésként a két TRH sejtcsoport passzív membrántulajdonságainak összehasonlítása során a sejtek időállandójának és kapacitanciájának értéke szignifikáns különbséget mutatott. Habár a két sejtcsoport membrán ellenállása nem különbözött szignifikánsan, az azt közelítő P érték és a kapacitanciák különbözősége a sejtek eltérő méretére utal. Aktív membrántulajdonságaik nem mutattak szignifikáns eltérést, akciós potenciál lefutásuk, tüzelési frekvenciájuk hasonlóságát indokolhatja hasonló ion csatorna összetétel. További vizsgálatainkban tervezzük nagyobb számú TRH sejt vizsgálatát a kisebb különbségek feltárása érdekében és a két sejtcsoport morfológiájának részletes vizsgálatát 3D modellezés segítségével.

Növényélettan 1

FARKAS MÁTÉ JÁNOS

fmate97248@gmail.com

Biológia

BSc, 8. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:

Dr. Poór Péter

egyetemi adjunktus, SZTE TTIK

Dr. Gallé Ágnes

egyetemi adjunktus, SZTE TTIK

A Basagran főbb antioxidánsokra gyakorolt napszakfüggő hatásainak vizsgálata

Az egyik legfontosabb környezeti faktor, a fény hiánya vagy megléte, fontos szerepet játszik a növények fejlődésében és védekezésében. A növényeknek ugyanis megfelelő mennyiségű és minőségű fényre van szükségük ahhoz, hogy növekedésük és fejlődésük optimális legyen. Ugyanakkor a fény és az általa meghatározott cirkadián óra szabályozza a növények védekezését és az ebben szerepet játszó antioxidáns rendszer működését is. Éppen ezért a jól megválasztott napszak a különböző fotoszintézist gátló herbicidek használatára, mint például a Basagran, maximálhataja annak hatását. Munkánk során különböző koncentrációjú Basagrant alkalmaztunk különböző napszakokban, és ezek hatását teszteltük az első fényciklust követően szójában és parlagfűben. Eredményeink alapján megállapíthatjuk, hogy mindkét alkalmazott Basagran koncentráció (az ajánlott dózis és annak fele is) szignifikánsan megnövelte a H₂O₂ szinteket a növények levelében, mely a legmagasabb a parlagfűben volt a délutáni kezelést követően. Ennek hátterében a megemelkedett szuperoxid-dizmutáz (SOD) enzim aktivitása állhat, míg az aszkorbát-peroxidáz (APX) és kataláz (KAT) aktivitása nem változott. A szójában szintén megemelkedett a Basagran hatására a SOD aktivitása, ugyanakkor a fényperiódusban alkalmazott Basagran fokozta az APX enzimaktivitását. Azonban míg a szójában nem változott, addig a parlagfűben szignifikánsan csökkent a levelek aszkorbát és glutation tartalma mindkét Basagran koncentráció hatására, mely szintén hozzájárulhatott az oxidatív stressz fokozódásához. A védekezésben szerepet játszó glutation-S-transzferáz enzim aktivitása a reggeli kezeléseket leszámítva nem változott szignifikánsan a parlagfűben, míg a szójában szignifikánsan nőtt, leginkább a fényperiódusban alkalmazott Basagran kezelése hatására. A lipidperoxidáció és az ionkieresztés mértéke a fényperiódusban alkalmazott Basagran kezelése hatására nőtt a legnagyobb mértékben a parlagfű növényekben, míg a szójában csak kismértékben változott, legkevésbé a kora este alkalmazott herbicidkezeléseket követően. Eredményeink alapján a fotoszintézist gátló herbicidek hatékonyságát optimalizálhatjuk az alkalmazásuk idejének megválasztásával.

FARKAS SOPHIE ZOE

szofi.zoe@gmail.com

Molekuláris-, immun- és mikrobiológia

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Solti Ádám

egyetemi adjunktus, ELTE TTK

A kloroplasztisz vas-homeosztázisában szerepet játszó gének expresszió-változása szeneszcens levelekben

A növények komplex szabályozó rendszerrel rendelkeznek, hisz autotróf, többségében helyhez kötött szervezetekként elengedhetetlen részükről a gyors és pontos válasz a környezet változásaira. A talaj tápanyagtartalma, többek között a felvehető vastartalma, változó; a vas hiányában gátolt felépítésű és működésű fotoszintetikus apparátus végső soron a biomassza-produkció csökkenéséhez vezet. Szeneszcencia során a tápanyag újraelosztásakor az import helyett az export-folyamatokra helyeződik át a hangsúly. A szeneszcencia, mint fejlődési program, indukciójában belső folyamatok, illetve stresszhatások is közrejátszódnak, és a sejtek szabályozott degradációjához vezet. E folyamat során a kloroplasztiszok vastartalmának leadása, és/vagy stabilizálása következik be, amelyről nagyon kevés ismeret áll rendelkezésre. A vas-homeosztázisban számos faktor vesz részt, amelyek kulcsszereplő effektorok lehetnek a szeneszcencia során megváltozott homeosztatikus állapotban. Nem ismerjük azonban a pontos szabályozási hálózatot, amely a folyamatokat regulálja. A szabályozás hátterében számos lépcsőfokot találhatunk, a transzkripció regulációjától kezdve a poszttranszlációs módosításokig. Célom egy olyan előtanulmány kivitelezése volt, amely rámutathat a kloroplasztiszok vas-transzport és vas-homeosztázis folyamatokban, a szeneszcencia megindulásának pillanatában, bekövetkező változásaira. Amely előtanulmány hosszabb távon a vas-háztartás és a szeneszcencia szignalizációinak interakcióját kívánja feltárni. Kutatásomat *Arabidopsis thaliana* modellnövényen végeztem. A homeosztázis megváltozását a vas-koncentráció és a klorofill a/b arány alapján karakterizáltam. A gének expresszió-változását qRT-PCR segítségével elemeztem. A poszttranszkripció szabályozás lehetőségét mikroRNS predikcióval, a poszttranszlációs módosítások lehetőségét fehérje-szerkezet predikcióval vizsgáltam. Eredményeim alapján kifejtett levelekben a vastartalom a legtöbb vas-háztartást szabályozó génnel pozitívan korrelál, ezzel ellentétben szeneszcens levelekben a gének a klorofill-tartalommal mutattak pozitív korrelációt. A gének expressziója közötti pozitív korrelációt sok esetben magyarázta, hogy ugyanazon poszttranszkripció szabályozás alatt állhatnak. Valamint a génexpresszió változásokat a fehérjék poszttranszlációs módosításai, Tyr-nitrációja és S-nitrozilációja, is befolyásolhatja.

HAJNAL ÁDÁM BARNABÁS

hadam996@gmail.com

biológus

MSc, 4. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Mainé Dr. Csiszár Jolán
egyetemi docens, SZTE TTIK

Növényi stresszválaszok redox folyamatai és regulációjának vizsgálata két paradicsom fajtában

A redukciós-oxidációs (redox) folyamatok fontos biokémiai folyamatok, melyek kihatnak a növények fejlődésére, növekedésére, környezetre adott válaszára. A sejtek redox állapotát különböző reaktív oxigén- és nitrogénformák (ROS, RNS), nem-enzimatis és enzimatis antioxidáns molekulák együttese határozza meg, ami függhet környezeti hatásoktól, de genetikailag is determinált. A glutation transzferázok (GST-k) elsősorban antioxidáns funkciójukról ismert fehérjék. Szoros kapcsolódnak a glutation rendszerhez, amely az egyik legfontosabb redox-aktív molekula. Több GST is részt vesz a sejtek detoxifikációs folyamataiban a glutation segítségével, ezen felül glutation peroxidáz (GPOX) aktivitásuk révén is van szerepük a stresszhatásra keletkező szerves peroxidok, lipidperoxidok eltávolításában. Több GST izoenzimről ismert, hogy befolyásolják a növények növekedését és a sejtek redox homeosztázisának fenntartásában is részt vesznek. Vizsgálatainkban célul tűztük ki a növénybiológiai vizsgálatoknál leggyakrabban használt modell paradicsom fajták (*Solanum lycopersicum* cv. Moneymaker és cv. Ailsa Craig) abiotikus stresszválaszának összehasonlítását, kiemelve a GST-k és a redox állapot közötti összefüggéseket. Négy hetes, hidropónikus kultúrában nevelt növényeket kezeltünk só- és ozmotikus stresszel (100 és 150 mM NaCl-t, 200 és 300 mOsm mannitolt alkalmazva) valamint az ismert redox potenciál változást kiváltó szalicilsav (SA) hormonnal (10^{-7} és 10^{-4} M SA). A redox állapot jellemzése, a redox állapotra utaló molekulák szintjének mérése mellett meghatároztuk a GST és GPOX aktivitásokat és 8 SlGST gén expressziójának alakulását a kezeléseket követő 3. és 24. órában. Emellett elvégeztük összesen 62 GST és más, redox állapottal kapcsolatos gén expressziójának vizsgálatát nagy áteresztőképességű qPCR-rel (HT-qPCR). A redox állapot változásának in vivo tanulmányozásához redox szenzitív fluoreszcens próbát (roGFP2) használtunk. A roGFP2-t *Agrobacterium*-közvetítette transzformációval kifejeztettük a Moneymaker fajtában. A gyökerek redox állapot változását konfokális fluoreszcens mikroszkóppal vizsgáltuk a korábban alkalmazott só- és ozmotikus stressz kezeléseket alkalmazva. Eredményeink alapján közelebb kerültünk a paradicsom növény bizonyos környezeti stresszekre adott válaszáinak és rezisztenciájának részletesebb megértéséhez, és az általunk vizsgált gének fajta- és stresszspecifikus indukcióját azonosítottuk, ami mind a nemesítés számára értékes információt jelenthet.

MAJERHOFFER NÓRA

nora.majerhoffer11@gmail.com

Biológia

BA, 6. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Berzsenyi Dániel Pedagógusképző Központ

Témavezetők:

Dr. Dani Magdolna

egyetemi adjunktus

ELTE BDPK

Dr. Köbölkuti Zoltán Attila

tudományos munkatárs

NAIK, ERTI

Sárvári Kísérleti Állomás és Arborétum

Aszálystressz hatásának vizsgálati lehetőségei SNP markerek és levélanatómiai módszerek alkalmazásával - *Pinus nigra* Arn. Egyedeken

Az aszály, mint a globális klímaváltozás egyik következménye korunk egyik fontos problémája. Az aszályos időszakok előfordulása Magyarországon is növekvő tendenciát mutat, következményeinek kutatása kulcsfontosságú főként az éghajlat szempontjából érzékeny gazdasági ágazatok, és a természetvédelem szempontjából. Az aszálystressz hatással van a növényekre, bennük molekuláris, fiziológiai, ökológiai, morfológiai, biokémiai változásokat indíthat el. Ezek megismerésére a feketefenyő klímaközömbös voltánál fogva alkalmas alany. Molekuláris biológiai vizsgálataink során szárazságstresszben valószínűsíthetően szerepet játszó enzimek kódoló régióira tervezett SNP-markereket alkalmaztunk. Ezek segítségével genotípusosan kimutatható nukleotid különbségeket tártunk fel egészséges és leromlott állapotú feketefenyő szekvenciák, valamint más fenyőfajok referencia szekvenciái között. Eredményeink alapján azonosítottuk a jól működő markereket, és kidolgoztunk egy módszertant amely egy nagyobb mintaszámú vizsgálat során is sikeresen alkalmazható. Összehasonlító anatómiai elemzésünk során feketefenyő tűleveleket vizsgáltunk, keresztmetszeti és színi epidermisz bélyegek alapján. Módszerünk segítségével sikeresen különbségeket állítottunk fel egészséges és leromlott állapotú feketefenyő egyedről származó tűlevelek között. Eredményeink a későbbiekben alapot nyújthatnak természetvédelmi, gazdasági és növénynemesítési célok megvalósításához.

MARTICS ATINA
martics.athena@gmail.com
Biológus
MSc, 1. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:
Dr. Ördög Attila
egyetemi adjunktus, SZTE TTIK
Dr. Poór Péter
egyetemi adjunktus, SZTE TTIK

Az etilén szerepének vizsgálata a flagellin által indukált szisztémikus védelmi válaszokban

A patogének általi fertőzések súlyos veszteséget jelentenek a mezőgazdaságnak, az ellenük folytatott harc pedig éves szinten milliárdos összegekbe kerül. Épp ezért fontos tudományos és gazdasági cél a növényekben lezajló védelmi folyamatok tanulmányozása és alaposabb megértése. A növénypatogének egyik fő fertőzési helye a levél, itt elsősorban a zárósejteken át jutnak be a mélyebb szövetekbe. Éppen ezért növényeknek az immunválasz kialakításához speciális receptoraikon keresztül gyorsan kell érzékelni a patogének molekuláris mintázatait (PAMP). Ilyen mintázat lehet a baktérium ostorát felépítő fehérje, a flagellin (flg), melynek elicitora az N-terminálisán azonosított 22 aminosavnyi szekvencia, az flg₂₂. A növényekben az flg₂₂ érzékelését követően percekben belül immunválaszok sorozata indul el a hatékony védekezés érdekében. Ilyen reakciók például a reaktív oxigénformák (ROS) felhalmozódása, a védelmi hormonok termelődése, a patogenezishez kapcsolt gének expressziója és a zárósejtek bezáródása. Ezek a reakciók azonban nemcsak az adott pillanatban nyújtanak hatékony választ a patogénekkal szemben, de elengedhetetlenek a következő fertőzés kivédésének gyorsabb és egyszerűbb lebonyolításához, ez pedig a szisztémikus szerzett rezisztenciának köszönhető. Munkánk során ennek a szisztémikus természetű jelenségnek az összetevőit vizsgáltuk a flg₂₂-vel történő indukció hatására paradicsomban, ezen belül is a gáz halmazállapotú etilén szerepére fókuszáltunk. Kísérleteink során az flg₂₂ kezelés mellett az etilén bioszintézist gátló aminoetoxivinilglicin (AVG) és az etilén érzékelést gátló ezüst-tioszulfát (STS) kezelést alkalmaztunk lokálisan és az flg₂₂ kezelés feletti, szisztémikus levélemeleteken. A flg₂₂ hatására egy órán belül szisztémásan és lokálisan nőtt az etilénprodukciónak, melyet az STS lokálisan, az AVG szisztémásan is mérsékelte. A légrések átmérőjének csökkenését az STS szisztémásan, az AVG lokálisan is gátolta. A szuperoxid mennyiségi növekedését az STS szisztémásan mérsékelte, az AVG lokálisan is. A PR1 gén transzkripciójának növekedését az AVG lokálisan, az STS szisztémásan is gátolta. A hidrogén-peroxid szintje nem változott szignifikánsan ebben az időpontban. Kísérleteinkkel igazoltuk, hogy az etilén szerepet játszik az flg₂₂ hatására bekövetkező gyors védelmi válaszok lokális és szisztémikus kialakításában paradicsomban.

MILODANOVIC DÁVID
dmilodanovic@gmail.com
Biológia
BSc, 5. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:
Dr. Bela Krisztina
tudományos munkatárs
SZTE TTIK
Dr. Poór Péter
egyetemi adjunktus
SZTE TTIK

AtGPXL3 szerepének vizsgálata tunikamicin indukált ER stresszválasz folyamán

Normál körülmények között, valamint stresszhatás során is a fehérjék megfelelő térszerkezetének kialakítása kulcsfontosságú folyamat az endoplazmatikus retikulumban (ER). Az ER-ben a diszulfid kötések létrehozásában egy két enzimkategóriából álló diszulfid-relé-rendszer a felelős, melynek tagjai az oxidoreduktázok és a „carrier” fehérjék. Feltételezhetően az Arabidopsisban található glutation peroxidáz-szerű 3 (AtGPXL3) enzimnek fontos szerepe van a fehérjéken belüli diszulfid hidak létrehozásában, mint egy közvetlen oxidoreduktáz enzim, vagy akár a protein diszulfid izomerázokkal (PDI) való kölcsönhatásán keresztül. Számos fontos fehérje funkcióját befolyásolja a diszulfid hidak által meghatározott megfelelő térszerkezet, így az AtGPXL3 fehérje hiányában sérült folyamat nem megfelelő térszerkezetű fehérjék felhalmozódásához vezethet (UPR, unfolded protein response). Kísérleteink célja az AtGPXL3 és az ER stressz közötti kapcsolat vizsgálata volt vad típusú, valamint Atgpxl3 hiánymutánsok felhasználásával. Munkánk során különböző fiziológiai paraméterek meghatározásával, a folyamatban szerepet játszó gének expressziójának nyomon követésével, valamint fehérjék vizsgálatával figyeltük meg a mutáns és vad típusú növények stresszválaszának különbségeit.

TAKÁCS SZILÁRD LÁSZLÓ
szhilank@gmail.com
Villamosmérnök
BSc, 7. félév
Széchenyi István Egyetem
Kautz Gyula Gazdaságtudományi Kar

Témavezető:
Barla Ferenc
tanszéki mérnök, SZE

Nem-ionizáló sugarak hatásai a növényi sejthosszra

Nem-ionizáló sugarakat, azaz elektromos hullámokat nap, mint nap használunk. Ezeknek a sugaraknak a biológiai hatásait vizsgáltam, és próbáltam minél szélesebb vizsgálatokkal kimutatni növények felhasználásával. Csírázó búzát sugározttam napokig és utána vizsgáltam meg, hogy milyen hatásokat gyakoroltak rá a rádió és wi-fi hullámok. Arra a kérdésre kerestem választ a kísérletek során, hogy az FM jelet sugárzó rádiótornyoknak, vagy otthonainkban használt wi-fi routereknek van-e valamilyen káros hatása? Hírforrásokban hallhatjuk, olvashatjuk, hogy a rádiótornyoknak vagy a wi-fi routereknek semmilyen negatív hatása nincsen az élő szövetekre. A kísérletek célja, hogy igazoljam ezt az állítást, vagy megcáfoljam azt. Csírázó búzát folyamatos, nagyteljesítményű sugárzásnak tettem ki. A csírázás közben egy lezárt kamrában voltak, amiben nem kapott fényt. A folyamat végén kivettem, a már kicsírázott növényeket, majd normal körülmények között hagytam tovább fejlődni. Emellett volt egy kontroll csoport, ami hasonló körülményeknek volt kivéve, csak a térerősség értéke volt, ami eltért. A sugárzás FM modulált jellel, és wi-fi-vel történt. Mindkét esetben arra törekedtem, hogy a valóságot modellezem. A növényeket csírázás után vizsgáltam, és arra a következtetésre jutottam, hogy az elektromos tér, illetve a rádió és wi-fi hullámok befolyásolják a körülöttük lévő környezetet. A növényeket először fizikailag vizsgáltam. Az FM jelek esetén nem mutatott különbséget, viszont a magasabb frekvenciás wi-fi jel esetén itt a sugárzást kapott növények mérete nagyobb, mint a kontroll csoporté, emellett ezen a frekvencián sugárzott növényeknek a sejthosszmérete is mérhetően nagyobb lett, mint az FM sávban lévőé. Következtetés képpen levonhatjuk, hogy a nem-ionizáló sugarak hatással vannak környezetükre, és érzékelhető módon befolyásolhatják azt.

Növényélettan 2

FEJES FRUZZSINA

fruzsinaf34@gmail.com

Biológia

BA, 6. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Berzsenyi Dániel Pedagógusképző Központ

Témavezetők:

Dr. Dani Magdolna

egyetemi adjunktus, ELTE SEK

Dr. Cseke Klára

tudományos főmunkatárs

NAIK, ERTI

Sárvári Kísérleti Állomás és Arborétum

Aszálystressz hatásának tanulmányozása tölgy fajok molekuláris genetikai elemzésével

A XXI. század kiemelkedő problémája az aszály és az ehhez köthető időszakok, melyek a természeti katasztrófák közül a legtöbb embert érintő probléma. A növények ezeket a csapadékmentes időszakokat stresszként élik meg, ez hatással lehet a fejlődésükre, elterjedési területükre és szaporodásukra egyaránt. Az aszálykárok a magyarországi erdőket is sújtják, egyre nagyobb mértékben. Mivel a hazai erdeink mintegy 32%-át a tölgyesek adják ki (NÉBIH, 2017) a vizsgálataink célkitűzése ezen károk enyhítése érdekében a gazdaságilag fontos tölgy fajoknál (*Q. cerris*, *Q. robur*, *Q. petraea*) az aszálystressz egyes kulcsenzimeinek kódoló régióiban megjelenő változatosság felmérése, SNP markerek segítségével. A vizsgálatban a NAIK Erdészeti Tudományos Intézet Genetikai Laboratóriumában *Quercus lobata* genomból fejlesztett markerek segítségével 4 enzim kódoló régiójának egy-egy szekvenciárészletének elemzésére került sor. DNS szintű eltérések lettek keresve a hazai fajok között, illetve a fajokon belül vizsgált egyedek között. A Dunántúlon elkülönülő tölgy populációk mintái különböző kísérleti parcellákról származnak, amelyek az ERTI kezelésében állnak. Az alkalmazott 4 marker visszaazonosítása során 3 enzimrégió (Qseq 51 - methyl-CpG-binding domain-containing protein, Qseq 57 - SIT4 phosphatase-associated family protein, Qseq 72 - ARM repeat superfamily protein) egyértelműen azonosítható volt. Egy esetben (Qseq 56 - sucrose transporter 2 /SUT2/) azonban a találati listában az elsők között nem szerepelt a várt markergén, csak lentebb, de ott szintén tölgy fajoknál azonosította a program a keresett DNS-szakaszt. Fajokon belül a legtöbb változatosság a Qseq 51-es markernél volt megfigyelhető. A csertölgy minták nem mutattak polimorfizmust fajon belül, kivéve a Qseq 72-es markernél. A kocsányos tölgy minták mindegyikében találtunk eltérést. A legtöbb esetben heterozigóta SNP-k jelenléte volt kimutatható. A markergének sikeres felszaporítása biztató eredményül szolgál, nagyobb léptékű populáció genetikai vizsgálatokhoz. Az erdőgazdaság számára fontos olyan erdőállományok fenntartása, amelyek jól alkalmazkodnak a meleg, csapadékmentes időszakokhoz, így eredményeink hozzájárulásként szolgálhatnak a fenntartható erdőgazdálkodás megvalósításához.

HORVÁTH SÁRA

sara.horvath12@gmail.com

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Solymosi Katalin

egyetemi adjunktus, ELTE TTK

Szárazságstressz hatása búza alloplazmás árpa növényekre és szülői vonalaikra

A globális klímaváltozás következményeként napjainkban növekvő problémát jelent a csapadékellátottság gyakori szélsőséges ingadozása. Ez a világ egyre nagyobb területein vezet áradásokhoz vagy épp ellenkezőleg, aszályokhoz és elsivatagosodáshoz. Káros ökológiai következményein túl a jelenség mezőgazdasági szempontból is komoly nehézséget jelent, hiszen a termesztett növényekben ez az abiotikus stressz fejlődésbeli és növekedési zavarokat, valamint terméshezambeli csökkenést eredményez. Éppen ezért igény alakult ki toleránsabb növényfajták létrehozására. Munkánk során egy, a világon elsőként létrehozott szaporítható (fertilis) búza alloplazmás árpa növekedését, fotoszintetikus apparátusának szerkezetét és aktivitását hasonlítottuk össze a szülői vonalakkal kontroll körülmények között, illetve szárazságstressz alatt. Ezekben a növényekben a búza petesejtből ('anyai vonalból') származik a citoplazma és annak alkotói, köztük a kloroplasztiszok, a sejtmag viszont egy hibrid árpa 'apai vonaltól' eredeztethető. Indokolt ezért megvizsgálni, hogy az eltérő fajokból származó organelumok (pl. a sejtmag és a kloroplasztisz) hogyan tudnak együttműködni és reagálni a kedvezőtlen környezeti hatásokra. A vizsgálatok során három hetes, talajban nevelt szülői és alloplazmás növényeket 2 hét teljes vízmegvonásnak tettünk ki. A növényeket érő stressz mértékének követésére a kísérlet ideje alatt monitoroztuk a talaj relatív víztartalmát, a kezelés végén pedig a vizsgált növények leveleinek relatív víztartalmát is. A 2 hetes kezelés alatt nem-invazív módszerekkel meghatároztuk a növények élettani paramétereit (relatív klorofilltartalom és klorofill fluoreszcencia indukciós paraméterek változása) és morfológiai jellemzőit (növények hossza, leveleinek száma). A kezelés végén ezeken felül összehasonlítottuk a levelek elsődleges szöveti szerkezetét, a sejtek és a kloroplasztiszok ultrastruktúráját, valamint a klorofill-protein komplexek natív szerveződését is. Eredményeink azt mutatják, hogy az alloplazmás „wharley” fajta ígéretes toleranciával rendelkezik a fiatal növényeket érintő vízhiánnyal szemben, így megfelelő termés hozam és a szemtermésre és annak összetételére jellemző kedvező tulajdonságok mellett akár egy ígéretes új gabonafajta is lehet a mezőgazdaság számára a közeljövőben.

MADÁR VALENTINA

madar.tina@gmail.com

Biológia

BSc, 5. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Viczián András

tudományos főmunkatárs

SZBK

A fitokrómok poszttranszlációs módosulásainak funkcionális vizsgálata *Arabidopsis*ban

A növények életében a fény kiemelt fontossággal bír. Azon túl, hogy a fotoszintézis által energiához jutnak, környezeti jelként is hasznosítják erre specializálódott szenzorjaik révén. A növények a fény különböző hullámhossztartományainak detektálására specializált molekulákat, úgynevezett, fotoreceptorokat fejlesztettek ki, melyek az emberi szemmel látható tartományon túl is érzékelik az éppen aktuális besugárzást. Ezek a fotoreceptorok olyan jelátviteli utakat indítanak el - már a magokban is - melyek befolyásolják a növény életfolyamatait, a csírázást, a növekedést, az árnyékkerülést és később a reprodukciót is. A vörös ($\lambda_{\max}=660$ nm) és a távoli vörös ($\lambda_{\max}=730$ nm) tartomány érzékelésére egy egész receptorcsalád alakult ki, melyeket fitokrómoknak nevezünk. Növényfajonként változó, hogy ezek közül melyek vannak jelen, viszont az megállapítható, hogy kulcsfontosságú szerepe töltenek be a fényérzékelésben, ugyanis a moháktól egészen a kétszikűekig megtalálhatók. A széles körben használt modellnövényben, az *Arabidopsis thaliana*ban, összesen öt fitokróm molekulát azonosítottak, ezeket rendre fitokróm A, B, C, D, E névvel illették. A munka célja a fitokrómok poszttranszlációs módosításainak funkcionális vizsgálata. Ezek a fehérje olyan módosulásai, melyek a transzláció során vagy azután történtek meg (például foszforiláció, SUMOiláció, ubikvitináció, stb.). Olyan mutáns *Arabidopsis* növényvonalakat hoztunk létre, melyek nem tartalmaznak endogén, vad típusú fitokrómot, viszont transzformáltak igen, vagy kifejeznek olyan fitokrómot, melyek célzottan bevitt mutációkat tartalmaznak a poszttranszlációs módosítás cél-aminosaván. Azokat a transzformált növényvonalakat válogattuk ki, melyek azonos mennyiségű transzgenikus vad típusú vagy mutáns fitokrómot fejeznek ki. Ezeket neveljük olyan fényviszonyok között, amikor a fitokróm rendszer aktív és a kifejlődő növények morfológiai jellegeit figyeljük. Ilyen például a csíranövények hipokotilhossza, ami sötétben nevelt növények esetében hosszú, viszont a vörös fényben nevelteknél, ahol aktív fitokróm van a rendszerben már rövidebb. Minél aktívabb a fitokrómok jelátvittele, annál erőteljesebb a hipokotilmegnyúlás gátlása. Ennek tükrében vizsgálható azonos hőmérsékleten és fényintenzitáson, hogy a mutáns fitokróm, milyen mértékben okoz változást a csíranövények fejlődésében. Méréseinkből a vizsgált poszttranszlációs módosítás élettani hatására következtetünk.

PELSŐCZI ALINA BEATRIX
pelsoczi.97@gmail.com
Biológus
MSc, 1. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:
Dr. Poór Péter
egyetemi adjunktus, SZTE TTIK
Dr. Gallé Ágnes
egyetemi adjunktus, SZTE TTIK

Éjszakai vörösfény glutation S-transzferázra gyakorolt hatásának vizsgálata búzában

Munkánk során éjszakai vörös fény hatását vizsgáltuk glutation S-transzferáz (GST) gének expressziójára és enzimaktivásra két búzafajta, a GK Arató és GK Ígéret hajtásában. Méréseink alapján megállapítható, hogy mindkét fajta GST aktivitása a cirkadián óra szabályzását követve nappal a fényszakaszban növekedett, míg este a sötétben csökkent. Mivel a GST aktivitás hajnalban volt a legalacsonyabb, megvizsgáltuk, hogy az éjfélkor történő vörös fényes megvilágítás képes-e azt növelni. A kísérletek során 5, 15, 30 és 180 perces megvilágítást alkalmaztunk. Már az 5 perces kezelés hatására is megemelkedett a GK Ígéret GST aktivitása reggel 3 órakor, azonban a 15 perces kezelés hatására már mindkét fajtánál nőtt. Megvizsgáltuk, hogy hány napos 15 perc hosszúságú vörös fény-kezelés emeli meg tartósan a GST aktivitást hajnalban. A sötét kontrollhoz képest a 3, 4, 5 és 7 napig tartó vörös fényes kezeléseket mind növelték az enzimaktivitást a két búza fajtában, azonban a 4 napos kezelés mutatkozott a leghatékonyabbnak. A vörös fény hatására a GK Ígéret hajtásában emelkedett meg a kiválasztott GST gének expressziója. A következőkben megvizsgáltuk a vörös fényvel történő előkezelés hatását a fumonizin B1 (FB1) toxin méregtelenítésére. A 3 napos FB1 kezelés szignifikánsan megemelte hajnalban a GSTU2, GSTU3, GSTF3 és GSTF6 expresszióját. A vörös fény-kezelés azonban ezek mellett a GSTU1A és GSTU1B expresszióját is szignifikánsan fokozta. Ezen kísérleti elrendezésben mértük a GST aktivitást is. A vörös fény hatására szignifikánsan megemelkedett a búzafajták GST aktivitása hajnalban, ami a GK Arató esetében volt a legmagasabb. A sötétben tartott búza növényeket FB1-el kezelve szintén megnövekedett GST aktivitást mértünk csakúgy, mint a vörös fényvel és FB1-el is kezelt növények hajtásában, viszont az utóbbi esetében az értékek magasabbak voltak. Ezek alapján a vörös fényvel történő előkezelés hatékonyan fokozta a méregtelenítésben és a védekezésben szerepet játszó GST működését. A vörös fény nem specifikus hatását az antioxidáns enzimek aktivitásának mérésével vizsgáltuk. A három vizsgált enzim, a szuperoxid-dizmutáz, kataláz és peroxidáz aktivitása megemelkedett a vörös fény és a FB1-el kombinált kezelése hatására. Azaz a vörös fény előkezelés nemcsak a GST-re, hanem az antioxidáns enzimekre is hatással van. Megállapíthatjuk, hogy az éjjel alkalmazott vörös fényes megvilágítás hatékony módja lehet a növények védekezésének környezettudatos és vegyszermentes fokozásának.

POLLÁK BOGLÁRKA DÓRA
pollak.boglarka11@gmail.com
Biológia
BSc, 6. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:
Dr. Poór Péter
egyetemi adjunktus, SZTE TTIK
Dr. Ördög Attila
egyetemi adjunktus, SZTE TTIK

Az etilén és a fény szerepe a kitozán indukálta védelmi válaszok kialakulásában paradicsomban

A kitozán (CHT) egy nem-fajspecifikus elicitor, használatával gombapatogén fertőzés imitálható és a növényi szervezetre kifejtett hatása jól tanulmányozható. A biotikus stresszre adott védelmi válaszok kialakulását fitohormonok, például az etilén (ET), és abiotikus környezeti tényezők is, mint a fény is szabályozzák. A CHT kezelés hatására leggyorsabban létrejövő immunvédelmi válasz a sztómák záródása, melyben szerepet játszanak reaktív oxigén- és nitrogén formák is. Kutatásunk során reggel 8 órakor fényben és párhuzamosan sötétben, CHT-nal kezelt vad típusú (WT) és ET receptor mutáns Never ripe (Nr) paradicsom növények (*Solanum lycopersicum* Mill. L. cvar. Ailsa Craig) lokális és szisztemikus védekezési válaszait vizsgáltuk a kezelés után 1 órával. Célunk volt megismerni a védelmi válaszok kialakulásában az ET és a fény szerepét. Feltételeztük, hogy az ET-nek szerepe van a szisztemikus válasz kialakításában, ezért vizsgáltuk a kezelt és a kezelés feletti (CHT+1) levélemelet ET produkcióját és a változást a sztómák nyitottságában. Megnéztük továbbá a biotikus stressz markergén PR3 és az ER stressz markergén BiP expresszióját qRT-PCR-rel és fehérjeszintjét Western blot analízissel. A WT és Nr növények kezelt leveleiben nőtt az ET produkció, de a CHT+1 és a sötétben kezelt leveleken nem volt szignifikáns változás. Sztómazárást tapasztaltunk a kezelt és a CHT+1 leveleken is, amit a sötétség fokozott. A Nr növények esetén nem tapasztaltunk változást. A WT növények PR3 és BiP expressziója nőtt a kezelt és a CHT+1 leveleken is. A Nr és a sötétben tartott növényekben elmaradt az expresszió növekedése. Az eredményeket a Western blot analízisek is megerősítették. Eredményeink igazolják a CHT által paradicsom növényekben kiváltott védelmi válaszok fényfüggését és kialakulásukban az ET szerepét.

SÍPOS LILLA
lillasipos98@gmail.com
biológia
BSc, 1. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:
Dr. Szepesi Ágnes
egyetemi adjunktus, SZTE TTIK
Bakacsy László
egyetemi tanársegéd, SZTE TTIK

Az effuzol és a junkuzol élettani hatásainak vizsgálata *Arabidopsis thaliana* csíranövényeken

Az effuzol és a junkuzol is olyan másodlagos anyagcseretermékek, melyek egyben a szittyófélék (Juncaceae) családjára jellemző taxonómiai markerek. A kínai orvoslásban már az ókorban is használatos szittyó kivonatok hatásosnak bizonyultak többek között antibakteriális és antifungális hatásaik miatt. Ezeket a jótékony élettani hatásokat napjainkban már tudományos eredmények is alátámasztják, azonban ezeket a molekulákat még magasabb rendű növényeken nem alkalmazták. A *Juncus compressus*-ból izolált és tisztított vegyületek alapvázát a policiklikus fenantrén alkotja, ezért kísérleteim során a fenantrént, mint kontroll vegyületet használtam fel. A vizsgálataimhoz egyhetes *Arabidopsis thaliana* (közönséges lúdfű) csíranövényeket használtam, amelyeket további egy hétig kezeltem a fenantrén, valamint a tisztított effuzol és a junkuzol 0,1; 0,5 és 1 mM koncentrációjú metanolos oldataival. A fenantrén kezelés csökkentette a csíranövények biomasszáját, míg az effuzol és a junkuzol kezelt csíranövények biomasszája összességében megnövekedett, de nem mutat jelentős változást a kontrollhoz képest. A gyökérhosszra gyakorolt hatásuk alapján mindkét molekula növekvő tendenciát mutattak a kontrollhoz képest. A fotoszintetikus pigmentek (klorofill-a, klorofill-b, összes klorofill) mennyisége mindhárom vegyület hatására csökkenő tendenciát mutatott, viszont a 0,5 mM-os koncentrációban alkalmazott effuzol megnövelte a mennyiségüket. A H₂O₂ mérés eredményei szerint csak a fenantrén hatott negatívan a H₂O₂ koncentrációra. A szuperoxid-dizmutáz enzim aktivitása a fenantrén esetében volt a legnagyobb. A növekedésszabályozó poliaminok lebontását végző enzimek, a diamín-oxidáz és a poliamín-oxidáz aktivitása a fenantrén és a junkuzol 0,5 mM-os koncentrációjának hatására emelkedett meg. Bár ez a két vegyület több vizsgálatot igényel magasabb rendű növények élettani folyamatainak vonatkozásában, feltételezem, hogy pozitív hatásai miatt akár biostimulánsként is alkalmazható lehet a fenntartható mezőgazdaság számára. A két vegyület hatása eltérő koncentrációban feltehetőleg fajspecifikus válaszokat adhat, emiatt is szükségesek a további kísérletek, ezen belül főként a haszonnövények reakcióinak vizsgálatai.

VALYON EMIL PÉTER
emil6555@citromail.hu
Biológia Bsc
BSc, 9. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:
Ördögné Dr.Kolbert Zsuzsanna
egyetemi docens, SZTE TTIK
Molnár Árpád
egyetemi tanársegéd, SZTE TTIK

Az alacsony dózisú szelén kezelések hatása a sztívia (*Stevia rebaudiana* L.) antioxidáns kapacitására

A sztívia (*Stevia rebaudiana* Bertoni), mint egy természetes édesítőszer tartalmú növény nagy gazdasági jelentőséggel bír. A termesztése során a biomassa illetve beltartalmi értékek javítása egy kiemelt cél. A szelénről (Se) ismert, hogy kis koncentrációban számos növényfaj növekedését serkenti, ezért TDK munkám célja az volt, hogy megvizsgáljam a Se levélpermetezés (0,6,8,10 mg/L szelenát, 14 nap) hatását a sztívia palánták hajtás növekedési paramétereire, a levelek pigmentösszetételére, az összes fehérjetartalomra és az antioxidánsok mennyiségére illetve aktivitására. Enyhe növekedési serkentést (megnövekedett levélszámot) tapasztaltunk a 6 mg/L-es és a 8 mg/L-es Se oldattal permetezett növényeken. A 10 mg/L Se koncentrációjú oldat megnövelte a levelek klorofill b, karotinoid és antocianin tartalmát. A 8 mg/L Se felére csökkentette a levelek fehérje tartalmát. A sztívia levelek a szuperoxid gyökiont detoxifikáló szuperoxid-dizmutáz (SOD) enzim aktivitását mindhárom Se dózis jelentősen megnövelte. A levélben öt SOD izoenzimet azonosítottunk (MnSOD 1, FeSOD 1, FeSOD 2, Cu/ZnSOD 1, Cu/ZnSOD 2), melyek aktivitása minden kezelési koncentrációra megemelkedett. A NADPH-oxidáz (NOX) aktivitását mindhárom Se oldat csökkentette. Az összes általunk alkalmazott Se kezelés növelte az összes aszkorbát tartalmat, de növelte az oxidált és csökkentette a redukált forma mennyiségét. Az eredmények alapján arra lehet következtetni, hogy a szelén dózisok növekedés serkentő hatása részben a szuperoxid gyökiont képződésének gátlása és eltávolításának fokozása révén valósul meg. Ezek az eredmények gazdasági jelentőségűek is lehetnek, mert a sztívia palánták levelének szelén permetezésével fokozható a növény antioxidáns védekezése, ezáltal fitnessze és biomassa produkciója.

Ökológia 1

ANTAL ORSOLYA MÁRIA
antalorsio6@gmail.com
Ökológia és természetvédelem
BA, 6. félév
Babeş-Bolyai Tudományegyetem

Témavezető:
Dr. László Zoltán
egyetemi docens, RO BBTE

Fajkicserélődés és sötét diverzitás alföldi szitakötő közösségek esetében

Az életközösségek egyik fontos jellemzője a diverzitás. Napjainkban a biológiai sokszínűséget számos tényező veszélyezteti. Ezek között a legfontosabbak a mesterséges, ember által kiváltott okok, mint például az élőhelyek pusztítása és feldarabolása. Vizsgálatom során azt kutattam, hogy az alföldi a szitakötő-közösségekre milyen hatással van a környezet, illetve annak változása. Ugyanakkor megfigyeltem azon szitakötőfajok összességét is, amelyek hiányoztak a vizsgálati helyszínről, de jelen voltak a környező régiókban. A szitakötő populációk fajösszetétele három éven át tizenegy kisvízfolyás mentén lett felmérve. A begyűjtött adatokból valamennyi területre kiszámoltam a béta-diverzitást, a fajkicserélődés- és a sötét-diverzitás mértékét. Eredményeim szerint a mezőgazdasági területek táji részesedésének növekedésével a fajkicserélődés és a sötét-diverzitás is növekszik.

GARA BARBARA ERIKA
gara.barbara@gmail.com
Biológia-kémia tanár
Osztatlan, 11. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:
Vámosiné Dr. Hegyi Andrea
egyetemi adjunktus, SZTE TTIK

Kiskunhalas-Zöldhalom temető embertani anyagának fejlődési rendellenességei

A XX. század előtről származó fejlődési rendellenességekkel leginkább, mint kultúrtörténeti érdekességekkel találkozhatunk. Később egyre több betegség leírása, statisztikai feldolgozása történt meg, de elsősorban az élő népességre vonatkozóan. A történeti embertanban csak néhány évtizede kezdtek el foglalkozni ezzel a témával, de azóta szinte exponenciálisan felfutóban van. Fontosságát felismerve a külföldi irodalmakban egyre több helyen találjuk meg a különböző fejlődési rendellenességek leírását, ugyanakkor statisztikai értékelésére még mindig csak ritkán kerül sor. A hazai leírások száma nagyon kevés, s azok is inkább esetek bemutatására korlátozódnak. Jelenleg Magyarországon nincs a csontokon megjelenő fejlődési rendellenességeket csoportosító, statisztikai áttekintés, így mindegy egyes temető ilyen irányú feldolgozásából származó adat jelentős, hiánypótló munka. A gyakorisági adatok, az egyéni és társult megjelenési formák leírása új információt hordoz, segítséget nyújtva az egykor élt népességek biológiai rekonstrukciójához, az egyes populációk közötti rokonsági kapcsolatok feltárásához. A kutatásom célja, hogy ismertessem a csontokon megjelenő fejlődési rendellenességek gyakori vagy kevésbé gyakori helyeken való megjelenési formáit. Szeretném bemutatni továbbá az egyes fejlődési rendellenességek előfordulásának gyakorisági adatait és összefüggését más fejlődési rendellenességekkel, patológiás elváltozásokkal vagy szindrómákkal a hazai vizsgálatok és irodalmi adatok tükrében. A temetőben előfordultak ritka (különleges) rendellenességek, ilyen volt például a bifid foramen transversarium, a hemivertebrá (ami a gerincferdülés egy súlyosabb változatát idézhette elő), valamint a blokkcsigolya. A kutatás során elemzett temető csontanyagának feldolgozását, a talált fejlődési rendellenességek esetleírásait, százalékos megoszlási arányra vonatkozó adatait az antropológia és a történeti embertanhoz kapcsolódó társtudományok (orvostudomány, régészet, néprajz, illetve történészet) jól hasznosíthatják. Különösen nagy jelentőséggel bírnak azok az esetek, amelyek a történeti embertani anyagban nagyon ritka rendellenességnek számítanak, így eddig csak kevés hazai vagy külföldi leírásuk született.

HOLLÓSI ÁRPÁD

bodoarpig8@gmail.com

Biológia

BSc, 3. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezetők:

Dr. Horváth Győző

egyetemi adjunktus, PTE TTK

Tóth Dániel

tudományos segédmunkatárs, PTE TTK

A Lankóci erdő Natura 2000 erdőállományaiban jellemző kisemlős együttesek összehasonlítása

Vizsgálatainkat a Lankóci-erdő területén folytattuk, mely Somogy megyében, Gyékényes település mellett található. A mintavételezésre kijelölt 9 területet három élőhely típusba különítettük el, melyek eltérő vegetációtípusú, korú és növényborítottságú élőhelyet reprezentáltak. A dolgozat fő célja a kisemlős közösségek diverzitásának, faj-gyakorisági viszonyainak vizsgálata és az élőhely típusok karakterfajainak meghatározása volt a 2 vizsgált év (2019, 2020) folyamán. A diverzitási paraméterek vizsgálata az erdőállományok esetén azt mutatta, hogy az évek között nincs jelentős különbség. A két év eredményeinek összehasonlításában a csemetés területen a fajgazdagság, valamint a Shannon- és Simpson-index is szignifikáns különbséget mutatott. Az összesített fogási eredmények alapján látható, hogy mindkét évben a vöröshátú erdeipocok, a sárganyakú erdeiegér, és a pirók erdeiegér jelent meg legnagyobb relatív gyakorisággal. Legnagyobb dominancia rangsorrendben történő évek közötti változást a fiatal csemetés terület esetén tapasztaltuk. A karakterfaj analízis eredményei alapján a leggyakoribb kisemlősök közül a pirók erdeiegér és a mezei cickány a fiatal telepítéseket preferálta, mind a két faj fidelitása a maximális értéket vette fel. A sárganyakú erdeiegér magasabb gyakorisága a zárt, száraz erdőterületekhez kötődött. A vöröshátú erdeipocok, mely mindegyik általunk vizsgált területen jelen volt, elterjedését legfőképpen a lombkoronaszint és a magas gyepszint borítottsága határozta meg, az indikátor érték vizsgálat alapján a faj az üde erdőállományok karakterfaja volt. A cickányfajok nagyobb arányban az üde és fiatal erdőállományok területén voltak jelen, az üde erdőterületen az erdei cickány, míg csemetés területeken a mezei cickány indikátor értéke volt szignifikáns. A fiatal telepítés területén három *Microtus* nemzetségbe tartozó faj, a védett csaltjáró pocok, a mezőgazdasági kártevő mezei pocok, valamint a földipocok esetén mutatott az elemzés szignifikáns indikátor értéket. A Lankóci erdőben végzett kisemlős monitorozás adatai azt mutatták, hogy az itt található mozaikos élőhely megfelelő élőhely a kisemlősök számára, több védett fajt is kimutattunk az elevenfogó csapdázás során. Az indikátor érték vizsgálat használatával 8 kisemlősfaj esetén bizonyítottuk, hogy karakterfajai egy-egy élőhely típusnak. A monitorozás további folytatásával tervezzük a különböző mintaterületeken kimutatott kisemlős közösség összetételének és változásának további vizsgálatát.

REKECKI TIBOR
tiborg27@gmail.com
Állatorvos doktor szak
BSc, 5. félév
Újvidéki Egyetem

Témavezető:
dr. Pajić Mária
egyetemi tanár, RS UE

A gyöngybagoly (*Tyto alba*) táplálkozása Szilágyin

A baglyok (Strigiformes) fontos helyet foglalnak el a táplálékláncban mivel apró rágcsálókkal táplálkoznak. A baglyok táplálékát kutatva sokat tudhatunk meg a ökoszisztémákról amelyekben ezek a baglyok élnek és táplálkoznak. E kutatás célja a kvantitativ és kvalitativ paraméterek kikutatása a gyöngybagoly táplálkozásában, Silágyi környékén. A kutatási terület Szilágyi délnyugati oldalán található. Ez a terület magába foglalja a gyöngybaglyok pihenési és fészkelési helyét, amely mindössze a falutól 500 méterre található, egy elhagyatott farm épületében helyezkedik el. A köpetek begyűjtésére 2 alkalommal került sor 2019. február 24-én és 2019. december 13-án. Mindkét alkalommal az összes, ott megtalálható mintanyag begyűjtésre került. A préda analizálására száraz módszer lett használva. Ez a technika magába foglalja az osteológiai és odontológiai maradványok elkülönítését a szőr és toll maradványoktól csipeszek, ecsetek és tűk segítségével. A Szilágyin kutatott gyöngybaglyok táplálkozása nem különbözik nagymértékben az európai kutatásokban kimutatott átlagtól. A leggyakoribb prédafaj a mezei pocok (*Microtus arvalis*), ami a közelben található magas elterjedésű szántóföldeken magyarázható. A gyöngybagoly táplálkozásában azok a jelentős prédák, amelyek a teljes prédaszám több mint 10%-át teszik ki. Szilágyin ezek a mezei pocok (*Microtus arvalis*) és a keleti cickány (*Crocidura suaveolens*). Az elfogott prédák biomasszája ennél a mintánál 70133,26g-ot tesz ki, ami kimutatja a gyöngybagoly jelentőségét a mezőgazdaságban.

BOROS ADRIENN
borosadri24@gmail.com
Középiskolai hallgató
Kisvárdai Bessenyei György
Gimnázium és Kollégium

RÉVÉSZ HANNA
hannah.revesz@gmail.com
Középiskolai hallgató
Kisvárdai Bessenyei György
Gimnázium és Kollégium

Témavezetők:
Balázs Erika
középiskolai tanár
Kisvárdai Bessenyei György
Gimnázium és Kollégium
Dr. Tököly Jácint
egyetemi adjunktus, DE TTK

Regeneráció és morfogenezis az életciklus során édesvízi hidráknál

A hidra a csalánozók törzsébe, a hidraállatok osztályába tartozó nem. Valódi szövetes, édesvízben élő, sugaras szimmetriájú, ragadozó állatok tartoznak ehhez a csoporthoz. A hidrák kétivarú állatok, kétféleképpen, a meleg időszakban ivartalanul bimbózással, a hideg időszakban pedig ivarosán gamétaképzéssel szaporodnak. Célkitűzésünk a két ciklus 3 időszakában való regenerációs és morfogenetikus képesség vizsgálata és összehasonlítása volt. Az egyedek fej-kialakító képességét figyeltük meg. A kutatás nagyon fontos az öregedés folyamatának megértése érdekében. Egyik módszerünk az állat 2 részbe vágása a testtengely közepén. A kísérletben azt figyeljük, hogy melyik csoportban milyen mértékű a regeneráció egy adott időn belül. Így vált követhetővé a regenerációs képesség változása. A másik két kísérletünk szövetátültetés volt. Ezeknél a beültetett szövet beépülésének és a gazdatest regenerációjának mértékét és második fej kialakításának arányát vizsgáltuk. Az egyik átültetésben a melegben ivartalanul és az ivarosán szaporodó, valamint az ivaros szaporodást túlélő egyedeket a saját életszakasszukkal megegyező fázisú állatokba ültettük. A második szövetátültetés során a meleg ivaros és az ivartalan egyedek szöveteit a vele megegyező és eltérő fázisú gazdatestekbe transzplantáltuk. A kétfajta szövetátültetés segítségével figyelhettük meg a morfogenetikus képesség változásának mértékét és a különböző fázisok közötti különbségét. Megállapíthatjuk, hogy a regeneráció és a morfogenezis működése is csökken az ivaros szaporodás megkezdésekor. Az ivaros szaporodást túlélő egyedeknél a regeneráció teljesen, a morfogenezis pedig részlegesen helyreáll. Következtetéseink alapján azonban a két képességet főként különböző mechanizmusok befolyásolják. Összességében ezen három szövetmanipulációs kísérlet közelebb vitt a regeneráció és morfogenezis működésének megértéséhez és az ezt szabályozó tényezők feltáráshoz.

SOMLAY DOROTTYA
somlayd@zoho.com
Biológia
BSc, 5. félév
Állatorvostudományi Egyetem

Témavezetők:
Kis János
tudományos főmunkatárs, ATE
Gór Ádám
PhD hallgató, ATE

**Prediktálja-e a nőstény kis Apolló-lepkék (*Parnassius mnemosyne*)
termete és repülési ideje a párzási dugó típusát?**

Az állatok jelentős részénél a hímek versengenek egymással a párosodásért. Ennek egyik eredményeként megpróbálhatják monopolizálni a nőstényeket, őrzéssel. A hímek a nőstények közelében tartózkodhatnak vagy olyan képleteket, párzási dugókat készíthetnek a párosodás során, amelyek elzárják a nőstények párzónyílását. Ezek pl. rágcsálóknál, pókoknál, rovaroknál gyakori képletek, amelyeket kívülről pajzs övezhet, mint az Apolló-lepkéknél. Rovaroknál gyakran a nagyobb termetű nőstények szaporodási sikere magasabb. Ha ez igaz párzási dugót készítő fajoknál, a hímek dugóba való befektetését befolyásolhatja a nőstények várható reprodukció értéke, amit testméreteik alapján becsülhetnek meg. Kérdésem, hogy a nőstény termete prediktálja-e, hogy a hím pajzsot készít egy párzást követően a dugóra, és ha igen, mekkorát? Hipotézisem, hogy a nagyobb termetű nőstény nagyobb valószínűséggel kap pajzsot, mint dugót, és a nagyobb nőstények nagyobb pajzsot kapnak a kisebbeknél. A párzási időszak előrehaladtával kisebb valószínűséggel kapnak pajzsot, mivel a hímek aránya és ezáltal köztük a versengés mértéke a populációban csökken, akárcsak a nőstények várható élettartama, így várható reprodukció értéke. Jelölés-visszafogással vizsgáltunk egy kis Apolló-lepke populációt a Visegrádi-hegységben 2015–2020 között. Minden befogott egyedén mértünk testméretváltozókat, valamint pajzs hosszt az azt viselő nőstényeknél. A többenél a párzónyílásban található dugókat vagy azok hiányát fényképekkel dokumentáltuk. Logisztikus regresszióval vizsgáltuk, prediktálják-e a testméretek és a repülési időszak azt, hogy egy nőstény pajzsot vagy dugót kapott-e első párosodás alkalmával. Lineáris regresszióval vizsgáltuk, hogy a nőstény termete összefügg-e a pajzs hosszával. Szélesebb fejű nőstények gyakrabban hordtak pajzsot, mint dugót 2015-ben, ez más évben nem kimutatható. A többi testméret nem állt összefüggésben pajzs/dugó viselésével. Nőstények a repülési időszak során egyre ritkábban hordtak pajzsot és egyre gyakrabban dugót. Termetük e változók szerint nem befolyásolja a hímek döntését a pajzs készítéséről. Mivel a hímek korábban jelennek meg a repülési időszakban a nőstényeknél, a repülés kezdetén a hím-eltolt ivararány erős versengést eredményez, így nem éri meg a hímeknek a nőstények közt válogatni: pajzsot érdemes készíteniük. Idővel az ivararány megfordul, idősebb nőstények reprodukció értéke csökken, tehát kevésbé éri meg a hímek számára sokat fektetni párjuk monopolizálásába.

SZÜNSTEIN MÁTÉ
mate.szunstein@gmail.com
Biológus
MSc, 3. félév
Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Horváth Győző
egyetemi adjunktus, PTE TTK

**Szabályos ciklus vagy késleltetett populáció összeomlás:
a mezei pocok (*Microtus arvalis*) abundancia változása két gradáció között**

Jelen munkában a mezei pocok lucerna parcellákban végzett indirekt, aktív járatszámoláson alapuló monitorozásának 5 éves eredményeit foglaljuk össze, vizsgálva az aktív járatok számának időbeli változását, illetve az aktivitás mértékének talajtípustól, a havi csapadékmennyiségtől eltérése alapján feltételezett különbségét. A monitorozást a Bóly Zrt. működési területén Baranya megyében, Beremend-Püspökbóly térségben, valamint Kislippó mellett elhelyezkedő lucernaparcellákban végeztük. A felmérések 2016 és 2020 között, összesen 10 különböző lucernaparcellában valósultak meg. A mezei pocok abundancia változásának nyomon követésére aktív járatszámoláson alapuló indirekt mintavételi módszert alkalmaztuk. A dolgozatban feltett 3 fő kérdésünk a járataktívitas időbeli változása, a csapadékmennyiség járataktívitasra gyakorolt hatása és a kaszálások időpontjától eltelt napok függvényében, a lucerna borítás hiányának járataktívitas befolyásoló feltételezett hatásának vizsgálatára irányult. A kérdések és a megfogalmazott predikciók tesztelését kérdésekként külön modellcsoportot létrehozva általánosított additív kevert modellek (GAMM) alkalmazásával végeztük. Eredményeink szerint az évszakoknak jelentős befolyásoló szerepük van a mezei pocok populációdinamikájának kialakulásában, valamint az éves aktivitásváltozás évszakok közötti összehasonlításának eredményi azt sugallták, hogy az évszakok befolyásoló szerepe eltérő az éveken átívelő demográfiai fázisokban. Az időtényező hatásának kérdésében megfogalmazott predikciót elvetettük, mivel az aktív járatok éves változása jelentősen eltért az egyes szezonzokban. A csapadék hatását vizsgáló modellcsalád legnagyobb magyarázó erővel rendelkező modellje a havi csapadékmennyiség, és a demográfiai fázisok interakcióját tartalmazta, melynek eredményi szerint a havi csapadékmennyiség eltérő hatást gyakorol a különböző demográfiai fázisokban. A kaszálásoktól eltelt idő függvényében értékelve a járataktívitas, a kaszálásokot követő napokban szignifikáns negatív hatását mutattuk ki, amit a lucernaborítás megszűnésével jelentkező predációs nyomásra vezettünk vissza. A harmadik kérdés vizsgálatára vonatkozó eredmények azt mutatták, hogy a kaszálástól később végezve mintavételt, a lucerna magasságának újbóli növekedése pozitív hatást gyakorol az aktivitásra, mivel a lucerna fejlődése ismét bűvőhelyet és táplálékforrást biztosít a faj számára, amely alapján ebben a kérdésben megfogalmazott mindkét predikciónk igazolás nyert.

TAKÁCS PÉTER

takacspeter0822@gmail.com

Angol-biológia tanár

Osztatlan, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Berzsenyi Dániel Pedagógusképző Központ

Témavezető:

Dr. habil. Gyurácz József

tanszékvezető főiskolai tanár

ELTE BDPK

A fenyvescinege (*Periparus ater*) őszi vonulása két magyarországi élőhelyen

Jelen vizsgálatom célja a fenyvescinege (*Periparus ater*) fajra jellemző fakultatív parciális vonulásának alaposabb megismerése, a két vizsgálati területen zajló őszi migráció összehasonlító elemzése. A faj hazai vonulásáról még nem született részletes és összehasonlító vonulásökológiai elemzés, dolgozatomban a faj vonulásáról új ismereteket tártam fel. Kutatásomat két madárgyűrűző állomás, a Ny-magyarországi Tömördi Madárvárta és az ÉK-magyarországi Bódva-völgyi Madárvonulás-kutató és Természetvédelmi Tábor adatai alapján végeztem el. 2001-től 2019-ig Tömördön 920, Szalonnán 190 fenyvescinege lábára került gyűrű, közülük Tömördön mindössze 2 (0,22%) példányt, Szalonnán 8 (4,21%) példányt fogtak vissza a gyűrűzést követő néhány napban. Kimutattam, hogy NyugatMagyarországon a fenyvescinege irrupciós jelleggel, évente erősen változó számban vonul, egyes években inváziója tapasztalható. Az északkelet-magyarországi vizsgálati területen nem volt invázió. Az átvonuló egyedek többsége mindkét területen fiatal (immatur) madár, de arányuk Tömördön lényegesen nagyobb volt, mint Szalonnán. Ez a vonulás korfüggésére utal és összefüggésben állhat a költőhelyek forráslimitáltságával, valamint az egyedek közötti dominanciaviszonyokkal. Az átvonulók nem a hazai populációkból származnak egyik területen sem, a Tömördön átvonulók az elérhető információk alapján valószínűleg a KeletAlpokból származnak. Vonulásuk hosszú, augusztustól október végéig elhúzódik, Tömördön két nagyobb vonulási csúcs, Szalonnán egy kisebb mutatható ki. A fenyvescinegék gyakran nagyobb csapatokban, elsősorban a délelőtti órákban táplálkoznak és mozognak. Egyik vizsgálati terület sem játszik kiemelkedő szerepet a vonuló madarak hosszabb idejű pihenésében és zsírraktározásában sem. Tömördön a vonulási időszak előrehaladtával egyre nagyobb zsírtartalékkal rendelkező madarakat fogtunk be, ami az időjárási tényezők kedvezőtlenebbé válásával hozható kapcsolatba. A befogott fenyvescinegék befogási helyének térbeli eloszlása a további élőhely-preferencia vizsgálatokig elsősorban a madarak fogási lehetőségével magyarázható. További kutatásokra van szükség ahhoz is, hogy a Tömördön és Szalonnán feltárt jelenségek az ország más területein is előfordulnak-e. Az európai fenyvesek napjainkban tapasztalt pusztulásának hatását a fenyvescinege hazai irrupciós vonulására alaposabban meg kell érteni ahhoz, hogy a faj és élőhelyeinek védelmi helyzetét reálisan értékelhessük.

VERES ROBERT
veresrobi18@gmail.com
Szárzföldi és vízi ökológia
BA, 4. félév
Babeş-Bolyai Tudományegyetem

Témavezető:
Dr. László Zoltán
egyetemi adjunktus, RO BBTE

Táplálék-hálózatok stabilitásának vizsgálata: a nagy hálózatok fejezete

A komplex hálózatok kutatásának egyik forró pontja a stabilitás. Robert May a stabilitás-komplexitás vitát elindító 1972-es cikke után, évtizedeken keresztül tartott és tart ma is azoknak a vizsgálatoknak a sora, melyek igyekeznek feloldani a "komplexebb hálózatok instabilabbak a kevésbé komplexeknél" megállapítást. May eredményei alapján arra számíthatunk, hogy a természetben fellelhető táplálék-hálózatok zöme kevésbé komplex, ami belátható ellentmondáshoz vezet. Az empirikus hálózatokra vonatkozó elemzésekben száznál alig több és átlagosan csupán néhány 10 csomópontot tartalmazó táplálék-hálózatokban vizsgálták a stabilitás-komplexitás kapcsolatot. Elemzésemben több, mint 400 darab és több, mint 200 csomópontos hálózatokat vizsgáltam kétféle stabilitási mutató: a zavarások utáni visszatérési idő és a robusztusság segítségével. Eredményeim azt mutatják, hogy az empirikus táplálék-hálózatok esetében a stabilitás pozitív és nem lineáris módon függ a hálózatmérettől a mutatókat tekintve. Eredményeim alapján megfogalmazható, hogy a nagy rendszerek nem föltétlenül instabilabbak kisebb társaiknál, ezért a stabilitás-komplexitás összefüggés további felülvizsgálatát javaslom.

Ökológia 2

BAK HENRIETTA MÁRIA
henriettabak17@gmail.com
Biológia
BSc, 1. félév
Debreceni Egyetem
Természettudományi és Technológiai Kar

Témavezetők:
Dr. Molnár V. Attila
egyetemi tanár, DE TTK
Fekete Réka
PhD hallgató, DE TTK

Óshonos sótűrő növényfajok terjedése közutak mentén

Az elmúlt évtizedekben az úthálózat jelentős mértékű bővülése tapasztalható. Ez a robbanásszerű növekedés szerepet játszik bizonyos növényfajok utak mentén való terjedésében. A közutak téli időszakban végzett, csúszásmentesítő, elsősorban NaCl-dal történő sózása elősegíti a sótűrő (halofil) növények terjedését. Idegenhonos sótűrő fajok megjelenése mellett, őshonos sziki növényfajaink terjedése is tapasztalható közutak mentén. Kutatásunk alanyául öt őshonos sótűrő fajt választottunk, ezek a veresnadrág csenkesz (*Festuca pseudovina*), a magyar sóvirág (*Limonium gmelinii* subsp. *hungaricum*), a közönséges szikipozdor (*Podospermum canum*), a közönséges mézpzásit (*Puccinellia distans*) és a szárnyasmagvú budavirág (*Spergularia media*) voltak. Jelen vizsgálatban feltérképeztük modellfajaink közutak mentén való előfordulásait, vizsgáltuk reprodukív jellemzőiket és sótűrésüket, valamint, hogy út menti előfordulásukat milyen tényezők befolyásolják. A felmért 517 út menti mintavételi pontból mindössze 27 olyan volt, ahol modellfajaink egyike sem volt jelen. A leggyakoribb, és legtöbb egyedet (18952) számláló faj a *P. distans* volt. A 14 különböző konyhasó-koncentrációjú közegen végzett csíráztatásos kísérletünk rávilágított modellfajaink jelentős sótűrésére és bizonyította, hogy a NaCl szignifikáns hatással van a vizsgált fajok magjainak csírázására. Megállapítottuk, hogy az egyéb halofitonok fajszáma, a forgalom intenzitása és a környező tájban (környező flóratérképezési kvadrátokban) való jelenlét négy modellfajunk esetében is szignifikánsan pozitívan függött össze az út menti megjelenéssel. Úgy tűnik, hogy a környező táj egyelőre erősen meghatározza az útszegélyben való előfordulást. Azonban a tény, hogy a leggyakoribb modellfajunk út menti megjelenésére már nem volt szignifikáns a környező tájban való előfordulás hatása, azt mutatja, hogy a növekvő forgalommal és úthálózattal, illetve az út menti állományok növekvő magprodukciónak modelfajaink elérhetik a terjedésnek azt a fázisát, amikor az utak mentén is hatékonyan terjednek a környező tájban való jelenléttől függetlenül. A kutatás során a következőket végeztem: maggyűjtések, csíráztatásos kísérlet, reprodukív jellegek vizsgálata, adatbevitel, adatelemzés és a talajminták elemzésre való előkészítése.

BODOR BÁLINT

bodorbaint55@gmail.com

Középiskolai hallgató

Kecskeméti Református Gimnázium

HOLLÓ MILÁN

milanhollo00@gmail.com

Középiskolai hallgató

Kecskeméti Református Gimnázium

Témavezető:

Juhász Katalin

középiskolai tanár

Kecskeméti Református Gimnázium

Máté András

mentor, DORCADION Kft.

Az északi pocok nyomában

A fokozottan védett északi pocok (*Microtus oeconomus*) Duna-Tisza közti populációját kevesen kutatták az elmúlt évszázadban. Az első hivatalos adat Éhik kutatásának köszönhető, aki 1952-ben írta le a fajt a Bács-Kiskun megyei Ágasegyháza környékéről. 1962 nyarán Topál és kollégái végeztek kisémlőstani kutatásokat a Bács-Kiskun megyei orgoványi rétek nádasaiban, akik két északi pocok példányt fogtak. Ha a faj jelenléte bizonyítható a területen, akkor ez lenne a legdélebbi előfordulása. A terület leszáradásáról már Topál is beszámolt az 1963-ban megjelent cikkében, ami azóta tovább súlyosbodott, és rontotta az esetleges északi pocok populáció fennmaradásának esélyeit. Kutatásainkat élve fogó csapdázásos módszerrel a Páhi-rétek zsombékosaiban végeztük, a Kolon-tó partvidékén. Egyetlen északi pocok példányt sem fogtunk, de több példány védett csaltjáró pocok (*Microtus agrestis*) került elő, melynek nem volt hivatalos adata erről a területről. A csaltjáró pocok és az északi pocok hazánkban és Európában is gyakran együtt fordulnak elő, ezért nem zárhatjuk ki az északi pocok jelenlétét sem a területen.

DÉNES ANNA

en.denesanna@yahoo.com

Szárazföldi és vízi ökológia

MA, 4. félév

Babeş-Bolyai Tudományegyetem

Témavezető:

Dr. László Zoltán

egyetemi docens, RO BBTE

Miről árulkodik az aszimmetria? Szitakötők szárnymorfológiájának változását előidéző környezeti tényezők nyomában

A környezeti változások és az egyre intenzívebb antropogén behatások nagy mértékben hozzájárulnak a vizes élőhelyek ökológiai rendszereinek degradációjához. A szitakötők kétoldali szimmetriával rendelkeznek, így a rajtuk mért fluktuáló aszimmetria olyan morfometriai különbségeket mutat, melyeket a jobb és bal oldal közt figyelhetünk meg, esetünkben a szárnyakon. A fluktuáló aszimmetria kiváló indikátor értéke a környezeti stressznek, így rámutat olyan környezeti tényezőkre, melyek hatással vannak a szitakötők fejlődésére. Dolgozatomban azt vizsgáltam, hogy: (1) miként változnak a fluktuáló aszimmetria értékek szitakötő-közösségekben; (2) találkozik-e kiemelkedő fluktuáló aszimmetriát mutató fajokat; (3) van-e különbség a közösségi szinten mért fluktuáló aszimmetria tekintetében a tizenegy különböző kisvízfolyás között; (4) mely lokális környezeti változók vannak hatással a szitakötő fajok szárnymorfológiájára. Arra a következtetésre jutottam, hogy a kisszitakötők (Zygoptera) alkalmasabbak az ilyen jellegű vizsgálatokra, mint a nagyszitakötők (Anisoptera). Az első szárny pár szárnyhosszúságának aszimmetriája szignifikáns összefüggéseket mutatott a víztér proximális tulajdonságaival, jó mérőszámnak bizonyulva a környezeti tényezők hatásainak feltérképezése terén. A hátsó pár szárny szárnycsomó és szárnyjegy közötti távolsága is hasznos paraméter lehet, mivel ez mutatott szignifikáns összefüggést közösségi szinten a tizenegy különböző mintavételi területtel. Javasolnám ezeknek a paramétereknek az alkalmazását a további vizsgálatok során, hogy megértsük, mely esetekben alkalmazható a fluktuáló aszimmetria indikációs mérőszámként.

FEKETE FANNI

feketeefannii@gmail.com

Biológia

BSc, 5. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

KALÓ ORSOLYA

kaloorsolya97@gmail.com

Biológia

BSc, 7. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezetők:

Dr. Horváth Győző

egyetemi adjunktus, PTE TTK

Horváth Adrienn

tudományos segédmunkatárs, PTE TTK

A gyöngybagoly (*Tyto alba*) táplálék-fogyasztása és rágcsáló kontrollban betöltött szerepe intenzív művelésű agrártájban

Jelen dolgozatban a mezei pocok 2014-es gradációját követő összeomlástól számított teljes demográfiai ciklusában vizsgáltuk a gyöngybagoly táplálék-összetételét, a mezei pocok, mint fő zsákmányállat és egyéb alternatív prédafajok/csoportok gyakoriságának időbeli változását, illetve a táplálék-összetétel és a gyöngybagoly költési sikerének összefüggéseit. Tovább az alkalmazott három mintavételi módszerrel (baglyköpet elemzés, aktív járatszámolás, elevenfogó csapdázás) regisztrált mezei pocok abundancia közötti összefüggések feltárására végeztünk elemzéseket. Első megközelítésben GLM modellek alkalmazásával teszteltük, hogy a természetben végzett direkt mintavételezések alapján elkülönített mezei pocok demográfiai fázisok mennyiben tükröződnek a gyöngybagoly táplálék-összetételében. Másodszor a mezei pocok, valamint a figyelembevett alternatív prédacsoportok fogyasztásának a gyöngybagoly reprodukciós paramétereire gyakorolt hatását általánosított lineáris kevert modellekkel (GLMM) teszteltük. A mezei pocok aránya pozitívan befolyásolta a fészekalj méretet és a kirepült fiókák számát, amely a másodköltések során nagyobb mértékben volt meghatározó faktor, mint az elsőben. Eredményünk azt sugallta, hogy agrártájban, ahol a mezei pocok gyakorisága és elérhetősége nagyobb, demográfia ciklusának összemomlás fázisában is ennek a fajnak a fogyasztása határozza meg leginkább a gyöngybagolyok száopordási sikerét. A mezei pocok természetben felmért abundancia értékét mind az indirekt járatszámolás, mind a közvetlen csapdázásból kapott adatok alapján korreláltattuk a baglyok táplálékában megjelenő mezei pocok gyakorisággal, amely alapján az aktív járatszámolás és a baglyok mezei pocok fogyasztása között volt szignifikáns monotonikus kapcsolat, míg a csapdázás eredményei alapján a rangkorreláció nem volt szignifikáns. A mezei pocok fogyasztás és a baglyok költési paramétereit, mint fészekalj méret és kirepült fiókák száma közötti pozitív összefüggés bizonyítja a baglyok mezei pocok abundancia növekedésére adott numerikus válaszát. A nem lineáris modellek alkalmazása, amely a két terepen végzett felmérés eredménye és a baglyok mezei pocok fogyasztása közötti adatok összefüggését vizsgálta, bizonyította a nem lineáris összefüggés relevanciáját, de nem adott kellő bizonyítékot ahhoz, hogy eredményeink alapján a mezei pocok egy adott demográfiai ciklus alatt melyik funkcionális választípus volt jellemző a vizsgált gyöngybagoly-mezei pocok ragadozó-zsákmány rendszerben.

HÁBENCZYUS ALIDA ANNA
alidaanna@gmail.com
Biológus
MSc, 4. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:
Dr. Tölgyesi Csaba
egyetemi adjunktus, SZTE TTIK

Új inváziós faj hódít hazánkban: a *Sporobolus cryptandrus* hatása az őshonos homoki növényzetre

Napjaink egyre égetőbb problémájává válik az inváziós fajok térhódítása, melyek az ökológiai és természetvédelmi problémákon túl súlyos gazdasági károkat is okozhatnak. Az újonnan megjelenő adventív fajok inváziós kockázatbecslése lehetőséget nyújthat a veszélyesnek minősülő fajok időben történő beazonosítására és a terjedésüket megakadályozó intézkedések megtervezésére. Jelen vizsgálatban arra kerestük a választ, hogy a magyarországi homoki élőhelyeken nemrég megjelent észak-amerikai fűféle, a homoki prérifű (*Sporobolus cryptandrus*) jelenléte hogyan befolyásolja az érintett élőhelyek természetes növényközösségének funkcionális sokféleségét, illetve mennyiben térnek el egymástól a prérifű idegenhonos és őshonos elterjedési területeinek növényközösségei az ökológiai funkcióikat tekintve. Cönológiai felvételeket készítettünk a prérifű észak-amerikai és magyarországi elterjedési területein, tíz-tíz térbeli ismétléssel, rétegzett random elrendezésben. A kapott adatokat jellegalapú módszerrel értékeltük. Eredményeink szerint a prérifű nagyobb borításban csökkenti az előzőlött gyepek közösség funkcionális diverzitását (Rao-féle kvadratikus entrópia), s háttérbe szorítja a rovarmegporzású növényfajokat. Magyarországon a nagyobb fajlagos levélfelülettel rendelkező és a magasabb termetű növényfajok voltak képesek versenyre kelni a prérifűvel, Észak-Amerikában azonban az alacsonyabb termetű, nagy magokat termő fajok aránya nőtt. A prérifű jelenlétében a vizsgált őshonos és idegenhonos területeken egyaránt nőtt az egyéves fajok aránya. Eredményeink igazolják a homoki prérifű kedvezőtlen hatását a magyarországi homoki gyepeken. A csökkenő funkcionális diverzitással csökken az érintett közösségek ellenállóképessége a biotikus és abiotikus környezeti változásokkal szemben, illetve sérülnek az ökológiai funkciók is. A rovarmegporzású fajok visszaszorulásával a gyepek természetes beporzóközössége szenved kárt, melynek hatása a környező mezőgazdasági művelés alatt álló területeken is érződhet. Tekintve, hogy a homoki prérifű C4-es típusú fotoszintézist folytat, az egyre fokozódó szárazodással és felmelegedéssel várhatóan még inkább előnybe kerül majd a hazai homoki fajokkal szemben, melyben valószínűsített allelopátiás hatása is segíti. A homoki prérifű, mint idegenhonos faj megjelenése nagy kockázatot jelent az érintett őshonos közösségekre nézve. Kezelés hiányában ezen közösségek degradációja várható.

MARTI ANDREA

andreamartig9@yahoo.com

Élelmiszeripari mérnök

BSc, 2. félév

Sapientia Erdélyi Magyar Tudományegyetem

Csíkszeredai Kar

Témavezető:

Dr. Mátyás László

egyetemi adjunktus, RO EMTE CSK

Külső beavatkozás hatása és annak stabilitása egy áldozat-ragadozó modellben

Egy áldozatot vagy zsákmányt és ragadozót leíró modellben vizsgáljuk a populációk fluktuációját. Természetes fluktuációnak tekintjük azt az esetet, amikor egy adott populáció csak a természetes kölcsönhatások következtében változik. Külső beavatkozás esetén egyik vagy a másik populáció ingadozása változhat. A rendszer vizsgálata során fény derül arra, hogy bizonyos típusú külső beavatkozás – zsákmány betelepítés – akár növelheti a populációk fluktuációját és hat az egyedek számára is. Adott mennyiségű zsákmány betelepítés esetén egy teljes fluktuációs ciklus végére a ragadozók száma határozottan nagyobb és kevésbé befolyásolódik a zsákmány egyedek száma. A betelepítés stabilitása kapcsán azt vizsgáljuk, hogy különböző periódusban történő beavatkozás – zsákmány betelepítés – során mennyiben különbözik a rendszer válasza a beavatkozásra. Az általunk vizsgált esetekben ugyanolyan mennyiségű zsákmány rátelepítés ugyanolyan mennyiségi választ adott, függetlenül a rátelepítés időbeli eloszlásától. Nagyobb rátelepítés arányosan nagyobb populáció növekedést eredményezett.

MEGYERI ESZTER

meszter1113@gmail.com

természetvédelmi mérnöki

BSc, 7. félév

Szent István Egyetem

Mezőgazdaság- és Környezettudományi Kar

Témavezetők:

Dr. Hegyi Árpád

tudományos főmunkatárs

SZIE MKK

Dr. Vitál Zoltán

tudományos munkatárs

NAIK - Halászati Kutatóintézet

A *Ligula pavlovskii* parazita hatása a folyami gébek (*Neogobius fluviatilis*) szaporodására

A folyami géb (*Neogobius fluviatilis*) a ponto-kaszi régióban honos halfaj, mely biológiai inváziója során jutott el hazánk vizeibe. Először 1971-ben észlelték a Balatonban (Bíró 1971), ahol azóta stabil populációt alakított ki. Jelenlegi balatoni állományára nagymértékű *Ligula pavlovskii* galandféreg fertőzés jellemző (Vitál et al. 2021). Célunk volt megállapítani a parazita szaporodásra kifejtett hatását. Ennek érdekében 2018-ban 547 egyedet gyűjtöttünk be havi rendszerességgel április és október között a Balaton két mintavételi pontjáról (Tihany és Siófok). Meghatároztuk az egyedek gonado-szomatikus index (GSI) értékét, valamint a nőstény egyedek esetén az ikraszámot és az ikrák méretét. A vizsgálatok során külön vizsgáltuk a nőstény és hím egyedek parazitával fertőzött és nem fertőzött csoportjait. A vizsgálatok alapján elmondható, hogy a fertőzött egyedek általában alacsonyabb GSI értékekkel rendelkeznek, mint egészséges társaik. A nőstények esetében ezt az anomáliát nem az ikraszámok változása, hanem az ikrák méretbeli növekedésének késése vagy elmaradása okozza. Ezeket az eredményeket – a statisztikai vizsgálatokkal alátámasztva – a *L. pavlovskii* parazita hatásának tulajdonítjuk. Tapasztalataink alapján elmondható, hogy a folyami gébek esetében a *L. pavlovskii* parazita fertőzése hasonló hatásokat okoz az állat szaporodására nézve, mint a fellelhető vizsgálatokban szereplő többi *Ligula* faj a gazdaszervezete számára. Mivel a fertőzés őshonos, horgászati szempontból fontos, illetve védett halfajainkat – csakúgy, mint a folyami gébet, mint inváziós halfajt - érintő probléma, ezért a ligulózis további kutatása során a folyami géb megfelelő modellállat lehet. Véleményem szerint, a további vizsgálatok szempontjából érdemes lenne a balatoni állomány alakulásának nyomon követése, hiszen a reprodukcióra gyakorolt, biztos parazitanyomás feltehetően mérsékli a populáció nagyságát és egyben a terjedését is. A terjedés határán végzett esetleges szándékos állományfertőzés elméletileg lassíthatná az invázió sebességét, annak a szaporodásra gyakorolt nyomása által, az állomány lassabb inváziója pedig időt adhatna az eddig még nem kolonizált területeknek felkészülni egy közelgő biológiai invázió veszélyeire.

REKECKI TIBOR
tiborg27@gmail.com
Állatorvos doktor szak
BSc, 5. félév
Újvidéki Egyetem

Témavezető:
dr. Pajić Mária
egyetemi docens, RS UE

Az erdei fülesbagoly téli táplálkozása Törökkanizsán

A baglyoknak évezredek óta különleges helye van az emberi kultúrában. Ezek közül az egyik az erdei fülesbagoly (*Asio otus*), amely különösen érdekes a telelőhelyeken való gyülekezése miatt. Az ilyen fajta viselkedés lehetővé teszi, hogy többet tudjunk meg az erdei fülesbagoly téli táplálkozásáról. Ennek a munkának a célja az erdei fülesbagoly téli táplálkozásának a kutatása azzal a szándékkal, hogy több adatot szerezzünk a Törökkanizsa környéki apró rágcsálók populációjáról. A minták a törökkanizsai telelőhelyen lettek összegyűjtve, amelyet a városi színház körüli 39 fa képezi. A köpetek összegyűjtése öt alkalommal lett végezve, minden második hét vasárnapján 2018. december 2-tól 2019. január 27-ig. Minden alkalommal véletlenszerűen lett összegyűjtve 40 köpet. A préda analizálására száraz módszer lett használva, ez a technika magába foglalja a osteológiai és odontológiai maradványok kézzel való elkülönítését a szőr és toll maradványoktól pincetták, ecsetek és tűk segítségével (Mikuška és többiek, 1977). Az összegyűjtött minták biológiai sokszínűségének a kiszámolására a Simpson biodiverzitás indexe és a Berger – Parker dominancia indexe lett használva. Az adatok statisztikai feldolgozására a Százalékos gyakoriság – dominanciás művelet lett alkalmazva. Összesen 200 köpet lett összegyűjtve a törökkanizsai telelőhelyről. A köpetekben 489 préda lett találva, amelyek 10 Taxon - ba lettek csoportosítva. Az átlagos prédaszám köpetenként 2,44 prédát tett ki. Főzsákmányként az emlősök emelkednek ki. Az erdei fülesbagoly leggyakoribb prédája a mezei pocok (*Microtus arvalis*) volt. Utána következnek a *Sylvaemus* csoportból származó egerek (*Apodemus sylvaeumus*) és a pirókegér (*Apodemus agrarius*). A törökkanizsai erdei fülesbagoly populáció ebben a kutatásban mérsékelt specializációt mutatott a táplálkozásában ($d=0,55$), mint ahogyan a Simpson index is alátámasztja. ($1-D=0,63$). A kapott eredmények alapján arra lehet következtetni, hogy Törökkanizsán az erdei fülesbagoly leggyakoribb prédája a mezei pocok, amelynek a száma ebben a kutatásban kisebb mind az európai kutatásokban, ami azt mutatja, hogy a mezei pocok populációjának a létszáma alacsony volt ezen a területen. Az egerek száma a szokásosnál magasabb volt, ami arra utal, hogy az erdei fülesbaglyok nyílt területek mellett mozaikus területeken is vadásztak.

SOÓS ANNA

anna.soos25@gmail.com

Biológus MSc

MSc, 1. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Horváth Győző

egyetemi adjunktus, PTE TTK

A visszazöldített parcellák, mint új időszakos élőhelyek szerepe kisemlősök területhasználatának változásában

A pályamunka kisemlősök területhasználatával és élőhely preferenciájával foglalkozik, intenzíven művelt mezőgazdasági tájban, elkülönítve az aratás előtti és a másodvetés kialakulása utáni állapotok alapján két időszakot. A tavaszi mintavételezések lucerna, illetve őszi búza parcellákban, valamint az ezek között húzódó lineáris sövényekben folytak, míg az aratást követően a búza parcellában visszazöldítés történt, így ezen a területen az őszi félévben olajretek és mustár elegyéből álló ültetvényben folytatódott a vizsgálat. Kutatásunk elevenfogó csapdázásos mintavételen alapult, melynek fogási adatait két eltérő statisztikai elemzéssel értékeltük. Az első vizsgálati módszer során a relatív abundancia értékek figyelembevételével határoztuk meg, hogy a vizsgált kisemlős fajok a két mintavételi időszakban melyik, a területre és az adott időszakra jellemző élőhelytípust preferálták. Eredményeinkből látszik, hogy az egyes fajok élőhelyigénye nagyban eltér, így általánosságban elmondható, hogy a két erdeiegér faj, a pirók és a sárganyakú erdeiegér a sövényt, míg a mezei pocok inkább a nyílt élőhelyeket részesítette előnyben. A két mintavételi félév eltérései alapján elmondható, hogy a visszazöldített területet jobb élőhelynek tekinthető, mint az azt megelőző őszi búza ültetvény. A másik vizsgálati irány esetében a kisemlősök előfordulási valószínűségével foglalkoztunk az eltérő mintaterületek függvényében, melyhez általánosított lineáris kevert modelleket (GLMM) alkalmaztunk. Eredményeink alapján általánosságban elmondható, hogy a pirók erdeiegér egyértelműen nagyobb valószínűséggel fordult elő a sövényben, mint a vizsgált ültetvényekben. A sárganyakú erdeiegér a parcellák közül előnyben részesítette a lucerna táblát az őszi búza parcellával, illetve a visszazöldített parcellával szemben is. A mezei pocok, bár a nyílt élőhelyeket kedveli, az őszi félévben a sövényekben a napok előrehaladtával szignifikánsan nőtt a faj előfordulási valószínűsége. Ennek feltételezhetően ahhoz volt köze, hogy a visszazöldített parcella a faj számára kedvező élőhelynek bizonyult, így ennek kolonizálásához a sövényt, mint mozgási folyosót használta, ennek segítségével érte el a parcellát a lucerna ültetvény felől.

Taxonómia, faunisztika és florisztika

FÜRÉSZ ATTILA ZOLTÁN

furatis1@gmail.com

Természetvédelmi mérnök

MSc, 1. félév

Szent István Egyetem

Mezőgazdaság- és Környezettudományi Kar

HURTA ADRIENN

hurtaadrienn@gmail.com

Természetvédelmi mérnök

MSc, 10. félév

Szent István Egyetem

Mezőgazdaság- és Környezettudományi Kar

Témavezetők:

Dr. Kiss Erzsébet

emeritus professzor, SZIE MKK

Dr. Penksza Károly

egyetemi tanár, SZIE MKK

Duna menti *Festuca* taxonom morfológiai és ploidszint revíziója

A jelen munka során a homoki gyepekben előforduló domináns *Festuca* fajok identifikációjával és taxonómiai tisztázásával foglalkozunk. A morfológiai vizsgálathoz 2018-ban terepen gyűjtött növényeket használtuk fel. Ezen túl a 2018-ban begyűjtött példányokat egy kísérleti kertbe ültettük, ahol azonos körülmények között nevelkedtek. Az egyedekről virágzás után 10-10 virágzati hajtást gyűjtöttünk be, amelyek paramétereit sztereomikroszkóp alatt mértük meg. Összesen 124x22 paramétert vettünk fel 10 ismétlésben, 27280 morfológia adatot kapva. A vizsgálataink során megerősítést nyert, hogy a *Festuca vaginata* végig megtalálható Auszriától Romániáig a Duna mellett. A bugamorfológia vizsgálatok alapján a fajok elkülönítése nehézségekbe is ütközhet, de az egyes csoportok estében találtunk elkülönítő bélyegeket. Ezek közé tartozik a külső toklász szálkájának a hossza vagy alapvetően a buga és a füzérek hossza. A Homoktövis Természetvédelmi Területről gyűjtött szálkás külső toklászú, és erősen ezüstös, érdes levelű *Festuca* egyedek hovatartozása is kérdéses volt. A *Festuca pseudovaginata* fajtól a levél és a külső toklászok szőrözöttsége, mérete alapján különül el. A ploidszintek ellenőrzése mellett morfológia vizsgálatok eredményei alapján a következő fajokat igazoltuk a homoki területekről: *Festuca vaginata*, *F. pseudovaginata*, *F. javorkae*, *F. wagneri*. Szlovákia területén új fajként találtuk meg a *Festuca wagneri* és a *F. pseudovaginata* fajokat. A munkát az OTKA K-125423 pályázat támogatta.

LÁSZLÓ MÁRK

mark012536@gmail.com

Biológus

MSc, 1. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Szövényi Gergely

egyetemi adjunktus, ELTE TTK

A Mátravidék egyenesszárnyú rovarfaunájának jellemzése

A Mátravidék egyenesszárnyú (Orthoptera) rovarfaunája idáig kevésbé volt ismert. Az eddigi publikációk 51 faj 197 adatáról számolnak be a tájegységből, mely mind az adat-, mind a fajszámát illetően alulmarad az Északi-középhegység más, jól kutatott területeihez képest. Dolgozatomban a Mátravidék átfogó faunisztikai vizsgálatával járulok hozzá a hazai egyenesszárnyú fajok elterjedési mintázatainak jobb megismeréséhez, összegezve a már publikált, illetve a még nem közölt adatokat, ezen belül bemutatva saját terepi kutatásom és gyűjteményi munkám eredményeit. Munkám során a Magyar Természettudományi Múzeumból az egyedek faji azonosítását követően 64 faj 1439 publikálatlan adatát gyűjtöttem össze, melyeket régi gyűjtőnaplók adataival is egyeztettem. A 2019-ben, hat alkalommal végzett saját terepi kutatásomból 57 faj 664 adata származott, melyek közül 6 a vizsgált terület faunájára nézve korábban ismeretlen volt. Mindezekon felül a kutatótársak 64 faj 1338 mátrai adatát nyújtották. A Mátravidék 357 különböző pontjáról így összesen 85 faj 3638 adata vált ismertté. Ez a hazai, 128 egyenesszárnyú fajt számláló fauna több mint 66%-a. Mindennek köszönhetően a tájegységből ismert kilenc védett és két fokozottan védett egyenesszárnyú mellett több, regionálisan értékelés faj is előkerült. A dolgozatomban bemutatott faunisztikai adatok és azok természetvédelmi értékelése a megfelelő eszközök alkalmazásával jó alapot nyújthatnak a különböző fajok, így a napjainkban is egyre nagyobb hangsúlyt kapó biodiverzitás céltudatos megóvásához.

SZABÓ DÓRA

szabodorci.26@gmail.com

Biológia

BSc, 6. félév

Eszterházy Károly Egyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. habil. Marschall Marianna

intézetigazgató főiskolai tanár, EKE TTK

Poaceae fajok palinológiai vizsgálata

A Poaceae fajok pollenszórása jelentősen kiemelt humán allergológiai kockázatot képvisel. Ugyanakkor a családba tartozó egyes fajokhoz köthető allergizáló potenciál kevésbé feltárt. A perjefélék pollenmorfológiai alapokon történő fajszintű azonosítása, az Aerobiológiai Hálózat jelenleg alkalmazott szabványa szerint nem lehetséges. A pályamunka célja 7 Poaceae-hez tartozó faj (*Brachypodium pinnatum*, *Dactylis glomerata*, *Elymus repens*, *Festuca pratensis*, *Festuca rubra*, *Lolium perenne*, *Poa pratensis*) magas mintaszámon (1000-1000) alapuló statisztikus, morfológiai képeinek kialakítása, lehetséges faji szintű elkülönítésük elemzése, a pollen magasság és szélesség eloszlásának, egymáshoz viszonyított arányainak meghatározásával, a hatályos pollenmonitoring protokoll alkalmazásával; fényképes pollenatlasz létrehozása, tekintettel a morfológiai, mérettartománybeli eltérések megjelenítésére. Továbbá a szélsőséges allergiás reakciók (pl. a viharasztma) kiváltásáért potenciálisan felelőssé tehető Poaceae fajok pollenfelrepedési, -felnyílási körülményeinek kísérletes modellezése és azok meghatározása, kiemelt figyelmet szentelve a felnyílást befolyásoló aerobiológiai környezetre és a pollen ozmotikus potenciáljára, vízállapotára. A virágzatokból kinyert pollenek morfológiai vizsgálata ZEISS Axioskop mikroszkóppal, ImageFocusAlpha képalkotó programmal, a mért paraméterek statisztikai analízise az RStudio segítségével valósult meg. A pollenfelnyílást monitorozó kísérletek során különböző ozmotikus potenciálú szacharóz oldatokkal és desztillált vízzel kezelt minták morfológiai változásainak megfigyelése zajlott, eltérő időintervallumok alkalmazásával. A pollenmorfológiai jellemzők leírása a 7 fajnál megtörtént, a fényképes pollenatlaszban helyet kapott a morfológiai, mérettartománybeli eltérések megjelenítése is. A pollenvizsgálati protokoll alkalmazása során bebizonyosodott, hogy a szabvány valóban nem megfelelő a térben nem szabályos gömb alakú, monoporát típusú Poaceae pollenek faj szintű elkülönítésére nagy mintaszámú vizsgálat esetén sem. Ugyanakkor az *E. repens* és a *D. glomerata* paraméterei szignifikánsan elkülönültek egymástól, jóllehet légköri PBAP-mintavételezés során, ismeretlen PBCA minta esetén nem lehetséges a többi Poaceae fajtól való elkülönítésük. A pollenek felnyílási körülményeinek a kísérletes modellezése elkezdődött, a felnyílást befolyásoló aerobiológiai környezet és a pollen ozmotikus potenciáljának a meghatározása részben megvalósult.

SZILÁGYI MELINDA

melinda.szilagyi2@gmail.com

Biológia és történelem tanári szak

MA, 2. félév

Konstantin Filozófus Egyetem (Nyitra)

Témavezető:

RNDr. Szekeres László, PhD

adjunktus, SK KFE

Kiválasztott emlős- és madárfajok életmódjának jellemzése a Szlovák-karszt területein

A Gömör-Tornai karszt (Gemersko-Turniansky kras) vidékét, földrajzi fekvése és az államhatár miatt is két részre oszthatjuk az Aggteleki-karsztra (Aggtelegský kras) és a Szlovák-karsztra (Slovenský kras). Záródolgozatunkban szeretnénk bemutatni a Szlovák-karszt nyújtotta különlegességeket, mint geológiai, mint biológiai szempontból, s ezen belül a területen élő fauna és flóra kölcsönös hatásait, az őket befolyásoló impulzusokat, de legfőképpen az általunk kutatott szürke gém (*Ardea cinerea*), barna rétihéja (*Circus aeruginosus*) és az emlősök soraiból kiválasztott eurázsiai farkas (*Canis lupus*) és gímszarvas (*Cervus elaphus*) életmódját. Metodológiai szempontból fő céljaink a kiválasztott vándorló madarak és emlős fajok életterük feltérképezése, testük anatómiailag értelmezett analízise, mindennapi életük megfigyelése és kutatása, és migrációs útvonalaik jellemzése.

TÓTH BALÁZS

tothbalazs99@gmail.com

Biológia

BSc, 5. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Standovár Tibor

tanszékvezető egyetemi docens, ELTE TTK

A fajkészlet változása a Völgyfő Projekt 34 éve magára hagyott tölgyesében

Erdeink egészségi állapotának romlása és a kocsánytalan tölgyesek természetes regenerációjával kapcsolatos nehézségek miatt a hazai erdőgazdálkodás és természetvédelem komoly problémákkal küzdött a XX. század második felétől kezdődően. Az 1986-ban indult Völgyfő Projekt is egy olyan dél-bükki kocsánytalan tölgyesben vizsgálta termőhelyi viszonyokat és a növényzet mintázatának változását, amelyet súlyosan érintett az 1970-es években megjelent tölgypusztulás. Az 1985-ben véghasználatra előírt erdőrészletet, amelyet korábban vadvédelmi kerítéssel is körbevettek, a kutatási célok megvalósítása érdekében kivonták a gazdálkodásból, és az azóta eltelt 34 évben is magára volt hagyva. A vadfajok kizárásával az újulat és a cserjeszint intenzíven tudott fejlődni a tölgypusztulás hatására nyílt lékekben, illetve számos fényigényes lágyszárú faj is megőrződött a területen. Előzetes terepi bejárásaink során megállapítottuk, hogy az elmúlt évtizedekben az állomány záródott, ami feltételezésünk szerint fényigényes fajok eltűnését és üdeségjelző-árnyéktűrő fajok megjelenését okozta. Mivel a vadvédelmi kerítést kb. 10 éve elbontották, a vadhatás jelentős növekedése várható. Jelen kutatásomban az eredeti 1986-os vizsgálatot ismételttem meg, mivel a növényzet szisztematikus felvételezése azóta nem történt meg. A 354 db érintkező négyzetre bontott 5,5 hektáros területen minden kvadrátban felvettem a jelenlévő növényfajok prezencia-abszencia adatait. A mintavételezéssel nyert adatok elemzésével 3 szinten vizsgáltam a lágyszárúsint változását: a teljes fajkészlet, a hierarchikus osztályozással kapott cönotípusok és a kvadrátszintű dinamika szintjén. Mindkét időpont esetén 4 egymásnak megfeleltethető cönotípust tudtam elkülöníteni. A cönotípusok közül a kiterjedés, a fajkészlet és a kvadrátszintű dinamika tekintetében az 1-es típus mutatta a legnagyobb, míg a 4-es típus a legkisebb változást. Az eltűnt és a visszaszorult fajok többsége fényigényes, míg az új vagy elterjedtté vált fajok többsége üdeségjelző és árnyéktűrő, továbbá jelentős hányadukat teszik ki a vadhatást bizonyító bolygatásjelző fajok.

VARGA DÓRA
vargadori2011@gmail.com
Biológus
MSc, 3. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
Dr. Kovács M. Gábor
tanszékvezető, egyetemi tanár
ELTE TTK
Dr. Dima Bálint
tudományos munkatárs
ELTE TTK

Hány selyemgomba van Magyarországon?
Az *Amanita* nemzetség *Vaginatae* szekciójának taxonómiai revíziója

Gyakran előforduló probléma, hogy a morfológiai bélyegeken alapuló fajmeghatározás eredményeként egy fajhoz tartozónak vélt gombákról kiderül, valójában több fajba tartoznak. A nagyon hasonló jellemzőknek köszönhetően ez a probléma felmerül a bazidiumos gombák közé tartozó galócák (*Amanita*) nemzetségének *Vaginatae* szekciójában (selyemgombák) is. A világszerte széles körben elterjedt, Magyarországon is magát több fajjal képviseltető nemzetség tagjai mind gazdasági, mind ökológiai szempontból fontosak. Dolgozatom célja a *Vaginatae* szekción belüli filogenetikai összefüggések megismerése, a magyarországi selyemgombák fajdiverzitásának vizsgálata. Ehhez molekuláris filogenetikai és morfológiai megközelítést egyaránt alkalmaztam. Több mint 50 – Magyarország területéről gyűjtött – gombamintát vizsgáltam, melynek során a nrRNS génklaszter ITS (Internal Transcribed Spacer) régiója, valamint egyes mintáknál emellett a nrRNS nagy alegységét kódoló szakasz (LSU) szolgált az összehasonlítás alapjául. A makromorfológia mellett a spórák jellemzői is meghatározók lehetnek a fajlehatárolási kérdésekben, így azoknak méretét és alakját is vizsgáltam fénymikroszkóppal. Az összesen 210 ITS-szekvenciából készült maximum likelihood törzsfá alapján az *Amanita* nemzetség *Vaginatae* szekciójában 18 leszármazási vonal („filogenetikai faj”) jelenlétét igazoltam Magyarországról. A spóra alakja nem bizonyult jó elkülönítő bélyegnek, a spóraméret azonban egyes fajok között eltért. A kapott eredmények is alátámasztják, hogy a DNS-alapú fajelkülönítő módszerek felülírhatják a klasszikus, morfológiai tulajdonságokon alapuló adatokat.

VINCZE JÓZSEF-RÓBERT
vinczerobert10@gmail.com
Környezetvédelem és monitoring
MSc, 2. félév
Sapientia Erdélyi Magyar Tudományegyetem
Kolozsvári Kar

Témavezető:
Dr. Szigyártó Lidia
Egyetemi adjunktus, RO EMTE KVK

Székelyföldi ásványvízforrások kovaalga-közösségei

Napjainkban egyre nagyobb hangsúlyt fektetünk az ivóvízként szolgáló édesvizek (TDS <300-500 mg/l) minőségének vizsgálatára és megóvására. Az Európai Unió Vízügyi Keretirányelve megköveteli a biológiai vízminősítést is, amelyre a kovaalga-közösségek vizsgálata kiválóan alkalmas. Jelenlegi ismereteink szerint Székelyföldön több, mint 1000 ásványvízforrás található, amelyek közül mintegy 100-nak a vizét rendszeresen fogyasztja a lakosság. Mindennek ellenére, az ott található források többségének kovaalga-közösségeit még nem vizsgálták. A dolgozat 32 székelyföldi ásványvízforrás 2018-ban és 2019-ben zajló összetett kutatásának részeredményeit, mégpedig a kovaalga-közösségek vizsgálati adatait foglalja össze a 2019. júliusában gyűjtött élőbevonat minták alapján. A mintavétel alapján eddig összesen 75 kovaalgafajt sikerült azonosítani, amelyek 28 nemzetséget képviselnek. Ebből három faj Romániára új, további hét faj pedig nagyon ritkán fordul elő. A minták alacsony fajszámúaknak és fajdiverzitásúaknak bizonyultak, ami összhangban van a források, mint vizes élőhelyek, magas ásványianyag-tartalma okozta szélsőséges jellegével. A fajösszetételben elsősorban a széles tűrésű intervallumú fajok dominálnak, amelyeket több forrásban halofil indikátor fajok kis száma kísér. Az ökológiai jellemzők mentén végzett csoportosítás alapján a fajok 75%-a a mozgékony guild-be sorolható, tehát elsősorban olyan fajok vannak jelen, amelyek sikeresen alkalmazkodnak a zömében kifolyócsöves források turbulens vízmozgásához.

Természedvédelmi biológia

BODNÁR BÁLINT

bodnarb0709@gmail.com
Középiskolai hallgató
Kisvárdai Bessenyei György
Gimnázium és Kollégium

TÓTH RICHÁRD

t.richard0926@gmail.com
Hidrobiológus
MSc, 1. félév
Debreceni Egyetem
Természettudományi és Technológiai Kar

Témavezetők:

Dr. Antal László

Egyetemi adjunktus, DE TTK

Nyeste Krisztián József

tudományos segédmunkatárs, DE TTK

A tiszai ingola (*Eudontomyzon danfordi* Regan, 1911) állományának felmérése, élőhelyének

A tiszai ingola (*Eudontomyzon danfordi* Regan, 1911) a Tisza vízrendszerének endemizmusaként (bennszülöttjeként) kiemelkedő természetvédelmi értéket képvisel hazánkban. E fokozottan védett faj a Tisza vízrendszerén és a Temesen kívül sehol máshol nem fordul elő a világon. A tiszai ingola fennmaradását specialista jellegéből adódóan számos antropogén és természetes hatás fenyegeti. Legfőbb tényezők a vízfolyások vízszintjének csökkenése (akár kiszáradása) és a különböző szennyezések (pl. ipari, lakossági szennyvíz). Reofil fajként a víz áramlását lassító műtárgyak, potamodrom szaporodási módja miatt pedig a hosszirányú átjárhatóságot akadályozó műtárgyak (bukógáták, fenéklépcsők, duzzasztók) jelenthetnek veszélyt állományaira. A klímaváltozás tovább gyorsíthatja a vízfolyások felmelegedését, párolgását, a part menti növényzet irtása pedig az ingola lárvái számára nélkülözhetetlen szerves üledék felhalmozódását lehetetleníti el. Emellett a közelmúltban került publikálásra egy *Dermocystidium* szerű parazita, melyről egyelőre keveset tudni, de akár letális is lehet az ingola egyedekre. Vizsgálatunk fő célja a tiszai ingola hazai állományának felmérése volt. Négy nagy régióra (Bódva vízgyűjtő, Hernád vízgyűjtő, Bodrog vízgyűjtő, Felső-Tisza) osztottuk a mintázott vízfolyásokat, mely 4 régió közül 3-ban megtaláltuk a tiszai ingola egyedeit. A régiókon belül azonban a vízfolyások nem mutatnak egységes képet az ingolapopulációk állapotáról. Csupán három vízfolyás esetében (Bózsva, Kemence-patak, Tohonya-patak) kerültek elő az ingola több korosztályának egyedei is, ami egy aktív szaporodó állomány jelenlétét indikálja. Azonban a Kemence-patak esetén szennyezőforrások jelenlétét észleltük, továbbá a fent említett parazita is ebből a vízfolyásból került leírásra, ezek mind bizonytalanná tehetik a populáció jövőjét. Ugyanakkor a többi vízfolyásban még ennél is sérülékenyebbnek ítéljük meg a populációt, melynek hátterében a fent ismertetett okok állnak, továbbá a felelőtlen és túlzott mértékű pisztráng (sebes pisztráng - *Salmo trutta* és szivárványos pisztráng - *Oncorhynchus mykiss*) telepítések.

BOGNÁR LILI
bognarlili1234@gmail.com
Biológia
BSc, 3. félév
Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar

KALOCSAI NÓRA
kalocsainora@gmail.com
Biológia
BSc, 3. félév
Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
Dr. Horváth Győző
egyetemi adjunktus, PTE TTK
Kelemen Krisztina
PhD hallgató, PTE TTK

Kisemlős közösségi mintázatok a Kis-Balaton Vízvédelmi Rendszer II. ütem rekonstrukciója alapján elkülönített időszakok összehasonlításában

A Kis-Balaton területén 2011 és 2019 között elevenfogó csapdázással gyűjtött adatok alapján a terület kisemlős együtteseinek közösségi ökológiai szempontú vizsgálatát végeztük el. Négy, az élőhelyeket befolyásoló emberi és természetes zavarások szempontjából elkülönített időszak összehasonlításában elemeztük a fajkompozíció és a fajok relatív gyakoriságának változásait, valamint a fajok együttes előfordulásának és a kisemlős közösségek egymásba ágyazottságának mintázatait. A relatív gyakoriságok jól tükrözték az élőhelyek változásait. Az élőhely generalista pirók erdeiegér minden periódusban a leggyakoribb fajként jelent meg. Ezzel szemben a sásfoltok és nádasok alkotta nedves, üde élőhelyekhez kötődő északi pocok rendkívül alacsony gyakorisággal került elő az első, szokatlanul magas vízállással jellemzett időszakban. A következő években, melyekben az antropogén és természetes eredetű zavarások az élőhelyek további drasztikus átalakulását eredményezték, a faj hiányzott a mintaterületekről, végül abban az időszakban regisztráltuk nagyobb gyakorisággal, amikor az élőhelyeken helyreálltak a zavarások előtti állapothoz hasonló viszonyok. A fajok relatív gyakorisága ebben az időszakban volt a legkiegyenlítettebb, a kisemlős közösségek ekkor bizonyultak a legdiverzebbnek. Az együttes előfordulási mintázatok elemzésében a csalitjáró és az északi pocok között negatív aszociáltságot mutattunk ki abban az időszakban, amikor az északi pocok relatív gyakorisága viszonylag magas volt. Eredményeink szerint a Kis-Balaton kisemlős közösségeinek egymásba ágyazottsága a négy vizsgált periódus során változékony volt. Mind a közösségi szintű válaszok, mind az északi pocok habitat minőségével szembeni érzékenységének detektálása azt mutatja, hogy természetvédelmi szempontból a fokozottan védett északi pocok és a wetland területekre jellemző diverz kisemlős közösség akkor tartható fenn hosszú távon, ha a természetvédelmi kezelések kompenzálni tudják a különböző zavarások negatív hatását.

FINTHA GABRIELLA

gabriella.fintha@gmail.com

Biológia

BSc, 6. félév

Eszterházy Károly Egyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Szűcs Péter

egyetemi docens, EKE TTK

A gödi Huzella kert mohafldrója

Az arborétumok, gyűjteményes kertek magasabb rendű növényeinek, illetve azok fajkészletének pontos ismerete, nyilvántartása és monitorozása a botanikusok nyilvánvaló feladata. Ugyanakkor a kriptogám élővilág, így a bryoflóra összetétele ritkán kerül megemlítésre a területek florisztikai leírásaiban, számottevő fajdiverzitásuk és jelentős ökológiai és vizuális értékük ellenére. A moha populációk folyamatos monitorozása és a különböző élőhelyeken előforduló bryofil közösségek fajdiverzitásának módszeres nyomon követése, a Nemzeti Biodiverzitás-monitorozó Rendszer (NBmR) részét képezi. A monitorozás céljából kijelölt területek azonban nem érintik a mesterségesen kialakított, helyi természetvédelmi jelentőségű gyűjteményes kerteket, arborétumokat, kastély parkokat így azok mohafldrójának feltárása mindenképpen kiegészítő információként szolgálhat a hazai bryoflóra és a teljes körű magyarországi mohadiverzitás megismeréséhez. A gödi Huzella Kert mohafldrisztikai felmérése 2018 és 2019 között történt, melynek eredményeként összesen 55 mohataxon (2 májmohát és 53 lombosmohát) került azonosításra. A fajok többsége az országos gyakoriságukat tekintve közönséges, azonban előkerült néhány, a hazai vörös listán veszélyeztetettség közeli státuszú taxon, úgymint *Brachythecium glareosum*, *Cirriphyllum piliferum*, *Orthotrichum obtusifolium* és *Syntrichia latifolia*, *Entodon concinnus*. Ezek közül az *E. concinnus* országosan kevés lelőhellyel rendelkező, hazánkban kritikusan veszélyeztetett (CR) besorolású faj, mely a kert felmérésének időpontjáig, Magyarországon csak a Dunamenti-síkság régióiból került elő. A szakirodalmak szerint alapvetően bázikus, meszes talajon, száraz, füves területeken fordul elő. A Huzella Kert felmérését követően azonban az *E. concinnus* egy újabb hazai lokalitását fedeztem fel az Őrségben, erősen humid környezetben, erdei talajon, bolygatott területen. Az általam talált két új lokalitás ismeretében elvégeztem a taxon veszélyeztetettségi státuszának részletes kiértékelését a 2017-es IUCN veszélyeztetettségi kategóriarendszer alapján.

FREI KATA
freikatag8@gmail.com
Biológia
BSc, 6. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:
Dr. Bátori Zoltán
egyetemi adjunktus, SZTE TTIK

A mecseki töbrök refúgiális kapacitását befolyásoló tényezők: környezeti stabilitás, növényzet és klímaváltozás

Az antropogén klímaváltozás napjainkban az egyik legmeghatározóbb globális természet- és környezetvédelmi probléma, a következtében kialakuló folyamatos felmelegedés veszélyezteti a Föld biodiverzitását. Mivel a legtöbb erdei növényfaj viszonylag állandó környezeti körülményekhez adaptálódott, a globális felmelegedés komoly veszélyt jelent a fennmaradásukra. A klímaváltozás kedvezőtlen hatásainak elkerülése érdekében egyes növényfajok a számukra megfelelő klímával rendelkező területekre, ún. refúgiumokba „menekülnek”. Ilyen refúgiumok például a karsztos területek jellegzetes felszínformái, a töbrök is. Dolgozatomban 12 nagyméretű mecseki töbrő növényzetét, mikroklímáját és talajtani tulajdonságait vizsgáltam részletesen (helyszínek: É-i, D-i kitettség, töbrőalj és szomszédos plató). A növényzet mintavételezését tavasszal és nyáron végeztük (2 m × 2 m nagyságú kvadrátok segítségével), így mind a két aspektus növényfajait felvételeztük. Ezen kívül minden töbrő minden egyes vizsgálati helyszínén talajmintát vettünk a talajréteg felső 20 cm-es rétegéből. A kutatás legnagyobb újdonságát a hosszú távú talajnedvesség- és klímamérések jelentik, melyek fontos információkkal szolgálnak ezen felszínformák refúgiális kapacitásával kapcsolatban. A hőmérséklet és páratartalom változásait 12 töbrőben tavasszal és nyáron 1–1 hétig, míg a talajnedvességet 6 töbrőben 6 hónapig mértük a műszerek segítségével. A mért környezeti változókat és a növényzeti mintákat együtt is elemeztem. Az eredmények azt mutatták, hogy a mecseki töbrök növényzete és az azt meghatározó abiotikus háttér jelentősen különbözik a környező platóétól. A töbrőaljak a platóhoz képest jóval hűvösebb és párásabb mikroklímával rendelkeztek, tápanyagtartalmuk magas volt, és talajnedvességük is nagyfokú állandóságot mutatott hónapokon keresztül, ezzel egy folyamatosan hűvös és nedves élőhelyet létrehozva a növényfajok számára. Ezek alapján feltételezhetjük, hogy a nagyobb mecseki töbrök a jelenlegi felmelegedés során refúgiumként funkcionálhatnak a hűvös- és nedves klímához adaptálódott növényfajok számára, ezért háborítatlanságuk megőrzése kiemelt fontosságú természetvédelmi feladat. A dolgozatban leírt munkafolyamatok közül a mikroklíma- és talajnedvesség-mérő műszerek telepítésében, a cönológiai felvételek készítésében, azok digitalizálásában és elemzésében vettem részt, valamint a műszerek által mért adatok és a talajparaméterek elemzését és az ezekből származó ábrák készítését végeztem el.

GYÖRÖSSY DOROTTYA
gyorossy.dodo@gmail.com
biológus
MSc, 4. félév
Állatorvostudományi Egyetem

Témavezetők:
Dr. Görföl Tamás
Magyar Természettudományi Múzeum
Dr. habil. Estók Péter
Eszterházy Károly Egyetem
Dr. Vili Nóra
Állatorvostudományi Egyetem

A hosszúszárnyú denevér (*Miniopterus schreibersii*) populációgenetikai vizsgálata

Az utóbbi évtizedekben a fokozottan védett hosszúszárnyú denevér (*Miniopterus schreibersii*) esetében több országban is tömeges pusztulásokat figyeltek meg, amelyek során több ezer egyedből álló kolóniák tűntek el. Ezt a folyamatot egy, az Ebola-vírus rokonságába tartozó filovírus, a Lloviu okozta, ami a 2002-es spanyolországi felfedezése után több mint egy évtizeddel Magyarországon is megjelent, ahol további elhullásokat okozott. Kutatásunk célja hat ország (Magyarország, Románia, Szlovénia, Bulgária, Szerbia, Bosznia-Hercegovina) hosszúszárnyú denevér kolóniáinak populációgenetikai vizsgálata volt nukleáris (mikroszatellitek) és mitokondriális (HV1) DNS markerek segítségével. A különböző geográfiai régiók közötti kapcsolatok feltárása nagyban hozzájárulhat a Lloviu-vírus esetleges állományok közötti terjedési esélyeinek feltérképezéséhez és a denevérek újabb tömeges pusztulásainak megelőzéséhez, valamint a már kipusztult állományok pótlási lehetőségeit is meg tudjuk alapozni vele. Molekuláris vizsgálatainkat szárnymintákkal végeztük el és a fentebb említett markerek segítségével jellemeztük az egyes mintavételi helyek genetikai változatosságát. Eredményeink azt mutatják, hogy a vizsgált hosszúszárnyú denevér populációk genetikailag gyengén strukturáltak. A molekuláris varianciaelemzés kimutatta, hogy a teljes genetikai varianciának csupán 2,27%-a adódik az egyes mintavételi helyek közti különbségekből, és a variancia 97,73%-a az élőhelyeken belül figyelhető meg. További elemzéseink alapján azt is megállapítottuk, hogy a mintavételi helyek közötti földrajzi távolság nincs jelentős hatással a populációk közötti genetikai távolságokra. Az egyedek klaszterezése során $K=1$ értéket kaptunk, miszerint a vizsgált populációk egy csoportba tartoznak. Ez egyrészt jó, mert egy esetleges lokális kihalás esetén a már feltárt, genetikailag legközelebbi populációból tudjuk pótolni az elpusztult egyedeket. Másrészt azonban a populációk közötti szoros kapcsolat következtében a denevérek – főleg a vándorló hím egyedek – magukkal hurcolhatják a Lloviu-vírust, ezzel újabb járványokat okozva más területeken is. Azonban a kutatásunk során felderített lehetséges fertőzési útvonalak megismerése közvetlen segítséget nyújt a későbbi denevérvédelmi eljárások kidolgozásához, így a kolóniák stabilitásának és egészségének megőrzéséhez is.

KISPÁL LUCA

luca.kispal@gmail.com

Természetvédelmi mérnök

BSc, 5. félév

Szent István Egyetem

Mezőgazdaság- és Környezettudományi Kar

Témavezetők:

Rusvai Katalin

doktorandusz, SZIE MKK

Dr. Czóbel Szilárd

egyetemi tanár, SZIE MKK

Felhagyott vadszörök növényzetének vizsgálata a Mátrai Tájvédelmi Körzetben

Hazánkban a vadtakarmányozás enyhe teleink miatt kis jelentőségű, azonban a befogást, elejtést szolgáló etetőhelyek (ún. szörök) egyre terjednek, s a vegetációra gyakorolt hatásuk is nő. A gyomfertőzés jellemzően a szörök közvetlen környezetére terjed ki, de így is értékes élőhelyfoltok pusztulhatnak el, illetve ezek a területek akár egy biológiai invázió gyújtópontjai is lehetnek. Ugyanakkor a takarmánnyal behozott gyommagvak révén felhagyásukat követően is veszélyt jelenthetnek. Vizsgálatom célja ezért a felhagyott szörök körüli gyomfertőzöttség mértékének felmérése volt két eltérő aspektusban. A Mátrai Tájvédelmi Körzetben három különböző korú szöröt választottam ki. Középpontjukból 4 transzszekt indult, mindegyiket 22db 1×1m-es kvadrát alkotta, melyekben cönológiai felvétel készült százalékos borításbecsléssel. A vizsgálatot 2019 és 2020 májusában és augusztusában végeztem 1, 8 és 10 éve felhagyott szörökön. A teljes vizsgálat során azonosított fajok közel egynegyede degradációt jelző faj volt. Legnagyobb borítási értékkel a természetes gyomfajok, illetve a nitrofil fajok voltak jelen, míg a szántóföldi gyomfajok jellemzően csak szálanként fordultak elő. Az 1 éve felhagyott szörön volt a legnagyobb a gyomborítás és a két aspektus közti különbség is, augusztusra itt még teljesen elborították a szörö középpontját a ruderalis fajok. A felhagyás korának növekedésével azonban jelentősen csökkent a gyomok tömegessége és az évszakos különbség is. A fajszámokat tekintve a gyomok aránya mindhárom szörönél 20% körül alakult, köszönhetően a gyommagvak nagy túlélőképességének. A transzszektek mentén zavarási gradienst mutattam ki, a gyomok aránya a középponttól távolodva csökkent, míg a természetes fajok aránya nőtt. A korábban felhagyott szörök esetében egy közeli út és egy sózó is módosíthatta a gradienst, de itt is inkább a mesterséges tápanyag-hozzáadással terhelt közeli sózónak volt kimutatható hatása. A szörök működése tehát úgy tűnik, hogy hosszú éveken át hatással van a természetes növényzetre, ezért ajánlatos inkább erdei területeken elhelyezni, mert az eddigi terepi tapasztalatok alapján ezek gyorsabban regenerálódnak. Javaslom a rendszeres kaszálást, illetve megelőző intézkedésként a szörök létesítésének természetvédelmi engedélyhez kötését.

KÖNCZEY BORÓKA

boroka.konczey@gmail.com

Környezetvédelem és monitoring mesteri szak

BSc, 6. félév

Sapientia Erdélyi Magyar Tudományegyetem

Kolozsvári Kar

Témavezető:

Dr. Urák István

docens, RO EMTE KVK

Poiana Stampei-tőzegláp mikromozaikos élőhelyszerkezetének hatása a pókközösségek összetételére

A Poiana Stampei-tőzegláp a Keleti-Kárpátok északi részén, a Kelemen-havasok Nemzeti Park észak-nyugati sarkában, a Dorna-völgyében elterülő 695 hektáros láp. Natura 2000-es védett terület (ROSCI0247 Tinovul Mare Poiana Stampei) és egyben nemzetközi jelentőségű vizes élőhely is (Ramsar Site no. 2003, Wetland of International Importance). A tőzeglápot elsősorban ritka, számos jégkorszaki maradványfajt (glaciális reliktum) tartalmazó flórája miatt nyilvánították védetté, míg a gerinctelen faunára vonatkozó adatok szinte teljesen hiányoznak. Ezt a hiányt pótolja ez a kutatás, amelyet 2019-ben kezdtünk el, és amelynek célja a láp pókfaunájának vizsgálata. A mintavételt motoros rovarszívóval (D-vac) végeztük, a pókokat már a helyszínen kiválogattuk és 70%-os etanol-oldatban tároltuk. A fajok meghatározása laboratóriumban történt, sztereomikroszkóp segítségével, változatos határozókulcsok alkalmazásával. Összesen 2706 pókot gyűjtöttünk és 51 faj jelenlétét mutattuk ki 18 családból. Ezek közül két faj (*Mecopisthes silus* és *Zora distincta*) új Románia faunájára. Élőhely-preferencia alapján a pókok többsége zárt, nedves, természetes és természet-közeli élőhelyeket kedvelő (epigéikus) faj. Összehasonlítva a két erdőtípus, illetve azokon belül a nedvesebb mélyedések (semlyékek) és szárazabb kiemelkedések (zsombékok) pókközösségeit, nagyobb abundancia értékeket kaptunk az erdeifenyvesben, mint a lucosban, valamint erdőtípuson belül a zsombékon, mint a semlyéken, de statisztikailag szignifikáns különbségek csak az erdőtípusok között voltak kimutathatók. Indikátorfaj analízissel mind a négy mikro-élőhely típusra találtunk jellemző fajokat: egyet a zsombékra és kettőt a semlyékre az erdei fenyővel benőtt lápfolton, négyet a zsombékra és egyet a semlyékre a lucosban. Ezeknek a kutatásoknak az eredményei tovább fogják bővíteni ismereteinket a tőzeglápokról és felhasználhatóak lesznek újabb kutatások megtervezéséhez, egy monitorozási rendszer kiépítéséhez, de talán ami mindennél fontosabb, a sok esetben hiányzó védelmi stratégiák, kezelési tervek kidolgozásához és végezetül a valós és hatékony védelem megvalósításához.

SOMOGYI JÚLIA

somogyijulis@gmail.com

Biológus

MSc, 11. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Szövényi Gergely
adjunktus, ELTE TTK

A veszélyeztetett szép hegyisáska (*Arcyptera fusca*) bükki populációinak méretbecslése és élőhely használata - egy védelmi program kezdeti lépései

A szép hegyisáska (*Arcyptera fusca*) Magyarországon az utóbbi néhány évtized során több korábbi élőhelyéről kipusztult, és Európa-szerte csökkenő tendenciát mutat főként az extenzív tájhasználat hiánya, a kaszálás vagy legeltetés felhagyása miatt. Hosszútávú megőrzéséhez szükséges ismerni életmódját, élőhelyigényét és jelenlegi elterjedését, állományainak méretét is. Kutatásomban a szép hegyisáska Bükk-fennsíkron fennmaradt két populációját vizsgáltam 2019 nyarán. Transzekt módszerrel felmértem az állományok jelenlegi kiterjedését mindkét ismert élőhelyén, a Lusta-völgyben és a vele szomszédos Kecskeláb-réten, valamint megbecsültem a populációk méretét is. A jövőbeni természetvédelmi kezelések megtervezését a faj által preferált élőhelytípusok megállapításával segítettem. A felvett adatokat térinformatikai programmal vizualizáltam, valamint statisztikailag elemeztem. A felmérés során a Lusta-völgy túlnyomó részén észlelhető volt a faj, a Kecskeláb-réten azonban az állomány kiterjedése egy kisebb területre korlátozódott. A populációméretet kétféle módszerrel becsültem, melyekkel a Lusta-völgyben 488, illetve 637 egyed, a Kecskeláb-réten pedig 13, illetve 33 egyed adódott. A mikroélőhely-preferenciát élőhely használata – hozzáférhetőség módszerrel vizsgáltam, melyből kiderült, hogy a faj az alacsonyabb növényzetet és a kisebb talajborítottságú területeket részesíti előnyben az átlagosan rendelkezésre álló mikroélőhelyekhez képest. A faj védelmét ezért indokolt erre irányuló élőhelykezeléssel, tehát kaszálással és nyíltabb talajfelszín létrehozásával elősegíteni. A kaszálás során törekedni kell a hagyományos műveléshez hasonló módszereket alkalmazni. Fontos a mozaikos, kímélő kezelés, amelynek során a szép hegyisáskán kívül más védendő fajok igényeit is figyelembe kell venni. Emellett figyelmet kell fordítani a rétek szegélyein a cserjésedés megállítására. A Lusta-völgyben becsült egyedszám alapján a populációra nem jelent veszélyt innen néhány tucat egyed áttelepítése egy új populáció létrehozása céljából. Ennek helyszínéül a Kecskeláb-réttel szomszédos Kis-mező lett kijelölve, ahova 2018 és 2019 nyarán elkezdődött az áttelepítés, és folyamatos monitorozás mellett ennek folytatását tervezzük. A vizsgált területek kis kiterjedése és a kis populációméret miatt a kihalás megelőzéséhez szükség lehet a populációk genetikai vizsgálatára, a rétek összekötésére, területük növelésére.

TIFÁN SÁRA
saratifan7@gmail.com
Orvosi biológia
MA, 1. félév
Babeş-Bolyai Tudományegyetem

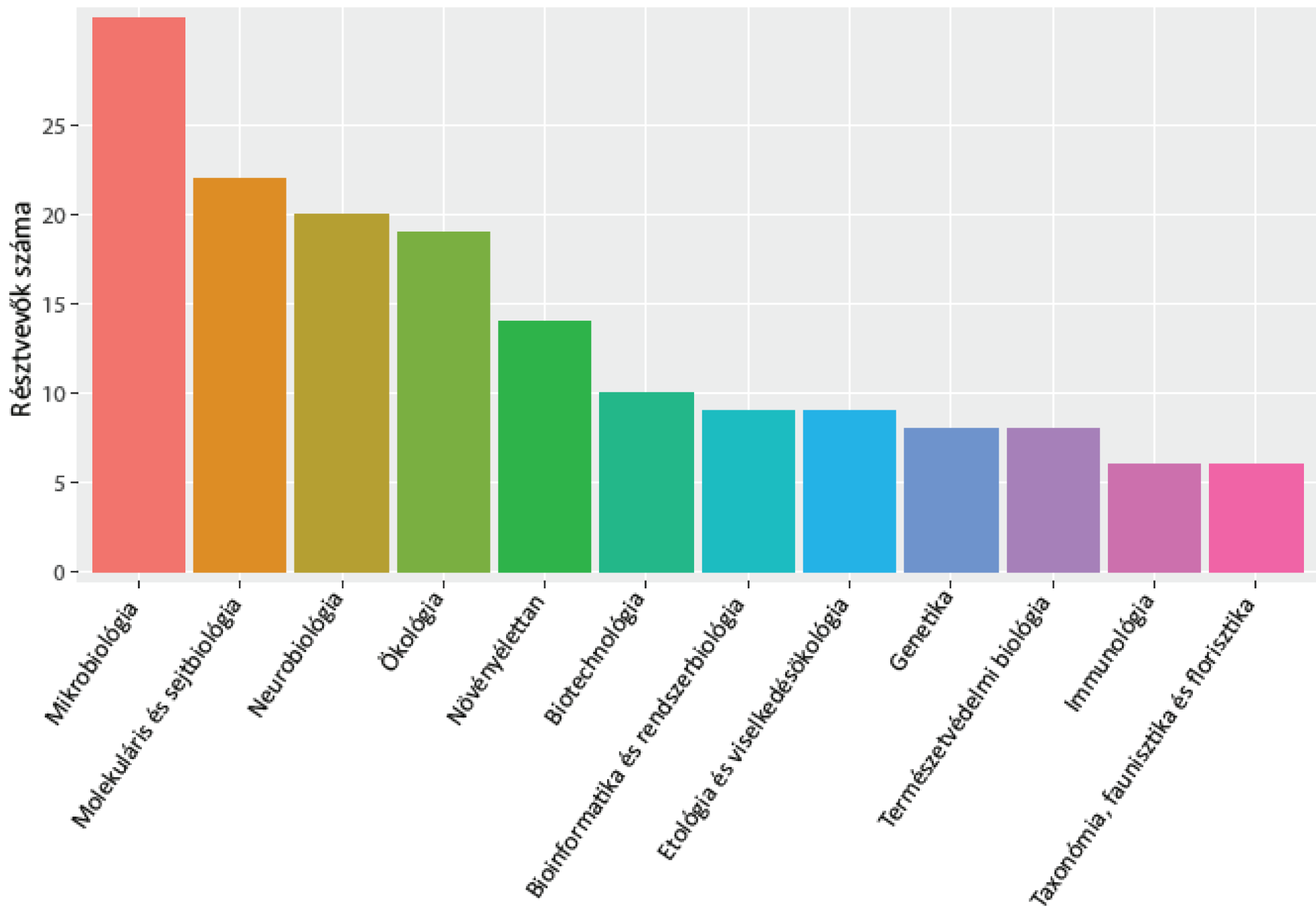
Témavezető:
Fenesi Annamária
Egyetemi adjunktus, RO BBTE

A kolozsvári „Al. Borza” Botanikus Kertben terjedő inváziós fajok felmérése és visszaszorítási lehetőségeik

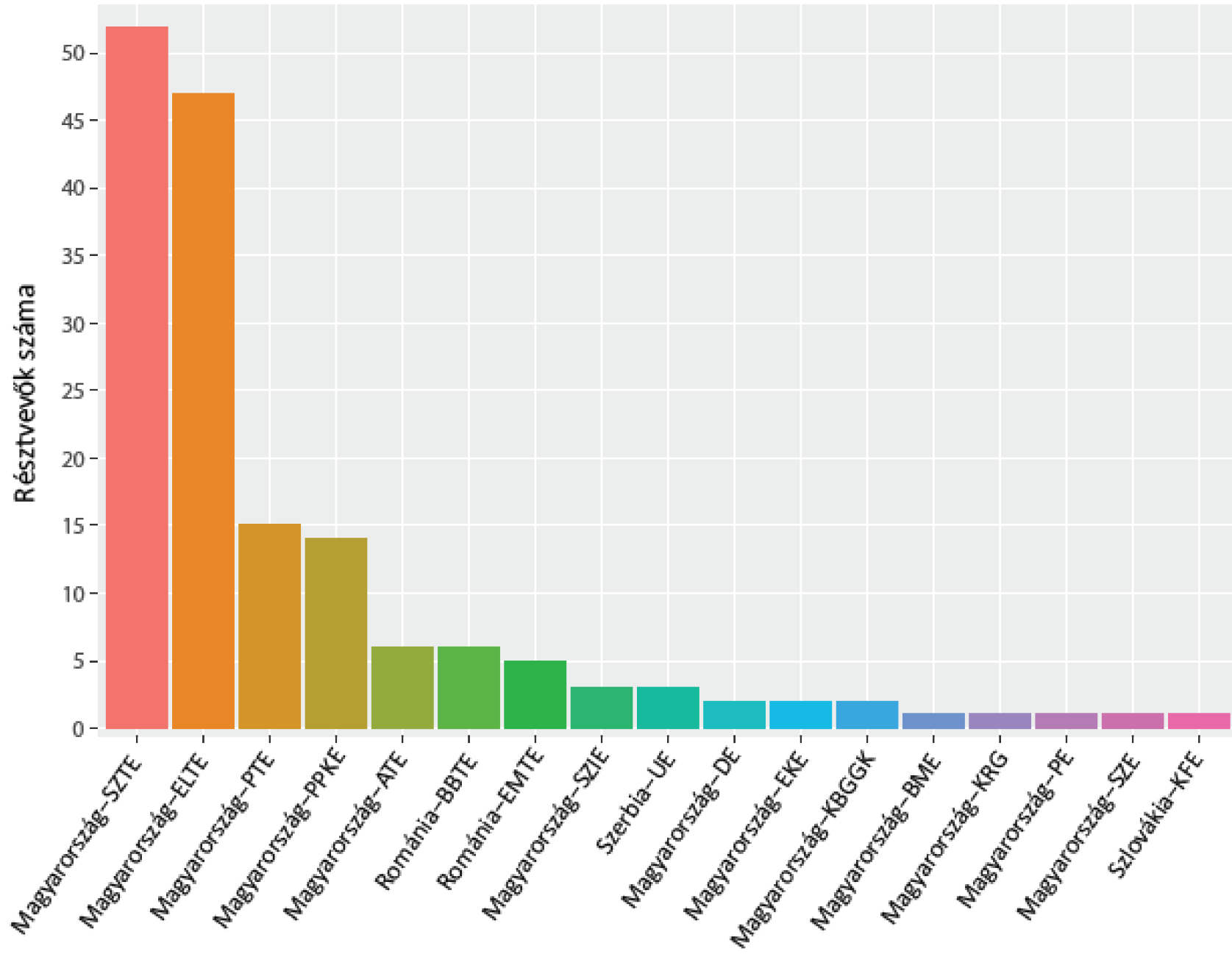
A botanikus kertekbe betelepített rengeteg idegenhonos növény között jócskán akadnak inváziós növényfajok is, melyek a kerten belül féktelen terjedésükkel okoznak problémát, ugyanakkor a botanikus kertekből kiszabadulva, ezek a fajok természetes növényzetben spontán módon terjedhetnek, természetvédelmi károkat okozva. Épp ezért célom volt tíz lágyszárú inváziós növényfaj előfordulásának feltérképezése és abundanciájának felmérése a kolozsvári „Al. Borza” Botanikus Kertben. Szisztematikus felméréssel, a botanikus kert teljes területén (összesen 246, 20 m x 20 m-es kvadrátokban) becsültem az előforduló inváziós fajok mennyiségét. Eredményeim alapján elmondható, hogy a leggyakoribb inváziós faj a kisvirágú nebánsvirág, a kínai alkörmös és az indiai díszeper. Ezek a fajok változatos élőhelyeken és nagy tömegben fordulnak elő a botanikus kertben. Dolgozatomban komplex kezelési javaslatokat fogalmazok meg, melyek segítségével ezeket az inváziós fajokat el lehet távolítani a botanikus kertből vagy meg lehet fékezni további terjedésüket.

Statisztika

Tagozatok



Intézmények



Infra- / szupraindividuális biológia

