XXXII. ORSZÁGOS TUDOMÁNYOS DIÁKKÖRI KONFERENCIA
2015. április 8-10., Pécs

BIOLÓGIA SZEKCIÓ

PROGRAM ÉS ÖSSZEFOGLALÓK

ORSZÁGOS TUDOMÁNYOS DIÁKKÖRI TANÁCS

PÉCSI TUDOMÁNYEGYETEM
TERMÉSZETTUDOMÁNYI KAR

UNIVERSITAS QUINQUEECCLESIENSIS 15 67

XXXII. ORSZÁGOS TUDOMÁNYOS DIÁKKÖRI KONFERENCIA

BIOLÓGIA SZEKCIÓ

PROGRAM ÉS ÖSSZEFOGLALÓK

Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar

PÉCS, 2015.

Szerkesztette: Dr. Putnoky Péter, Dr. Galambos Anikó
Kiadja a PTE Természettudományi Kar
Felelős kiadó: Dr. Putnoky Péter
ISBN 978-963-642-739-9
Készült 400 példányban
Bolko-Print Kft.
Felelős vezető: Szabó Péter
Fedlap: Dr. Putnoky Péter
Hátlap: Balogh János

TARTALOMJEGYZÉK oldal

KÖSZÖNTŐ 5.
Köszönetnyilvánítás 6.
A Szervezőbizottság 7.
Hasznos információk 8.
Támogatók 9.
Tagozatok 10.
A teljes program áttekintője 11.
Napi programok áttekintője 12.
TTK alaprajz 15.
A tagozatok részletes programja 17.

TAGOZATOK ÖSSZEFOGLALÓI 43.
Állatökológia 44.
Állatszervezettan és -élettan 54.
Bioinformatika 63.
Biokémia I. 72.
Biokémia II. 78.
Biotechnológia 84.
Etológia 93.
Faunisztika 100.
Genetika 109.
Hidrobiológia 118.
Humángenetika és -biológia 129.
Immunológia 139.
Mikrobiológia I. 150.
Mikrobiológia II. 159.
Molekuláris biológia I. 168.
Molekuláris biológia II. 177.
Neurobiológia 186.
Neurofiziológia 197.
Növénybiológia 204.
Növényökológia 214.
Ökotoxikológia 222.
Sejt- és molekuláris neurobiológia 229.
Taxonómia, filogenetika, populációgenetika 236.
Természetvédelmi biológia I. 243.
Természetvédelmi biológia II. 252.
Viselkedésökológia 259.

FÜGGELÉK 267.
Statisztikák 269.
Névmutatók 271.

KÖSZÖNTŐ

Pécs és környéke a történelmi idők kezdetétől kultúrák találkozási pontja. A Jakab-hegyi kora vaskori hatalmas földvár egy bronzkori telep helyén épült. Ennek közelében a rómaiak alapították Sopianae városát, innen maradtak ránk a Dóm tér alatt található ókeresztény sírkamrák. Szent István 1009-ben alapította a pécsi püspökséget. Máig jellegzetes épülete országunknak a pécsi dóm. Nagy Lajos *1367*-ben itt hozta létre az ország első egyetemét, melynek maradványai a dóm mögött láthatók. A török időkből származik a Pécs főterén álló dzsámi, és a belváros peremén található, minarettel is rendelkező kisebb párja. A Zsolnay porcelángyár híres termékei önmagukban is sokféle stílust képviselnek, ötvözve kelet és nyugat művészetét.

Az idők során a városnak is többféle neve volt. Pécs horvátul Pečuh, németül Fünfkirchen, latinul *Quinque Ecclesiae*. Ez a név, és az első egyetem alapításának évszáma jelenik meg a jelenlegi Pécsi Tudományegyetem címerében.

Az egyetem nevében köszöntöm most a XXXII. OTDK Biológia Szekció minden résztvevőjét! Hallgatókat, zsűritagokat, vendégeket. Kívánok mindenkinek sikeres munkát, előadást, és élvezetes eszmecseréket az ország számos pontjáról és a határon túlról érkezett többi vendéggel! Mi, a biológia számos ágában tudományos munkát folytató oktatók és hallgatók tudjuk jól, hogy milyen nagy szerepe van a sokféleségnek, sokszínűségnek, más gondolatok megismerésének, a racionális érvekkel megalapozott vitáknak. A konferencia kiváló lehetőség új módszerek, gondolatok, kollégák megismerésére. Ez mindannyiunk hasznára válik!

Putnoky Péter

KÖSZÖNETNYILVÁNÍTÁS

A BÍRÁLÓKNAK ÉS ZSŰRITAGOKNAK ÁLDOZATOS MUNKÁJUKÉRT

Antal László, Bácsi István, Bajusz Izabella, Bálint Bálint László, Balogh István, Bán Miklós, Barta Endre, Bartha Sándor, Benyhe Sándor, Csányi Sándor, Csiky János, Csire Márta, Csiszár Jolán, Csitári Gábor, Csuzdi Csaba, Deák Péter, Deák Veronika, Dénes Viktória, Détári László, Fekete Csaba, Elek Zoltán, Engelmann Péter, Farkas Sándor, Fekete Erzsébet, Fekete Éva, Fodorpataki László, Földvári Mihály, Gábriel Róbert, Gácser Attila, Gallé Róbert, Gallyas Ferenc, Gellért Levente, Grigorszky István, Gyimesi Máté, Győri János, Gyurácz József, Hegedûs Attila, Hernádi István, Hoffmann Gyula, Hornung Erzsébet, Horváth Gabriella, Jakab Gábor, Jakab Endre, Jakab Ferenc, Janda Tibor, Juhász Gábor, Kalapos Tibor, Karaffa Levente, Karcagi Veronika, Kerepesi Ildikó, Kisfali Péter, Kiss Péter, Kókai Endre, Körmöczi László, Kovács Zsolt, Kovács M. Gábor, Kvell Krisztián, Lanszki József, Maráz Anna, Márialigeti Károly, Markó Bálint, Molnár László, Molnár V. Attila, Mórocz Mónika, Németh Zoltán, Nyitray László, Ódor Péter, Ötvös Ferenc, Pankotai Tibor, Pál Róbert, Pap Marianna, Pénzes Zsolt, Pogány Ákos, Pongrácz Judit, Purger Jenő, Raskó István, Sarkadi Balázs, Sétáló György, Solti Ádám, Somogyi Boglárka, Szabó Sándor, Szalma Elemér, Szövényi Gergely, Tar Krisztina, Torma Attila, Török János, Tukacs Edit, Vágvölgyi Csaba, Varga Zoltán Sándor, Varró Petra, Vasas Gábor, Vehovszky Ágnes, Vellai Tibor, Vellainé Takács Krisztina, Venekei István, Vida András, Vilmos Péter, Völgyi Béla

A PTE TTK BIOLÓGIAI INTÉZET MUNKATÁRSAINAK A LEBONYOLÍTÁSÉRT

Antal Jánosné, Bali Zsolt, Bocz Renáta, Boda Réka, Boros Csabáné, Czégény Gyula, Czuni Lilla, Csabai Zoltán, Csepregi Kristóf, Csicsek Gábor, Csiky János, Csurgyók Roland, Debertin Gábor, Dénes Viktória, Drávecz Eszter, Faragóné Papp Mária, Fekete Csaba, Filep Rita, Gábriel Róbert, Galambos Anikó, Garai Krisztina, Gazdag Zoltán, Henglné Mernye Lilla, Hernádi István, Hideg Éva Olga, Hoffmann Gyula, Horváth Győző, Horváthné Tihanyi Éva, Inkeller Judit, Jakab Ferenc, Jakab Gábor, Káldi Anna, Keidl Zoltánné, Kemenesi Gábor, Kerepesi Ildikó, Kiss Árpád, Kiss Irisz, Kocsis Marianna, Kovács Dániel, Kovács Márk, Kovács Sándor, Kovács-Bálint Zsófia, Kovács-Öller Tamás, Kovácsné Balogh Zsuzsanna, Kuczmog Anett, Kutas Anna, Lakk Mónika, Légvári Katalin, Lencse Klára, Mátai Anikó, Máté Gábor, Mauchart Péter, Molnár László, Morschhauser Tamás, Nagy Dávid, Némethné Somogyi Ildikó, Oláh Vilmos, Oldal Miklós, Ortmann-né Ajkai Adrienne, Pál Róbert, Papp Gábor, Pernecker Bálint, Pollák Edit, Pozsgay Sándorné, Purger Jenő, Putnoky Péter, Rumpler Éva, Salamonné Albert Éva, Steib Anita, Stranczinger Szilvia, Strasszer Márk, Szalontai Bálint, Tomor Ágnes, Tóth Zsuzsanna, Trunk Attila, Urbán Péter, Valasek Andrea, Végh Brigitta, Völgyi Béla, Wirth Tamás, Zentai Norbert.

A SZERVEZŐBIZOTTSÁG

Ügyvezető elnök:

Dr. Putnoky Péter egyetemi tanár
Telefon: 06 (72) 503-600 / 244-09
E-mail: putnoky@ttk.pte.hu

Ügyvezető titkár:

Dr. Galambos Anikó tanársegéd
Telefon: 06 (72) 503-600 / 244-34
E-mail: galambos@gamma.ttk.pte.hu

Szervezőbizottsági tag:

Dr. Fekete Csaba docens
Telefon: 06 (72) 503-600 / 248-15
E-mail: fekete@gamma.ttk.pte.hu

Szervezőbizottsági tag:

Dr. Gábriel Róbert egyetemi tanár
Telefon: 06 (72) 503-600 / 241-16
E-mail: gabriel@gamma.ttk.pte.hu

Szervezőbizottsági tag:

Dr. Horváth Győző adjunktus
Telefon: 06 (72) 503-600 / 244-14
E-mail: horvath@gamma.ttk.pte.hu

Szervezőbizottsági tag:

Dr. Kuczmog Anett tanársegéd
Telefon: 06 (72) 503 600 / 244-34
E-mail: kuczmog@hotmail.com

Hallgatói képviselő:

Mátyás Mónika biológus hallgató
Telefon: 06 (72) 503-600 / 241-41
E-mail: matyas.moni87@gmail.com

Helyettes hallgatói képviselő:

Fekete Szabolcs biológus hallgató
Telefon: 06 (72) 503-600 / 243-03
E-mail: feketeszabolcs09@gmail.com

HASZNOS INFORMÁCIÓK

A hallgató résztvevők a **Boszorkány Kollégium**ban kapnak szállást.
A kollégium gyalog 10 – 15 percre van a városközponttól, de a vasútállomásról induló buszokkal is megközelíthető. A Főpályaudvartól induló 37-esről a Rodostó utca, a 31-es és 32-es buszokról a Szőlőskert vagy Damjanich megállónál kell leszállni. A 30-as és 130-as buszról az Alkotmány utca megállónál kell leszállni. Innen még gyalog 5 perc a Radnics utcán keresztül a kollégium.

A zsűritagokat a **Palatinus Hotel**ben szállásoljuk el, ami Pécs belvárosában a Király utca 5. szám alatt található.

A Főpályaudvarról a konferencia helyszínére (Ifjúság útja 6.) a 30-as és 130-as járatokkal lehet eljutni.

A konferencia helyszínéről elérhető célpontok:
Ifjúság útja – Belváros: 30, 30Y, 130 (Barbakán – Székesegyház, Cella Septichora Csontváry kiállítás), Kórház tér, Zsolnay szobor)
Ifjúság útja – Zsolnay negyed: 30Y

Egyetemváros – Zsolnay negyed: 2, 2A
25, 26, 27 (Bóbita bábszínház megálló)
Főpályaudvar - Tettye tér, Tettye, Havihegyi út: 31, 33

Az **Ifjúság úti egyetemi parkoló** bejárata az "A" és "B" épülete között található. A porta 2015. április 8-9-én (szerdán-csütörtökön) 18 óráig lesz nyitva.

Az "A" épületben található **Ruhatár** (a Regisztráció közelében) az alábbiak szerint lesz nyitva:

- április 8. (szerda) 10:00-tól 19:00-ig
- április 9. (csütörtök) 7:30-tól 19:00-ig
- április 10. (péntek) 7:30-tól 14:00-ig

Internet elérés:
A PTE TTK Aulából elérhető a PTE-CONFERENCE hálózat.
username: OTDKBiológia
passwd: Biol2015

Tüke Busz honlap: http://www.tukebusz.hu/index.php
alaklmazás: https://play.google.com/store/apps/details?id=com.menetrend.tuke

Visit Pécs honlap:http://www.iranypecs.hu/hu/#
alkalmazás: https://play.google.com/store/apps/details?id=hu.markcon.tdm

TÁMOGATÓK

American Society for Microbiology

AuroScience Consulting Kft.

DE Hidrobiológiai Tanszék

FM Ramsari Egyezmény Magyar Nemzeti Bizottsága

KRONOSZ Kiadó

Magyar Idegtudományi Társaság

Magyar Mikrobiológiai Társaság

MTA Ökológiai Kutatóközpont

MTA SZBK Biokémiai Intézet

MTA SZBK Genetikai Intézet

Pécsi Tudományegyetem

TAGOZATOK

1.	Állatökológia	ÁLLÖKO
2.	Állatszervezettan és -élettan	ÁLLSZERV
3.	Bioinformatika	BIOINFO
4.	Biokémia I.	BIOKÉM1
5.	Biokémia II.	BIOKÉM2
6.	Biotechnológia	BIOTECH
7.	Etológia	ETOL
8.	Faunisztika	FAUN
9.	Genetika	GENET
10.	Hidrobiológia	HIDRO
11.	Humángenetika és -biológia	HUMGEN
12.	Immunológia	IMMUN
13.	Mikrobiológia I.	MIKRO1
14.	Mikrobiológia II.	MIKRO2
15.	Molekuláris biológia I.	MOLBI1
16.	Molekuláris biológia II.	MOLBI2
17.	Neurobiológia	NEUROBI
18.	Neurofiziológia	NEUROFIZ
19.	Növénybiológia	NÖVBIOL
20.	Növényökológia	NÖVÖKO
21.	Ökotoxikológia	ÖKOTOX
22.	Sejt- és molekuláris neurobiológia	SEJTNEU
23.	Taxonómia, filogenetika, populációgenetika	TAXON
24.	Természetvédelmi biológia I.	TERBIO1
25.	Természetvédelmi biológia II.	TERBIO2
26.	Viselkedésökológia	VISÖKO

A TELJES PROGRAM ÁTTEKINTŐJE

2015. április 08. szerda	2015. április 09. csütörtök	2015. április 10. péntek
	7 – 9 reggeli - ÉTTEREM	7 – 9 reggeli - ÉTTEREM
	08:00- délelőtti zsűrik tájékoztatója Kari Tanácsterem	
	8:30- ELŐADÁSOK Állatökológia, Bioinformatika, Genetika, Hidrobiológia, Immunológia, Mikrobiológia I., Molekuláris biológia I., Neurobiológia, Növénybiológia, Természetvédelmi biológia I.,	**10:00- DÍJKIOSZTÓ** Konferenciaterem
12:00- Regisztráció	12:20 zsűri tanácskozások	
	11:30 -14:30 EBÉD - ÉTTEREM	12:00- EBÉD - ÉTTEREM
13:20- Zsűritagok tájékoztatója Kari Tanácsterem	13:00- délutáni zsűrik tájékoztatója Kari Tanácsterem	
	13:30- ELŐADÁSOK Állatszervezettan és -élettan, Biokémia II., Biotechnológia,	
14:00- ELŐADÁSOK Biokémia I., Neurofiziológia,	Etológia, Faunisztika, Humángenetika és -biológia,	
Ökotoxikológia,	Mikrobiológia II.,	
Sejt- és molekuláris neurobiológia,	Molekuláris biológia II., Növényökológia,	
Taxonómia filogenetika, populáció-genetika, Viselkedésökológia	Természetvédelmi biológia II.	
16:20- zsűri tanácskozások	16:00- zsűri tanácskozások	
	17:30- **HALLGATÓI VACSORA**	
18:00-MEGNYITÓ Konferenciaterem	és BULI	
	18:30 -19:30	
19:00- FOGADÁS ÁOK Aula	ZSŰRIELNÖKÖK TANÁCSA Kari Tanácsterem	
	20:00- OKTATÓI VACSORA Hotel Palatinus	

2015. április 8., szerda

12:00 **Regisztráció**

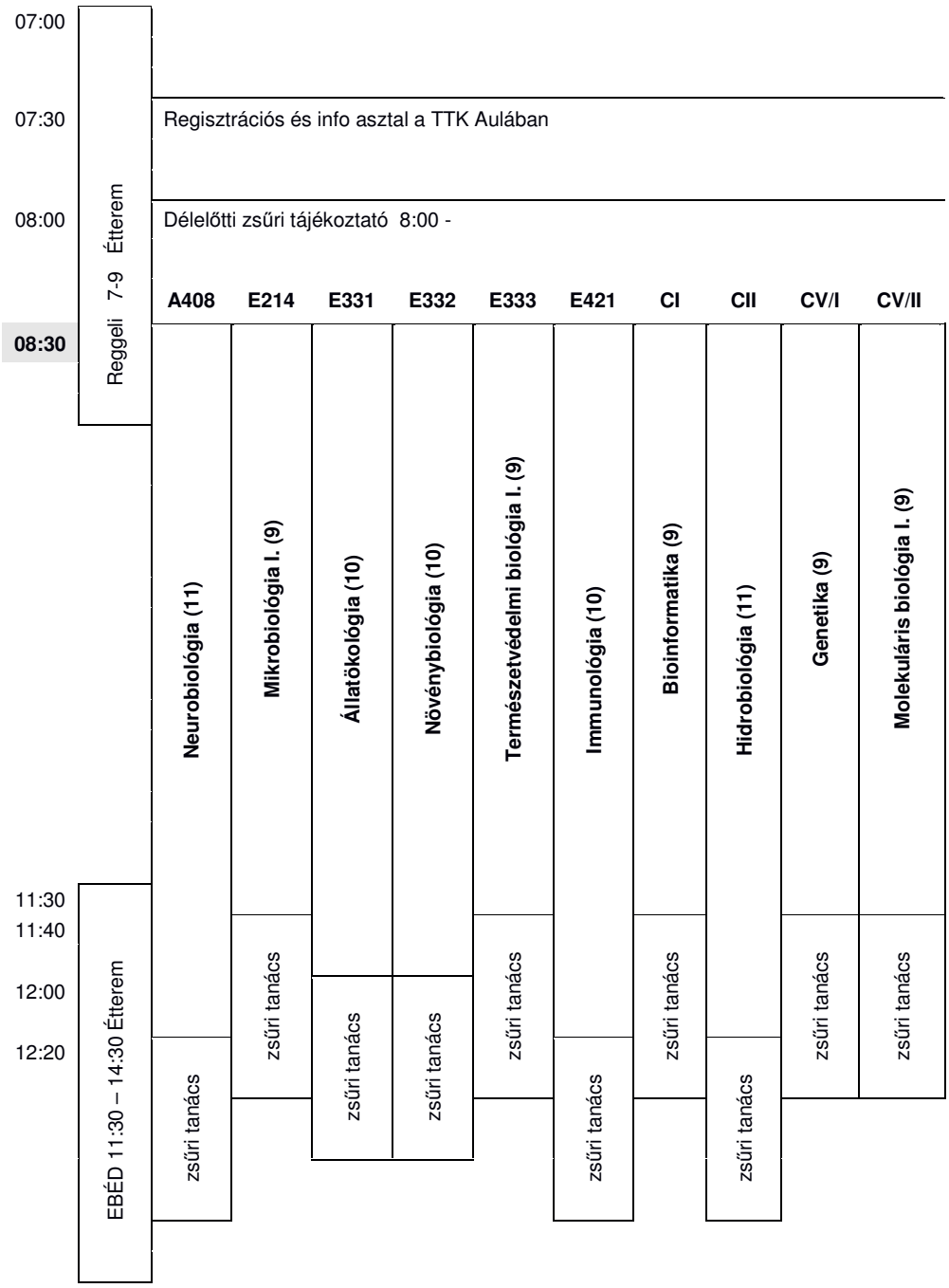
13:20 Zsűrielnökök és zsűritagok tájékoztatója 13:20 -

	A408	E214	E331	E332	E333	E421
14:00	**Neurofiziológia (7)**	**Sejt- és molekuláris neurobiológia (7)**	**Ökotoxikológia (7)**	**Viselkedésökológia (7)**	**Taxonómia, filogenetika, populációgenetika (7)**	**Biokémia I (6)**
16:10	zsűri tanács	zsűri tanács	zsűri tanács	zsűri tanács	zsűri tanács	zsűri tanács
17:10						

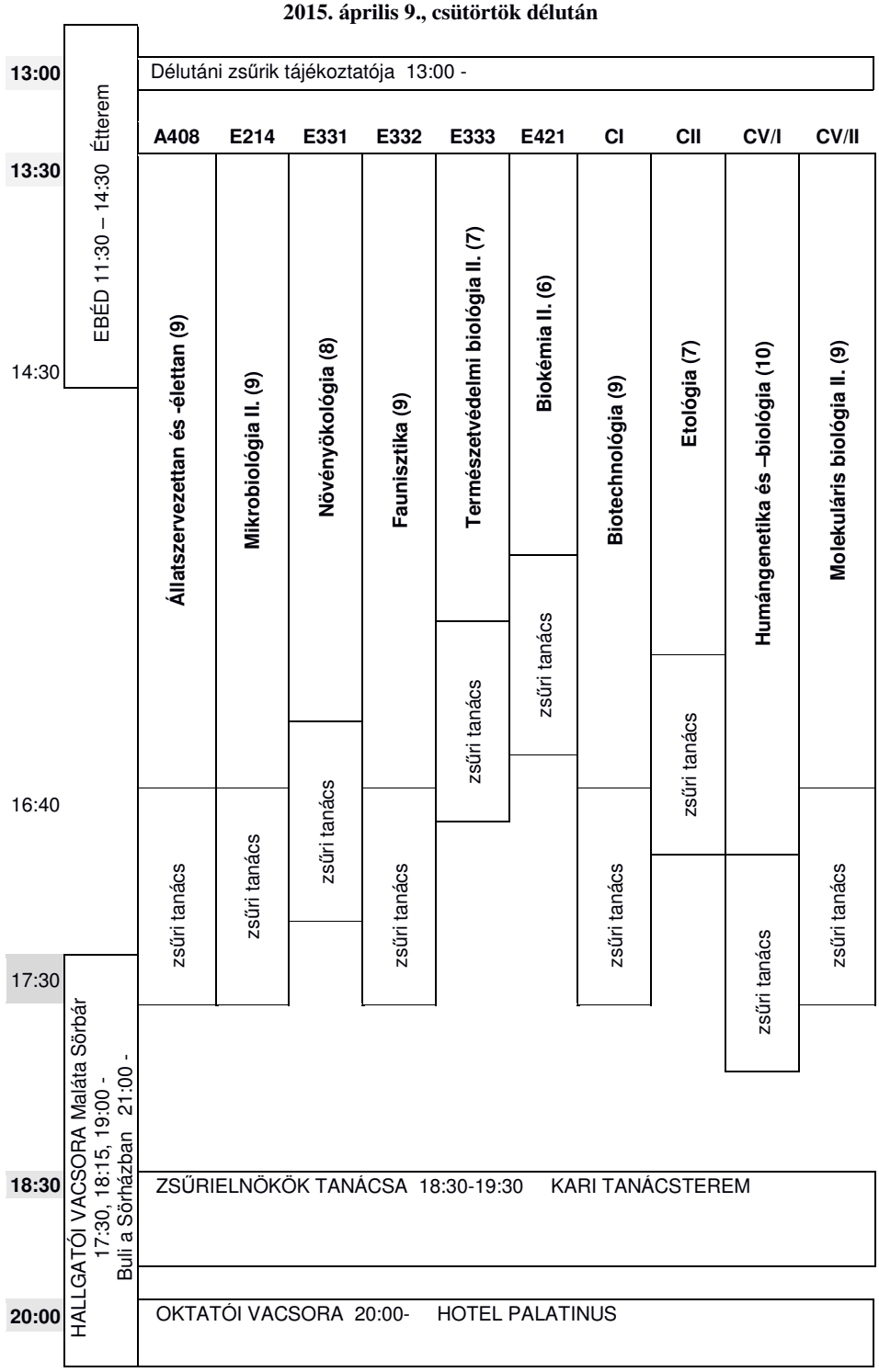
18:00 **MEGNYITÓ** **Vargha Damján konferenciaterem 18:00 -**

19:00 FOGADÁS - ÁOK Aula 19:00 -

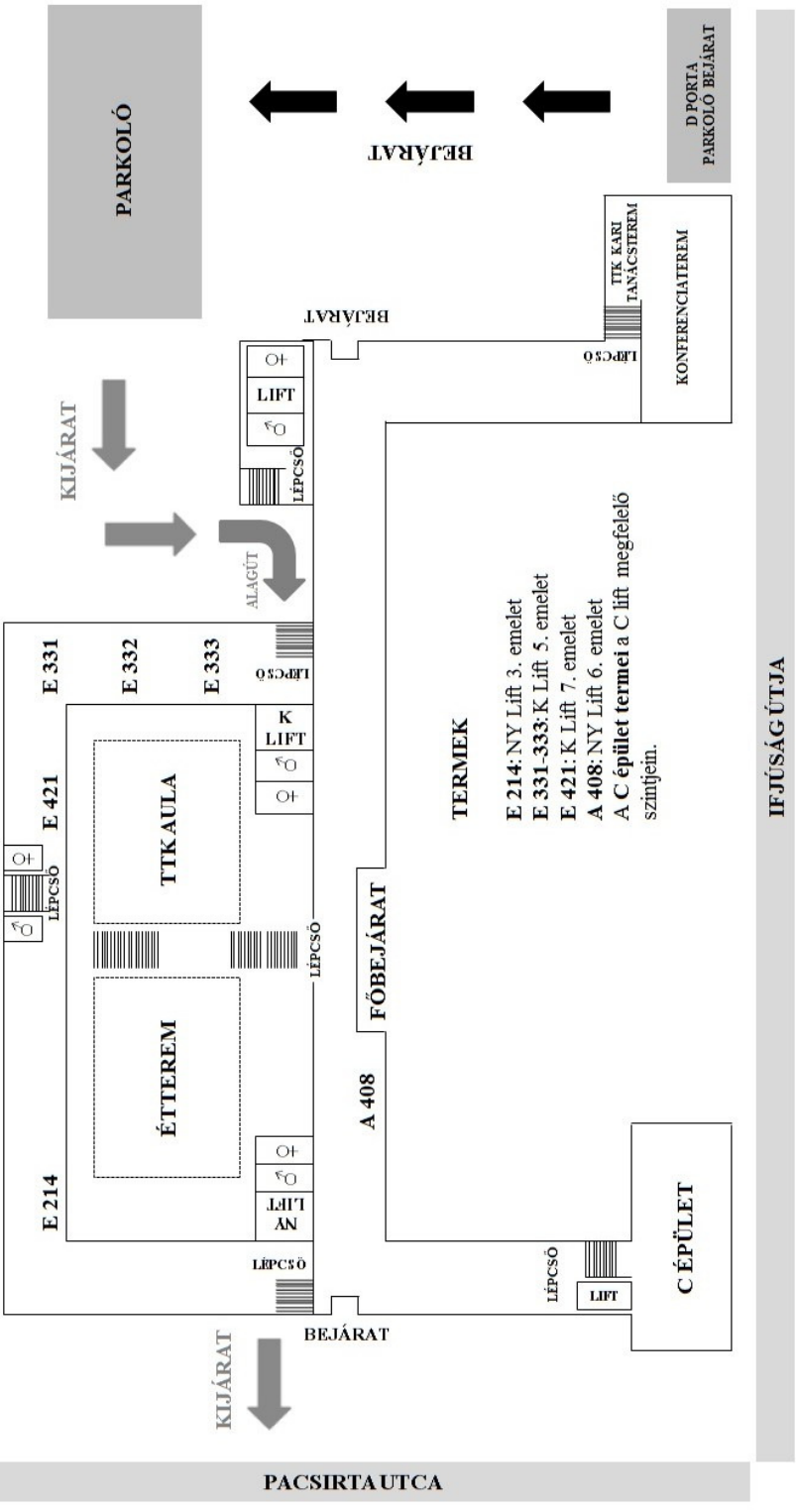
2015. április 9., csütörtök délelőtt



2015. április 9., csütörtök délután



TTK ALAPRAJZ



ÁLLÖKO

1 ÁLLATÖKOLÓGIA — E331 terem — 2015. április 09. csütörtök, 8:30

ZSŰRI elnök: **Prof. Lanszki József** KE AKK
tagok: **Dr. Elek Zoltán** ELTE TTK
Dr. Gallé Róbert SZTE TTIK

	ELŐADÁSOK	szerzők	
08:30	A kék cinege (*Parus caeruleus*) őszi vonulása két magyarországi élőhelyen	Frühwirth Andrea	ÁLLÖKO-1
08:50	A pókok,mint táplálékállatok szerepének vizsgálata néhány odúlakó madárfajnál.	Mészáros Dávid	ÁLLÖKO-2
09:10	A vörös róka (*Vulpes vulpes*) kisemlős csapdázásra adott predációs válaszának modellezése	Somogyi Balázs, Hársági Dorottya, Morvai Anita	ÁLLÖKO-3
09:30	Erdőgazdálkodás során létrejött mesterséges lékek kisemlősök populációdinamikájára gyakorolt fragmentáló hatásának vizsgálata multi-state modellek alapján	Polgári Botond	ÁLLÖKO-4
09:50	Fluktuáló aszimmetria a nagy tarkalepkénél (*Melitaea phoebe*) (*Lepidoptera, Nymphalidae*)	Váradi Alex	ÁLLÖKO-5
10:10	SZÜNET		
10:20	Két gyakori hazai békafaj ebihal denzitásával összefüggő biotikus és abiotikus tényezők vizsgálata a Pilis-Visegrádi hegységben	Tóth Zsófia	ÁLLÖKO-6
10:40	Koegzisztens kisemlősök intra- és interspecifikus térbeli mintázata lékvágásos erdőgazdálkodással fragmentált erdőfoltokban	Zelles Mónika	ÁLLÖKO-7
11:00	Táji- és élőhely jellemzők hatása életmenet jelleg függvényében dél-kiskunsági gyepek poloskaegyütteseinek diverzitására	Turóczi Tamás Gyula	ÁLLÖKO-8
11:20	Talajlakó fitonematoda populáció vizsgálata egy alföldi arid területen	Kerekes Ivett Kriszta	ÁLLÖKO-9
11:40	Tolltetű fajok terjedési stratégiáinak kísérletes vizsgálata egy ragadozó madáron	Piross Imre Sándor	ÁLLÖKO-10
12:00	ZSŰRI MEGBESZÉLÉS		

ÁLLSZERV

2 ÁLLATSZERVEZETTAN ÉS -ÉLETTAN — A408 terem — 2015. április 09. csütörtök, 13:30

ZSŰRI
elnök: **Prof. Détári László** ELTE TTK
tagok: **Dr. Gellért Levente** SZTE TTIK
Dr. Völgyi Béla PTE TTK

	ELŐADÁSOK	szerzők	
13:30	A bursa Fabricii dendritikus sejtjeinek karakterizálása egy új monoklonális ellenanyaggal	Harmati Petra-Anikó	ÁLLSZERV-1
13:50	A Caskin állványfehérje hatása a dendrittüskékre és a tanulási folyamatokra	Csehiné Pusztai Szilvia Anna	ÁLLSZERV-2
14:10	A lizil-oxidáz enzim expressziójának változása streptozotocin-indukált krónikus diabéteszes állatok különböző bélszakaszaiban	Giricz Zsófia	ÁLLSZERV-3
14:30	A median raphe sejtjeinek glutamaterg természete, a szerotonerg rendszer új nézőpontból	Mayer Márton István	ÁLLSZERV-4
14:50	A RAAS rendszer gátlásának szerepe a diabéteszes nefropátiában	Szkibinszkij Edgár	ÁLLSZERV-5
15:10	SZÜNET		
15:20	A stressz hatása a vér-agy gátra: morfológiai vizsgálat patkányokban	Mészáros Mária	ÁLLSZERV-6
15:40	Az áramlás hatása agyi endotélsejtek szerkezetére és működésére: vizsgálatok egy új dinamikus, integrált modellen	Petneházi András	ÁLLSZERV-7
16:00	Az endoszkeletális regeneráció jellemzése zebradánió (*Danio rerio*) mellúszó regenerációja során	Pápai Nóra	ÁLLSZERV-8
16:20	*In vitro* ezüst és arany nanopartikulumok toxicitásának vizsgálata coelomasejteken	Bodó Kornélia	ÁLLSZERV-9
16:40	ZSŰRI MEGBESZÉLÉS		

BIOINFO

3 BIOINFORMATIKA — CI. terem — 2015. április 09. csütörtök, 8:30

ZSŰRI
elnök: **Dr. Barta Endre** MBK
tagok: **Dr. Ötvös Ferenc** MTA SZBK
Tukacs Edit AstridBio Kft.

	ELŐADÁSOK	szerzők	
08:30	A humán transzmembrán proteom meghatározása és vizsgálata	Dobson László	BIOINFO-1
08:50	A *Salmonella* és az ember gazda-patogén kapcsolatainak feltérképezése	Gul Lejla	BIOINFO-2
09:10	A *Salmonella typhimurium* kísérletesen igazolt és ortológia alapján jósolt protein-protein interakciós hálózata	Demeter Amanda	BIOINFO-3
09:30	Konzervált nem kódoló szekvenciák evolúciós elemzése	Tóth Réka	BIOINFO-4
09:50	Multidrog-transzporterek, metabolikus enzimek és promiszkuis nukleáris receptorok drogfelismerésének összehasonlítása	Harmat Zita	BIOINFO-5
10:10	SZÜNET		
10:20	Rendezetlen fehérjék komplexeinek bioinformatikai vizsgálata	Lázár Tamás	BIOINFO-6
10:40	Rendezetlen kötőmotívumok kinyerése és elemzése a PDB fehérjeszerkezet adatbázisból	Szepes Dóra	BIOINFO-7
11:00	RNS térszerkezetek összehasonlítása a szekvenciális távolságok eloszlása alapján	Fodor Mátyás	BIOINFO-8
11:20	Stressz hatására indukálódó nat-siRNS-ek kimutatása *Nicotiana benthamiana*-ban bioinformatikai módszerek alkalmazásával	Dikó Anna Emese	BIOINFO-9
11:40	ZSŰRI MEGBESZÉLÉS		

BIOKÉM1

4	**BIOKÉMIA I.**	**E421** terem	2015. április 08. szerda, 14:00

ZSŰRI
elnök: **Prof. Sarkadi Balázs** MTA EI
tagok: **Dr. Venekei István** ELTE TTK
Dr. Sétáló György PTE ÁOK

	ELŐADÁSOK	szerzők	
14:00	A genomi uracil előfordulásának és eloszlásának vizsgálata	Nagy Kinga	BIOKÉM1-1
14:20	Heterodimerek képződése a komplement rendszer lektin útvonalának szerinproteázai között	Hermann Ágnes	BIOKÉM1-2
14:40	Poliolok hatása amiloid fibrillumok képződésére	Szabó Kitti	BIOKÉM1-3
15:00	*Rhizopus stolonifer* járomspórás gomba lipáz enzimének tisztítása és jellemzése	Sója Andrea Mónika	BIOKÉM1-4
15:20	Szerkezeti és működési vizsgálatok egy VI. típusú szulfid kinon oxidoreduktáz enzimen	Németh Brigitta	BIOKÉM1-5
15:40	*Trichoderma harzianum* törzs által termelt peptaibol vegyületek szerkezetének meghatározása és tisztítása	Vágvölgyi Máté	BIOKÉM1-6
16:00	ZSŰRI MEGBESZÉLÉS		

BIOKÉM2

5	**BIOKÉMIA II.**	**E421** terem	2015. április 09. csütörtök, 13:30

ZSŰRI
elnök: **Prof. Nyitray László** ELTE TTK
tagok: **Dr. Pap Marianna** PTE ÁOK
Dr. Jakab Endre BBTE BGK

	ELŐADÁSOK	szerzők	
13:30	A dohányzás károsító hatásának molekuláris vizsgálata dohányzó és nem dohányzó édesanyáktól született újszülöttek köldökzsinór mintáiban	Zahorán Szabolcs	BIOKÉM2-1
13:50	A kénhidrogén protektív hatásának és a hem-oxigenáz enzimrendszer antioxidáns szerepének tanulmányozása kísérletes colitis patkánymodellben	Korsós Marietta Margaréta	BIOKÉM2-2
14:10	A szérum fehérjéken előforduló poszttranszlációs módosítások dúsítása fémaffinitás kromatográfiás eljárásokkal	Rafai Tímea	BIOKÉM2-3
14:30	Az EPAC jelátviteli fehérje DEP-doménjének kötődése lipid jelátvivő molekulákhoz	Széky Balázs	BIOKÉM2-4
14:50	Szekvenciális fehérje extrakció optimalizálása bőrbetegségek proteomikai vizsgálatához	Bozó Renáta	BIOKÉM2-5
15:10	TPPP/p25: Egy rendezetlen fehérje kettős élete	Szabó Adél	BIOKÉM2-6
15:30	ZSŰRI MEGBESZÉLÉS		

BIOTECH

6 BIOTECHNOLÓGIA

CI. terem | 2015. április 09. csütörtök, 13:30

ZSŰRI
elnök: **Dr. Karaffa Levente** DE TTK
tagok: **Dr. Kerepesi Ildikó** PTE TTK
Dr. Kvell Krisztián PTE ÁOK

	ELŐADÁSOK	szerzők	
13:30	Alternatív hidrogén termelő módszerek vizsgálata alga-baktérium kultúrákban	Laszli Adrienn	BIOTECH-1
13:50	Áramlási citometriás diagnosztikai tesztrendszer kidolgozása szerves kation transzporterekre	Király Kinga Zsófia	BIOTECH-2
14:10	Hulladékhasznosítással kapcsolt biológiai talajjavítás	Rédei Eszter	BIOTECH-3
14:30	Keverőbabás extrakció (SBSE) módszer alkalmazása a gomba biomassza meghatározására	Szabó Tamás	BIOTECH-4
14:50	Különböző kolloidok és nanorészecskék hatása a corneális sebgyógyulásra in vitro és a kromatin kondenzációra	Kukoricza Krisztina, Jákim Judit	BIOTECH-5
15:10	SZÜNET		
15:20	Mennyire "zöld" a napelem? A matt napelemek használata megoldás lehet a poláros fényszennyezés csökkentésére	Mihályi Dávid Krisztián	BIOTECH-6
15:40	Nyúl miRNS-ek azonosítása és expressziójának vizsgálata különböző korú embriókban és őssejtekben	Németh Kinga	BIOTECH-7
16:00	RNS alapú diagnosztikai módszer kidolgozása az alma vírusfertőzöttségének kimutatására	Varga Tünde	BIOTECH-8
16:20	Újgenerációs alga alapú biohidrogéntermelési módszer fejlesztése	Dorogházi Beáta	BIOTECH-9
16:40	ZSŰRI MEGBESZÉLÉS		

7	**ETOLÓGIA**	**CII.** terem	2015. április 09. csütörtök, 13:30

ZSŰRI
elnök: **Dr. Gyurácz József** NYME TTK
tagok: **Dr. Németh Zoltán** DE TTK
Dr. Bán Miklós DE TTK

	ELŐADÁSOK	szerzők	
13:30	A társas ingerekkel való előkezelés szerepe a fizikai környezetben bekövetkező változások detektálásában	Kupper Boróka	ETOL-1
13:50	A terepviszonyok hatása a viselkedéskategóriák automatizált gépi azonosítására	Jégh Attila	ETOL-2
14:10	Dominancia vizsgálata zebrapintyek között	Drexler Tamás	ETOL-3
14:30	Kooperáció vizsgálata gyűrűsfarkú makikon (*Lemur catta*) a dominancia, szociális és rokonsági viszonyok függvényében	Bíró Gina	ETOL-4
14:50	Kutyaugatás, mint zajszennyezés - a kutya-vokalizáció emberekre gyakorolt hatásának kísérletes vizsgálata	Czinege Nikolett	ETOL-5
15:10	SZÜNET		
15:20	Milyen érzelmi hátteret tulajdonítanak az emberek kutya és ember vokalizációknak?	Marx András	ETOL-6
15:40	Oxytocin hatása az ásítás „ragadósságára” kutyák (*Canis familiaris*) esetében	Tóth Katinka	ETOL-7
16:00	ZSŰRI MEGBESZÉLÉS		

FAUN

8 FAUNISZTIKA — E332 terem — 2015. április 09. csütörtök, 13:30

ZSŰRI
elnök: **Prof. Hornung Erzsébet** SZIE ÁOTK
tagok: **Dr. Antal László** DE TTK
Dr. Csúzdi Csaba EKF TTK

	ELŐADÁSOK	szerzők	
13:30	Adatok Nagydobrony és Jánosi környéki területek valódi kullancs (*Ixodidae*) faunájához	Molnár Attila	FAUN-1
13:50	A denevérlegyek (*Diptera: Nycteribiidae*) elterjedésének sajátosságai a Bükk hegység területén	Szentiványi Tamara	FAUN-2
14:10	A fajkompozíció és a közösségi struktúra denzitásfüggő változása lékvágással fragmentált erdőfoltok kisemlős együtteseinél	Jánosa Gergely	FAUN-3
14:30	A Nagydobronyi Vadvédelmi Rezervátum futóbogarai (*Coleoptera: Carabidae*)	Katona Krisztián	FAUN-4
14:50	A Ráti bányatóban és a Latorca csapi morotvájának vízterében élő makrogerinctelen fauna összehasonlító faunisztikai vizsgálata	Illár Máté	FAUN-5
15:10	SZÜNET		
15:20	A szőlő fás-részeiben fejlődő szaproxilofág bogárfajok	Németh Tamás	FAUN-6
15:40	Kisemlősök vírusfertőzöttségének tér-időbeli mintázata a Kőszegi-forrás Erdőrezervátum (Mecsek-hegység) területén	Rácz Arnold, Németh Emese	FAUN-7
16:00	Változások a hazai vízi- és vízfelszíni poloska faunában az első fajlistától napjainkig	Bozóki Tamás	FAUN-8
16:20	Zengőlegyek előfordulása Bős térségében	Bindics Barnabás	FAUN-9
16:40	ZSŰRI MEGBESZÉLÉS		

9	**GENETIKA**	**CV/1.** terem	2015. április 09. csütörtök, 8:30

ZSŰRI elnök: **Prof. Vellai Tibor** ELTE TTK
tagok: **Dr. Bajusz Izabella** MTA SZBK
Dr. Hoffmann Gyula PTE TTK

	ELŐADÁSOK	szerzők	
08:30	A ciszplatin toxicitásának vizsgálata sejtciklus ellenőrzési és DNS-hibajavítási mutánsokon *Drosophila melanogaster*ben	Ottlik Dorottya	GENET-1
08:50	A *Drosophila* Atg6 szerepe a Notch jelátvitel szabályozásában	Lakatos Zsolt	GENET-2
09:10	A Hox gének szerepe a Notch homológ receptorok expressziójában	Boglári Csaba	GENET-3
09:30	A Hps1 és a Hps4 fehérje autofágiában betöltött szerepének vizsgálata	Tóth Sarolta	GENET-4
09:50	Az autofág gének és az uvrag szerepe a *Drosophila* bélőssejtek osztódásában	Kovács Laura	GENET-5
10:10	SZÜNET		
10:20	Az izom differenciálódást és a sarcomer képződést szabályozó IV-es kollagén peptid domain-ek azonosítása interallélikus komplementáció révén	Kiss András Attila	GENET-6
10:40	Egy feltételezett ubikvitin receptor jellemzése	Varga Júlia	GENET-7
11:00	Két feltételezett *Drosophila* dezubikvitiláz genetikai jellemzése	Borkúti Péter	GENET-8
11:20	Szerkezet és funkció összefüggésének vizsgálata az élesztő Rad18 fehérjében.	Frittmann Orsolya	GENET-9
11:40	ZSŰRI MEGBESZÉLÉS		

HIDRO

10 HIDROBIOLÓGIA — CII. terem — 2015. április 09. csütörtök, 8:30

ZSŰRI
elnök: **Dr. Grigorszky István** DE TTK
tagok: **Dr. Somogyi Boglárka** MTA BLI
Dr. Szalma Elemér SZTE JGYPK

	ELŐADÁSOK	szerzők	
08:30	A Nagyteveli-tározó parti sávjának értékelése az Integrált Makrofita Minősítési Index (IMMI) és a Partvonal Funkcionalitási Index (SFI) alapján	Bakonyi Krisztina	HIDRO-1
08:50	A Tócó-patak kovaalga közösségének kolonizációs vizsgálata	Lukács Áron	HIDRO-2
09:10	Extremofil baktériumközösségek diverzitása az Ojos del Salado vulkán (Száraz-Andok) magashegyi tavainak üledékében	Aszalós Júlia Margit	HIDRO-3
09:30	Ivóvíz vízminősítés biológiai és bakteriológiai vizsgálati módszerekkel	Gonda Csilla	HIDRO-4
09:50	Ki mikor győz a békalencse – tócsagaz versenyben?	Vicei Tibor Tamás, Koleszár Gergő	HIDRO-5
10:10	SZÜNET		
10:20	Kisrák zooplankton közösségek szezonális mintázatai kiskunsági asztatikus szikes tavakban	Senánszky Vera	HIDRO-6
10:40	Kitartó képletek (turion) képződése, mint stressz elkerülő stratéga vizsgálata bojtos békalencse (*Spirodela polyrrhiza*) modell-rendszerben	Hepp Anna	HIDRO-7
11:00	Legelőtavak vízkémiai állapotfelmérése vízkémiai paraméterek alapján	Győri Ágnes	HIDRO-8
11:20	Occurence and excessive development of Mougeotia sp. in large, deep lakes	Tapolczai Kálmán	HIDRO-9
11:40	Tavaszi kovaalga (*Centrales*) vízvirágzás a Dunán Gödnél	Hidas András János	HIDRO-10
12:00	Vizsgálatok a balatoni halfajokban élősködő mételyeken, valamint azok csigákban és kagylókban élő fejlődési stádiumain	Sándor Diána	HIDRO-11
12:20	ZSŰRI MEGBESZÉLÉS		

HUMGEN

11 HUMÁNGENETIKA ÉS -BIOLÓGIA

CV/1. terem

2015. április 09.
csütörtök, 13:30

ZSŰRI
elnök: **Prof. Raskó István** MTA SZBK
tagok: **Dr. Balog István** DE ÁOK
Dr. Karcagi Veronika OKI

	ELŐADÁSOK	szerzők	
13:30	Anyai plazma mikroRNS-ek felhasználásának vizsgálata a veleszületett szívfejlődési rendellenességek kimutatásában	Biró Orsolya	HUMGEN-1
13:50	Európai romák genetikai kapcsolata kaukázusi etnikumokkal, vándorlásuk és keveredésük	Szabó Titanilla	HUMGEN-2
14:10	Genotipizálást befolyásoló tényezők az igazságügyi célú DNS-profil nyilvántartásban: allél kiesés/beesés jelenségei; allélok statisztikai kiértékelése	Farkas Zsuzsanna	HUMGEN-3
14:30	Hajszín meghatározása SNP markerek alapján	Borbély Andrea	HUMGEN-4
14:50	Különleges formájú jelképes trepanációk a Kárpát-medencében	Váradi Orsolya Anna	HUMGEN-5
15:10	SZÜNET		
15:20	Magas hiperdiploid pre-B-sejtes gyermekkori akut limfoblasztos leukémiás betegek kromoszómaszám-változásának és kromoszomális instabilitásának analízise interfázisos sejtmagokban	Varga Dániel	HUMGEN-6
15:40	Membrán-transzporterek genetikai variánsainak vizsgálata vérképző szervrendszeri megbetegedésekben	Papp Rita	HUMGEN-7
16:00	MikroRNS expresszió-változások vizsgálata humán vastagbéltumorokban, tumorsejtekben és a tumorstromában	Molnár Anna	HUMGEN-8
16:20	Taxán metabolizmust befolyásoló citokróm P450 gének polimorfizmusai roma és magyar populációban	Ganczer Alma	HUMGEN-9
16:40	Teljes exomszekvenálás alkalmazása mitokondriális betegségekben: kongenitális laktátacidózis egy esete	Pösztyéni Etelka	HUMGEN-10
17:00	ZSŰRI MEGBESZÉLÉS		

IMMUN

12 IMMUNOLÓGIA — E421 terem — 2015. április 09. csütörtök, 8:30

ZSŰRI
elnök: **Prof. Pongrácz Judit** PTE ÁOK
tagok: **Dr. Engelmann Péter** PTE ÁOK
Dr. Gácser Attila SZTE TTIK

	ELŐADÁSOK	szerzők	
08:30	A certolizumab pegol által indukált reverz jelátvitel vizsgálata professzionális immunsejteken	Török Annamária, Sipos Orsolya	IMMUN-1
08:50	A CR3 és CR4 komplementreceptorok szerepe humán monociták és makrofágok adherenciájában	Lukácsi Szilvia Zsófia	IMMUN-2
09:10	A H-faktorral rokon humán CFHR5 fehérje szerepe: komplementgátlás helyett komplementaktiválás	Zöldi Miklós	IMMUN-3
09:30	A neonatális Fc receptor (FcRn) IgG kötésének, és a humorális immunválasz diverzitásának vizsgálata bFcRn transzgenikus egerekben	Szikora Bence	IMMUN-4
09:50	A Tumor Nekrózis Faktor kétirányú jelfolyamata	Sipos Orsolya, Török Annamária	IMMUN-5
10:10	SZÜNET		
10:20	Az anti-koleszterin ellenanyagok (pato)fiziológiás szerepének nyomában	Szenes Éva	IMMUN-6
10:40	Az Irgm3 GTPáz vizsgálata a kölcsönható molekulákon keresztül- egy új lehetséges út a Toxoplasma gondii fertőzés elkerülésére	Orosz Anita	IMMUN-7
11:00	Ellenanyagok affinitásérésének nyomon követése felületi plazmon rezonancia módszerrel	Nagy Antal Balázs	IMMUN-8
11:20	Follikuláris helper T-sejtek vizsgálata szisztémás autoimmun kórképekben	Kovács Antonietta	IMMUN-9
11:40	T-, NK-, NKT-sejtek vizsgálata szisztémás sclerosisban	Kardos Dorottya	IMMUN-10
12:00	ZSŰRI MEGBESZÉLÉS		

MIKRO1

13 MIKROBIOLÓGIA I. — E214 terem — 2015. április 09. csütörtök, 8:30

ZSŰRI
elnök: **Prof. Vágvölgyi Csaba** SZTE TTIK
tagok: **Dr. Fekete Csaba** PTE TTK
Prof. Maráz Anna BCE ÉTK

	ELŐADÁSOK	szerzők	
08:30	A cekendi csurgalékvíz mikrobiális diverzitásának vizsgálata különleges tenyésztési technikákkal	Fikó Dezső Róbert, Tankó György	MIKRO1-1
08:50	Almafajták hatása probiotikus baktérium mennyiségi változására	Liba Zsuzsanna, Vaskó Henrietta	MIKRO1-2
09:10	A Szent Anna-tó üledékének baktériumközösségi profilja	Nagy Hajnalka	MIKRO1-3
09:30	Biofilm kolonozáció követése molekuláris mikrobiológiai módszerekkel szennyvíztisztító rendszerben	Zsolnai Pálma	MIKRO1-4
09:50	Egy budapesti termálfürdő baktérium közösségeinek vizsgálata tenyésztéses módszerekkel	Szuróczki Sára	MIKRO1-5
10:10	SZÜNET		
10:20	Heliotermikus sós tavak planktonikus mikrobaközösségei	Nagy Balázs József	MIKRO1-6
10:40	Különböző karakterű kiskunsági szikes tavak baktériumközösségeinek összehasonlítása	Korponai Kristóf	MIKRO1-7
11:00	Terméshozam növelést fokozó talajoltó baktériumok savanyú kémhatású mezőgazdasági talajokban történő nyomon követése egy 16 hetes vizsgálati periódus során	Kari András	MIKRO1-8
11:20	Vastagbél mikrobiota összetételének és stabilitásának nyomonkövetése humán emésztési modellben mikrobiológiai és molekuláris biológiai módszerekkel	Szabó Lilla	MIKRO1-9
11:40	ZSŰRI MEGBESZÉLÉS		

MIKRO2

14 MIKROBIOLÓGIA II. — E214 terem — 2015. április 09. csütörtök, 13:30

ZSŰRI
elnök: **Prof. Márialigeti Károly** ELTE TTK
tagok: **Dr. Csire Márta** OEK
Dr. Fekete Erzsébet DE TTK

	ELŐADÁSOK	szerzők	
13:30	A linalool prooxidáns és antioxidáns hatásainak vizsgálata *Candida albicans* modellszervezeten	Kovács Dominika	MIKRO2-1
13:50	A *Mucor circinelloides* HMG- KoA enzimeinek sejten belüli lokalizációja	Páll Orsolya	MIKRO2-2
14:10	A nyugat-nílusi láz vírusának rezervoár fajai	Iván Lívia	MIKRO2-3
14:30	Baktériumok es gombák multiplex detektálása Real-time PCR es FRET technikával	Vadovics Máté	MIKRO2-4
14:50	Gombák okozta véráram-fertőzések előfordulása a Szegedi Tudományegyetem klinikáin	Venkei Annamária	MIKRO2-5
15:10	SZÜNET		
15:20	HMG-KoA reduktáz gének kifejeződése a *Mucor circinelloides* járomspórás gomba anaerob tenyésztése során	Tóth Dóra Erika	MIKRO2-6
15:40	*Staphylococcus aureus* lítikus fágjának kötődését befolyásoló környezeti tényezők és genomjának összehasonlítása más fág genomokkal	Dunai Dániel Imre	MIKRO2-7
16:00	Új madár picornavírusok (Orivírus A1 és A2) azonosítása és teljes genom elemzése: rekombinációs események és változékony genom-régiók egy új picornavírus nemzetség első tagjaiban	Adonyi Ádám	MIKRO2-8
16:20	Új picornavírusok genetikai jellemzése *Miniopterus schreibersii* denevérekben	Dallos Bianka	MIKRO2-9
16:40	ZSŰRI MEGBESZÉLÉS		

MOLBI1

15 MOLEKULÁRIS BIOLÓGIA I. — CV/2. terem — 2015. április 09. csütörtök, 8:30

ZSŰRI
elnök: **Dr. Deák Péter** SZTE TTIK
tagok: **Dr. Jakab Ferenc** PTE TTK
Dr. Juhász Gábor ELTE TTK

	ELŐADÁSOK	szerzők	
08:30	A Retinoblasztoma tumorszupresszor (RBR) és az E2FB transzkripciós faktor szerepe a sejtosztódás szabályozásában a fejlődő *Arabidopsis* növényben	Őszi Erika	MOLBI1-1
08:50	Az adipocita differenciációt indukáló komponensek vizsgálata	Pataki Zoltán János	MOLBI1-2
09:10	Az Rybp polycomb fehérje szerepének vizsgálata a szívizom kialakulásában	Vajda Flóra	MOLBI1-3
09:30	Az ucortin2 jelátviteli kapcsolatainak vizsgálata PC 12 sejtekben	Balogh Bálint	MOLBI1-4
09:50	Drog rezisztens sejtek célzott elpusztítása és „átprogramozása” MDR-szelektív vegyületekkel	Nagy Veronika	MOLBI1-5
10:10	SZÜNET		
10:20	Ezüst nanorészecskék citotoxikus hatásának vizsgálata tumoros sejtvonalakon.	Keskeny Csilla, Igaz Nóra	MOLBI1-6
10:40	Inflammaszóma komponensek expressziója és aktivációja agyi endotélsejtekben	Kozma Mihály	MOLBI1-7
11:00	Kutya limfómák drog rezisztenciájának kialakulása	Karai Edina	MOLBI1-8
11:20	Vastagbéldaganatok mTOR (mammalian target of rapamycin) aktivitásának és mTOR gátlók hatásának vizsgálata	Molnár Anna	MOLBI1-9
11:40	ZSŰRI MEGBESZÉLÉS		

MOLBI2

16 MOLEKULÁRIS BIOLÓGIA II.

CV/2. terem

2015. április 09.
csütörtök, 13:30

ZSŰRI
elnök: **Prof. Gallyas Ferenc** PTE ÁOK
tagok: **Dr. Pankotai Tibor** SZTE TTIK
Vellainé Dr. Takács Krisztina ELTE TTK

	ELŐADÁSOK	szerzők	
13:30	A *Drosophila* Mon1-Ccz1 Rab7 GEF komplex szerepe az autofágiában	Boda Attila	MOLBI2-1
13:50	A flagelláris exportszignál meghatározó szegmenseinek azonosítása	Baráth Veronika	MOLBI2-2
14:10	Diszulfidhíd-stabilizált Trp-kalitka minifehérjék vizsgálata NMR spektroszkópiával	Koltai András	MOLBI2-3
14:30	Egy őssejtspecifikus mikroRNS klaszter, a C19MC expressziójának vizsgálata	Fóthi Ábel	MOLBI2-4
14:50	Fehérje-fehérje kölcsönhatások vizsgálata atomerő-mikroszkóppal	Szücs Mihály	MOLBI2-5
15:10	SZÜNET		
15:20	Lepidium cDNS-könyvtárral transzformált *Arabidopsis* növények ozmotikus toleranciájának vizsgálata	Balogh Gergő Mihály	MOLBI2-6
15:40	Metasztázis-asszociált ezrin és S100A4 fehérjék kölcsönhatásának jellemzése	Vadászi Henrietta	MOLBI2-7
16:00	Stressz hatásának vizsgálata az epilepszia molekuláris szabályozásában vad típusú és Alzheimer-modell egértörzsekben	Ivitz Eszter Virág	MOLBI2-8
16:20	Véletlenszerű integráció hatékony csökkentése CRISPR/Cas9 rendszerrel	Krausz Sarah Laura	MOLBI2-9
16:40	ZSŰRI MEGBESZÉLÉS		

NEUROBI

17 NEUROBIOLÓGIA — A408 terem — 2015. április 09. csütörtök, 8:30

ZSŰRI
elnök: **Dr. Hernádi István** PTE TTK
tagok: **Dr. Benyhe Sándor** MTA SZBK
Dr. Kiss Péter PTE ÁOK

	ELŐADÁSOK	szerzők	
08:30	A hipotalamusz paraventrikuláris magjából felszabaduló vazopresszin szerepe a stressz-indukálta viselkedésben	Csikota Péter	NEUROBI-1
08:50	A kannabinoidok szerepe a szociális kihívásokra adott válaszreakciók szabályozásában	Varga Zoltán Kristóf	NEUROBI-2
09:10	A laterális hypothalamust célzó prefrontális kérgi projekciók agresszióban betöltött szerepének optogenetikai vizsgálata	Bruzsik Bíborka	NEUROBI-3
09:30	A neuronális plaszticitás példája az arcuatus magban éhezés során	Matuska Rita	NEUROBI-4
09:50	A szociális izoláció okozta abnormális agresszió etológiai jellemzése és a háttérben álló idegrendszeri mechanizmusok vizsgálata patkányokban	Miskolczi Christina	NEUROBI-5
10:10	SZÜNET		
10:20	Az endokannabinoid rendszer modulálása a migrén nitroglicerin indukálta állatkísérletes modelljében	Spekker Eleonóra	NEUROBI-6
10:40	Kemokinek szerepe sclerosis multiplexben: A CCR5Δ32 vizsgálata	Molnár Kinga	NEUROBI-7
11:00	Kinurénsav analóg moduláló hatásának vizsgálata orofaciális formalin tesztben	Büki Alexandra	NEUROBI-8
11:20	Kísérletesen létrehozott vaszkuláris demencia következtében kialakuló kognitív károsodások vizsgálata in vivo patkány modellekben	Jánosi Barbara	NEUROBI-9
11:40	P2X7 receptor antagonista hatásának vizsgálata a formalin indukált gyulladásos fájdalommodellben	Vraukó Veronika	NEUROBI-10
12:00	Saját fejlesztésű fotoaktív glutamát vegyületek dendritikus integráció méréséhez	Madarász Miklós	NEUROBI-11
12:20	ZSŰRI MEGBESZÉLÉS		

NEUROFIZ

18 NEUROFIZIOLÓGIA — A408 terem — 2015. április 08. szerda, 14:00

ZSŰRI
elnök: **Prof. Gábriel Róbert** PTE TTK
tagok: **Dr. Vehovszky Ágnes** MTA BLI
Dr. Kovács Zsolt NYME TTK

	ELŐADÁSOK	szerzők	
14:00	A dopaminerg neurotranszmisszió in vivo voltammetriás vizsgálata emlős agyban	Nagy Lili Veronika	NEUROFIZ-1
14:20	Alacsony frekvenciás (<1Hz) szinkron működés terjedésének vizsgálata entorhinális- és perirhinális régiót tartalmazó ex vivo túlélő agyszelet preparátumban	Balogh Veronika	NEUROFIZ-2
14:40	A lassú kérgi ritmus régió-specifikus adenozinerg modulációja uretán-altatott patkányokban	Pethő Máté	NEUROFIZ-3
15:00	Alvási orsók jellemzői a hálózati állapot függvényében	Faradzs-zade Lejla	NEUROFIZ-4
15:20	A tenyésztett idegsejtek-hálózatok aktivitásának elektrofiziológiai vizsgálata multielektródás mérések segítségével	Rátkai Erika Anikó	NEUROFIZ-5
15:40	SZÜNET		
15:50	Ketamin hatása az agykérgi aktivitásra ultra-rövid fény-sötét körülmények között tartott patkányokban	Sviatkó Katalin	NEUROFIZ-6
16:10	Migrén: a PACAP és a kinurénsav kapcsolata	Mészáros Ádám	NEUROFIZ-7
16:30	ZSŰRI MEGBESZÉLÉS		

19 NÖVÉNYBIOLÓGIA

E332 terem

2015. április 09.
csütörtök, 8:30

ZSŰRI
elnök: **Prof. Janda Tibor** MTA ATK
tagok: **Dr. Fodorpataki László** BBTE BGK
Prof. Jakab Gábor PTE TTK

	ELŐADÁSOK	szerzők	
08:30	A nitro-oxidatív stressz vizsgálata különböző cink érzékenységű *Brassica* fajok gyökérzetében	Molnár Árpád	NÖVBIOL-1
08:50	A poliamin katabolizmus folyamatainak vizsgálata gátlószerek segítségével sóstressznek kitett paradicsom növényekben	Hurton Ágnes	NÖVBIOL-2
09:10	Az extrémen kiszáradástűrő *Porella platyphylla* újranedvesedést követő regenerációjának stresszfiziológiai vizsgálata a kiszáradás intenzitásának függvényében, specifikus inhibitorok alkalmazása mellett	Sütő Szidónia	NÖVBIOL-3
09:30	D1 fehérjék összehasonlító vizsgálata különböző fényviszonyhoz alkalmazkodott cianobaktériumokban	Solymosi Dániel	NÖVBIOL-4
09:50	Kárpát-medencei *Crocus* fajok szövettenyésztése és szekunder metabolit termelő képességük vizsgálata	Pabar Sándor Attila, Freytag Csongor	NÖVBIOL-5
10:10	SZÜNET		
10:20	*Leucojum vernum*, *Leucojum aestivum* és *Sternbergia lutea* szövettenyésztése és antioxidáns kapacitásának meghatározása	Kalydi Fruzsina	NÖVBIOL-6
10:40	Mennyire láthatunk a levelekbe? Klorofill és fenolos vegyület tartalom vizsgálatok non invazív fluoreszencia- és feltáró analitikai eljárásokkal	Pávkovics Dóra Ildikó	NÖVBIOL-7
11:00	Napsugárzás hatása szőlőfajták levélszövettani és fitokémiai tulajdonságaira	Radványi Lilla	NÖVBIOL-8
11:20	Őszi búza vonalak zászlóslevelében lévő antioxidáns és detoxifikáló rendszerek vizsgálata *Fusarium* fertőzés alatt	Podmaniczki Anna	NÖVBIOL-9
11:40	S-metilmetionin hatása kukorica (*Zea mays L.*) sótoleranciájára	Felde Orsolya	NÖVBIOL-10
12:00	ZSŰRI MEGBESZÉLÉS		

NÖVÖKO

20 NÖVÉNYÖKOLÓGIA — E331 terem — 2015. április 09. csütörtök, 13:30

ZSŰRI
elnök: **Dr. Bartha Sándor** MTA ÖK
tagok: **Dr. Körmöczi László** SZTE TTIK
Dr. Szabó Sándor NYF KTI

	ELŐADÁSOK	szerzők	
13:30	A fajszám és borításviszonyok változása a *Calamagrostis epigeios* elterjedésének hatására 35 év távlatában a tardi löszgyepen	Vadkerti Ágnes	NÖVÖKO-1
13:50	A környezetszennyezés és a parlagfű (*Ambrosia artemisiifolia L.*) allergizáló hatásának kapcsolata	Kovacsics-Vári Gergely	NÖVÖKO-2
14:10	A Mecsek hegység és a Dél-Zselic forrásgyepjeinek florisztikai, szüntaxonómiai és ökológiai vizsgálata	Deme Judit	NÖVÖKO-3
14:30	A transzgenerációs plasztikusság szerepe a növényi invázióban	Geréd Júliánna, Sándor Dorottya	NÖVÖKO-4
14:50	A vadcsicsóka (*Helianthus tuberosus L.*) allelopátiás hatásának vizsgálata	Balázs Viktória Lilla	NÖVÖKO-5
15:10	SZÜNET		
15:20	Különböző magméretű növények endozoochor terjedésének vizsgálata	Lovas-Kiss Ádám, Laczkó Levente, Fekete Réka	NÖVÖKO-6
15:40	Léptékfüggő-e a rózsacserjék aggregációja?	Prázsmári Hunor	NÖVÖKO-7
16:00	Szimulált Mars-analóg környezeti tényezők hatása az intakt (extremofil), kriptobiotikus kérgek fotoszintézisére és túlélésére	Radnai Zsófia	NÖVÖKO-8
16:20	ZSŰRI MEGBESZÉLÉS		

21 ÖKOTOXIKOLÓGIA — E331 terem — 2015. április 08. szerda, 14:00

ZSŰRI
elnök: **Dr. Molnár László** PTE TTK
tagok: **Dr. Győri János** MTA BLI
Dr. Farkas Sándor KE AKK

	ELŐADÁSOK	szerzők	
14:00	Atrazin biodegradációjának és endokrin diszruptor hatásának vizsgálata	Velovics Ráhel	ÖKOTOX-1
14:20	Embriótoxicitás vizsgálata és két genotoxicitást vizsgáló módszer összevetése a 4-etilbenzaldehid példáján	Kanizsai Barbara	ÖKOTOX-2
14:40	Fémakkumuláció vizsgálata a Szamos hazai szakaszán élő különböző táplálkozású halfajok egynyaras (0+) egyedeiben	Nyeste Krisztián József, Dobrocsi Patrik András	ÖKOTOX-3
15:00	Hagyományos és élőgépes szennyvíztisztítás hatékonyságának vizsgálata komplex toxikológiai profil alapján	Orosz Ivett	ÖKOTOX-4
15:20	Környezeti terhelések kimutathatósága zebradánió (*Danio rerio*) pikkelyen geometriai morfometriai módszerrel	Appl Ádám János	ÖKOTOX-5
15:40	SZÜNET		
15:50	Különböző szemcseméretű cink-oxid hatása *Folsomia candia* és *Panagrellus redivivus* talajállatokra	Kiss Lola Virág	ÖKOTOX-6
16:10	Nehézfém tartalmú szennyvíziszap hatása *Salix viminalis* facsemeték egészségi állapotára	Tőzsér Dávid	ÖKOTOX-7
16:30	ZSŰRI MEGBESZÉLÉS		

SEJTNEU

22 SEJT- ÉS MOLEKULÁRIS NEUROBIOLÓGIA — E214 terem — 2015. április 08. szerda, 14:00

ZSŰRI
elnök: **Prof. Fekete Éva** SZTE TTIK
tagok: **Dr. Horváth Gabriella** PTE ÁOK
Dr. Varó Petra ELTE TTK

	ELŐADÁSOK	szerzők	
14:00	A középvonali thalamus szerveződésének sejt-specifikus vizsgálata	Babiczky Ákos	SEJTNEU-1
14:20	A PAC1 receptor izoformák (Hip, Hop1) expressziójának szabályozása a patkány retina posztnatális fejlődése során	Stefanov Antónia	SEJTNEU-2
14:40	A patkány Gasser-dúc elektromos ingerlés hatása a caudalis trigeminalis mag c-Fos és nNOS expressziójára – a Brilliant Blue G előkezelés moduláló hatása	Szabadi Nikolett	SEJTNEU-3
15:00	A protein kináz D szerepe a receptor-mediált endocitózis szabályozásában idegsejtekben	Tóth Krisztina	SEJTNEU-4
15:20	A szinaptikus proteom változásai az anyai hipotalamuszban	Udvari Edina	SEJTNEU-5
15:40	SZÜNET		
15:50	CB1 kannabinoid receptorok szubcelluláris eloszlásának vizsgálata korrelált konfokális és szuperrezolúciós STORM képalkotás felhasználásával	Miczán Vivien	SEJTNEU-6
16:10	Tónikus kannabinoid hatás által kiváltott molekuláris változások a gerincvelő hátsó szarvában	Barti Benjámin	SEJTNEU-7
16:30	ZSŰRI MEGBESZÉLÉS		

23 TAXONÓMIA, FILOGENETIKA, POPULÁCIÓGENETIKA

E333 terem

2015. április 08. szerda, 14:00

ZSŰRI
elnök: **Prof. Varga Zoltán** DE TTK
tagok: **Dr. Pál Róbert** PTE TTK
Dr. Pénzes Zsolt SZTE TTIK

	ELŐADÁSOK	szerzők	
14:00	A *Callitrichae* (*Callitrichaceae*) nemzetség közel- és távol-keleti taxonjainak genetikai variabilitása	Kovács Zoltán	TAXON-1
14:20	A neotrópusi *Hamelieae* tribusz (*Rubiaceae, Cinchonoideae*) nemzetségeinek filogenetikai kapcsolatai	Szénásy Dalma	TAXON-2
14:40	Egy mezofil lomberdei faj, a szártalan kankalin (*Primula vulgaris Huds.*) európai léptékű filogeográfiája, különös tekintettel a Kárpát-medencére	Laczkó Levente	TAXON-3
15:00	Kárpát-medencei *Pachyphlodes* fajok molekuláris taxonómiai revíziója	Bóna Lilla	TAXON-4
15:20	Összehasonlító vizsgálatok a magyar kőris (*Fraxinus angustifolia* Vahl ssp. danubialis Pouzar) és a magas kőris (*Fraxinus excelsior L.*) vegetatív szervein	Silnicki Ádám	TAXON-5
15:40	SZÜNET		
15:50	Populációgenetikai módszerek alkalmazhatóságának összehasonlítása az invazív magas aranyvessző (*Solidago gigantea*) példáján	Weisz Anett, Godi Alíz	TAXON-6
16:10	Szárnyjellegek variabilitásának vizsgálata a redős szúnyogok (*Ptychopteridae*) romániai képviselőinél: fajok között és fajon belül	Török Edina	TAXON-7
16:30	ZSŰRI MEGBESZÉLÉS		

TERBIO1

24 TERMÉSZETVÉDELMI BIOLÓGIA I.

E333 terem

2015. április 09.
csütörtök, 8:30

ZSŰRI
elnök: **Dr. Ódor Péter** MTA ÖK
tagok: **Dr. Bácsi István** DE TTK
Dr. Csiky János PTE TTK

	ELŐADÁSOK	szerzők	
08:30	A levegő- és a talajminőség közötti összefüggések vizsgálata Dunaújvárosi helyszíneken	Lakatos János, Aladics Dávid János	TERBIO1-1
08:50	A védett kúszó zeller (*Apium repens*) társulási viszonyai és megőrzésének lehetőségei mesterséges élőhelyen	Béndek Julianna	TERBIO1-2
09:10	Az égetés hatása erdélyi gyepekben élő lágyszárú növények magjainak csírázására	Domokos Péter	TERBIO1-3
09:30	Csíráztatási protokoll kidolgozása herbáriumi maganyagokra	Tóth Kata Mária	TERBIO1-4
09:50	*Ex-situ* szaporított, kiemelt jelentőségű löszpusztagyepi növényfajok felhasználása parlagok restaurációjában a Békés-Csanádi löszháton	Szőke Barbara	TERBIO1-5
10:10	SZÜNET		
10:20	Fungisztikai vizsgálatok a Vértes déli részén	Koszka Attila	TERBIO1-6
10:40	Törökországi temetők, mint veszélyeztetett orchidea élőhelyek	Süveges Kristóf, Fekete Réka, Lovas-Kiss Ádám	TERBIO1-7
11:00	Veszélyt jelent-e az inváziós fajok terjedése a gyakran égetett gyepekre?	Kiss Réka	TERBIO1-8
11:20	Zalacsány 3G erdőrészlet gombavilága - Erdőminősítési rendszer létrehozása gombák alapján	Papp Tibor	TERBIO1-9
11:40	ZSŰRI MEGBESZÉLÉS		

TERBIO2

25 TERMÉSZETVÉDELMI BIOLÓGIA II. — E333 terem — 2015. április 09. csütörtök, 13:30

ZSŰRI
elnök: **Prof. Csányi Sándor** SZIE MKK
tagok: **Dr. Purger Jenő** PTE TTK
Dr. Torma Attila SZTE TTIK

ELŐADÁSOK

13:30	A csíkos szöcskeegér (*Sicista subtilis trizona*) magyarországi populációjának természetvédelmi szempontú vizsgálata.	Kiss Csaba	TERBIO2-1
13:50	A Kis-Balaton lápterületein jellemző kisemlős együttesek összehasonlító vizsgálata nagyobb csapdázási ráfordítású faunisztikai monitoring alapján	Schmidt Kornél, Széchenyi Alexandra	TERBIO2-2
14:10	A túzok (*Otis tarda*) telelési viselkedése a Körös-Maros Nemzeti Parkban	Janó Gizella	TERBIO2-3
14:30	Egy védett lepkefaj, a *Maculinea alcon* 'xerophila' (*Lepidoptera*: *Lycaenidae*) torockói populációjának felmérése	Ferencz Márta	TERBIO2-4
14:50	Európában őshonos pisztrángfélék természetvédelmi helyzete és a spermamélyhűtés, mint megőrzésük egyik eszköze	Schmidt Dorottya	TERBIO2-5
15:10	SZÜNET		
15:20	Kisemlősök makro- és mikroélőhely léptékű asszociáltságának vizsgálata felújító lékvágásos erdőgazdálkodással kezelt erdőrezervátumi pufferterületen	Kelemen Krisztina, Bán Viktória	TERBIO2-6
15:40	Újabb taxonómiai és természetvédelmi célú kutatások a csíkos szöcskeegérrel (*Sicista subtilis trizona*)	Kondor Tamás	TERBIO2-7
16:00	ZSŰRI MEGBESZÉLÉS		

VISÖKO

26 VISELKEDÉSÖKOLÓGIA — E332 terem — 2015. április 08. szerda, 14:00

ZSŰRI
elnök: **Prof. Török János ELTE**
tagok: **Dr. Földvári Mihály DE**
Dr. Pogány Ákos ELTE

	ELŐADÁSOK	szerzők	
14:00	A barkóscinege (*Panurus biarmicus*)párképzési stratégiája és kóborlási dinamikája	Lovász Lilla	VISÖKO-1
14:20	Az utódgondozási befektetés hatása az örvös légykapók (*Ficedula albicollis*) maláriás fertőzöttségére	Krenhardt Katalin	VISÖKO-2
14:40	Csoportos viselkedés vizsgálata verőköltő bodobácsnál	Babits Melinda Dorottya	VISÖKO-3
15:00	Eltérő életmenet stratégiájú egyedek kockázatvállaló viselkedésének vizsgálata a pusztai farkaspók (*Pardosa agrestis*, Westring, 1861) esetében	Rádai Zoltán	VISÖKO-4
15:20	Eszközhasználat és -preferencia az *Aphaenogaster subterranea* hangyafaj táplálékszerzése során	Módra Gábor	VISÖKO-5
15:40	SZÜNET		
15:50	Küszvágó csérek (*Sterna hirundo*) fészkelőterület-hűségének vizsgálata és nyomonkövetős jelölésük	Sütő Szandra	VISÖKO-6
16:10	Széncinegék (*Parus major*) ragadozóval szembeni viselkedésének vizsgálata az élőhely-urbanizáció függvényében	Németh Brigitta	VISÖKO-7
16:30	ZSŰRI MEGBESZÉLÉS		

ÖSSZEFOGLALÓK

TAGOZATOK SZERINT

ÁLLÖKO-1

FRÜHWIRTH ANDREA
Biológia
BSc, 5. félév

Nyugat-magyarországi Egyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Gyurácz József
főiskolai tanár, NYME TTK

A kék cinege (*Parus caeruleus*) őszi vonulása két magyarországi élőhelyen

Dolgozatomban a kék cinege (*Parus caeruleus*) őszi vonulását vizsgáltam egy nyugat-magyarországi (Tömördi Madárvárta) és egy északkelet-magyarországi (Szalonna, madárgyűrűző tábor) élőhelyen. 2004 és 2013 között augusztustól novemberig Tömördön 5472, Szalonnán 2347 kék cinegét gyűrűztek. Az összesített fluktuációs index Tömördön 4260,93, Szalonnán 511,59 volt. A vizsgálat alapján eltérő vonulási tulajdonságokat tapasztaltunk Nyugat- és Északkelet-Magyarországon. A befogott madarak egyedszám változását jelző összesített fluktuációs index az inváziós (irrupció) fajokéhoz volt hasonló Tömördön. Irrupciós vonulásnak minősíthető kék cinege mozgalom 2004-ben és 2008-ban volt kimutatható Tömördön. Szalonnán az összesített fluktuációs index alapján a kék cinege őszi vonulása az obligát hosszú távú vonuló fajokéhoz állt közelebb. Szalonnán 2004-ben és 2008-ban és más években sem volt hasonlóan nagy fogás mint Tömördön. Mindkét területen nagy volt a fiatalok aránya (>85%) a befogott madarak között. Szalonnán a vonulási medián szeptember 27-re illetve 24-re, míg Tömördön október 19-re, illetve 5-re esett. Tömördön az inváziós évek oka valószínűleg a külföldről érkező madarakkal magyarázható, amikor október második felében augusztushoz és szeptemberhez képest nagyon sok vonuló kék cinegét fogtak be. Szalonnát nem érintik nagy tömegben az északabbról származó vonuló kék cinegék. A vonulás kezdete évenként változó, de általában augusztus második felére tehető. Ezzel szemben a vonulás vége stabilabb, október utolsó hete, illetve november elejére esett. Tömördön az átvonuló madarak rövidebb időre (11 nap) szakították meg vonulásukat, mint Szalonnán (19 nap) . A visszafogott madarak aránya (Tömörd 5 és 26%, Szalonna 11 és 39%) alapján feltételezhetjük, hogy a madarak egynegyede, egyharmada még a fogás napján elhagyta mindkét vizsgálati a területet. Tömördön több vonulási zsírtartalékkal rendelkeztek a madarak, mint Szalonnán. A hímek szárnya hosszabb, mint a tojóké, valamint a felnőtt példányok szárnyhossza nagyobb, mint a fiataloké. A hímek testtömege mindkét helyen nagyobb volt a tojókénál, a felnőtt és fiatal példányok tömege között viszont nem volt lényeges különbség. A két területen befogott madarak biometriai különbségeiben a zsírindexnek volt a legnagyobb jelentősége, a kor- és ivarcsoportok közötti különbözőséget pedig elsősorban a szárnyhossz, kisebb mértékben a testtömeg okozta (PCA).

ÁLLÖKO-2

MÉSZÁROS DÁVID
Biológia
BSc, 6. félév

Nyugat-magyarországi Egyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Szinetár Csaba
főiskolai tanár, NYME TTK

A pókok, mint táplálékállatok szerepének vizsgálata néhány odúlakó madárfajnál.

A madarak által gyűjtött táplálékok összetételének vizsgálata hosszú múltra tekint vissza. A korábbi hazai vizsgálatok elsősorban nem csak a pókzsákmányolást vizsgálták, hanem a teljes táplálékspektrumot elemezték. Dolgozatom a póktáplálékot helyezte előtérbe, mely során a minták faji szintű determinálásán kívül a madarak és köztük lévő összefüggéseket tanulmányozta. A zsákmányolt állatok fajszintű determinálása számos fontos információt hordozhat, melyek lényegesek lehetnek egy faj vagy közösség ökológiai tulajdonságának teljes megismerésegyverletételt akar a szempontjából. A táplálékanalízis tanulmányozása új eredményeket is közölhetnek, mert olyan fajok is előkerülhetnek, melyek esetleg a szokásos gyűjtési módszerekkel nem sikerül befogni. 1980-1981-ben Julianna-majorban és a törökbálinti gyümölcsösben 7 madárfaj (széncinege, kék cinege, örvös légykapó, nagy fakopáncs, közép fakopáncs, csuszka és rövidkarmú fakusz) fiókáinak gyűjtött táplálékában 48 pókfajt mutattunk ki. Ezeket a pókfajokat a vizsgált madarakhoz rendeltem, és a gyűjtött préda és annak élőhelye közötti összefüggést vizsgáltam. A madárfajok és a pókok közti kapcsolatokat táblázatban foglaltam össze. A széncinege és örvös légykapó viszonylag magas préda egyedszámra való tekintettel diverzitás-rendezést és táplálkozási niche-átfedést vizsgáltam, a két madár összehasonlítására. A kapott eredmények jól igazolják az egyes madarak táplálkozási szokásait és stratégiáit, továbbá az együtt élő fajok niche-szegregációjának lehetőségét.

ÁLLÖKO-3

SOMOGYI BALÁZS
Biológus
MSc, 3. félév

Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar

HÁRSÁGYI DOROTTYA
Biológus
MSc, 3. félév

Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar

MORVAI ANITA
Biológia
BSc, 9. félév

Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Horváth Győző
adjunktus, PTE TTK

A vörös róka (*Vulpes vulpes*) kisemlős csapdázásra adott predációs válaszának modellezése

A Kőszegi-forrás Erdőrezervátum (Mecsek-hegység) területén 2012-ben 13 különböző erdőfoltba kihelyezett 6×6-os csapdahálóval vizsgáltuk a kisemlősök élőhely-függő populációdinamikáját, 2012-ben nyolc hónapon keresztül (márciustól-októberig) 5 napos mintavételi periódusokkal, fogás-jelölés-visszafogás módszert alkalmazva. A mintavételi területeken már az első csapdázási hónapban megjelent a vörös róka csapdapredációs hatása, amely ragadozó a mintavételi idő folyamán teljesen átállt a csapdákban befogott állatok zsákmányolására. Dolgozatunkban felhasználtuk egy korábbi eredményünket, ami szerint a róka által predált csapdák (P) túlnyomó része tartalmazott állatot, így az aktív (A) csapdákkal összeadva elméleti fogásszámként/zsákmánykínálatként használtuk fel (A+P). Munkánk során modelleztük a vörös róka zsákmánykínálatra adott funkcionális válaszát, valamint vizsgáltuk a ragadozó csapdapredációs sikerét. Ezen kívül elemeztük, hogy a csapdapredációnak van-e hatása a területen két domináns kisemlősfaj (sárganyakú erdeiegér és vöröshátú erdeipocok) valós és elméleti fogásszámának tér és időbeli változására, valamint hogy a ragadozó jelenléte befolyásolja-e a kisemlősök mozgás-mintázatát.Eredményeink alapján megállapítottuk, hogy az általunk vizsgált területen a vörös róka csapdapredációs sikere az állatot fogott csapdákból történő zsákmányolás megtanulása miatt emelkedik, majd a vadász zavaró jelenléte és a feltételezett kölykök alom elhagyása miatt időlegesen visszaesik. Ezen kívül megállapítottuk, hogy a vörös róka zsákmányfogyasztása a zsákmánykínálat függvényében logisztikus görbe szerint alakul, tehát a rókára, mint generalista ragadozóra a harmadik típusú funkcionális válasz jellemző. A két vizsgált kisemlősfaj valós és elméleti fogásszámainak időbeli elemzésénél kimutattuk, hogy mind a napi szintű, mind a ragadozó aktivitás szempontjából elkülönített három időszak alapján végzett vizsgálatnál a vörös róka csapda predációja hatással volt a valós fogásszámokra. Azonban az elméleti fogásszámok időbeli dinamikájára nem gyakorolt hatást, ezen értékek mindkét kisemlősfaj esetén visszatükrözte a rájuk jellemző abundancia változást. Harmadik hipotézisünk vonatkozásában az eredményeink alapján a nullhipotézist fogadtuk el, vagyis a ragadozó jelenléte nem volt hatással a kisemlősök mozgásmintázatára, a vöröshátú erdeipocoknál a mozgástávolságban tapasztalt változást a 2012-es a magasabb denzitású év hatásának tulajdonítottuk.

ÁLLÖKO-4

POLGÁRI BOTOND
Biológia
BSc, 5. félév

Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Horváth Győző
adjunktus, PTE TTK

Erdőgazdálkodás során létrejött mesterséges lékek kisemlősök populációdinamikájára gyakorolt fragmentáló hatásának vizsgálata multi-state modellek alapján

Jelen tanulmányban a Bükkháti Erdőrezervátumban végzett kisemlősök felmérése során kapott adatokból, multi-state modellek létrehozásával vizsgáltuk az eudomináns sárganyakú (*A. flavicollis*) és a pirók erdeiegér (*A. agrarius*) túlélési, visszafogási és mozgási valószínűségét.

A vizsgálatot 2014-ben 4 különböző mesterséges lékben (L1-L4) és ezek kontrolljaként 3 zárt erdőfoltban (K1-K3) 7×7-es csapdahálóval, fogás-jelölés-visszafogás módszer alapján végeztük. Makrohabitat léptékben két konfiguráció (K1-L1-L3, K1-L1-L4), mikrohabitat léptékben a mintaterületeken belüli vegetációtérkép alapján meghatározott foltok adták a multi-state modellek alapját. Az L4 kivételével a lék-erdő és mikrohabitat léptékben mindkét faj esetén 7-7 modellt hoztunk létre, míg az L4-es lék területén a mikroélőhely vizsgálatánál 10-10 modell alapján értékeltük a populációdinamikát. A modellszelekció az AICc és a modellsúly (ωi) alapján történt. Feltételeztük, hogy a foltok között különbség van a becsült paraméterek (túlélési, fogási és mozgási valószínűség) értékeiben, illetve a két fajnál kimutatható az élőhely minőség és a távolsághatás jelentősége.

Eredményeink szerint a pirók erdeiegér túlélési valószínűsége mind az erdőfoltok, mind a lékek területén magasabb volt, bár a faj inkább lékeket preferálta. A sárganyakú erdeiegérrel szemben mind az erdőjellegű szegély és lékbelső között, továbbá a magas, alacsony cserjeszinttel jellemzett és szeder dominálta mikrohabitat foltok között nagyobb mozgási valószínűség jellemezte. Ezzel szemben kisebb valószínűséggel végzett átmozgásokat az L4-es lék magas cserjeszintű szegély- és erdőjellegű szegélyfoltjai között. A becsült értékek különbözősége az alternatív hipotézist (H1) igazolta. Továbbá a modellszelekció mindkét térléptékben bebizonyította, hogy az élőhely minőségének és a távolsághatásnak szignifikáns jelentősége van, így ebben a kérdésben a nullhipotézist (H20) elvetettük. Az eudomináns sárganyakú erdeiegér esetén a populációdinamikai becslések hatékonyságát és a visszafogási sikert rontotta a folyamatoson megjelenő új egyedek okozta populáció felhígulás. A multi-state modellek alapján végzett populációdinamikai elemzés azt mutatta, hogy a két koegzisztens erdeiegér térbeli szegregációját az erdőgazdálkodás során létrejött mesterséges lékek elősegítik. A pirók erdeiegér a becsült paraméterek (túlélés, visszafogási valószínűség) alapján pozitív választ adott a mesterséges lékek megjelenésére.

ÁLLÖKO-5

VÁRADI ALEX
Biológus
MSc, 3. félév

Debreceni Egyetem
Természettudományi és Technológiai Kar

Témavezetők:
Dr. Bereczki Judit ,
adjunktus, DE TTK
Dr. Tóth János Pál
tudományos munkatárs, Tokaji Borvidék Szőlészeti és Borászati Kutatóintézet

---

Fluktuáló aszimmetria a nagy tarkalepkénél (*Melitaea phoebe*) (Lepidoptera, Nymphalidae)

Az élőlények többségén megfigyelhető a szimmetria valamilyen típusa, különösen a külső morfológiájukat tekintve. A bilaterális szimmetriájú élőlényeken megfigyelhető aszimmetriának alapvetően három típusát különböztethetjük meg: az antiszimmetriát, a direkcionális és a fluktuáló aszimmetriát. Az utóbbi a bilaterális szimmetriájú szervek párhuzamos fejlődésének hiányában alakul ki, amelyet előszeretettel használnak a fitnesz és a stressz indikátoraként. Az elmúlt pár évtized eredményei azonban ellentmondásosak a rátermettség illetve az aszimmetria és a stressz között fennálló összefüggés tekintetében.

Vizsgálataim során arra kerestem a választ, hogy a *Melitaea phoebe* méret és szimmetria viszonyait hogyan befolyásolja (1) az eltérő minőségű és (2) mennyiségű tápnövény. Továbbá (3) a nemek között van-e különbség az aszimmetria mértékében, valamint (4) van-e összefüggés a szárnyméret és a fluktuáló aszimmetria mértéke között.

A hernyókat három különböző tápnövényen (*Cirsium pannonicum*, *Ci. arvense* és *Centaurea scabiosa*) laboratóriumi körülmények között neveltük ad libitum módon egyesével, illetve csoportosan limitált mennyiségű *Ci. arvense*-n. Emellett a természetes populációból is mintát vettünk. Az imágók szárnyait scanner segítségével digitalizáltuk. A méretet illetve a szimmetriaviszonyokat landmark alapú geometriai morfometriával vizsgáltuk.

Az eltérő minőségű és mennyiségű tápnövényen nevelt hernyókból kikelt imágók között szignifikáns méretbeli különbségeket tapasztaltunk, azonban a tápnövények minősége nem volt hatással az aszimmetria mértékére. Az egyetlen kezeléstípus, amelynél az aszimmetria mértéke szignifikánsan nagyobb volt a többinél, az a limitált mennyiségű táplálékon nevelt egyedek csoportja volt. Ebben az esetben a táplálék limitáltsága és az emiatt kialakuló egyedek közötti kompetíció lehetett a legjelentősebb hatás. A különböző kezelések során a két ivar mérete eltért egymástól, viszont a fluktuáló aszimmetria mértékében a két nem között nem tapasztaltunk szignifikáns különbséget. A szárny mérete és az aszimmetria mértéke között nem volt jelentős összefüggés. Az eredmények tehát egy vizsgálaton belül is ellentmondásosak a fluktuáló aszimmetria és a környezeti stressz közötti összefüggés kapcsán, és nem támasztják alá annak általánosságát. Eredményeink és az irodalmi adatok alapján úgy tűnik, hogy a fluktuáló aszimmetria indikátorként való alkalmazhatóságát egyedileg kell értékelnünk a különböző típusú környezeti hatások esetén.

ÁLLÖKO-6

TÓTH ZSÓFIA
Biológus MSc
MSc, 3. félév

Debreceni Egyetem
Természettudományi és Technológiai Kar

Témavezetők:
Dr. Barta Zoltán
egyetemi tanár, DE TTK
Dr. Hettyey Attila
tudományos főmunkatárs , MTA ATK NÖVI
Dr. Bókony Veronika
tudományos főmunkatárs, MTA ATK NÖVI
Herczeg Dávid
PhD hallgató, DE TTK

Két gyakori hazai békafaj ebihal denzitásával összefüggő biotikus és abiotikus tényezők vizsgálata a Pilis-Visegrádi hegységben

Dolgozatomban azt vizsgálom, hogy a környezet egyes biotikus és abiotikus elemei milyen összefüggést mutatnak az ebihalak egyedsűrűségével. A vizsgálatokat a Pilis-Visegrádi hegységrendszer efemer kisvizeiben végeztük el 2014 tavaszán. A két vizsgált faj a vizsgált kisvizek nagy részében előforduló barna varangy (*Bufo bufo*) és az erdei béka (*Rana dalmatina*) volt, de értékeltük a két faj együttes denzitásával összefüggő tényezőket is. Mértük a víztestek fizikai-kémiai paramétereit, az ebihalak táplálékául szolgáló bevonat mennyiségét, valamint az ebihalak ragadozóinak és versenytársainak számító állatcsoportok egyedsűrűségét. Eredményeink szerint a két faj közül csak a barna varangy ebihalak denzitása korrelált a felmért tényezők némelyikével, a kisebb egyedsűrűségben talált erdei békáé nem. A barna varangy ebihalak denzitása azokban a tavakban volt nagyobb, ahol magasabb volt a pH, több a csíkbogár imágó, és kevesebb a pióca. Továbbá, az össz ebihal denzitás azokban a vizekben volt magasabb, ahol a táplálékot adó bevonat biomasszája nagyobb volt. Ezek az eredmények arra utalnak, hogy az ebihalak denzitását több környezeti tényező befolyásolja, ugyanakkor ezek a hatások különbözhetnek az egyes fajok között. További vizsgálatok szükségesek a befolyásoló tényezők közötti komplex kapcsolatrendszer feltárásához.

ÁLLÖKO-7

ZELLES MÓNIKA
Biológia
MSc, 3. félév

Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Horváth Győző
adjunktus, PTE TTK

Koegzisztens kisemlősök intra- és interspecifikus térbeli mintázata lékvágásos erdőgazdálkodással fragmentált erdőfoltokban

A kisemlősök megfelelő modell szervezeteknek bizonyultak az interspecifikus kompetíció populációkra gyakorolt hatásainak, illetve a kompetíciós helyzetet mérséklő szegregációs mechanizmusok tanulmányozásában, melyek térben és időben lehetővé teszik a fajok együttélését.

Tanulmányunk helyszíne Bükkhát Erdőrezervátum pufferterülete, ahol 2013-ban és 2014-ben vizsgáltuk a lékvágásos erdőgazdálkodás hatását a kisemlősök intra- és interspecifikus tér-időbeli mintázatára. A kisemlős felméréshez 2013-ban 3, 2014-ben 4 mesterséges lékben, valamint mindkét évben ugyanabban a 3 zárt erdőtagban helyeztünk ki mintavételi kvadrátot.

Munkánk során 4 koegzisztens kisemlősfaj (*Apodemus flavicollis, Apodemus agrarius, Microtus glareolus, Microtus arvalis*) demográfiai paramétereit, intraspecifikus térbeli eloszlását és a fajok közötti térbeli asszociáltságát értékeltük a két eltérő denzitású év és élőhely típus összehasonlításában.

A vizsgált kisemlősök egyedeinek populáción belüli eloszlását kifejező paramétereket a statisztikailag értékelhetőbb magas denzitású év adataiból számoltuk. Ezen paraméterek alapján a kiemelt fajok populáción belüli aggregáltsága, sűrűsége és átfedése nagyban függött a terület preferenciától, illetve a populáció szezonok közötti dinamikájától. A vártaknak megfelelően a területen dominánsan előforduló sárganyakú erdeiegér populációjának stabilitása kevésbé érzékeny a sűrűségfüggő faktorokra.

A négy faj abundancia viszonyai eltértek a két év összehasonlításában, a fajok egymásra hatása a magasabb sűrűségű évben (2014) kifejezettebb volt, mint 2013-ban. A két *Apodemus* faj kompetíciója azonban mind a két évben jellemző volt. Interspecifikus megközelítésben a populációk közötti térbeli asszociáltság, illetve szegregáció mértéke denzitásfüggő volt. Eredményeink szerint az interspecifikus megközelítésben feltett második kérdés nullhipotézisét elfogadtuk, mely szerint a lékek elősegítik a fajok szegregációját és ez által mérséklik a fajok közötti versengést.

TURÓCZI TAMÁS GYULA
Biológus
MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:
Dr. Torma Attila Gyula
adjunktus, SZTE TTIK

Táji- és élőhely jellemzők hatása életmenet jelleg függvényében dél-kiskunsági gyepek poloskaegyütteseinek diverzitására

A mérsékelt övi gyepek a legsérülékenyebb élőhelyek közé tartoznak, mivel könnyen átalakíthatók mezőgazdasági területekké. A megmaradt gyepi élőhelyek méretének csökkenése és izolációja pedig az ott élő közösségeket veszélyezteti. A gyepeken élő ízeltlábúak biodiverzitásának megőrzéséhez elengedhetetlenül szükséges az azokat befolyásoló élőhelyi- és táji változók megállapítása. A különböző élőlényeknek azonban eltérő környezeti igényeik lehetnek, ezért fontos figyelembe venni az életmenet jellegekből adódó információkat is. Dolgozatom célja gyepmaradványok ízeltlábú-együtteseinek fajgazdagságát és abundanciáját befolyásoló táji és élőhelyi változók meghatározása, figyelembe véve az eltérő életmenet jellegeket. Ehhez a Dél-Kiskunságban található gyepmaradványokon, 40 mintavételi helyen gyűjtött poloskák adatait elemeztem. Az elemzéseket regressziós fák és kevert lineáris modellek segítségével végeztem. Az élőhely jellemzésére a vegetáció paramétereit, a környező táj jellemzésére a környező gyepi élőhelyek mennyiségét és a környező táj diverzitását használtam. Eredményeim alapján elsősorban a vegetációtípusa és a táj diverzitása hat a poloskák fajgazdagságára és abundanciájára, de ez jelentősen eltérhet a különböző életmenet-jellegű csoportok esetében. A vegetáció típus és a több más változó fajszámra és abundanciára gyakorolt hatásának szignifikáns interakciói alapján fontos megjegyezni, hogy egy gyep eltérő növényzeti foltjaiban élő együttesekre is másként hatnak a környezeti tényezők. Ezt az ízeltlábúak diverzitását megőrző gyepkezelési, védelmi stratégiáknál fontos figyelembe venni.

ÁLLÖKO-9

KEREKES IVETT KRISZTA
természetvédelmi mérnök
BSc, 5. félév

Szent István Egyetem
Mezőgazdaság- és Környezettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Nagy Péter István
docens, SZIE MKK

Talajlakó fitonematoda populáció vizsgálata egy alföldi arid területen

A szabadon élő fonálférgek a talaj mikrofaunájának egyik legfontosabb csoportját alkotják. Ennek a bevezető kutatásnak célja a talajban élő fonálféreg fauna, különösen a fitonematoda állomány egyes kulcsfajainak, időjárási változásokra és területhasználati eltérésekre adott reakcióinak vizsgálata és felmérése egy alföldi kistérségben, különböző mikroklímájú és természetességi állapotú területeken egy felhagyott zártkerti-, egy kiskerti ültetvényen és egy ártéri mintaterületen, különös figyelmet fordítva a fontos kártevőket is magába foglaló Xiphinema genus populációinak nyomon követésére. A vizsgálat során a fonálféreg egyedeket a talajból a módosított Cobb –féle szitaszűrős módszerrel nyertem ki, majd az így kapott mintákat mikroszkóp alatt vizsgáltam.

Ez a bevezető kutatás még csak az első lépés annak érdekében, hogy hiánypótló adatokat írjunk le a természetes, természetközeli és a művelés alól kivett, elvadult területek szabadon élő növénykárosító fonálféreg faunájáról. A vizsgálat során a Xiphinema genus fajai közül csak az európai tűfonálférget (*Xiphinema vuittnezi*) lehetett megtalálni a talajban.

A vizsgálat eredményei alapján mind a teljes fonálféreg abundanciát, mind pedig a Xiphinema populációk változásait is a mintavételi alkalom és a terület, valamint ezek együttes hatása befolyásolta szignifikánsan ($p<0,001$). A fonálféreg fauna elsősorban a talajnedvesség továbbá hőmérséklet változásaira bizonyult érzékenynek ($p<0,05$).

A *Xiphinema vuittenezi* faj viszonylag ellenállóbbnak bizonyult a környezeti tényezők változásaira. A területeken megtalált populációk létszámváltozásaira évszakos fluktuáció volt jellemző. A teljes mintavételi időszak során a hűvös mikroklímájú vizsgálati területen a melegebb időszakok, míg a hőmérsékleti hatásoknak jobban kitett mintaterületen az enyhébb hőmérsékletű periódusok felelnek meg jobban a faj környezeti igényeinek.

Mind a teljes fonálféreg abundancia, mind a *X. vuittenezi* populációk vizsgálata esetén a mérhető különbségek mértéke csökkent a nyugalmi időszak alatt, ez arra utal, hogy a növényzet képes a populációra ható környezeti hatásokat mérsékelni. Mivel jelenleg nincs elég szakirodalmi-adat, az eredmények gyűjtése különösen fontos, ugyanakkor a trendek meghatározása és hosszú távú következtetések levonása nehéz és további vizsgálatokat és adatokat igényel.

ÁLLÖKO-10

PIROSS IMRE SÁNDOR
Biológus
MSc, 9. félév

Szent István Egyetem
Állatorvos-tudományi Kar

Témavezetők:
Dr. Harnos Andrea
docens, SZIE ÁOTK
Dr. Rózsa Lajos
tudományos tanácsadó, MTA-ELTE-MTM
Fehérvári Péter
projekt koordinátor, MTM Állattár

Tolltetű fajok terjedési stratégiáinak kísérletes vizsgálata egy ragadozó madáron

A paraziták viselkedése alig kutatott, pedig a gazdákhoz való alkalmazkodásukat nemcsak morfológiai vagy biokémiai tulajdonságaik segítik. Munkámban azt vizsgáltam, hogy a tolltetvek (Insecta: Phthiraptera) a szülőkről hasonlóan terjednek-e a hím és a nőstény fiókákra, a tapasztalt különbség megmarad-e a felnőtt madarakon is, és mindez befolyásolja-e az apa, illetve az anya hozzájárulását a fiókáik tolltetű populációjához. A vizsgálatot a kék vércsén (*Falco vespertinus*) és tolltetvein végeztem.

Az ektoparaziták legyűjtése piretrin tartalmú rovarölő porral történt. 2012-ben fészekaljanként egy-egy feltehetően tojó és hím fiókától vettem mintát. A fiókák ivarának meghatározásához PCR alapú módszert használtam. 2014-ben a fiókanevelés megkezdése előtt a pár egyik, hím vagy tojó tagjáról gyűjtöttem le tetveket, később a fészekaljuk összes fiókájáról. A gazda tulajdonságainak tolltetű fertőzöttségre gyakorolt hatását általánosított lineáris modellekkel elemeztem. A madarakon négy tetűfajt találtunk, mely közül egyet eddig csak család szintig sikerült meghatározni (Amblycera: Menoponidae), a *Laemobothrion tinnunculi*-nak pedig ez az első ismert előfordulása kék vércsén. A *C. subzerafae* abundanciáját a fiókákon a gazda ivara befolyásolta, a tojókon hím fészektestvéreikhez képest szignifikánsan több volt. A D. rufa abundanciáját ugyanakkor a fióka korát és fejlettségét jellemző félszárnyhossz befolyásolta szignifikánsan. Az adult madarak *C. subzerafae*-vel és *D. rufa*-val való fertőzöttsége a testméretet jellemző paraméterekkel, illetve a mintavételek időszakában a napok számával nő, a tojókon szignifikánsan több egyed található. A tolltetvek kiirtása a szülőpár egyik tagjáról alacsonyabb fertőzöttséget eredményez a fiókáikon, a kontroll fészekaljakhoz viszonyítva. A két kezelt csoport (tetvek hím vagy nőstény szülőről irtva) között szignifikáns különbséget nem találtam.

A kék vércse két leggyakoribb tetűfajánál ivarfüggő fertőzöttségi mintázatokat mutattam ki, a *C. subzerafae* esetében már a vertikális transzmisszió során is. A *D. rufa* feltehetően eltérő terjedési stratégiát alkalmaz, csak akkor terjed át a fiókákra, amikor azok tollazati fejlettsége már megfelelő számára. Az eredmények alapján a gazda ivara önmagában is hatással lehet a paraziták fitneszére, egyes élősködők ennek megfelelő egyenlőtlen terjedést mutatnak.

ÁLLSZERV-1

HARMATI PETRA-ANIKÓ
Biológia
BSc, 6. félév

Babes-Bolyai Tudományegyetem
Biológia és Geológia Kar

Témavezető:
Dr. Nagy Nándor
docens, SE ÁOK

A bursa Fabricii dendritikus sejtjeinek karakterizálása egy új monoklonális ellenanyaggal

A bursa Fabricii a madarakra jellemző primer nyirokszerv, amelynek follikulusaiban a B-limfocita prekurzorok proliferációja és differenciálódása történik. A follikulusok stromális sejthálózata (hámretikulum és vimentin intermedium filamentumot termelő dendritikus sejtek) hozza létre a B-limfociták éréséért felelős bursai mikrokörnyezetet. Habár a csirke dendritikus sejtek kimutatására többféle marker is használható, ezekre a sejtekre specifikus ellenanyag jelenleg nem elérhető. Munkám során egy új, 10C12 elnevezésű, bursa sejtek ellen termeltetett egér monoklonális ellenanyag immuncitokémiai tesztelését végeztem el különböző korú embriók és kikelt állatok nyirokszervein. A müncheni egyetemen készítetett ellenanyag immunhisztokémiai festése során azt tapasztaltuk, hogy a 10C12 nevű ellenanyag a bursa follikulus velőállományának szekréciós dendritikus sejtjeit, valamint az embrióban ezek előalakjait jelöli. A kettős immunfluoreszcens festések azt mutatták, hogy a 10C12 ellenanyag a többi nyirokszerv dendritikus sejtjeit (coecalis tonsillában a follikuláris dendritikus sejteket, valamint a lép fehérpulpájának ellipszoid-asszociált sejtrétegét) is jelöli. Továbbá, konfokális mikroszkópiával kimutattuk, hogy 10C12 ellenanyag által felismert antigén citológiai lokalizációja alapján a dendritikus sejtek membránja körül koncentrálódik. Következtetés: feltételezzük, hogy a 10C12 ellenanyag olyan membrán körüli antigént ismer fel, melyet a dendritikus sejtek és prekurzorai fejeznek ki.

ÁLLSZERV-2

CSEHINÉ PUSZTAI SZILVIA ANNA
biológus
MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Schlett Katalin
docens, ELTE TTK

A Caskin állványfehérje hatása a dendrittüskékre és a tanulási folyamatokra

A Caskin fehérjét a CASK (calcium/calmodulin-dependens szerin protein kináz) kötőpartnereként fedeztek fel, jelenleg két izoformája ismert (Caskin 1 és 2). A Caskin állványfehérje a szinaptikus területeken feldúsulva fejeződik ki, szerepe azonban még nem tisztázott.

TDK munkám során a Caskin dendrittüskékre gyakorolt hatását vizsgáltam. Az embrionális hippokampális idegsejttenyészetekben transzfekció segítségével túltermeltetett Caskin1 fehérje elsősorban a szomatodendritikus területeken, főleg a dendritekben és a dendrittüskékben halmozódott fel. Elektronmikroszkópos vizsgálatokkal igazoltuk, hogy a Caskin1 a dendrittüskékben a plazmamembrán, illetve a posztszinaptikus denzitás (PSD) alatti területeken is jelen van. A Caskin1 túltermeltetése a dendrittüskék morfológiájára is hatással volt, megnőtt a széles fejjel rendelkező, gomba alakú tüskék aránya.

A Caskin1,2 génkiütött (KO) egerek hippokampuszának elektronmikroszkópos metszetein kimutattam, hogy a CA1 régió piramissejtjeiben a dendrittüskék területe a kontroll állatokéval azonos volt, de a tüskékben detektálható PSD hossza szignifikánsan csökkent. A Caskin KO egereken és heterozigóta alom-testvéreiken viselkedési és memória teszteket is végeztünk, melyekben a Caskin KO állatok az életkor növekedésével egyre rosszabbul teljesítettek. Feltételezhető, hogy a Caskin a PSD-t felépítő állvány- és szabályozó fehérjékkel való kapcsolaton keresztül szabályozza a dendrittüskék morfológiáját és szinaptikus hatékonyságát.

ÁLLSZERV-3

GIRICZ ZSÓFIA
Biológia
BSc, 6. félév

Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:
Dr. Bódi Nikolett
adjunktus, SZTE TTIK

A lizil-oxidáz enzim expressziójának változása streptozotocin-indukált krónikus diabéteszes állatok különböző bélszakaszaiban

A közelmúltban bizonyítottuk, hogy streptozotocinnal (STZ) indukált diabéteszes patkányokban a bélperisztaltika szabályozásában fontos myentericus nitrerg neuronok oxigén- és tápanyagellátásban meghatározó szerepet játszó mesenterialis kapillárisok bélszakasz-specifikus módon sérülnek, és azonnali inzulinkezelés hatására is eltérően reagálnak. Ezért feltételeztük, hogy a bélfalban olyan régió-specifikus molekuláris változások vannak, amelyek döntően hozzájárulnak az entericus neuronok és az endothelsejtek diabétesszel összefüggő sérüléséhez.

A lizil-oxidáz (LOX) a kollagén és elasztin rostok keresztkötéseinek kialakításáért felelős enzim, mely fontos szerepet játszik az extracelluláris mátrix megfelelő működésében. Korábbi kutatások során megfigyelték, hogy diabétesz során a LOX meghatározó szerepet tölt be az endothelsejtek bazális membránjának megvastagodásában és a kapillárisok permeabilitásának növekedésében. Mivel eddig a bélcsatorna LOX termeléséről irodalmi adatok nincsenek, elsődleges célunk volt, hogy megvizsgáljuk, vannak-e kvantitatív különbségek a LOX expressziójában a vizsgált patkányok különböző bélszakaszaiban.

Az állatokat random módon kontroll, STZ-indukált kezeletlen diabéteszes és inzulin-kezelt diabéteszes csoportra osztottuk. A hyperglikaemiát egyszeri STZ-injekcióval váltottuk ki (i.p. 60mg/kg). Tíz héttel a kezelés után az állatokat feláldoztuk és a duodenum, az ileum valamint a colon területéről vettünk mintákat, melyeket elektronmikroszkópos vizsgálatokhoz készítettünk elő. A LOX expresszió kvantitatív változását posztembbeding immunhisztokémiai módszerrel vizsgáltuk a myentericus ganglionokban, a bélfal kapillárisaiban és simaizmaiban.

Diabéteszes állatokban a LOX-t jelölő aranyszemcsék száma a duodenumban szignifikánsan megnövekedett, az ileumban nem változott, míg a colon területén csökkent a kontroll mintákhoz képest. Az azonnali inzulin-kezelés hatására minden vizsgált bélszakaszban és kompartmentben nagymértékben csökkent a LOX enzim expressziója.

Eredményeink szerint, a LOX expresszió bélszakasz-specifikus kvantitaítv változása összefüggésben van az entericus neuronok és kapillárisok diabétesz következtében kialakuló regionális sérüléseivel. A változások hátterében álló molekuláris mechanizmusok tisztázása folyamatban van laboratóriumunkban.

ÁLLSZERV-4

MAYER MÁRTON ISTVÁN
Biológia
BSc, 5. félév

Szent István Egyetem
Állatorvos-tudományi Kar

Témavezető:
Dr. Nyiri Gábor
tudományos főmunkatárs, MTA KOKI

A median raphe sejtjeinek glutamaterg természete, a szerotonerg rendszer új nézőpontból

Az előagyi neuronhálózatok modulációjában fontosak a szubkortikális monoaminerg pályarendszerek, így a középagyi median raphe régióból (MRR) felszálló szerotonerg rendszer is. Nemrégiben kiderült, hogy a MRR, a tónusos szerotonerg szabályozáson túl, az általa beidegzett hippokampális interneuronokra képes olyan 3-mas típusú vezikuláris glutamát transzportert (vGluT3) tartalmazó terminálisokkal szinaptizálni, melyek gyors glutamaterg jelátvitellel serkenthetik ezeket a GABAerg sejteket. Munkánkban azt vizsgáltuk, hogy ez a glutamaterg jelátvitel valójában mennyire jellemző az egér MRR-jának idegsejtjeire és előagyi kapcsolataira – a szerotonerg kapcsolatok mellett. Először, fluoreszcens immunhisztokémiai kísérletekben megjelöltük a MRR-ban található szerotonin és/vagy vGluT3 tartalmú sejtpopulációt, majd azok konfokális mikroszkópos megfigyelésével és sztereológiai módszerekkel azt találtuk, hogy e neuronoknak legalább mintegy kétharmada valójában vGluT3-pozitív glutamaterg sejt. Ez után retrográd pályajelölés segítségével megmutattuk, hogy a MRR hippokampuszba, mediális septumba vagy mediális prefrontális kéregbe vetítő sejtjeinek legalább mintegy 80, 60 és 70%-a glutamaterg. Végül kettős retrográd pályajelölés segítségével megállapítottuk, hogy a MRR-ban található számos olyan neuron, melyek egyidejűleg vetítenek a hippokampuszba és a mediális prefrontális kéregbe, ezeknek is mintegy 90%-a glutamaterg sejt. Hasonlóan, a mediális septumba és a mediális prefrontális kéregbe egyidejűleg vetítő neuronok 80%-a szintén glutamaterg. Eredményeink rámutatnak arra, hogy bár a MRR sejtjeire valóban jellemző a szerotonin tartalom, mégis – azok nagy részének kettős pozitivitása mellett – a legtöbbjük glutamaterg vetítősejt. Ezen neuronok egy része ráadásul egyidejűleg több előagyi területre is képes vetíteni, így a mag szerepet játszhat e területek gyors és hatékony szinkronizálásában. Eredményeink az eddig lassú, tónusos szabályzónak gondolt MRR-ról új képet festenek, mely sokat segíthet a MRR valódi funkciójának megértésében.

ÁLLSZERV-5

SZKIBINSZKIJ EDGÁR
Biológus
MSc, 11. félév

Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:
Dr. Hodrea Judit
tudományos munkatárs, SE ÁOK

A RAAS rendszer gátlásának szerepe a diabéteszes nefropátiában

Bevezetés: A diabéteszes nefropátia (DN) a felnőttkori krónikus veseelégtelenség vezető oka, amelynek prevenciója és kezelése még nem megoldott és a betegség pontos patomechanizmusa sem ismert. DN-ben a fokozottan aktív renális renin-angiotenzin-aldoszteron rendszer (RAAS) hatására beindulhat az epiteliális-mezenhimális tranzíció (EMT) folyamata, mely hozzájárulhat a vese fibrotikus átalakulásához.

Célkitűzés: Vizsgáltuk a vese szövettani károsodását diabéteszben és RAAS gátlókkal való kezelést követően, illetve mértük az EMT legjellemzőbb markerének, az α-simaizom aktinnak (α-SMA) a mennyiségi változását és renális lokalizációját.

Módszerek: Hím Wistar patkányokat streptozotocin indukálta diabétesz öthetes fennállása után 2 hétig kezeltünk p.o. különböző RAAS gátlókkal: ACE gátló enalaprillal vagy ramiprillel, ARB blokkoló lozartánnal, aldoszteron-antagonista spironolaktonnal és eplerenonnal. Kontrollként kezeletlen cukorbeteg, illetve egészséges állatok szolgáltak (n=6/csoport). A mezangiális mátrix expanzió és az interstíciális fibrózis mértékét PAS és Masson festett szöveti metszeteken értékeltük. Az α-SMA fehérje mennyiségét Western-blottal, lokalizációját immunhisztokémiával határoztuk meg.

Eredmények: Diabéteszben fokozódott az interstíciális fibrózis és a mezangiális mátrix expanzió, melyet valamennyi RAAS gátló kezelés mérsékelt. Ezzel párhuzamosan diabéteszben megnőtt a renális α-SMA fehérje mennyisége, melyet minden RAAS gátló csökkentett.

Következtetések: Az EMT szerepet játszhat a DN kialakulásában, melynek specifikus gátlása terápiás támpont lehet a jövőben. A RAAS gátlók részben az EMT kivédésén keresztül fejthetnek ki renoprotektív hatást DN-ben.

ÁLLSZERV-6

MÉSZÁROS MÁRIA
Biológus
MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:
Dr. Deli Mária
tudományos tanácsadó, MTA SZBK

A stressz hatása a vér-agy gátra: morfológiai vizsgálat patkányokban

Napjainkban egyre több irodalmi adat hívja fel a figyelmet, hogy a stressz szervezetben létrejövő összetett, szisztémás változások kiváltása mellett fontos szerepet játszik mint exogén tényező egyes neuropszichiátriai betegségekben, így az Alzheimer-kór kialakulásában is. Korábbi tanulmányok igazolták, hogy a különböző stresszhatások jelentős morfológiai változásokat eredményeznek az Alzheimer-kór során is jelentősen érintett hippokampális és frontális agykérgi területeken. A vér-agy gát diszfunkciója hozzájárul az Alzheimer-kór patomechanizmusához, azonban stressz hatását a vér-agy gát morfológiájára eddig nem vizsgálták.

Kísérletünkben felnőtt hím Wistar patkányokon akut (1 és 3 nap) és krónikus (21 nap) immobilizációs stresszt követő morfológiai változásokat vizsgáltuk. Hippokampusz és frontális agykérgi metszeteken az agyi endotélsejtek változását a klaudin-5 és az okkludin kapcsolófehérjék és a glükóztranszporter-1, míg az asztroglia sejteket GFAP marker immunfestésével követtük. A festést követően a konfokális mikroszkóppal (Leica SP5) készített képeket képanalizáló programmal (Image J) elemeztük.

Stressz hatására a klaudin-5 és okkludin fehérjék immunfestésének eltérő változását tapasztaltuk: amíg a klaudin-5 szignifikáns intenzitásbeli csökkenését mutattuk ki a hippokampuszban, addig az okkludin fehérje festésének intenzitásában nem tapasztaltunk szignifikáns változást egyik agyterületen sem. Az akut stressz jelentős GFAP intenzitásbeli csökkenést eredményezett asztroglia sejtekben a kortikális régióban.

Eredményeink a stressz által kiváltott morfológiai változásokat igazolták az agyi homeosztázis fenntartásában szerepet játszó vér-agy gát sejtjeire, mely összefüggésben állhat a stressz által indukált kognitív funkciók romlásával és az Alzheimer-kór kialakulásával.

ÁLLSZERV-7

PETNEHÁZI ANDRÁS
molekuláris bionika
BSc, 7. félév

Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:
Dr. Deli Mária
tudományos tanácsadó, MTA SZBK
Dr. Dér András
tudományos tanácsadó, MTA SZBK

Az áramlás hatása agyi endotélsejtek szerkezetére és működésére: vizsgálatok egy új dinamikus, integrált modellen

A hatékony és összetett vizsgálatokat lehetővé tevő miniatürizált mikrofluidikai biochipek használata az elmúlt tíz évben terjedt el szélesebb körben. A biológiai barrierek, köztük a vér-agy gát tanulmányozása különösen fontos élettani és gyógyszerészeti kutatásokban, gyógyszerjelöltek tesztelésében. Az agyi endotélsejtek gátfunkciójának egyik szabályzója a sejtek luminális oldalára ható, véráramból eredő nyírófeszültség. Ennek modellezésére számos sejttenyésztésben használt integrált mikrofluidikai eszköz létezik, azonban közülük egy sem egyesíti a rendszer monitorozásához szükséges összes paramétert. Célunk az volt, hogy megvizsgáljuk az agyi endotélsejtek áramlás hatására bekövetkező morfológiai és funkcionális változásait. Az általunk létrehozott biochipen statikus és dinamikus (keringetés) körülmények között mért eredményeket a Biológiai Barrierek kutatócsoport által régóta használt tenyésztőbetéten nyert adatokkal hasonlítottuk össze.

Kísérleteinket az új integrált, PDMS alapú biochipen végeztük, amely lehetővé tette a sejtek naponta történő megfigyelését. A tenyészetek jellemzéséhez fáziskontraszt mikroszkópos képeket készítettünk. A barrier szorosságának meghatározásához elektromos ellenállást mértünk az endotél egysejtrétegeken keresztül, illetve a tenyésztési idő végén meghatároztuk jelzőmolekulák átjutását és egy sejtkapcsoló fehérje jelenlétét. Az áramlás modellezéséhez szükséges keringetést perisztaltikus pumpával értük el. A sejttenyésztéshez humán agyi endotélsejtvonalat (hCMEC/D3) használtunk.

Statikus körülmények között a biochipen és a tenyésztőbetéten az agyi endotélsejteket 5 napig, a legmagasabb transzendoteliális rezisztencia eléréséig tenyésztettük. A chipen a tápfolyadék áramoltatását a 3. nap után kezdtük el és 2 napig állandó szinten tartottuk. Az áramoltatás megkezdése utáni naptól az endotélsejtek az áramlás irányának megfelelő, megnyúlt morfológiát vettek fel. A dinamikus biochipen a barrier tulajdonságok javultak, ugyan a kis molekulasúlyú marker átjutása és a rezisztencia nem változott, azonban a közepes és nagy molekulájú jelzőanyagra az endotélsejtréteg permeabilitása szignifikánsan csökkent a statikus modellekhez képest.

Összefoglalva, az általunk kifejlesztett biochipet sikeresen alkalmaztuk sejttenyésztésre és a vér-agy gát statikus és dinamikus modelljeinek összehasonlítására. Terveink között szerepel a chipen a vér-agy gát primer sejtes ko-kultúra modelljének tesztelése és azon az áramlás hatásának vizsgálata.

ÁLLSZERV-8

PÁPAI NÓRA
Biológus
MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Varga Máté
adjunktus, ELTE TTK

Az endoszkeletális regeneráció jellemzése zebradánió (*Danio rerio*) mellúszó regenerációja során

Az elmúlt években a molekuláris biológia és genetika területén tapasztalt fejlődésnek köszönhetően a regenerációs kutatások is számtalan új eredményt mutathatnak fel. Ezen kutatások elterjedt modellállata a zebradánió (*Danio rerio*), mivel nagy regenerációs kapacitással rendelkezik és számos kutatócsoportot foglalkoztat az idegrendszeri-, szívizom és uszonyregenerációja során lejátszódó folyamatok minél alaposabb megismerése.

Bár az úszók regenerációja évek óta intenzív kutatási programok témája és egyre több ismerettel rendelkezünk az ekkor lejátszódó folyamatokat illetően, a korábbi vizsgálatok főleg az úszósugarakat tartalmazó exoszkeleton régióját érintették és az endoszkeleton vizsgálata egyelőre háttérbe szorult. Mivel filogenetikai szempontok alapján ennek regenerációja potenciálisan jobban modellezhetné a többi gerincesre jellemző végtagregenerációt, TDK munkám során ennek jellemzésén dolgozom.

Céljaim között szerepel az endoszkeletális regeneráció folyamatának és a létrejött regenerátum struktúrájának jellemzése, ez utóbbi esetében a regenerátumok csont-porc festésének segítségével. Ezen kívül az úszófejlődéskor, illetve az endoszkeletont vagy az úszósugarakat érintő amputációkor a regenerátumot létrehozó sejtek génexpressziós mintázatainak vizsgálata in situ hibridizációval, valamint a génexpresszióban bekövetkező változások nyomon követése kvantitatív PCR segítségével. A regenerációs folyamat és az abban részt vevő sejtek tanulmányozásához tervezem egy olyan transzgénikus törzs létrehozását, mely indukálható módon, a Cre/loxP rendszer felhasználása révén képes a sejtek leszármazási vonalainak pontos és könnyen vizualizálható követésére – ehhez az elmúlt időszakban rohamosan fejlődő CRISPR/Cas9 rendszert alkalmazom.

Ezen klasszikus biológiai és legmodernebb molekuláris biológiai módszereket is felhasználva azt szeretném elérni, hogy a lejátszódó folyamatokról minél részletesebb ismereteket szerezve a regeneráció még pontosabb modelljét tudjuk felállítani. Így reményeim szerint kísérleteim eredményei hosszútávon hozzájárulhatnak akár a regenerációs orvoslás fejlődéséhez is.

ÁLLSZERV-9

BODÓ KORNÉLIA
Biológia
MSc, 1. félév

Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Engelmann Péter
docens, PTE ÁOK

In vitro ezüst és arany nanopartikulumok toxicitásának vizsgálata coelomasejteken

A fém-nanopartikulumok (NP) széleskörű kereskedelmi és orvosbiológiai felhasználása azt eredményezheti, hogy ezek melléktermékei a környezetbe kerülhetnek. Igen hiányosak azonban az ismereteink arról, hogy a NP-k milyen hatást gyakorolnak az ember és környezete egészségi állapotára. A gerinctelen élőlények immunitásának relatív egyszerűsége lehetőséget nyújt arra, hogy egy érzékeny rendszert használjunk a NP-k biológiai rendszerekkel történő összetett kölcsönhatásainak vizsgálatára. A talajlakó gerinctelen élőlények közül a giliszták kulcsfontosságú szervezetek, melyek a talaj, mint ökoszisztéma állapotát jellemzik. A törzsfejlődés során itt figyelhető meg elsőként a celluláris és humorális immunfolyamatok szoros együttműködése.

Munkánk során feltételeztük, hogy a giliszta immunsejtek (un. coelomasejtek), mint primér makrofág-szerű sejtek, érzékenyen reagálnak az NP-ok toxikus hatásaira. Vizsgálataink során különböző koncentrációjú (1,25µg-40µg/ml) és időtartamú (4 és 24 óra) in vitro AgNP ill. AuNP kezeléseket végeztünk Eisenia andrei és E. fetida coelomasejteken. Célunk, a sejtek túlélési és a NP-ok toxicitási arányának megállapítása volt.

A NP koncentrációk függvényében vizsgáltuk a coelomasejtek túlélését fluoreszcens vitális festék alkalmazásával. Mindkét fajnál dózisfüggő sejtpusztulást tapasztaltunk. Az E. andrei esetében 10-15 µg/ml AgNP, az E. fetida-nál pedig 5µg/ml mutatott erőteljesebb toxicitást. Az AuNP egyik fajnál sem okozott változást a kontroll sejtekhez képest. A NP által kiváltott reaktív oxigén intermedierek termelését szuperoxid-dizmutáz (SOD) zimográfia segítségével vizsgáltuk a coelomasejtekben. Mindkét NP kezelt mintánál erőteljesebb enzimaktivitását tapasztaltunk, mint a kontroll minták esetében. Az NP által kiváltott sejtpusztulás mechanizmusát sejtszintű kaszpáz 3 aktivitás vizsgálatával kiviteleztük. Az NP kezelésre az E. fetida coelomasejtek magasabb, míg az E. andrei coelomasejtek alacsonyabb kaszpáz aktivitással válaszoltak. A DNS károsodás közvetlen becslését Comet-assay-vel E. andrei coelomasejteken végeztük el. A 15 µg/ml AgNP hatása már kimutatható, bár nem olyan kifejezett, mint a pozitív kontroll (UV-fény kezelt) sejtek károsodása.

Összefoglalásként elmondhatjuk, hogy a coelomasejtekre az AgNP toxikusabb hatású, mint az AuNP. Vizsgálataink alapján az E. fetida coelomasejtek az életképesség, -és a sejtszintű kaszpáz aktivitás szempontjából is érzékenyebben reagáltak az NP kezelésekre, mint az E. andrei coelomasejtek.

BIOINFO-1

DOBSON LÁSZLÓ
Info-bionika
MSc, 2. félév

Pázmány Péter Katolikus Egyetem
Információs Technológiai és Bionikai Kar

Témavezető:
Dr. Tusnády Gábor
tudományos főmunkatárs, MTA EI

A humán transzmembrán proteom meghatározása és vizsgálata

A transzmembrán fehérjék rendkívül fontos szerepet játszanak az élő sejtekben mind egysejtű, mind többsejtű élőlények esetében, hiszen részt vesznek az energiatermelő folyamatoktól kezdve a különböző anyag- és információ "transzport" folyamatokon át a sejt-sejt kapcsolatok kialakításában. Ezek a fehérjék a sejteket, illetve az egyes sejt organellumokat határoló kettős lipidrétegű membránokba ágyazódva helyezkednek el, úgy, hogy a membrán mindkét oldala ("kint" és "bent") felé kinyúlnak a membránból és ezáltal képesek a membrán két oldala közötti anyag- és információáramlásban irányított módon részt venni. Mivel ilyen sok, és ilyen különböző biológiai folyamatban vesznek részt a transzmembrán fehérjék, rendkívül sok betegséggel kapcsolatba hozhatóak, illetve a betegség gyógyításához szükséges gyógyszerek és metabolitok célba juttatásában segédkeznek. A ma forgalomban levő gyógyszerek több mint fele valamilyen transzmembrán fehérjén fejti ki hatását, vagy hat kölcsön a kívánt hatás eléréséhez. Az új, hatásos gyógyszerek tervezéséhez ezért elengedhetetlenül fontos a transzmembrán fehérjék szerkezetének ismerete. Ugyanakkor, ezen fehérjék térszerkezetének meghatározása a ma ismert kísérletes eszközökkel (röntgen-diffrakció, mágneses magrezonancia spektroszkópia) igen nehéz. A humán genom bioinformatikai vizsgálata alapján a genom által kódolt fehérjék mintegy negyede transzmembrán fehérje, azaz kb. 6-8 ezer transzmembrán fehérje található az emberi proteomban, ugyanakkor eddig kevesebb, mint 100 emberi transzmembrán fehérje szerkezete ismert.

A transzmembrán fehérjék szekvencia alapján való pontos azonosítása, illetve a szekvenciák alapján a térszerkezet alacsony felbontású becslése (topológia becslés, "2.5D" becslés), ezen becslések pontosságának és megbízhatóságának a megadása, illetve a topológiai adatok adatbázisba szerkesztése, azok szisztematikus elemzése a jelen TDK munka célkitűzése. Az eredményül kapott humán transzmembrán fehérje proteom és topológiai adatbázis fontos kiinduló pontja lehet ezen fehérjék nagy skálás 3D-s szerkezetének a becsléséhez, illetve új gyógyszer célpontok azonosításához, új gyógyszerek kifejlesztéséhez.

BIOINFO-2

GUL LEJLA
Biológia
BSc, 7. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
Fazekas Dávid
csoportvezető, ELTE TTK
Korcsmáros Tamás
csoportvezető, TGAC, Norwich, UK

A *Salmonella* és az ember gazda-patogén kapcsolatainak feltérképezése

A Salmonella világszerte gyakori, széles gazdaspektrumú, az embert elsősorban bélrendszerén keresztül fertőző kórokozó. Biológiai jelentősége ellenére igen kevés adat áll rendelkezésünkre mind a Salmonellán belüli, mind a gazdaszervezetet érintő molekuláris kölcsönhatásokról. Jelen dolgozat célja a Salmonella typhimurium és az ember közti fehérje-fehérje kölcsönhatások (protein-protein interactions, PPI) feltérképezése, különös tekintettel a humán sejtek autofágia szabályozása és a Salmonella kapcsolatára. Létrehoztam egy gazda-patogén PPI hálózatot, mely kísérletesen igazolt, valamint négyféle in silico predikcióból származó kapcsolatokat tartalmaz Salmonella és emberi fehérjék között. Elkészítettem egy domén-domén kölcsönhatásokon alapuló predikciós módszert, mellyel 1329 kapcsolatot prediktáltam. Az említett források alapján összeállított hálózat gyakorlati jelentőségét az autofágia példáján mutatom be, mely a Salmonella elleni védekezésben is jelentős sejttani folyamat. Több aspektusból megvizsgáltam a patogén hatását az autofágia folyamatára: a szabályozás típusa (közvetlen, közvetett), a virulencia effektorok lokalizációja (SPI-1, SPI-2, egyik sem) és a megcélzott fehérjék szerepe az autofágia szakaszaiban (iniciáció, fagofór képződés, záródás és fúzió a lizoszómával). Eredményeim szerint a Salmonella főképp közvetlenül célozza meg az autofágia fehérjéket. Az említett szempontok alapján elemezve eltéréseket találtam a Salmonella effektorok és autofágia fehérjék közti útvonalak számában.ö Eredményeimet az irodalmi adatokkal összevetve, megkíséreltem hipotéziseket alkotni a Salmonella sejten belüli molekuláris mechanizmusairól. Az itt bemutatott eredmények felhasználásával, csoportunkban kidolgoztunk egy kutatási tervet a fehérje interakciók egy részének kísérletes validálására, mely reményeink szerint fényt derít majd a Salmonella-autofágia kapcsolat mechanizmusaira és funkciójára.

BIOINFO-3

DEMETER AMANDA
Biológus
MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
Fazekas Dávid
csoportvezető, ELTE TTK
Korcsmáros Tamás
csoportvezető, TGAC, Norwich, UK

A *Salmonella typhimurium* kísérletesen igazolt és ortológia alapján jósolt protein-protein interakciós hálózata

A *Salmonella typhimurium* fontos patogén baktérium, amely súlyos bélfertőzést képes okozni. Lévén nem modell szervezet, kevesebb adatbázis-szintű gyűjtött adat áll rendelkezésre róla, ezen belül is protein-protein- interakciós (PPI) adatból kifejezetten kevés érhető el. A virulenciáért, a gazda-patogén interakcióért a Salmonella hármas típusú szekréciós rendszere (T3SS) felelős. Megismerendő a fertőzés folyamatát, a T3SS-ben résztvevő effektor fehérjéket is érintő interakciós hálózat feltérképezését tűztem ki célul.

A Salmonella effektor fehérjék PPI hálózatát irodalmi gyűjtéssel és számítógépes predikcióval készítettem el. Több mint 600 publikációból gyűjtöttem ki kézzel a kapcsolatokat és azok részleteit. Ezután ortológia alapján prediktáltam PPI-ket a fehérjékhez a hozzá evolúciósan közel álló Escherichia coli-ból származó adatokból, melyek több adatbázisból és irodalmi gyűjtésből származtak.

Végül egységes adatbázisban tárolva és ábrázolva az adatokat elemeztem a Salmonella typhimurium effektor fehérjéinek hálózatát, az SPI-effektor fehérjékkel kapcsolódó más Salmonella fehérjék humán célfehérjéi közötti funkcionális átfedést, valamint a potenciális új virulencia fehérjéket azonosítottam.

BIOINFO-4

TÓTH RÉKA

Középiskolai hallgató

Alternatív Közgazdasági Gimnázium

Témavezető:
Fazekas Dávid
csoportvezető, ELTE TTK

Konzervált nem kódoló szekvenciák evolúciós elemzése

Nem kódoló DNS-nek nevezzük a genom azon régióit, amelyekről nem történik átíródás. Korábban ezeket „szemét DNS-nek" nevezték abban a hitben, hogy mivel nem kódolnak fehérjét, nincs is funkciójuk. Azóta azonban kiderült, hogy fontos strukturális és szabályozó szerepet tölthetnek be. A gének kifejeződésének szabályozásában a célgéntől több száz kilobázisnyira elhelyezkedő DNS-szekvenciák is szerepet játszhatnak. Ezek felfedezésének egyik módszere távoli fajok genomjának páros illesztése. Az evolúciós nyomás miatt feltételezhető ugyanis, hogy azok a régiók, amelyek ilyen nagy evolúciós távolságban is nagy arányban megegyeznek, funkcionális szabályozó szakaszok. Ezek a konzervált nem kódoló elemek, azaz CNE-k (Conserved Noncoding Elements). Mivel a CNE-ket számítógépes módszerekkel azonosították, viszonylag keveset tudunk a funkciójukról, működési módjukról. Célom, hogy bioinformatikai módszerekkel olyan csoportjait azonosítsam a CNE-knek, amelyek csak egy-egy kisebb evolúciós csoportra, például csontos halakra jellemzőek. Ehhez először páros illesztéseket készítek több gerinces faj között. A fajpárok között konzervált szekvenciákat ezek után egymásnak megfeleltetem, így egy olyan mátrixot kapva, amely minden CNE-re megmutatja, megjelenik-e egy adott fajban. Így lehetségessé válik csoportok elkülönítése. A mátrixból evolúciós fát is készítek egy diszkrét karaktereket feldolgozó algoritmussal az evolúciós változások feltérképezésére. Eredményeim hozzásegítenek a kísérlettervezéshez és a CNE-k funkciójának jobb megjóslásához.

BIOINFO-5

HARMAT ZITA
Info-bionika mérnöki MSc
MSc, 2. félév

Pázmány Péter Katolikus Egyetem
Információs Technológiai és Bionikai Kar

Témavezetők:
Dr. Hegedűs Tamás
tudományos főmunkatárs, MTA-SE
Dr. Gáspári Zoltán
docens, PPKE ITK

Multidrog-transzporterek, metabolikus enzimek és promiszkuis nukleáris receptorok drogfelismerésének összehasonlítása

A sejt idegen anyagok elleni védekezésében különböző fehérjék vesznek részt: nukleáris receptorok, melyek felismerik a mérgező vegyületeket, metabolikus enzimek, melyek átalakítják őket, és multidrog transzporterek, melyek kipumpálják a sejtből az idegen anyagokat, illetve azok metabolitjait. Ezek a fehérjék fontos szerepet játszanak gyógyszerek metabolizmusában, a mérgező anyagok sejtből való eltávolításában és a rákos sejtek kemoterápiával szemben kialakuló rezisztenciájában. Kísérletes adatok alapján feltételezhető, hogy a sejt-szintű kémiai védekezésében, a kemoimmunitásban szerepet játszó fehérjék egy hálózatot alkotnak. Ha ez így van, akkor adott nukleáris receptorok, enzimek és transzporterek szubsztrátspektrumának át kell fednie.

Annak érdekében, hogy ezt megvizsgáljuk és bemutassuk, hogy mely vegyületek aktiválnak nukleáris receptorokat, publikus adatbázisokból kikerestük nukleáris receptorok ligandjait és a ligandokat tartalmazó kísérletek adatait. További lépésként összegyűjtöttük metabolikus enzimek és multidrog transzporterek szubsztrátjait, hogy azonosítsuk azokat az enzimeket és transzportereket, amelyeknek ugyanazok a vegyületek a szubsztrátjaik. A nukleáris receptor ligandok, illetve a metabolikus enzim és multidrog transzporter szubsztrátok közötti kapcsolatokat matematikai módszerekkel (pl. klaszterezés és főkomponens analízis) elemeztük.

Eredményeink arra utalnak, hogy a gyógyszer-metabolizmusban részt vevő nukleáris receptorok, enzimek, és transzporterek hálózatot alkotva működnek együtt. A publikus adatbázisokból nyert adatok elemzése arra is felhívja a figyelmet, hogy azok mennyisége és minősége nem megfelelő részletesebb vizsgálatokhoz. Ezért létrehoztunk egy adatbázist az adatok integrálására és az irodalomból történő bővítésére, amit majd egy web alkalmazás segítségével teszünk elérhetővé más kutatócsoportok számára.

BIOINFO-6

LÁZÁR TAMÁS
Molekuláris bionika mérnöki
BSc, 7. félév

Pázmány Péter Katolikus Egyetem
Információs Technológiai és Bionikai Kar

Témavezető:
Dr. Schád Éva
tudományos munkatárs, MTA EI

Rendezetlen fehérjék komplexeinek bioinformatikai vizsgálata

Az ezredforduló előtt elképzelhetetlennek tűnt, hogy megdőljön a molekuláris biológia „szerkezet - funkció paradigmája", miszerint a fehérjék funkcióját a jól definiált 3D-s szerkezet határozza meg. Azonban egyre több bizonyíték gyűlt össze arra vonatkozólag, hogy létezik a fehérjéknek egy másik csoportja, a rendezetlen fehérjék, és mára a rendezetlenség fogalma széles körben elfogadottá vált.

Mára már elfogadott tény, hogy számos, alapvető biológiai folyamatban szerepet játszó fehérje natív állapotban nem rendelkezik jól meghatározott harmadlagos szerkezettel. Ezek a rendezetlen fehérjék leginkább gyorsan változó, egymásba átalakuló alternatív konformációk sokaságaként jellemezhetők. Az irodalomban elfogadott nézet szerint - a rendezetlen szerkezetük következményeként - specifikus, de gyenge fehérje-fehérje kölcsönhatás kialakítására képesek. Erre vonatkozóan azonban még nem született átfogó vizsgálat, és számos megfigyelés utal arra, hogy ez az általánosítás nem állja meg a helyét. A feladatom a rendezetlen fehérjéket tartalmazó komplexek irodalomból kigyűjtött fizikokémiai, szerkezeti, biofizikai és egyéb adatainak kiegészítése és rendszerezése, az összegyűjtött adatokból adatbázis létrehozása és tesztelése volt, mely alapul szolgált további részletes bioinformatikai vizsgálatokhoz.

Munkám során a rendezetlen fehérjepartnert tartalmazó komplexek kötődésének tanulmányozásával, a rendezetlen fehérjekomplexek rendszerező adatbázisának programozásával és tesztelésével foglalkoztam, továbbá a disszociációs állandót tartalmazó adatbázisok megismerése és bennük rendezetlen komplexek bioinformatikai keresése tartozott a feladataim közé. Jelenleg a rendezetlen fehérjék kötődésének bioinformatikai feltérképezését végzem mind a kötőaminosavak, mind a szerkezetek kötőfelszíneinek szempontjából, valamint a rendezetlen és globuláris fehérjék komplexeinek összehasonlító elemzésén dolgozom.

BIOINFO-7

SZEPES DÓRA
Molekuláris bionika mérnöki
BSc, 7. félév

Pázmány Péter Katolikus Egyetem
Információs Technológiai és Bionikai Kar

Témavezető:
Dr. Kalmár Lajos
tudományos főmunkatárs, MTA EI

Rendezetlen kötőmotívumok kinyerése és elemzése a PDB fehérjeszerkezet adatbázisból

Az ezredfordulón a szerkezetbiológusok felismerték, hogy egyes fehérjék nem képesek stabil harmadlagos szerkezetet felvenni, de mégis jól meghatározható funkciókat látnak el. Az elmúlt több mint tíz évben ezeket a fehérjéket rendezetlen fehérjeként ismerte meg a tudomány, és számos téren beigazolódott, hogy megismerésük mind az alaptudomány, mind az orvosbiológia szempontjából igen fontos. A rendezetlen fehérjék fő funkciója a fehérje-fehérje kölcsönhatások kialakítása, leggyakrabban egy rövid lineáris peptidszakasz (6-10 aminosav) kapcsolódik a globuláris, rendezett partnerhez. A globuláris fehérjékben található funkcionális egységekhez, a doménekhez hasonlóan ezek a szakaszok tekinthetők a rendezetlen fehérjék, fehérje szakaszok funkcionális egységének.

Munkám során a feladatom a PDB adatbázisból azon komplexek kiszűrése, feldolgozása és adatbázisba helyezése volt, melyek legalább egy ilyen rendezetlen kötőrégiót tartalmaznak. A feladat nehézségét egyrészt a PDB adatbázis számos hibájának menetközben történő kiszűrése jelenti, másrészt a munkából készülő adatbázis automatikusan kell, hogy frissüljön (a PDB adatbázis hetente, havonta frissül), ennek leprogramozása is fontos. Az adatok kiszűrése után azok feldolgozása is a feladat része volt. Ennek egyik része a rendezetlen kötőmotívumok és az azokat határoló régiók tulajdonságainak vizsgálata volt, a másik pedig egy olyan keresőalgoritmus létrehozása, mely rendezetlen fehérje kötőmotívumokat ismer fel. A munka eredménye egy a csoportban folyó átfogó vizsgálat részét képezi majd, melyben a rendezetlen motívumok kialakulását, általános felépítését, működésükhöz szükséges kulcs faktorokat keressük majd.

BIOINFO-8

FODOR MÁTYÁS
Molekuláris Bionika mérnöki BSc
BSc, 6. félév

Pázmány Péter Katolikus Egyetem
Információs Technológiai és Bionikai Kar

Témavezető:
Dr. Gáspári Zoltán
docens, PPKE ITK

RNS térszerkezetek összehasonlítása a szekvenciális távolságok eloszlása alapján

A közelmúltban egyre nagyobb hangsúlyt kap egyes RNS molekulák térszerkezetéhez köthető enzimatikus és szabályozó funkciója (pl.: ribozimek, snRNA-k, tRNS-ek). Az ilyen, funkcióval rendelkező RNS molekuláknak nemcsak a bázissorrendje, hanem a térszerkezete is fontos, hiszen a fehérjékéhez hasonló komplexitású harmadlagos szerkezetet tudnak felvenni. A funkciók felismeréséhez szükségessé válik az RNS térszerkezetek összehasonlítása. Ennek fő alkalmazási területe az eltérő bázissorrendű, azonban hasonló RNS molekulák szerepének predikciója, illetve egyes funkciókhoz köthető térszerkezeti jellegzetességek meghatározása.

Az RNS térszerkezeteket összehasonlíthatjuk a fehérje szerkezetillesztésre alkalmazott eszközökkel, azonban a két molekulatípus méretben, stabilitásban, a másodlagos szerkezet típusaiban jelentős eltéréseket mutat: a nem kódoló RNS láncok többnyire 100 bázispárnál rövidebbek, és az RNS lánc váza flexibilisebb a fehérjeláncénál. Ezen különbségekből látható, hogy az RNS szerkezetek összehasonlítására érdemes speciális eszközöket kifejleszteni.

Dolgozatom célja egy RNS térszerkezet összehasonlító alkalmazás megvalósítása a fehérjékre alkalmazott PRIDE program alapján. A PRIDE algoritmus működési elve a két fehérjelánc különböző szekvenciális távolságban lévő vázatomjainak térbeli távolságeloszlásának összehasonlítása kontingencia analízissel. Az általam fejlesztett algoritmus (EDIRP) a PRIDE logikájának fordítottja, a különböző térbeli távolságtartományban lévő vázatomok (RNS esetén foszforatomok) szekvenciális távolság eloszlását hasonlítja össze szintén kontingencia analízissel. A módszer előnye, hogy rövid szekvenciákra is alkalmazható, az atomok térkoordinátáin kívül nincs szüksége más adatra.

Az algoritmust sikeresen implementáltam, valamint az adatok előkészítését, és tesztelését is saját szkriptekkel végeztem. Mindehhez a Python programnyelvet használtam. Az algoritmus teszteléséhez és az eredmények ellenőrzéséhez szükség volt egy adatkészletre, mely minél kevésbé redundáns. Ezt a PDB adatbázisból letöltött fájlokból készítettem el, melyet egy saját szkripttel és a CD-hit programmal szűrtem. Az eredmények értékeléséhez felhasználtam a SARA programot, melyet korábbi kutatómunkám során RNS összehasonlításra alkalmasnak találtam. A két algoritmus eredményeit összevetve egyelőre nem sikerült szignifikáns eredményt találni, de az EDIRP alkalmazhatóságáról meggyőződtem.

BIOINFO-9

DIKÓ ANNA EMESE
Biológus
MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
Nagy Tibor
tudományos munkatárs, NAIK, MBK
Böddi Béla
egyetemi tanár, ELTE TTK

Stressz hatására indukálódó nat-siRNS-ek kimutatása *Nicotiana benthamiana*-ban bioinformatikai módszerek alkalmazásával

Stressz hatására indukálódó nat-siRNS-ek kimutatása *Nicotiana benthamiana*-ban bioinformatikai módszerek alkalmazásával.

A nat-siRNS-ek az univerzális RNS-ek közé tartoznak, 21-24 nukleotid hosszúságú kis RNS-ek. Érési folyamatot követően szekvencia komplementaritáson alapuló géncsendesítést idéznek elő. Szerepük ma is kutatott, számos stressz-, illetve fejlődési folyamatban leírták őket. Munkámban ezeket az RNS-eket vizsgáltam Nicotiana benthamiana-n.

A vizsgálat alapját egészséges és stresszkezelt *N. benthamiana* microarray kísérlet adta, melynek adatai az NCBI (National Center for Biotechnology Information) weboldaláról származnak. A növény genomja a Sydney egyetem kutatóinak munkája. Ezen kívül egészséges *N. benthamiana*-ból származó kis RNS szekvenicákat, a teljes *N. benthamiana* transzkriptómot és génannotációt használtam, melyek a Mezőgazdasági Biotechnológiai Kutatóintézet kutatói munkáiból származnak. Általánosan elfogadott bioinformatikai módszerek hiányában az általános elemző alkalmazásokat (NCBI BLAST, Cytoscape, R) saját fejlesztésű programokkal kiegészítve tanulmányoztam a nat-siRNS-eket.

Munkámban kimutattam abiotikus tényezők hatására feldúsuló géneket és az őket feltehetőleg szabályozó kis RNS-eket. Emellett a növény egyes vegetatív és generatív folyamatait szabályzó géneket is találtam, amelyek valószínűleg a stresszhez való alkalmazkodást segítik elő. Eredményeim alapján további kísérletes vizsgálatok végezhetők a kis RNS-ek génszabályozó szerepének felderítéséhez.

BIOKÉM1-1

NAGY KINGA
Biomérnök
MSc, 2. félév

Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi
Egyetem
Vegyészmérnöki és Biomérnöki Kar

Témavezető:
Dr. Vértessy G. Beáta
egyetemi tanár, BME VBK

A genomi uracil előfordulásának és eloszlásának vizsgálata

Az uracil a természetben az RNS egyik alkotóeleme, a DNS-ben való megjelenése általában hibának számít, amit az élőlényekben az evolúció során kialakult javító mechanizmus távolít el. Az uracil a DNS-ben normál élettani körülmények között is előfordulhat, például egyes bakteriofágok DNS-e timin helyett uracilt tartalmaz, továbbá a plazmasejtté alakuló B-limfociták esetében is fontos szerepet játszik a sejtek DNS-ében megjelenő uracil. Akár hibaként, akár normális élettani folyamat eredményeként fordul elő ez a szokatlan bázis, a DNS-en belüli eloszlása lényegi információval szolgálna a mutációra különösen hajlamos forró pontok (hot spot) felmérésében.

TDK munkám célja az uracil DNS-beli előfordulásának és eloszlásának vizsgálatára alkalmas új módszer kidolgozása és valamint optimalizálása, mivel a jelenleg elérhető módszerek nem alkalmasak a DNS-en belüli uracil-mintázat felmérésére.Erre egy speciális Dot blot technikát dolgoztunk ki, amely során egy katalitikusan inaktív, de uracil felismerésre képes (D145N és H268N mutáns) uracil-DNS glikoziláz enzimet használtunk a DNS-ben található uracil detektálására. A módszer előnyei közé tartozik, hogy nagyon specifikus az uracilra, a teljes genomi DNS uracil-tartalmáról és annak eloszlásáról egyaránt kvantitatív információt szolgáltat, valamint, hogy nem csupán in vitro, hanem in situ ill. in vivo kísérletekben is alkalmazható lehet.

Munkám során a fent említett duplamutáns enzim konstruktokat funkcionális agaróz-assay-vel vizsgáltam, míg a DNS kötő képességüket elektroforetikus mobilitás teszttel (EMSA) jellemeztem. Ezekkel az enzim konstruktokkal számos kísérletet végeztem a Dot blot technika optimalizálására. Emellett a továbbiakban az említett elven működő uracil-kimutatás érzékenyítésére ELISA kísérleteket, immuncitokémiát pedig in situ vizsgálatként tervezek.

BIOKÉM1-2

HERMANN ÁGNES
Molekuláris bionika mérnöki
BSc, 5. félév

Pázmány Péter Katolikus Egyetem
Információs Technológiai és Bionikai Kar

Témavezető:
Dr. Dobó József
tudományos főmunkatárs, MTA EI

Heterodimerek képződése a komplement rendszer lektin útvonalának szerinproteázai között

A komplementrendszer a természetes immunválasz fontos effektor ága, melynek aktiválódása során a szerin proteáz komponensek egymást kaszkádszerű módon aktiválják. Három úton aktiválódik, amelyek közül a lektin út a legősibb. Aktiválódásáért három szerin proteáz: a MASP-1, MASP-2 és a MASP-3 felelős. A MASP-ok (MBL-kötő szerinproteázok) Ca2+-függő dimereket alkotnak és többféle felismerő molekulához kötődve találhatók meg a vérben. A felismerő molekulák célfelszínhez való kötődése után a MASP-ok aktiválódnak majd aktiválják a komplement soron következő komponenseit.

A MASP-1 humán szérumból való izolálása során merült fel, hogy vajon a MASP-ok heterodimerizációja végbe megy-e, és ha igen milyen sebességgel. Az előzetes irodalomkutatás után a labormunkát a MASP-1 első három doménjének E. coli-ban való kifejezésével kezdtem. Az expresszált fehérjék renaturálása után kromatográfiás módszerek segítségével ~90%-os tisztaságú fehérje-oldatokat kaptam. Az általam használt MASP 3D fragmentumok alkalmasak a natív MASP-ok dimerizációjának modellezésére, mivel a dimerizációért felelős N-terminális 3 domént tartalmazzák.

A heterodimerek képződését EDTA-s kezelést követő re-asszociáció (feleslegben adott CaCl2) során vizsgáltam, a kicserélődési kísérleteket pedig Ca2+ jelenlétében végeztem. A mintákat natív gélelektroforézissel vizsgáltam. A dolgozatom egyik legfontosabb megállapítása, hogy a MASP-1 3D:MASP-2 3D disszociációs, majd re-kalcifikációs kísérlete esetében a homodimer:heterodimer:homodimer arány a denzitometriás vizsgálatok alapján hozzávetőlegesen 1:2:1 lett, ami arra utal, hogy a MASP-1:MASP-2 heterodimerek kialakulásának nincs szerkezeti akadálya. A MASP-1 3D és MASP-2 3D fragmentumok esetében spontán kicserélődést is tapasztaltam Ca2+ jelenlétében, azonban ez a folyamat meglehetősen lassú volt, pár nap után is kb. 6% heterodimer volt jelen. Ez alapján valószínűsíthető, hogy a MASP-1 és MASP-2 heterodimerek in vivo csak a szintézis során képződhetnek. Hasonló fragmentumok segítségével vizsgáltam a MASP-1 és MASP-3 dimerek közötti alegység-kicserélődést is, ahol viszont a heterodimerek kialakulása meglehetősen gyors volt, kb. 2 nap kellett az egyensúly beálltához.

Korábban feltételezték, hogy a MASP-ok homodimerként kötődnek a felismerő molekulákhoz, ezért a heterodimerek képződésének kimutatása jelentősen befolyásolja a lektin út komplexeinek összetételéről és aktivációjáról alkotott képet.

BIOKÉM1-3

SZABÓ KITTI
Biológus
MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:
Dr. Kotormán Márta
adjunktus, SZTE TTIK

Poliolok hatása amiloid fibrillumok képződésére

Az amiloid fibrillumok jelenléte hozzájárul számos betegség komplikációihoz. A legtöbb fehérje képes bizonyos körülmények között amiloid fibrillumokat képezni, ugyanis az amiloid fibrillumok képzésére való hajlam a polipeptid lánc peptid gerincének általános tulajdonsága. Vízoldékony fehérjék in vitro aggregációja figyelhető meg enyhe denaturáló körülmények között, magas hőmérsékleten, az izoelektromos pont közelébe eső pH értéknél, vagy poláros szerves oldószerek jelenlétében.

Tanulmányoztuk az amiloid fibrillumok keletkezését tripszin modell-fehérjét használva szerves oldószerek jelenlétében fluoreszcencia spektroszkópiával, turbiditás mérésekkel, az aggregáció kinetikájának követésével, valamint kongó vörös kötődéssel. Tioflavin T kötődés vizsgálata során megállapítottuk, hogy pH = 7,0-nél a maximális fibrillum képződés 60 % oldószer koncentrációnál figyelhető meg etanolban, metanolban és 1,4 dioxánban egyaránt. A részlegesen kitekeredett fehérje hidrofób régiójához kötődő 8-anilino-1-naftalin-szulfonsavval sikerült kimutatni a fehérje szerkezetének lazulását 60 % metanolos közegben. Az aggregátumok mennyisége fenil-metil-szulfonil tripszinnel 60 %-kal csökkent 50 mg/ml PEG 4000 jelenlétében 60 % etanol koncentrációnál. A kongó vörös kötődést vizsgálva a differencia spektrumok alakja jól tükrözte az amiloid fibrillumok jelenlétében bekövetkezett spektrális változást. Vizsgáltuk különböző poliolok aggregációra kifejtett gátló hatását pH = 4,0-nél tripszint használva. Legjelentősebb gátlást a PEG 6000 okozott, 50 mg/ml-es koncentrációban 34 %-ra csökkentette az aggregátumok mennyiségét a PEG 6000-et nem tartalmazó mintához képest 60 % etanol koncentráció mellett. Az 50 és a 75 mg/ml-es koncentrációjú PEG 6000 jelenléte koncentrációtól függő mértékben mérsékelte a tripszin aktivitás vesztését, jelezve a PEG 6000 fehérje szerkezetet stabilizáló hatását. A PEG 6000 aggregációt gátló hatása növekvő koncentrációval nőtt. Eredményeink alapján megállapítható, hogy PEG-el növelhető a tripszin natív szerkezetének stabilitása, így alkalmazásával gátolható az aggregáció hatékonysága.

BIOKÉM1-4

SÓJA ANDREA MÓNIKA
Biológia
MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:
Dr. Takó Miklós
tudományos munkatárs, SZTE TTIK

Rhizopus stolonifer járomspórás gomba lipáz enzimének tisztítása és jellemzése

A lipázok a trigliceridek glicerinné és szabad zsírsavakká történő hidrolízisét katalizálják. Állatokban, növényekben és mikroorganizmusokban egyaránt előfordulnak. Alacsony vízaktivitású vagy vízmentes közegben észter kötések kialakítására és áthelyezésére is képesek. Előnyös tulajdonságaik számos biotechnológiai folyamatban kiaknázhatók, úgymint az élelmiszer-, detergens- és a gyógyszeripar területei. A legtöbb ipari folyamatnál mikrobiális forrásból származó lipázokat alkalmaznak.

Előzetes munkáinkban a *Rhizopus stolonifer* SZMC 13609 járomspórás gombatörzs ígéretes lipáztermelőnek bizonyult. Ezzel együtt a termelt enzim a szintetikus képesség tesztelésére irányuló vizsgálataink során jelentős átészterező aktivitást is mutatott. A járomspórás gomba lipázok közül eddig csak néhány enzimet izoláltak, illetve használnak fel egyes ipari folyamatokban. További törzseket ebből a szempontból kevésbé jellemeztek. Vizsgálataink egyrészt a R. stolonifer izolátum extracelluláris lipázhozamának javítására, ezzel együtt fermentációs körülmények optimalizálására, másrészt az enzim izolálásának és biokémiai jellemzésének megkezdésére terjedtek ki.

Búzakorpa alapú szilárd fermentációs tesztjeinkben 25 °C inkubációs hőmérsékletet alkalmazva kaptuk a legmagasabb lipázhozamot, melyet 6% induktor olajjal és ásványi sós átnedvesítő tápoldattal tovább sikerült fokoznunk. Az olívaolaj és a búzakorpa lipáztermelésre gyakorolt hatását süllyesztett tenyészetekben is megvizsgáltuk. Frakcionált kisózást követő kromatográfiás technikák alkalmazásával megkezdtük a lipáz tisztítását is. A részlegesen tisztított enzim biokémiai jellemzése során hőmérséklet optimumát 50 °C körül állapítottuk meg; az enzimfehérje féléletideje 50 °C-on 4 óra volt. A pH optimuma 5,0 körülinek bizonyult, míg stabilitását pH 4,5-6,0 között őrizte meg 24 órás inkubációt követően. A szubsztrátspecifitás meghatározásához p-nitrofenil-észtereket alkalmaztunk, ahol az enzim a pNF-kaprilát, -dekanoát és –dodekanoát szubsztrátokat hidrolizálta a legnagyobb hatékonysággal. A tesztelt fémsók és reagensek közül a Hg^{2+} és az SDS jelentős mértékben csökkentette, míg a K^{+} és az EDTA növelte a vizsgált lipáz aktivitását. Alkoholok és alkánok enzimaktivitásra gyakorolt hatását is vizsgáltuk. Az enzim által katalizált átészterezés hőmérséklet és idő függését is vizsgáltuk, valamint többféle zsírsav akceptor alkohol és szerves oldószer közeg alkalmazásával is jellemeztük a reakciót.

BIOKÉM1-5

NÉMETH BRIGITTA
Biológus MSc
MSc, 11. félév

Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:
Dr. Rákhely Gábor
docens, SZTE TTIK
Dr. Tóth András
tudományos munkatárs, MTA SZBK

Szerkezeti és működési vizsgálatok egy VI. típusú szulfid kinon oxidoreduktáz enzimen

Az élet egyik nélkülözhetetlen alapeleme a kén, melynek legredukáltabb formája a szulfid már az élet megjelenése előtt jelen volt a Földön. A szulfid toxikus vegyület, azonban sok kemo- és fototróf baktérium elektrondonorként képes hasznosítani szulfid oxidáló enzimeik segítségével. Az egyik ilyen enzim a szulfid kinon oxidoreduktáz (SQR) az ősi diszulfid oxidoreduktáz fehérje család tagja, melyek közös jellemzője redox aktív FAD tartalom. Az SQR fehérjék jelentőségét mutatja, hogy a növények kivételével az élővilág minden fejlődési fokán elterjedtek. Fototróf kénbaktériumokban az SQR enzimek működésük során a szulfid oxidációja által elektronokat juttatnak a membrán kinon raktárba, melyek ez által a fotoszintetikus, illetve a légzési elektron transzport láncba kerülve hasznosulhatnak.

A *Thiocapsa roseopersicina* egy változatos kénanyagcserével rendelkező fototróf bíbor kénbaktérium, mely a fotoszintézishez elektrondonorként szulfidot is képes felhasználni. Genomjában korábban azonosítottak egy szulfid kinon oxidoreduktáz enzimet kódoló gént (sqn). Az SQR fehérjék konzervált aminosavak elhelyezkedése alapján 6 alcsaládba csoportosíthatók. A *T. roseopersicina* Sqn enzime az eddig még nem jellemzett VI. alcsalád tagja. Kutatócsoportunk korábbi munkái során az Sqn enzimet sikeresen tisztították, azonban a tisztítási eljárás alacsony fehérje kihozatalú és ismételhetetlen volt.

Munkám célja az Sqn fehérje tisztítási módszerének fejlesztése, valamint a tisztított fehérje biokémiai és szerkezeti vizsgálata. Célom továbbá az Sqn enzim működési mechanizmusának tanulmányozása az aktív centrum kialakításában és a FAD kofaktor kötésében részt vevő aminosavak azonosítása és az enzim aktivitásában betöltött szerepük felderítése útján.

Munkám során sikeresen kidolgoztam egy hatékony Sqn fehérjére alkalmazható tisztítási eljárást, mellyel nagy mennyiségű és nagy tisztaságú Sqn enzimet állítottam elő. Igazoltam az Sqn redox-aktív flavin kofaktor tartalmát. Vizsgáltam az enzim kinon preferenciát, pH és hőmérséklet függését. Több szubsztrátra vonatkozóan meghatároztam az enzimre jellemző kinetikai paramétereket. Igazoltam, hogy van kapcsolat a negyedleges szerkezet és az enzim aktivitás között. Előállítottam pontmutáns Sqn fehérjéket termelő törzseket. A mutáns Sqn fehérjék biokémiai, kinetikai és szerkezeti összehasonlítása a vad típusú enzimmel lehetővé teszi az SQR fehérjék eddig nem jellemzett VI. alcsaládjába tartozó fehérjék részletesebb megismerését.

BIOKÉM1-6

VÁGVÖLGYI MÁTÉ
Vegyész
MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:
Dr. Szekeres András
tudományos főmunkatárs, SZTE TTIK

Trichoderma harzianum törzs által termelt peptaibol vegyületek szerkezetének meghatározása és tisztítása

A fonalasgombák nagyszámú másodlagos metabolitot termelnek, melyek ígéretes biológiai sajátságokkal rendelkeznek. Ezen vegyületek molekuláris azonosítása, valamint biológiai tulajdonságaik pontos leírása az egyik kiemelt célja napjaink biológiai, illetve kémiai kutatásainak. A másodlagos metabolitok egyik kiemelkedő csoportja a peptaibolok (PBS), melyeket főként a *Trichoderma* gomba-nemzetségbe tartozó fajok termelnek. Ezek a vegyületek változatos biológiai aktivitással rendelkeznek, amelyek közül kiemelkedő antibakteriális, antifungális és vírusellenes hatásuk.

A kutatómunkám során egy korábbi biotesztek alapján kiválasztott, *T. harzianum* faj SZMC 1874-es törzsének peptaibol termelő képességét sikerült igazolnom. A kísérletek során új, a szakirodalomban eddig még le nem írt peptaibol molekulákat fedeztem fel és meghatároztam azok teljes vagy részleges aminosav szekvenciáját. A vizsgálatokhoz a törzset maláta-kivonatos táptalajon tenyésztettem majd a tenyészet felszínét kloroformmal extraháltam. Ezt követően, egy előzetes optimalizálási eljárás után megkezdtem a bepárolt, metanolban visszavett kivonat tömegspektrometriás elemzését. A vegyületek szerkezet-meghatározásához egy ion-csapdás analizátorral kapcsolt tömegspektrométert alkalmaztam, és az alameticin standardokkal történt elővizsgálatok eredményeinek felhasználásával felállított szabályrendszer segítségével azonosítottam a karakterisztikus ionokat és a fragmentációs mintázatokat. A mérések eredményei alapján 11 teljesen új peptaibol molekulát sikerült azonosítani.

Az alkalmazott technikával a szekvenciákban esetlegesen előforduló izobár aminosavakat (Ile/Leu - Lxx, Iva/Val - Vxx), valamint az egyes aminosavak D/L konfigurációját nem tudtuk meghatározni, ezért a további szerkezetvizsgálatokhoz (Hidrolizátum elemzése, NMR) megkezdtük az ismeretlen komponensek tisztítását. Ennek kivitelezéséhez szemipreparatív RP-HPLC módszert fejlesztettünk, melynek segítségével már rendelkezésre állnak részlegesen tisztított frakciók, ugyanakkor ezek tisztasága, illetve anyag tartalma még nem elegendő a további vizsgálatok megkezdéséhez.

BIOKÉM2-1

ZAHORÁN SZABOLCS
Biológus
MSc, 11. félév

Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:
Dr. Hermesz Edit
docens, SZTE TTIK

A dohányzás károsító hatásának molekuláris vizsgálata dohányzó és nem dohányzó édesanyáktól született újszülöttek köldökzsinór mintáiban

A dohányzással összefüggésbe hozható betegségek világszerte a vezető halálokokhoz sorolhatóak. Ezen állapotok kialakulásáért többek között a dohányfüst összetevői tehetőek felelőssé. A dohányfüsttel nagy mennyiségben jutnak a szervezetbe gyökös tulajdonságú vegyületek, melyek kedvezőtlenül befolyásolják a szervezet redox egyensúlyát, növelve az oxidatív károsodás mértékét. Emellett a füstben található fémek és nehézfémek kedvezőtlen hatásai sem hanyagolhatóak el. Ezen fémek képesek olyan folyamatokat katalizálni, melyek oxidatív stresszhez vezetnek. Azon nehézfémek, melyek jelentősebben felhalmozódnak egyes szervekben, például kadmium és króm, különösen veszélyesek. A károsító folyamatok hatása a szervezet egészére kiterjedhet, ami különösen veszélyezteti a magzati fejlődést. A terhes nők dohányzása így jelentős veszély leendő gyermekük egészségi és fejlettségi állapotára nézve. A fejlődő magzatokat komplex védelmi rendszer igyekszik megóvni. Ez egyfelől a méhlepény detoxifikáló és antioxidáns rendszere, másfelől pedig a magzatban kifejlődő önálló antioxidáns védelmi rendszer.

Vizsgálataink célja volt egyrészt összefüggést találni a dohányzás és a születési paraméterek között. Ezután vizsgáltuk a köldökzsinórban kimutatható károsodást, valamint azt, hogy találunk-e valamilyen különbséget a köldökzsinór erei, illetve a Wharton-kocsonya és az erek között. Végül a fentiek tükrében összefüggéseket kerestünk a dohányzás és a kiváltott károsodás, valamint az újszülöttek antioxidáns státusza között.

Munkánk során dohányos anyáktól született újszülöttekből származó mintákat vizsgáltunk. Kontrollként nem dohányzó anyáktól származó újszülöttek köldökzsinórjait használtuk.A minták megfelelő feldolgozását követően megtörténtek a fémmérések és a PCR reakciókhoz szükséges RNS tisztítások. Továbbá a köldökzsinór mintákból szöveti metszeteket készítettünk. Ezeken egyszerű festési eljárásokkal vizsgáltuk a lipid peroxidáció mértékét, illetve immunhisztokémiai módszerrel a károsodás kiváltotta apoptotikus markerek jelenlétét.

Eredményeink alapján a placenta csak részleges védelmet nyújt a dohányzás károsító hatásai ellen. Jelenlegi vizsgálataink alapján az mt1 és mt2 gének mRNS szintjei izoforma specifikusan és köldökzsinór ér specifikusan változnak. Szignifikáns változást csak az artériákból származó minták mt1 expressziója esetében tapasztaltunk.

BIOKÉM2-2

KORSÓS MARIETTA MARGARÉTA
Biológus
MSc, 1. félév

Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:
Kedvesné Dr. Kupai Krisztina
tudományos munkatárs, SZTE TTIK
Dr. Varga Csaba
docens, SZTE TTIK

A kénhidrogén protektív hatásának és a hem-oxigenáz enzimrendszer antioxidáns szerepének tanulmányozása kísérletes colitis patkánymodellben

A gyulladásos bélbetegségek (Crohn betegség és colitis ulcerosa) krónikus kórképek. Kialakulásukban fő szerepe van a különböző immunfolyamatoknak illetve az oxidatív stressznek. A gyulladási faktorok bizonyítottan fokozzák a reaktív szabadgyökök képződését, ezáltal hozzájárulva az epitheliális és vaszkuláris sérülések kialakulásához. A fokozott oxidatív károsodással szemben az antioxidáns enzimrendszerek körébe tartozó hem-oxigenáz enzim (HO) indukálta útvonal aktiválódása védelmet nyújt, illetve a kénhidrogén (H2S), mint újonnan felfedezett „gasotranszmitter" is csökkenti a gyulladás mértékét. A gyulladásos bélbetegségek konzervatív kezelésében leggyakrabban alkalmazott gyógyszerek számos mellékhatással rendelkeznek, így hosszú távú használatuk jelentős morbiditással jár. A kevesebb szövődménnyel járó, új kezelési módok között szerepel a H2S-donorok használata, melyek alacsonyabb mellékhatásprofillal rendelkeznek, és csökkentik a gasztrointesztinális toxicitást.

Kísérletünk célja volt, hogy a 2,4,6-trinitrobenzén-szulfonsav (TNBS) indukálta colitis patkánymodellben megvizsgáljuk a kénhidrogén dózis-hatás függését és protektív hatását, valamint a protekcióban résztvevő mechanizmusok hátterét, különös tekintettel a HO-útvonalra.

A kísérlethez hím Wistar patkányokat használtunk. A vastagbélgyulladás modellezésére TNBS-t (10 mg/250 µl 50 %-os etanol/állat; intracolonalis beadás, 72 órás hatásvizsgálat) alkalmaztunk. A különböző dózisokban alkalmazott H2S-donorral (2x60; 15; 7,5; 3,75; 1,87; 0,93 µmol Lawesson's reagens/0,5 ml karboximetil-cellulóz/állat; per os) a kísérlet minden napján kezeltük az állatok egy csoportját. Pozitív kontrollként sulfasalazint (SASP; 2x 25 mg/ttkg/ 0,5 ml 0,9 % NaCl/állat, per os) használtunk. A HO-enzimaktivitás gátlására ón-protoforfirint (SnPP; 30 µM/ állat/ s.c. beadás/nap) alkalmaztunk. A TNBS kezelést követő 3. napon vizsgáltuk a gyulladási paramétereket, HO aktivitást, illetve HO-1 expressziót, továbbá a vastagbél H2S-termelő enzimeinek expresszióját.

Eredményeink alapján elmondható, hogy az általunk alkalmazott vastagbélgyulladásos modellben a H2S-donor kezeléssel szignifikánsan csökkenteni tudtuk a gyulladási paramétereket, ellentétben a SnPP-kezelés növelte a gyulladás kiterjedését és súlyosságát a H2S-kezeléstől függetlenül, amiből következtethetünk a HO enzim gyulladásban betöltött szerepére. A protektív hatás kialakulásában feltehetőleg a HO enzim fokozott aktivitása is szerepet játszik.

BIOKÉM2-3

RAFAI TIMEA
Biológus
MSc, 5. félév

Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:
Dr. Klement Éva
kutató munkatárs, MTA SZBK

A szérum fehérjéken előforduló poszttranszlációs módosítások dúsítása fémaffinitás kromatográfiás eljárásokkal

A fehérjéknek több száz reverzibilis és irreverzibilis poszttranszlációs módosítása ismeretes.A különböző módosítások szerepe változó, hatást gyakorolhatnak a fehérjék szerkezetére, stabilitására, a sejten belüli illetve kívüli lokalizációjukra, a működésükre, egymás közötti kölcsönhatásaik kialakulására. A poszttranszlációs módosítások közül kiemelkedő jelentőségű a glikoziláció és a foszforiláció. Glikoziláció a sejten kívüli- és a sejtmembránban elhelyezkedő fehérjéken gyakori. A foszforiláció a sejten belüli folyamatok egyik fő szabályozó mechanizmusának eszköze, ugyanakkor szekretált fehérjéken is előfordul, bár sejten kívüli szerepe kevésbé ismert. A mi célunk glikozilációs és foszforilációs módosítások vizsgálata szekretált fehérjéken.

A szérum meglehetősen komplex, mindamellett a fehérjék egy igen széles dinamikus tartományt fednek le. Ezért a gyakran szub-sztöchiometrikus módosítások tömegspektrometriai vizsgálatához a módosított komponensek feldúsítása szükséges. Foszforilált peptidek dúsítására leggyakrabban immobilizált fém-affinitás kromatográfiát vagy titán-dioxidon történő dúsítást alkalmaznak. Glikozilált peptidek izolálására főként lektin affinitás kromatográfiáthasználnak, de leírtak titán-dioxidon történő dúsítást is. Munkánk során immobilizált fém-affinitás kromatográfiás eljárást alkalmaztunk, szérum triptikus emésztményéből történő foszfopeptid dúsításra, továbbá megvizsgáltuk, hogy a módszer alkalmas-e glikopeptidek izolálására. Kísérleteinkben vas(III) és aluminium(III)-ionokat immobilizáltunk nitrilotriacetát (NTA) funkciós csoportot hordozó mágneses agaróz gyöngyre. A felkötési és eluálási lépéseke tváltoztatva kerestük a két módosítás szelektív dúsítását biztosítókörülményeket. Fe(III)-NTA gyöngyön megfelelő körülmények között a foszfopeptidek szelektíven, illetve a foszfo- és glikopeptidek együtt dúsíthatóak. Utóbbi esetben az együtt feldúsított foszfo- és glikopeptidek kétlépéses elúcióval elválaszthatók egymástól. Al(III)-NTA gyöngyön foszfopeptidek jó szelektivitással dúsíthatóak, azonban glikopeptidek hatékony dúsítását biztosító körülményt nem találtunk.

BIOKÉM2-4

SZÉKY BALÁZS
Orvosi Biotechnológia
MSc, 2. félév

Pázmány Péter Katolikus Egyetem
Információs Technológiai és Bionikai Kar

Témavezetők:
Dr. Liliom Károly
tudományos főmunkatárs, MTA EI
Baksa Attila
tudományos segédmunkatárs, MTA EI

Az EPAC jelátviteli fehérje DEP-doménjének kötődése lipid jelátvivő molekulákhoz

A lipid-fehérje kölcsönhatások jelátvitelben játszott szerepének feltárása napjaink sejtbiológiai kutatásai számára az egyik legizgalmasabb kihívás. A jelátvivő lipidek és a velük kölcsönható fehérjék kapcsolata kulcsfontossággal bír olyan alapvető sejtfolyamatokban, mint a növekedés, osztódás, differenciálódás, túlélés és programozott sejthalál. A lipid jelátvitel mechanizmusainak tisztázása elősegítheti az inzulin rezisztencia, obezitás, valamint a gyulladásos folyamatok és rákos megbetegedések molekuláris biológiai hátterének megismerését.

Az MTA TTK Enzimológiai Intézetének Lizofoszfolipid Receptorok Kutatócsoportja jelátvivő aktivitású foszfolipidek és jelátvivő fehérjék kölcsönhatását tanulmányozza, hogy felderítse ezek szerepét a szignáltranszdukciós folyamatok szabályozásában. Ezért a különböző jelátviteli fehérjék PH-doménjeit, kalmodulint és több más lipid-kötő domént a molekuláris klónozás segítségével előállítva és tisztítva vizsgálnak fluoreszcens és CD-spektroszkópiai módszerekkel, valamint izotermális titrációs kalorimetria és kvarckristály-mikromérleg segítségével. A különböző lipid-kötő fehérjék között szerepel az a fehérje-domén is, amelyet elsőként a dishevelled, Egl-10 és Pleckstrin jelátvivő fehérjékben írtak le. Ez az ún. DEP-domén, amelynek lipidkötésre vonatkozó tulajdonságairól jelenleg kevés információt lehet tudni, noha jelentőségét a membrán lokalizációban és egyes G-fehérjék szabályozásában már számos tanulmány bizonyította.

Kutatómunkám során a humán EPAC1 (Exchange Protein Activated by cAMP) enzim DEP-doménjét molekuláris klónozással előállítottam, jelátvivő lipidekkel való kölcsönhatását fluoreszcencia és cirkuláris dikroizmus spektroszkópiával, valamint kvarckristály mikromérlegen végzett mérésekkel tanulmányoztam. A XXII. OTDK-ra benyújtott dolgozatom az EPAC1 DEP-domén molekuláris klónozásáról és lipid-kötésének biokémiai analíziséről számol be.

BIOKÉM2-5

BOZÓ RENÁTA
Biológus
MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:
Dr. Groma Gergely
tudományos munkatárs, SZTE ÁOK
Dr. Kemény Lajos
egyetemi tanár, SZTE ÁOK

Szekvenciális fehérje extrakció optimalizálása bőrbetegségek proteomikai vizsgálatához

Bevezetés: Egyes multifaktoriális bőrbetegségek pathomechanizmusának részét képezi az extracelluláris mátrix (ECM) elváltozása, ezért különösen fontos annak tanulmányozása. Bár számos, az ECM vizsgálatát célzó fehérje kivonási módszert alkalmaznak különböző szövetekben, bőrből történő optimalizált kivonási módszer legjobb tudásunk szerint nem áll rendelkezésre.

Célkitűzés: Patológiás körülmények között bizonyos fehérjéknél bekövetkezhet oldékonyságbeli eltérés, akár a fehérje mennyiségbeli változása nélkül is, mely konvencionális módszerekkel nem mutatható ki. Célul tűztük ki egy olyan többlépéses fehérjekivonás optimalizálását, melynek segítségével ezek az eltérések is detektálhatóak.

Módszerek: Egészséges donortól vett bőrmintákat két módszerrel, folyékony nitrogénben való porlasztással és darabolással homogenizáltunk. Elsőként háromlépéses fehérjekivonást végeztünk: 1. extrakció TBS pufferben, 2. extrakció magas sókoncentrációjú és EDTA tartalmú pufferben, 3. extrakció guanidin-hidrokloridot tartalmazó pufferben. Az extraktumok fehérjéit 1D SDS-PAGE és nano-HPLC MS/MS analízissel azonosítottuk. Ezt követően a szekvenciális fehérjekivonást utolsó előtti lépésként SDS tartalmú pufferrel történő extrakcióval bővítettük. Végül deglikozilációt és 4-12%-os grádiens gélen való szeparálást végeztünk, az extrakció sorozat befejezéseként visszamaradt pelletet pedig pepszinnel emésztettük.

Eredmények:A háromlépéses extrakció eredményekénttöbb mint 700 különböző fehérjét azonosítottunk. Mivel a vártnál nagyobb arányt képviseltek a szérumfehérjék, PBS-sel való előmosást iktattunk be. Az intracelluláris fehérjék hatékonyabb kivonása érdekében bevezettük az SDS tartalmú pufferrel való extrakciót. A fehérjék gélbe történő belépését és a jobb elválasztást grádiens gél alkalmazásával segítettük elő. A négylépéses extrakció eredményeként több mint 1000 különböző fehérjét sikerült azonosítani. A fehérjekivonás hatékonyabb volt, ha darabolt mintákat használtunk folyékony nitrogénben történő porítás helyett. Jelentős volt az oldékonyságbeli különbség is: az azonosított fehérjék több, mint 50%-a a négy extrakciós puffer közül kizárólag ez egyik pufferben volt kimutatható.

Következtetés: Optimalizált módszerünk alkalmas a bőrből történő fehérjekivonásra, az intra- és extracelluláris fehérjék széles spektrumú azonosítására, és ezáltal összetett bőrbetegségek fehérje szintű elváltozásainak széles körű tanulmányozására.

BIOKÉM2-6

SZABÓ ADÉL
Biomérnök
MSc, 4. félév

Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi
Egyetem
Vegyészmérnöki és Biomérnöki Kar

Témavezetők:
Dr. Ovádi Judit
professor emeritus, MTA EI
Dr. Oláh Judit
tudományos főmunkatárs, MTA EI

TPPP/p25: Egy rendezetlen fehérje kettős élete

A központi idegrendszeri betegségek kialakulásában meghatározó szerepet játszanak a rendezetlen, stabil 3D szerkezettel nem rendelkező fehérjék. A Sejtarchitektúra Kutatócsoport azonosított egy ilyen agy-specifikus fehérjét, melyet funkciója és molekulatömege alapján Tubulin Polymerization Promoting Protein/p25-nek (TPPP/p25) nevezett el. A fehérje humán agyban az oligodendrocitákban fejeződik ki, fiziológiás célpontja a mikrotubuláris rendszer, melynek stabilitását és dinamikáját szabályozza. Parkinson-kór és más szinukleinopátiák esetén a TPPP/p25 a zárványtestekben halmozódik fel az alfa-szinukleinnel együtt. A TPPP/p25 a „neomorphic moonlighting" fehérjék prototípusa, mivel fiziológiás és patológiás körülmények között különböző funkciókat lát el, a fehérje génszintű változása nélkül.

A munkacsoport kutatásaiba 2012-ben kapcsolódtam be, amikor a humán rekombináns TPPP/p25 számos strukturális és funkcionális sajátsága már ismert volt, pl. hogy rendezetlen N- és C-terminális szegmensei egy flexibilis régiót fognak közre. A terminális szegmensektől megfosztott mutáns fehérjét is klónozták, ami lehetővé tette, hogy mind a vad típusú, mind a mutáns fehérjét megfelelő mennyiségben E. coliban termeltessem és izoláljam, így biofizikai és biokémiai módszerekkel a különböző TPPP/p25 formák szerkezetét és kölcsönhatásait molekuláris szinten jellemezzem. Célom a TPPP/p25 fiziológiás és patológiás kölcsönhatásaiért felelős kötőhelyeinek azonosítása volt. Cirkuláris dikroizmus mérések megmutatták, hogy a vad típusú fehérjét random coil jellemzi, de a központi flexibilis szegmens („core") képes másodlagos szerkezet kialakítására. Fluoreszcenciás mérésekkel sikerült azonosítani molten globula struktúrát a TPPP/p25 „core" régiójában. A „core" régió cink-ujj motívuma specifikusan köti a cink iont, ami szerkezetváltozást okozva fokozza a TPPP/p25 tubulin polimerizációt indukáló képességét. A különböző TPPP/p25 formák tubulinnal, ill. alfa-szinukleinnel, mint fiziológiás, ill. patológiás partnerekkel való kölcsönhatását ELISA-val és turbiditásméréssel vizsgálva sikerült bizonyítani, hogy míg a TPPP/p25 fiziológiás szerepének betöltésében a C-terminális játszik meghatározó szerepet, addig a TPPP/p25-alfa-szinuklein patológiás komplex kialakulásában a „core" régiónak van kulcsszerepe. Eredményeim in vivo relevanciáját a csoportban végzett élősejtes kísérletek is bizonyítják: a „core" régió nem kolokalizál a mikrotubuláris hálózattal, azonban koaggregál az alfa-szinukleinnel.

BIOTECH-1

LASZLI ADRIENN
Biomérnöki
BSc, 7. félév

Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:
Dr. Maróti Gergely
kutatásvezető, MTA SZBK

Alternatív hidrogén termelő módszerek vizsgálata alga-baktérium kultúrákban

Napjainkban a fosszilis energiahordozók véges mivoltából eredően feltétlenül szükséges az alternatív energiaforrások előállításának kutatása, új technológiai folyamatok fejlesztése. A növekvő népesség miatt az emberiség számára egyre inkább szükséges a megújuló energiaforrások megteremtése, anélkül hogy a környezetet nagy mértékben károsítanánk. Az egyik legalkalmasabb környezetkímélő energiahordozóként a hidrogénre tekintünk, ezen belül a - mikrobiális úton előállított - biohidrogénre. A biohidrogén előállítására több útvonalat is ismerünk, közülük legismertebb a fényben történő fermentáció (direkt fotolízis, indirekt fotolízis) és a fényt nem igénylő sötét fermentáció.

Az algák és bizonyos baktériumok hidrogéntermelési útvonalainak legjelentősebb előnye, hogy a CO_2-ot, mint a legnagyobb mennyiségben előforduló globális felmelegedést okozó gázt képesek megkötni és felhasználni elkülönített sejtalkotóikban, emellett az energetikai iparban jelentős szerepet játszó hidrogén és környezetünk szempontjából jelentős oxigén termelésére is képesek [Mi-Sun et al. 2006]. Az általunk vizsgált mikroorganizmusok mindegyike rendelkezik hidrogenáz enzimmel, mely a hidrogén fejlesztés központi fehérjéje.

Kutatásom célja a tiszta Chlamydomonas törzsek és kevert Chlamydomonas – E. coli HypF kultúrák biohidrogén termelésének vizsgálata kén-megvonás és sötét fermentáció során. Az eddigi kutatásoktól eltérően, melyek a tiszta alga és tiszta baktérium kultúrák metabolikus útvonalait vizsgálták, mi az alga-baktérium kevert kultúrák hidrogéntermelését viszonyítottuk a tiszta tenyészetek hozamához. A két hidrogéntermelő módszer tanulmányozása mellett, a hidrogén termelés útvonalának jobb megértése céljából a DCMU fotoszintetikus gátlószer hatását is vizsgálatuk a hidrogéntermelésre nézve. Eredményeink bemutatják, hogy a megfelelő baktérium és alga törzsek társításával, valamint a megfelelő módszer alkalmazásával, kiemelkedő hidrogén hozamot érhetünk el, mely a jövő energetikai iparában számos módon hasznosulhat.

BIOTECH-2

KIRÁLY KINGA ZSÓFIA
Biológus
MSc, 8. félév

Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:
Dr. Krajcsi Péter
kutatási igazgató, SOLVO Biotechnológiai Zrt.

Áramlási citometriás diagnosztikai tesztrendszer kidolgozása szerves kation transzporterekre.

Napjainkban ismert, s ezért intenzíven kutatott, a különböző, sejtmembránban elhelyezkedő transzporterek szerepe a gyógyszerek felvételében, szervezeten belüli eloszlásában, leadásában, toxicitásában, a gyógyszerek egyénenként eltérő hatásának megértésében, a lehetséges, nem várt gyógyszerkölcsönhatások felismerésében. Ilyen fehérjék többek közt az SLC (Solute Carrier) családba tartozó szerves kation transzporterek (Organic Cation Transporters, OCT-k) és ikerion/kation transzporterek (OCTN-ek), az SLC család tagjai endogén szubsztrátok és xenobiotikumok felvételét szabályozzák minden sejtben, létfontosságú szerepet betöltve a normál sejt- és szervműködésben.

A diabetes mellitus (2-es típusú cukorbetegség) manapság már népbetegségnek tekinthető a fejlett országokban, így komoly egészségügyi jelentősége van. Számos, a 2-es típusú cukorbetegségben szenvedőknek készült szájon át adható gyógyszer egy része szerves kation (például: metformin /1,1-dimetil-biguanid/), így szervezeten belüli sorsukban kiemelt szerepet játszhatnak a szerves kation transzporterek.

Munkám célja egy áramlási citometriás tesztrendszer kidolgozása volt, specifikus, adott transzporter szubsztrátjaként alkalmazható fluoreszcens festékkel, amellyel az OCT1, OCT2, OCTN1 és OCTN2 szerves kation transzporterek vizsgálhatók. Ezért számos festéknél megvizsgáltam, hogy alkalmasak-e szubsztrát- jelöltnek.

Méréseimhez a vizsgálandó fehérjéket túltermelő CHO sejtvonalakat használtam. A sejtekben a fluoreszcens festékkel való inkubálás után áramlási citometriával vizsgáltam azok mennyiségét, majd összevetettem a festékmentes kontrollal. E módszer alkalmazásával kerestem transzporter-specifikus fluoreszcens festéket.Az adatok értékelése során találtam olyan festékeket, melyek az egyes transzporterekre specifikusnak tekinthetők.

BIOTECH-3

RÉDEI ESZTER
Biológus
MSc, 11. félév

Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:
Dr. Perei Katalin
adjunktus, SZTE TTIK

Hulladékhasznosítással kapcsolt biológiai talajjavítás

Napjainkban a romló környezeti állapot és a számos, mindenkit érintő környezeti problémák miatt egyre nagyobb az igény a környezetbarát technikák és megoldások kutatására és kidolgozására. A mezőgazdaság szempontjából fontos, hogy a folyamatosan növekvő népesség egyre nagyobb igényeit továbbra is a lehető legmagasabb szinten és fenntartható módon kielégítse. A megoldandó problémák egyike a különböző műtrágyáktól való függőség megszüntetése, mivel e vegyszerek előállítása, olykor helytelen használata is jelentős környezetterhelést jelent. Foszforműtrágyák esetén gondot okoz, hogy a nyersanyag véges mennyiségben áll rendelkezésre, feldolgozása környezetkárosító technológiák és anyagok alkalmazásával jár, illetve a műtrágya túlzott használata is veszélyforrás, főként a természetes vízi ökoszisztémák számára. Ismert tény azonban, hogy a mikroorganizmusok között számos faj rendelkezik olyan hasznos tulajdonságokkal, melyek a fenntarthatósági célok elérésében különböző módokon is a segítségünkre lehetnek, így kutatásuk és különböző területeken történő alkalmazásuk indokolt.

Munkám során egy olyan baktériumtörzset vizsgáltam, mely irodalmi adatok alapján képes szervetlen foszfátforrásból a foszfát mobilizálására, így potenciális lehetőséget teremt a foszfortartalmú műtrágyák használatának csökkentésére.

Kísérleteim célja volt, hogy az általam használt F1 izolátum segítségével egy húsipari melléktermék, a csont pirrolizált és granulált formáját használva, annak vízoldhatatlan foszfáttartalmát (hidroxiapatit) vízoldékony foszfátokká alakítsam. A növények a folyamat során keletkező foszfátvegyületeket már képesek a talajoldatból felvenni és hasznosítani, így ezek biztosíthatják számukra a megfelelő foszfátutánpótlást.

A kísérletek során sikeresen bebizonyítottam, hogy a csontszénből történő foszfát-felszabadítás, különböző szénforrások használata esetén, eltérő útvonalakon megy végbe. Az eredmények alapján elmondható, hogy a vizsgált F1 izolátum ígéretes alternatívát jelenthet a növények foszfátigényének ellátására és potenciális lehetőséget teremt a foszfortartalmú műtrágyák használatának csökkentésére, ezáltal e vegyszerek okozta környezeti károk csökkentésére.

BIOTECH-4

SZABÓ TAMÁS
Környezettan
BSc, 7. félév

Nyíregyházi Főiskola
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:
Dr. Béni Áron
adjunktus, NYF TTIK
Dr. Fekete István
docens, NYF TTIK

Keverőbabás extrakció (SBSE) módszer alkalmazása a gomba biomassza meghatározására

Az avarprodukció változás a talajban élő növényekre, állatokra, lebontó szervezetekre egyaránt hatással van. Kutatómunkám során kidolgoztam egy, gyors, költséghatékony és megbízható módszert a gomba biomassza meghatározásra. Erre a célra egy a szorbenssel bevont mágneses keverőbabát alkalmaztam. A munkám során az extrakció optimális körülményeit meghatároztam.
A módszer megbízhatóságának vizsgálatára kontrol módszert alkalmaztam. A kidolgozott és a kontrol módszerhasonló eredményeket adott.

Az SBSE technika az eredmények alapján alkalmas a gomba biomassza meghatározására, gyors, egyszerű, és elődeihez képest költséghatékonyabb is. Az eltérő avarelvonásos kezelések hatással vannak a talajban élő szervezetek mennyiségére, így a talaj gombabiomassza tartalmára is. Elvégeztem az eltérő avarkezelések és 3 különböző talajmélység esetén a gomba biomassza meghatározását.

Az eredmények alátámasztották azt a feltételezést, hogy az avar elvonásos kezelések mintái szignifikáns alacsonyabb értékeket mutattak, mint a többi kezelésé. (Kontrol, Dupla fa, Dupla avar). További különbség mutatkozott az egyes kezelések talaj mélység szerinti vizsgálatakor. A talaj mélyebb rétegeiben jelentősen kevesebb gomba biomasszát mértem. Az eltérő avarkezelések talajmintái ICP-AES vizsgálatok alapján megállapítható, hogy az elemek közül az elvonásos területeken jelentős különbség mutatkozott a kalcium, a szelén és mangán esetében. A korábbi hasonló vizsgálatok hasonló eredményeket mutattak a szén, a nitrogén, a kálium és a foszfát esetében. Ezen elemek fontos szerepe van a gombasejt felépítésében, illetve anyagcsere folyamataiban.

Összességében elmondható, hogy az általam kidolgozott SBSE módszer alkalmas a talajok gombabiomassza meghatározásra, továbbá jó indikátora az adott élőhelyeken bekövetkező változásoknak.

BIOTECH-5

KUKORICZA KRISZTINA
Biológia
BSc, 7. félév

Debreceni Egyetem
Természettudományi és Technológiai Kar

JÁKIM JUDIT
Biomérnök
BSc, 5. félév

Debreceni Egyetem
Természettudományi és Technológiai Kar

Témavezető:
Dr. Szemán-Nagy Gábor György
adjunktus, DE TTK

Különböző kolloidok és nanorészecskék hatása a corneális sebgyógyulásra in vitro és a kromatin kondenzációra

A nanotechnológia új utakat mutathat a szemsérülések kezelésére, például bizonyos nanorészecskék hatékonyan használhatóak a gyógyszermolekulák célba juttatására. A nanorészecskék célba juttatásra való használata megelőzhetővé teszi az intraokuláris injekciók alkalmazását néhány esetben, ahol a szem mélyebb szövetei nem kezelhetők szemcseppekkel, mert a gyógyszer a könnyel kimosódik pár másodpercen belül. Mielőtt a nanorészecskéket szállításra használnánk, meg kell vizsgálni a részecskék toxicitását.

Kísérleteinkben a cornea limbális sejtek regenerációját és a kromatin kondenzálódás strukturális változásait vizsgáltuk 12,6 µM-os ezüst kolloid (10 nm átmérő), 3,15 µM-os arany kolloid (körülbelül 100 nm átmérő), 21,66 µg/ml és 140 µg/ml-es arany nanorészecske (100 nm átmérő) kezelés mellett. Egy in vitro karcmodellt használtunk, hogy limbális sejt növekedést long-term scann mikroszkóppal megfigyeljük. A karc sejtek általi benövésének a folyamatát pásztázó elektron mikroszkóppal is megvizsgáltuk. Az ezüst nanorészecskék lelassították a regenerációs folyamatot. Hasonlóképpen az arany nanorészecskék alacsony koncentrációban komolyan nem voltak hatással a limbális monolayer újra kialakulásra, magasabb koncentrációk meghosszabbították ezt a folyamatot koncentrációtól függően. Egy egészséges sejt kromatin kondenzációs intermedierjei között van dekondenzált fátyolos szerkezetű kromatin, fibrilláris kromatin, szupertekercselt szalagos kromatin, kromoszóma előtelepek, korai lineáris formák és metafázisos kromoszómák. Limbális őssejtek sejtmagjaiban jellemző eltéréseket találtunk a nanorészecskék jelenlétében, de ezen az eltérő formák száma a fenti koncentrációk mellett nem szignifikáns.

BIOTECH-6

MIHÁLYI DÁVID KRISZTIÁN
Környezettudomány
MSc, 1. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
Dr. Horváth Gábor
docens, ELTE TTK
Kálmánchelyi-Farkas Alexandra
tudományos segédmunkatárs, MTA ÖK
Száz Dénes
PhD-hallgató, ELTE TTK

Mennyire "zöld" a napelem? A matt napelemek használata megoldás lehet a poláros fényszennyezés csökkentésére

Az elmúlt 10 évben végzett vizuális ökológiai kutatások rámutattak, hogy különböző mesterséges felületekről visszaverődő, vízszintesen poláros fény megzavarhatja egyes vízirovarok viselkedését, amit poláros fényszennyezésnek nevezünk. A fényes, sima, fekete felületű napelemtáblák és napkollektorok (a továbbiakban szolárpanelek) is erősen és gyakran vízszintesen poláros fényt tükröznek, épp úgy, mint a természetes vízfelszínek, így például az aszfaltutakhoz hasonlóan ezek is vonzzák a vízkereső vízirovarokat, megtévesztve őket. Napjainkban egyre terjednek a matt fekete borítású szolárpanelek, amik felülete mikroszkópikus méretű kiemelkedéseket vagy légpórusokat tartalmaz. Ezek „csapdába ejtik" a beérkező fényt, miáltal az ilyen borítású szolárpanelek nagyobb hatásfokkal működnek, mint a sima felületű társaik. Mivel a matt fekete felületekről diffúzan visszavert fény kevésbé poláros lehet, mint a fényes fekete felületekről tükröződő fény, felmerült az ötlet, hogy a matt szolárpanelek poláros fényszennyezése kisebb lehet a fényesekénél. Ennek ellenőrzésére 2014 nyarán terepkísérletet végeztünk, aminek során azt vizsgáltuk, hogy két egyforma méretű fényes és matt felszínű fekete, vízszintes tesztfelület mennyi polarotaktikus bögölyt vonz. Tesztfelületekként ugyanazon fényes és matt üveglapokat használtuk, mint amelyeket a fényes és matt szolárpanelek ipari előállításánál is alkalmaznak (a kísérlet során tehát nem valódi napenergia-hasznosító berendezéseket használtunk, ám korábbi kutatásaink bizonyították, hogy ez nem módosítja a felületek polarizációs vonzóképességét). Terepkísérletünkben a matt fekete tesztfelületek statisztikusan szignifikánsan kevesebb bögölyreakciót váltottak ki, mint a fényesek. Így a vizsgált matt fekete tesztfelületek poláros fényszennyezése valóban jóval kisebb, mint a fényeseké. Képalkotó polarimetriával feltártuk a matt és fényes tesztfelületek eltérő rovarvonzóképességének fizikai okait is. Eredményeink fontos gyakorlati alkalmazása, hogy a matt fekete szolárpanelek elterjedésének így már nemcsak energetikai indokai vannak, hanem azon környezetvédelmi érv is, hogy a vízirovarokat veszélyeztető poláros fényszennyezésük jóval kisebb, mint a hagyományos, fényes fekete szolárpaneleké. 2015-ben újabb terepkísérletekben további polarotaktikus rovarfajoknak a matt és fényes fekete tesztfelületekre adott reakcióit tervezzük vizsgálni annak kiderítése céljából, hogy a polarotaktikus bögölyökre kapott eredmények mennyire általánosíthatók.

BIOTECH-7

NÉMETH KINGA
Biológus
MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Gócza Elen
tudományos tanácsadó, NAIK, MBK

Nyúl miRNS-ek azonosítása és expressziójának vizsgálata különböző korú embriókban és őssejtekben

A miRNS-ek olyan, ~22 nt hosszú, egyszálú RNS-ek, melyek alapvető szabályozó funkciók érzékeny beállításában vesznek részt. Szerepüket a gének poszttranszkripcionális módosítása révén fejtik ki úgy, hogy az mRNS 3' UTR-jéhez kötődve a transzlációt gátolják, vagy az mRNS degradációját okozzák. Fontos szerepük van a pluripotencia fenntartásában, és a differenciálódás megindításában.

Célunk olyan nyúl embrionális őssejt vonal alapítása, amelyből célzott genetikai módosítást hordozó ivarsejt kiméra nyulak hozhatóak létre. Ehhez szeretnénk feltérképezni, hogy milyen miRNS-ek fordulnak elő a különböző korú nyúl embriókban és őssejtekben, és hogy ezeknek milyen szerepe lehet az embriófejlődésben, majd ennek megfelelően milyen módosításokra lenne szükség az őssejtek pluripotens állapotának fenntartásához.

Mivel nyúl esetében vizsgálataink megkezdésekor még nem közöltek miRNS szekvenciákat, első lépésként SOLID technológiával megszekvenáltattunk különböző nyúl mintákat. Az így kapott szekvenciák között kerestem már ismert egér, humán és szarvasmarha miRNS-ek homológjait.
1693 új szekvenciát sikerült így azonosítani, melyek közül három, más fajokban őssejt specifikusnak leírt klaszter tagjait, és néhány differenciálódási markert választottam ki a további analízisre.

Összehasonlítottam különböző RNS izolálási technikákat az RNS tisztasága és intaktsága alapján, és teszteltem azt a hipotézist, miszerint a SOLID szekvenálás génexpresszió becslésre is alkalmas.
Meghatároztam a vizsgált miRNS-ek elhelyezkedését a genomban, és meghatároztam a nyúlban azonosítható klasztereket. Ezt követően real-time PCR analízist alkalmazva vizsgáltam a miRNS-ek expresszióját először hat mintában, majd a 6 napos embrióban, és annak különböző csíralemezeiben is. Megállapítottam, hogy az ocu-miR-290 és az ocu-miR-302 klaszter őssejt-specifikus, az ocu-miR-17-92 klaszter esetében viszont nem találtam szövet specificitást. A PG sejtek, a vártnak megfelelően, az ES sejtekhez hasonlítanak, míg az iPS sejtekben a pluripotencia markerek esetében magasabb expressziót találtam.Kimutattam, hogy az iPS sejtek inkább az ES sejtekre hasonlítanak, mintsem a létrehozásukkor használt fibroblasztra, mely egyértelműen jelzi a visszaprogramozás sikerességét.

Végül a miR-191 és a miR-302 miRNS-ek kifejeződését in situ hibridizációval is igazoltam a 6 napos embrióban. Megállapítottam, hogy a miR-302a a real-time PCR-rel mért adatokkal összhangban, az embrioblasztban erősebben fejeződik ki, mint a trofoblasztban.

BIOTECH-8

VARGA TÜNDE
Biológus
MSc, 1. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Várallyay Éva
tudományos főmunkatárs, NAIK, MBK

RNS alapú diagnosztikai módszer kidolgozása az alma vírusfertőzöttségének kimutatására

Haszonnövényeink a vírusok állandó támadásának vannak kitéve, melyek ellen növényvédő szerekkel nem védekezhetünk. Gyümölcsfáink szaporítása a fajtafenntartás miatt vegetatívan történik, ha az anyató fertőzött a vírus továbbterjed a szaporítóanyaggal. Magyarországon az almafák törzsültetvényeinek létrehozása előtt éppen ezért kötelező az anyanövények vizsgálata, és mentesítése a gyümölcsösöket fertőző RNS vírusokra.

Célom az volt, hogy olyan RT-PCR alapú módszert dolgozzak ki, melynek segítségével minél hatékonyabban, olcsóbban és gyorsabban lehet a kötelezően tesztelendő vírusokat diagnosztizálni az almafákból vett mintákból.

Munkámat azzal kezdtem, hogy az almára optimalizáltam egy RNS-kivonási eljárást, majd a tisztított RNS-ből reverz transzkripcióval cDNS-t készítettem. A cDNS minőségét aktin primerekkel végzett PCR reakcióval ellenőriztem. Az alma vírusok kimutatásához az NCBI adatbázisban található vírusszekvenciák összehasonlítása alapján terveztem primereket. Gradiens PCR eljárással megkerestem a vírus primerek működéséhez leginkább megfelelő hőmérsékletet, majd a specifikus primereket különböző kombinációkban is teszteltem. Ebből kiderült, hogy az almákat fertőző 4 vírusra a duplex PCR jól használható módszer, így mintáim diagnosztikai kiértékelésére is ezt használtam. A különböző mintákból szintetizált PCR termékek bázissorrendjét DNS-tisztítás után határoztattam meg. A kapott szekvenciák alapján Clustal Omega programmal elvégeztem az egyes vírustörzsek szekvenciáinak összehasonlítását, és ez alapján vizsgáltam leszármazási viszonyaikat.

A fentiekben kidolgozott duplex PCR eljárás a vírusok szűrésének az általánosan használt ELISA módszernél hatékonyabb és specifikusabb módja, mellyel almafáink a kötelezően tesztelendő vírusok jelenlétére vizsgálhatóak. A PCR termékek bázissorrendjének összehasonlítása lehetővé tette a vizsgált vírusok különböző törzseinek elemzését is.

További terveimben szerepel, hogy az alma mintákból kisRNS-könyvtárakat készítsek. Új generációs szekvenálással (Next Generation Sequencing - NGS) szeretném feldolgozni ezeket a könyvtárakat, melyekben a növényi gazda-RNS-en kívül az esetleges kórokozók RNS-ei is megtalálhatók. Ez a módszer lehetőséget ad akár új, eddig ismeretlen vírusok megtalálására, elemzésére.

BIOTECH-9

DOROGHÁZI BEÁTA
Biomérnöki
BSc, 7. félév

Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:
Dr. Maróti Gergely
kutatásvezető, SZTE TTIK

Újgenerációs alga alapú biohidrogéntermelési módszer fejlesztése

Napjaink egyik fontos kérdésköre az energiahelyzettel kapcsolatos problémák kiküszöbölése, a kockázatok mérséklése és egy hatékonyabb, a jövőben is helytálló megoldás megtalálása, melyre megoldásul szolgálna a biohidrogén termelése. A mikroalgákkal olyan fotobiológiai hidrogéntermelés érhető el, amelyhez legnagyobb mennyiségben vízre és fényenergiára van szükség, ezáltal lehetővé teszi a Nap kimeríthetetlen energiájának hatékony hasznosítását és a környezetszennyezés visszaszorítását. Ezen organizmusok képesek a fényenergia által a II. fotokémiai rendszerükben generált elektronokat a fotoszintetikus elektrontranszportláncon keresztül speciális enzimmolekulák, a hidrogenázok felé irányítani és ezek segítségével anaerob körülmények között hidrogént előállítani.

A zöldalga alapú hidrogéntermelésben elért fejlődésekre összpontosítva a kutatásaink során stabil természetes bakteriális partnereket (Rhodococcus, Brevundimonas, Leifstonia) fedeztünk fel a Chlamydomonas 549-es algatörzs mellett. Az izolált és meghatározott baktérium fajok feltehetően elősegítik az alga növekedését és metabolizmusát, ezáltal a magasabb szintű hidrogéntermelést is. A hidrogéntermelést ecetsav hozzáadása mellett vizsgáltuk, mely könnyen felhasználható szénforrásként szolgál az alga számára. A kísérleteinket vad típusú és hidrogenáz mentes baktériumtörzsekkel kevert algakultúrákon végeztük. A legnagyobb hidrogéntermelést a Chlamydomonas 549-es algatörzs mutáns Escherichia coli-val kevert kultúrájában sikerült mérni (1196.06 ± 4.42 µlH2/L). Vizsgáltuk a folyadékkultúrákban és ezek légterében jelenlévő oxigén mennyiségét is. Az eredményekből arra következtettünk, hogy az oxigén jelenléte a legkritikusabb tényező az alga alapú hidrogéntermelésben, azonban a bakteriális légzés során történő oxigén-felhasználás lehetővé teszi az alga [Fe]-hidrogenázak aktiválódását. Kísérleteink során stresszhatás nélkül sikerült hatékony hidrogéntermelést produkáltatni az alga-baktérium konzorciumokban, ezzel megalkotva egy továbbfejleszthető módszer alapjait.

Az elért eredmények lehetőséget nyújtanak egy fenntartható és folyamatos hidrogéntermelésre képes rendszer kidolgozására.

ETOL-1

KUPPER BORÓKA
Biológus
BSc, 7. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Topál József
tudományos tanácsadó, MTA KPI

A társas ingerekkel való előkezelés szerepe a fizikai környezetben bekövetkező változások detektálásában

A fizikai környezetről való tanulás során felnőttek és gyermekek figyelme egyaránt mutat egyfajta sajátosan szelektív beállítódást. Ennek lényege, hogy a tárgyakról való információgyűjtés során azok pillanatnyi sajátosságaira, tehát térbeli elhelyezkedésükre vagyunk érzékenyek, míg az állandó tulajdonságaikat (pl. szín) kevésbé vagyunk hajlamosak megjegyezni. Újabb vizsgálatok szerint azonban tanítási helyzetekben, különböző kommunikációs jelzések hatására a felnőttek és a gyermekek figyelmének fókusza egyaránt megváltozik. Ezen társas helyzetekben ugyanis hajlamosabbak vagyunk a tárgyak egyedi sajátosságaira (szín, alak, textúra) koncentrálni, arról gyűjteni minél több információt. Mivel az utóbbi időben az is kiderült, hogy az oxitocin, a társas helyzetekben való viselkedést alapvetően befolyásoló neurohormon, feltételezhetjük, hogy szerepe lehet a szelektív figyelem tanítási helyzetekben történő megváltozásában is.

Ennek tesztelésére ún. változás-detekciós feladatot alkalmazva vizsgáltuk meg felnőtt alanyok teljesítményét társas ingerekkel, illetve oxitocinnal való előkezelést követően. Arra a kérdésre kerestük a választ, hogy a változás-detekciós feladatban az alanyok a tárgyak térbeli elhelyezkedésére, vagy alaki, általánosítható jellemzőire figyelnek-e jobban. A különbözőképpen kezelt csoportoknak a megfelelő kontrollokkal való összehasonlítása után eredményeink azt mutatták, hogy a társas ingerek alkalmazása elvárásainknak megfelelően volt képes befolyásolni az alanyok teljesítményét, míg az oxitocin figyelmi irányultságra való hatását nem sikerült igazolni.

ETOL-2

JÉGH ATTILA
Biológus
MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
Gerencsér Linda
PhD hallgató, ELTE TTK
Dr. Miklósi Ádám
egyetemi tanár, ELTE TTK

A terepviszonyok hatása a viselkedéskategóriák automatizált gépi azonosítására

Az automatizálás az etológiai kutatások esetében számos előnnyel jár, mivel ezzel a módszerrel nagy mennyiségű objektív adatot lehet gyűjteni olyan változókról is, amelyek egyszerű megfigyelés révén nem mérhetők. Gerencsér és mtsai. (2013) létrehoztak egy olyan mérőeszközt, mely képes hét viselkedéskategória automatikus felismerésére terepi viszonyok között, szabadon mozgó kutyák esetén. Sík terepen két egyedből álló tanító adatbázison független adatokat validálva 76%-os azonosítási sikert értek el. Jelen kutatás célja a terepi viszonyok hatásának vizsgálata a műszer által mért adatokra, illetve a viselkedéskategóriák automatikus felismerésének sikerességére. A korábbi tanulmány módszerét alapul véve a kísérletben labrador retrievereket (N=12) vizsgáltam hámjukba rögzített mozgásérzékelő szenzorok segítségével. Vizsgálatomban a terepi viszonyokat két eltérő dőlésszögű (<15° és 15° <30°) lejtő biztosította. A gazdák előre egyeztetett protokoll alapján irányították kutyáikat hét viselkedéskategória (ül, áll, fekszik, séta, ügetés, vágta, galopp) elvégzésére. Két egyed sík terepi adataiból tanító adatbázist hoztam létre. Tíz egyed lejtőn regisztrált adatait validáltam ezen az adatbázison. Lankás lejtőn mért adatokon 74,17%-os azonosítási sikert értem el, meredekebb lejtőn 62,2%-ot. Az eredmények arra utalnak, ha a kutya nagyobb dőlésszögű lejtőkön halad a terepen, akkor ezek hatását mindenképpen figyelembe kell venni az objektív adatgyűjtésnél.

ETOL-3

DREXLER TAMÁS
Biológia
BSc, 5. félév

Szent István Egyetem
Állatorvos-tudományi Kar

Témavezetők:
Dr.Kabai Péter
docens, KE AKK
Rigler Eszter
PhD hallgató, ELTE TTK

Dominancia vizsgálata zebrapintyek között

A csoportban élő állatok közötti viszony leírására leggyakrabban a rangsorrend kifejezést használják, azonban minél több egyedből álló csapatot vizsgálunk, annál valószínűbb, hogy az a lineáris mintázatnál bonyolultabb hálózathoz hasonlít. A dominancia viszonyok vizsgálata azért is érdekes, mert számos más szociális kapcsolat, és a különböző forrásokhoz való hozzáférés hátterében is ez állhat. Korábbi, a zebrapintyek (*Taeniopygia guttata*) közti kooperációval kapcsolatos kutatásokból (Rigler, 2011) kiderült, hogy a tojók között a segítségnyújtások nem kiegyenlítettek. Egy aszimmetrikus együttműködést igénylő tesztfeladatban betöltött szerepük (segítő, nem segítő) alapján az egyedeket lineáris rangsorba lehetett rendezni. Vizsgálatunkban arra kerestük a választ, hogy az ott tapasztalt lineáris mintázat megfigyelhető-e a zebrapintyek közötti, más módszerekkel mért rangsorokban is. Videofelvételek alapján elemeztük a madarak agresszív viselkedését és a kompetícióban mutatott teljesítményét egy monopolizálható táplálékforrásnál, két egyivarú, nyolc-nyolc egyedből álló csapatban. A köztük lévő dominancia viszonyokat az irodalomban gyakran használt rangsorbecslő változók (táplálkozási idő, táplálkozási sorrend, etető kisajátításainak száma) segítségével, illetve az alapján becsültük, hogy az etetőnél milyen gyakran cseréli le az egyik madár a másikat. A lecserélődések alapján létrehozott rangsorok azonban nem lineárisak, hanem több körbe verés is található bennük, ugyanakkor kontrollálva a félrelökött állat összes táplálkozási idejére valamint a félrelökő egyed összes interakciójának számára már lineárissá alakíthatók.

Eredményeink alapján a táplálkozási sorrend nem bizonyult megbízhatónak a rangsor becslésére, a megfigyelések közötti nagy variancia miatt. A lecserélések száma és az etetőnél összesen eltöltött idő között pozitív, noha nem szignifikáns korrelációt tapasztaltunk. Eredményeink szerint a különböző módszerekkel készített rangsorok zebrapintyek esetében sem feleltethetőek meg egymásnak. Adataink arra utalnak, hogy a hagyományos rangsorrend mérési módszerekben egyszerre több tényező hatását mérik, az egyedek teljesítményében tapasztalható variancia miatt nem igazán megbízhatóak, ezért kevésbé használhatóak olyan bonyolultabb, hálózatszerű szociális kapcsolatok vizsgálatára, amilyeneket a zebrapintyek között kimutattunk.

ETOL-4

BÍRÓ GINA
Biológia
BSc, 7. félév

Szent István Egyetem
Állatorvos-tudományi Kar

Témavezetők:
Dr.Kabai Péter
docens, KE AKK
Rigler Eszter
PhD hallgató, ELTE TTK

Kooperáció vizsgálata gyűrűsfarkú makikon (*Lemur catta*) a dominancia, szociális és rokonsági viszonyok függvényében

A kooperáció, vagyis az együttműködés evolúciója ma is egy vitatott kérdés az etológiában. Rokon egyedek között a Hamilton-féle rokon szelekció adhat magyarázatot a kooperációra, nem rokon egyedek között pedig a direkt és az indirekt kölcsönösség elmélete.

A „csúszó kötél" (loose-string) módszert korábban több fajnál alkalmazták (pl.: csimpánzok, bonobók, elefántok, hiénák), amely állatok értették a feladatot és bizonyos feltételek mellett kooperáltak is. Ezt a módszert alkalmaztam én is dolgozatomban a Jászberényi Állat- és Növénykert hét hím egyedből álló gyűrűsfarkú maki (*Lemur catta*) csapatán. Érdekes kérdés, hogy a gyűrűsfarkú makik kognitív képességükből adóan meg tudják-e érteni a feladatot, és ha igen, akkor kooperálnak-e? Továbbá mivel ezek az állatok szociálisan szoros viszonyban állnak egymással, ezért felmerül a kérdés vajon a kooperáció tükrözi-e a szociális, dominancia, vagy rokonsági viszonyokat?

Pozitív és agonisztikus szociális interakciókból gyűjtött adatok alapján a rangsorrend lineárisnak bizonyult, és képet kaptunk az egyedek közötti szociális vonzódásról. Az adataink alapján az egyedek képesek voltak megérteni és végrehajtani a „csúszó kötél" feladatot, és a kooperáló párok alakulása nem véletlenszerű. Azok az egyedek működnek együtt, melyek között a rangkülönbség kettő. A domináns egyedek több kooperációban vesznek részt mint a szubordináltak, és több segítséget nyújtanak az alárendeltek a rangsorban feljebb állóknak, mint fordítva. A rokonság és az egyedek között történt kurkászások időtartama összefügg egymással, de nem magyarázzák a kooperáló párok alakulását.

Vélhetőleg az egyedek közötti vetélkedés miatt nem kooperálnak gyakran a rangsorban egymás mellett elhelyezkedő egyedek. A szubordináltak számára valószínűleg elég az 1:2 arányú részesedés a jutalomfalatból ahhoz, hogy érdemes legyen fenntartaniuk a kooperációt a rangsorban fölöttük álló egyedekkel.

ETOL-5

CZINEGE NIKOLETT
Biológus
MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Pongrácz Péter
adjunktus, ELTE TTK

Kutyaugatás, mint zajszennyezés - a kutya-vokalizáció emberekre gyakorolt hatásának kísérletes vizsgálata

A kutyaugatás világszerte hozzájárul az urbanizált területek zajszennyezéséhez. A túlzott zaj akár egészségkárosító is lehet, viszont a bosszantó ugatások elleni intézkedések állatjóléti problémákat vethetnek fel. Ezt az összetett problémát a felek számára legkevésbé hátrányos módon kell megoldani. Az alábbi kutatás ennek alapját képezheti.

Az ugatás kontextusának és az állat belső állapotának felismerésében egyes hangtani paraméterek játsszák a döntő szerepet. Az alábbi kutatásban azt vizsgáljuk, hogy van-e kapcsolat e jellemzők és az ugatás bosszantóságának mértéke között, és van-e összefüggés a kutya vélt belső állapota és az ugatás idegesítő hatása között.

Száz fős mintán elvégzett kísérletünk szerint a bosszantóságra az alapfrekvencia, a nem, a vakkantások üteme és ezek interakciói is hatással vannak. Korrelációelemzés során kiderült, hogy minél jellemzőbb egy negatív állapot (agresszivitás, félelem), annál bosszantóbb az ugatás, míg a pozitív állapotoknál (játékosság) ez fordítva van. Külön érdekes, hogy a férfiakat szignifikánsan jobban bosszantották az ugatások, mint a nőket.

Eredmények szerint az ember számára bosszantó ugatások a kutya olyan belső állapotaihoz, és közvetve szociális kontextusokhoz köthetők, melyekben a kutyának evolúciós értelemben adaptív a fokozottan figyelemfelkeltő vokalizálás. A zajszennyezést jelentő ugatások legalábbis részben nem kóros állapotot jeleznek, és előfordulásuk csökkentéséhez az őket kiváltó helyzetek minimalizálása lehet az egyik megoldás.

ETOL-6

MARX ANDRÁS
Biológia
BSc, 7. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Faragó Tamás
tudományos munkatárs, MTA - ELTE

Milyen érzelmi hátteret tulajdonítanak az emberek kutya és ember vokalizációknak?

A szociális robotika, a rohamosan fejlődő tudományterület a robotika, egy oldalága, amely az ember környezetébe könnyen integrálható, és szociális viselkedésre képes robotok fejlesztésével foglalkozik. Ez a problémakör azonban kétirányú, nem elegendő, ha a robot szociálisan viselkedik, szükséges az is, hogy az, az ember számára elfogadható és értelmezhető legyen, ezért fontos, a szociális viselkedés biológiai megalapozottsága.

A szociális viselkedés egyik alapvető része az érzelemkifejezés. Érzelmeket kifejezhetünk több módon is például hangadással. Jelen dolgozatban a hangok érzelemkifejezésének hátterével foglalkozunk, vagyis azzal, hogy milyen mechanizmusok működnek vokális érzelemkifejezések feldolgozásában, léteznek-e fajtól független szabályszerűségek a hang neurális értékelésekor. Azt szeretnénk megállapítani, hogy a hang értékelése evolúciósan valóban úgy alakult-e, hogy fajtól függetlenül értelmezhető legyen annak érzelmi háttere.

Ezt egy kérdőívvel vizsgáltuk, ahol egy két-dimenziós koordinátarendszerben kellett megjelölni a kitöltő embereknek, a hallott kutya vagy emberi hang érzelmi töltetét a vízszintes, az intenzitását a függőleges tengelyen. Ezeket az adatokat vetettük össze a hangok mért akusztikus paramétereivel. Eredményeink szerint az emberek számára a hangnak az érzelmi töltetét leginkább a hang hossza, az intenzitását pedig a hang alapfrekvenciája befolyásolta függetlenül a hangadó fajától. Minél hosszabb volt a hang, annál negatívabb érzelmet társítottak hozzá a kitöltők, és minél magasabb volt az alapfrekvenciája a hangnak, annál intenzívebbnek tartották.

A fentiek alapján, azt mondhatjuk, hogy különböző fajok érzelemkifejező hangjait hasonló módon értékeli az ember, és így az eredményeinkből következő szabályszerűségekre építve a robotok, az ember számára értelmezhető érzelemkifejezések kiadására, és az emberi érzelmek megfelelő felismerésére is képessé válhat.

ETOL-7

TÓTH KATINKA
Biológia
BSc, 2. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
Kanizsár Orsolya
tudományos ügyintéző, MTA KPI
Vargáné Dr. Kis Anna
tudományos munkatárs, MTA KPI

Oxytocin hatása az ásítás „ragadósságára" kutyák (*Canis familiaris*) esetében

Korábbi kutatások arról számoltak be, hogy az emberi ásítás átragad a kutyákra, ám az erre vonatkozó eredmények ellentmondásosak. Az is vitatott, hogy a ragadós ásítás az empátia jele-e, illetve a mögöttes mechanizmusokról sincs információnk. Kutatásunk célja annak vizsgálata volt, hogy az emberi ásítás hatással van-e a kutyákra, és ha igen, ez a hatás intranazálisan beadott oxytocin alkalmazásával fokozható-e. Vizsgáltuk továbbá, hogy mindez kapcsolatba hozható-e az alanyok – kérdőívvel mért – empatikus készségével. Az alanyok (N=39) egyik felének ásításokat, míg a kontrollcsoportnak hangadással kísért szájnyitásokat mutatott be a kísérletvezető. A kutyák egyik alkalommal 12 IU oxytocint, másik alkalommal placebot kaptak intranazálisan. Az EKG méréseink igazolták, hogy az oxytocin kezelés hatásos volt: csökkent szívritmust és emelkedett szívritmus varianciát tapasztaltunk. Míg a placebo csoportban nem találtunk különbséget a kísérleti és a kontroll csoport alanyai által mutatott viselkedés között, az oxytocin csoportban kimutatható volt az ásítás ragadóssága. Az ásítások száma nem volt összefüggésben a kutyák empatikus készségével. A kísérleti helyzetben az ásítások száma nem korrelált egyéb zavarviselkedésekkel, míg a kontroll helyzetben pozitív összefüggést tapasztaltunk. Mindezek alapján elmondható, hogy kísérleti helyzetünkben nem kimutatható a ragadós ásítás, az oxytocin csoportban talált különbséget feltehetően a kontrollhelyzetben csökkent szociális stressz okozza.

FAUN-1

MOLNÁR ATTILA
Biológia
BSc, 3. félév
II. Rákóczi Ferenc Kárpátaljai Magyar Főiskola
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Pólin Irén
docens, II. Rákóczi Ferenc Kárpátaljai Magyar Főiskola

Adatok Nagydobrony és Jánosi környéki területek valódi kullancs (*Ixodidae*) faunájához

A kullancsok állandó résztvevői életünknek. Világviszonylatban a második legjelentősebb vektorcsoportnak tekintik őket, a szúnyogok után. Vérszívó parazitaként sok emberi és állati betegség hordozói (Lyme-kór, kullancs-encephalitis, babesiosis stb.), így mindenképp oda kell figyelnünk rájuk. Kárpátalján ez a téma kevéssé kutatottnak számít, ezért választottuk Kárpátalja két, magyarlakta települését, Nagydobronyt és Makkosjánosit, hogy megvizsgáljuk környékük kullancsfaunáját.

Zászlós mintavételezéssel 5 mintavételi helyszínről gyűjtöttük be tavasszal, nyáron és ősszel az összesen 119 egyedet. Ezek nagy részét tavasszal sikerült fogtuk be, így az elemzéseket is ezekkel az egyedekkel végeztük. A befogott egyedek mindegyike két fajhoz tartozott. 32 %-uk Ixodes ricinus volt, míg 68 %-uk Dermacentor reticulatus. Az I. ricinus a Lyme-kór és a kullancs encephalitis vektorfaja, a D. reticulatus pedig a babesiosis terjesztéséért felelős. A begyűjtött példányok legnagyobb része adult volt, mindössze két lárvát fogtunk, melyek neme nem határozható meg. Az adult egyedeket tekintve 37 hím és 74 nőstény egyed került befogásra. Ez az összes egyed 33,3 és 66,7 %-át jelenti. A kullancssűrűségi értékek 0,25 kullancs/m és 0,04 kullancs/m között változtak.

FAUN-2

SZENTIVÁNYI TAMARA
biológus
MSc, 2. félév
Debreceni Egyetem
Természettudományi és Technológiai Kar

Témavezetők:
Dr. Földvári Mihály
adjunktus, DE TTK
Dr. Estók Péter
adjunktus, EKF TTK

A denevérlegyek (Diptera: Nycteribiidae) elterjedésének sajátosságai a Bükk hegység területén

Jelen dolgozatomban a Bükk hegységbeli denevérlegyek elterjedési sajátosságairól nyert adataimat foglaltam össze. A denevéreket 2012, 2013 nyarán és őszén fogtuk be. Vizsgálatom célja a bükki denevérlégy-fauna feltárása, a fertőzött gazdák és a paraziták ivararányának kiértékelése, a fertőzöttségi mutatók vizsgálata és a jellemző denevérlégy – denevér fajpárok kimutatása. A területen leggyakoribb (n>20) denevérlégy fajok a *Basilia nana*, *Nycteribia kolenatii* és *Nycteribia schmidlii* voltak. Az általunk leggyakrabban (n>50) befogott denevérfajok a *Myotis bechsteinii*, *Myotis nattereri, Myotis daubentonii, Miniopterus schreibersii és a Barbastella barbastellus* (188, 90, 84, 63 és 56 egyed) melyek prevalencia értékei 14,3%, 2,2%, 28,5%, 42,8% és 1,7% voltak. A denevérfajok fertőzöttségi mutatója és a denevérlégyfajok fajspecifitása eltérő jelleget mutat. Általánosan jellemző, hogy egyes légyfajok erősen specializálódtak egy bizonyos gazdafajra (pl.: *Nycteribia schmidlii – Miniopterus schreibersii*), míg vannak fajok melyek kizárólag egy genusz tagjairól kerülnek elő (pl.: *Phthiridium biarticulatum* – Rhinolophus fajok). Továbbá bizonyos denevérlégyfajokra jellemző a széles gazdaspektrum, és nem mutatnak specializáltságot a fajok között (pl.: *Basilia italica* gazdafajai: *Barbastella barbastellus, Myotis alcathoe, M. brandtii*, *Plecotus auritus*). A legkevésbé specialista légyfajnak a *Basilia italica* bizonyult, mely négy gazdafajról is előkerül. Általánosan elmondható, hogy a fertőzött denevéregyedeken (n=93) leggyakrabban (n=74) egyszerre csak egy denevérlégy egyed volt jelen. Továbbá 686 denevéregyed esetében nem tapasztaltunk denevérlegyek általi fertőzöttséget. A legyek ivareloszlása két esetben mutatott szignifikáns eltérést (*Nycteribia schmidlii* n = 22, $\chi 2$ = 6.5455, df = 1, p-value = 0.01052 és *Penicillidia conspicua* n = 14, $\chi 2$ = 4.5714, df = 1, p-value = 0.03251). A 24 vizsgált denevérfaj közül 15 fajon nem találtunk denevérlegyeket. A paraziták előfordulása a gazdák ivara szerint nem különbözött (hím: n = 546 prevalencia = 11,5%, nőstény: n = 233, prevalencia = 12,8%).

FAUN-3

JÁNOSA GERGELY
Biológia
BSc, 9. félév
Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Horváth Győző
adjunktus, PTE TTK

A fajkompozíció és a közösségi struktúra denzitásföggő változása lékvágással fragmentált erdőfoltok kisemlős együtteseinél

A Bükkhát Erdőrezervátum területén tett vizsgálataink során arra a kérdésre kerestünk választ, hogy a lékes felújító vágás során kialakuló mesterséges lékek mennyiben változtatják meg a kisemlős együttesek összetételét, a karakter fajok abundancia viszonyait, valamint meghatároztuk adott térléptékben a fajok jellemző indikátor értékét.

A kisemlős felméréshez a vizsgálati területen három fiatalkorú (1-2 év) és kisméretű (0,1 – 0,3 ha) mesterséges lék (L1-L3), valamint 3 zárt erdőtagban helyeztünk ki a mintavételi kvadrátot. A munkálatok során a fogás – jelölés – visszafogás metodikát használunk (CMR), elevenfogó dobozcsapdákat felhasználva. A három lékben és a három zárt erdőfoltban egyenként 7×7-es csapdahálót alkalmazunk. A lékek teljes lefedettsége és a szegélyhatás vizsgálata érdekében a csapdák közötti távolság 12 m volt.

A fogási adatokat felhasználva értékeltük a különböző erdőfoltok kisemlős közösségeinek alfa-diverzitás viszonyait. A közösségi paramétereket havi, illetve éves bontásban a lékekre és a zárt erdőfoltokra is kiszámítottuk. A ritka fajokra érzékeny Shannon-diverzitás mindkét évben szignifikánsan magasabb volt a lékekben, mint a zárt erdőben, ami elsősorban a különböző nyílt területekre jellemző fajok (cickány fajok, mezei pocok, törpeegér) megjelenésének köszönhető.

A közösségi paramétereket (fajgazdagság, alfa-divertziás), mint függő változókat két magyarázó változó (év, erdőfolt), valamint a domináns fajok abundancia adatait, mint folytonos változók függvényében általános lineáris modellek (GLM) felhasználásával elemeztük. A GLM modellek eredményei visszatükrözték azt a hipotézisünket, hogy a denzitás növekedésével nő a kimutatható fajszám. A GLM eredmények mind az abundancia, mind a közösségi ökológiai paraméterek vonatkozásában alátámasztották a magyarázó és a modellekbe beépített folytonos változók jelentőségét. A fajszám tekintetében kiemelt jelentősége volt a lékeknek és a két év különbségének. A Shannon-diverzitás vonatkozásában a GLM modellezés igazolta, hogy az eudomináns sárganyakú erdeiegér abundancia értéke és a gyakori fajok sűrűségértékeinek növekedése negatív hatással van a diverzitásra.

Az indikátor értékek mindkét évben igazolták a sárganyakú erdeiegér magas dominanciáját. Szignifikáns karakter értékkel a pirók erdeiegér, a védett törpeegér, a mezei pocok, az ugyancsak védett csalitjáró pocok, illetve a keleti cickány jelent meg, mindegyik faj az első mesterséges léket és ezen belül a lék belső területeit indikálta.

FAUN-4

KATONA KRISZTIÁN
Biológia
BSc, 9. félév
Debreceni Egyetem
Természettudományi és Technológiai Kar

Témavezető:
Dr. Rácz István András
docens, DE TTK

A Nagydobronyi Vadvédelmi Rezervátum futóbogarai (Coleoptera: Carabidae)

2010-2012 között végeztem terepi mintavételeket a Nagydobronyi Vadvédelmi Rezervátum területein. Vizsgálataim során megkíséreltem felmérni a rezervátum futóbogár faunáját. 2011 és 2012 folyamán 10 futóbogár faj 634 egyede került begyűjtésre. Ez a fajszám ugyan alulmaradt a Ködöböcz és munkatársai által korábbi évek során gyűjtött fajokkal szemben, de mégis számos természetvédelmi szempontból értékes adatot tartalmaz.

FAUN-5

ILLÁR MÁTÉ
Biológia
BA, 7. félév
II. Rákóczi Ferenc Kárpátaljai Magyar
Főiskola
Biológia és Kémia

Témavezető:
Dr. Kolozsvári István
tudományos munkatárs, II. Rákóczi Ferenc Kárpátaljai Magyar Főiskola

A Ráti bányatóban és a Latorca csapi morotvájának vízterében élő makrogerinctelen fauna összehasonlító faunisztikai vizsgálata

Mintavételezéseinket a ráti bányató vízterében, a Latorca csapi morotváján, illetve a Latorca csapi és gejőci főágán folytattuk 2012 és 2014 közötti időszakban. Munkánk során 10 m hosszú mederszakaszokat jelöltünk ki mind az állóvízi, mind a folyóvízi részeken. A ráti bányató esetében 3 szakaszon, a Latorca csapi és gejőci főágán egy-egy szakaszon, a Latorca vizsgálatba vont csapi morotváján 1 szakaszon végeztünk gyűjtéseket. A ráti bányató esetében 11 alkalommal, a Latorca csapi morotváján összesen 3 alkalommal, míg a Latorcán két vizsgálati szakaszon egy-egy alkalommal végeztünk felvételezéseket. A ráti bányatóban a 2012 októbere és 2013 szeptembere közötti felvételezések alkalmával összesen 11 faj (*Dytiscus marginalis, Gerris lacustris, Chironomus plumosus, Ponatra linealis, Corixa punctata, Plea minutissima, Nepa cinerea, Hygrobia hermanni, Sialis lutaria, Spercheidae, Libellula depressa*) jelenlétét sikerült kimutatnunk, melyek egyedszáma igen váltózó volt a vizsgált időszak alatt. A morotvató esetében a három felvételezés alkalmával 17 faj egyedeit tudtuk elkülöníteni a mintáinkban. A morotvában kiemelkedő egyedszámmal leltük fel a puhatestű fajok képviselőit [*Lymnaea stagnalis* (25%), *Planorbis planorbis* (15%), *Valvatidae* (12 %)]. A Latorcán a két gyűjtés alkalmával összesen 5 makrogerinctelen fajt tudtunk kimutatni. A legnagyobb előfordulási arányban a *Gerris lacustris* (55%) faj egyedei voltak jelen, de több szitakötő faj lárvájának jelenlétét is detektáltuk (*Calopteryx splendens, Gomphus vulgatissimus, Platycnemis pennipes*).

FAUN-6

NÉMETH TAMÁS
kertészmérnök
BSc, 7. félév

Budapesti Corvinus Egyetem
Kertészettudományi Kar

Témavezetők:
Dr. Deák Tamás
adjunktus, BCE KERTK
Dr. Haltrich Attila
docens, BCE KERTK

A szőlő fás-részeiben fejlődő szaproxilofág bogárfajok

A szőlő védelmével és annak kártevőivel foglalkozó szakirodalmi források kevés, a szőlő fás részében fejlődő bogárfajt említenek. Munkám fő célja az ilyen fajok összegyűjtése, pontos számuk megállapítása volt. További célom volt megtudni, hogy a károsnak hitt fajok valóban okozhatnak-e elsődlegesen kárt a szőlőn, amennyiben nem, törölhetőek-e a kártevők listájáról.

Az irodalmazást valamint a bogárfajok szőlővesszőkből, tőkékből történő kinevelését 2012 és 2014 között végeztem. Miután kigyűjtöttem az összes fellelhető szőlővel foglalkozó, illetve bogárfaunisztikai cikkből az összes ide vonatkozó adatot, átnéztem 4 múzeumi és további 4 magángyűjteményt. Ugyancsak felhasználtam számos szóbeli, tehát még publikálatlan ide vonatkozó közlést.

A növényvédelmi irodalmi forrásokból kigyűjtött 29 károsító faj közül mindössze kettő köthető a szőlő fás részéhez. E fajok számát további információgyűjtés során 18-ra növeltem. Begyűjtött mintáimból további kettő, szőlőből eddig nem ismert fajt neveltem ki. Ezek a pilláshomlokú csuklyásszú (*Scobicia chevrieri*) és a közönséges falisztbogár (*Lyctus linearis*). Mindkét faj számos más növényfaj fás részében fejlődhet, a már elszáradt ágakban, faáruban tehetnek esetenként kárt. A szőlőt károsító, és valóban a fás részben fejlődő fajok közül a szőlő-háncscincér (*Poecilium fasciatus*) esetében további vizsgálatok szükségesek ahhoz, hogy elmondhassuk, valóban elsődleges kártevő-e a korábban annak tekintett faj.

A szőlővel összefüggésbe hozható 49 bogárfaj jelentős hányadáról, mintegy 20 fajról állítom, hogy szaproxilofág, tehát nem kártevő, hanem a már elhalt növényi részekhez, esetünkben a szőlő fájához kötötten él. Azt, hogy az összes, kártevőként jelzett faj valóban élő szőlőre is rak-e petét, és ebben, az élő növényt elpusztítva ki is fejlődnek az imágók, még további, ellenőrzött laboratóriumi kísérletek során lehetne biztosabban kideríteni.

A kimutatott fajok közül többet kifejezetten ritkának ítélek meg, egy fajuk természetvédelmi oltalom alatt is áll. Ezek a bogárfajok fajszámuk és különleges, nem egyszer kifejezetten a szőlőhöz köthető életmódjuk miatt fontos résztvevői a szőlőültetvények ökoszisztémájának, gazdagítják az ökológiai sokszínűséget, és károsnak egyáltalán nem mondhatók.

FAUN-7

RÁCZ ARNOLD
Biológia
BSc, 9. félév
Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar

NÉMETH EMESE
Biológia
BSc, 7. félév
Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
Dr. Horváth Győző
adjunktus, PTE TTK
Dr. Jakab Ferenc
docens, PTE TTK

Kisemlősök vírusfertőzöttségének tér-időbeli mintázata a Kőszegi-forrás Erdőrezervátum (Mecsek-hegység) területén

A Mecsek hegységben, a Kőszegi-forrás Erdőrezervátum területén 13 különböző vegetációjú erdőfoltban 2011 és 2012 között csapdázott kisemlősök demográfiai mintázatát és vírusfertőzöttségüket értékeltük. A vírusok monitorozásához a befogott ismert egyedektől minden hónapban egyszer vettünk vérmintát, így a több hónapban befogott egyedek vérmintái alapján a fertőzöttségi szint állapota nyomon követhető.

A sárganyakú erdeiegér (*Apodemus flavicollis*) a legnagyobb arányban hordozta a Dobrava-Belgrade hantavírust, míg a tehénhimlő (cowpox) vírus fő rezervoárja a vöröshátú erdeipocok (*Myodes glareolus*) volt. A két év összehasonlításában a sárganyakú erdeiegér hantavírus fertőzöttségi értéke 2011-ben, míg az erdei pocok tehénhimlő fertőzöttségi aránya 2012-ben volt szignifikánsan magasabb. A mintavételezést a vörös róka (*Vulpes vulpes*) predációs hatása 2012-ben jelentősen befolyásolta, így a tér- és időbeli különbségek vizsgálatánál figyelembe vettük a ragadozó hatást is. Ennek megfelően a vírusfertőzöttségi szint tér-időbeli különbségeit általánosított lineáris modellek (GLM) felhasználásával vizsgáltuk. A sárganyakú erdeiegér hantavírus fertőzöttsége esetén a modellezés bizonyította, hogy a tér- és időbeli különbségeknek nagyobb szerepe van, mint a létszámnak, a predációs nyomásnakönmagában nem volt közvetlen hatása.

A két kimutatott vírus elterjedési dinamikáját a robusztus többszörös területfoglalási modellek (’robust design multiple-season occupancy’) alapján vizsgáltuk. A modell az elsődleges mintavételi periódusokra (hónapokra) becsli meg a területfoglalás, a kolonizáció, és a kihalás valószínűségét, míg a másodlagos mintavételi periódusokra (napok) adja meg a vírus detektálhatóságának valószínűségét. A teljes területre, illetve az erdeiegérre vonatkozóan a hantavírus 2011-ben kiegyenlített területfoglalási dinamikával jelent meg a területen, míg 2012-ben a predációs hatás függvényében jelentős ingadozást mutatott. Mivel a róka feltehetően a területen eudomináns fajként megjelenő sárganyakú erdeigereket fogyasztotta, a predációs hatás következtében az abundanciája csökkent, amely ebben az évben már meghatározó volt a fertőzöttségi szint változásában. Az erdeiegér populáció abundanciájának csökkenésével párhuzamosan az erdeipocok népessége növekedett, amely következtében a vizsgálatba bevont egyedek tehénhimlő vírus fertőzöttségi aránya is nőtt. Az erdeipocok népessége és a fertőzöttségi szint között így 2012-ben szignifikáns logaritmikus összefüggés volt.

FAUN-8

BOZÓKI TAMÁS
környezettan
BSc, 5. félév
Eszterházy Károly Főiskola
Természettudományi Kar

Témavezető:
Korompainé Szitta Emese
tanársegéd, EKF TTK
Dr. Boda Pál
tudományos munkatárs, MTA ÖKI

Változások a hazai vízi- és vízfelszíni poloska faunában az első fajlistától napjainkig

A vízi- és vízfelszíni poloskák a vízi életközösségekben nagy jelentőséggel bíró rovarok. A vízhez kötődő poloskák faunisztikai kutatása már az 1800 években elkezdődött, de az első fajlista csak 1918-ban készült el. A természetvédelem intézményesítésének következtében jelentősen megnőtt a faunisztikai kutatások száma, melynek eredményeképp 1999-ben megjelent a bővített fajlista. A kutatások fejlődése és a monitoring vizsgálatok eredményeként azóta is bővült a fajlista, jelenleg 58 fajt tartunk számon. A kutatottság számottevő, hiszen az ország UTM négyzeteinek 66,8%-ból van adat. A hazánkban fellelhető összes vízi- és vízfelszíni poloska adat alapján becsülhető fajszám azonos az eddig detektált fajszámmal. A fajok faunisztikai státusza különböző. A környező országok fajlistáival összehasonlítva, a hazai fauna Ausztriáéval mutatja a legnagyobb hasonlóságot, míg nagyobb különbségek a délre eső országokkal szemben tapasztalhatók.

FAUN-9

BINDICS BARNABÁS
Magyar nyelv és irodalom és biológia
MA, 5. félév
Konstantín Filófus Egyetem Nitra
Közép-európai Tanulmányok Kara

Témavezető:
Dr. Szekeres Ladislav
Nyitrai Konstantin Filozófus Egyetem

Zengőlegyek előfordulása Bős térségében

A munkámban Csallóköz térségével és a zengőlegyek családjának bemutatásával, valamint előfordulásával foglalkozom. Választásom azért esett ezen témára, mivel érdeklődésem központjában a biológia, pontosabban a rovarvilág áll.

Céljaim közé tartozik többekközt, hogy adatokat gyűtjsek a zengőlegyek szokásairól, fejlődési sajátosságairól és táplálkozási módjukról. Csallóköz területén két ponton is kihelyeztem a gyűjtőhálókat. Ezen gyűjtőhálók Malaise – Fall típusú rovarcsapdák voltak.

Munkám során a következő eszközöket használtam: Malaise-Fall hálókat, rovartűket, dobozokat, gyűjtőüvegeket és határozó kulcsot. A gyűjtés befejeztével az meghatároztam az egyes egyedek faját.

A munka tartalmazza a gyűjtési időszak folyamán összegyűjtött gyűjtőüvegek pontos számát, valamint a leggyakrabban előforduló fajok rövid leírását is. Beszámolok a lárvák táplálkozási módjáról is.

Kulcsszavak: zengőlegyek – Syrphidae, Malaise-Fall háló, Csallóköz.

GENET-1

OTTLIK DOROTTYA
Biológia
MSc, 7. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:
Dr. Deák Péter
docens, SZTE TTIK

A ciszplatin toxicitásának vizsgálata sejtciklus ellenőrzési és DNS-hibajavítási mutánsokon *Drosophila melanogaster*ben

A sejtciklus jól összehangolt és szigorúan szabályozott folyamatokból áll, melyeket különböző ellenőrzési pontok tesznek még hatékonyabbá. Ezekben az ellenőrzési mechanizmusokban és a DNS hibajavítási útvonalakban bekövetkező hibák vagy működési rendellenességek genetikai károsodások felhalmozódásához vezetnek, amelyek az egyik legfőbb kiváltó okai a rák kialakulásának.

A rákos megbetegedések kialakulásának hátterében az örökítő anyagot érintő mutációk felhalmozódása áll. A kemoterápiás kezelés során olyan gyógyszereket alkalmaznak, amelyek a gyorsan szaporodó daganatos sejteket elpusztítják, azonban nagy hátrányuk, hogy a szervezet normálisan osztódó sejtjeire is toxikus hatást fejtenek ki.

A sejtciklus ellenőrzési és DNS-hibajavító folyamatokban résztvevő gének közös jellemzője, hogy evolúciósan konzerváltak és mutánsaik különösen érzékenyek a genotoxikus szerekre. Munkánk során ecetmuslica (*Drosophila melanogaster*) sejtciklus ellenőrzési és DNS-hibajavító mutánsokat kezeltünk a kemoterápiás kezelésében használt egyik szerrel, a ciszplatinnal.

A különböző mutánsok ciszplatinnal szembeni érzékenységét relatív toxicitási tesztekben határoztuk meg. Ezek lényege, hogy a homo- és heterozigótákat azonos környezetben kezeljük, így meghatározható az eltérő érzékenységük a szerrel szemben. Törzsenként minden koncentráció értéknél meghatároztuk a túlélő homo- és heterozigóta adultak számát. Ezek arányából határoztuk meg a relatív letális koncentrációs (R-LC50) értékeket, ami a szer hatóanyagának azon mennyiségét jelenti, amelynél a homozigóta utódok aránya felére csökken az elméletileg várható értékhez képest.

Eredményeinkből az látható, hogy a különböző sejtciklus ellenőrzési és DNS-hibajavító gének mutánsai eltérő érzékenységet mutatnak a ciszplatinnal szemben. Találtunk olyan mutánsokat, melyeknél az adott gén hibája fokozottan érzékennyé tette a homozigóta mutáns állatokat a ciszplatinra, azonban ezek specifitása eltérő volt. A gének többségénél azonban nem találtunk szelektív érzékenységet. Humán tumorokra vonatkoztatva, eredményeink azt jelezhetik, hogy a tumorok tapasztalt eltérő kemoszenzitivitásáért esetleg különböző checkpoint, vagy DNS-hibajavítási mutációk lehetnek felelősek.

GENET-2

LAKATOS ZSOLT
Biológia
BSc, 5. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Lőrincz Péter
tanársegéd, ELTE TTK

A *Drosophila* Atg6 szerepe a Notch jelátvitel szabályozásában

A receptor-mediált endocitózis fontos szerepet játszik jelátviteli folyamatok, köztük a Notch jelátvitel szabályozásában, a receptor és ligand molekulák internalizálásának, lebontásának és reciklizálásának a segítségével.

Munkám során az Atg6 szerepét vizsgáltam a Notch jelátvitel szabályozásában, amelynek az endocitózis szabályozásáért felelős szerepe az eddigi vizsgálatok alapján ellentmondásos.

A vizsgálatokhoz olyan *D. melanogaster* Atg6 RNSi és mutáns törzseket használtam, melyekben a mutációt illetve csendesítést csak az állatok szárnyában fejeztettük ki. Az állatok szárnya a csendesítés hatására látványosan torzul.

Az Atg6 csendesített fejlődő szárnyepidermisz sejtekben abnormális multivezikuláris és lamelláris testek találhatóak, amelyekről plazmamembrán-lokalizált HRP és DAB reakció segítségével megállapítottam, hogy azok endocitotikus eredetűek, tehát a késői endoszómák szintjén az endocitózis megreked. Ezt fluoreszcens markerek segítségével is igazoltam. Imaginális szárnykorongokban immunhisztokémiai eljárással megfestettem a Notch intra- és extracelluláris doménjét, valamint a Notch egy ligandját, a Deltát. Az Atg6 csendesített sejtekben ezeknek a fehérjéknek a mennyisége felszaporodik. Mivel ez utalt a jelátvitel felerősödésére is, ezért ezt Notch Response Element GFP transzgént is hordozó törzs segítségével is igazoltam.

Ezek alapján arra a következtetésre jutottam, hogy az Atg6 a Notch és a Delta felvételén és lebontásán keresztül szabályozza a Notch jelátvitelt.

GENET-3

BOGLÁRI CSABA
Biológus
MSc, 3. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Lengyel Katalin
tanársegéd, ELTE TTK

A Hox gének szerepe a Notch homológ receptorok expressziójában

Tudományos diákköri munkámban célul tűztem ki a Hox gének és a Notch homológ receptorok közötti kapcsolat szerepének vizsgálatát az idegrendszer fejlődésében és működésében *Caenorhabditis elegans* modellszervezetben. A Hox gének felelősek azért, hogy a bilaterális szimmetriával rendelkező állatok anterior-poszterior testtengelye mentén a megfelelő szöveti identitás létrejöjjön. A Hox gének konzervált DNS-kötő sajátsággal rendelkező transzkripciós faktorokat kódolnak, melyek célgénjeik expressziójára hatva befolyásolják a sejtsorsok alakulását. A Notch jelátviteli útvonal kulcsfontosságú az embrionális fejlődés számos lépése során, továbbá fontos szereppel bír a felnőtt idegrendszer működésében is. *Caenorhabditis elegans*-ban két Notch homológ receptort kódoló gén található: ezek a glp-1 és a lin-12. A Hox gének és a Notch receptorok humán relevanciával bírnak, szerepüket leírták számos szervfejlődési folyamatban, mutációik pedig hozzájárulhatnak tumoros elváltozások, illetve az idegi sejtsors meghatározás zavaraival járó megbetegedések kialakulásához.

A ceh-13(sw1) deléciós mutáns a rendelkezésemre álló ceh-13::gfp konstrukciót tartalmazó törzzsel kereszteztem. Amennyiben a konstrukció funkcionális riporterként működik, akkor képes menekíteni a ceh-13(sw1) fenotípusát. Kutatásom során tanulmányoztam a ceh-13(sw1) homozigóta mutáns és a ceh-13::gfp konstrukciót tartalmazó állatok morfológiáját, valamint a ceh-13::gfp konstrukciót tartalmazó törzs különböző vonalainak neurális expresszióját.

Tanszékünkön folyó kutatások a labial homológ ceh-13 anterior Hox gén kötőhelyeit azonosították glp-1 és lin-12 Notch receptor homológok introni régióiban. Ezen eredményekre támaszkodva tanulmányoztam a két gén kifejeződésének alakulását. Kvantitatív Real-Time PCR vizsgálatokat végeztem a glp-1 és lin-12 mRNS-ek szintjének meghatározására. Az eddigi vizsgálatok alapján elmondható, hogy a glp-1 és a lin-12 mRNS-ek szintje változik ceh-13(sw1) és mab-5(gain-of-function) mutáns háttérben. A pontos tendenciák megállapításához további mérésekre van szükség.

GENET-4

TÓTH SAROLTA
Biológus
MSc, 3. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
Dr. Juhász Gábor
tudományos főmunkatárs, ELTE TTK
Takáts Szabolcs
tudományos segédmunkatárs, ELTE TTK

A Hps1 és a Hps4 fehérje autofágiában betöltött szerepének vizsgálata

A lizoszómális kompartment megfelelő kialakulása, és az ehhez köthető lebontó útvonalak, az endocitózis és az autofágia megfelelő működése alapvető fontosságú egy sejt homeodinamikájának fenntartásához.

A Hermansky-Pudlak szindróma (HPS) egy genetikai betegség, kialakulásáért a Hps gének mutációi felelősek. A Hps1 és Hps4 alkotja a BLOC-3 komplexet, amely a lizoszóma-szerű organellumok kialakulásához szükséges. Dolgozatom célja annak kiderítése volt, hogy a BLOC-3 kiesése milyen hatással van az autofágiára, azaz a lizoszómákban zajló önemésztésre.

Munkámhoz Hps1 és Hps4 mutáns *Drosophila melanogaster* vonalakat használtam. Fluoreszcens mikroszkópos vizsgálataim során azt találtam, hogy az autolizoszómák kialakulnak ugyan, de beltartalmuk nem bomlik le megfelelően. Ezt ultrastrukturális analízissel is megerősítettük: a mutáns állatok zsírtestében a normális kinézetűek mellett számos aberráns, nem megfelelően lebontó autolizoszómát figyeltem meg. Továbbá mind a Hps1, mind a Hps4 mutáns vonalak élethossza megrövidült.

Mivel a BLOC-3 gének viszonylag enyhe autofág fenotípust mutattak, szerettem volna megtudni, hogy a Hps1 és a hozzá hasonló szerkezetű, ám endoszóma érésben szereplő Mon1 fehérje működésében fennáll-e valamilyen redundancia. Ezért a Hps1 életképes, és a Mon1 gén szemiletális mutáns alléljait összerekombináltam. A kettősmutánsok szintetikus lárvaletalitást és a szimpla mutánsokéhoz képest erősebb endocitózis és autofág defektust mutattak, ezenfelül más endocitózis-hibát okozó mutánsokhoz hasonlóan melanizált szövetcsomókat figyeltem meg bennük.

Eredményeim tehát azt mutatják, hogy a BLOC-3 hiánya következtében csökken az autofág lebontás mértéke, mely valószínűleg a lizoszómák kialakulási hibájának tudható be. A Hps1 és a Mon1 genetikai interakciója pedig a két gén közötti funkcionális redundanciára utal.

GENET-5

KOVÁCS LAURA
Biológus
MSc, 1. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
Dr. Juhász Gábor
tudományos főmunkatárs, ELTE TTK
Nagy Péter
tudományos segédmunkatárs, ELTE TTK

Az autofág gének és az uvrag szerepe a *Drosophila* bélőssejtek osztódásában

A külvilágból származó anyagok károsító hatásainak egyik leginkább kitett szerv az emésztőrendszer. A különféle bélsejtek szöveti őssejtekből folyamatosan pótlódnak, melyek így fenntartják a bél homeosztázisát és regeneratív kapacitását. A bélőssejtek osztódása szigorúan szabályozott, hiszen a nem megfelelő osztódás patológiás elváltozásokhoz vezethet. Az autofágia megfelelő működése bizonyítottan elengedhetetlen az idegsejtek funkciójának fenntartásában, így megvizsgáltam *Drosophila melanogaster* bélőssejtjeiben az autofág aktivitást, és annak a bél normál homeosztázisának fenntartásában játszott szerepét. Kimutattam, hogy a *Drosophila* bélőssejtekben folyamatosan magas szintű autofágia zajlik, mely változatlan marad az autofágiával korábban kapcsolatba hozott uvrag tumorszuppresszor funkcióvesztése esetén is. Azt találtam, hogy az autofágia gátlása az őssejtek számának csökkenéséhez, míg az uvrag hiánya azok hiperproliferációjához vezet. Eredményeim szerint az utóbbi fenotípus a sejtpolaritás kóros megváltozásával lehet összefüggésben. Episztázis analízissel kimutattam, hogy az autofágia gátlása teljes mértékben szuppresszálja az uvrag hiánya esetén bekövetkező őssejt hiperproliferációt. Az találtam, hogy akár az autofág gének, akár az uvrag bélőssejt-specifikus csendesítésekor csökken a legyek élethossza, feltehetően a bél integritásának hibája miatt.

GENET-6

KISS ANDRÁS ATTILA
Biológia
MSc, 13. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:
Dr. Mink Mátyás
docens, SZTE TTIK

Az izom differenciálódást és a sarcomer képződést szabályozó IV-es kollagén peptid domain-ek azonosítása interallélikus komplementáció révén

Bevezetés: A legújabb klinikai adatok és egér genetikai tanulmányok azt mutatják, hogy a COL4A1 mutációk következtében létrejövő alapmembrán defektusok – többek között - izomgyengeséget, kontraktúrákat, görcsöket, izomdisztrófiát és atrófiát okoznak. A jelenség mélyreható tanulmányozása még hiányzik és az izom specifikus pathomechanizmus jelentős részletei is felderítetlenek maradtak. Ebben a tanulmányban a *Drosophila* col4a1 mutánsok allél sora segítségével trans-heterozigótákat, kettős mutánsokat állítottunk elő.

Célkitűzés: Az izom differenciálódást és a sarcomer képződést szabályozó IV-es kollagén peptid domain-ek azonosítását tűztük ki célul. Ezek azonosítását a col4a1 gént érintő tranzíciók (G->A csere) ismerete, valamint az eltérő mutánsok interallélikus komplementációját követően kialakult fenotípus jellegzetességei teszik lehetővé.

Módszerek: A rendelkezésünkre álló nyolc kollagén mutáns törzset kereszteztük egymással minden kombinációban, és a megszülető F1 generációban, col4a1 génre nézve trans-heterozigóta kettős mutáns nőstényekből izolált commonis oviductus és utóbélből származó szövetmintákkal dolgoztunk tovább, melyeket specifikus ellenanyaggal és fluoreszcens festéssel tettünk láthatóvá immunhisztokémiai módszerekkel.

Eredmények: A kettős mutánsok jellegzetes fenotípusa a centronukleáris/myofibrilláris myopathia, a sarcomer szerveződés elmaradása, az izom rostok differenciálatlan állapota. A mutációval érintett peptidek direkt vagy indirekt integrin kötő helyek, illetve a kollagén trimer stabilitását, valamint a hármas helix összeszerelődését érintik.

Következtetések: A col4a1 mutációk által kifejtett genetikai inzultus az izom differenciálódás és a sarcomer képződés eddig ismeretlen kóroki tényezőjeként azonosítja a IV-es típusú kollagént, és a fehérjén belül az ebben részvevő peptid domain-eket.

GENET-7

VARGA JÚLIA
Biológus
MSc, 3. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:
Dr. Deák Péter
docens, SZTE TTIK
Dr. Pál Margit
tudományos munkatárs, SZTE TTIK

Egy feltételezett ubikvitin receptor jellemzése

Az ubikvitin-proteaszóma rendszerben bomlik le a rövid féléletidejű vagy meghibásodott nukleáris és citoplazmatikus fehérjék 90%-a. A szelektív felismerést követően az ubikvitinációs enzimkaszkád egy poliubikvitin lánccal jelöli meg a fehérjét. A jelként szolgáló poliubikvitin láncot poliubikvitin receptorok ismerik fel, majd a megjelölt fehérjét a proteolítikusan aktív 26S proteaszómához szállítják lebontásra.

*Drosophila melanogaster*ben három az UBA/UBL fehérjék családjába tartozó poliubikvitin receptor ismert. Azonban a poliubikvitin láncok sokfélesége és eltérő szerepe miatt feltételezzük további poliubikvitin receptorok létezését is. Aminosav szekvencia homológia alapján úgy véljük, hogy egy újabb poliubikvitin receptort kódoló gént sikerült felfedeznünk, a CG31528-at. Ezért célul tűztük ki ennek a génnek a jellemzését, funkciójának vizsgálatát különböző klasszikus genetikai, molekuláris biológiai és biokémiai módszerek felhasználásával.

CG31528 specifikus transzgenikus RNS interferencia törzseket állított elő csoportunk. Az RNS interferencia indukciójával, valamint tesztisz specifikus driver törzsekhez való keresztezéssel teszteltem a gén működésének jelentőségét, funkcióját, csökkent aktivitásának fenotípusbeli hatásait.

Munkatársaim pGEX-4T-1 expressziós vektorba klónozták a CG31528 cDNS-t, amely lehetővé teszi a vizsgált gén által kódolt fehérje glutation S-transzferázzal fúzionált változatának baktériumokban való termeltetését. A GST-tagelt fehérjét tisztítottam és Glutathione-Sepharose gélszűréses kísérlettel, valamint Western-blottal vizsgáltam köt-e poliubikvitinált fehérjéket, illetve kötődik-e a proteaszómához.

GENET-8

BORKÚTI PÉTER
Biológia
MSc, 7. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:
Dr. Deák Péter
docens, SZTE TTIK
Dr. Pál Margit
tudományos munkatárs, MTA SZBK

Két feltételezett *Drosophila* dezubikvitiláz genetikai jellemzése

Az élőlények folyamatos, ismétlődő sejtosztódási- és sejtnövekedési ciklusokon keresztül jönnek létre. A sejtciklus megfelelő működésének egyik elengedhetetlen feltétele az egyes fázisok után fölöslegessé váló fehérjék eltávolítása. A már nem szükséges fehérjéket egy ubikvitin-függő fehérjelebontó rendszer távolítja el a sejtből. Egy enzimkaszkád több ubikvitin monomerből álló poliubikvitin láncot helyez a lebontásra ítélt fehérjékre, amelyeket ezután a proteaszóma bont le. Fehérjedegradáció után visszamaradó poliubikvitin láncok monoubikvitinekre bomlanak, amelyek így újra felhasználhatóvá válnak. Ezt a folyamatot katalizálják a dezubikvitiláló enzimek vagy DUB-ok.

Számos DUB biokémiai funkciója ismert, elsősorban élesztő és emlős sejtvonalakon végzett vizsgálatokból, azonban élettani folyamatokban betöltött szerepük kevésbé tisztázott. Csoportunkban a dezubikvitilázok azonosítását és genetikai jellemzését végzik egy soksejtű modellorganizmusban, az ecetmuslicában. Munkánk során 46 *Drosophila* DUB-ot azonosítottunk bioinformatikai módszerekkel.

Munkám célja két, OTU alosztályba tartozó DUB-ot kódoló gén genetikai jellemzése. Ehhez különböző mutáns allélokra van szükség. Feladatom a két DUB gén null-mutánsainak előállítása volt P elem remobilizációs technikával. A P-elem egy mozgékony genetikai elem mely segítségével deléciót hozhatunk létre, az elem nem precíz kivágódásával. A lehetséges deléciós mutációt tartalmazó törzsekből genomikus DNS-t izolálva, PCR segítségével mutattam ki a deléciók létét. A PCR eredményét gélelektroforézis segítségével analizáltam. Mindkét gén esetében több deléció létét sikerült kimutatni. A deléciók kiterjedését szekvenálással határoztam meg. Ezután a null-mutánsokat letálfázis vizsgálat segítségével jellemeztem, melynek során egyedfejlődésüket követtem. A deléciós homozigóták százalékos kikelési aránya közelítőleg megegyezett az elméletileg várható aránnyal, így a vizsgált gének deléciója nem létfontosságú. A kísérlet eredményeként létrehozott null-mutánsokat a gének további jellemzésére használjuk.

GENET-9

FRITTMANN ORSOLYA
Molekuláris, immun- és mikrobiológia
szakirány
MSc, 12. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:
Dr. Unk Ildikó
tudományos főmunkatárs, MTA SZBK

Szerkezet és funkció összefüggésének vizsgálata az élesztő Rad18 fehérjében.

A DNS károsodásokat a sejt reparációs rendszerei felismerik és kijavítják. Ha a hiba a genomban marad, az a replikációs villa megakadását okozza, mely aztán a villa töréséhez, a sejt halálához vezethet. Léteznek azonban olyan mechanizmusok, melyek a hibás bázison keresztül biztosítják a replikációt, élesztőben ezeket DNS hibatolerancia útvonalaknak nevezzük. A DDT egyik ágát a Rad6/Rad18 fehérjekomplex szabályozza. A Rad18 a Rad6 fehérjével komplexet alkotva a PCNA fehérje ubiquitinálódását elősegítve irányítja a megakadt replikációs villa mentését. A Rad6/Rad18 komplex a PCNA monoubiquitinációján keresztül a DDT három különböző alútvonalát szabályozza.

Kutatásaimban a Rad18 fehérje szerkezet és funkció összefüggésének vizsgálatát végeztem el. A Rad18 fehérje öt ismert doménnel rendelkezik, ezek a RING, Zn-finger, SAP, ATP és Rad6 kötő domének. Ezen régiók közül a RING a Rad6 és ATP kötő domének szerepe a Rad18 funkciójában már ismert, a Zn-finger és SAP domént még nem vizsgálták, valamint ezeken kívül a Rad18 fehérjében vannak olyan nagyobb régiók, amikhez funkciót még nem tudtak hozzárendeli. Célul tűztük ki tehát, hogy elvégezzük ezen részek funkcionális vizsgálatát. Kísérleteinkben a kromoszómális RAD18 gént deletáltuk és ebben a törzsben élesztő centromeres plazmidról expresszáltattuk a mutáns Rad18 fehérjéket. Különböző DNS károsító ágensekre mutatott fenotípus alapján tisztáztuk, hogy a C-terminális deléciós mutánsok nem befolyásolják a Rad18 fehérje funkcióját a hibatolerancia folyamatokban. Azonban a Rad18 fehérje N-terminális részén deléciós mutánsok különböző mértékű UV és MMS érzékenységet mutattak. Genetikai analízis útján sikerült bebizonyítanunk, hogy az egyik létrehozott Rad18 N-terminális deléciós mutáns a Rad6/Rad18 fehérjekomplex által vezérelt DNS hibatolerancia útvonal egyik mutáció mentes átírást végző ágát inaktiválta. Élesztő kettős hibrid kísérletekben bebizonyítottuk, hogy az N-terminális mutánsok nem képesek kölcsönhatni a Rad5 fehérjével, így a legkisebb deléció területére sikerült betérképezni azt a fehérje részletet, ami a Rad5-tel való interakcióért felelős. A Zn-finger, valamint a Zn-finger és SAP domén együttes delécióját hordozó mutánsok a teljes Rad18 delécióval megegyező fenotípust mutattak különböző DNS károsító ágensekre, így ezekben a deléció esszenciális funkciót érintett, melynek pontos meghatározása és a csak SAP domént valamint a SAP és Zn-finger közötti rész delécióját hordozó mutánsok vizsgálata folyamatban van.

HIDRO-1

BAKONYI KRISZTINA
Környezettudomány
MSc, 1. félév
Pannon Egyetem
Mérnöki Kar

Témavezető:
Hubai Katalin Eszter
tanársegéd, PE MK

A Nagyteveli-tározó parti sávjának értékelése az Integrált Makrofita Minősítési Index (IMMI) és a Partvonal Funkcionalitási Index (SFI) alapján

Manapság a fokozott vízigény következtében számos tározót létesítenek, mely jelentős károkat okoz az élőhelyként is szolgáló víztestekben. Munkánk során a Nagyteveli-tározó parti sávját két alkalommal, 2012.06.08-án és 2013. 04.26-án vizsgáltuk. A partvonal minősítését a Shorezone Functionality Index (SFI), valamint az Integrált Makrofita Minősítési Index (IMMI) két változója, a Természetességi-index (Ti) és a Nedvességigény (Wi) segítségével végeztük el. A partvonalat homogén szakaszokra osztottuk fel. Ezeken a szakaszokon felvételeztük az IMMI megállapításához szükséges adatokat, illetve kitöltöttük az SFI kiszámításához szükséges adatlapokat. A természetességi index alapján a szegényes kategóriájú szakaszok, az SFI alapján a méréskelt kategóriájú szakaszok voltak nagyobb százalékban jelen. Az eredmények között eltérések mutatkoznak, azonban mindkét felmérési index jól mutatja az antropogén hatások jelenlétét. Azonban a víztesteket érintő tervezett beavatkozások hatásának megfelelő tanulmányozásához mindkét felmérés elvégezése szükséges.

HIDRO-2

LUKÁCS ÁRON
Biológia
BSc, 5. félév
Debreceni Egyetem
Természettudományi és Technológiai Kar

Témavezetők:
Dr. B.-Béres Viktória
biológus, Tiszántúli Környezetvédelmi és Természetvédelmi Felügyelőség
Dr. Bácsi István
adjunktus, DE TTK

A Tócó-patak kovaalga közösségének kolonizációs vizsgálata

Munkánk során a Tócó-patak kovaalga közösségének kolonizációs folyamatait vizsgáltuk szemi-mesterséges aljzaton 63 napon keresztül: a taxonómiai összetételben, kovaalga ökológiai guildekben és különböző sejtméret-osztályokban végbemenő változásokat értékeltük.

Az alacsony profilú guild gyakoriságában bekövetkező változások (kezdetben magas gyakoriság, majd jelentős mértékű csökkenés, ill. a 31. napot követő emelkedés) a kolonizáció kezdeti szakaszában betöltött fontos szerepükre, valamint új kolonizációs folyamat beindulására hívják fel a figyelmet. A magas profilú és a mozgékony guild relatív gyakoriságának változása (20-40%, illetve egyenletes emelkedés a 20. napig, majd nagymértékű csökkenés a 31. naptól) a körülmények jelentős megváltozására utal.

A kis méretű fajok relatív gyakorisága a 20. napig folyamatosan csökkent, ezt követően azonban arányuk jelentősen megnőtt. A nagy méretű taxonok aránya ezzel ellentétesen változott: arányuk a 20. napig növekedett, majd drasztikusan lecsökkent. A közepes méretű taxonok aránya a kísérlet alatt folyamatosan magas volt. A mérettartományok arányaiban megfigyelt jelenségek a kísérlet helyszínén jelen lévő érett bevonat jelentőségére, illetve a későbbiekben bekövetkező rekolonizációs folyamatokra világítanak rá.

A nagy méretű domináns fajok (Meridion circulare, Surirella brebissonii és Melosira varians) között a kísérlet során fajkicserélődés történt, ami jól mutatja a környezetben bekövetkező változások mellett az egyes guildek kölcsönhatásait is. A kolonizáció első szakaszában nagy számban volt jelen az alacsony profilú guildbe tartozó M. circulare, majd mennyisége a kísérlet végéig folyamatosan csökkent. A magas profilú guildbe tartozó Me. varians az első órákban nagy számban volt jelen (bolygatás hatás), ám a nap közepe felé haladva száma csökkent a mintákban. Ezt követően a taxon viszonylag magas aránya a kísérlet végére drasztikusan lecsökkent, hasonlóan a S. brebissonii gyakoriságához.

Eredményeink rávilágítanak arra, hogy a Tócó-patakhoz hasonló alföldi kisvízfolyások kolonizációs folyamatai jól nyomon követhetők mind az ökológiai guildekben, mind az egyes mérettartományok arányaiban bekövetkező változások vizsgálatával. Továbbá eredményeink arra is felhívják a figyelmet, hogy a kisvízfolyások vizsgálatánál figyelembe kell venni a kísérleti összeállítás kihelyezésénél fellépő bolygatás hatást, valamint a vízfolyás szemisztatikus voltából eredő esetleges problémákat (vízszintcsökkenés, rekolonizáció) is.

HIDRO-3

ASZALÓS JÚLIA MARGIT
Biológus
MSc, 3. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Borsodi Andrea
docens, ELTE TTK

Extremofil baktériumközösségek diverzitása az Ojos del Salado vulkán (Száraz-Andok) magashegyi tavainak üledékében

Az Atacama sivatag száraz környezete a Száraz-Andok területén felnyúlik a magashegyi régióba, létrehozva a Puna de Atacama fennsík hegyi sivatagát, ahol számos rétegvulkán, köztük a világ legmagasabb vulkánja, az Ojos del Salado is magasodik. A hegyi sivatagot szélsőségesen száraz klíma, extrém mértékű napi hőingás, nagy intenzitású szoláris UV sugárzás és 4500 m fölött örökfagy jellemzi. Az örökfagyott üledék felső deciméterei nyáron felengednek, az ebből származó olvadékvíz a lefolyástalan területeken felgyűlik, és a világ legmagasabban fekvő sekély tavait hozza létre.

A magashegyi tavak olyan tápanyagban szegény oligotróf élőhelyek, ahol szélsőséges környezeti tényezőkhöz alkalmazkodni képes extremofil mikroorganizmusok jelenléte valószínűsíthető.

Munkám során az Ojos del Salado magashegyi tavaiban és azok környezetében előforduló baktériumközösségeket vizsgáltam. A 3770 és 6500 m közötti tengerszint feletti magasságban fekvő tavak vizéből és üledékéből 2014 februárjában történt mintavétel. A baktériumközösségek diverzitását a 16S rRNS gén vizsgálatán alapuló tenyésztéstől független molekuláris módszerrel tártam fel. Az összesen 17 környezeti minta baktériumközösségeinek szerkezetét egy molekuláris ujjlenyomat módszerrel (DGGE) hasonlítottam össze. A világ legmagasabban fekvő tavának és az azt tápláló melegvizes patak üledékének részletes bakteriális diverzitás vizsgálatát molekuláris klónkönyvtárak létrehozásával végeztem el. A DGGE eredmények alapján kiválasztott mintákból eltérő sókoncentrációjú táptalajok alkalmazásával csíraszám becslésre és baktériumok tenyésztésére is kísérletet tettem. Az izolált törzsek közül a 16S rRNS gén szekvencia meghatározáson alapuló identifikálás a Marinobacter guineae baktériumfaj jelenlétét igazolta az andoki üledék mintákban.

A klónkönyvtárak elemzésével 7 filogenetikai törzs (Acidobacteria, Actinobacteria, Aquificae, Bacteroidetes, Cyanobacteria, Proteobacteria, TM7) képviselőinek jelenlétét mutattam ki, melyek eloszlása a két mintában nagymértékben különbözött. A molekuláris klónok a legnagyobb mértékű egyezést hasonló környezetekből származó szekvenciákkal mutatták. Az extremofil szervezetek közül mindkét molekuláris biológiai módszerrel kimutattam szervetlen anyagok (vas, kén) oxidálására képes litotróf anyagcseréjű, továbbá hidegkedvelő (pszichrofil) vagy acidofil baktériumfajokkal rokon szekvenciákat.

HIDRO-4

GONDA CSILLA
Hidrobiológus MSc
MSc, 3. félév
Debreceni Egyetem
Természettudományi és Technológiai Kar

Témavezető:
Kaszáné Dr. Kiss Magdolna
adjunktus, DE TTK

Ivóvíz vízminősítés biológiai és bakteriológiai vizsgálati módszerekkel

A víz minden élőlény számára alapvető fontosságú az élet fennmaradásához. Ezen okból kifólyólag dolgozat témája az ívóvíz vizsgálatával illetve minősítésével foglalkozik,mivel ez központi kérdésnek minősült és aminek módszereinek gyakorlására és elsajátítására a Duna Menti Regionális Vízmű Zrt. Váci laboratóriumaiban volt lehetőség. Magába foglalja többek közt a felszín alatti vizek és azok főbb típusait, a felszíni vizek jellemzőit, előfordulását, felhasználások módjait és a vizsgálati módszerit. Mielőtt a biológiai és bakteriológiai vizsgálatokat jellemeznénk, először a vízminőség fogalmát kell meghatározni. Ez nem más, mint a víz fizikai, kémiai, biológiai tulajdonságainak összessége és ezek alapján minőségi kategóriákba lehet sorolni a vizsgálandó vízmintát. A minőségi meghatározást az MSZ 12749 számú szabvány írja le,A minőségi osztályok (5) a következők:a kiváló minőségű víz, jó minőségű víz, tűrhető víz, szennyezett minőségű és az erősen szennyezett minőségű víz. A következőkben az algák - mint a biológiai vizsgálatok során leginkább megfigyelt szervezetek - jellemzését (alaktan, sejtfelépítés, szaporodás, előfordulás), kezelését/szűrését és tartósítását kell kifejteni, hogy tisztába legyünk a vizsgálandó élőlénycsoporttal. Ezután következnek a megfigyelt baktériumok (Coliform, Escherichia coli, Pseudomonas aeruginosa, Enterococcus bélbaktérium és Clostridium perfringens) jellemzése, kimutatása és gyakorisága az adott mintavételi helyekre vonatkoztatva. A megfelelő, kivitelezés után az adatokat adatbázisba rögzítettük. A mintavételi helyeken (pl. Csömör, Dunakeszi, Gödöllő, stb.) belül különböző helyszínekről lettek véve a minták. Ilyenek lehetnek például különböző medencék, konyhák, kutak, patakok, stb. Az elkészített ábrákból kivehető, hogy például a telepszámok 22 és 36 Celsius fokon mennyire tértek el attól a határértéktől, ami még elfogadható. Ugyanilyen előre meghatározott, elfogadható értékek vannak feltüntetve a többi paraméterre is, legyen szó fizikai, kémiai vagy bakteriális tulajdonságról. Ezt követi a saját mintavételezésem, ami a Tatai-tóból és a Ráckevei-(Soroksári) Duna ágról származott. A minták megfelelő csomagolással, alufóliával teljesen becsomagolva, hűtve érkeztek a laborba, ahol tartósítás nélkül történtek a vizsgálatok.A vizsgálatokkal megfelelően megbizonyosodhatunk arról, hogy milyen minőségű víz jelentkezik a társadalom számára is, fontos helyeken.

HIDRO-5

VICEI TIBOR TAMÁS
Biológia
BSc, 7. félév
Nyíregyházi Főiskola
Természettudományi és Informatikai Kar

KOLESZÁR GERGŐ
Biológia
BSc, 5. félév
Nyíregyházi Főiskola
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:
Dr. Szabó Sándor
főiskolai tanár, NYF TTIK

Ki mikor győz a békalencse – tócsagaz versenyben?

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

HIDRO-6

SENÁNSZKY VERA
Hidrobiológus
MSc, 10. félév
Debreceni Egyetem
Természettudományi és Technológiai Kar

Témavezetők:
Dr. Horváth Zsófia
WasserCluster Lunz - Biologische Station GmbH
Vad Csaba Ferenc
PhD. hallgató, ELTE TTK

Kisrák zooplankton közösségek szezonális mintázatai kiskunsági asztatikus szikes tavakban

A hazánkban ex lege védett szikes tavakkal Európán belül kizárólag a Kárpát-medencében találkozhatunk. A kutatásunk ezen ritka élőhelyekre irányult.

Vizsgálatainkat az Alföldön található, a Kiskunsági Nemzeti Park gondozásában álló szikes tavakban végeztük el. Célul tűztük ki a tipikus asztatikus szikes tavakban élő planktonikus kisrák közösségek szezonális mintázatának feltárását.

A szikes tavak környezeti változóinak többsége az év során szélsőségesen változik. A kiszáradás folyamata a környezeti tényezők drasztikus változását vonja maga után.

Ezek a szezonálisan bekövetkező változások nagyban kihatnak a szikes tavak planktonikus kisrák faunájának fajszámára és denzitására. A fajszámban csökkenés tapasztalható, azonban a denzitás ezzel ellentétesen növekedésnek indul és az egyedszámok a nyár közepére igen megnőnek. A kiskunsági szikes tavak kisrák zooplankton közösségeinek legdominánsabb fajaiként az Arctodiaptomus spinosust, a Moina brachiatát és a Daphnia magnát határoztuk meg.

A kisrák zooplankton közösségek ökológia kapcsolatainak, és működésük megismerésének segítségével megfelelő rehabilitációs stratégák dolgozhatók ki az egyre csökkenő számú, de egyedi élőviláguk miatt kiemelt természetvédelmi jelentőségű, számos védett és fokozottan védett vízimadár fontos élő- és táplálkozó helyéül szolgáló asztatikus szikes tavak megőrzéséhez.

HIDRO-7

HEPP ANNA
Biotechnológia
MSc, 5. félév
Debreceni Egyetem
Természettudományi és Technológiai Kar

Témavezetők:
Dr. Mészáros Ilona
docens, DE TTK
Dr. Oláh Viktor
adjunktus, DE TTK

Kitartó képletek (turion) képződése, mint stressz elkerülő stratéga vizsgálata bojtos békalencse (*Spirodela polyrrhiza*) modell-rendszerben

A vizes élőhelyeken a különböző növények által képzett vegetatív propagulumoknak kulcsszerepe van a kedvezőtlen időszakok átvészelésében, az ökoszisztéma fenntartásában. Mindezek miatt szükséges minél jobban megismernünk a vegetatív propagulumokon alapuló stratégia működését, sikerességét és a kitartó képletek szennyező anyagokra adott válaszait.

A bojtos békalencse (*Spirodela polyrhiza* (L.) Schleiden) életmenetének jellegzetessége, hogy a kedvezőtlen időszakokat a növény a vízfenékre süllyedő dormans szártagok, ún. telelőrügyek formájában vészeli át. A nyugalmi állapot indukciója a faj stresszre adott válaszreakciójának is tekinthető. A *S. polyrhiza* elterjedtsége, könnyű laboratóriumi kezelhetősége és életmenetének sajátossága miatt a vegetatív propagulumok élettani tulajdonságainak vizsgálatára is alkalmas szervezet.

Munkánk során a bojtos békalencse aktív és dormans életszakaszának érzékenységét mértük fel akut kadmium- és nikkel-kezelésekkel szemben. Célunk az alábbi kérdések megválaszolása volt:

1. Milyen érzékenységet mutat az aktív bojtos békalencse szártagok növekedése a két alkalmazott nehézfémmel szemben?
2. Kiváltják-e az alkalmazott nehézfémek a telelőrügy-képződést, mint válaszreakciót?
3. Befolyásolják-e a nehézfém-kezelések a telelőrügyek túlélési és kihajtási sikerességét?
4. A kifejlett növényekhez viszonyítva, milyen érzékenységet mutatnak a telelőrügyek a nehézfém-kezelésekkel szemben?
5. Milyen különbségek tapasztalhatók a kadmium- és a nikkel-kezelések hatásában a bojtos békalencse különböző életszakaszaiban?

Az eredményeink alapján a bojtos békalencse-tenyészetek telelőrügy-képzését egyhetes expozíció alatt csak a kadmium váltotta ki, 0,075 és 0,75 mg Cd l^{-1} koncentráció tartományban. Nikkel hatására nem volt megfigyelhető hasonló válasz. A két nehézfém hatásai az általunk kidolgozott tesztrendszerben eltérést mutattak. A kadmium növekedést gátló hatása alacsonyabb koncentrációnál (0,05 mg l^{-1}) jelentkezett, mint a nikkelé (0,175 mg l^{-1}). A rövid-távú, magas koncentrációjú nehézfém-kezelések befolyásolják a telelőrügyek életműködését, a hatások a lassabb aktiválódásukban, és ebből következő késleltetett kihajtásukban voltak megfigyelhetőek. A kihajtást követően azonban a gátló hatás csak a kadmiumnál, és csak 10 mg l^{-1} koncentrációtól volt kimutatható. Mind a két nehézfémre igaz, hogy a telelőrügyekre negatívan ható koncentráció-tartomány több nagyságrenddel meghaladja a kifejlett növények növekedésgátlásához szükséges koncentrációkat.

HIDRO-8

GYŐRI ÁGNES
Környezettan
BSc, 3. félév
Debreceni Egyetem
Természettudományi és Technológiai Kar

Témavezetők:
Dr. Simon Edina
adjunktus, DE TTK
Dr. Tóthmérész Béla
egyetemi tanár, DE TTK

Legelőtavak vízkémiai állapotfelmérése vízkémiai paraméterek alapján

A LIFE11NAT/HU/000924 számú LIFE+ projektfő célja a pannon szikes sztyeppék és mocsarak szódás tavainak helyreállítása és ezeknek a legelőtavaknak a vízkémiai tipizálása a Hortobágyon. A vízkémiai vizsgálatok 16 projekt területen és 16 kontroll területen történnek. A vizsgálatok során a nyári aspektusban a projekt területről 10, míg a kontroll területről 8 mintavételi helyről tudtunk mintát venni. A mintavételi helyeken belül három mintavétel történt. A következő vízkémiai paramétereket vizsgáltuk a projekt és kontroll területeken kijelölt szikes tavak vízmintáiban: hidrogén-karbonátion, karbonát-ion, szulfátion, kloridion nátriumion, káliumion, magnéziumion, kalciumion, orto-foszfát, nitrit, nitrát, ammóniumion-koncentráció, lebegőanyag, klorofill-a és kémiai oxigén igény tartalom. A klorofill-a és a nitrát tartalom tekintetében szignifikáns különbséget tapasztaltunk a projekt és a kontroll területek között. A 8 főion tartalmat tekintve Na, Cl>HCO3 dominancia jellemző a vizsgált szikes tavakban. Összességében megállapíthatjuk, hogy a szikes tavak kiterjedése és vizének összetétele évszakos dinamikát mutat, ezért a szikes tavakon végzett kutatásokhoz szükséges az évszakos dinamikai változások ismerete, ezért a jövőbeli vizsgálatoknál az szezonális hatást is figyelem kell venni.

HIDRO-9

TAPOLCZAI KÁLMÁN
Környezettan MSc.
MSc, 3. félév
Pannon Egyetem
Mérnöki Kar

Témavezető:
Dr. Padisák Judit
egyetemi tanár, PE MK

Mougeotia sp. megjelenése és tömegprodukciója nagy, mély tavakban

Az utóbbi évtizedekben jelentősen megnőtt a *Mougeotia sp.* fonalas zöldalga jelentősége a planktonban egyes Alpok környéki mély tó esetében (Genfi-tó, Garda-tó, Maggiore-tó), de hasonló jelenség figyelhető meg a szubtrópusi Kinneret-tóban (Izrael) is. Az algák tömeges elszaporodásának kiváltója lehet a fitoplankton elterjedését befolyásoló főbb környezeti paraméterek kedvező interakciója. Ezek a hőmérséklet, fényintenzitás, a víztest keveredési sajátosságai és a növényi tápanyagok.

Munkám célja annak vizsgálata, hogy ezen környezeti paraméterek hogyan hatnak a Mougeotia sp. szezonális és hosszú távú mintázatára a vizsgált tavakban.

Munkám során:

i) morfológiai vizsgálatokat végeztem a Genfi-tó fitoplankton mintáiból származó Mougeotia sp. sejteken és összevetettem a Garda-, Maggiore-, Kinneret-tó adataival,

ii) meghatároztam mind a fő környezeti paraméterek, mind a Mougeotia spp. szezonális és hosszú távú eloszlását,

iii) meghatároztam a faj ökológiai preferendumát,

iv) végül többváltozós statisztikai analízis (diszkriminancia analízis) segítségével összehasonlítottam a különböző Mougeotia spp. abundanciával jellemezhető éveket a környezeti paraméterek értékei alapján.

Eredményeim és előző tanulmányok alapján elmondható, hogy a *Mougeotia* egyre gyakoribb és intenzívebb megjelenése kapcsolatba hozható a vizsgált tavak esetében zajló vagy már lezajlott foszforterhelés intenzív csökkenésével. A vizsgált környezeti paraméterek alapján elkülöníthetőek egymástól a magas *Mougeotia* abundanciával jellemezhető évek az alacsony *Mougeotia* abundanciát mutatóéktól. Az egyes környezeti faktorok jelentősége eltért az egyes tavak esetében; a geomorfológiailag hasonló tavaknál a környezeti paraméterek jelentőségében nagyobb volt a hasonlóság.

HIDRO-10

HIDAS ANDRÁS JÁNOS
Biológia
BSc, 3. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Kiss Keve Tihamér
professzor emeritus, MTA ÖK

Tavaszi kovaalga (Centrales) vízvirágzás a Dunán Gödnél

2014 február eleje és május közepe között heti rendszerességgel vizsgáltuk a fitoplankton tömegét és összetételét a Duna gödi szakaszán (1669 fkm). A nagy folyók téli-koratavaszi fitoplankton összetételét kevesen tanulmányozzák, mert a biomassza és az egyedszám a hideg vízben alacsony, így a vizsgálatok elsősorban a vegetációs periódusra koncentrálnak. A Duna gödi szakaszán a fitoplankton domináns komponensei a Stephanodiscus spp. kovaalgák voltak, ezen sejtek képezték a fitoplankton együttesek mintegy 80%-át. A vízvirágzást a május 12-én érkező relatívan nagy árhullám szakította meg.

Az eredményeket korábbi tanulmányokkal összehasonlítva, többször előfordult már hasonló vízvirágzás a Duna főágában a vizsgált szakaszon. A késő téli-koratavaszi fitoplankton vízvirágzás jelenségét először a Duna gödi mellékágában és a Soroksári-Duna mellékágban regisztrálták. A jelenség okai az elegendő növényi tápanyag kínálat mellett kialakuló kis vízsebesség, az alacsony lebegőanyag tartalom és az ezzel járó nagy átlátszóság. Az egyedüli limitáló tényező az alacsony vízhőmérséklet és a rövid naphosszak.

Az irodalmi adatok azt mutatják, hogy a fitoplankton, különösen a Centrales kovaalga fajok tolerálni tudják az áramlást, a turbulenciát és a gyenge fényviszonyokat a legtöbb nagy folyóban. Azt feltételezzük, hogy a Stephanodiscus fajok jól alkalmazkodnak ezekhez a feltételekhez; alacsony hőmérsékleten a fotoszintézisük sokkal hatékonyabb, mint más fajoknak.

HIDRO-11

SÁNDOR DIÁNA
biológia
BSc, 8. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
Dr. Molnár Kálmán
tudományos tanácsadó, MTA ATK ÁOTI

Dr. Székely Csaba
tudományos főmunkatárs, MTA ATK ÁOTI

Vizsgálatok a balatoni halfajokban élősködő mételyeken, valamint azok csigákban és kagylókban élő fejlődési stádiumain

A mételyek (Trematoda osztály) Aspidogastrea és a Digenea alosztályai közül, az utóbbi fajai a legjelentősebb humán és állati kórokozók közé tartoznak. Gazdaváltók, bonyolult fejlődési ciklussal és több lárvaalakkal (miracidium, sporocysta, redia, cercaria, metacercaria). A cerkáriák általában aktívan keresik fel gazdájukat (puhatestűek, ízeltlábúak, gerincesek). Magyarországon a házi- és vadon élő állatokban fellelhető adult stádiumú trematodák előfordulása jól ismert. Ezek puhatestűekben fejlődő cerkáriáiról azonban ismereteink hiányosak.

Célom a balatoni halakban élősködő trematodák vizsgálata és a puhatestűekben fejlődő lárvastádiumok begyűjtése illetve azonosítása volt, valamint, hogy feltérképezzem és csoportosítsam az egyes fejlődési alakok előfordulását gazdáik szerint.

A Balaton négy pontján (Tihany, Balatonszemes, Keszthely, Zalatorok) végeztem gyűjtést. A laboratóriumi boncolás során izoláltam és dokumentáltam, majd alkoholban fixáltam az élősködőket.

Munkám során 11 halfaj 96 egyedéből 8 adult és 9 metacerkária stádiumú Trematoda fajt, 7 csigafajból 7 eltérő morfológiájú cerkáriát és 1 metacerkáriát mutattam ki. Egy vándorkagylóból izolált furcocerkáriát a süllő Bucephalus polymorphus fajával azonosítottam. A puhatestűekből gyűjtött cerkáriák (egyetlen kivétellel), Magyarországon még nem kerültek leírásra.

HUMGEN-1

BIRÓ ORSOLYA
Orvosi biotechnológia
MSc, 4. félév
Pázmány Péter Katolikus Egyetem
Információs Technológiai és Bionikai Kar

Témavezetők:
Dr. Nagy Bálint
tudományos főmunkatárs, SE ÁOK
Dr. Gáspári Zoltán
docens, PPKE ITK

Anyai plazma mikroRNS-ek felhasználásának vizsgálata a veleszületett szívfejlődési rendellenességek kimutatásában

A veleszületett szívfejlődési rendellenességek a leggyakoribb fejlődési rendellenességek közé tartoznak. Súlyosságuktól és korrigálhatóságuktól nagyban függ a gyermek várható élettartama, ezért fontos a terhesség alatti korai felismerés. Egyre nagyobb az igény olyan biomarkerekre, amelyek segítségével megbízhatóan kimutatható a betegség. Ígéretes megoldást kínálnak az anyai keringésben fellelhető magzati eredetű miRNS-ek, melyek több, a szívfejlődés folyamatában résztvevő gén expresszióját is szabályozzák.

A kutatás során célkitűzésünk volt a szívfejlődési rendellenességgel kapcsolatos miRNS-ek expressziós mintázatának elemzése anyai plazmában; végső soron potenciális miRNS biomarkerek keresése a betegség kimutatására.

A vizsgálatok elvégzéséhez 38 egészséges, valamint 39, ultrahang vizsgálat során igazolt szívhibás magzatot viselő várandóstól gyűjtöttünk perifériás vérmintát. A kóros terhességek között intrauterin karyotipizálással 12 db magzati aneuploidát igazoltunk. A vérmintákat lecentrifugáltuk, majd a plazmából miRNS extrakciót végeztünk. A minták össz-miRNS koncentrációját spektrofotométerrel meghatároztuk, majd ez alapján 7 pool-t készítettünk: I. 21-es triszómia, II. 18-as triszómia, III. VSD, IV. HLHS, V. TOF, VI. Normál_30-35, VII. Normál_36-42. Az így kapott mintákon miRNS PCR Array analízist végeztünk, a szív-és érrendszeri betegségekre specifikus panel felhasználásával. A panel 84 miRNS vizsgálatát teszi lehetővé, ezek közül csak a placentában is jelenlévőeket vettük figyelembe. A triszómiás mintákat 36-42 éves, az egyéb szívfejlődési rendellenességeket a 30-35 éves normál korosztállyal hasonlítottuk össze. Bioinformatikai adatbázisok és miRNS-target predikciós programok segítségével elemeztük a kapott eredményeket.

A beteg mintákban és a kardiovaszkuláris kórképekben általánosan upregulálódott miRNS-ek a let-7c, let-7e, miR-100, miR-199a és miR-423; downregulálódott miRNS a miR-486 volt. A miRNS PCR Array analízis eredményeként és az előzetes vizsgálatok elvégzésekor is azt kaptuk, hogy a let-7c miRNS jelentősen upregulált a beteg magzatot hordozó várandósok plazma mintáiban. A bioinformatikai analízis alapján arra következtettünk, hogy a NOTCH2 gén a let-7c miRNS fontos célpontja és a gén csendesítése szívfejlődési rendellenességhez vezethet.

Kutatásunk eredményeként több potenciális biomarkert találtunk, amelyek a későbbiekben alkalmazhatóak lehetnek a veleszületett szívfejlődési rendellenességek korai kimutatására.

HUMGEN-2

SZABÓ TITANILLA
Biológia
MSc, 3. félév
Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
Dr. Melegh Béla
egyetemi tanár, PTE ÁOK
Duga Balázs
PhD hallgató, PTE ÁOK

Európai romák genetikai kapcsolata kaukázusi etnikumokkal, vándorlásuk és keveredésük

A romák Európában becslések szerint 11 millióan élnek, így ők alkotják a kontinens legnagyobb etnikai csoportját. Genetikai kutatások, illetve történelmi adatok is alátámasztják, hogy a romák tömeges vándorlása Európa felé körülbelül 1500 évvel ezelőtt India északnyugati részéről, a Gangesz folyó vidékéről indult meg. Vándorlásuk során érintették többek között a mai Irán területét, Örményországot, Törökország területét, Görögországot és a Balkánt, ahonnan az Oszmán hódító hadjáratok elől menekülve jutottak Európa belsejébe. A roma populáció Európa népességének jelentős részét képezi, ezért eredetük, vándorlásuk, illetve más populációkkal való kapcsolataik megértése fontos része a populációgenetikának.

Kutatásaink során célunk az Európában élő romák genetikai kapcsolatának felderítése volt a migrációs útvonalukba eső kaukázusi régió népeivel. A vizsgálatokhoz 179 roma mintát használtunk fel, melyeket 12 különböző kaukázusi csoporttal, abháziai, adige, örmény, balkár, csecsen, grúz, kumyk, kurd, lezg, nogay, észak-oszét és türkmén populációval hasonlítottunk össze. Vizsgálatainkhoz teljes genomra kiterjedő SNP array adatokat használtunk fel. A roma minták genotipizálása Affymetrix Genome-Wide Human SNP Array 6.0 chip-en valósult meg. A vizsgálatokhoz HGDP, HapMap3 és POPRES adatokat szintén használtunk, amelyek további európai, indiai, és közel-keleti populációmintákat tartalmaznak. A kaukázusi populációk és a romák közötti kapcsolat felderítésére főkomponens-analízist (SMARTPCA), illetve modell alapú leszármazás-becslő algoritmust (ADMIXTURE) alkalmaztunk.

Eredményeink alapján elmondható, hogy a ma élő európai romák jelentősen keveredtek az európai populációkkal, amelynek hatására az indiai leszármazás erősen felhígult, a romák genetikailag közelebb kerültek az európai populációhoz. A romák az indiaiakkal és európaiakkal közös leszármazásnál is erősebb kapcsolatban vannak a migrációs útvonalukba eső kaukázusi népekkel és a velük szomszédos törökökkel. A roma minták a balkár, kumyk és nogay kaukázusi populációkhoz, illetve a törökökhöz klaszteredődtek legközelebb.

A romák leszármazási szempontból nagyobb európai részesedéssel rendelkeznek, mint indiaival, de legszignifikánsabb kapcsolat a kaukázusi populációkkal mutatható ki. Az erős közös nyugat-eurázsiai leszármazás arra utal, hogy a romák a migrációjuk alatt ezen a területen hosszabb időt töltöttek el, amelynek során az itt elő népekkel jelentősen keveredtek.

HUMGEN-3

FARKAS ZSUZSANNA
Biológus
MSc, 3. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
Dr. Pamzsav Horolma
igazságügyi genetikus, ISZKI BOI
Dr. Völgyi Antónia
igazságügyi genetikus, ISZKI BOI

Genotipizálást befolyásoló tényezők az igazságügyi célú DNS-profil nyilvántartásban: allél kiesés/beesés jelenségei; allélok statisztikai kiértékelése

Az igazságügyi genetikai gyakorlatban sokszor kevés DNS minta áll rendelkezésre. Az ilyenkor kapott genetikai profil kiértékelésénél fontos az allél kiesés/beesés lehetőségének vizsgálata. Vizsgálatom célja bizonyítani, hogy az ISZKI BOI DNS laboratóriuma az adatbázisba kerülő DNS-profilok meghatározásakor helyesen jár el az általuk definiált allél detektálási küszöbérték alkalmazásával. Célom továbbá, hogy a nagyszámú adatbázis mintát felhasználva új magyarországi allélfrekvencia adatokat írjak le, melyek alapját adhatják majd az eredmények statisztikai interpretálásának.

A DNS-profilok meghatározását a laboratóriumban validált eljárással PowerPlex ESI16 kittel (Promega) és ABI 3500 és ABI 3130 kapilláris-gélelektroforézis készülékeken (Life Technologies) végzik. 0,9ng és 0,3ng PCR input DNS mennyiségek kimérésével olyan DNS-profilokat hoztam létre, amelyek a vizsgálati eljárásban rögzítettek szerint kiértékelve allél kiesést produkáltak egy vagy több lokuszon. A DNS-profilok és az RFU értékek elemzésével megállapítottam, hogy a laboratórium által kiadott eredmények minden esetben helyesek, allél kiesés/beesés nincs.

A vizsgált egy évet felölelő időszakban a 21473 DNS-profilt tartalmazó adatbázis adatait értékelve a gyári alléllétrában nem szereplő allélokat, valamint trialléliákat írtam le, új allélfrekvencia értékeket határoztam meg. A DNS-adatbázis genetikai struktúrájának a megismeréséhez populációgenetikai vizsgálatokat végeztem. A kapott genotípus gyakorisági értékeket AMOVA analízissel összevetve a már publikált 508-4213 profilon alapuló adatokkal jelentős különbségeket kaptam, aminek fontosságát egy fiktív esettanulmányban mutatom be.

HUMGEN-4

BORBÉLY ANDREA
Biológus
MSc, 3. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
Dr. Pamzsav Horolma
igazságügyi genetikus, ISZKI BOI
Dr. Völgyi Antónia
igazságügyi genetikus, ISZKI BOI

Hajszín meghatározása SNP markerek alapján

Az igazságügyi genetikai kutatások frontvonalát jelentik a genetikai markerek alapján történő humán pigmentáltság meghatározások és azok igazságügyi genetikai gyakorlatban való alkalmazása. Kutatómunkám célja volt, hogy irodalmi adatok alapján kiválasztott húsz autoszómális SNP (Single Nucleotide Polymorphism) marker felhasználásával olyan predikciós modellt építsek, mely lehetővé teszi a hajszín becslését a magyar populációs minták alapján.

Munkám során 371 személyi minta genotípusát határoztuk meg szájnyálkahártya-törletből izolált DNS mintából, Real-Time PCR készüléken végzett TaqMan próbával. A hajszín meghatározásához öt különböző módszert használtam. Ezek felhasználásával és a Fischer-Saller hajszínskála alapján 6 fenotípus kategóriába soroltam a mintaadó személyek hajszínét.

A statisztikai értékeléshez SPSS és R statisztikai programokat használtam. G teszttel kiválasztottam azokat az SNP lokuszokat, melyek asszociáltak a fenotípussal, majd a genotípusból való fenotípus predikcióhoz multinomiális logisztikus regressziót alkalmaztam, a paraméterek meghatározása után a modellek verifikálását ROC (Receiver Operating Characteristic) analízissel végeztem el. A G-teszt eredményei alapján több SNP-szettel készítettem predikciós modellt, majd kiválasztottam azt a modellt, mely 4 SNP felhasználásával a lehető legpontosabb predikciót adja a hajszín meghatározásához. A hajszín predikció az ismeretlen tettesek könnyebb azonosítását és elfogását segítheti a jövőben.

HUMGEN-5

VÁRADI ORSOLYA ANNA
Biológus MSc
MSc, 3. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:
Dr. Bereczki Zsolt
tanársegéd, SZTE TTIK

Különleges formájú jelképes trepanációk a Kárpát-medencében

A jelképes trepanációk szokása a magyar antropológia régóta kutatott területe. Számos esettanulmány ismertetett jelképesen trepanált koponyákat, néhány összefoglaló jellegű tanulmány (Bartucz, Nemeskéri, Grynaeus, Tomka munkái) pedig a szokás feltételezett hátteréről festett változatos képet. Ezek a tanulmányok a szokás néhány alapvető jellegzetességét illetően megegyeznek: a nagy valószínűséggel rituális hátterű beavatkozások túlnyomó többsége a 9-11. századi pogány magyarokhoz köthető, a vésetek a koponya legmagasabb területén, a bregma és a vertex környékén találhatóak, elrendezésük gyakran szimmetrikus, többségük 10-20 mm átmérőjű és általában kerekded, vagy a körforma rontott, módosított változata.

Azonban a Kárpát-medence bioarcheológiai leletanyagában előforduló jelképes trepanációk egy része valamely aspektusában eltér az általános képtől. A kicsi, kerekded vésetek mellett nagyon ritkán előkerülnek nagyméretű, általában 3 cm-es átmérőnél nagyobb ovális, vagy szilvamag formájú, változatos készítéstechnikájú jelképes trepanációk is. Ezen ritka formák pedig előfordulnak nemcsak a honfoglaló magyar, hanem a késő avar leletanyagban is, ugyanúgy, ahogy ez a gyakoribb, kisméretű, kerekded véseteknél tapasztalható.

A különleges formájú jelképes trepanációk eddig nem kaptak külön figyelmet a szakirodalomban. Dolgozatomban be szeretném mutatni a Kárpát-medencében eddig feltárt eseteket, elemzem a méret, az elhelyezkedés és a nemi megoszlás jellegzetességeit. Emellett a már említett korábbi munkák és saját gyűjtésem alapján ismertetem a beavatkozás feltételezhető vallási és rituális hátterét, valamint a vésetek szimbolikájának értelmezési lehetőségeit is.

HUMGEN-6

VARGA DÁNIEL
Biológus
MSc, 1. félév
Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
Dr. Mátics Róbert
adjunktus, PTE ÁOK
Dr. Pajor László
egyetemi tanár, PTE ÁOK

Magas hiperdiploid pre-B-sejtes gyermekkori akut limfoblasztos leukémiás betegek kromoszómaszám-változásának és kromoszomális instabilitásának analízise interfázisos sejtmagokban

Az alacsony és magas hiperdiploid (HeL és HeH) pre-B gyermekkori akut limfoblasztos leukémiás (B-pALL) betegek extra kromoszómái nem-véletlenszerűen halmozódnak fel. A jelenség okai többnyire ismeretlenek, pusztán a tetraszómiás kromoszómák esetében tisztázottak. Csoportunk a kromoszómák számának változását és a kromoszómális instabilitást vizsgálta, ezenfelül a klonális heterogenitást és evolúciót 214 B-pALL kezeletlen beteg csontvelőből nyert sejtmintáin.

A leggyakrabban érintett kromoszómák (4, 6, 10, 14, 17, 18, 21, X) kópiaszámának változásait fluoreszcens in situ hibridizáció (FISH) alkalmazásával határoztuk meg. Ez a megközelítés nyolc paraméteres korrelált adatbázis létrehozását tette lehetővé.

A kromoszómaszám alapján átlagosan 6,9 és 10,2, míg egyedi konstellációval 15,3 és 26,7 szubklónt lehetett azonosítani a betegség HeL és HeH alcsoportjaiban. A klaszteranalízis kimutatta, hogy a kromoszómák kópiaszámának eltérései (CNAs) erősen konzerváltak voltak, a network-analízis szerint pedig az összes számbeli rendellenesség 80-90%-át szekvenális kromoszómaszám-változásokkal lehet magyarázni. A leukémia mindkét alcsoportjában szignifikánsan kimutatható a kromoszómális instabilitás, ezenfelül a szubklónok segítségével a betegség szomatikus evolúciójára is új predikciók állíthatók fel.

Az új megközelítéssel előállított adatok azt jelzik, hogy a kromoszómális instabilitás - mely a szubklonális landscape heterogenitását okozza -, a kromoszómaszámok szekvenciális változása, az így kialakuló maladaptív radiáció és az ezt követő (kontra)szelekció egyaránt meghatározó tényezők a hiperdiploid B-pALL patomechanizmusában. Ez az új megközelítés a betegség kezelésének új terápiás célpontjainak azonosítására ösztönözheti a leukémiás sejtek mitotikus mechanizmusának kutatóit.

HUMGEN-7

PAPP RITA
Biológus
MSc, 9. félév
Szent István Egyetem
Állatorvos-tudományi Kar

Témavezetők:
Dr. Andrikovics Hajnalka
szakorvos, OVSZ
Szabó Krisztián
biológus, SZIE ÁOTK

Membrán-transzporterek genetikai variánsainak vizsgálata vérképző szervrendszeri megbetegedésekben

Az ABC (ATP-binding casette) transzporterek minden fajban megtalálható, sejtek védelmében és anyagcseréjében résztvevő pumpafehérjék. A fő feladatuk szubsztrátjaik extracelluláris térbe való pumpálása ATP-függő módon. A hematopoietikus őssejteken is kifejeződő ABCB1 és ABCG2 feltételezhető biológiai szerepe az őssejtek védelme különböző toxikus anyagokkal szemben. Fiziológiás szubsztrátjaik (pl. szteroidok) transzportjával szerepet játszhatnak az őssejtek sejtciklusának szabályozásában. Mindemellett részt vesznek különböző gyógyszerek felszívódásában, szervezetben történő eloszlásában, metabolizmusában, kiválasztásában, valamint a daganatos betegségek kezelése során fellépő multidrog rezisztencia kialakításában.

Fő kérdésünk az volt, hogy a multidrog rezisztencia kialakulásért leginkább felelős ABCB1 és az ABCG2 transzporterek gyakori, funkcionális polimorfizmusai hajlamosítanak-e humán akut myeloid leukémia (AML) kialakulására, valamint befolyásolják-e a betegség klinikai megjelenését és a kezelés kimenetelét.

Vizsgálatunkba 389 AML-beteget és 202 egészséges kontrollt vontunk be. A terápia kimenetelét 307, 60 évesnél fiatalabb, kemoterápiával kezelt beteg esetében elemeztük. Az ABCB1 (c.2677G>T/A és c.3435C>T) és az ABCG2 (c.34G>A és c.421C>A) polimorfizmusait Light Cycler készüléken végzett olvadási görbe analízissel vizsgáltuk.

A különböző allélfrekvenciák nem mutattak szignifikáns eltérést a teljes AML-csoport és az egészséges kontrollok között, de érdemes megemlíteni, hogy egy ritka ABCB1 haplotípus (2677G/3435T) gyakoribb volt a beteg csoport esetében (9,9 vs. 6,1%; p=0,017). Az ABCG2 c.34G>A variánsa egy ritka kromoszóma transzlokációt [t(8;21)(q22;q22)] hordozó AML kialakulására hajlamosított (18,4% vs. 4,0%; p=0,002). Az ABCB1 transzporter génjének polimorfizmusai nem befolyásolták a kezelés kimenetelét. Az ABCG2 421A-t hordozó, daunorubicint és cytarabint kapó betegek hosszabb túlélést mutattak, mint a nem hordozók (összesített túlélés 48 hónapnál: 47±9% vs. 27±3%; p=0,027).

Összefoglalva, tehát az ABCB1 transzporter ritka 2677G/3435T haplotípusa hajlamosíthat az akut myeloid leukémia kialakulására, míg az ABCG2 c.421C>A polimorfizmusa befolyásolhatja a kezelés kimenetelét a kemoterápia függvényében.

HUMGEN-8

MOLNÁR ANNA
Biológia
MSc, 7. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Sebestyén Anna
tudományos főmunkatárs, SE ÁOK

MikroRNS expresszió-változások vizsgálata humán vastagbéltumorokban, tumorsejtekben és a tumorstromában

A mikroRNS-ek (miR-ek) szabályozási zavarokkal kapcsolatos tumorbiológiai szerepe egyre nagyobb figyelmet kap. MiR vizsgálatokban ritkán veszik figyelembe a tumormassza heterogenitását, illetve a mikrokörnyezeti elemekből eredő változásokat. Munkánkban humán vastagbéldaganatos mintákban a miR expresszióváltozások forrását és a daganat fejlődése szempontjából kitüntetett mTOR-jelátvitelhez kapcsolódó miR-ek expresszióját vizsgáljuk.

9 paraffinos minta metszeteiből lézermikrodisszekció után külön-külön tumorsejtekből és a tumor körüli stromából, illetve normál hámsejtekből és stromájából, valamint párhuzamosan teljes metszetekből miR-t izoláltunk. 13 miR expresszióját vizsgáltuk preamplifikációval vagy anélkül Real-Time PCR alapú technikával.

A onkomiR miR-21 és miR-155 emelkedett expresszióját figyeltük meg vastagbéldaganatos teljes biopsziás mintákban, és igazoltuk bizonyos, az mTOR-jelátviteli útvonalat szabályozó miRNS-ek expressziójának változásait is. A mikrodisszekált mintákban bizonyos onkomiR-ek expressziójában jelentős eltéréseket mutattunk ki a tumorsejtekben és a stromában (miR-21 és -155), ez indokolja ennek további vizsgálatát.

Eredményeink alapján a belső standardek és a megfelelő normál kontroll minta kiválasztása rendkívül fontos, és érdemes meghatározni, hogy a teljes szöveti miR expresszióváltozások a tumorsejtek vagy a tumoros környezet megváltozott génexpressziójának következményei-e.

Támogatás: OTKA K84262 és K81624

HUMGEN-9

GANCZER ALMA
Biológia
MSc, 3. félév
Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Melegh Béla
egyetemi tanár, PTE ÁOK

Taxán metabolizmust befolyásoló citokróm P450 gének polimorfizmusai roma és magyar populációban

Régóta ismert jelenség az orvostudományban, hogy egyes betegek különböző, olykor szokatlan módon reagálnak gyógyszeres kezelésekre. Ma már tudjuk, hogy környezeti tényezők mellett az egyéni különbségek oka főként a genomban keresendő.

Kísérletünkben két, farmakogenetikai szempontból releváns gén - CYP1B1 és CYP2C8 – funkcionális polimorfizmusait vizsgáltuk. Mindkét gén a citokróm P450 enzimrendszer tagja, és jelentős szerepük van különböző xenobiotikumok, mint például az ún. taxán vegyületek (Paclitaxel, Docetaxel) metabolizmusában, melyek rákos megbetegedések kezelésére alkalmazott gyógyszerek hatóanyagai. Korábbi kutatások bizonyították, hogy mind a CYP1B1 és CYP2C8 génekben előfordulnak olyan polimorfizmusok, amelyek megváltozott enzimaktivitást eredményeznek, és ezáltal hatással lehetnek az alkalmazott gyógyszer metabolizmusára, így a kezelés hatékonyságára is.

Ismert továbbá az a tény is, hogy bizonyos allélok eltérő gyakorisággal jelentkezhetnek az egyes populációkban, így például az egy országban élő különböző nemzetiségek csoportjaiban is. Magyarországon a roma népcsoport képviselteti magát a legnagyobb számban a magyar lakosság mellett.

Kísérletünk célja az volt, hogy megállapítsuk, az említett két csoportban eltérő frekvenciával jelentkeznek-e a vizsgált allélok (CYP1B1*3 és CYP2C8*4), továbbá hogy összevessük adatainkat más kutatók kaukázusi és indiai populációban kapott allélfrekvencia értékeivel. Összesen 397 roma, és 412 magyar mintát vizsgáltunk (a besorolás a véradók egyéni nyilatkozata alapján történt). Az egyes genotípusok elkülönítésére PCR-RFLP módszert alkalmaztunk. Eredményeinket az SPSS statisztikai programmal értékeltük $\chi 2$ teszt alkalmazásával ($p \leq 0.05$).

A következő szignifikáns különbségeket találtuk: a CYP1B1 *3/*3 homozigóták (csökkent túlélési ráta) aránya magasabb a roma populációban, míg a CYP2C8 *4/*4 homozigóták (csökkent metabolizmus) a magyaroknál nagyobb számban képviseltetik magukat. A CYP2C8 *4 allél esetén az allélfrekvencia is szignifikánsan különbözik a két csoport között.

Mind a magyar, mind pedig a roma népesség eltérő eredettel rendelkezik az európai népek többségétől, így elképzelhető, hogy egyes farmakogenetikailag fontos alléleket egymástól, vagy más csoportoktól eltérő gyakorisággal hordozzunk. A hatékony terápia kialakításához fontos, hogy tisztában legyünk az egyes gyógyszerek felé tanúsított fogékonysággal, munkánkkal ehhez kívántunk hozzájárulni.

HUMGEN-10

PÖSTYÉNI ETELKA
Biológia
MSc, 3. félév
Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
Dr. Melegh Béla
egyetemi tanár, PTE ÁOK
Dr. Komlósi Katalin
adjunktus, PTE ÁOK

Teljes exomszekvenálás alkalmazása mitokondriális betegségekben: kongenitális laktátacidózis egy esete

Az elmúlt évek publikációiból ismert, hogy a teljes exomszekvenálás (WES) módszere a nem ismert hátterű, mendeli öröklésű kórképek vizsgálata esetében a családok hozzávetőlegesen 60%-ban ad eredményt: 30%-ban már ismert gén kerül azonosításra új fenotípusos megjelenéssel, 30%-ban azonban új gén szintű eltérés azonosítható. Munkám során a mitokondriális betegségeket választottuk modellként, hogy az új generációs módszerek segítségével kíséreljünk meg azonosítani új mutációkat.

Intézetünkben egy családot vizsgáltunk, melyben két fiúgyermeknél születés után jelentkező tejsav-acidózis, szívizom megnagyobbodás és izomrenyheség alapján mitokondriális energiazavar merült fel. Az első fiúgyermek a súlyos anyagcserezavar következtében 6 hónaposan elhunyt, a második fiúgyermek tejsav-acidózisa viszont ketogén diétával uralható volt. A családban egy egészséges leánygyermek van, a szülők tünetmentesek.

A súlyos tejsav-acidózis piruvátdehidrogenáz hiány lehetőségét vetette fel, azonban az érintett betegeknél elvégzett enzimaktivitás-mérés nem tudott csökkenést igazolni. Mivel a tünetek hátterében számos egyéb enzimdefektus merült fel, a sorozatos enzimaktivitás-mérések és célzott géndiagnosztika rendkívül hosszadalmas volta miatt esetünkben a teljes exomszekvenálás vált kézenfekvővé. A betegség hátterében autoszómális recesszív öröklésmenetet feltételezve, az érintett fiúgyermek és szülei mintájából a teljes exomszekvenálás során azon variánsok kerültek kiszűrésre, melyek az érintett betegben homozigóta vagy összetett heterozigóta, a szülőkben egyidejűleg heterozigóta formában voltak jelen. A nemzetközi együttműködésben elvégzett WES elemzése során 96 variánsból 20 gén mutatott összefüggést autoszómális recesszív vagy X-hez kötött humán betegséggel. A 20 variáns közül 3 gén ismerten közrejátszik a mitokondriális anyagcsereutakban, azonban ezek közül csak a TMEM70 gén c.317-2A>G splice mutációja társul funkcióvesztéssel, amely a mitokondriális ATP szintáz működészavarához vezet. Sanger szekvenálással a fenti eltérés a fiúgyermekekben homozigóta formában, a szülőkben és a leánytestvérben heterozigóta formában volt kimutatható. A mutáció a tünetek oki magyarázatát jelenti.

Bár a szülők között vérrokonság nem ismert, a homozigóta eltérés jelenléte azzal is magyarázható, hogy a fenti mutációra nézve magasabb hordozás ismert a roma populációban. Esetünk modellként szolgálhat a WES, mint új generációs stratégia alkalmazására az eddig azonosítatlan mitokondriális betegségekben.

IMMUN-1

TÖRÖK ANNAMÁRIA
Biomérnöki Bsc
BSc, 9. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

SIPOS ORSOLYA
Biológia MSc
MSc, 8. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:
Dr. Duda Ernő
egyetemi tanár, SZTE ÁOK
Dr. Filkor Kata
biológus, SZTE ÁOK

A certolizumab pegol által indukált reverz jelátvitel vizsgálata professzionális immunsejteken

A tumor nekrózis faktor (TNF) a gyulladásos folyamatok egyik központi molekulája. Mennyiségének szigorú szabályozása azonban elengedhetetlen; túltermelődése súlyos, akár az életet is veszélyeztető állapotok, pl.: krónikus gyulladásos folyamatok, autoimmun kórképek kialakulásához vezet.

A TNF kutatás elmúlt évtizedének egyik legjelentősebb felfedezése a reverz jelátvitel felismerése volt. Jól ismert, hogy a receptor és a ligand közötti kölcsönhatás változást indukál a receptort kifejező sejteken (forward jelátvitel), azonban a TNF családtagok esetében megfigyelhető volt a ligandot expresszáló sejteken is bekövetkező változás (reverz jelátvitel). Korábbi kísérletekben kimutatták, hogy a reverz jelátvitel nem csak receptorral, hanem olyan, a ligand ellen termeltetett monoklonális ellenanyagokkal is kiváltható, amelyet a gyógyászatban széles körben alkalmaznak autoimmun folyamatok gyógykezelésére.

Kísérleteink során azt vizsgáltuk, hogy milyen módon hat a reverz jelfolyamat a bakteriális lipololiszacchariddal (LPS) stimulált, monocitákra, makrofágokra és T limfocitákra. Az LPS kezeléssel gyulladást indukáltunk, amely így már önmagában is fokozta a citokinek és kemokinek termelését. Az LPS-t követően reverz jelátviteli folyamatot indukáltunk certolizumab pegol (CZP) segítségével. A CZP egy széles körben alkalmazott anti-TNF monoklonális ellenanyag, melyet polietilén-glikollal (PEG) fúzionáltattak. A kezelést követő 4, 8 illetve 24 órában össz RNS-t tisztítottunk majd kvantitatív real-time PCR-rel (QRT-PCR) megállapítottuk különböző, a gyulladásos folyamatokban szerepet játszó gének kifejeződését. A CZP kezelést követő 4 órában már a legtöbb vizsgált sejtvonal esetén szignifikáns gén expressziós csökkenést tapasztaltunk LPS kezeléshez képest a gyulladásban részt vevő citokinek és kemokinek esetén. A kezelést követően 8 és 24 órával a génexpresszió csökkenés egyes sejtek esetén még kifejezettebb volt a 4 órás mintákhoz képest, azaz a reverz jelátvitel génexpressziót moduláló hatása időbeli függést mutat.

Bár az anti-TNF terápiás szereket napjainkban széles körben alkalmazzák a klinikai gyakorlatban számos autoimmun betegségben a hatásmechanizmusukról keveset tudunk. Eredményeinkből arra következtethetünk, hogy a reverz jelfolyamat döntő szerepet játszik a gyulladásos folyamatokban szabályozásában, valamint a TNF ellen termeltetett, a gyógyászatban általánosan használt monoklonális ellenanyagok hatásában a reverz jelfolyamat is kulcs szerepet játszik.

IMMUN-2

LUKÁCSI SZILVIA ZSÓFIA
Biológus
MSc, 3. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
Dr. Bajtay Zsuzsa
docens, ELTE TTK
Dr. Sándor Noémi
tudományos munkatárs, ELTE TTK

A CR3 és CR4 komplementreceptorok szerepe humán monociták és makrofágok adherenciájában

A veleszületett immunrendszer sejtes elemeinek vándorlása a fertőzés vagy szöveti károsodás következtében kialakuló gyulladás helyszínére nélkülözhetetlen a patogének legyőzéséhez és a szöveti regenerációhoz. Az érpályában keringő monociták a gyulladás helyén az érfalra lerakódott fibrinogénhez kitapadnak és kilépnek a szövetekbe. A fibrinogén felismerését és megkötését a β2-integrinek végzik. Csak a felszínhez kötött fibrinogénen érhetők el azok a molekulaszakaszok, melyekhez ezek a receptorok kapcsolódni tudnak, így a szolubilis forma nem aktiválja a leukocitákat.

A β2-integrinek közül a monociták, makrofágok és dendritikus sejtek felszínén megtalálható CD11b/CD18 (CR3) és CD11c/CD18 (CR4) láncokból álló receptorok szerepét vizsgáltuk fibrinogénnel fedett felszínhez való adherenciában. A receptorok szerepét RNS csendesített sejtek használatával és a receptorok α láncára (CD11b és CD11c) specifikus ellenanyagokkal vizsgáltuk. Az RNS csendesített sejtekkel végzett kísérletek alapján a CR3 adódott dominánsnak a sejtek kitapadásában. Kísérleteinkben, melyekben a sejteket a specifikus ellenanyagokkal kezeltük, érdekes jelenségeket tapasztaltunk. A kitapadt sejtek számában csak a két receptor együttes gátlása okozott enyhe csökkenést, az ellenanyagokat külön-külön adva fokozódott a sejtek kitapadása.

A kitapadás mértékét, az álláb képződést és a receptorok sejtmembránban való eloszlását konfokális lézerpásztázó mikroszkópiával (CLSM) tanulmányoztuk. A kitapadás során a CD11b és CD11c a kontakt felszínhez közvetlenül kapcsolódva, podoszóma-öv mintázatban helyezkednek el. A sejtek membránjában a két receptor kolokalizáltan fordul elő, viszont a CD11c emellett diffúz eloszlást is mutat a sejtmembránban.

IMMUN-3

ZÖLDI MIKLÓS
Biológus
MSc, 1. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Józsi Mihály Krisztián
tudományos főmunkatárs, ELTE TTK

A H-faktorral rokon humán CFHR5 fehérje szerepe: komplementgátlás helyett komplementaktiválás

A veleszületett immunrendszer részeként a komplementrendszernek fontos szerepe van a fertőzések elleni védekezésben. Túlzott mértékű aktivációját és a saját szövetek károsítását szervezetünk komplementszabályozó fehérjéi akadályozzák meg.

A komplementaktiváció egyik legfőbb gátló fehérjéje a H-faktor. A vele szerkezetileg rokon CFHR fehérjék szerepe azonban még jórészt tisztázatlan. Mivel a CFHR5 génváltozatai vesebetegségekkel (pl. CFHR5 nefropátia, atípusos hemolitikus urémiás szindróma) asszociáltak, illetve a fehérje a betegek veseglomerulusaiban felhalmozódik, célunk a fehérje funkciójának megértése volt. Kimutattuk, hogy a CFHR5 liganduma a gyulladás során fokozottan termelődő pentraxin 3 (PTX3). A ligandum kötéséért a H-faktorral kompetál, annak reguláló hatását csökkenti mind pentraxinhoz, mind az extracelluláris mátrixhoz kötődve. A CFHR5 nefropátiával asszociált mutáns CFHR5 viszont gyengébben kötődik a PTX3-hoz. A CFHR5-höz kötődik a komplementrendszer klasszikus útvonalát aktiváló C1q, a kötődés mértéke a PTX3 CFHR5-höz való kötődésével pedig még nagyobb. A CFHR5 fehérjén felépülhet az ún. alternatív komplement út C3-konvertáz enzime, melynek kialakulását eredményeink szerint egyes bakteriális eredetű komplement inhibitorok befolyásolják.

A CFHR5 szerepe tehát - szemben a H-faktorral - a komplementaktiváció fokozása: a H-faktorral való kompetíciója révén a komplementgátlás mértékét csökkenti, a C1q fokozott kötődését biztosítja és a C3-konvertáz felépülésének elősegítésével az alternatív útvonalat aktiválja.

IMMUN-4

SZIKORA BENCE
Biológia
MSc, 3. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
Dr. Iliás Attila
tudományos főmunkatárs, ELTE TTK
Dr. Kacskovics Imre
docens, ELTE TTK

A neonatális Fc receptor (FcRn) IgG kötésének, és a humorális immunválasz diverzitásának vizsgálata bFcRn transzgenikus egerekben

A heterodimer neonatális Fc receptor (FcRn) szerkezetileg az MHC-I-szerű molekulák családjába tartozik, amely az FcRn α láncból és egy β2-mikroglobulin fehérjéből épül fel. Központi szerepet tölt be a maternális immuntranszportban, megakadályozza az IgG és az albumin lebomlását, és ez által szabályozza e két kulcsfontosságú molekula homeosztázisát, valamint részt vesz az antigén-IgG immunkomplex antigén-prezentációjában. Az ELTE Immunológiai Tanszék FcRn munkacsoportja olyan transzgenikus (Tg) egerek immunválaszát kutatja, amelyek az endogén egér FcRn mellett, további 5 kópia szarvasmarha FcRn (bFcRn) α láncot fejeznek ki. A bFcRn α lánc képes funkcionálisan működő molekulát kialakítani az egér β2-mikroglobulinnal, így ezekben az állatokban az ún. „hibrid" FcRn is kifejeződik. Ezen egereknek számos előnyös tulajdonságát írták már le, így megnőtt bennük az IgG fél-élet ideje, gyengén immunogén antigénekkel szemben is sikerült ellenanyagot termelniük, több antigén-specifikus IgG-t termelnek, valamint lépük és nyirokcsomóik lényegesen több antigén specifikus B- és T helper-sejtet tartalmaznak.

Munkám során egyfelől a transzgenikus egerekben kifejeződő egér, illetve az ún. „hibrid" FcRn és a különböző egér IgG izotípusok kölcsönhatásának in vitro vizsgálatát végeztem el felületi plazmon rezonancia (SPR) módszerrel. Ennek során meghatároztam a pH függő IgG kötés kinetikai paramétereit. Kimutattam, hogy az egér és a hibrid FcRn nagyon hasonló kinetikai paraméterek mellett köti az egér IgG izotípusait.

Mivel a bFcRn transzgenikus egerekben fokozott immunválasz figyelhető meg, kíváncsiak voltunk arra, hogyan befolyásolja ez a humorális immundiverzitást. Vizsgálataim másik részében ezt a kérdést Western blot technikával elemezve kimutattam, hogy a transzgenikus egerekben egy nagyméretű antigén (KLH) ellen termelődött IgG típusú ellenanyagok a KLH fehérjében több epitópot ismernek fel, mint a vad típusú egerekből származó antitestek. Ezáltal sikerült alátámasztanunk azt a feltételezést, hogy a bFcRn transzgenikus egerekben termelődött antitesteknek nagyobb a diverzitása, amelynek következménye, hogy ezek az állatok egy kevésbé immunogén epitóp ellen is hatékonyabban termelnek ellenanyagot, mint vad típusú társaik.

IMMUN-5

SIPOS ORSOLYA
Biomérnök Bsc
BSc, 7. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

TÖRÖK ANNAMÁRIA,
Biomérnök
BSc, 8. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:
Dr. Duda Ernő
egyetemi tanár, SZTE ÁOK
Dr. Filkor Kata
biológus, SZTE ÁOK

A Tumor Nekrózis Faktor kétirányú jelfolyamata

Munkánk során a Tumor Nekrózis Faktor (TNF) reverz szignál folyamatának immunmoduláló hatását vizsgáltuk humán, illetve egér professzionális immunsejteken. Az transzmembrán TNF-t (tmTNF) főként immunsejtek, de más sejttípusok is expresszálhatják. A prekurzor tmTNF-ről a TNFα-átalakító enzim (TNF-alpha-converting enzyme, TACE) hasítja le a szolubilis TNF-t (sTNF), mely így távoli szövetek I. és II. típusú TNF receptoraihoz (TNF-RI és -RII) kapcsolódva fejti ki hatását. Az sTNF mellett a tmTNF is részt vesz a gyulladásos immunválasz kialakításában. A tmTNF kettős funkcióval jellemezhető: egyrészt TNF-RI-hez és TNF-RII-höz kapcsolódva ligandként olyan jelfolyamatot közvetít a célsejt felé, mely többek között a receptort kifejező sejt halálához, vagy túléléséhez és differenciációjához vezethet. Másrészt, receptorként reverz jelátviteli (reverz szignál) folyamatokat indít el a ligand expresszáló sejtben, amely a veleszületett és az adaptív immunválasz szabályozását teszi lehetővé. A reverz jelátviteli folyamatok módosítása lehetővé teszi az anti-TNF terápiák sikeres alkalmazását tumoros folyamatok, autoimmun betegségek kezelésére. A TNF ellen termeltetett monoklonális ellenanyagok, semlegesítve a TNF molekulát, megakadályozzák, hogy a TNF saját receptorához kapcsolódjon. Kísérleteink során azt vizsgáltuk, hogy a tmTNF-t expresszáló sejteken a gyógyászatban is széles körben alkalmazott anti-TNF ellenanyaggal (infliximab, Ifx) kiváltható-e a reverz szignál, és ha igen, milyen hatással van bakteriális lipopoliszaccharid (LPS) által indukált gyulladásos folyamatokra leukémiás eredetű humán monocita, illetve egészséges egér makrofág sejtvonalakon. Az ellenanyag kezelés a receptor-ligand kölcsönhatás blokkolása mellett, képes reverz szignál indukciójára is a ligand termelő sejteken. Az Ifx egy kiméra ellenanyag, amely egyrészt tartalmazza a humán immunglobulin G (IgG) konstans régióját, másrészt az egér TNF monoklonális ellenanyag variábilis régióját. Eredményeink azt mutatják, hogy a reverz szignál szerepe esszenciális a génexpresszió szabályozásában, mivel azokban a sejtekben, ahol a reverz szignált indukáltuk, szignifikáns relatív génexpresszió csökkenést tapasztaltunk a gyulladásos folyamatokban szerepet játszó effektor molekulák esetén. Továbbá igazoltuk, hogy a megfigyelés hátterében egyértelműen a reverz szignál áll, ugyanis az IgG jelenléte önmagában nem volt elegendő a gyulladáskeltő citokinek relatív génexpressziójának csökkentéséhez.

IMMUN-6

SZENES ÉVA
Biológia
MSc, 3. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Papp-Balogh Andrea
tudományos munkatárs, ELTE TTK

AZ ANTI-KOLESZTERIN ELLENANYAGOK (PATO)FIZIOLÓGIÁS SZEREPÉNEK NYOMÁBAN

A koleszterin fiziológiás, valamint egyes kóros folyamatokban is fontos szerepet tölt be a szervezetben. Univerzális membránalkotó szerepe és kis mérete ellenére azonban egészséges egyénekben is kimutathatóak koleszterin-ellenes ellenanyagok (ACHA). Ezek funkciójáról még keveset tudunk. Munkacsoportunk korábban kimutatta, hogy a monoklonális koleszterin-specifikus IgG3 izotípusú egér ellenanyagok képesek humán és egér eredetű intakt sejtek membránjához és lipoproteinekhez kötődni. Fontos kérdés, hogy a kötődést követően mi történik az ellenanyaggal, hiszen ez meghatározó lehet esetleges sejtműködést szabályozó funkciója szempontjából. Ezért először egér immunsejteken vizsgáltuk az ACHA internalizációs kinetikáját, valamint sejten belüli útvonalát áramlási citometria és konfokális mikroszkópia segítségével. Eredményeink szerint a sejtek (főként a makrofágok) felveszik az ellenanyagot, amely ezután a korai-, majd a késői endoszómákba kerül. Az ACHA lizoszómális lokalizációját eddig nem sikerült detektálnunk, mely arra utalhat, hogy proteaszóman keresztül kerül lebontásra. Kíváncsiak voltunk arra is, hogy az ACHA klónjaink milyen (kereszt)reaktivitással bírnak különböző lipid természetű antigénekkel szemben. Ezt a kérdést antigén microarray segítségével vizsgáltuk. Új antigének bevonása mellett megerősítést nyertek korábbi ELISA módszerrel kapott eredményeink, miszerint ellenanyagaink eltérő affinitással kötődnek különböző 3β-hidroxil szteroidokhoz, míg más vizsgált lipidekhez nem kötődnek. Vizsgáltuk továbbá az ACHA szérum koleszterin-szintre gyakorolt hatását is, in vivo egérmodellben. Kezdeti eredményeink szerint az ACHA képes csökkenteni az LDL/VLDL-, és kis mértékben az HDL-koleszterin szintet. Az ellenanyag pontos in vivo szerepének feltárására további állatmodell kísérleteket tervezünk elvégezni a közeljövőben.

IMMUN-7

OROSZ ANITA
Biológia
MSc, 3. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
Dr. Sasai Miwa
Adjunktus, Osakai Egyetem
Dr. Yamamoto Masahiro
egyetemi tanár, Osakai Egyetem

Az Irgm3 GTPáz vizsgálata a kölcsönható molekulákon keresztül- egy új lehetséges út a Toxoplasma gondii fertőzés elkerülésére

Az Apicomplexa törzsbe tartozó Toxoplasma gondii egy olyan intracellulárisan élősködő obligát parazita, amely képes bármely melegvérű élőlény megfertőzésére. Ez alól nem kivétel az ember sem: kiváltképp érintettek a terhes nők illetve az immunhiányos egyének. A parazita legvirulensebb válfajai képesek saját speciális protein kinázaiknak köszönhetően kitérni a gazdaszervezet immunválasza alól megnehezítve ezáltal a védekezést velük szemben. Ugyanakkor korábbi vizsgálatok kimutatták, hogy a gazdaszervezetek- különösen az egér, rendelkeznek a veleszületett immunrendszer egy olyan kiemelten fontos elemével, mint az ún. IRG géncsalád, amely képes az intracelluláris kórokozókkal szemben hatékony válaszreakció kialakítására. A gének által kódolt fehérjék a parazitát védő vakuólum membránjának szétesését okozva eliminálják azt a szervezetből. Jelen vizsgálatom célja az ebben a folyamatban résztvevő Irgm3 fehérje anti-parazita hatásának vizsgálata a fehérjével kölcsönhatásban működő egyéb proteinek azonosításán keresztül. Ennek érdekében különböző flag-taggel ellátott Irgm3-at expresszáló retrovírus vektorokat készítettem és vizsgáltam, hogy a jelölt fehérjék kompenzálják-e az Irgm3-KO sejtek fenotípusát. A vizsgálataim igazolták, hogy a tag-gel ellátott Irgm3 alkalmazható a fehérjével interakcióban lévő proteinek kimutatására, amelyek minden bizonnyal szükségesek a parazitával szembeni immunreakció kialakulásához, ugyanis a flag-Irgm3 expresszió a az Irgm3-KO sejtekben képes a fehérje eredeti anti-parazita hatásának visszaállítására.

IMMUN-8

NAGY ANTAL BALÁZS
Molekuláris-, Immun- és Mikrobiológia
MSc, 3. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
dr. Cervenak Judit
tudományos főmunkatárs, ImmunoGenes Kft.
Dr. Iliás Attila
tudományos főmunkatárs, ELTE TTK

Ellenanyagok affinitásérésének nyomon követése felületi plazmon rezonancia módszerrel

A monoklonális ellenanyagok használata napjainkban már elterjedt a gyógyászatban. Hagyományosan egerek immunizálása után, az úgynevezett hibridóma technológia segítségével juthatunk monoklonális ellenanyagokhoz. Előállításuk hosszú és összetett folyamat, melynek során az egyes lépések optimalizálása elengedhetetlen. Az oltott állatok immunválasza eltérő, ezért a szérumukban megjelenő ellenanyagok minőségi elemzése fontos kiindulópont a célnak legmegfelelőbb állat kiválasztásában, amelynek lépsejtjeit a hibridómák előállításához felhasználjuk. Nagy affinitású monoklonális ellenanyag előállításához az antigén-specifikus szérum ellenanyagok ezen paraméterét vagy ennek változását szükséges detektálnunk.

Munkám során a hagyományosan alkalmazott enzim-kötött immunszorbens vizsgálat (enzyme-linked immunosorbent assay/ELISA) mellett a felületi plazmon rezonancia (Surface Plazmon Resonance/SPR) segítségével is nyomon követtem a szérumban található ellenanyagok affinitásérését. Több különböző antigénnel kéthetente oltottunk egereket és hetente nyertünk belőlük szérum mintát. ELISA módszerrel az állatok szérumainak antigén-specifikus ellenanyag tartalmát, titerét, míg SPR módszerrel közvetlenül az antigén-ellenanyag komplexek disszociációs rátáit (koff) határoztuk meg, mely utóbbiból következtettünk az ellenanyagok affinitásának változására. Eredményeink alapján már az immunizálás alatt sikerült monitoroznunk az állatok immunválaszát és az affinitásérés előrehaladását.

Az SPR ilyen célú felhasználásával pontosabb immunizálási protokollokat tervezhetünk, időt és anyagot takaríthatunk meg, illetve nagyobb valószínűséggel választhatjuk ki azt az állatot, amelyikből később nagyobb affinitású ellenanyagot termelő hibridómát fejleszthetünk.

IMMUN-9

KOVÁCS ANTONIETTA
biológia
BSc, 6. félév
Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Simon Diána
adjunktus, PTE ÁOK

Follikuláris helper T-sejtek vizsgálata szisztémás autoimmun kórképekben

Bevezetés: A szervezet immuntoleranciájának megszűnése autoimmun betegségek kialakulásához vezet, például Sjögren-szindróma (SS), Szisztémás lupus erythematosus (SLE), Rheumatoid arthritis (RA). A SS elsősorban a külső elválasztású mirigyek károsodásával járó autoimmun betegség, melyhez extraglanduláris érintettség is társulhat, jellemző az anti-Ss-A és anti-Ss-B autoantitestek jelenléte. Korábbi tanulmányoknál leírták, hogy a follikuláris helper T-sejtek (Tfh) száma megemelkedett az SS-es perifériás vérben, ami hozzájárulhat az autoimmunitás kialakulásában az általuk termelt citokineknek miatt, melyek fontos szerepet játszanak a B-sejtek aktiválódásában, proliferációjában, így az autoantitest termelésben is. Célunk autoimmun betegek perifériás vérében található Tfh sejtek arányát hasonlítani egészséges mintákhoz, a SS betegek adatainak további analízise glanduláris – extraglanduláris érintettség, antitest pozitivitás alapján.

Anyag és módszer: A mintákat csoportokba soroltuk: kontroll, SS, SLE, RA, egyéb, majd a Tfhra jellemző sejtfelszíni molekulák felhasználásával, fluoreszcens festékkel megjelölt ellenanyagok (anti-CD4-PerCP, anti-CXCR5-FITC, anti-CD278-PE, anti-CD279-PE) segítségével vizsgáltuk a perifériás vérmintákban a Tfh sejtek arányát vizsgáltuk. A megjelölt mintákat áramlási citométerrel mértük le, a kapott eredményeket a CellQuest programmal analizáltuk. A továbbiakban statisztikai elemzéseket végeztünk az SPSS programmal. Normalitás vizsgálat után Kruskal-Wallis, majd Mann-Whitney tesztekkel értékeltük az adatokat, végül boxploton ábrázoluk az eredményeket.

Eredmények: A beteg mintákban a kontrollhoz képest emelkedett Tfh arány, különösen az SS-s mintákban. A SS-s adatokat további csoportokra bontva, a glanduláris és extraglanduláris mintákban a Tfh arány magasabb volt, az egészséges mintákhoz képest, különösen az extraglandulárisnál. Az anti-Ss-A vagy anti-Ss-B antitest pozitív betegeknél növekedett az Tfh arány a kontrollhoz és a negatívokhoz képest, amely csoportoknál nem tapasztaltunk változást.

Kiértékelés: Bár az eredmények nem szignifikánsak, az eltérések tendenciája alapján feltételezhető, hogy a Tfh sejtek a B-sejtek aktiválása és antitest termelésük fokozása révén fontos szerepet játszanak a szisztémás autoimmun betegségek pathomechanizmusában, SS esetén az extraglanduláris tünetek kialakulásához és az autoantitestek megjelenéséhez is hozzájárulhat.

IMMUN-10

KARDOS DOROTTYA
Biológia
BSc, 6. félév
Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Simon Diána
adjunktus, PTE ÁOK

T-, NK-, NKT-sejtek vizsgálata szisztémás sclerosisban

Bevezetés: A szisztémás sclerosis (SSc), egy olyan szisztémás autoimmunbetegség, mely a bőr és bizonyos belső szervek fibrózisával, késői atrófiával, valamint vaszkuláris károsodással jár. Két formája a diffúz (dc) és limitált (lc) SSc, mely a klinikai tünetekben és a prognózisban is eltér egymástól. A betegség súlyosságát jelzi a dc forma, az anti-Scl-70 antitestre való pozitivitás, ACA negativitás, valamint tüdőfibrózis tüneteinek fennállása. Korábbi tanulmányok alapján feltételezhető a NK-; NKT-; és T-sejt csoportok –citotoxikus (Tc) és helper T-sejtek (Th)- mennyiségének és arányának eltérése az SSc betegekben.

Célkitűzés: Célunk az SSc betegek és egészséges egyének (kontroll) perifériás vérében jelen lévő T-sejtek, ezen belül a Th- és Tc-sejtek, NK- valamint NKT-sejtek arányának vizsgálata, illetve az SSc betegek adatainak a klinikai manifesztációk alapján történő további analízise.

Anyag és módszer: SSc-s betegek és kontrollok perifériás vérét jelöltük fluoreszcens molekulával jelölt monoklonális antitestekkel: A T-sejteket anti-CD3-PE, ezen belül a Th-sejteket anti-CD4-FITC, a Tc-sejteket anti-CD8-APC, az NK-sejteket anti-CD56-PECy5, az NKT-sejteket pedig anti-CD3-PE és anti-CD56-PECy5 antitestekkel különítettük el. A sejteket áramlási citométerrel vizsgáltuk. Statisztikai analízist normalitás vizsgálatot követően Mann-Whitney teszttel végeztünk az SPSS program segítségével.

Eredmények: Az SSc-seknél szignifikánsan alacsonyabb volt az NKT-sejt arány, mint a kontroll csoportban. A dc-lc csoportot vizsgálva szignifikáns különbséget a nem aktív betegeknél találtunk. A nem aktív dcSSc-s betegeknél szignifikánsan alacsonyabb a Tc-sejtszám a nem aktív lcSSc-s betegekéhez képest. A betegség aktivitását vizsgálva az lcSSc-n belül találtunk különbséget. Az aktív lcSSc-s betegekben szignifikánsan magasabb Th-sejt arány, mint a nem aktív stádiumban lévőkében. Továbbá szignifikánsan alacsonyabb NK-sejt szám és arány található azoknál a betegeknél, ahol a betegség kevesebb, mint 3 éve kezdődött. Nem szignifikánst mértékben nőtt a Tc- és Th-sejtek aránya a dc forma, az anti-Scl-70 pozitív, ACA negativ, és tüdőfibrózisos SSc esetében.

Következtetés: Az SSc kialakulásában a NKT-sejt arány csökkenése, míg a betegség aktivitásában és súlyosabbá válásában a T-sejtek, elsősorban Th- és Tc-sejtek arányának változása játszhat szerepet. Az NK-sejtek a betegség időtartamával mutatnak összefüggést.

MIKRO1-1

FIKÓ DEZSŐ-RÓBERT
Fenntartható biotechnológiák
MSc, 2. félév
Sapientia Erdélyi Magyar
Tudományegyetem
Műszaki és Társadalomtudományi Kar

TANKÓ GYÖRGY
Élelmiszeripari mérnök
MSc, 2. félév
Sapientia Erdélyi Magyar
Tudományegyetem
Műszaki és Társadalomtudományi Kar

Témavezetők:
Dr. Máthé István
docens, EMTE MTK
Dr. Kovács Erika
adjunktus, EMTE MTK

A cekendi csurgalékvíz mikrobiális diverzitásának vizsgálata különleges tenyésztési technikákkal

Kutatásunk célja a cekendi hulladéktározó csurgalékvizében előforduló mikrobiális közösség biodiverzitásának, működésének a feltárása, jó biodegradációs képességgel rendelkező baktériumtörzsek izolálása. A hagyományos mikrobiális izolálási technikák mellett újszerű, in situ tenyésztési módszert is alkalmaztunk. A helyszíni vizsgálatok során elvégeztük a csurgalékvíz fiziko-kémiai vizsgálatait, mely adatok a laboratóriumi tenyésztés alapjául szolgáltak speciális agar illetve gelzán alapú táptalajok összeállításában. Az in situ tenyésztés során poliuretán kockákat itattunk át egyedi összetételű táptalajokkal, amelyeket egy hónapon keresztül acsurgalékvizes reaktor medencéjében inkubáltuk, majd ezekről izoláltunk baktériumtörzseket. A mikrobák identifikálása 16S rDNS báziselemzés alapján történt.

A fiziko-kémiai eredmények alapján elmondható, hogy a cekendi csurgalékvíz nitrogén, foszfor valamint szervesanyag tartalma magas. A csurgalékvíz tenyészthető mikrobaközössége nagy diverzitású, a 73 izolált baktériumtörzs 42 különböző fajhoz tartozik, közülük több feltehetően a tudomány számára új faj. A kimutatott baktériumok változatos anyagcserével rendelkeznek, előfordulnak közöttük jó szervesanyagbontók (szénhidrát-, zsírsav-, fehérje-bontók), denitrifikálók, nitrátredukálók.

MIKRO1-2

LIBA ZSUZSANNA
Biológia
BSc, 5. félév
Nyíregyházi Főiskola
Természettudományi és Informatikai Kar

VASKÓ HENRIETTA
Biologia
BSc, 7. félév
Nyíregyházi Főiskola
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:
Dobróné Dr. Tóth Márta
docens, NYF TTIK

ALMAFAJTÁK HATÁSA PROBIOTIKUS BAKTÉRIUM MENNYISÉGI VÁLTOZÁSÁRA

Szabolcs –Szatmár –Bereg megyében a különböző almafajták termesztése igen elterjedt. Sokszor hallottuk már, hogy az almafogyasztás nagyon egészséges. A probiotikus baktériumok fogyasztásával kapcsolatos reklámok szintén gyakoriak. Feltételeztük, hogy az almafajták beltartalmi tulajdonságai a probiotikus baktériumok szaporodására serkentő hatásúak. Vizsgálataink során arra a következtetésre jutottunk, hogy az almafajták nem egyenlő mértékben hatnak a baktériumok szaporodására.

Munkánk során szélesztéses mikrobiológiai módszert alkalmaztunk. A joghurtokból és gyógyszertári, probiotikus készítmények élő, tenyészthető baktériumainak szaporodását tanulmányoztuk almahússal dúsított tápoldatokban.

A vizsgált nyolc almafajták közül három szignifikánsan növelte a DLZS jelű baktériumtörzs szaporodását (Jonagold >Golden >Mutsu), négy almafajta pedig az SVH jelű baktériumtörzs szaporodását (Mutsu>Idared>Golden>Florina). A gyógyszertárban kapható probiotikus készítmény baktériumtörzseinek szaporodása visszaesett a kontrollhoz képest valamennyi alkalmazott almafajta esetében.

Az alma, feltételezhetően a rosttartalma és az egyéb beltartalmi értékei közül elsősorban a citromsav tartalma és az antioxidáns tartalma miatt hatással van a probiotikus baktériumok szaporodására. Az élő kultúrát tartalmazó joghurtok fogyasztásánál javasoljuk a Golden és Mutsu almafajták joghurtba történő bekeverését. A gyógyszertárban kapható probiotikus készítmény fogyasztása során nem javasoljuk az almák azonnali fogyasztását. Valószínűleg a liofilizált baktériumtörzseknek több időre van szükségük a szaporodásuk megindulásához. A jövőben szeretnénk meghatározni a vizsgálatainkban alkalmazott almafajták beltartalmi paramétereit, továbbá modellezni kívánjuk a tápcsatornában ható emésztőenzimek hatásait is.

MIKRO1-3

NAGY HAJNALKA
Biológus
MSc, 3. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
Dr. Felföldi Tamás
adjunktus, ELTE TTK
Szabó Attila
PhD. hallgató, ELTE TTK

A Szent Anna-tó üledékének baktériumközösségi profilja

A Szent Anna-tó a romániai Hargita megyében, a Keleti-Kárpátokhoz tartozó Csomád-hegységben található kráter tó. Lefolyástalan, esővíz által táplált víztest. A Nagy-Csomád a 42-10 ezer év közötti időszakban aktív vulkán volt, valószínűleg az utolsó kitörése következtében jött létre a Szent Anna-tó. A tó vize a vulkanikus eredetnek köszönhetően általában enyhén savas, Ca2+ ionokban szegény. Kutatásunk célja a Szent Anna-tó üledékében lévő baktériumközösség meghatározása volt egy új molekuláris módszer, az újgenerációs szekvenálás alkalmazásával. Ez egy nagy áteresztőképességű módszer, ami azt jelenti, hogy nagy mennyiségű DNS nukleotid sorrendjét lehet vele meghatározni egyszerre, így sokféle bakteriális taxon azonosítható egyidejűleg az adott mintában. A koruknak megfelelően zónákra osztott üledékrétegekből vett minták közül mi azt a három mintát választottuk ki, amelyeknek a kora 5194, 1757 és 1370 évre becsülhető. Az iszapmintákból DNS-t izoláltunk és megfelelő primer pár használatával, PCR segítségével felsokszoroztuk a bakteriális 16S riboszomális RNS gén egy meghatározott szakaszát. Ez a szakasz elég hosszú és változékony régiókat is tartalmaz, melyek alapján a DNS szekvenciák nemzetség szinten is azonosíthatóak. A szekvenálás során nyert adatokat bioinformatikai elemzésnek vetettük alá. A minőségi szűrést követően a három mintában összesen 16032 szekvenciát kaptunk, ezek a Bacteria doménen belül 39 különböző baktérium törzshöz (phylum) tartoztak. Mi azokat a taxonokat elemeztük részletesebben, melyeknek az aránya elérte az 1%-ot az összeshez viszonyítva. A baktérium törzsek között mind a három mintában a Chloroflexi törzshöz tartozott a legtöbb szekvencia, összesen 6638 darab. Ezt követte a Proteobacteria törzs 3659 darab szekvenciával. A baktérium nemzetségeket tekintve a legtöbb szekvenciával rendelkező nemzetségek a Chloroflexi törzs GIF9 és KD4-96 osztályának tagjai, illetve a Deltaproteobacteria altörzs Sva0485 osztályába tartozó nem tenyésztett nemzetség. A Chloroflexi törzs tagjai a komplex növényi polimereket bontják le, ezáltal fontos szerepet játszanak az ökológiai rendszerek szén-körforgalmában. Kutatásunk további célja, hogy a Szent Anna-tó üledéke többi rétegeinek baktériumközösségi összetételét is meghatározzuk.

MIKRO1-4

ZSOLNAI PÁLMA
Biológia
MSc, 3. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
Dr. Felföldi Tamás
adjunktus, ELTE TTK
Pohner Zsuzsanna
tudományos segédmunkatárs, ELTE TTK

Biofilm kolonozáció követése molekuláris mikrobiológiai módszerekkel szennyvíztisztító rendszerben

A biofilmek jelentős szerepet töltenek be a szennyvíztisztításban. A jelentőségüket az adja, hogy a felületen megtapadó baktériumok képesek számos szennyezőanyag (például szerves szén- és szervetlen nitrogénvegyületek) lebontására, átalakítására. Én az Organica Zrt. kísérleti szennyvíztisztító telepén zajló biofilm kolonizációs kísérletsorozatban vettem részt. A szennyvíztisztító nyolc, egymással sorosan kapcsolt 2 m3 térfogatú reaktort jelent, melyek közül a 2., 4., és 8. számút vizsgáltam. Ezekbe kétféle 5×30 cm-es polipropilén („A" és „B") alapú hordozót telepítettek, 1 m2-es szövött struktúrájú „A" hordozó mellé, kolonizációs vizsgálat céljából. Célom a kolonizációs folyamat nyomon követése mindhárom hordozó esetében a komplex biofilm struktúra kialakulása során, a kaszkádsoron térben és időben, 16S rDNS alapú terminális restrikciós fragmenshossz polimorfizmus (T-RFLP) technikával, valamint az eredményeim összevetése a kémiai vizsgálatok során nyert adatokkal. A T-RFLP mintázatok alapján készített főkomponens analízis (PCA) eredményeiből megállapítottam, hogy a minták a reaktorsoron elfoglalt helyük alapján csoportosulnak. Ez összhangban van a szennyvíz kémiai oxigénigényének (KOI) változásaival. Az első reaktorba beérkező szennyvízben a KOI értéke tág határok között (600-1200 O2 mg/l) mozog, míg a 8. reaktorra az értéke is és a fluktuáció mértéke is lecsökken (100-300 O2 mg/l). A szennyvíz összetételének állandósulása mentén a bakteriális közösség is egyre jobban állandósul. Mindhárom típusú hordozó esetében elmondható, hogy a 2. és a 4. reaktorban a 42. és a 62. napon stagnálás figyelhető meg a közösségszerkezet változásában, majd a kiindulási állapotba való visszatérés beindulása látszódik. Ez összefüggésbe helyezhető a biofilm tömegének változásával, amiből úgy tűnik, hogy a stagnálást követően biofilm leválás, majd később fokozatos regenerálódás történt. Mindeközben a 8. reaktor nagyméretű hordozóján fokozatos biofilm-tömegnövekedés és időben viszonylag állandó szerkezetű közösség figyelhető meg. Jól látni tehát azt a tendenciózus folyamatot, ami a közösségszerkezet fokozatos kialakulását mutatja összhangban a szennyezőanyagok eltávolításával.

MIKRO1-5

SZURÓCZKI SÁRA
Biológus
MSc, 3. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Tóth Erika
adjunktus, ELTE TTK

Egy budapesti termálfürdő baktérium közösségeinek vizsgálata tenyésztéses módszerekkel

A termálfürdők vizében a természetes és az antropogén eredetű ökológiai faktorok sokféleségei kombinálódnak, mindez tükröződik mikrobiológiai állapotukban is. Magyarországon a termálfürdőket ellátó források mikrobaközösségeinek feltárására eddig kevés, a medencék vízének teljes baktériumközösségének vizsgálatára pedig eddig nem indultak kutatások. Munkánk során a Gellért-fürdő termálforrása és medencéje vizének mikrobiológiai állapotát térképeztük fel hagyományos és speciális tenyésztéses módszerekkel. A baktériumok izolálásához 10%-os R2A valamint szerves anyagokat alacsony koncentrációban tartalmazó (minimál médium) táptalajokat (forrásvíz hozzáadásával) alkalmaztunk agar-agar és gelrite szilárdító anyagokkal. Az izolált baktériumtörzseket ARDRA csoportosítás után 16S rRNS génjük szekvenciája alapján azonosítottuk.

A baktériumok csíraszáma a medencében a „fürdőző-hatás" miatt egy nagyságrenddel nagyobb volt a forrásvízben észleltnél, és a legnagyobb csíraszám értékeket a gelrite-tal elkészített táptalajokon (10%-os R2A, minimál médium) kaptuk. A forrás és medence vizében eltérő összetételű mikrobaközösség megjelenését tapasztaltuk, bár mindegyik táptalajon és mintavételi helyen az oligotróf közegekben domináns Alphaproteobacteria képviselőit mutattuk ki nagy számban. A medence vizében a legnagyobb számban a Tistrella és a Chelatococcus nemzetségekbe tartozó baktériumok voltak jelen. A forrásvíz legjelentősebb képviselője egy olyan új taxon volt, ami a Hartmannibacter diazotrophicus-szal állt legközelebbi rokonságban (93,93%).

Sikerült a tudomány számára új taxonokat izolálni, amelyek 16S rRNS génjük alapján a Nocardioides daphniae, Mycoplana dimorpha, Hartmannibacter diazotrophicus, és Brevundimonas vesicularis fajokkal állnak legközelebbi rokonságban. Új baktérium taxonok kitenyésztésére legalkalmasabb a minimál médium táptalaj alkalmazásának kombinálása volt a speciális tenyésztési technikákkal és a megnövelt inkubációs idővel. Fontos megjegyezni, hogy egy közeg baktériumközösségének tenyésztéses feltárása során szükséges minél többféle táptalajt és tenyésztési eljárást alkalmaznunk, és a sikeres tenyésztéshez a baktériumok természetes környezeti tényezőit célszerű minél inkább megközelíteni.

MIKRO1-6

NAGY BALÁZS JÓZSEF
biológia
BSc, 9. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
Dr. Felföldi Tamás
adjunktus, ELTE TTK
Szabó Attila
PhD hallgató, ELTE TTK

Heliotermikus sós tavak planktonikus mikrobaközösségei

Egyes sós tavak speciális hőrétegződést mutatnak (heliotermia), ekkor a napenergia fűtő hatására felszín alatti hőmérséklet maximum alakul ki. 2013 júliusában három mély heliotermikus sós tavat tanulmányoztam Erdélyben, amelyek különféle antropogén behatásnak vannak kitéve. A vizsgált vízaknai Feneketlen-tó természetvédelmi terület, a szovátai Medve-tó a nyár folyamán gyógyfürdőként üzemel, a vizsgált marosújvári tó pedig erősen szennyezett (egy sóbánya egyik tárnájának beszakadása során keletkezett elnyelve egy élelmiszer áruházat árukészletével, berendezéseivel együtt). A tavakban 2-4 méteres mélységben volt mérhető a legmagasabb hőmérséklet (32,8-41,7 °C) és a legnagyobb klorofill koncentráció. A Feneketlen-tó fitoplanktonját a Dunaliella zöldalga jellemezte, míg a Medve-tóban a pikofitoplankton és zöld kénbaktériumok speciális rétegződése volt megfigyelhető. Az újgenerációs DNS szekvenálás kimutatta a Bacteriodetes, Cyanobacteria, Proteobacteria, Firmicutes (és ezen kívül a Medve-tóban még a Chlorobi, a Feneketlen-tóban a Halobacteriales) törzsek dominanciáját. A Feneketlen-tó különlegessége volt, hogy az eufotikus réteget a fény hajtotta protonpumpával (xantorodopszin) rendelkező Salinibacter nemzetség uralta. A tavak mélyebb rétegeit obligát anaerob szervezetek jellemezték (pl. a szulfát-redukáló Desulfonauticus nemzetség). Eredményeim azt mutatták, hogy a heliotermikus sós tavakban világviszonylatban is egyedi és különleges mikrobiális közösségek fordulnak elő.

MIKRO1-7

KORPONAI KRISTÓF
Biológus
MSc, 3. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
Dr. Felföldi Tamás
adjunktus, ELTE TTK
Szabó Attila
PhD hallgató, ELTE TTK

Különböző karakterű kiskunsági szikes tavak baktériumközösségeinek összehasonlítása

A szikes tavak a Kárpát-medence jellegzetes felszíni formái, különleges és értékes élőhelyei. Közülük a legjobb állapotban a kiskunsági szikes tavak maradtak fent. Különlegességük alkalikus vizükben, időnkénti kiszáradásukban, ionösszetételükben, fotikus viszonyaikban rejlik elsősorban. Dolgozatomban 2012 novemberétől kezdődően több hónapos időskálán hasonlítottam össze egy fehér (Zab-szék) és egy fekete vizű (Sós-ér) szikes tavat DNS-alapú, nagyfelbontású molekuláris módszerrel. Az újgenerációs szekvenálást segítségül hívtam a 2014 áprilisában egy harmadik víztestben megfigyelt bíborbaktérium-tömegprodukció vizsgálatához is, amelyet ezzel párhuzamosan a klasszikus mikrobiológia elsődleges módszerével, tenyésztéses technikával is vizsgáltam. A mintánként többezer 16S rDNS szekvenciát referencia-adatbázishoz rendeltem hozzá a taxonok azonosításának érdekében. Az eddigi eredmények alapján a két tó alapvetően elkülönül egymástól, valamint a bíborbaktérium tömegprodukció bakteriális közösségétől is. Utóbbi esetben az Ectothiorhodospira és a Rhodobaca genusok képviselői alkották a közösség közel 60%-át. Aerob módon, háromféle táptalaj felhasználásával összesen 46 törzset sikerült kitenyésztenem, amelyek 15 nemzetségbe tartoznak, ezek közül a közösségben nagyobb arányban előfordulók az Aquiflexum, a Rhodobaca, a Loktanella, és a Porphyrobacter. A Sós-érből jellemzően kisebb fajszámot (48-120 OTU) mutattunk ki, mint a Zab-székből (175-184 OTU), viszont itt jellemzően néhány genus kerül időszakosan domináns helyzetbe, míg a Zab-székben a nemzetségek arányai lényegesen kiegyenlítettebbek. A Zab-székre egyedileg elsősorban a Nitriliruptor, a Balneola, az Aquiflexum, a Belliella, a Methylophilus és az Ulvibacter nemzetségek jellemzőek, míg a Sós-érre a Flavobacterium, az Algoriphagus és a Hydrogenophaga. Az eddigi eredmények alapján megállapíthatjuk, hogy a szikes vizeken belül is jelentős eltérés mutatkozhat a baktériumközösségek összetételében, melynek okai alapvetően a tavak eltérő fizikokémiai jellemzőiben gyökereznek.

MIKRO1-8

KARI ANDRÁS
Biológia
MSc, 3. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
Romsics Csaba
tudományos segédmunkatárs, ELTE TTK
Nagymáté Zsuzsanna
tudományos segédmunkatárs, ELTE TTK

Terméshozam növelést fokozó talajoltó baktériumok savanyú kémhatású mezőgazdasági talajokban történő nyomon követése egy 16 hetes vizsgálati periódus során

A fenntartható mezőgazdaság a környezet minőségének és a természeti erőforrásoknak (levegő, talaj, víz) a megőrzése és növelése mellett képes kielégíteni az emberiség egészséges élelmiszer- és rostigényét. A környezettudatos gyakorlat részét képezi a növényi növekedést serkentő rizobaktériumok (PGPR) használata a mezőgazdasági terméshozam növelés érdekében. A PGPR mikroorganizmusok anyagcsere sajátságaik révén, mint például N2-én fixáció, hormonok (auxin) és sziderofórok termelése által, jótékony hatással vannak a növény növekedésére, illetve különböző stressz (víz, szárazság, patogén) állapotok leküzdésére. A talaj szerkezete, fizikai- és kémiai tulajdonságai, a környezeti tényezők és a talaj mikrobiótája együttesen befolyásolja a PGPR baktériumok megtelepedését és túlélését.

Célunk volt, hét különböző baktérium törzs jelenlétének, illetve az autochton baktérium közösségen belüli arányaik változásának nyomon követése az oltást követő 16 héten keresztül. A vizsgálatba vont törzsek detektálását és a teljes bakteriális közösség szerkezetének feltárását egy ujjlenyomat módszer alkalmazásával, a Terminális Restrikciós Fragmenthossz Polimorfizmussal (T-RFLP) végeztük.

A különböző törzsek elkülönítése céljából egy modell rendszert hoztunk létre, mellyel olyan primer pár és restrikciós endonukleáz kombinációt kerestünk, melyek az adott törzsekre, egyedi terminális fragmenteket (T-RF) eredményeznek. Elsőként meghatározásra került a törzsek teljes 16S rDNS bázissorrendje. Ezt követően in silico megkerestük a 16S rDNS legvariábilisabb ~500 bázis pár hosszúságú régióját közre fogó primer párt. A különböző törzsek egyedi terminális fragmentjeinek megtalálása céljából a kiválasztott génszakaszon- in silico számos restrikciós endonukleáz hasító helyét vizsgáltuk. Végül egy primer pár és 3 restrikciós endonukleáz bizonyult alkalmasnak, a vizsgált baktérium törzsek elkülönítésére.

Eredményeink alapján az eltérő kezelést kapott, illetve a kezeletlen (kontroll) talajok, közösségszerkezetük alapján, elkülönültek egymástól. Továbbá a baktérium közösség összetételében egy időbeli változás is tapasztalható. A 16 hetes vizsgálati periódus alatt, az egyes törzsek közösségen belüli aránya számos esetben növekedést mutatott a kezelésnek alávetett területeken.

MIKRO1-9

SZABÓ LILLA
Biológia
BSc, 5. félév
Eszterházy Károly Főiskola
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Juhász Ákos
tudományos munkatárs, EKF TTK

Vastagbél mikrobiota összetételének és stabilitásának nyomonkövetése humán emésztési modellben mikrobiológiai és molekuláris biológiai módszerekkel

Az *in vitro* emésztési modelleket széles körben azért alkalmazzák, hogy szimulált gasztrointesztinális körülmények között nyomonkövessék az elfogyasztott élelmiszerek strukturális változásait, emészthetőségét, bioaktív komponensek biológiai hasznosulását. Az *in vitro* emésztési modellünk egyszerűsített formában szimulálja a humán emésztési folyamat egyes szakaszait az adott szakaszra (száj, gyomor, vékony- és vastagbél) jellemző fiziológiás körülményeknek megfelelő összetételű emésztőnedvek, pH értékek és tartózkodási idők alkalmazásával.

A vastagbél szakaszban, a valós viszonyokat szorosan modellező hattagú baktériumközösséget alkalmazunk, két potenciálisan patogén (Clostridium, Bacteroides), két jótékony hatású (Bifidobacterium, Lactobacillus) és két, az úgynevezett. „kétarcú flórához" tartózó törzzsel (E. coli, Enterococcus). Munkánk során célunk a különböző adalékanyagok (pl. probiotikumok) hatására bekövetkező baktérium telepszám változás nyomon követése, melyet általában szelektív agar lemezek alkalmazásával szoktak elvégezni. Megállapítottuk, hogy ez nem minden esetben megfelelő, ezért kifejlesztettünk egy olyan molekuláris biológia módszert, amely szelektívebb és gyorsabb eredményt ad a tenyésztésnél. Irodalmi adatok alapján a kvantitatív Real-Time PCR technikát választottuk fajspecifikus 16S RNS génhez tervezett primereket alkalmazva. Munkánk során megszekvenáltattuk az általunk alkalmazott hat baktérium 16S RNS génjét és olyan primereket terveztünk, melyekkel szelektíven kimutathatók az egyes baktériumok. Az összes primerpár esetében meghatároztuk az optimális PCR körülményeket (pl. hőmérséklet gradiens PCR technika alkalmazásával) és teszteltük a szelektivitást. A Real-Time PCR kísérleteket Rotor-Gene 6000 készülékkel végeztük el. Mind a hat baktérium esetében tízes léptékű hígítási sorokat készítettünk a kalibrációs sorok felvételéhez melyek segítségével sikeresen határoztuk meg különböző koncentrációjú ismeretlen minták baktériumszámát (a kapott eredményeket a szélesztés adataival hasonlítottuk össze).

MIKRO2-1

KOVÁCS DOMINIKA
Biológus
MSc, 1. félév
Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
Dr. Gazdag Zoltán
adjunktus, PTE TTK
Máté Gábor
PhD hallgató, PTE TTK

A linalool prooxidáns és antioxidáns hatásainak vizsgálata *Candida albicans* modellszervezeten

A linalool (Lol) egy monoterpén alkohol, amely az egyik legfőbb komponense számos növényi illóolajnak; valamint széles körben alkalmazzák kozmetikumok és háztartási tisztítószerek illatanyagaként. A Lol széles spektrumú antimikrobiális hatással rendelkezik, de hatásmechanizmusa egyelőre nem teljesen tisztázott. Kísérleteinkben vizsgálni kívántuk a Lol által kiváltott oxidatív stresszfolyamatokat, valamint azok sejt-és molekuláris szintű szabályozását 60 perces, akut toxicitási tesztekben; felhasználva a humán patogén *Candida albicans* élesztőgombát. Első lépésként megállapítottuk a Lol szubinhibítori koncentrációit, amelyek 0,125 µl/ml és 0,250 µl/ml voltak, amely koncentrációknál a vizsgált *C. albicans* (10^7 sejt/ml) sejtek 80%-a, illetve 70%-a szaporodóképes volt. A Lol kezelések hatására koncentráció-függő csökkenést tapasztaltunk a sejtek intracelluláris teljes ROS koncentrációjában, azon belül is az intracelluláris szuperoxid gyök koncentrációban. Ezzel párhuzamosan a peroxidok (hidrogén-peroxid, lipidperoxidok, stb.) koncentrációja szignifikánsan megemelkedett, mely jelenség mögött a szuperoxid gyök diszmutációja, illetve a Lol okozta lipidperoxidációs folyamatok állnak. 0,125 µl/ml Lol hatására szignifikáns csökkenést tapasztaltunk a szuperoxid gyököt hidrogén-peroxiddá alakító szuperoxid-diszmutázok specifikus aktivitásában, és a hidrogén-peroxidot semlegesítő kataláz specifikus aktivitásában; ezzel szemben a 0,250 µl/ml Lol kezelés hatására többek között up-regulálódott a hidrogén-peroxid átalakításáért felelős kataláz, valamint a szerves- és szervetlen peroxidokat semlegesítő glutation-peroxidáz. Az így keletkező oxidált glutationt visszaredukáló glutation-reduktáz specifikus aktivitás szintén megemelkedett, a xenobiotikumok eltávolításáért felelős glutation S-transzferáz aktivitása pedig lecsökkent. Mindezeken túl kimutattuk, hogy a szuperoxid gyök csökkenéséért a szuperoxid-diszmutázok mellett, a Lol—szuperoxid gyök között kialakuló direkt interakció a felelős.

MIKRO2-2

PÁLL ORSOLYA
Biológus
MSc, 8. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:
Dr. Papp Tamás
docens, SZTE TTIK

A *Mucor circinelloides* HMG- KoA enzimeinek sejten belüli lokalizációja

A *Mucor circinelloides* egy karotintermelő fonalas gomba, melyet gyakran alkalmaznak modellorganizmusként különböző molekuláris biológiai és genetikai vizsgálatok során. Az izoprénvázas (terpenoid típusú) vegyületek (pl. karotinoidok, szterolok, fehérjék prenil csoportjai, stb.) szintézise a közös acetát-mevalonát útvonalon kezdődik. E bioszintézis út központi, sebesség-meghatározó lépése a HMG-koenzim A átalakulása mevalonsavvá. A különböző organizmusokban az átalakulást katalizáló HMG-KoA reduktáz enzimet kódoló gének számában, funkciójában, sejten belüli elhelyezkedésében, valamint szabályozásában eltérések mutatkoznak.

A *M. circinelloides* genomjában három HMG-KoA reduktáz gén található, melyeket korábban laborunkban izoláltak és a funkcionális elemzésüket is megkezdték. Az eddigi eredmények alapján úgy tűnik, hogy a három gén kifejeződése, környezeti változásokra adott válasza és szabályozása eltérő. Egyik fontos célkitűzésünk a három gén és termékeik funkciójában mutatkozó eltérések feltárása.

A HMG-KoA reduktázok membránkötött enzimek, általában az endoplazmatikus retikulumban találhatók, de esetenként – attól függően, hogy milyen bioszintetikus folyamatokban vesznek részt – egyéb kompartmentek membránjában is jelen lehetnek. A három HMG-KoA reduktáz sejten belüli lokalizációjának feltárása érdekében, olyan vektor konstrukciókat készítettünk, amelyekben az enzimek transzmembrán doménjét kódoló szekvenciákat zöld fluoreszcens fehérje (GFP) génjével építettük össze. A vektorokat megfelelő *M. circinelloides* törzsbe transzformáltuk és fluoreszcens, illetve konfokális mikroszkóppal vizsgáltuk a kifejeződő fúziós fehérjék sejten belüli lokalizációját. Specifikus festékek alkalmazásával megállapítottuk, hogy mind a HmgR2-GFP, mind a HmgR3-GFP fúziós fehérjék az endoplazmatikus retikulumban lokalizálódtak. A HmgR2-GFP emellett valószínűleg a citoplazmában található vezikulákban is jelen van, utóbbiak azonosítását jelenleg is végezzük.

MIKRO2-3

IVÁN LÍVIA
állatorvos
Osztatlan, 9. félév
Szent István Egyetem
Állatorvos-tudományi Kar

Témavezető:
Dr. Bakonyi Tamás
docens, SZIE ÁOTK

A nyugat-nílusi láz vírusának rezervoár fajai

A kutatás a nyugat-nílusi vírus (West Nile virus, WNV) hazai fennmaradásában szerepet játszó gazdafajok azonosítására irányul. A kórokozó a Flavivirusok nemzetségébe tartozó, zoonotikus RNS vírus. Világszerte elterjedt, Európában a sporadikusan okoz megbetegedéseket. Magyarországon az utóbbi hat évben halmozottan fordultak elő idegrendszeri tünetekkel járó WNV fertőzések vadmadarakban, lovakban és emberekben.

A vírus természeti ciklusában döntően vadmadár gazdafajok és szúnyog vektorok vesznek részt. Korábban azt feltételezték, hogy a vonuló madarak időről-időre behurcolják a WNV-t Európába, ám az itt nem képes tartósan fennmaradni. Az utóbbi években Magyarországon kimutatott WNV törzsek genetikai összehasonlításának eredményei viszont arra utalnak, hogy ugyanaz a vírustörzs fordul elő és okoz évről-évre megbetegedéseket az országban.

A kutatás során 2011 és 2013 között 79 különböző fajba tartozó, összesen 1023, vadmadárban kerestük a vírusfertőzés jeleit, hogy meghatározhassuk, mely madárfajok játszhatják a kulcsszerepet a kórokozó fenntartásában. A vizsgálatokat a minták minőségétől függően kompetitív ELISA-teszttel (vérminták) vagy RT-PCR-rel (tamponminták, elhullott egyedek) végeztük. A pozitívnak bizonyuló madarak döntő többsége a vágómadár-alakúak rendjébe (Accipitriformes) tartozott, emellett a bagolyalakúak rendjének (Strigiformes) több képviselőjét is pozitívnak találtuk.

Az RT-PCR-el végzett vizsgálatok során 2011-ben sikerült kimutatnunk a vírust egy galambból (Columba livia) és egy kuvikból (Athene noctua). Mindkét madár a Hortobágyi Nemzeti Parkból származott. 2012-ben két, Maglódról származó héjából (Accipiter gentilis) mutattuk ki a vírust, 2013-ban pedig szintén egy héjából (Accipiter gentilis) és egy dolmányos varjúból (Corvus cornix), melyeket a Hortobágy Madárkórházból küldtek be.

A kompetitív ELISA teszt során pozitívnak bizonyult két karvaly (Accipiter nisus), egy réti fülesbagoly (Asio flammeus), négy egerészölyv (Buteo buteo), egy barna rétihéja (Circus aeruginosus), egy vörös vércse (Falco tinnunculus), egy rétisas (Haliaeetus albicilla), egy darázsölyv (Pernis apivorus) és egy gyöngybagoly (Tyto alba).

A ragadozó madarak nagyarányú fertőzöttsége és az idegrendszeri betegség kialakulásának gyakorisága miatt valószínűsíthető, hogy egyes zsákmány-madarak (pl. házigalambok) közvetlen fertőzési források lehetnek.

MIKRO2-4

VADOVICS MÁTÉ
Biológia
BSc, 8. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:
Dr. Somogyvári Ferenc docens
docens, SZTE ÁOK
Horváth Ádám
PhD hallgató, SZTE ÁOK

Baktériumok es gombák multiplex detektálása Real-time PCR es FRET technikával

A szepszisben részt vevő baktériumok és gombák identifikációja hagyományos tenyésztéses módszerrel időigényes, ami nagyban befolyásolhatja a fertőzés végkimenetelét. A PCR alapú technikák forradalmasították a patogén baktériumok és gombák gyors detektálását, továbbá a legújabb módszerek lehetővé teszik a faj szintű azonosítást is.

Korábbi kísérleteinkben –a detektálás mellett- sikerült elkülönítenünk a leggyakoribb szepszist is okozó gombákat és baktériumokat. Ez a multiplex módszer a LightCycler kapilláris real-time PCR készülék három detektáló csatornáján képes elkülöníteni a Gram negatív és Gram pozitív baktériumokat, valamint a gombákat. Az általunk kidolgozott FRET technikával az amplikon olvadási görbéjéből a 7 leggyakoribb Candida, az amplikon és a Gram specifikus próbák olvadási hőmérsékleteinek kombinációjából pedig a leggyakoribb baktériumok fajszinten azonosíthatóak.

A kimutatás idejét tovább lehet csökkenteni a DNS preparálás esetleges elhagyásával. A legújabb, inhibítor toleráns polimerázok lehetővé teszik, hogy a megfelelő koncentrációjú vért illetve szérumot közvetlen, preparálás nélkül használhassuk a PCR reakcióhoz. Miután a vér hemoglobinja ilyenkor elfedi a fluoreszcens jeleket, a kórokozók az amplikonok mérete alapján különíthetőek el, ami több időt vesz igénybe, mint a valós idejű PCR.

Munkánk további célja a faj szerinti identifikálás a DNS tisztítás nélküli reakcióval, illetve a két módszer egyesítése, ha lehetséges, a reakció idő további csökkentéséhez.

MIKRO2-5

VENKEI ANNAMÁRIA
Biológus
MSc, 12. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:
Csányiné Dr. Dóczi Ilona
adjunktus, SZTE TTIK

Gombák okozta véráram-fertőzések előfordulása a Szegedi Tudományegyetem klinikáin

A gombák okozta véráram-fertőzések száma világszerte növekvő tendenciát mutat, és a szakirodalom egységes a tekintetben, hogy az első helyen említi a Candida albicans-t, mint a leggyakoribb opportunista patogén-sarjadzó gombát, mely fellelhető az érintett betegek mintáiban. A gyors detekció, az izolált Candida species korrekt identifikálása, az antimikotikum érzékenység vizsgálat, a kolonizáció mértékének követése, epidemiológiai adatok gyűjtése mind segítik a megfelelő kezelési protokoll megválasztását.

Munkánk során epidemiológiai adatokat gyűjtöttünk a véráram-fertőzött betegek monitorozásával, hogy eredményeinket összevethessük a nemzetközi szakirodalomban fellelhetőkkel. Az izolátumok morfológiai módszerekkel történő identifikálási eredményeit összehasonlítottuk a MALDI-TOF készülékkel kapott eredményekkel. A felnőtt intenzív osztályokon fekvő betegek esetében a különböző testtájakról származó izolátumokat molekuláris genetikai módszerrel (pulzáltatott mezejű gélelektroforézis /PFGE/) tipizáltuk.

Az általunk kapott epidemiológiai adatok megerősítették a C. albicans kiemelkedő szerepét a vizsgált betegcsoportban: a hemokultura izolátumokban legnagyobb számban ez a faj fordult elő. Második leggyakoribb speciesként szerepelt a C. glabrata és a C. tropicalis, a harmadik helyen pedig a C. parapsilosis áll.

A MALDI-TOF készülékkel végzett munkánk során a teljes extrakciós módszert alkalmaztuk, mely hatékonynak bizonyult a fajszintű identifikálásban: csupán az esetek 6%-ban nem kaptunk eredményt. A MALDI-TOF kedvező lehetőségeket rejt magában, azonban fejlesztéseket igényel, hiszen jelenleg még nem alkalmas arra, hogy felváltsa a rutin mikrobiológiai diagnosztikában a morfológiai, valamint a biokémiai vizsgálatok alapján történő identifikálási módszereket.

PFGE-vel 4 beteg mintáiból származó kromoszómális DNS alapján a törzsek tipizálását tudtuk elvégezni. C. albicans esetén azt tapasztaltuk a megvizsgált betegeknél a különböző testtájaikról származó izolátumok alapján, hogy az exogén forrásból származó fertőzés lehetősége kizárhatónak tekinthető, a C. glabrata-t tartalmazó izolátumok esetében azonban exogén fertőzés meglétét feltételeztük.

MIKRO2-6

TÓTH DÓRA ERIKA
Biológia
MSc, 9. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:
Dr. Papp Tamás
docens, SZTE TTIK

HMG-KoA reduktáz gének kifejeződése a *Mucor circinelloides* járomspórás gomba anaerob tenyésztése során

A járomspórás gombák Mucoromycotina altörzsébe tartozó *Mucor circinelloides*-t gyakran alkalmazzák modellorganizmusként a mikrobiális karotin bioszintézis genetikai és biokémiai folyamatainak tanulmányozására. A karotinoidok terpén-típusú vegyületek. A terpének és származékaik szintézise gombákban, az acetát-mevalonát útvonalon keresztül valósul meg. Az útvonal egyik központi, sebesség-meghatározó lépése a 3-hidroxi-3-metilglutaril konezim A mevalonsavvá történő átalakulása, melyet a hmgR gének által kódolt HMG-KoA reduktáz katalizál. E gének száma eltérő a különböző élőlényekben. A több kópiával rendelkező élőlényekben, a gének kifejeződése eltérő szabályozás alatt állhat, valamint az egyes enzimek szerepe is különböző lehet az egyes élettani folyamatok során. A *M. circinelloides* genomja három hmgR gént kódol (*hmgR1, hmgR2* és a *hmgR3*).

Tanszékünkön korábban izolálták a három említett gént, és vizsgálták a karotinoid bioszintézisében betöltött szerepüket, valamint a gének kifejeződését különböző körülmények között aerob környezetben. Mivel a *M. circinelloides* anaerob körülmények között is képes növekedni élesztő formában, valamint más organizmusok esetében igazolták, hogy a hmgR gének működését az oxigéntenzió lényegesen befolyásolhatja, megvizsgáltuk a gének kifejeződését oxigénmentes környezetben is.

Kísérleteink során vizsgáltuk a gének relatív transzkripciós szintjét eltérő tenyésztési körülmények mellett. Megvizsgáltuk, hogy milyen hatása van az eltérő szénforrásoknak, a különböző tenyésztési hőmérsékletnek, valamint a só stressznek anaerob tenyésztés esetén a gének kifejeződésére. Az eredmények azt mutatták, hogy a gének anaerob körülmények között is kifejeződtek, de nem egyenlő mértékben. A *hmgR1* gén rendkívül alacsony transzkripciós szintet mutatott a másik két génhez képest. Az anaerob környezetben kapott eredményeket összehasonlítottuk az aerob környezetben végzett kísérletekkel, és azt tapasztaltuk, hogy mind aerob és mind anaerob környezetben a *hmgR2* gén transzkripciója a legerőteljesebb és a *hmgR1* géné pedig a leggyengébb. Eredményeink alapján úgy tűnik, hogy az általános terpén bioszintézisben a *hmgR2* és a *hmgR3* génnek van a legnagyobb szerepe.

MIKRO2-7

DUNAI DÁNIEL IMRE
Biológia
MSc, 1. félév
Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Schneider György
adjunktus, PTE ÁOK

Staphylococcus aureus lítikus fágjának kötődését befolyásoló környezeti tényezők és genomjának összehasonlítása más fág genomokkal

Kísérleteinkben az methicillin rezisztens *Staphylococcus aureus* (mrsa) szemben lítikus fág tenyésztési körülményeit vizsgáltuk. Elsődleges célunk a rendelkezésünkre álló MRSA törzseket hatékonyan lizálni képes bakteriofágok izolálása volt környezeti mintákból. Valamint az izolált fágtörzsek hatékonyságának illetve spektrumának ellenőrzése, a fágok és gazdatörzseik közti stabil gazda parazita kapcsolat ellenőrzése. Vizsgálataink során a lítikus fágok izolálása egyedül emlősök alommintáiból volt sikeres. Valamint a nagyszámú minta ellenére csak kevés fágot lehetett izolálni ezek közül pedig csak egy volt mely gazdabaktériumával szemben stabilan nagy hatékonyságú volt. A további vizsgálatokhoz megállapítottunk egy ideális kiinduló baktérium-fág arányt mely alapján 108/ml titerű fág vizsgálatára az OD1 vagy annál kisebb töménységű baktérium szuszpenzióból készült baktériumgyep alkalmas a nagy töménységűek nem. Elvégeztük az újonnan izolált fág morfológiai vizsgálatát is transzmissziós elektronmikroszkópot használva. A vizsgálat során megállapítottuk a fág méretét és egyéb morfológiai sajátságait melyek alapján a Siphoviridae családba soroltuk. Megvizsgáltuk a lítikus fág gazdabaktériumhoz való kapcsolódását/propagálását milyen mértékben befolyásolják az egyes környezeti tényezők. A kísérleteink alapján az általunk izolált fágra is igaznak bizonyult a tézis hogy, a kétértékű sók előnyösen befolyásolhatják a propagálást. Valamint megállapítottuk, hogy a gazdabaktérium tápközegének összetétele is hatással van a fág felszaporodásának mértékére. Elvégeztük a fág genetikai vizsgálatát restrikciós endonukleázos emésztéssel továbbá a megszekvenált fág genom fehérjekódoló régióinak azonosítását és más fág genomokkal való összehasonlítását, valamint megállapítottuk ezen fágokkal való rokonsági fokát, amit dendogrammon ábrázoltunk. Munkánk során bebizonyosodott, hogy az általunk izolált fág ugyan szűk gazdaspecificitású, tehát nem alkalmas fágterápiás gyakorlati alkalmazásokhoz, de a vele végzett funkcionális kísérletek útmutatóként szolgálhatnak a nagymennyiségű fágpropagálás ideális körülményeinek beállításához.

MIKRO2-8

ADONYI ÁDÁM
Biológia
BSc, 7. félév
Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Boros Ákos
biológus, Baranya Megyei Kormányhivatal
Népegészségügyi Szakigazgatási Szerve

Új madár picornavírusok (Orivírus A1 és A2) azonosítása és teljes genom elemzése: rekombinációs események és változékony genom-régiók egy új picornavírus nemzetség első tagjaiban

A picornavírusok (Picornaviridae) kisméretű, pozitív, egyszálú RNS genomú vírusok, melyek a természetben a halaktól az emberig előfordulnak. Az eredetileg kacsákból és pulykákból azonosított Avihepatovirus, Avisivirus és ”Aalivirus” rokon-nemzetségekbe tartozó picornavírusok genomjai egyszerre három, eltérő funkciójú 2A fehérjét kódolnak tandem, mely a monofiletikus avihepatovírus filogenetikai klaszterbe tartozó picornavírusok jellegzetes elkülönítő bélyege.

A kutatócsoportunk virális metagenomikai, RT-PCR és ”primer walking” módszerek alkalmazásával 4 hetes, hasmenéses házityúk (Gallus gallus domesticus) kloáka mintájából egy új madár picornavírust (Orivírus A1) azonosított, melynek teljes RNS genomja 7037 nukleotid hosszúságú.

A vírus kimutatható volt 50%-ban (6/12) tünetmentes házityúkokból vett mintákból is. Az Orivírus A1 a szekvencia- és a filogenetikai vizsgálatok alapján egy új nemzetség (”Orivirus”, Orosháza településnévből) első tagjaként az avihepatovirus klaszterbe tartozik.

Genomja (i) II típusú belső riboszóma-kötőhellyel (IRES), (ii) egyetlen, ismeretlen funkciójú 2A fehérjét kódoló résszel, (iii) valamint többszörösen ismétlődő szekvencia motívumokat, és A, U, G bázisokban gazdag szakaszt tartalmazó 3’ nem kódoló régióval (UTR) jellemezhető. A 3’UTR ismétlődő motívumai szignifikáns egyezést mutatnak a filogenetikailag távol lévő, házi szárnyasokból kimutatott megrivírusok (Megrivirus nemzetség) 3’UTR-ban azonosított, szintén ismétlődő nukleotid szekvenciáival, az úgynevezett ”A egységekkel”. Az ”A egységek” jelenléte mindeddig nem volt kimutatható az avihepatovírus klaszter egyetlen tagjának genomjában sem. A klaszter többi tagjától eltérő, egyetlen 2A peptid, és a megrivírus-szerű ”A egységek” jelenléte az orivírus evolúciós fejlődése során bekövetkezett többszörös rekombinációs eseményekre utalnak. A virális metagenomikai módszerrel kapott szekvenciák utólagos elemzése egy második orivírus genotípus (Orivírus A2) jelenlétére utaltak ugyanabban a mintában. Az Orivírus A2 genom rendelkezésünkre álló részének (5’UTR-IRES és a teljes kódoló régió), illetve az Orivírus A1 azonos régióinak szekvencia vizsgálata az mutatja, hogy az orivírus genom legváltozékonyabb régiója nem az immundomináns VP1 (86,6% aminosav egyezés) kapszid fehérjerész, hanem a 2A fehérje (65,6% aminosav egyezés). Mindez a nem-strukturális fehérjét kódoló 2A genom régiónak a többi régióhoz mért gyorsabb evolúciós változékonyságára enged következtetni.

MIKRO2-9

DALLOS BIANKA
Biológus
MSc, 3. félév
Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Jakab Ferenc
docens, PTE TTK

Új picornavírusok genetikai jellemzése *Miniopterus schreibersii* denevérekben

A denevérek rendje (*Chiroptera*) 1250 fajt foglal magában, mely a sarkköröket kivéve a világ minden pontján megtalálható. Az emlősök második legnagyobb csoportját alkotja, az összes emlős faj mintegy egyötödét teszik ki. A denevérek sokféle, zoonotikus potenciállal rendelkező vírus természetes rezervoárjai, mint például a Lyssa-, Henipa-, Filo-, Corona- és Orthoreovírusok. A *Miniopterus schreibersii* Európa leggyorsabb denevére. Európában széleskörűen elterjedt, a déli-délkeleti részeken fordul elő, valamint Afrika egyes részein is megtalálható. Több ezres kolóniákat alkot, így nagyon sérülékeny faj. Tanulmányunkban a hosszúszárnyú denevér (*Miniopterus schreibersii*) guanó metagenomikai analízisével foglalkoztunk, és ezáltal Európában egyedülálló módon egy új picornavírust mutattunk ki és karakterizáltunk. A picornavírusok lipidburok nélküli, pozitív egyszálú RNS-t tartalmazó vírusok, kezdve a súlyos megbetegedésektől (encephalitis, poliomielytis, meningitis, hepatitis) az egészen enyhe változatokig (nátha). A tudomány jelenlegi állása szerint a picornaviridae családba 46 faj tartozik, amelyek 26 különböző genusba sorolhatók. Az egyre növekvő vírusszámnak köszönhetően a víruscsaládon belül nagymértékű diverzitást tártak fel. A vírusgenom 5’ nem transzlálódó régióját (NTR) egyetlen poliprotein nyitott leolvasási kerete követi (ORF), majd a 3’ nem transzlálódó szakasz, melyet a polyA szakasz egészít ki. A genom 5’ végéhez kovalensen kötődik a VPg terminális fehérje. Az ORF három genetikai régióból áll (P1, P2, P3), mely szerkezeti és nem szerkezeti fehérjéket kódol. Munkánk során 2013-ban összesen tizenhárom guanó mintát gyűjtöttünk a Baranya megyei Szársomlyó hegy bányavájatának M. schreibersii denevérkolóniájából. Két minta esetében 416 és 465 denevér picornavírus konszenzus szekvenciákat (BatPiV) kaptunk metagenomikai elemzéssel. A kapott szekvenciákra specifikus szűrőprimereket terveztünk, melyekkel további négy mintát találtunk pozitívnak a kolóniából. Eredményeink azt mutatták, hogy a genomorganizáció hasonló volt a picornavírusok közeli csoportjaihoz, mégpedig: 5'UTR [L-P1 (VP0, VP3, VP1) -P2 (2A, 2B, 2Chel) -P3 (3A, 3BVPg, 3Cpro, 3Dpol)] 3'UTR-poli (A). A kapott szekvencia a legnagyobb homológiát a M. schreibersii A vírus (Mischivirus-A) kódoló régiójával mutatta, melyet a filogenetikai elemzések is megerősítettek, így feltételezhetően a genus egy újabb tagját azonosítottuk Európában.

MOLBI1-1

ŐSZI ERIKA
Biológus
MSc, 1. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:
Dr. Magyar Zoltán
tudományos főmunkatárs, MTA SZBK

A Retinoblasztoma tumorszupresszor (RBR) és az E2FB transzkripciós faktor szerepe a sejtosztódás szabályozásában a fejlődő *Arabidopsis* növényben

A helyhez kötött növények fejlődése, növekedésük iránya és az új szerveik kialakulása a sejtosztódás szabályozásán alapszik. A fejlődési program és a környezeti változások együttesen határozzák meg az osztódások mértékét. Az osztódások helye és ideje a növényekben is komplex szabályozási mechanizmus ellenőrzése alatt áll, pontos működése azonban még nem teljesen ismert. Az osztódásba történő be- és kilépést egy evolúciósan konzerválódott transzkripciónális mechanizmus szabályozza, amit a benne résztvevő komponensekről E2F-RB szabályozásnak nevezünk. A Retinoblasztoma (RB) az első rákos sejtburjánzást gátló gén, amelyet emlős sejtekből izoláltak, míg az E2F (adeno vírus E2 faktor) transzkripciós faktort az RB-vel komplexet formáló képessége alapján azonosítottak. A növények és állatok különbözősége ellenére ez a szabályozási mechanizmus meglehetősen jól konzerválódott növényekben is. Az Arabidopsis egyetlen RB rokon molekulával rendelkezik (RBR), ami az E2FB transzkripciós faktoron keresztül szabályozza a sejtek osztódását; míg az E2FB-RBR komplex gátolja, addig az E2FB szabad formája serkenti a sejtosztódást.

Azért, hogy megértsük ennek a szabályozási mechanizmusnak a növények fejlődésében és növekedésében betöltött szerepét, olyan transzgenikus Arabidopsis növényeket hoztunk létre, ahol specifikusan a mikroRNS módszerével gátoltuk az RBR funkcióját. Az RBR expresszióját azokban a sejtekben akadályoztuk meg, ahol az E2FB kifejeződik. Ezekben a transzgenikus növényekben fejlődési rendellenességeket figyelhettünk meg: megváltozott a szervek kialakulásának szigorú rendje (az ún. phyllotaxis) és a gyökerek növekedésében is zavart figyelhettünk meg. A növényi növekedési hormon, az auxin meghatározó szerepet játszik ezekben a folyamatokban. Mindez feltételezi, hogy az auxin és az E2FB-RBR molekuláris mechanizmus között kapcsolat van.

MOLBI1-2

PATAKI ZOLTÁN JÁNOS
Biotechnológia
MSc, 3. félév
Debreceni Egyetem
Természettudományi és Technológiai Kar

Témavezető:
Dr. Bálint Bálint László
adjunktus, DE OEC

Az adipocita differenciációt indukáló komponensek vizsgálata

Az adipocita differenciáció tanulmányozásának jelentősége korunk egyik legégetőbb feladata, mivel napjainkban rohamosan növekszik a krónikus elhízásos esetek gyakorisága. Ez igen komoly egészségügyi kockázatot jelent főként a fejlett országokban, emellett szoros kapcsolatban áll a kóros betegségek egyre gyarapodó számával. Az elmúlt 20 évben az in vitro rendszerek kiemelkedően hasznosnak bizonyultak az adipocita differenciáció tanulmányozásában. Munkám első fázisában a differenciáció reprodukálása volt a cél. Ehhez a 3T3-L1 sejtvonalat használtam. A 14 napon át zajló differenciáltatás során a sejtek komoly változásokon mentek át. Morfológiájuk fibroblaszt szerűről gömbölydeddé vált, s bennük az idő előrehaladtával mind számban, mind méretben egyre gyarapodó lipid cseppek jelentek meg. Az átalakulás mértékére jelentős katalitikus hatással bírt a Roziglitazon. A normál wellekkel összevetve jóval több átalakult sejt – s bennük több és nagyobb zsírcseppek – voltak megfigyelhetők a mikroszkóp lencséin keresztül. A differenciációs protokoll végeztével, a jobb megfigyelhetőségért a sejtek megfestésére került sor. Ezek után arra a kérdésre kerestem választ, hogy a differenciáltatáshoz használt egyes komponensek milyen mértékben befolyásolják az átalakulást. A differenciáltatások ekkor már 24-welles plate-en zajlottak. A kérdés megválaszolásának módja, hogy a plate-et négy szekcióra osztom, így vizsgálva az egyes összetevőket. Az I. IBMX, a II. Dexametazon, a III. Inzulin, végül a IV. Kontrollként szolgált. Természetesen az adott szekcióban csak az ahhoz tartozó komponens mennyiségével játszunk, a többi alkotó teljes mennyiségben kerül a sejtek médiumaihoz. Mindezek mellett minden szekció alsó sorában található well-ek teljes adag Roziglitazont is kapnak az estleges különbségek felnagyítása érdekében. A differenciáltatást, s a festést követően megállapítható volt, hogy az adipocitózisra a legnagyobb hatást a Dexametazon megvonása gyakorolja. A pontosabb eredmények kiderítése érdekében azonban szükséges volt az eredmények kvantitálása is, melyre a sejtekből kinyert Oil Red O festék abszorbancia mérése adott lehetőséget, melyet követően már jól összevethető számszerű adatok álltak rendelkezésre. Ezeket szemlélve megállapítható, hogy mikroszkópos vizsgálat során látottakhoz hasonló eredményeket kaptunk. Jól kitűnt a Dexametazon hiányos well-ek igen alacsony abszorbanciája, mely alátámasztotta a tapasztaltakat.

MOLBI1-3

VAJDA FLÓRA
Biomérnök BSc.
BSc, 8. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:
Dr. Pirity Melinda
tudományos főmunkatárs, MTA SZBK

Az Rybp polycomb fehérje szerepének vizsgálata a szívizom kialakulásában

Szívinfarktus során az oxigén nélkül maradt szívizomszövetek elpusztulnak és helyükön egy hegszövet alakul ki. Több kutatócsoport, köztük laboratóriumunk is azt vizsgálja, hogy pluripotens őssejtekből, - melyek a test bármely típusú szövetévé képesek differenciálódni - hogyan hozhatók létre differenciált és működőképes szívizomsejtek. Dolgozatom egy polikomb fehérje, az Rybp (Ring1- and YY1-Binding Protein; szintén ismert, mint DEDAF (Death Effector Domain Associated Factor), UniGene Mm.321633; MGI:1929059) fenti folyamatban betöltött specifikus szerepét vizsgálja egér őssejtes modellrendszerben. Kísérleteimet a laboratóriumunkban korábban előállított vad típusú (rybp+/+) és Rybp termelésére képtelen (rybp-/-) egér embrionális őssejtvonalakon végeztem. A sejtekből embrionális testecskéket formáltam függőcseppes módszerrel, majd ezeket a sejtaggregátumokat zselatinos táptalajra helyeztem, hogy azok dobogó szívizomtelepeket) formáljanak 2 héten keresztül. A szívizomtelepeket morfológiailag és molekuláris biológiai módszerekkel (kvantitatív valós idejű polimeráz láncreakció; immunhisztokémia) hasonlítottam össze. Eredményeim azt mutatják, hogy rybp-/- őssejtek nem képesek dobogó szívizomtelepeket létrehozni. A szívizomtelepekből nyert RNS minták analízise rávilágított számos, a szívizom kialakulásában fontos gén expressziós szintjének a megváltozására. Munkám során kimutattam azt is, hogy a szív kialakulásában esszenciális jelentőséggel bíró transzkripciós faktorok közül több (Isl1, Nkx2.5) az in vitro kardiális differenciáció során csökkent mértékben indukálódik az Rybp termelésére képtelen sejtekben. Ezen eredmények valószínűsítik, hogy az Rybp a szívirányú differenciáció egy kritikus regulátora. Így a projekt során keletkezett adatok fontos információt nyújtanak az egér embrionális szív kialakulásáról és működéséről valamint segíthetnek megérteni, hogy mely mutációk befolyásolják az embrió megfelelő fejlődését és a veleszületett szívbetegségek kialakulását. A szívfejlődési rendellenességek a szívfejlődés korai stádiumában létrejövő defektusok miatt alakulnak ki, ezért fontos, hogy megértsük, mely molekuláris útvonalak állnak a sejtdifferenciáció hátterében és a folyamatokat, amelyek ezt a szervet kialakítják. Vizsgálataim eredményei ennek a gyorsabb és pontosabb megismerését segíthetik elő és hozzájárulhatnak a szívinfarktus következtében elhalt szövetek őssejtekből történő pótlását, így a szívizomszövet regenerálását célzó kutatások sikerességéhez.

MOLBI1-4

BALOGH BÁLINT
Biológus
MSc, 3. félév
Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Harci Alexandra
tanársegéd, PTE ÁOK

Az ucortin2 jelátviteli kapcsolatainak vizsgálata PC 12 sejtekben

Az urocortinok (Ucn) corticotrop-releasing faktor (CRF) receptor ligandok, melyek három fajtája ismert, az urocortin1, 2 és a 3. A CRF receptorok két típusát különböztetjük meg, a CRF-R1-et és a CRF-R2-t. Az Ucn1 az egyes típusú, míg az Ucn2 és az Ucn3 a kettes típusú receptorhoz kötődnek erősebben. Az egyes típusú CRF receptor magas arányban expresszálódik az agyban és az agyalapi mirigyben, a kettes típusú pedig a központi idegrendszerben, a szívben, a perifériás szövetekben, az agyban, a mellékherében és a béltraktusban fejeződik ki.

Az urocortinok szerepet játszanak többek között a stresszválaszban, szorongásos viselkedésben és az alkoholfogyasztásban, a hemodinamikai és neurohumorális szabályozásban, valamint a normális szív-és érrendszer élettanában illetve ezen rendszerek betegségeiben. Az urocortin2 szabályozni képes a hipofízis-agyalapi-mirigy-mellékvese tengelyt, az immunrendszert, a viselkedést és a közérzetet is.

Az urocortin2 termelődik az agyban, átjut a vér-agy gáton, illetve a receptorával együtt a mellékvesevelőben is expresszálódik, ezért vizsgálatunkhoz patkány mellékvesevelő daganat sejtvonalat (PC12) használtunk. Ebben a rendszerben az Ucn2 emeli a ciklikus AMP (cAMP) szintet, ezáltal növeli a noradrenalin szekréciót, valamint a proteinkináz A és az ERK foszforilációjához vezet, mely szabályozza a katekolaminok bioszintézisét.

Ha PC12 sejteket idegi növekedési faktorral (NGF) vagy urocortin2-vel kezeljük, ERK foszforilációt tapasztalunk. Kutatócsoportunk viszont megfigyelte, hogy ezen sejtek egyidejű, kombinált NGF és urocortin2 kezelése az ERK foszforilációjának csökkenéséhez vezet. Ezért kísérleteink elvégzése során különféle, jelátviteli utakban blokkolt sejttenyészeteket alkalmaztunk, hogy e gátlás okát megvizsgáljuk. A sejtek kezelését követően Western blottal mutattuk ki az aktivált ERK-et, az eredmények statisztikai értékeléséhez denzitometrálást végeztünk, továbbá megfigyeléseinket immuncitokémiával igyekeztünk megerősíteni.

MOLBI1-5

NAGY VERONIKA
Biológia
MSc, 9. félév
Szent István Egyetem
Állatorvos-tudományi Kar

Témavezetők:
Dr. Szakács Gergely
tudományos főmunkatárs, MTA EI
Szabó Krisztián
biológus, SZIE ÁOTK

Drog rezisztens sejtek célzott elpusztítása és „átprogramozása" MDR-szelektív vegyületekkel

A rosszindulatú tumorok kezelésekor alkalmazott kemoterápiás vegyületek gyakran azért vallanak kudarcot, mert a terápia során kialakul az ún. multidrog rezisztencia (MDR). A multidrog rezisztens daganatsejtek membránján kifejeződő P-glycoprotein (Pgp, ABCB1, MDR1) fehérje az ABC (ATP Binding cassette) transzporter családba tartozó efflux pumpa, mely képes sokféle, struktúrájában eltérő vegyület felismerésére és eltávolítására a citoplazmából. A Pgp szubsztrátjaként ismeri fel a tumor ellen használt gyógyszerek jelentős részét, köztük a napjainkban is alkalmazott doxorubicint, vinblastint, vinkrisztint és paclitaxelt, illetve számos tirozin kináz gátlót (TKI). Miután a Pgp direkt gátlására tett kísérletek a klinikai fázisban meghiúsultak, az MDR probléma megoldására más stratégiát kellett választani. Az egyik lehetséges ilyen módszer a csoportunk által azonosított MDR-szelektív vegyületek alkalmazása. Az MDR-szelektív molekulák paradox módon képesek a Pgp-t expresszáló multidrog rezisztens sejtek célzott elpusztítására. Az MDR-szelektív vegyületek egy másik hatása, hogy azokat a toxikus dózisnál kisebb koncentrációban alkalmazva képesek vagyunk a sejtek Pgp expresszióját az MDR-t biztosító szint alá csökkenteni és így a tumor sejteket „átprogramozni" rezisztens állapotból újra szenzitívvé. Az „átprogramozott" sejtek visszanyerik gyógyszerérzékenységüket a hagyományos kezelésekkel szemben és Pgp szintjük visszatér az eredeti, endogén expresszió szintjére. Munkám során ennek a mechanizmusnak a megértésén dolgoztam in vitro MES-SA (Pgp-negatív) és MES-SA/Dx5 (Pgp-pozitív) uterin szarkóma sejteken, ahol a rezisztens sejtvonalat folyamatos doxorubicin kezeléssel alakították ki. A csoportunk bebizonyította, hogy, a korábbi elképzeléssel szemben, az MDR-szelektív vegyületek hatására bekövetkező fenotípus váltás akár néhány nap alatt is végbemehet, egyetlen kezelést követően. Dolgozatomban bemutatom a rezisztens sejtek visszaprogramozásakor választott stratégia (egy nagy dózisú, több kis dózisú vagy folyamatos alacsony dózisú kezelés), illetve az epigenetikai inhibitorok hatását a fenotípus váltásra. Eredményeink arra utalnak, hogy drog-naiv (kemoterápiát még sosem kapott) tumorsejtek akár néhány nap alatt képesek lehetnek magas Pgp expresszióra szert tenni. A kialakuló rezisztencia azonban gyakran reverzibilisnek bizonyult, ami felveti az epigenetikai szabályozás szerepét.

MOLBI1-6

KESKENY CSILLA
Biológia
MSc, 12. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

IGAZ NÓRA
Biológia
MSc, 7. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:
Dr. Kiricsi Mónika
adjunktus, SZTE TTIK
Kovács Dávid
PhD hallgató, SZTE TTIK

Ezüst nanorészecskék citotoxikus hatásának vizsgálata tumoros sejtvonalakon.

Az ezüst nanorészecskék (AgNP) az egyik legelterjedtebben használt nanoanyagok elsősorban antibakteriális és antifungális hatásuknak köszönhetően. Az ezüst nanopartikulumok az emlős sejtekre is citotoxikust hatást gyakorolnak, amelyet ki lehetne használni a tumorterápia során.

Kutatásunk célja volt az AgNP-k humán sejtekre kifejtett hatásának tanulmányozása. Vizsgálataink kezdőpontjaként két méretben, kisebb (4 nm) és nagyobb méretű (35 nm), megközelítőleg gömb alakú AgNP-ket szintetizáltunk a Lee-Meisel féle módszerrel ezüst-nitrát nátrium-borohidrides redukciójával, citrát jelenlétében. Mindkét méretű nanorészecske zeta potenciálja erősen negatívnak bizonyult, mely nagy stabilitásra utalt.

Az AgNP hatásának vizsgálatát két sejtvonalon, U2Os és HeLa sejteken végeztük. A két sejtvonal viabilitását Tripánkék és MTT módszerrel mértük. Mindkét méretű nanorészecskés kezelés idő és koncentrációfüggő viabilitás csökkenést eredményezett. Mind a 4 és a 35 nm-es ezüst partikulumok is diffúzan helyezkednek el a sejtek citoplazmájában, gyakran úgynevezett multivezikuláris testekben találhatók. A sejtekbe jutott AgNP-k a sejtek morfológiai változását, a DNS fragmentálódását, a mikrotubulus szerkezeti változásokat, illetve stresszrostok megjelenését okozzák. A fém nanorészecskék a sejtekben oxidatív stresszt indukálnak, melynek mértékét reaktív oxigén gyökök mennyiségén keresztül detektáltuk DCFDA festéssel. Mindkét méretű AgNP-vel történő kezelés hatására emelkedést figyelhetünk meg a ROS mennyiségében, a 4 nm-es AgNP esetén ez a növekedés jóval erősebbnek bizonyult. Ebből arra következtethetünk, hogy az oxidatív stressz kiváltásának mértékében a részecskeméret jelentőséget kap. AgNP kezelés hatására gyakran tapasztaltunk apoptózisra utaló jeleket. Western blottal és immunfestéssel kimutattuk a p53 és a kaszpáz-3 fehérje szintjének emelkedését mind U2os, mind HeLa sejteken. Génexpressziós szinten a prokaszpáz-3, a p53 és a p21 expressziós növekedését, míg az antiapoptotikus survivin szintjének csökkenését detektáltuk RT-qPCR-ral.

Végeredményül elmondhatjuk, hogy az ezüst nanorészecskék által apoptózis indukálódik a két rákos sejtvonalban. Kísérleteink alapján feltételezhetjük, hogy az ezüst nanorészecskék a humán sejtekbe bejutnak, azok a sejtekben aggregátumokat képeznek, majd belőlük ezüst ionok szabadulnak fel, melyek szabadgyökök termelődését okozzák. Az oxidatív stressz végeredményeként p53 és kaszpáz-3 aktiváció során apoptózis indukálódik a sejtekben.

MOLBI1-7

KOZMA MIHÁLY
Biológus MSc
MSc, 7. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:
Dr. Krizbai István
tudományos tanácsadó, MTA SZBK

Inflammaszóma komponensek expressziója és aktivációja agyi endotélsejtekben

A központi idegrendszer immunprivilegizált területnek tekinthető. Ezt a tulajdonságát elsősorban az idegrendszer és a keringési rendszer közötti aktív határfelület, a vér-agy gát biztosítja, amelynek egyik legfontosabb sejttípusa a kapillárisokat alkotó endotélsejt. Egyre több kísérletes bizonyíték van arra, hogy az endotélsejtek képesek a természetes immunitásban résztvevő mintázatfelismerő receptorok (PRR) expressziójára. A PRR-ek egyik legnagyobb tagú családja a NOD-szerű receptorok (NLRs). Bizonyos NLR-ek aktivációjukat követően részt vehetnek egy, a gyulladás során összeszerelődő fehérje komplex, az inflammaszóma kialakításában.

Kutatócsoportunk megvizsgálta az inflammaszóma aktivációt humán agyi endotélsejtvonalban (hCMEC/D3). Valós-idejű PCR segítségével megállapítottuk, hogy a fő inflammaszóma komponensek (például: NOD2, NLRP3 és kaszpáz 1) expressziója, valamint az inflammaszóma által aktivált IL-1β és -33 mRNS mennyisége megnövekedett a sejtekben lipopoliszacharid (LPS) „priming" és a muramyl dipeptid (MDP) aktiválás hatására. Továbbá sikerült kimutatnunk, hogy IL-1β fehérje mennyisége legnagyobb mértékben a kombinált kezelés során növekedett meg, ami gátolható volt kaszpáz inhibitorral (Z-VAD-FMK).

Eredményeink alapján arra következtethetünk, hogy agyi endotélsejtekben megvalósulhat az inflammaszóma aktiváció, amely egy új immunológiai szereppel ruházhatja fel ezeket a sejteket.

MOLBI1-8

KARAI EDINA
Biológia
MSc, 8. félév
Szent István Egyetem
Állatorvos-tudományi Kar

Témavezetők:
Dr.Vajdovich Péter
docens, SZIE ÁOTK
Dr. Szakács Gergely
tudományos főmunkatárs, MTA EI

Kutya limfómák drog rezisztenciájának kialakulása

A rosszindulatú daganatok gyógyítása az utóbbi évtizedekben történt tudományos áttörések ellenére is komoly kihívást jelent mind a humán, mind társállataink klinikumában. A közelmúltban elérhetővé vált ígéretes terápiák (jelátviteli útvonalak gátlása, érképződés gátlók és személyre szabott kezelések) használatának is gátat szab a kemoterápiáknál régóta ismert multidrog rezisztencia (MDR) kialakulása. Gyakori megfigyelés, hogy a kezelésre első alkalommal jól reagáló daganatok elvesztik kezdeti érzékenységüket, és képessé válnak a toxikus környezetben való túlélésre. Az MDR egyik legjelentősebb mechanizmusa az ABC (ATP-binding cassette) transzporterek családjába tartozó P-glycoprotein (Pgp, ABCB1, MDR1) fehérje fokozott expressziója. Ez a transzmembrán fehérje képes a sejtmembránba oldódó vegyületek széles csoportját (a kemoterápiás gyógyszerektől a HIV-elleni anyagokig) felismerni és az extracelluláris térbe juttatni, ezzel csökkentve a terápiás szerek sejten belüli koncentrációját. A régebbi nézet, miszerint a rezisztencia kialakulásában szerepet játszik a genetikai mutáció továbbra is érvényes, de kezd elfogadottá válni az epigenetikai folyamatok szabályozása is.

Munkám során 16 kutya limfóma mintán vizsgáltam a Pgp funkciót és a daganatok immunfenotípusát áramlási citométerrel. Dolgozatomban részletesen bemutatok 2 esetet, ahol megvalósult a hosszú távú utókövetés (25 héten keresztül). A B sejtes limfómával diagnosztizált kutyákat a Wisconsin-Madison protokoll szerint kezelték 16 alkalommal 25 héten keresztül. A tumor sejtek Pgp funkcióját és immunfenotípusát a diagnózis megállapításakor és a visszaesés során vizsgáltuk (4 mintavételnél).

Az egyik esetben a kezelés hatására folyamatosan növekedett a Pgp expresszió, melyet eddig kutya esetében még nem sikerült végigkövetni, a másik esetben a kezelés során kialakult rezisztencia meglepő módon reverzibilisnek bizonyult, a terápiás szerek hirtelen elhagyásával a rezisztencia mértéke egyre inkább csökkent.

A kezelés során kialakuló drog rezisztencia gyors megjelenése és eltűnése mögött valószínűleg epigenetikai szabályozás áll, melynek megértéséhez in vitro kísérleteket végeztünk, P388 B sejtes egér limfoblasztikus leukemia sejteken és MES-SA humán méhnyakrák sejteken reprodukáltuk a rezisztens fenotípus megjelenését kezelés hatására, valamint a gyógyszer elhagyásával a reverzibilis folyamatot bizonyítottuk. A jövőben epigenetikai gátlókkal szeretnénk igazolni az epigenetikai szabályozás relevanciáját.

MOLBI1-9

MOLNÁR ANNA
Biológia
BSc, 5. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Sebestyén Anna
tudományos főmunkatárs, SE ÁOK

Vastagbéldaganatok mTOR (mammalian target of rapamycin) aktivitásának és mTOR gátlók hatásának vizsgálata

A vastagbéltumorok esetében gondot jelent a kezelésekkel szembeni rezisztencia. Daganatokban az mTOR-kináz működési zavara hozzájárulhat a sejtek korlátlan szaporodásához. Az mTOR kétféle, gátlószereivel szemben eltérő érzékenységű komplexben (mTORC1/C2) fordulhat elő.

Humán vastagbéldaganatos esetekben vizsgáltuk az mTOR aktivitását és sejtvonalakban (eltérő terápiás érzékenységű, különböző mutációkkal rendelkező) az mTOR gátlószereinek (rapamycin, PP-242, NVP-BEZ-235) hatásait, az érzékenységkülönbségek hátterét. A sejtekben az mTOR- és EGFR-gátló kombinációs kezelések proliferációs hatásait alamar blue-teszt segítségével mértük. Az mTOR aktivitását és a komplexeket jellemző fehérjék mennyiségét immuncito- és immunhisztokémiai módszerekkel vizsgáltuk.

Kimutattuk, hogy humán vastagbéltumorok 70%-ában az mTOR aktivitás fokozott, és ez közel 50%-ban Rictor (mTORC2-es komplex) overexpresszióval jár együtt. In vitro a mTORC1- és C2-komplexeket is gátló kezelések hatékonyabbak voltak azokban a sejtvonalakban, ahol a Rictor fokozott mennyiségét tudtuk kimutatni, alacsony Raptor expresszió mellett. Ezért a Rictor fehérje mennyisége (az mTORC2-komplex dominanciája) fontos szerepet játszhat az mTOR-gátló kezelések hatékonyságában.

Eredményeink alapján az mTOR-komplexek aktivitása fontos terápiás célpont lehet vastagbéldaganatokban. Ennek meghatározását, az egyénre szabott kezelések tervezését egy új diagnosztikai eljárással –melynek kidolgozása célunk- segíthetjük.

Támogatás OTKA-84262.

MOLBI2-1

BODA ATTILA
biológus
MSc, 1. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
Dr. Hegedűs Krisztina
tudományos munkatárs, ELTE TTK
Dr. Juhász Gábor
tudományos főmunkatárs, ELTE TTK

A Drosophila Mon1-Ccz1 Rab7 GEF komplex szerepe az autofágiában

Az eukarióta sejtek két fő lizoszómális lebontó útvonala, az endocitózis és az autofágia alapvető fontosságú a sejt normális működéséhez. A két folyamat szabályozása meglehetősen összetett és számos ponton kapcsolódik egymáshoz.

A sejtek membránforgalmát a Rab GTPázok irányítják. A Rab5 a korai, a Rab7 a késői endoszómák és a lizoszómák fejlődéséért felelős. Az endoszómák érése során a felületükön lévő Rab5 fokozatosan Rab7-re cserélődik. Ezt a Rab5 effektoraként működő Mon1-Ccz1 heterodimer komplex végzi, mely GEF-ként funkcionálva aktiválja a Rab7-et, így segítve a korai endoszómák későivé alakulását. A Rab7-et és a Mon1-Ccz1 komplexet együttesen Rab7-modulnak nevezzük.

A Mon1 szerepét az endoszóma-lizoszóma és autofagoszóma-lizoszóma fúzió során élesztőben leírták, azonban egy tavalyi publikáció szerint a Drosophila homológ a sejtek önlebontó folyamatához, az autofágiához nem szükséges. A szakirodalom alapján a Rab5 és az autofágia kapcsolata szintén ellentmondásos, ezért célul tűztem ki ezen gének autofágiában betöltött szerepének tisztázását Drosophilában.

Vizsgálataim során kimutattam, hogy a Rab7-modul tagjainak hiányában az autofagoszóma-lizoszóma fúzió gátolt. Így a funkcióvesztéses sejtekben az autolizoszómák száma nagymértékben lecsökkent és felhalmozódtak az autofagoszómák. Az autofágia révén lebomló p62 és lipidált Atg8a is felhalmozódott a mutánsokban.

Ezzel szemben a Rab5 mutáns sejtekben nagyméretű lizoszómákat figyeltem meg, viszont nem voltak pozitívak az autofág struktúrákat jelölő mCherry-Atg8a riporterre. Episztázis-analízissel megállapítottam, hogy a Rab5, Mon1 kettősmutáns sejtek a Mon1 mutánsokhoz hasonló autofág fenotípust mutatnak, azaz a nagyméretű lizoszómák eltűntek belőlük és az autofagoszómák felhalmozódtak. Ez azt jelenti, hogy a Rab5 mutáns sejtekben éheztetés hatására valóban autolizoszómák jelennek meg.

Az mCherry-Atg8a pozitív struktúrák hiánya arra utal, hogy a Rab5 hiányában esetleg sérülhet az Atg8a-függő szelektív autofágia. Ezt az a vizsgálatunk is megerősítette, mely során a Rab5 mutáns sejtekben a GFP-p62 riporter felhalmozódását tapasztaltuk.

Muslicában tehát az endocitózist szabályozó Rab-ok közül a Rab5-nek alapvető szerepe van a szelektív autofágiában az Atg8a-pozitív struktúrák kialakulása során, ugyanakkor nem szükséges az éhezés indukálta nem-szelektív autofág lebontáshoz. Ezzel szemben a Rab7 modul tagjainak az autofágia egy későbbi lépésében, az autofagoszóma-lizoszóma fúzióban van szerepe.

MOLBI2-2

BARÁTH VERONIKA
kémia
BSc, 5. félév
Pannon Egyetem
Mérnöki Kar

Témavezető:
Dr. Vonderviszt Ferenc
egyetemi tanár, PE MIK

A flagelláris exportszignál meghatározó szegmenseinek azonosítása

A szalmonella baktérium folyékony közegben a flagellum nevű mozgásszervvel halad előre. Ez a komplex molekuláris gépezet morfológiailag három fő részre osztható: a bazális testre, a kampóra és a filamentumra. A bazális testben található nanomotor a filamentumokat propellerként forgatja. Az 5-20 µm hosszúságú filamentumokat felépítő flagellin fehérjék a citoplazmában szintetizálódnak, majd a III-as típusú flagelláris exportrendszer segítségével, a filamentum belső csatornáján végighaladva jutnak el beépülési helyükre, a filamentum végére.

Az exportrendszer működésének alapja, hogy egy vízoldékony fehérjékből felépülő komplexum felismeri a flagellin fehérjék N-terminális régióján található export-szignált, és a membránkapuhoz viszi, míg a flagellin legalább részben szétnyílik. Ez után ATP hidrolízisből és a belső membrán két oldala között fellépő protonkoncentráció-különbségből energiát nyerve az exportrendszer membránba ágyazott komponensei a sejten kívülre transzportálják a fehérjéket. Korábbi kutatások során a flagellin 26. aminosavától a 47.-ig tartó szegmensét azonosították, mint az export-szignál helyét. Ezen rövid szakasz egyes részeinek jelentősége még nem ismert.

Kutatásom célja az volt, hogy módosított export-szignálok hatását vizsgáljam a fehérje-transzportra. Dolgozatomban az export-szignálnak egy az N- és egy a C- terminális végén öt aminosavval megrövidített módosulatát tanulmányoztam (ESΔ26-30-GFP és ESΔ43-47-GFP), és hasonlítottam össze az eredeti export-szignál hatékonyságával.

Azt, hogy az export-szignál módosulatok milyen hatékonyan juttatták ki a fehérjét a felülúszóba gélelektroforézissel és fluorimetriás méréssel vizsgáltam. Utóbbit a plazmidba az export-szignált kódoló gén mögé elhelyezett GFP-t (green fluorescent protein) kódoló szakasz tette lehetővé.

Fluorimetriás mérésekkel vizsgáltam, hogy az egyes export-szignál módosulatok esetében a termelt fehérje hányad része exportálódott sikeresen, és mennyi maradt a sejtekben. Ezeket az adatokat összevetettem a módosítatlan export-szignállal végzett mérésekkel, így következtethettem a szakasz szerepére.

Megállapítottam, hogy a Δ43-47 módosítás jelentősen befolyásolta az exportot, a Δ26-30 csak kisebb változást okozott. Ezzel egy lépessel közelebb kerülhetünk a flagelláris export-szignál működésének megértéséhez, és hatékonyabb felhasználásához a citoplazmában termeltetett fehérjék sejten kívül juttatására.

Munkámat az OTKA K104726 pályázat támogatásával végezhettem.

MOLBI2-3

KOLTAI ANDRÁS
Vegyész MSc.
MSc, 1. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Perczel András
egyetemi tanár, ELTE TTK

Diszulfidhíd-stabilizált Trp-kalitka minifehérjék vizsgálata NMR spektroszkópiával

Kutatócsoportunk a közelmúltban elsőként tervezett és állított elő olyan Trp-kalitka minifehérjéket, melyekbe a belső mozgékonyság redukálása és a szerkezet stabilizálása céljából diszulfidhíd került beépítésre.

Munkám során a diszulfidhíd szerkezetstabilizáló hatását, illetve a diszulfidhíd redukciójának hatására bekövetkező szerkezeti és dinamikai változásokat vizsgáltam NMR spektroszkópiával.

A H5 minifehérje szerkezetének stabilizálása céljából, a konformáció megtartásával diszulfidhíd került beépítésre, ami várakozásunknak megfelelően stabilizálta a szerkezetet. Meglepő módon a diszulfidhíd redukciójával nem kaptuk vissza az eredeti H5 szerkezetét, hanem annál valamivel stabilabb molekulához jutottunk.

Ennek további tanulmányozása céljából a már alacsony hőmérsékleten is igen erősen destabilizált H2-be is diszulfidhidat építettünk be. A szerkezet, amit kaptunk, minimálisan még a diszulfidhidat tartalmazó H5 származéknál is stabilabb.

A redukcióval kapott H2 származéktól azt vártuk, hogy a H2-höz hasonló, ám ezen várakozásunk nem teljesült, ugyanis annál lényegesen stabilabb, kompaktabb molekulához jutottunk.

A ciszteinek tehát a diszulfidhíd redukciója után is nagymértékben stabilizálják a szerkezetet.

MOLBI2-4

FÓTHI ÁBEL
Orvosi biotechnológia
MSc, 4. félév
Pázmány Péter Katolikus Egyetem
Információs Technológiai és Bionikai Kar

Témavezetők:
Dr. Orbán Tamás
tudományos főmunkatárs, MTA EI
Dr. Gáspári Zoltán
docens, PPKE ITK

Egy őssejtspecifikus mikroRNS klaszter, a C19MC expressziójának vizsgálata

A miRNS-ek rövid, 21-24 nukleotid hosszú szabályzó RNS-ek, amik a gének poszt-transzkripcionális szabályzásának finomhangolását végzik a cél mRNS-ek degradációját indukálva, vagy az arról történő transzláció gátlásával. Érési mechanizmusuk egy komplex folyamat, a transzkripciója során saját miRNS lokuszáról, vagy egy fehérjét kódoló gén intronikus szakaszáról képződő elsődleges átirat (pri-miRNS) kódolhat egyetlen miRNS-t, vagy akár egy miRNS klasztert is, amelyből a kanonikus útvonalon a Drosha/DGCR8 komplex, majd a Dicer enzim hasítja ki az érett miRNS-eket. Vizsgálataim központi elemei a humán embrionális őssejtekben expresszálódó miRNS-ek egy csoportja, nevezetesen a C19MC klaszter tagjai. A C19MC a legnagyobb humán miRNS klaszter, 46 hajtűkanyar szerkezetében 59 miRNS-t kódol. Irodalmi adatok szerint ez a 100kb hosszú szakasz egyetlen pri-miRNS-ként egyben íródik át.

Taq Man Low Density Array (TLDA) technológiát alkalmazva humán embrionális őssejtekben (HuES9) sikeresen validáltam a C19MC őssejtspecifikus expresszióját. A klasztert alkotó miRNS-ek expressziós értékei között azonban a vártnál nagyobb eltéréseket találtam, ami arra utal, hogy expressziós szabályozásuk már a transzkripcó szintjén is eltérő.

Az ENCODE projektből származó Chip-seq adatok is megerősítik ezt az elméletet. A klaszter előtt és azon belül több transzkripciós faktor kötőhely is van, köztük Nanog és CTCF kötőhelyek is. Továbbá a klaszter promótere előtt elhelyezkedő CpG szigetek és a klaszteren belüli repetitív szekvenciák a differenciáció során metilálódnak. Elméletem szerint a CTCF képes a klaszter metiláltsági állapotát befolyásolni, ami rövidebb pri-miRNS formák képződéséhez, és a miRNS-ek eltérő expressziós szintjeihez vezet.

Hipotézisem kísérletes validálásához a C19MC pri-miRNS-ére specifikus SYBR Green primereket terveztem. Ezzel a módszerrel a klaszter különböző részein, különböző pri-miRNS expressziós szinteket mértem, továbbá ezek a szintek a differenciáció során különbözőképpen változtak. Ebből arra következtetek, hogy nem csak egy hosszú pri-miRNS, hanem bizonyos estekben több rövidebb pri-miRNS is átíródik a klaszterről, és ezek transzkripciója eltérőképpen szabályzódik.

Rákos jellegű sejtvonalak egy részében őssejtspecifikus transzkripciós faktorok és miRNS-ek, köztük a C19MC tagjai is expresszálódnak. Ez alapján lehetséges, hogy az őssejtekben vizsgált szabályzó rendszer ezekben a sejtekben is jelen van. Ez a feltételezés későbbi vizsgálatok alapja lehet.

MOLBI2-5

SZÜCS MIHÁLY
Molekuláris Bionika
BSc, 6. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:
Dr. Szegletes Zsolt
tudományos munkatárs, MTA SZBK

Fehérje-fehérje kölcsönhatások vizsgálata atomerő-mikroszkóppal

A fehérjék között fellépő kölcsönhatásoknak létfontosságú élettani szerepük van; meghatároznak sejt-sejt kapcsolatokat, immunreakciókat, citoszkeletális hálózatokat, valamint sok más, élő szervezetben előforduló folyamatot és struktúrát.

A kölcsönható fehérjék között ébredő erők mérésére több módszer is létezik, mint például az általunk is használt atomerő-spektroszkópia. Mérésünk egy standardizációs folyamat része, ami azt tűzte ki célul, hogy az ilyen módszerrel végzett erőmérések eredményeinek összehasonlításával egységesíti, összehasonlíthatóvá teszi a fehérje-fehérje kölcsönhatásokat vizsgáló méréseket.

A kísérletek során egy, már jól ismert antigén-antitest pár, a humán β2 mikroglobulin, valamint az ellene egérben termelt antitest (anti-β2m) között létrejövő adhézió paramétereit vizsgáltunk. Méréseink során a fehérjék között kialakult kötések elszakadásakor ébredő erőket detektáltuk, ezekből számoltuk ki a kötésre jellemző paramétereket. Eredményeinket statisztikai módszerekkel értékeltük, valamint vizsgáltuk a Bell-Evans modell teljesülését. A kapott értékek hozzávetőleges egyezést mutattak a szakirodalomban fellelhető adatokkal.

MOLBI2-6

BALOGH GERGŐ MIHÁLY
biológia
BSc, 5. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:
Dr. Szabados László
tudományos tanácsadó, MTA SZBK

Lepidium cDNS-könyvtárral transzformált *Arabidopsis* növények ozmotikus toleranciájának vizsgálata

Manapság egyre nagyobb problémát jelentenek a mezőgazdaság számára a gyakran előforduló aszályos időszakok, valamint a földművelés alá vont területek elszikesedése. Ezen tényezők mind ozmotikus stresszként hatnak a növényekre. A fenti problémák felfedezése óta folynak törekvések arra nézve, hogy megértsük az ilyen, magas sótartalmú, valamint alacsony vízellátottságú élőhelyeken előforduló őshonos fajok túlélési stratégiáit. A halofiták vizsgálatának új lendületet adott a modern molekuláris biológiai módszerek széleskörű elterjedése, ezáltal pontosabban felderíthetővé vált a stressztolerancia genetikai háttere.

Csoportunkban néhány éve készült el egy hazánk szoloncsák szikesein élő sótűrő növény, a sziki zsázsa (*Lepidium crassifolium*) cDNS-könyvtára. A rendszer különlegessége az, hogy ösztradiol segítségével indukálható, így az *Agrobacterium*-alapú transzformációval lúdfűbe bevitt gének kifejeződése szabályozhatóvá válik.

Munkám során négy, már *Arabidopsis*ba transzformált vonalat teszteltem. Mivel a különböző stresszhatások jelentős részben érintik a növény fotoszintetikus apparátusát is, ezért a fényfeldolgozó rendszer épségéből következtethetünk az egyed ellenálló-képességére. A vizsgálatokat megkönnyítendő IMAGING-PAM fluorometriás rendszerrel dolgoztam, mellyel egyszerre több növényt vizsgálva összehasonlítható képet kaptam az egyes vonalak és a kontroll Columbia közötti különbségekről.

MOLBI2-7

VADÁSZI HENRIETTA
Biológus
MSc, 1. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
Biri Beáta
PhD hallgató, ELTE TTK
Dr. Nyitray László
egyetemi tanár, ELTE TTK

Metasztázis-asszociált ezrin és S100A4 fehérjék kölcsönhatásának jellemzése

Az ezrin az ERM (ezrin, radixin, moezin) családhoz tartozó adapter fehérje, kapcsolatot teremt az F-aktin és a sejtmembrán között, ezáltal részt vesz az epitél sejtek kortikális aktin sejtvázának szervezésében. Az ezrin N-és C-terminálisa közötti intramolekuláris kölcsönhatás inaktív konformációt alakít ki, lefedve a fehérje kötőhelyeket. Aktív formában az ezrin N-terminális doménje membrán fehérjékhez köthet, míg C-terminális doménjén található az F-aktin kötőhely. Az ezrin számos tumoros sejt esetén túltermelődik, valamint feltehetőleg részt vesz a metasztázisok képződésében.

Az S100A4 a Ca2+-kötő EF-kéz motívummal rendelkező S100 család tagja, szintén összefüggésbe hozható a másodlagos tumorok keletkezésével. Az S100A4, az ezrinhez hasonló módon, részt vesz a sejtváz szervezésében, szabályozza a sejtmotilitást a nem-izom miozin IIA-val való kölcsönhatása révén.

Az ezrin és S100A4 fehérjék közti kötődés kimutatását ELISA és pull-down technikával végeztük. A kölcsönhatás disszociációs állandójának meghatározásához triptofán fluoreszcencia mérést alkalmaztunk. A kötődést tumoros sejtvonalon is bizonyítottuk, A431 epiteliális karcinóma sejteken végzett kolokalizációs kísérlettel. Az A431 sejteket mCherry fluoreszcens fehérjével fuzionált vadtípusú vagy mutáns S100A4-et kódoló plazmiddal transzfektáltuk, az endogén módon expresszált ezrint immunfestéssel jelöltük. Az ezrin és S100A4 fehérjék a metasztázis kialakulásához köthetőek, az interakciójuk jellemzésével új kezelési lehetőségekre nyílhat lehetőség a jövőben.

MOLBI2-8

IVITZ ESZTER VIRÁG
Biológia
MSc, 12. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:
Dr. Pákáski Magdolna
tudományos főmunkatárs, SZTE ÁOK
Dr. Kálmán János
egyetemi tanár, SZTE ÁOK

Stressz hatásának vizsgálata az epilepszia molekuláris szabályozásában vad típusú és Alzheimer-modell egértörzsekben

Az Alzheimer-kór (AK) és epilepszia közötti kapcsolatot epidemiológiai, genetikai, neuropatológiai vizsgálatok igazolták. Mindkét kórállapot kialakításában bizonyított a stressz szerepe. Az asztrociták által expresszált adenozin-kináz (ADK), valamint az ionotróp glutamát receptor NMDA-1 alegysége, a GRIN1 kulcsfontosságúak az epilepsziás roham propagációjában. Célunk a stressz epilepsziás görcsaktivitásban betöltött szerepének, így az ADK és a GRIN1 immobilizációs stressz (IS) által indukált génexpresszió változásainak nyomonkövetése volt AK transzgén és vad típusú egerekben.

Vizsgálatainkhoz vad típusú (VT) C57BL/6J egértörzset és az AK transzgén egér modelljét, az amiloid prekurzor protein és presenilin gén mutációját hordozó dupla transzgén állatokat használtunk. Akut (3 nap) és krónikus (7, 14, 21 nap) IS-t követően, az állatok hippokampuszából (HC) és prefrontális kortexéből (PFC) teljes mRNS transzkriptomot izoláltunk. Az ADK és GRIN1 expresszióját qPCR technikával vizsgáltuk. A relatív génexpressziót GAPDH-ra normalizáltuk. Eredményeink kiértékelését 2-ΔΔCT módszer segítségével végeztük.

A VT egerekben szignifikáns expresszió változás nem következett be egyik vizsgált agyi régióban sem. Stressz hatására a transzgén állatok PFC-ében az ADK expressziója mindegyik vizsgált időpontban szignifikáns emelkedést mutatott. A GRIN1 mRNS expresszió tekintetében ellentétes irányú változás volt megfigyelhető: az AK transzgén egerek HC-ában 1 hetes IS-t követően, a PFC-ben 3 és 14 napos stresszt követően csökkent a GRIN1 transzkripció szignifikáns mértékben.

Vizsgálatunk alapján megállapítható, hogy az AK transzgén egérmodell stressz érzékenysége kifejezettebb a VT egerekéhez képest a görcsaktivitást szabályozó génexpresszió tekintetében. Az IS-re adott stresszválasz régió-specifitást mutat, legérzékenyebb a transzgén állatok PFC területe volt. Az AK transzgén egerekben megfigyelt stressz-indukált ADK mRNS expresszió emelkedés a genetikai és környezeti hatások együttes szerepét feltételezi az epileptiform roham indukciójában.

MOLBI2-9

KRAUSZ SARAH LAURA
Biológus
MSc, 3. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
Tóth Eszter
tudományos segédmunkatárs, MTA EI
Tálas András
PhD hallgató, MTA EI
Dr. Welker Ervin
tudományos tanácsadó, MTA EI

.

Véletlenszerű integráció hatékony csökkentése CRISPR/Cas9 rendszerrel

A CRISPR/Cas9 (clustered, regularly interspaced, short palindromic repeats associated protein) rendszer a prokarióták "adaptív" immunrendszere: RNS templát alapján egy nukleáz aktivitással rendelkező fehérje szekvenciaspecifikusan felismeri és hasítja a baktériumba bekerülő idegen DNS molekulákat. A rendszer előnye az eddig használt DNS módosító módszerekhez képest, hogy a nukleáz szekvenciaspecificitása a templátul szolgáló RNS molekula segítségével gyorsan és egyszerűen módosítható. Ez a rendszer nagyszerű lehetőséget nyújt különböző sejtvonalak és organizmusok genetikai módosítására. A célzottan létrehozott DNS kettős törésekkel homológ rekombinációs események indukálhatóak, és az előre megtervezett donor molekulával a megfelelő transzgén bejuttatható a genom egy előre kiválasztott helyére. A bejuttatott donor DNS molekula azonban bizonyos eséllyel véletlenszerű integrációval is beépülhet a genomba, mely csökkenti a célzott bejuttatás specificitását.

Tudományos Diákköri munkám célja, hogy csökkentsem a véletlenszerű integrációs események megtörténtét.

NEUROBI-1

CSIKOTA PÉTER
Biológia
BSc, 3. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Zelena Dóra
tudományos főmunkatárs, MTA KOKI

A hipotalamusz paraventrikuláris magjából felszabaduló vazopresszin szerepe a stressz-indukálta viselkedésben

Az arginin-vazopresszin (AVP) fontos szabályozója a stressz-tengely működésének és szerepet játszik a szorongás és depresszió kialakulásában is. Célunk a hipotalamusz paraventrikuláris magjából (PVN) felszabaduló AVP szerepének tanulmányozása a stresszválaszra és a magatartásra AVP-hiányos Brattleboro patkányok felhasználásával. Az AVP hiánya csökkenti a stresszre adott válaszreakciót és a depresszió-szerű viselkedés intenzitását. Amennyiben a PVN-ből ürülő AVP felelős ezért, akkor AVP-t kódoló adeno-asszociált vírus (AAV) vektort fecskendezve az AVP hiányos állatok kétoldali PVN-jébe a zavart működés helyreáll. A stresszhormonok szintjének változásait hipertóniás sóoldat beadását követően vizsgáltuk. Az általános mozgékonyság vizsgálatára nyílttér teszt; a rövidtávú memória felmérésére tárgyfelismerés; a szorongás megítélésére gyöngytemetés, míg a depresszió-szerű viselkedés tanulmányozására a kényszeres úszás teszt szolgált. A PVN AVP szekréciójának helyreállítása csökkenő vízfogyasztást és súlygyarapodást eredményezett. Az AVP-kezelt csoportban a csökkent adrenokortikotropin-szint és a memóriazavar helyreállt, az AVP-hiányos állatokkal összehasonlítva pedig csökkent a fokozott küzdelem az úszásteszt során. A szorongást és a kortikoszteron-szintet illetően nem mutatkozott változás. Mindebből arra következtethetünk, hogy a PVN-ből származó AVP stimulálja az ACTH szekréciót, és hatással van a depresszió-szerű viselkedés és a memória kialakulására is.

NEUROBI-2

VARGA ZOLTÁN KRISTÓF
Biológus
MSc, 9. félév
Szent István Egyetem
Állatorvos-tudományi Kar

Témavezetők:
Dr. Haller József
osztályvezető, MTA KOKI
Dr. Aliczki Manó
tudományos munkatárs, MTA KOKI
Dr. Fülöp Dávid
tudományos munkatárs, SZIE ÁOTK

A kannabinoidok szerepe a szociális kihívásokra adott válaszreakciók szabályozásában

Korábbi eredmények szerint az endokannabinoid jelátvitel részt vesz a szociális viselkedés, elsősorban az agresszió szabályozásában, azonban a szabályozószerep részletei ezidáig tisztázatlanok maradtak. Ennek oka feltételezhetően a kérdéskör tisztázására alkalmazott farmakológiai manipulációk számos nem-specifikus hatása, mely nem teszi lehetővé a hatásmechanizmusok pontos feltárását.

Munkánk során egy az eddigieknél specifikusabb megközelítést alkalmazva manipuláltuk az endokannabinoid jelátvitelt. A JZL184 ágenssel blokkoltuk hím CD1 egerekben a monoacilglicerollipázt, a 2-arachidonoil-glicerol (2-AG) endokannabinoid bontóenzimét, ezzel feldúsítva a 2-AG-t, serkentve annak jelátvitelét, majd vizsgáltuk ennek agresszióra gyakorolt hatásait a rezidens-betolakodó tesztben. Mivel korábbi tanulmányokban a kezelés magatartási hatásai erősen függtek a kísérleti kontextustól, azt mind rezidens, mind betolakodó állatokon megvizsgáltuk. Továbbá vizsgáltuk a kezelés stressz reaktivitásra gyakorolt hatásait a kortikoszteronszint mérésével, és ezen hatások összefüggéseit a potenciális magatartási változásokkal, valamint a hatások potenciális függését az 1-es típusú kannabinoid receptortól (CB1), ugyanis a fokozott 2-AG jelátvitel eddigi ismereteink szerint ezen a receptoron keresztül alakítja ki magatartási és élettani hatásait.

A JZL184 kezelés a kísérleti kontextustól függetlenül, rezidens és betolakodó állatokban is drasztikusan csökkentette az agresszivitást, valamint utóbbiak esetében fokozta a stressz-reaktivitást. A megfigyelt agresszió-csökkentő hatások függetlenek voltak az endokrin változásoktól és a CB1 receptor aktivitástól.

Összefoglalva, a 2-AG az agresszív magatartás erős negatív modulátorának bizonyult. Mivel az itt megfigyelt hatásokat a kísérleti kontextus kevésbé befolyásolta, szemben a korábban leírt nem-szociális viselkedésre gyakorolt hatásokkal feltételezhetően a 2-AG a szociális viselkedés szabályozásában erőteljes, specifikus szerepet tölt be. Továbbá tisztáztuk, hogy a hatások direkt módon, a stressz-választól függetlenül, egy feltételezhetően eddig ismeretlen, CB1 receptor aktivitástól független mechanizmuson keresztül valósulnak meg.

NEUROBI-3

BRUZSIK BÍBORKA
Biológus
MSc, 1. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Haller József
osztályvezető, MTA KOKI

A laterális hypothalamust célzó prefrontális kérgi projekciók agresszióban betöltött szerepének optogenetikai vizsgálata

A prefrontális kéreg (PFC) kiemelkedően fontos az agresszív viselkedés szabályozásában. A terület ingerlése csökkenti, míg sérülése emberben és állatokban egyaránt növeli az agressziót. Az abnormális agresszióval társuló kórképeknél gyakran megfigyelhető a PFC alulműködése, viszont paradox módon agresszív viselkedés során a terület fokozottan aktiválódik. Kutatásunk célja annak kiderítése volt, hogy az agresszió kiváltásában fontos szerepet játszó laterális hypothalamusba (LH) vetítő PFC axonok fokozott tüzelése miként befolyásolja az agressziót. Ehhez retrográd pályajelöléssel igazoltuk a PFC és a LH közötti anatómiai kapcsolatot patkány agyban, melynek funkcionális jelentőségét optogenetikai módszerrel vizsgáltuk. A LH-ban a PFC-ből érkező channelrhodopsint kifejező axonokat szelektíven fotostimuláltuk agresszív interakció során. Az ingerlés a nem-agresszív magatartásformákat, valamint a harapások mennyiségét nem befolyásolta, azonban az állatok támadásai abnormális jelleget mutattak, mivel a fajspecifikus szabályok áthágásával a támadások főként az ellenfél sérülékeny testrészeire (fej, torok, has) irányultak a megszokott szociális jelzések hiánya mellett. Eredményeink arra utalnak, hogy a PFC szerepe az agresszió szabályozásában összetett, a LH-n keresztül meghatározza az agresszió minőségi jellemzőit, a támadás mintázatát, illetve kóros esetben a LH-ba vetítő sejtcsoportok fokozott aktivációja felelős lehet az abnormális agresszió megnyilvánulásáért.

NEUROBI-4

MATUSKA RITA
biológia
MSc, 3. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Tóth Zsuzsanna
tudományos főmunkatárs, SE ÁOK

A neuronális plaszticitás példája az arcuatus magban éhezés során

A táplálékfelvétel szabályozás elsődleges központja a hypothalamus nucleus arcuatusa, mely a harmadik agykamra ventrális részén, az eminentia medianatól (EM) dorsolateralisan található. A magban lateralisan táplálékfelvételt csökkentő anorexigén (α-melanocyta stimuláló hormon (α-MSH), cocaine and amphetamine related peptide (CART)) medialisan ellenkező hatású, orexigén (neuropeptide-Y (NPY), agouti-related peptide (AgRP)) neuropeptideket termelő sejteket találni, ezen sejtcsoportok egymás működését gátolják. Az ARC mag kapcsolatban van másodlagos táplálékfelvételt szabályozó központokkal (paraventrikuláris mag, laterális hipotalamikus area), melyek szintén orexigén, illetve anorexigén sejtcsoportokat tartalmaznak. Az EM fenesztrált endotélsejtekkel rendelkező, vér-agy gáton kívüli terület, ahol lehetőség van a periféria és az agyszövet közötti szabad kommunikációra. A liquor felé az áramlást a kamrát bélelő tanycyták közti zonula occludensek (ZO) gátolják. Éhezés során a fenesztráltság kiterjed ARC mag területére, a vér-agy gát megnyílik a mag medialis része felé, míg a liquor felé -a tanycytákban végbemenő génexpressziós változások hatására- a ZO zárása kiterjed a kamrafalban. Kutatásaim során egy anorexigén neuropeptid a nesfatin expresszióját tanulmányoztam immunhisztokémiával az arcuatus magban kontroll és 1,3,5 napig éheztetett patkányokban, ezen időtartamok különböző éhezési stádiumoknak felelnek meg. Megvizsgáltam az intracerebroventricularisan (icv) beadott nesfatin (25pmol) hatását is a sejtaktivációra (c-Fos pozitivitás). Kontroll állatokban a nesfatin az arcuatus mag lateralis részében expresszálódott, ahol jelentős mértékben tartalmazták a szintén anorexigén α-MSH termelő neuronok. Öt napos éhezés után (ez a második éhezési stádium végének felel meg, mely során a szervezet alacsonyabb energiaszintre áll be, ezt vizsgálatainkban az állatok alacsonyabb vércukorszintje is tükrözi) nesfatint expresszáló sejtek az arcuatus mag mediális részében is láthatóvá váltak, megjelenésük egy időpontra esett a tanycyták aktiválódásának maximumával. Az L-MSH-t expresszáló sejtek ugyanakkor eltűntek. Az ICV nesfatin hatására a harmadik kamra ependymájának tanycytái erősen aktiválódtak. A nesfatin expresszió megjelenését az arcuatus mag medialis részében valószínűleg a fellazult vér-agy gát indukálja. Tanycyta aktiváló hatása alapján a nesfatin szerepet játszhat a liquor-tér felé való zárásban, vagy egyéb a tanycytákon keresztül zajló kommunikációban.

NEUROBI-5

MISKOLCZI CHRISTINA
Biológia
BSc, 7. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Mikics Éva
tudományos főmunkatárs, MTA KOKI

A szociális izoláció okozta abnormális agresszió etológiai jellemzése és a háttérben álló idegrendszeri mechanizmusok vizsgálata patkányokban

A gyermekkori szociális zavarok felnőttkorban gyakran az agresszió kóros megnyilvánulási formáihoz vezetnek. Ennek vizsgálatára kifejlesztettünk egy olyan állatmodellt, amelyben patkányokat az anyától való elválasztást követően szociálisan izolálunk, ami mennyiségileg és minőségileg is mérhető abnormális agresszióformák megnyilvánulásához vezet felnőttkorban. Ez felnőttkori, több hetes reszocializáció hatására sem szűnik meg. Eredményeink szerint ezt a fajta abnormális agresszióformát a mediális prefrontális kéreg és a mediális amygdala túlzott aktivációja kíséri. E két agyterületben vizsgáltam az agresszió szabályozásában kulcsszerepet játszó szerotonerg rendszer egyes elemeinek - a szerotonin metabolizáló enzim MAOA, a szerotonin1a és szerotonin1b receptornak az mRNS expresszióját, amelyekben a szociális depriváció hatására szignifikáns, a magatartással korreláló változások következtek be. A szerotonin1a receptor parciális agonista buspiron szignifikáns mértékben, dózisfüggő módon csökkentette az agressziót. A szerotonin-újrafelvételt gátló fluoxetin a szociális izoláció okozta kóros agresszió mértékét lecsökkentette, de csak abban az esetben, ha az izolált patkányok egy csoportba helyezve lehetőséget kaptak a normális viselkedés újratanulására. Eredményeim hozzájárulhatnak a vizsgált agyterületek és a szerotonerg rendszer közti összefüggések megértéséhez a gyermekkori elhanyagolás következtében kialakult felnőttkori kóros agresszív viselkedésben.

NEUROBI-6

SPEKKER ELEONÓRA
Biológia
MSc, 10. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:
Dr. Párdutz Árpád
docens, SZTE ÁOK
Nagy-Grócz Gábor
PhD hallgató, SZTE ÁOK

Az endokannabinoid rendszer modulálása a migrén nitroglicerin indukálta állatkísérletes modelljében

A migrén súlyos tüneteket okozó primer fejfájásbetegség, melynek pontos pathomechanizmusa az intenzív kutatások ellenére nem ismert, de a trigeminális rendszer szenzitizációja és aktivációja alapvető szerepet játszik a betegség kialakulásában.

A kannabinoid rendszernek fontos szerepe van a fájdalomérzésben és a szenzitizációs folyamatokban, ezáltal részt vehetnek a migrén pathomechanizmusában. Endogén kannabinoid receptor agonista az anandamid, vagy arachidonoil-etanolamid (AEA), amely állatkísérletekben hatásos fájdalomcsillapítónak bizonyult.

A nitrogén monoxid donor nitroglicerin (NTG) szisztémás adása az egyik humán migrén modellnek tekinthető, mert migrénesekben aura nélküli rohamot provokál. Állatkísérletekben igazolódott, hogy az NTG a caudalis trigeminalis mag másodlagos érző neuronjainak aktivációja mellett, képes ugyanitt a centralis szenzitizáció markerének tartott neuronális nitrogen-oxid-szintáz (nNOS)-expressziót emelni patkányban.

Jelen kísérletünkben azt vizsgáltuk, hogy az AEA-kezelés képes-e modulálni a NTG-indukálta nNOS-expresszió emelkedést.

Kísérletünkben hím patkányokat használtunk fel (n=24). Az állatokat négy csoportra osztottuk (placebo-kezelt, NTG-kezelt, placebo+AEA kezelt, NTG+AEA kezelt). Az első csoport állatai placebo (fiziológiás sóoldat), a második csoport állatai NTG (10 mg/kg) kezelést kaptak intraperitoneálisan (i.p.). A harmadik és negyedik csoport állatai i.p. AEA-kezelést (2x5 mg/kg) kaptak 30 perccel a placebo, vagy NTG kezelés előtt, majd 60 perccel utána. A placebo, vagy NTG kezelés után 4 órával az állatokat transzkardiálisan perfundáltuk, majd a cervikális gerincvelőt eltávolítottuk a nNOS-immunhisztokémiai festés céljából.

A korábbi eredményekhez hasonlóan a NTG képes volt szignifikánsan megemelni a nNOS-expressziót a másodlagos trigeminalis neuronokban, és ezt a változást az AEA kezelés modulálta a kannabinoid receptorokon keresztül.

Eredményeinket összegezve elmondhatjuk, hogy az AEA képes csökkenteni az NTG okozta trigeminális rendszer aktivációt és szenzitizációt a másodlagos érző neuronok szintjén. Ezek alapján az endogén kannabinoidok talán terápiás lehetőséget nyújthatnak a migrénes fejfájás kezelésében.

NEUROBI-7

MOLNÁR KINGA
Biológia
BSc, 8. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:
Dr. Bencsik Krisztina
docens, SZTE ÁOK

Kemokinek szerepe sclerosis multiplexben: A CCR5Δ32 vizsgálata

A sclerosis multiplex (SM) egy krónikus, progresszív neurodegeneratív megbetegedés, mely a neuronok vezetőképességének megváltozásával jár. Szokatlanul nagy klinikai és patológiai heterogenitást mutat, ebből kifolyólag a pontos pathomechanizmusa sem ismert.

Autoimmun betegség lévén az SM-ben meghatározó funkciót látnak el a citokinek. A mielinhüvelyt károsító autoagresszív T-sejtek kemokinekkel kommunikálnak egymással, ezen molekulák felelősek a leukociták gyulladás helyére történő irányításáért. A vér-agy gát sérülése során a mononukleáris sejtek bejutnak a központi idegrendszer területére. Az agyi neuronok és a mikrogliák sejtfelszínükön CC-kemokin receptor 5-öt (CCR5) expresszálnak, másrészről ligandja, a CCL5 nagy mennyiségben felszabadul a betegek cerebrospinális folyadékában és a léziók környékén. Receptor polimorfizmusait számos országban vizsgálták, a CCR5 génjében bekövetkező 32 bázispáros deléció betegségben betöltött szerepéről azonban változatos eredményű közlemények jelentek meg. Néhány publikáció mint lehetséges rizikó faktor említi, más források protektív faktorként írnak róla, illetve születtek olyan eredmények is, ahol nem találtak összefüggést a deléció és a betegség között.

Vizsgálataink során 428 SM beteg és 831 egészséges kontroll személy DNS mintáin Taqman próbás allél diszkriminációs tesztet végeztünk. Eredményeinket az SPSS 20.0 program segítségével statisztikai elemzés alá vetettük.

Nem tapasztaltunk szignifikáns eltérést a genotípus ($p=0,568$) és allél gyakoriságokban ($p=0,525$) a beteg és a kontroll csoport között, továbbá a deléció megléte nem befolyásolta az EDDS pontszámot vagy a betegségkezdetet. Környezeti tényezők, mint a dohányzás, alkoholfogyasztás és a testtömeg-index kombinált vizsgálatban a delécios és a vad alléllal sem befolyásolta a betegségkezdetet vagy az EDSS pontszámot.

Az eredmények tükrében kijelenthető, hogy a CCR5Δ32 nem játszik szerepet az SM pathomechanizmusában, sem rizikó faktorként, sem protektív tényezőként nem jellemezhető.

NEUROBI-8

BÜKI ALEXANDRA
Biológia
MSc, 10. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:
Dr. Párdutz Árpád
docens, SZTE ÁOK
Fejes-Szabó Annamária
tudományos segédmunkatárs, SZTE ÁOK

Kinurénsav analóg moduláló hatásának vizsgálata orofaciális formalin tesztben

A fejfájások patomechanizmusában a trigeminális rendszer és annak aktiválódása kiemelkedő szerepet játszik, melyben részt vesznek a glutamát és az α7-nikotinos acetilkolin (α7-nACh) receptorok.

A trigeminális szomatikus fájdalom vizsgálatára az egyik legalkalmasabb állatkísérletes modell az orofaciális formalin teszt, amelyben a bajuszpárnába fecskendezett szubkután formalin lokális gyulladáshoz és a trigeminális rendszer aktiválódásához vezet. A formalin hatására a patkányokban kétfázisú nociceptív viselkedés alakul ki, amely az injektált bajuszpárna dörzsölésében nyilvánul meg és lehetővé teszi a fájdalom mértékének viselkedés alapú felmérését.

Vizsgálatainkban a triptofán anyagcsere során keletkező ionotróp glutamát és α7-nACh receptor antagonista kinurénsav (KYNA) egyik származékát, az SZR81-et alkalmaztuk, mely feltehetően a KYNA-hoz hasonló hatásspektrummal bír. Megvizsgáltuk az SZR81 esetleges moduláló hatását az orofaciális formalin tesztben kialakuló nociceptív magatartásra és a kaudális trigeminális magban (TNC) megfigyelhető neuronális aktivációra. Hím Sprague-Dawley patkányok(n=40) előkezelésként intraperitoneális placebo(fiziológiás sóoldat) vagy SZR81(1mmol/ testsúly kg) injekciót kaptak, amely után egy órával a jobb oldali bajuszpárnájukba szubkután 50µl placebot vagy 1,5%-os formalin oldatot injektáltunk. Az injektált területre irányuló dörzsöléssel eltöltött időt az orofaciális injekció beadását követően 45 percen keresztül monitoroztuk. Négy órával a szubkután injekció után az állatokat transzkardiálisan perfundáltuk és eltávolítottuk a TNC-t tartalmazó nyúltvelői szakaszt, amelyeken immunhisztokémiai módszerrel c-Fos festést végeztünk, hogy felmérjük a másodlagos trigeminális neuronok aktivitását.

Eredményeink azt mutatták, hogy a formalint kapott állatoknál a kialakult kétfázisú nociceptív viselkedésmintát az SZR81 előkezelés szignifikánsan csökkentette a második fázis alatt. Ezzel összhangban az SZR81 képes volt csökkenteni a formalin indukált c-Fos növekedést a TNC-ben.Az SZR81 antinociceptív hatásúnak bizonyult a kísérletünkben, és csökkentette a gyulladás által kiváltott neuronális aktivációt a TNC-ben. A jelenség alapja feltehetőleg a centrális és perifériás glutamát és α7-nACh receptorokon kialakuló antagonista hatás, melyet az SZR81 direkt módon, vagy KYNA-vá visszaalakulva indirekten hoz létre. Ezek alapján a KYNA származékok az eddigiektől eltérő támadáspontú vegyületekként szóba jöhetnek a fejfájások kezelésében.

NEUROBI-9

JÁNOSI BARBARA
Biológia
MSc, 3. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Gacsályi István
főosztályvezető-helyettes, EGIS Gyógyszergyár Zrt.

Kísérletesen létrehozott vaszkuláris demencia következtében kialakuló kognitív károsodások vizsgálata *in vivo* patkány modellekben

A vaszkuláris demencia az Alzheimer-kór után a második leggyakoribb oka az időskori demenciaként ismert működészavaroknak. Napjainkban a 65 év feletti korcsoport 5 százaléka érintett, azonban a várható élettartam növekedésével a növekvő öregedő populáció miatt egyre fontosabbá válik ez a kérdés (Jiwa és mtsai., 2010).

A betegség hátterében az esetek többségében agyi érelmeszesedés vagy "kisér-betegség" áll (Hachinski és mtsai., 2006).

Állatkísérletekben a vaszkuláris demencia krónikus agyi hipoperfúzió előidézésével modellezhető, amely a néhány éve kidolgozott módszer szerint a jobb oldali közös fejverőér elzárásával valósítható meg. Az ilyen műtéten átesett állatok motoros működésében, illetve térbeli munkamemóriájában nem jelentkezik károsodás (Yoshizaki és mtsai., 2008).

Ezen technika alkalmazásával a patkányokat megműtöttük, majd egy héttel később új tárgy felismerési teszt segítségével vizsgáltuk a kognitív változásokat. A műtött patkányok kognitív hanyatlást mutattak, amely szignifikánsnak bizonyult a tesztben. Kimutattuk, továbbá hogy az Alzheimer-kór terápiájában használatos donepezil és memantine (Korczyn és mtsai., 2012) gyógyszerek intraperitoneális adagolásával a kognitív romlás lényegében helyrehozható. Eredményeink az mutatják, hogy a kidolgozott eljárás jól modellezi a vaszkuláris demencia kognitív tüneteit, így alkalmas lehet potenciális gyógyszerjelöltek tesztelésére.

NEUROBI-10

VRAUKÓ VERONIKA
Molekuláris bionika
BSc, 7. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:
Dr. Párdutz Árpád
docens, SZTE ÁOK
Bohár Zsuzsanna
tudományos segédmunkatárs, MTA-SZTE

P2X7 receptor antagonista hatásának vizsgálata a formalin indukált gyulladásos fájdalommodellben

A migrén az egyik leggyakoribb neurológiai megbetegedés, mely a rohamok súlyossága miatt kiemelt jelentőségű. A betegség patomechanizmusával kapcsolatban számos elmélet született, ám egyik sem tudta a betegség minden tünetét magyarázni. A rohamok kapcsán valószínűsíthető a trigeminovascularis rendszer aktiválódása és szenzitizációja, mely utóbbi jelenség meghatározó a klinikum szempontjából.

Irodalmi adatok alapján a fájdalomérző rendszer szenzitizációs folyamataiban a purinreceptorok közé tartozó P2X7 receptor (P2X7R) meghatározó szerepet játszik, mivel aktivációja közvetetten növeli a neuronok excitabilitását, továbbá különböző gyulladáskeltő anyagok expresszálódását váltja ki, ezáltal kulcsszerepet játszik a fájdalom modulálásában.

Kísérletünk célja az volt, hogy megvizsgáljuk a P2X7R szelektív antagonista Coomassie Brilliant Blue G (BBG) esetleges moduláló hatását a trigeminális rendszer aktivációjának ill. szenzitizációjának egyik állatkísérletes modelljében a formalin indukált orofaciális gyulladásos fájdalom esetén.

Ehhez 52 db hím Sprague-Dawley patkányt használtunk fel. Az állatokat 2 csoportra osztottuk, az első csoport (n=26) fiziológiás sóoldatot kapott, míg a második (n=26) 50 mg/kg BBG-t előkezelésként iv. 110 perccel az injekció után egy 30X30X30 méretű tükrös dobozba helyeztük az állatokat 10 percre habituáció céljából. 10 perccel a szoktatás után mindkét csoport fele (n=13) szubkután 50 µl 1,5%-os formalin injekciót kapott a jobb oldali bajuszpárnájába, míg a másik fele (n=13) fiziológiás sóoldatot. Ezt követően visszahelyeztük az állatokat és mértük az oltott bajuszpárna oldal dörzsölésével eltöltött időt 45 percig. A viselkedésvizsgálatok után a patkányokat mély altatásban perfundáltuk, a caudalis trigeminalis magot (TNC) eltávolítottuk és metszeteket készítettünk a neuronális aktivitás markereként használt c-Fos immunhisztokémiai festése céljából.

Eredményeink azt mutatták, hogy BBG nem befolyásolta a formalin indukált nociceptív viselkedésmintát és nem volt képes kivédeni a formalin kezelés okozta ipsilateralis c-fos sejtszám emelkedést a TNC-ben.

Annak ellenére, hogy a BBG más fájdalom modellekben antinociceptív hatásúnak bizonyult, jelen kísérleteinkben ezt nem sikerült igazolni. Felvetődik, hogy a trigeminális nocicepcióban a P2X7R funkciója eltér az egyéb lokalizációjú fájdalomban játszott szerepétől.

NEUROBI-11

MADARÁSZ MIKLÓS
Biológus
MSc, 9. félév
Szent István Egyetem
Állatorvos-tudományi Kar

Témavezetők:
Dr. Rózsa Balázs
kutató, MTA-KOKI
Dr. Halasy Katalin
egyetemi tanár, SZIE ÁOTK

Saját fejlesztésű fotoaktív glutamát vegyületek dendritikus integráció méréséhez

A fotoaktív ketrec (cage) vegyületekhez, mint hordozókhoz, különböző molekulákat köthetünk, úgy, mint serkentő és gátló jelátvivő anyagokat, neurotranszmittereket és analógjaikat, melyek fény hatására gerjesztődnek, felszabadítva hasznos terhüket. Cage vegyületek kombinált használata két-foton mikroszkópos technikákkal lehetővé teszi az idegsejtek közötti gyors, lokalizált, illetve megfelelő tér-időbeli szinaptikus mintázatok reprodukálását in vitro és in vivo kísérletekben. A fent említett technológiával az idegsejtek dendritjeiben folyó jel-integrációs folyamatokat tudjuk tanulmányozni. A jelenleg széles körben alkalmazott és könnyen hozzáférhető mononitroindolinból származtatott glutamát caged vegyület (MNI-Glu) azonban több okból is a használhatóság határán van. Fotokémiai hatékonysága alacsony, illetve mint mesterséges molekula, hordoz magában nem-specifikus tulajdonságokat. Például a glutamát felszabadítás ellenére GABAA receptor blokkoló mellékhatása is van. Dolgozatomban bemutatok három új MNI-Glutamát - analóg cage vegyületet, melyeket biológiai kísérletekben teszteltem egér túlélő agyszeletekben. Az új vegyületek fotokémiai hatékonysága nagyobb, mint a forgalomban kapható MNI-Glu-é, melynek köszönhetően kevesebb gerjesztési energia szükséges ugyanannyi neurotranszmitter felszabadításához. A jobb fotokémiai hatékonyság mellett azonban nagyobb lett a spontán hidrolízis aránya is. A spontán hidrolízis során keletkező glutamát megemeli a szabad glutamát koncentrációját az extracelluláris térben, melyet a sejtek saját glutamát felvételükkel tartanak egyensúlyban. Az egyensúly kibillenése az NMDA receptorokon keresztül befolyásolja az idegsejt aktivitást és a dendrit szintű jel-integrációt. Ennek kiküszöböléséhez kifejlesztettünk egy újszerű enzimatikus lebontási módszert, amely során glutamát-dehidrogenáz enzim és a működéséhez szükséges koenzim, $NADP^+$ hozzáadásával kontroll szintre csökkentettük a szabad glutamát koncentrációt. Az enzimatikus bontás használatával lehetségessé vált a jobb fotokémiai hatékonyságú vegyületek alkalmazása idegélettani kísérletekben. A három új vegyület közül a dinitroindolinból származtatott DNI-Glu•TFA 7.2-szer nagyobb fotokémiai hatékonysággal rendelkezik, mint az MNI-Glu•TFA, illetve kísérleteinkben GABAA receptor blokkoló hatása szignifikánsan kisebb volt.

NEUROFIZ-1

NAGY LILI VERONIKA
Biológia
BSc, 7. félév
Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
Dr. Hernádi István
docens, PTE TTK
Bali Zsolt
PhD hallgató, PTE TTK

A dopaminerg neurotranszmisszió *in vivo* voltammetriás vizsgálata emlős agyban

A dopaminerg neurotranszmisszió *in vivo* voltammetriás vizsgálata emlős agyban

A neurotranszmitterek hatásmechanizmusának ismerete fontos kiindulópont a bonyolultabb agyi folyamatok megértésében, így a hibás működések kezelésében is létfontosságú. A dopamin (DA) a katekolaminok közé tartozó neurotranszmitter molekula, szintézise tirozinból indul ki. A dopaminerg (DA-erg) rendszer fontos szerepet tölt be a magatartásszabályozásban, hatással lehet a motoros funkciókra, a kognitív folyamatokra és az endokrin rendszerre is.

A voltammetria az elektroanalitikai eljárások közé sorolható, amely jó tér- és időbeli felbontóképességgel rendelkezik és a szelektivitás terén is érzékeny módszer. Segítségével a DA felszabadulás kinetikáját tudjuk vizsgálni in vivo körülmények között. A DA detektálásának alapja a molekula redoxi változásának hatására kialakuló elektronmozgás okozta áramerősség mérése. A voltammetriás mérőrendszer egy munkaelektródból (egycsatornás szénszálas mikroelektród) és egy referencia elektródból (Ag/AgCl-elektród) áll. Emellett, a mérések során az endogén dopamin felszabadításához egy stimuláló elektródot is használtunk.

A DA-szint változásának detektálását altatott patkányban végeztük. A ventrális tegmentális területet a stimuláló elektród segítségével körülbelül három percenként ingereltük elektromosan, ennek hatására a nucleus accumbensbe bevezetett szénszálas mikroelektród segítségével nagy mértékű, tranziens dopamin felszabadulást detektálhattunk. Kontroll felvétele után α7 receptor agonista PHA-543613 vagy monoamin-visszavétel gátló sibutramine beadása történt intraperitoneálisan, majd vizsgáltuk a vegyület hatását a dopamin-felszabadulás mértékére. A mérés validálása érdekében nomifensine-t (DA visszavétel gátló) adtunk be intraperitoneálisan. A pontos DA-koncentráció értékeket az elektród utólagos kalibrálásával határoztuk meg, melyet in vitro áramlási rendszerben végeztünk. Az elektródok pontos helyzetéről később szövettani metszetek segítségével nyertünk bővebb információt.

A nomifensine hatására a vártnak megfelelően nagy mértékben és gyorsan növekedett a dopamin-csúcs. Ezzel szemben a PHA-543613 és sibutramine beadása után nem tapasztaltunk jelentősebb változást a DA-csúcsban.

Összefoglalva: vizsgálataink során egy olyan elektroanalitikai eljárást állítottunk be, amellyel újonnan előállított gyógyszerhatású vegyületek DA rendszerre gyakorolt hatása kvantitatívan meghatározható ismert referens anyagok mellett.

NEUROFIZ-2

BALOGH VERONIKA
Biológus MSc
MSc, 1. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
Dr. Borbély Sándor
tanársegéd, ELTE TTK
Dr. Világi Ildikó
docens, ELTE TTK

Alacsony frekvenciás (<1Hz) szinkron működés terjedésének vizsgálata entorhinális- és perirhinális régiót tartalmazó ex vivo túlélő agyszelet preparátumban

Lassú hullámú alváskor az agyi aktivitás két állapot között spontán fluktuál: az ún. UP-state az aktív fázis, ekkor sejttüzelések figyelhetők meg; az ún. DOWN-state az inaktív fázis. Célom volt annak meghatározása, hogy ezt az oszcillációt mely kéregterület hajtja horizontális patkány agyszelet preparátumban és milyen kapcsolatokon keresztül terjed a szomszédos területek felé, illetve feltérképezhetőek-e hálózati kapcsolatok az aktivitás alatt tüzelő sejtek között.

Ex vivo patkány agyszelet preparátumon mikroelektrofiziológiai mérések segítségével, multi- és single-unit aktivitás elemzésével korrelációt kerestem a mezőpotenciálok és egyedi sejttüzelések között; áramforrás-sűrűség analízissel vizsgáltam az aktivitás vertikális síkú, azaz rétegek közötti; valamint az entorhinális (ERh) és perirhinális (PRh) kérgek közötti átmetszésekkel a szomszédos területek közötti terjedését.

A regisztrált UP-state-ek hasonlóak voltak, mint az in vivo regisztrálhatók; az egyedi sejttüzelések korrelációt mutattak a mezőpotenciálokkal.

Legtöbb esetben az ERh kéreg infragranuláris rétegeiben iniciálódott az aktivitás, és innen terjedt felfelé. Az azonosított sejtek között talált hálózati kapcsolatok is hasonló irányultságot mutattak.

A két vizsgált régió aktivitásának frekvenciája azonos volt. Jellemzően a PRh kérgi aktivitás kis latenciával követte az ERh kérgi aktivitást; míg a corpus callosum és a két régió közötti szupragranuláris rétegek átmetszése megváltoztatta az iniciáció régióját és az aktivitás terjedését.

Eredményeim függvényében feltételezhető, hogy az ily módon ex vivo vizsgált aktivitással modellezhető a kérgi UP és DOWN aktivitás. Vertikális síkban az V-ös rétegben elhelyezkedő piramissejtek iniciálják az aktivitást, majd ezek axonjain és axonkollaterálisain keresztül aktiválódnak a szupragranuláris rétegek, ahol egyedi sejtek komplex hálózatot alkotnak kiterjedt dendritarborizációjuknak köszönhetően. Normál körülmények között, horizontális síkban az ERh kéreg hajthatja a szomszédos struktúrák aktivitását, amely az ERh kéreg felől a PRh kéreg irányába terjed kallozális, illetve szupragranuláris kapcsolatokon keresztül. Azonban ha megszüntetjük a vizsgált régiók közötti fő kapcsolatot (II-III. réteg rostjai), a két kéregterület deszinkronizálódik és mind az iniciációs régió, mind a terjedés iránya megváltozhat.

NEUROFIZ-3

PETHŐ MÁTÉ
Biológus
MSc, 1. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Tóth Attila
adjunktus, ELTE TTK

A lassú kérgi ritmus régió-specifikus adenozinerg modulációja uretán-altatott patkányokban

A lassú kérgi ritmus (SCR) aktív (UP) és inaktív (DOWN) állapotok ritmikus váltakozása mind természetes alvás, mind narkózis alatt. Az SCR lassú delta hullámainak homeosztatikus szerepe lehet. A sejtek aktivitásával párhuzamosan az adenozin hosszú ébrenlét illetve alvásdepriváció (SD) során felhalmozódik és szerepe lehet abban, hogy az SD-t követő alváspótlás alatt a delta teljesítmény megnő. Jelen kutatásban a helyileg adott adenozin UP és DOWN állapotokra irányuló direkt hatását vizsgáltam a frontális, a szomatoszenzoros és a vizuális kéregben uretán-altatott patkányokban.

16 pólusú vertikális elektród együttessel helyi mező potenciálokat (LFP) regisztráltam az anyagadás helyének közeléből. Az elektród együttes mellől, az V-ös/VI-os rétegből soksejt-aktivitást (MUA) vezettem el.

Az adenozin az LFP szintjén a szomatoszenzoros régióban lassú, a vizuális régióban gyors kinetikával modulálta az SCR-t. Előbbiben a delta és a vele asszociált béta teljesítmény lassan nőtt a II/III-as rétegben, míg az utóbbi V-ös rétegében gyorsabban, de csak a delta teljesítmény növekedett meg. A delta teljesítmény fokozódása mindkét területen elsősorban az UP-DOWN átmenetek számának növekedéséből eredt. A frontális régióban nem volt változás sem az LFP, sem a MUA szintjén.

Eredményeim szerint az adenozin komplex módon, közvetlenül és régió-specifikusan modulálhatja az SCR-t. A kinetikában való eltérésért intrinsic mechanizmusok felelhetnek, amik természetes alvás során is lehetővé tehetik, hogy eltérő sebességgel játszódjanak le a helyreállító folyamatok. Természetes alvás esetén hasonló mechanizmusok szerepelhetnek az alváspótlás lokális különbségeinek kialakításában. Az adenozinnak tehát nem csak az alváspótlás indukciójában lehet szerepe, hanem a lokális alvás régió-specifikus jellemzőinek kialakításában is.

NEUROFIZ-4

FARADZS-ZADE LEJLA
Biológus
MSc, 3. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Barthó Péter
tudományos főmunkatárs, MTA KOKI

Alvási orsók jellemzői a hálózati állapot függvényében

Az alvási orsók 1-3 s időtartamú, 7-14 Hz frekvenciájú tranziens oszcillációk, melyek a lassú hullámú alvás 2. stádiumában fordulnak elő. Az orsók a talamuszban keletkeznek a GABAerg retikuláris mag (nRT), illetve a glutamáterg relémagok sejtjeinek interakciójaként, a pontos mechanizmusok azonban még tisztázatlanok.

Korábbi eredményeink alapján az nRT populáció aktivitása az orsó kezdetekor fordítottan korrelál annak hosszával. A jelenség hátterében két lehetséges mechanizmus állhat: az oszcilláció hossza a résztvevő nRT sejtek számától függ, vagy mindkét faktor a hálózat állapotának függvénye. Ennek vizsgálatára transzgenikus, PV-ChR2 és vGAT-ChR2 egereken váltottunk ki alvási orsókat az nRT optikai stimulálásával uretán altatás alatt. Ilyenkor az aktivitás periodikusan fluktuál szinkronizált és deszinkronizált állapot között, lehetővé téve a vizsgált jelenség megfigyelését különböző éberségi szinteken. A kiváltott orsókat a talamusz ventrális poszteriomediális mag (VPM) soksejt-aktivitása alapján detektáltuk.

Mély altatásban, illetve deszinkronizált állapotban nem lehetett orsókat kiváltani, míg közepes (természetes alvás 2. stádiumának megfelelő) altatásban nRT stimuláció orsókat indukált. Ezen stádiumon belül a kiváltott orsók hossza és frekvenciája nem mutatott összefüggést a stimulus erősségével, a meghatározó tényező az alvás mélysége volt. Eredményeink azt mutatják, hogy a hálózat állapota (feltehetően a modulátorok szintje) határozza meg ezen oszcilláció paramétereit.

NEUROFIZ-5

RÁTKAI ERIKA ANIKÓ
Biológus MSc.
MSc, 3. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Schlett Katalin
docens, ELTE TTK

A tenyésztett idegsejtek-hálózatok aktivitásának elektrofiziológiai vizsgálata multielektródás mérések segítségével

TDK munkám során multielektródás mérőrendszer (MEA) segítségével vizsgálom az egér hippokampális idegsejttenyészetekben kialakuló idegi és hálózati aktivitásokat. A MEA lehetőséget biztosít arra, hogy az elektródák felszínén tenyésztett neuronok kis csoportjának multi-unit aktivitását akár napokon keresztül is követni tudjuk. A multi-unit aktivitás klaszterezésével egyedi lefutású akciós potenciálokat (spike-okat) is elkülöníthetünk, így az egyedi neuronok tüzelési frekvenciáját és annak változásait is vizsgálhatjuk, valamint hálózati kapcsolataikat is modellezhetjük.

Munkám során számos MEA mérőedény-típust teszteltem és meghatároztam azokat a tenyésztési körülményeket, amelyek mellett a sejtek aktivitása megbízhatóan mérhető. Az idegsejt-tenyészetekben spontán hálózati aktivitást a tenyésztés 6. napjától detektáltam, melynek mértéke a tenyésztési életkorral együtt fokozatosan nőtt. A tenyészetekben a tenyésztési életkor növekedésével egyre szinkronizáltabb, hálózati burst aktivitás alakult ki. Farmakológiai módszerekkel igazoltam, hogy a hálózati aktivitást feszültségfüggő Na^+ és Ca^{2+} csatornák indítják be. Depolarizáció hatására a tenyészetek aktivitása jelentősen megváltozott.

A protein kináz D (PKD) szerin/treonin kinázról munkacsoportunk mind idegsejt-tenyészetekben, mind állati viselkedési tesztekben is bizonyította, hogy a szinaptikus plaszticitás és a tanulási folyamatok alatt jelentős szabályozó szerepet játszik. A MEA annak vizsgálatára is lehetőséget biztosít, hogy a PKD aktivitás farmakológiai befolyásolása vajon hogyan hat a tenyésztett idegsejt-hálózatok működésére. Eredményeim alapján a PKD-specifikus gátlószer jelenléte egyértelműen befolyásolja a tenyészetek hálózati aktivitását, a burst-ös tüzelési mintázatok átrendeződését váltja ki. Genetikai és farmakológiai módszerek segítségével próbáljuk azonosítani, hogy a PKD az idegsejt-hálózatokon belül hol fejtheti ki szabályozó hatását.

NEUROFIZ-6

SVIATKÓ KATALIN
Biológus
MSc, 3. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Hajnik Tünde
adjunktus, ELTE TTK

Ketamin hatása az agykérgi aktivitásra ultra-rövid fény-sötét körülmények között tartott patkányokban

Az állatkísérletekben a ketamin egy gyakran alkalmazott anesztetikum. Anesztetikus dózis alkalmazása során először egy rövid ideig tartó, nagy delta hullámokkal jellemezhető hipnotikus állapot következik be, amit egy hosszabb, magas agykérgi aktivitással járó disszociatív fázis követ. A droghatás elmúltával az alvásdeprivációt követő pótláshoz hasonló folyamat figyelhető meg. A droghatások vizsgálata során gyakori probléma, hogy az éberségi szintekre való hosszú távú hatásokat a cirkadián ritmus elfedheti. A rövid fény–sötét periódus hosszú távon a napi ritmus megszűnéséhez vezet.

Kísérleteinkben 1–1 órás fény–sötét periódushoz adaptálódott állatokba ültetett vertikális elektródegyüttes segítségével vizsgáltuk az éberségi szintek hosszában, a kérgi lassú hullámok paramétereiben és a kérgi soksejt–aktivitásban bekövetkező változásokat ketamin beadása után.

A ketamin a szakirodalomban leírt módon hatott az éberségi szintekre, bár a REM pótlása a deprivációt követő pótláshoz képest kisebb mértékű volt. Az EEG delta tartományának megnövekedett teljesítménye elsősorban a lassú hullámok gyakoriságában bekövetkező változások következménye. A soksejt–aktivitás növekedése a „hiperaktív" EEG ellenére depriváció alatt mérhetőnél kisebb volt, negatív pótlás – kontroll alatti érték – egyik esetben sem volt megfigyelhető. Eredményeink alapján arra következtetünk, hogy a fény megléte illetve hiánya módosíthatja a ketamin éberségi szintekre kifejtett hatásait.

NEUROFIZ-7

MÉSZÁROS ÁDÁM
Biológus
MSc, 11. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:
Dr. Tajti János
docens, SZTE ÁOK
Dr. Tuka Bernadett
tudományos segédmunkatárs, SZTE ÁOK

Migrén: a PACAP és a kinurénsav kapcsolata

A korábbi évek migrén kutatásai, illetve saját állatkísérletes és klinikai adataink arra utalnak, hogy a hypophysis adenilát cikláz-aktiváló polipeptidnek (PACAP) meghatározó szerepe lehet a trigeminovascularis rendszer (TR) aktiválásában csakúgy, mint a glutamáterg neurotranszmissziónak, melyet az NMDA-receptor antagonista, kinurénsav-analógokkal végzett állatkísérletes adatok igazolnak.

Célunk egy, az alapvegyületnél hatékonyabb, kinurénsav-származékkal történő előkezelés során a PACAP-38 immunoreaktivitásának (IR) vizsgálata a patkány aktivált TR-ében. Ennek eléréséhez altatott, felnőtt, hím SPRD patkányokban a TR-t az egyik oldali Gasser-dúc (TRG) elektromos ingerlésével aktiváltuk (30 perc, 1mA, 10 Hz). A stimuláció előtt 30 perccel az állatokat a kinurénsav-analóg fiziológiás oldatával kezeltük (i.v.). Az aktiváció után 180 perccel az állatok vena cava cranialisaból vérmintát gyűjtöttünk, majd transcardialis perfúziót követően kipreparáltuk az agytörzsi caudalis trigeminalis magvat (TNC) és a TRG-ket. A véralvadásgátlóval és proteáz inhibitorral kezelt vérmintákat lecentrifugáltuk (4°C), végül a plazma és idegszövet mintákat -80°C-on tároltuk a PACAP-38-IR radioimmunoassay-el történő meghatározásáig.

A TRG elektromos ingerlése következtében a TNC-ben és a stimulált ganglionban jelentősen megemelkedett a PACAP-38 koncentrációja, melyet a kinurénsav-analóggal történő előkezelés kivédett. A vérplazmában és az ellenoldali trigeminalis dúcban számottevő PACAP-38-IR-változást nem detektáltunk.

Eredményeink alapján feltételezzük, hogy a TR aktivációja következtében az elsődleges érző neuronok perifériás és centrális terminálisaiból nagy mennyiségű PACAP-38 szabadul fel, mely kifejti vazodilatatív, szenzitizáló és hízósejt degranuláló hatását. A kinurénsav-származék képes ezt részben meggátolni, melyet számos, a PACAP- és NMDA-receptorok kapcsoltságát leíró irodalmi adattal támaszthatunk alá. A jövőben a PACAP egy potenciális migrén biomarker lehet, továbbá a kinurénsav-analógok fejlesztése terápiás felhasználására adhat lehetőséget.

NÖVBIOL-1

MOLNÁR ÁRPÁD
Biológus
MSc, 9. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:
Ördögné Dr. Kolbert Zsuzsanna
adjunktus, SZTE TTIK

A nitro-oxidatív stressz vizsgálata különböző cink érzékenységű *Brassica* fajok gyökérzetében

Bár a cink egy esszenciális mikroelem, a többlete mégis káros hatású minden eukarióta szervezetre, így a növényekre is. A cink talajokban való felhalmozódása mezőgazdasági károkat és a növényi eredetű élelmiszerek minőségében bekövetkező romlást okoz. Ezért munkám során két gazdasági jelentőségű haszonnövényben, az indiai mustárban (*Brassica juncea*) és az olajrepcében (*Brassica napus*) tanulmányoztam a cinkterhelés következtében fellépő másodlagos, nitro-oxidatív stressz folyamatait és ezek összefüggését a fajok cink érzékenységével.

A gyökérnövekedés és szerkezet módosulásai mellett, analitikai és mikroszkópos módszerekkel tanulmányoztam a növények cink akkumulációját és a felvett cink szövet- és sejtszintű lokalizációját a Brassica gyökerekben. A reaktív oxigénformák (ROF: szuperoxid anion, hidrogén-peroxid) és nitrogénformák (RNF: nitrogén-monoxid, peroxinitrit) szintjeiben bekövetkező cink-indukált változásokat in situ detektáltam a gyökércsúcsokban, és a szuperoxid-dizmutáz ás az aszkorbát-peroxidáz enzimek aktivitását a teljes gyökérzetben határoztam meg. Továbbá a *Brassica* fajok gyökerében vizsgáltam a cinkterhelés hatását a nitro-oxidatív stressz két jól jellemzett markerének, a lipid peroxidációnak (mikroszkóposan) és a fehérje tirozin nitrációnak (Western blot analízissel) a bekövetkezésére. A cink sejtfalösszetételt módosító hatását, a kallóz inkrusztációt fluoreszcens jelöléssel mutattam ki, csakúgy, mint a *Brassica* fajok gyökércsúcsi sejtjeinek életképességében bekövetkező cink-indukált változásokat.

Mindkét növényfaj nagy mennyiségű cinket akkumulált, és ennek legnagyobb része a gyökérsejtek apoplasztjában kötődött meg. A *B. juncea* főgyökér-megnyúlását és a merisztéma sejtek életképességét a cinkterhelés nem csökkentette, ROF képződés és lipid peroxidáció nem volt detektálható a gyökércsúcsokban, a fehérje tirozin nitráció azonban a stressz hatására fokozódott. Ezekkel ellentétben a cink-kezelt *B. napus* gyökérzete gátolt növekedést, életképesség vesztést, ROF akkumulációt, lipid peroxidációt és tirozin nitrációt mutatott.

Az eredmények alapján kijelenthető, hogy a cink többlete másodlagos, nitro-oxidatív stresszt indukál. Az indiai mustár relatív cink tűrése, az olajrepcéhez képest a kisebb mértékű oxidatív károsodásainak köszönhető. Vagyis a *Brassica* növények cink érzékenységét a nitrozatív folyamatok kevésbé, míg az oxidatív folyamatok inkább meghatározzák.

NÖVBIOL-2

HURTON ÁGNES
Biológus
MSc, 11. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:
Dr. Szepesi Ágnes
adjunktus, SZTE TTIK

A poliamin katabolizmus folyamatainak vizsgálata gátlószerek segítségével sóstressznek kitett paradicsom növényekben

A poliaminok (PAk) kis szerves polikationok, melyek nemcsak a növények fejlődési folyamataiban vesznek részt, hanem számos abiotikus stresszválaszban is, katabolizmusuk jelentősége egyre hangúlyosabb a sóstressz kivédésének vizsgálatában. A PA lebontó enzimek a réztartalmú diamin-oxidáz (DAO), és a FAD-tartalmú poliamin-oxidáz (PAO), működésük során termelődő hidrogén-peroxid (H_2O_2) koncentrációtól függően sejthalálhoz, vagy sóstressz kivédéséhez vezethet. 2 különböző gátlószert alkalmazva próbáltuk a H_2O_2 jelentőségét kimutatni a PA katabolizmusa során paradicsom növényekben rövidtávú sókezelés mellett. Az aminoguanidin (AG) néhány tanulmány szerint DAO inhibitorként működik, azonban képes a nitrogén-oxid (NO) szintáz gátlására is. A difenilén jodónium (DPI) a NADPH-oxidáz gátlásán keresztül képes a szuperoxid gyökanionok ($O_2^{\cdot-}$) termelődését gátolni, így a H_2O_2 tartalmat befolyásolni. A kísérleteinket idő- (0-3 óra) és sókoncentráció- (100 és 250 mM NaCl) függő módon végeztük. Az AG-t 1 mM-os, míg a DPI-t 10 μM-os koncentrációban alkalmaztuk gátlásra. A szabad PA tartalom mérését HPLC segítségével végeztük, a katabolizmus enzimeket és H_2O_2-tartalmat spektrofotometriásan határoztuk meg hajtásban és gyökérben. A reaktív oxigén-(ROS) és nitrogénformákat fluoreszcens mikroszkóppal detektáltuk gyökércsúcsban. A szubletális sókezelés hajtásban és gyökérben megváltoztatta a DAO, PAO működését, míg a letális sókezelés 0,5 és 2 óránál jelentősen megnövelte azt a H_2O_2 termelődésével együtt, melyeket gátlószerek segítségével követtünk nyomon. Irodalmi adatoktól eltérően AG nem okozott jelentős csökkenést a DAO működésében, míg DPI erősen lecsökkentette azt, ami a H_2O_2 tartalom csökkenését is okozhatta. Az irodalommal ellentétben a DPI bizonyos esetekben $O_2^{\cdot-}$emelkedését okozta. A $NO/O_2^{\cdot-}$ arány csökkent, ami akár sejthalálhoz és ROS emelkedéséhez vezethetett, az NO termelődés gátlásán keresztül. Megállapítottuk, hogy az AG nem használható specifikus DAO gátlószerként, hiszen a NO szintet is csökkentette, azonban a DPI hatékony a PA lebontó enzimek vizsgálatára rövidtávú sóstressz esetén. A kutatás az OTKA K101243 pályázat, valamint a TÁMOP 4.2.4.A/2-11-2012-0001 azonosító számú „Nemzeti Kiválóság Program- Hazai hallgatói, illetve kutatói személyi támogatást biztosító rendszer kidolgozása és működtetése konvergencia program“ című kiemelt projekt keretében zajlott. A projekt az Európai Unió támogatásával, az Európai Szociális Alap társfinanszírozásával valósul meg.

NÖVBIOL-3

SÜTŐ SZIDÓNIA
Biológia
BSc, 5. félév
Eszterházy Károly Főiskola
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Marschall Marianna
főiskolai tanár, EKF TTK

Az extrémen kiszáradástűrő *Porella platyphylla* újranedvesedést követő regenerációjának stresszfiziológiai vizsgálata a kiszáradás intenzitásának függvényében, specifikus inhibitorok alkalmazása mellett

A különböző mértékű, 1-hetes időtartamú kiszáradásnak alávetett HDT *Porella platyphylla* újranedvesedést követő (1h, 24h, 48h), fényen történő fiziológiai regenerációját vizsgáltuk a sejttani jellemzők, fotoszintetikus (e-transzportlánc működési aktivitás, fotoprotektív mechanizmusok) és egyéb anyagcsere paraméterek monitorozása révén, plasztisz- és sejtmagkódolt fehérjeszintézis-gátlók, violaxantin-ciklus gátlószer alkalmazása mellett.

Az extrémen kiszáradástűrő *P. platyphylla* májmoha kiszáradást követő regenerációja a konstitutív tolerancia és egy újranedvesedés alatt indukálódó és az azt követő javító mechanizmus kombinációjától függ.

Az 1-hetes természetes kiszáradást követő rehidráció után 24 órával, a kloroplasztiszok szabálytalanul kör alakúak voltak. A tilakoid funkcióhoz kapcsolt fotoszintetikus folyamatok 1 h-n belüli újraéledése rendkívüli módon gyors volt és a fehérjeszintézistől függetlennek bizonyult, míg a teljes regeneráció (a 76%-os RH-n kiszáradtak kivételével, amely csak korlátozottan) az újranedvesedés során igényelt fehérjeszintézist. Ez utóbbi érintheti a javító mechanizmus során a rehidrinek expresszálódását, valamint az ozmolitok anyagcseréjét, és az általános szénhidrátanyagcserét. A regeneráció szempontjából a legoptimálisabb volt a 76%-os RH-n történő kiszáradás. Az 1-hetes kiszáradást membránpermeabilitás-növekedés követte az újranedvesedés során. A normál membránfunkció a drasztikus kiszáradást szenvedett minták kivételével, 24, max. 48 h elteltével helyreállt. Az összfehérjetartalom a különböző módokon előidézett kiszáradt állapotokban és az újranedvesítés alatti regeneráció során vett mintákban általában alacsonyabb volt, mint a stresszmentes, teljes turgorban lévő minták esetében. A xantofill-ciklus aktivitása nagy jelentőségű a fényen történő regeneráció során; nagyobb arányú zeaxantin-függő és kisebb arányú DTT-inszenzitív NPQ jelenlétét igazoltuk. A kedvezőbb körülmények között kiszáradó minta jobb fényvédelemmel bírt. A legnagyobb ozmotikus potenciál értékek az intenzívebb kiszáradásnak alávetett növényekre voltak jellemzőek. Az összoldható szénhidráttartalom a kezelések során egy jól kiegyensúlyozott szénhidrát pool jelenlétét tükrözte. A prolintartalom jelentősen megemelkedett, az összfruktántartalom alacsonyabb értéket mutatott a különböző mértékű, 1-hetes kiszáradás során. A citoplazma fehérjeszintézisnek feltehetőleg van szerepe a fruktántartalom újranedvesedés alatti változásában.

NÖVBIOL-4

SOLYMOSI DÁNIEL
Biológia
MSc, 1. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:
Dr. Kós Péter
tudományos főmunkatárs, MTA SZBK

D1 fehérjék összehasonlító vizsgálata különböző fényviszonyhoz alkalmazkodott cianobaktériumokban

Az *Acaryochloris marina* egysejtű cianobaktérium kivételes a fotoautotróf élőlények között. Legegyedibb tulajdonsága, hogy a fotoszintetikus centrumainak fő pigmentmolekulája a klorofill-d. Ez lehetővé teszi, hogy energiaforrásként a napfény infravörös közeli tartományát is hasznosítsa. Különleges tulajdonságai miatt világszerte számos kutatócsoportban vizsgálják a genomi összetételét, fotofiziológiás, fotoakklimációs tulajdonságait, pigmentösszetételét és a klorofill-d bioszintézist. Jelen dolgozat és kísérlet célja, hogy az Acaryochloris marina D1 fehérjéinek funkcióját és aktivitását megvizsgáljuk és összehasonlítsuk más cianobaktériumok D1 fehérjéivel és génjeivel. A vizsgált organizmus psbA génje 3 kópiában található a genomban. Ebből 2 kópia (AM1_2166, AM1_2889) nukleotidszekvenciája 97 százalékban, aminosav-szekvenciája pedig 100százalékban azonos egymással. A harmadik kópia (AM1_0448) aminosav-szekvenciája csupán 61 százalékos azonosságot mutat a többivel. Az aminosav-sorrend ilyen mértékű eltérése miatt a fehérje funkciója és működése kérdéses. A nagyfokú eltérés miatt a fehérje inaktív is lehet, ami a fotoszintetikus folyamatok szabályzásának, esetleg a fénygátlás kivédésének, illetve az *Acaryochloris marina* fényszegény környezethez való alkalmazkodásának egyik fontos eleme lehet. Például a *Thermosynechococcus elongatus* BP-1-ben ismert jelenség, hogy magas fényintenzitás hatására a PSII komplexben károsodott D1 fehérjéket egy eltérő szekvenciájú kópiára cseréli, ami eltérő biofizikai tulajdonságokkal rendelkezik. Annak érdekében, hogy a két fehérjét külön tanulmányozhassuk, olyan cianobaktérium sejtvonalakat kellett létrehozni, amiben csupán egy változat génje van jelen. Ezért az AM1_0448 és AM1_2166 psbA gént pDF ingavektorba klónoztuk. A gének konstitutív expresszióját a plazmid trc promótere hajtja. A létrehozott plazmidkonstrukciókat D1 fehérjét kódoló géneket nem tartalmazó ΔpsbA *Synechocystis sp.* PCC6803 sejtekbe transzformáltam. A komplexek fotoszintetikus aktivitását O2 fejlődés mérésével és OJIP méréssel vizsgáltam, különös tekintettel arra, amelyik az AM1_0448 psbA által kódolt D1 fehérjét tartalmazta.

NÖVBIOL-5

PABAR SÁNDOR ATTILA
Biológia
BSc, 7. félév
Debreceni Egyetem
Természettudományi és Technológiai Kar

FREYTAG CSONGOR
Biológia
BSc, 5. félév
Debreceni Egyetem
Természettudományi és Technológiai Kar

Témavezető:
Dr. Máthé Csaba
docens, DE TTK

Kárpát-medencei *Crocus* fajok szövettenyésztése és szekunder metabolit termelő képességük vizsgálata

A *Crocus banaticus, Crocus heuffelianus, Crocus tommasinianus, Crocus scepusiensis, Crocus vittatus* és a *Crocus sativus* fajokból sikeresen indítottunk és stabil kallusztenyészeteket hoztunk létre. Ezáltal több kárpát-medencei faj van az in vitro gyűjteményünkben, amelyeket megőrizhetünk és későbbi kísérletekhez felhasználhatunk. Eltérő auxin-citokinin arányokat használva sikerült kalluszképzést indukálni, és a hormonarányon változtatva, differenciálódásra késztetni az explantátumként használt növényi részeket. Minden, a jelen munkában szereplő kárpát-medencei vadon élő faj esetében, tudomásunk szerint kutatócsoportunknak sikerült először növényregenerálásra képes kallusztenyészeteket előállítani. Ezek a tenyészetek potenciálisan felhasználhatóak genotípus megőrzésre, amely azért is jelentős, mert e fajok védettek.

Crocus heuffelianus és *Crocus scepusiensis* magokat csíráztattunk auxin és citokinin hormonokat tartalmazó, illetve azoktól mentes MS* táptalajon. A magokat előzőleg hideggel és GA3-mal kezeltük. A kicsírázott magokból stabil kallusz vonalakat hoztunk létre.

Több fajnál végeztünk előzetes antioxidáns kapacitásra, enzimaktivitás méréseket. A szövettenyészetek, szinte mindig alulmaradtak az eredeti növényekhez képest. Ennek ellenére, a *C. sativus* és a *C. banaticus* szövettenyészetek magas szabadgyök semlegesítő kapacitást mutattak, *C. scepusiensis* és *C. heuffelianus* (Pósaháza) tenyészetek ugyanakkor magas enzimatikus antioxidáns kapacitást mutattak. A *C. sativus* szövettenyészetek gyökérképző kalluszait külön kiemeljük, hiszen ezekben a szabadgyök semlegesítő kapacitás és a peroxidáz aktivitás is magas volt. Ezeket a tenyészeteket érdemes tovább vizsgálni, az antioxidáns kapacitás optimalizálása érdekében.

NÖVBIOL-6

KALYDI FRUZSINA
Biológia
BSc, 8. félév
Debreceni Egyetem
Természettudományi és Technológiai Kar

Témavezetők:
Dr. Máthé Csaba
docens, DE TTK
Resetár Anna
Phd hallgató, DE TTK

Leucojum vernum, *Leucojum aestivum* és *Sternbergia lutea* szövettenyésztése és antioxidáns kapacitásának meghatározása

Összefoglaló

Célkitűzésünk volt in vitro növényi szövettenyésztési eljárások kidolgozása, amely *Sternbergia lutea, Leucojum vernum* és *Leucojum aestivum* kallusztenyészetek létrehozását teszi lehetővé. A nyári tőzike (*Leucojum aestivum*) és az őszi vetővirág (*Sternbergia lutea*) hagyma explantátumokból sikeresen állítottunk elő stabil kallusz tenyészeteket. A *S. lutea* szövettenyésztéséről gyakorlatilag nem találtunk korábbi irodalmi adatokat. Kijelenthetjük, hogy ebben a fajban elsők között sikerült növényregenerálásra képes embriogén kallusztenyészetet előállítanunk.

További kutatási célként a szövettenyészeteink antioxidáns kapacitásának vizsgálatát tűztük ki, melynek során enzimatikus és nem enzimatikus antioxidánsokat mértünk. Sikeresen alkalmaztuk a PAGE (poliakrilamid gélelektroforézis) (kataláz és peroxidáz enzimaktivitás mérése), ABTS, DPPH gyökfogó kapacitást mérő módszereket.

Mintáink kiértékelése során megállapítottuk, hogy a *Sternbergia lutea* szabadgyök semlegesítő kapacitása a legmagasabb, ezzel szemben az enzimaktivitásuk mind a kataláz, mind a peroxidáz vizsgálataink során kevéssé vagy alig detektálhatónak bizonyult. A *L. aestivum*, mind a *L. vernum* esetében jól detektálható kataláz és peroxidáz enzimaktivitást mértünk, ugyanakkor a *Sternbergia lutea* mintákkal összehasonlítva, alacsonyabb ABTS* és DPPH* gátlást tapasztaltunk.

Kutatómunkánk előrevetíti egy S*ternbergia* és *Leucojum in vitro* szövetbank létrehozását, és további méréseket tervezünk a szövettenyészeteink és az eredeti növények antioxidáns kapacitásának összehasonlítására, hogy megállapítsuk, az *in vitro* tenyészeteink alkalmasak-e gyógyhatású metabolitok hatékony termelésére.

NÖVBIOL-7

PÁVKOVICS DÓRA ILDIKÓ
Biológia
BSc, 6. félév
Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Hideg Éva Olga
egyetemi tanár, PTE TTK

Mennyire láthatunk a levelekbe? Klorofill és fenolos vegyület tartalom vizsgálatok non invazív fluoreszencia- és feltáró analitikai eljárásokkal

A levelekben található metabolitok jelentősen befolyásolják a növény egésze számára meghatározó biológiai funkciókat. Ezek mennyiségi változásai – más élettani adatokkal kiegészítve – fontos információt adhatnak a levelek fejlettségéről, állapotáról. Munkánk során a fotoszintézishez nélkülözhetetlen klorofillokkal és a növények stressz elleni védekezésében is fontos szerepet játszó fenolos vegyületekkel foglalkoztunk.

A növényélettani kísérletek során sokszor nagyszámú mintavételre van szükség, amire a hagyományos, levélkivonatok vizsgálatán alapuló analitikai módszerek túlságosan időigényesek. Az elmúlt évtizedben többféle nem beavatkozó jellegű (non invazív) eljárás került kifejlesztésre, melyek egyszerű és gyors kivitelezhetőségük mellett azt is lehetővé teszik, hogy ugyanarról a mintáról többször is lehessen adatokat gyűjteni. Az egyik ilyen eljárás a kettős, vörös és ultraibolya gerjesztőfényt egyidejűleg alkalmazó, a klorofillok illetve a fenolos vegyületek fluoreszcenciáján alapuló mérés. A „dual excitation” elv alapján Dualexként ismert mérés eredményét azonban befolyásolhatják a levélszövet optikai tulajdonságai, illetve más pigmentek jelenléte is.

Munkánk célja az volt, hogy a Dualex módszer alkalmazhatóságát összevessük a levélkivonatokon végzett teljes klorofill és fenolos vegyület tartalom meghatározással. Megvizsgáltuk, hogy a gyors eljárással kapott adatok mennyire követik a hagyományos eljárással meghatározott mennyiségeket; és azt is, mennyire befolyásolja a kapcsolatot a vizsgált növény fajtája, a levelek kora, illetve a vizsgálni kívánt vegyületek mellett a karotinok és az antociánok jelenléte.

A klorofill, karotin és fenolos vegyület tartalomban nagy relatív változásokat mutató mintasorozatként páfrányfenyő (*Ginkgo biloba*) leveleket vizsgáltunk a szeneszcencia során több héten át. Pigment tartalomban egymástól csak kevéssé eltérő, azonos fejlődési stádiumú mintasorozatként a bortermő szőlő (*Vitis vinifera*) több fajtájának a bogyók technikai érésekor gyűjtött leveleit hasonlítottuk össze. Az egyazon növényen egyszerre megtalálható, de jelentős színeltérésű mintákként a mikulásvirág (*Euphorbia pulcherrima*) zöld leveleit és színes murvaleveleit használtuk modellként.

Vizsgálataink során jó kapcsolatot találtunk az analitikai módszer és a non invazív eljárással mért adatok között. Ez a klorofill tartalom esetében lineáris korreláció volt, míg a fenolos vegyületek adatai jelzik a tartalombeli változást, de kvantifikálásra nem használhatóak.

NÖVBIOL-8

RADVÁNYI LILLA
Biológia
BSc, 6. félév
Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Kocsis Marianna
docens, PTE TTK

Napsugárzás hatása szőlőfajták levélszövettani és fitokémiai tulajdonságaira

Az egyik legértékesebb, ősi kultúrnövényünk a szőlő, számtalan pozitív hatással bír. Gyümölcse illetve a belőle készült bor nem csak ízletes, de egészséges is, magas antioxidáns tartalma miatt. A szőlő levele szintén számos olyan anyagcsereterméket tartalmaz, amelyek jótékony hatással bírnak a növények és a fogyasztók szervezetére. Ezen metabolitok közül a flavonoidok fontos szerephez jutnak a növények napfényhez való alkalmazkodásában.

Kutatásunk során öt őshonos szőlőfajta - Furmint fehér, Furmint piros, Gohér fehér, Gohér piros, Gohér változó - leveleinek napfényhez való alkalmazkodását vizsgáltuk, illetve az egyes fajtákra jellemző bélyegek leírása volt a cél, szövettani szerkezet és flavonoid-tartalom szempontjából.

Két különböző módszert alkalmaztunk kutatásaink során. A műgyantás metszéstechnikával, mely során fénymikroszkóp alatt vizsgálódtunk, a szöveti szerkezet megfigyelésén dolgoztunk. A fajták levélnyél, levélér és levéllemez keresztmetszeteinek tanulmányozásával fajtabélyegeket, a levéllemez mennyiségi és minőségi értékelésével pedig a napnak kitett, illetve félárnyékban nevelkedett levelek közötti szerkezetbeli eltéréseket kerestük. A kézi metszetek esetében, melyeket epifluoreszcens és lézer szkenning mikroszkóp alatt vizsgáltunk, a különböző fényhatásnak kitett levelek közötti eltérő flavonoid-tartalom igazolása volt a cél.

Anatómiai vizsgálataink eredménye a fajták levélnyél és levéllemez részletes szerkezeti jellemzése. A fajtacsoportok között a főér és levélnyél méretében, nyalábalakulásában és a levéllemez vastagságában különbségeket tapasztaltunk, míg a flavonoid-ujjlenyomat a fajták között nem mutatott szignifikáns eltérést. A napkitettség a levelek szerkezetét nem befolyásolta, tehát a vizsgált szőlőnövények a különböző erősségű napfényhez más módszerrel alkalmazkodnak. A flavonoidok és különböző növényi savak eloszlásának illetve intenzitásának vizsgálata során megállapítottuk, hogy a levélnyél illetve a főér elsősorban növényi savakban, míg a levéllemez flavonoidokban gazdag és ezeknek a fitokemikáliáknak a szintje és lokalizációja a napsugárzás hatására jelentősen megváltozik.

Munkánkban elsőként jellemeztük öt szőlőfajtánk levélszövettanát és flavonoid-profilját, valamint alkalmazkodását az ültetvényben uralkodó napfény-viszonyokhoz.

NÖVBIOL-9

PODMANICZKI ANNA
Biológus
MSc, 9. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:
Dr. Gallé Ágnes
adjunktus, SZTE TTIK

Őszi búza vonalak zászlóslevelében lévő antioxidáns és detoxifikáló rendszerek vizsgálata Fusárium fertőzés alatt

A kalászfuzáriózis napjainkban is komoly problémákat okoz, ezért fontos szerepet kap a vele szemben ellenállóságot mutató kultúrnövényeink nemesítése, a bennük megtalálható védekező mechanizmusok pontosabb megismerése és erősítése, mint például a szisztematikus szerzett rezisztencia kialakítása, fent tartása, illetve a fertőzés bekövetkeztével szembeni rezisztencia kialakítása.

Kísérleteinkhez 4 búza vonalat használtunk fel (2 vonal rezisztens, 2 vonal szenzitív), melyeket virágzás után fertőztünk *Furárium graminearum* illetve *F. culmorum* izolátumokkal. A mintavétel zászlóslevelekből történt, a tejes érés stádiumában. A kísérletek során egyaránt vizsgáltuk a nem enzimatikus (aszkorbát, glutation tartalom) és az enzimatikus antioxidáns rendszereket (szuperoxid dizmutáz-SOD, kataláz-CAT, glutation reduktáz-GR, glutation transzferáz-GST, gvajakol peroxidáz-GPOX), illetve a fertőzés hatására bekövetkező változásokat a génexpresszió szintjén is a választott gének esetében. Mindkét gomba fertőzés esetén hasonló reakciókat kaptunk. A két szenzitív vonalnál megfigyelhető az aszkorbát tartalom csökkenése, a glutation tartalom növekedése. Az enzimek aktivitása esetén a szuperoxid-dizmutáz működése fokozódott, míg a katalázé és glutation reduktázé csökkent, a glutation transzferáz bizonyos esetekben nőtt, míg a gvajakol peroxidázé minden esetben nőtt a kontroll növényekéhez képest. Mivel rezisztens vonalaknál a glutation transzferáz és gvajakol peroxidáz működése mutatott növekedést, megvizsgáltuk néhány stressz folyamatokban nagy jelentőségű GST és GPOX gén transzkript szint változásait a fertőzés hatására. Génexpresszió szintjén a szenzitiv vonalak esetén a tau csoportba tartozó GST-k expressziója növekedett, míg a rezisztens vonalaknál egy phi csoportba tartozó GST expressziója is jól láthatóan megemelkedett.

A nemesítésben fontos szerepet játszó rezisztenciának több típusa ismert, az általunk vizsgált Sumai3 már magával a fertőzés kialakulásával szemben is rezisztenciát, míg a másik rezisztens vonal fertőződött és szisztematikus szerzett rezisztenciát mutatott. Ez utóbbi kialakításában vélhetőleg fontos szerepet játszanak a phi és tau csoportba tartozó GST-k, melyeknek fertőzés alatti expressziójuk ugrásszerűen megnőtt.

NÖVBIOL-10

FELDE ORSOLYA
Biológus
MSc, 5. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Rudnóy Szabolcs
adjunktus, ELTE TTK

S-metilmetionin hatása kukorica (*Zea mays L.*) sótoleranciájára

A kukorica (*Zea mays L.*) az egyik legfontosabb haszonnövény, amit az ember valaha termesztett. Világszerte csökken a termésmennyisége az abiotikus és biotikus stressz, köztük a sóstressz miatt. Az abiotikus stressz kivédésére korábban sikerrel alkalmazták a S-metilmetionin (SMM) nevű természetes kénvegyületet. Vajon az SMM segítségével növelhetjük-e a kukorica sótoleranciáját? A kérdés megválaszolása céljából, a sókezelést követően megvizsgáltam az SMM-kezelt és -kezeletlen növények fotokémiai rendszerének állapotát, három antioxidáns enzim aktivitásában bekövetkező változásokat és két enzim esetében az őket kódoló gén expresszió változását. A fotoszintetikus hatékonyság vizsgálatához klorofill-a fluoreszcencia indukciós vizsgálatokat végeztem. Az enzimek aktivitását fotometriásan vizsgáltam, míg a génkifejeződés méréséhez qRT-PCR technikát alkalmaztam.

Eredményeim alapján a fotoszintézist szignifikáns emelkedést mutatott a kezeletlen mintához képest SMM-kezelés hatására. A sóstresszt és az SMM-kezelést eleinte az APX és GPX enzimek aktivitásának csökkenése követte, de hosszú távon növekszik a peroxidázok aktivitása. Eleinte az SMM-kezelés emelte a GR enzim aktivitását, de a vizsgálat végére egyik minta GR aktivitása sem haladta meg a kontroll mintában mért enzimaktivitást. A különböző erősségű sóstresszek hatására nem találtam jelentősebb eltérést a GR aktivitásában. A génexpresszióban jelentkezik az enzimkinetikai mérések során tapasztalt változás. A GR génexpressziójának vizsgálata során egyik minta sem haladja meg szignifikáns mértékben a kontroll értékeit, inkább a génkifejeződés csökkenése figyelhető meg. Ez a csökkenő tendencia megegyezik azzal, amit az enzimkinetikai vizsgálatok is mutattak. A sókezeléstől számított 12. napon azonban szignifikáns szétválás látható az SNa40 és SNa60 minták között. Az SNa40 génexpressziós szintje körülbelül megegyezik a kontroll mintáéval, míg az SNa60 a legalacsonyabb értéket mutatja az egész vizsgálati csoportban.

Kutatásommal sikerült alátámasztanom, hogy az SMM erős stresszhatás esetén növeli a peroxidáz enzimek aktivitását, ami fontos a növény antioxidáns védelme céljából. Emellett a fotoszintetikus apparátus védelmét is sikerült kimutatnom hosszú távú sóstressz során.

NÖVÖKO-1

VADKERTI ÁGNES
Biológia BSc.
BSc, 7. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:
Dr. Somodi Imelda
tudományos munkatárs, MTA ÖKI

A fajszám és borításviszonyok változása a *Calamagrostis epigeios* elterjedésének hatására 35 év távlatában a tardi löszgyepen

A Tard határában fekvő löszgyepen 1979 óta állandó kvadrátos mintavételezéssel követjük nyomon a löszgyep fajszámának és fajkészletének változásait. Az eredetileg juhlegeltetésre használt terület az 1980-as évekre fokozatosan felhagyásra került, ekkor szubkontinentális lejtősztyepp jellemezte az egész területet. Vizsgálatunkban célul tűztük ki a rendelkezésre álló 35 éves időszak fajszám és fajkészletbeli változásainak feltárását – különös tekintettel az 1983-ban megjelent *Calamagrostis epigeios* hatására. A fajkészlet változásait ordináció (főkomponens elemzés) segítségével derítettük fel, a fajok előfordulásának százalékos borításértékei és bináris adatai felhasználásával is. A fajszám és a borításviszonyok változását a *C. epigeios* terjedésének függvényében általánosított lineáris modellel vizsgáltuk. Eredményeink szerint az idő és a *C. epigeios* borítása negatív hatással van a fajszám-változásra. Fajkészlet szempontjából két fő irányba indult el a vegetációdinamika: egyrészt a stabil belső dinamikájú részeken a felszaporodó fűfélék, elsősorban a *Festuca rupicola* következtében egyre inkább a gyep záródása figyelhető meg, másrészt megjelent a *C. epigeios*, és a mintaterület felének meghatározó fajává vált. A *C. epigeios* által nem érintett részen a záródással párhuzamosan a középdunai erdőspusztarét több jellemző faja jelent meg, így például: a *Danthonia alpina*, a *Helictotrichon adsurgens*, a *Campanula rotundifolia*, és a *Dianthus pontederae*. Az egész területen egyre nagyobb számban képviseltetik magukat a fásszárúak: a *Quercus cerris*, az *Acer tataricum*, a *Rosa gallica* és a *Crataegus monogyna* is, de jelenlétük különösen feltűnő a *C. epigeios* uralta részeken. Ezek a folyamatok az erdőssztyepp kialakulása felé mutatnak, melynek feltételezéseink szerint része, nem pedig akadályozója a *C. epigeios* időleges térnyerése is.

NÖVÖKO-2

KOVACSICS-VÁRI GERGELY
Biológia
BSc, 5. félév
Nyíregyházi Főiskola
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:
Dobróné Dr. Tóth Márta
docens, NYF TTIK

A környezetszennyezés és a parlagfű (*Ambrosia artemisiifolia L.*) allergizáló hatásának kapcsolata

A parlagfű pollen légköri koncentrációja és az allergiában betöltött szerepe mellett nem elhanyagolható tényező a környezet szennyezése és a pollen által kiváltott allergiás reakciók fokozódása közötti kapcsolat. A parlagfű gyors regenerációs és megtelepedési képességgel rendelkezik, invazív, agresszív gyomnövény. Munkánk középpontjában a parlagfű fő allergén fehérjéje, az Amb a1-es molekula áll.

Munkánk során megvizsgáltuk a különböző forgalmat lebonyolító utak mellől (ruderáliák) származó porzós virágzatok fémtartalmát, valamint összevetettük a virágporszemek deformáltságának az arányát. Megadtuk egy korábban végzett tenyészedényes kísérletben felnevelt parlagfű növények virágporszemeinek a 38 kDa nagyságú fehérje molekula mennyiségét, HPLC-vel. A kísérlet mintáit 4 különböző nehézfémmel (Ni, Cu, Cd, Zn) kezeltük, továbbá volt egy szennyezett területről származó minta és egy kezeletlen kontroll, amelyet skin prick tesztekhez alkalmaznak. További HPLC méréseket végeztünk mezőgazdasági és ruderális területről származó növények virágporszemeivel szintén 38 kDa nagyságú fehérjékre. A mezőgazdasági és ruderális mintavétel mellett volt egy kontroll terület is.

A környezetszennyezésnek erősebben kitett területeken nagyobb volt a deformált virágporszemek aránya, amely pozitív korrelációban áll a porzós virágzatok fémtartalmaival. A zavartalan, forgalommentes területeken (kontroll) kisebb, míg a legnagyobb forgalmat lebonyolító utak közelében a kontrollhoz képest statisztikailag igazolhatóan nagyobb fémtartalmakat mértünk.

A tenyészedényes kísérletben minden mintára - a nikkellel kezelt növényeket kivéve - nagy fehérje tartalmakat kaptunk, azonban a szennyezett területről származó pollenszemek fehérjemennyisége még így is duplája a többi minta átlagának. A mezőgazdasági és ruderális területekről származó minták fehérjemennyisége jelentősen, esetenként akár több mint 90%-al meghaladta a kontroll értékét.

NÖVÖKO-3

DEME JUDIT
Biológia
BSc, 5. félév
Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
Dr. Csiky János
docens, PTE TTK
Lengyel Attila
tudományos munkatárs, MTA ÖKI

A Mecsek hegység és a Dél-Zselic forrásgyepjeinek florisztikai, szüntaxonómiai és ökológiai vizsgálata

Bár a források hazánkban „ex lege" védelmet élveznek, az itt jellemző CR vagy EN kategóriába sorolt forrásgyep-társulások (*Montio-Cardaminetea*) florisztikai, társulástani és ökológiai vizsgálata a szomszédos országokhoz képest komoly lemaradásban van. Magyarországon többfelé találhatóak olyan területek, melyekről még nem közöltek forrásgyepi cönológiai felvételeket. Ilyen régió a Mecsek és a Dél-Zselic, amelyek területén, természetes, foglalatlan források mentén 38 felvételt készítettünk a Zürich-Montpellier iskola módszerei szerint. A felvételezés során a mohafajok jelenlétét, az edényes növények %-os borítását valamint a legfontosabb abiotikus tényezőket rögzítettük (víz pH, konduktivitás, víz hőmérséklet, meredekség, földrajzi koordináták, tengerszint feletti magasság).

A cluster-analízis eredményeit R-környezetből nyertük, a JUICE-programban való elemzés után az állományok többségét három forrásgyepi társulásba soroltuk be, amelyek a fajkészlet, a fajcsoportok és bizonyos abiotikus tényezők alapján azonosíthatóak: 1. *Caricetum remotae*, 2. *Cardamino-Chrysosplenietum alternifolii*, 3. *Brachythecio rivularis-Cratoneuretum*. Ezek közül csupán a *Cardamino-Chrysosplenietum alternifolii* előfordulása volt bizonyított hazánkban. Az ezzel egy asszociációcsoportba (*Caricion remotae*) tartozó *Caricetum remotae*-t először mutattuk ki Magyarországról, csakúgy, mint az erdei mésztufagátakon fejlődő *Brachythecio rivularis-Cratoneuretum*-ot, amely a hazánkból eddig még nem jelzett asszociációcsoportba, a *Lycopodo europaei-Cratoneurion commutati*-ba sorolható.

A nemzetközi tanulmányok eredményeivel összhangban megállapítható, hogy a forrásgyep-állományok fajgazdagsága függ néhány általunk is vizsgált környezeti tényezőtől, mint pl. a meredekség, a pH és az elektromos vezetőképesség.

A felmérések során 48 mohafajt regisztráltunk, köztük olyan ritka, vörös listás fajokat is, mint a *Fissidens incurvus* (EN), *Palustriella commutata* (EN), *Philonotis marchica* (DD). Az edényes növények fajgazdagsága meglepő (131 faj), a felmért területeken számos védett, veszélyeztetett taxon fordult elő, továbbá zoológiai kuriózumok is. A forrásgyepi társulások tehát nemcsak élőhelyi különlegességük, hanem ritka növény- és állatfajaik miatt is fokozott védelemre és országos léptékben további kutatásra szorulnak.

NÖVÖKO-4

GERÉD JÚLIÁNNA
Ökológia és környezetvédelem
BSc, 6. félév
Babeş-Bolyai Tudományegyetem
Biológia és Geológia Kar

SÁNDOR DOROTTYA
Ökológia és környezetvédelem
BSc, 6. félév
Babeş-Bolyai Tudományegyetem
Biológia és Geológia Kar

Témavezetők:
Dr. Fenesi Annamária
adjunktus, BBTE
Dr. Ruprecht Eszter
docens, BBTE

A transzgenerációs plasztikusság szerepe a növényi inváźióban

A környezeti tényezőkhöz való, egy generáción belüli alkalmazkodást sok esetben hozták összefüggésbe az inváziós növényfajok sikerességével. A már két generációt érintő alkalmazkodás, mely során az anyanövény „felkészíti" az utódokat az általa tapasztalt környezeti hatásokra (transzgenerációs plasztikusság, TGP), szerepe az idegenhonos fajok térhódításában kevéssé kutatott. Épp ezért kutatásunkban a TGP lehetséges inváziót elősegítő szerepét vizsgáltuk. Kísérletünkhöz két inváziós (Galinsoga parviflora, Amaranthus retroflexus) és két idegenhonos, de nem inváziós (G. ciliata, A. albus) növényfajt választottunk. A fajokat két generáción keresztül neveltük víz- és nitrogéngrádiens mentén. Eredményeinkből kitűnik, hogy az anyai hatás a növény egész élete során érvényesül, de különbözőképpen nyilvánul meg az egyes fajok és kezelések esetében, illetve a növényegyedek élete során. A legfontosabb eredményünk, hogy a két inváziós faj esetén, szemben a nem sikeres meghonosodott fajokkal, a TGP hozzájárul a nagyobb reprodukciós sikerhez, ezáltal pozitívan befolyásolhatja a fajok inváziós térhódítását.

NÖVÖKO-5

BALÁZS VIKTÓRIA LILLA
Biológia
BSc, 8. félév
Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
Dr. Farkas Ágnes
docens, PTE ÁOK
Dr. Pál Róbert
adjunktus, PTE TTK

A vadcsicsóka (*Helianthus tuberosus L.*) allelopátiás hatásának vizsgálata

A vadcsicsóka (*Helianthus tuberosus L.*) hazánk agresszív özönnövénye. Gyors terjedésében kiemelkedő szerepe lehet a növény allelopátiás hatásának, melynek révén gátolja a környezetében lévő fajok csírázását vagy fejlődését.

Vizsgálatunk során arra a kérdésre kerestük a választ, hogy a csicsóka leveléből és gyökeréből készült kivonatok (1, 10 és 100 µg/ml) júniustól októberig hogyan befolyásolják néhány termesztett illetve vadon élő növény csírázását és a csíranövények fejlődését. A csíráztatás Petri-csészékben történt, kontrollként desztillált vizet alkalmaztunk. A kísérlet hatodik napján megszámoltuk a csírázott magokat (%) és megmértük a csíranövények magasságát (cm), a gyökerek hosszúságát (cm). A statisztikai elemzést (ANOVA) Past 2.17b program segítségével végeztük el.

A közönséges búza (*Triticum aestivum*) csírázási százalékát a júliusi levélkivonat szignifikánsan ($p<0,05$) növelte, míg a kukorica (*Zea mays*) csírázását a csicsókakivonatok nem befolyásolták. A búza csíranövények magasságát és a gyökerek hosszúságát szignifikánsan ($p<0,05$) csökkentette az augusztusi és októberi levélkivonat. Júniusban és szeptemberben a levél kivonata szignifikánsan ($p<0,05$) csökkentette, míg a gyökér kivonata növelte a kukorica csíranövények magasságát és gyökereinek hosszúságát.

A gyomnövények közül a közönséges tarackbúza (*Elymus repens*) és a gilisztaűző varádics (*Tanacetum vulgare*) esetében a csicsókakivonatok gátló hatása érvényesült: a nyári kivonatok csökkentették ($p<0,05$) a közönséges tarackbúza csírázási százalékát, az őszi kivonatok pedig mindkét növény csíráinak magasságát ($p<0,001$; $p<0,01$) és gyökereik hosszúságát ($p<0,01$). A közönséges galaj (*Galium mollugo*) és a fehér mustár (*Sinapis alba*) esetében serkentő és gátló hatást is tapasztaltunk. A magas aranyvessző (*Solidago gigantea*) pozitívan reagált a kezelésre: a júliusi, augusztusi és októberi levélkivonatok növelték a csírázott magok számát ($p<0,05$) és a csíranövények magasságát ($p<0,05$).

Megfigyeléseink jól magyarázhatóak az "Új Fegyverek" hipotézissel, miszerint az idegen földrészről bekerülő inváziós faj által kibocsátott bioaktív vegyületek hatásához az elözönlött régióban élő növények nem, vagy kevésbé tudnak alkalmazkodni, míg az azonos földrészről származó fajok az inváziós területen sem gátolják egymást, sőt akár elő is segíthetik egymás terjedését.

NÖVÖKO-6

LOVAS-KISS ÁDÁM
Biológus
MSc, 11. félév
Debreceni Egyetem
Természettudományi és Technológiai Kar

LACZKÓ LEVENTE
Biológus
MSc, 9. félév
Debreceni Egyetem
Természettudományi és Technológiai Kar

FEKETE RÉKA
biológia BSc
BSc, 5. félév
Debreceni Egyetem
Természettudományi és Technológiai Kar

Témavezetők:
Dr. Molnár V. Attila
docens, DE TTK
Vincze Orsolya
Phd hallgató, DE TTK
Dr. Sramkó Gábor
kutató, DE TTK

Különböző magméretű növények endozoochor terjedésének vizsgálata

Az állatvilág tagjai közül a vízimadarak is fontos szerepet játszanak növények propagulumainak terjesztésében. Ezt kétféle, epizoochor illetve endozoochor úton tehetik meg. Ez utóbbinak, manapság úgy tűnik, nagyobb szerepe van a propagulumok terjedésében. Eddig 25, a témában végzett tanulmány során 223, többnyire vegetációra domináns növényfaj propagulumait mutatták ki három récefaj (*Anas acuta, A. penelope* és *A. platyrhynchos*) tápcsatornájából- és/vagy székletéből. Mi tizenöt, nagyrészt vízparti, nedves területeket kedvelő, ritka növényfaj endozoochor terjedésének a lehetőségét vizsgáltuk. Vizsgálataink modellállata a tőkés réce (*Anas platyrynchos*) volt. Etetési kísérleteket végeztünk az egyes növényfajok ismert mennyiségű magjaival, majd az ürülékmintákból kiválogattuk az épségben átjutott propagulumokat. Ezután, csíráztatási kísérleteknek vetettük alá őket, hogy megnézzük milyen mértékben őrizték meg életképességüket. Mindegyik faj képes volt ép maghéjjal átjutni a récék emésztőrendszerén. Megnéztük, hogyan befolyásolja az átjutást a magtömeg, magtérfogat, az emésztőrendszerben benntöltött idő. Vizsgáltuk az átjutott magok és a kontroll (kezeletlen) magok csírázási aránya közötti különbségeket. Vizsgáltuk az összefüggést a magtömeg, magtérfogat, emésztőrendszerben benntöltött idő illetve a csírázás mértéke között. Az magok átjutását a vizsgált tényezőink közül legjobban a térfogat befolyásolta, a nagyobb értékekkel rendelkezők kisebb mértékben jutottak át ép héjjal.Az átjutott propagulumok közül tizenhárom esetében tapasztaltunk csírázást a vizsgált időtartam alatt, illetve a kontrollcsíráztatással összevetve a magok különböző mértékben reagáltak tápcsatornán történő átjutásra, de több faj esetében pozitív hatás volt észlelhető. Ezen kívül különös figyelmet fordítottunk egy Magyarországon, a Fertő-tó partján 2012-ben megtalált, eredetileg tengerparti, mocsaras területeken élő fajra, a *Carex extensa*ra, amelyről feltételezték, hogy vízimadarak révén kerülhetett hazánkba. E faj propagulumait szintén alávetettük etetési, illetve csíráztatási kísérleteinknek. Ezen kívül molekuláris genetikai vizsgálatokat is végeztünk a fertő tavi-állomány eredtével kapcsolatban, hogy alátámaszthassuk azt a korábbi feltevést, miszerint a faj vízimadarak révén kerülhetett hazánkba.

NÖVÖKO-7

PRÁZSMÁRI HUNOR
Szárazföldi és vízi ökológia
MSc, 2. félév
Babes Bolyai Tudományegyetem
Biológia és Geológia kar

Témavezető:
Dr. László Zoltán
adjunktus, BBTE

Léptékfüggő-e a rózsacserjék aggregációja?

A vadrózsákon megjelenő rózsagubacsokban előforduló hártyásszárnyú közösség modellként szolgálhat tájökológiai, evolúciós, epidemiológiai és a klímaváltozás biodiverzitásra gyakorolt hatásait elemző vizsgálatokban. A közösség fajainak vizsgálatához nélkülözhetetlen a megfelelő lépték kiválasztása a mintavételi kvadrátok méretének meghatározásához. Fontos szempont a lépték kiválasztásánál a közösséget alkotó fajok diszperziós távolságainak ismerete, azonban a gazdanövények térbeli eloszlása, mivel összefüggésben van a gubacsok gyakoriságával szintén kiemelkedő fontosságú. Vizsgálatomban a rózsacserjék eltérő léptékeken megfigyelt térbeli eloszlásának vizsgálatát tűztem ki célul. Az elemzésekhez összesen hat darab, egyenként egy hektáros területen fellelhető rózsacserje mintázatokat használtam. A térbeli eloszlást a léptékfüggőséget feltáró Ripley-féle K függvény segítségével határoztam meg az egy hektáros területeken, majd a vizsgálati kvadrátokat négy egyenlő részre osztva megismételtem az elemzést. Vizsgálati hipotézisem térbeli eloszlás változatlansága a két lépték (1/4 ha és 1 ha) függvényében. Eredményeim alapján alátámaszthatom a ¼ hektáros mintavételi kvadrátok használatának jogosultságát, amely megerősítheti a diszperziós távolságok alapján feltehető kvadrátméret alkalmasságát közösség-ökológiai vizsgálatainkhoz. A kutatás a TÁMOP 4.2.4.A/2-11-1-2012-0001

Nemzeti Kiválóság Program című kiemelt projekt keretében zajlott (pályázati azonosító: A2-CT-HTKH-13-0003). A projekt az Európai Unió támogatásával, az Európai Szociális Alap társfinanszírozásával valósul meg.

NÖVÖKO-8

RADNAI ZSÓFIA
Biológia
BSc, 5. félév
Eszterházy Károly Főiskola
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Dulai Sándor
főiskolai tanár, EKF TTK

Szimulált Mars-analóg környezeti tényezők hatása az intakt (extremofil), kriptobiotikus kérgek fotoszintézisére és túlélésére

Dolgozatomban nagyrészt extremofil, intakt kriptobiotikus kérgek túlélését és fotoszintetikus aktivitását vizsgáltam szimulált, egymással kölcsönhatásban ható és egyszerű Mars-analóg környezeti tényezők hatása után és alatt. Az eredmények az alábbiakban összegezhetők. A vizsgálatok alapján sikerült olyan kéregtípusok felderítése, amelyeken a továbbiakban a marsi körülmények alatti viselkedéssel kapcsolatos részletesebb vizsgálatok elvégzése indokolt, hiszen azok túlélték a bolygóra jellemző fontosabb környezeti faktorokat. A szimulációs kamrában végzet tesztek és a vizsgált minták túlélési aránya meghaladta a 60 %-ot. Mivel az egyes teszttípusokat több taxon, ill. intakt kéreg is túlélte megállapíthatjuk, hogy a szimulált Mars-analóg környezeti tényezők egyike sem limitált abszolút mértékben. A Marsra jellemző nyomás és légkörösszetétel nem volt károsítóbb, mint a Föld-szerű abban az esetben ha más faktorok a marsfelszínhez hasonlóan alakultak. A szimulációs körülmények között a kérgek túlélése sokkal inkább függött a kérgek eredeti élőhelyén uralkodó viszonyoktól és a kéreg típusától, mint azoktól az extrém faktoroktól amelyeknek a szimuláció során kitétettek. Általában a száraz, sós sivatagokból származó minták mutatták a legjobb túlélési arányt, azaz az élőhelyek extremitásának fokozódásával a túlélés is valószínűbb volt. Minthogy az intakt kérgek általában magas túlélést mutattak, a jövőben valószínűleg érdemes lenne részletesebb, az okokat feltáró vizsgálatokat tervezni a mikro életközösségek szintjén (természetesen az egyedi taxonok tanulmányozása mellett), ill. feltárni azokat a védekező, szabályozó és alkalmazkodási mechanizmusokat, amelyek közösségi szinten a kéreg „védelmében" valószínűsíthetők. A laboratóriumi körülmények között végzett, „egyfaktoros" szimulációs kísérletekkel sikerült igazolni, hogy külön-külön, több kéregtípus is elviseli a marsi talajfelszínen, ill. a sötét dűnefoltok területén uralkodó extrém tényezőket, valamint ezek hatása alatt is aktív fotoszintézis folytat. Ezzel kapcsolatban legígéretesebb a 13157- sz. Tunéziából származó minta. Ezeket a faktorokat a későbbiekben egymással kölcsönhatásban alkalmazva is érdemes lesz vizsgálatokat végezni. Eredményeink bizonyos mértékig, közvetve alátámasztják a DDS-MSO hipotézis helytállóságát.

ÖKOTOX-1

VELOVICS RÁHEL
Ökotoxikológus
MSc, 4. félév
Szent István Egyetem
Mezőgazdaság- és Környezettudományi Kar

Témavezetők:
Háhn Judit
tanszéki mérnök, SZIE MKK
Dr. Szoboszlay Sándor
docens, SZIE MKK

Atrazin biodegradációjának és endokrin diszruptor hatásának vizsgálata

A nagy mennyiségű növényvédő szer használat, súlyos károkat okoz, mind gazdasági mind környezetvédelmi szempontból. Perzisztens tulajdonságuk miatt, számos növényvédő szer hosszan megmarad vízkészleteinkben és a talaj különböző rétegeiben, a felhalmozódás a táplálékláncon keresztül is végbemehet. A növényvédő szerek akut és krónikus egészségi problémákat is okozhatnak.

Dolgozatomban az atrazin vizsgálatával foglalkoztam, melyet, több mint 50 éve széles körben alkalmaznak, főként kukorica gyomirtására. Vízszennyező tulajdonsága miatt az Európai Unióban 2004-ben, hazánkban 2007-ben betiltották, azonban számos országban a mai napig használják. Reduktív körülmények között hosszú időn keresztül perzisztál, így a használatát már betiltott országokban is az egyik leggyakrabban kimutatható peszticid felszín alatti vizekben. A finomodó vizsgálati módszereknek köszönhetően bebizonyosodott, hogy mind az anyavegyület, mind a két legközönségesebb dealkilált metabolitja aromatáz (mely az androgén-ösztrogén konverziót végzi) induktor hatású, így a hormonháztartás megzavarását okozza.

Munkám során szennyezett környezeti elemekből származó, korábban már faj szinten identifikált baktériumtörzsekkel és baktérium konzorciumokkal atrazin bontási kísérleteket végeztünk, a biodegradáció mértékét analitikai vizsgálatokkal határoztuk meg. A Rhodococcus genusba tartozó fajok mutattak nagyfokú atrazin degradációs potenciált (70-98%), ill. egy-egy Cupriavidus, Olivibacter és Serratia genusba tartozó faj (49-67%). Ezekből a törzsekből alkotott konzorciumok közül négy degradációs képessége meghaladta az őket alkotó egyes törzsek lebontó képességét.

Az atrazin biológiai lebomlása során keletkező maradékanyag ED hatásának elemzéséhez egy olyan tesztet dolgoztunk ki, melyben egy, a szteroidszintézis összes kulcsenzimével – az aromatázzal is - rendelkező humán mellékvese-kéreg karcinóma sejtvonalat és egy élesztő alapú bioriporter tesztet kombináltunk. A humán sejteket atrazinnal széles koncentrációtartományban exponáltuk, majd a sejtek által az anyag hatására fokozottan termelődő hormonok jelenlétét a bioriporter teszt segítségével detektáltuk.

A kutatás a KTIA_AIK_12-1-2013-0017 és a Kutatókari Kiválósági Támogatás - Research Centre of Excellence – 8526-5/2014/TUDPOL pályázatok segítségével valósult meg. Köszönet a Tennessee Egyetem (The University of Tennessee, Knoxville, Tennessee) munkatársainak a BLYES/BLYAS/BLYR tesztszervezetekért.

ÖKOTOX-2

KANIZSAI BARBARA
Ökotoxikológus
MSc, 4. félév
Szent István Egyetem
Mezőgazdaság- és Környezettudományi Kar

Témavezetők:
Csenki-Bakos Katalin
tanszéki mérnök, SZIE MKK
Bencsik Dóra
Ph.D hallgató, SZIE MKK

Embriótoxicitás vizsgálata és két genotoxicitást vizsgáló módszer összevetése a 4-etilbenzaldehid példáján

Az ivóvíz az ember által fogyasztásra alkalmas víz. Vizsgálatok kimutatták, hogy az ivóvízben bizonyos nagyságrendben, a ma ismert analitikai módszerekkel vizsgálva, mintegy 200 különböző kémiai vegyület található, melyek a hagyományos szűrés és kémiai kezelést követően is visszamaradnak. Megvizsgálva ezek szerkezetét, közöttük több olyan vegyületet is találtak, melyek karcinogén, mutagén, teratogén, neurotoxikus vagy immunszupresszív hatással rendelkeznek. A hatások tanulmányozását modellszervezetek segítségével végzik, így vizsgálatainkhoz egy népszerű modellállatot, a zebradániót (*Danio rerio*) választottuk.

Munkánk során egy vízfertőtlenítési melléktermék vegyület, a 4-etil-benzaldehid hatását vizsgáltuk ezen halfaj embrióin. Célkitűzésünk az embriótoxicitás teszttel nyerhető alapvető toxikológiai paraméterek meghatározása, valamint két genotoxicitást vizsgáló módszer, a Comet assay és a RAPD PCR érzékenységének összevetése volt.

Az embriótoxicitás teszt során az LC50 és LC10 értékeket állapítottuk meg, valamint 72 órával a termékenyülés után fotókon dokumentáltuk az észlelt torzulásokat. A mikroszkópos vizsgálat során megállapítottuk, hogy a 4-etil-benzaldehid már az LC10 alatti koncentrációkban is perikardiális ödémát, a farok torzulását, göb kialakulását, valamint a farok szélének szabálytalan alakulását eredményezi. Szakirodalmi adatok és eredményeink alapján arra a következtetésre jutottunk, hogy a 4-EBA specifikus elváltozásokat okoz a zebradánió embriókon, gátolja a wnt5 útvonalat, valamint a Ca^{2+} csatorna működését az erek falának simaizom szövetében.

A genotoxicitás vizsgálatánál mind a RAPD, mind pedig a Comet assay kimutatta a 4-EBA genotoxikus hatását zebradánió embriókón. A két módszer közül a Comet assay érzékenyebbnek bizonyult, már a legkisebb koncentrációban (0,5 mg\l) is szignifikáns eltérést mutatott a kontrollhoz képest 1 napos embriók esetében. Ezzel szemben a RAPD eredményei csak magasabb koncentrációkban mutattak hatást. A Comet assay esetében nincs szükség hosszas optimalizálásra az újabb tesztanyagoknál, így összességében megbízhatóbb és egyszerűbb módszernek bizonyult a RAPD-nál.

ÖKOTOX-3

NYESTE KRISZTIÁN JÓZSEF
Hidrobiológus MSc
MSc, 7. félév
Debreceni Egyetem
Természettudományi és Technológiai Kar

DOBROCSI PATRIK ANDRÁS
Biomérnök BSc
BSc, 3. félév
Debreceni Egyetem
Természettudományi és Technológiai Kar

Témavezetők:
Dr. Antal László
adjunktus, DE TTK
Dr. Simon Edina
adjunktus, DE TTK

Fémakkumuláció vizsgálata a Szamos hazai szakaszán élő különböző táplálkozású halfajok egynyaras (0+) egyedeiben

Három évtizede a Szamos még az egyik legszennyezettebb folyónk volt. Napjainkra sokat javult a helyzet, de kisebb-nagyobb ipari és bányászati eredetű szennyezések jelenleg is érik. A nem biodegradábilis nehézfémek a vízi táplálkozási hálózatokban fontos szerepet játszó halak szervezetében jelentős mennyiségben képesek akkumulálódni. Ennek mértéke függ az adott elem kémiai tulajdonságaitól, illetve az adott halfaj ökológiai igényeitől, táplálkozásbeli és életmenet-sajátságaitól, továbbá az adott egyed korától, méretétől és fiziológiai állapotától.

Vizsgálatunk során arra kerestünk választ, hogy a Szamos hazai szakaszán élő eltérő táplálkozású halfajok egynyaras egyedei között kimutathatóak-e különbségek az egyes fémek mennyisége alapján, továbbá milyen ezek aránya a vázizomszövetben, a kopoltyúban és a májban.

A vizsgálatunkhoz szükséges halakat 2013 novemberében gyűjtöttük a Szamos csengeri szakaszán. Célfajaink a herbivor paduc (*Chondrostoma nasus*), az invertivor-bentivor márna (*Barbus barbus*) és az omnivor táplálkozási guildbe tartozó domolykó (*Squalius cephalus*) voltak. A fémtartalmat a laboratóriumi feltárást követően Agilient Technologies 4100 típusú, mikrohullámú plazma-atomemmissziós spektrométer (MP-AES) segítségével határoztuk meg.

Eredményeink alapján megállapítható, hogy a különböző fajok egynyaras egyedeinek a fémtartalma szignifikáns különbségeket nem mutat, azonban a mederfenéken táplálkozó fajok az üledék folyamatos felkeverése miatt nagyobb nehézfém-terhelésnek vannak kitéve, mint a vízközt élők.

A makroelemek (Ca, Na, K, Mg) az élő szervezetben betöltött szerepüknek megfelelő eloszlást mutatták. Általánosságban igaz, hogy a nehézfémek (Fe, Cu, Mn, Zn, Pb) legnagyobb mennyiségben a májban halmozódnak fel. Egyes elemek (Sr, Mn, Zn) a kopoltyúban is nagyobb koncentrációban voltak jelen, ami alapján a folyó friss szennyeződésére lehet következtetni.

Vizsgálataink igazolják, hogy a Szamosban élő halfajoknak már az egynyaras egyedeiben is mérhetőek olyan nehézfémek, melyek eredete egyértelműen az ipari és a bányászati tevékenységekhez köthető. A halak nehézfém-terheltségével tehát, amely humán-egészségügyi szempontból különösen problematikus, édesvízi fajok esetén is számolni kell.

ÖKOTOX-4

OROSZ IVETT
Ökotoxikológus
MSc, 4. félév
Szent István Egyetem
Mezőgazdaság- és Környezettudományi Kar

Témavezetők:
Dr. Krifaton Csilla
adjunktus, SZIE MKK
Dr. Cserháti Mátyás
adjunktus, SZIE MKK

Hagyományos és élőgépes szennyvíztisztítás hatékonyságának vizsgálata komplex toxikológiai profil alapján

A szennyvíztisztítási eljárások értékelésénél a vízben oldott szerves és szervetlen anyagok minősége és mennyisége a vízminősítés szempontjából döntő szerepet játszik. Fontos a vízminőség kémiai analitikai vizsgálata különböző komponensekre, amely adatokat értékelve megtudjuk, hogy a víztisztítási technológia követi-e a vízminőségi előírásokat. Ezek az adatok azonban nem mutatják minden esetben a valós állapotot, így szükséges a vízkémiai tesztek kibővítése ökotoxikológiai tesztekkel. Korábbi vizsgálataimban a gödöllői szennyvíztisztító kifolyó vizének elemzése során azt tapasztaltam, hogy több szempontból is kifogásolható volt a tisztított szennyvíz valamilyen biológiai hatás (genotoxicitás, hormonhatás, citotoxicitás) szempontjából, így javasolható volt országszerte a szennyvíztisztítók hatékonyságáról ökotoxikológiai állapotfelmérést készíteni. Ennek megvalósítására elsőként a Hatvan és Jászberény városi eleveniszapos szennyvíztisztítók hatékonyságát vizsgáltam. Mindemellett, korábbi munkámat folytatva az Organica FCR élőgépes rendszer hatékonyságát vizsgáltam egy újabb féléves periódusban.

Vizsgálati módszereink során a helyszíni vizsgálatok mellett (vízkémia) pro- és eukarióta tesztszervezeteket alkalmazva egy komplex értékelési rendszert állítottunk össze: (1) A vízminták citotoxicitásának megállapítására szolgált az A. fischeri tesztszervezetet alkalmazó lumineszcencia gátlási teszt és (2) a P. fluorescens növekedés gátlási teszt, amely a szennyezők talajbaktériumokra kifejtett káros hatásának kimutatására alkalmas. A (3) genotoxicitás kimutatására az E. coli alapú SOS-Chromo teszt szolgált, illetve (4) a hormonhatású anyagok jelenléte a BLYAS/BLYES tesztrendszerrel kimutatható.

2014-es eredményeink alapján egyik szennyvíztisztító esetében sem volt genotoxikus, vagy hormonrendszert zavaró hatás kimutatható. Az Organica FCR rendszer esetében nem tapasztaltunk ökotoxicitást a kifolyóból vett mintában. A hagyományos szennyvíztisztítók esetében évszakos, illetve technológiai váltással kapcsolatosan ökotoxikus hatást tapasztaltunk a már tisztított vízben, ami a befogadóból vett mintáknál is jelentkezett; jellemzően a nyári hónapokban és a szennyvíztisztító rendszer működési zavarát követően igen magas ökotoxikus hatás volt tapasztalható.

Ezt a projectet a Kutató Kari Kiválósági Támogatás– Research Centre of Excellence- 8526-5/2014/TUDPOL támogatta. Külön köszönet a BLYES/BLYR törzsekért a Tennessee Egyetem kutatóinak (Knoxville, Tennessee).

ÖKOTOX-5

APPL ÁDÁM JÁNOS
Ökotoxikológus
MSc, 4. félév
Szent István Egyetem
Mezőgazdaság- és Környezettudományi Kar

Témavezetők:
Dr. Csenki-Bakos Zsolt
tudományos munkatárs, SZIE MKK
Staszny Ádám
tanszéki mérnök, SZIE MKK
Kovács Róbert
tanszéki mérnök, SZIE MKK

Környezeti terhelések kimutathatósága zebradánió (*Danio rerio*) pikkelyen geometriai morfometriai módszerrel

A napjainkban folyamatosan bővülő gyógyszerpiacon egyre több gyógyszerhatóanyag kerül forgalomba, a növekvő lakossági fogyasztással párhuzamosan pedig a szennyvizeken keresztül a természetes vizeinkbe jutó gyógyszermaradványok mennyisége is nő. Ezen gyógyszerek nagy részének nem ismerjük pontosan a vízi ökoszisztémákra gyakorolt hatását, ezért fontos lenne, hogy minél többet ökotoxikológiai tesztmódszerekkel is megvizsgálhassunk. Ezt tűzte ki célul az Európai Unió által indított CytoThreat projekt is, melynek feladata daganatellenes szerek hosszú távú környezeti hatásának felmérése. Dolgozatomban ezen projekt keretein belül vizsgáltam két daganatellenes gyógyszernek, az 5-fluorouracilnak és az imatinibnek a kimutathatóságát zebradánió (*Danio rerio*) pikkelyen geometriai morfometriai módszerrel.

A szerek hatását kétgenerációs krónikus halteszttel vizsgáltuk, 10 ng/l, 1 µg/l és 100 µg/l-es koncentrációkban. A kísérlet során a kezelt egyedek testhosszát, testtömegét és kondíció faktorát vetettük össze a morfometriai vizsgálatok során kapott eredményekkel.

A morfometriai vizsgálatokhoz az egyedek testének meghatározott részéről távolítottunk el pikkelyeket, melyeken digitalizálásuk után 7 fix mérőpontot vettünk fel, minden pikkelyen azonos sorrendben. A pontokon Prokrusztész-illesztést végeztünk, ezek után regressziót illesztettünk a Prokrusztész-koordinátákra és a centroidok logaritmusára, a statisztikai elemzést pedig a regresszió reziduálisával végeztük. Annak kiderítésére, hogy kimutatható-e a szerek hatása a zebradániók pikkelyének alakváltozásából, kanonikus variancia-analízist (CVA) és funkcionális diszkriminancia-elemzést (DFA) végeztünk a kapott adatokon.

Az eredmények alapján az 5-fluorouracilnál a testparaméterek közül csak a testtömegnél találtunk szignifikáns eltérést a kontroll csoport és a koncentrációk között. A morfometrai vizsgálatok segítségével szignifikáns különbséget tudtunk kimutatni a kontroll és a 1 µg/l, illetve a kontroll és a 100 µg/l-es koncentrációkból, az imatinibnél pedig trendszerű alakváltozást figyeltünk meg minden koncentrációnál.

Ezek alapján feltételezhető, hogy a pikkelyek geometriai morfometriával történő vizsgálata egy kellőképp érzékeny, a kismértékű hatások kimutatására is alkalmas módszer lehet a jövőben.

A munka az Európai Unió 7. kutatási keretprogramjának 265264 szerződésszámú, CYTOTHREAT projektjének és a Kutató Kari Kiválósági Támogatás - Research Centre of Excellence – pályázatának támogatásával valósult meg.

ÖKOTOX-6

KISS LOLA VIRÁG
Ökotoxikológus
MSc, 4. félév
Szent István Egyetem
Mezőgazdaság- és Környezettudományi Kar

Témavezetők:
Dr. Seres Anikó
adjunktus, SZIE MKK
Hrács Krisztina
PhD hallgató, SZIE MKK

Különböző szemcseméretű cink-oxid hatása *Folsomia candia* és *Panagrellus redivivus* talajállatokra

A nanotechnológia elterjedtté válása indokolja, hogy az így előállított anyagok veszélyességét, környezeti és egészségügyi kockázatát megfelelőképpen kivizsgáljuk. Azok az anyagok tartoznak ide, amelyek legalább egy dimenzióban 1-100 nm-es mérettartományban esnek, minőségileg új tulajdonságokkal rendelkeznek, így más kockázattal is járhatnak, mint a nagyszemcsés megfelelőjük. Dolgozatomban a nagy szemcseméretű és nano cink-oxid (ZnO) toxicitását és reprodukcióra kifejtett hatását vizsgáltam két talajszervezeten, a *Folsomia candida* ugróvillás fajon és a *Panagrellus redivivus* fonálféreg fajon. Négyféle szemcseméretű anyagot teszteltem (gyári bulk, gyári <50nm, laboratóriumi 20nm, laboratóriumi 100nm).

Az *F. candida* tesztfajjal három előkísérletet végeztünk. Kísérleteinket az OECD 232-es szabvány módosított változata alapján állítottuk be, talaj helyett olyan közegben, ahol minimalizálhatjuk a dermális expozíció lehetőségét. A három kísérletben nem mutatkozott szignifikáns különbség a különböző szemcseméretű anyagok toxicitásában és a reprodukcióra kifejtett hatásában. Ezek után a főtesztet talaj közegben végeztük el, a teszt megfelelt az érvényességi feltételeknek. Kereskedelmi forgalomban lévő nagyszemcsés és a gyártó által nano mérettartományba sorolt készítményt hasonlítottuk össze. A tesztben már a legkisebb koncentrációnál is szignifikáns, koncentrációfüggő mortalitás növekedést és reprodukció csökkenést tapasztaltunk. A nagyszemcsés anyag bizonyult marginálisan toxikusabbnak.

A *P. redivivus* szabadon élő, bakterivor fonálféreg. Az előkísérletek adatai alapján, ennél a fajnál alacsonyabb koncentrációkkal dolgoztunk.. Itt is a gyártó nagyszemcsés és a nano ZnO-ját használtuk. Még a legalacsonyabb koncentrációnál is szignifikánsan nőtt a mortalitás a kontroll csoporthoz képest.

A kísérleteink alapján kijelenthetjük, hogy a két talajban élő faj közül a fonálféreg faj érzékenyebbnek bizonyult a nano ZnO-al szemben. A biztosan nano és a nagyszemcsés anyag között nem tapasztaltunk szignifikáns különbséget a toxicitásban. A cég által forgalmazott két anyag vizsgálatakor a papíron nagyszemcsés bizonyult marginálisan toxikusabbnak. Az *F. candida* faj esetében a különböző expozíciós útvonalakat célzó kísérleteket nem tudtuk értékelni, mivel a módszer nem bizonyult használhatónak.

ÖKOTOX-7

TŐZSÉR DÁVID
Környezettudomány
MSc, 3. félév
Debreceni Egyetem
Természettudományi és Technológiai Kar

Témavezető:
Dr. Simon Edina
adjunktus, DE TTK

Nehézfém tartalmú szennyvíziszap hatása *Salix viminalis* facsemeték egészségi állapotára

Dolgozatunkban egy nehézfémekkel terhelt szennyvíziszap által tartósan árasztott terület bio-rehabilitációját vizsgáltuk. Helyszínül a Debrecen délnyugati szélén fekvő Lovász-zugi tórendszer szolgált.

A helyi szennyvíztisztító telep egykori ülepítő egységeinek szükségtelenné válását követően lehetőség nyílt a 26 ha-os terület rekultivációjára. Ennek egyik lépéseként 2013-ban – előnyös fitoremediációs célú alkalmazhatósága miatt – 5800 db kosárfonó fűz (*Salix viminalis L.*) csemetét telepítettek. Munkánk során a fák egészségi állapotának felmérése alapján becslésekkel szolgáltunk a tórendszer fitoremediációjának sikerességét illetően.

A 2014. július 8. és szeptember 1. között elvégzett terepi vizsgálat nyomán az egykori ülepítő északi részén 500, középső részén 250, déli részén 200 db egyed felmérése történt. A helyszínen feljegyzésre került hosszuk, rövid jellemzésük, illetve valamennyi fáról fénykép készült. Ezt követően egy megfelelő szempontrendszer alapján a példányokat kondíció-kategóriába soroltuk, majd azokat északi-középső-déli egységekre bontva összevetettük. Statisztikai vizsgálataink eszközeiként leíró statisztikát, kanonikus diszkriminancia-analízist, Levene-tesztet, egyutas ANOVA-statisztikát, Kruskal-Wallis nem parametrikus tesztet, továbbá Tukey-tesztet alkalmaztunk.

Vizsgálataink során arra a megállapításra jutottunk, hogy a fák hosszát illetően az északi tóegység szignifikánsan különbözik a középső és a déli szakasztól. Kondíciójukat tekintve a legkedvezőtlenebb egészségi állapotban a középső rész fái vannak, míg az északi és déli területen jobb, egymáshoz igen hasonló értékeket tapasztaltunk. A már meglévő elemanalitikai eredményekre támaszkodó statisztikai elemzések kimutatták, hogy nehézfém-koncentrációjuk tekintetében az egyes tóegységek szignifikánsan különböznek egymástól.

Összefoglalásként megállapítható, hogy a legszennyezettebb középső részen találtuk a legrosszabb kondíciójú egyedeket. Elvárásaink azonban az északi és déli egységet illetően nem igazolódtak. Az északi területhez mérten jóval magasabb nehézfém-koncentrációja ellenére is a déli szakasz rendelkezik a legkedvezőbb átlagértékkel.

SEJTNEU-1

BABICZKY ÁKOS
Biológia
BSc, 5. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
Dr. Acsády László
tudományos tanácsadó, MTA KOKI
Dr. Mátyás Ferenc
tudományos főmunkatárs, MTA KOKI

A középvonali thalamus szerveződésének sejt-specifikus vizsgálata

A középvonali thalamikus magvak agytörzsi bemeneteik révén a felszálló aktiváló pályarendszer részét képezik. Irodalmi adatok szerint távoli agyterületek- medialis prefrontalis kéreg - mPFC, amygdala - Amy, nucleus accumbens – NAc - aktivitását szinkronizálják, így szabályozzák az éberségi-szintet. E rendszer funkcióját azonban lehetetlen feltárni e kisméretű magok aktivitásának szelektív, sejt-specifikus befolyásolása nélkül. TDK munkám során ezért arra kerestem a választ, hogy milyen módon lehet a középvonali thalamust specifikusan azonosítani. Kísérleteink során azt teszteltük, hogy az immunpozitív sejtek lokalizációja alapján a calretinin (CR) nevű Ca-kötő fehérje szelektív markere-e a középvonali magvaknak.

A thalamus CR-pozitív sejtjei éberséget igénylő helyzetekben szelektíven magas cFos aktivációt mutattak. Retrográd pályajelölés és CR-Cre transzgénikus egértörzs használatával kondicionális anterográd vírus jelölést használva igazoltuk, hogy elsősorban ezek a sejtek felelősek a mPFC, az Amy és a NAc thalamikus beidegzéséért. Megvizsgálva az egyszeresen jelölt sejtek elhelyezkedését a CR-pozitív régióhoz képest, azt tapasztaltuk, hogy a különböző célterületekre vetítő sejtek jellemzően a beadásnak megfelelő oldalon, egymással jelentős mértékben átfedve lokalizálódnak. Sajátos topografikus elrendeződést egyik célterület sejtjei sem mutattak a KT-ban.

Annak eldöntésére, hogy ezek a sejtek célterület-specifikusak-e, többszörös retrográd pályajelölést, és egy-sejt vírusfeltöltést alkalmaztunk. Eredményeink szerint egy CR-pozitív thalamikus sejt több célterületre is vetít. A több célterülettel rendelkező thalamikus sejtek ugyancsak elszórtan helyezkednek el a KT területén és nem mutatnak egyedi topográfiát.

E kísérletek alapján az a következtetés vonható le, hogy a CR specifikus markere a középvonali thalamusnak. Továbbá igazoltuk, hogy a CR-Cre egértörzs ideális eszköz e rendszer funkcionális vizsgálatára.

SEJTNEU-2

STEFANOV ANTÓNIA
Biológus
MSc, 3. félév
Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Dénes Viktória
adjunktus, PTE TTK

A PAC1 receptor izoformák (Hip, Hop1) expressziójának szabályozása a patkány retina posztnatális fejlődése során

A hipofízis adenilát cikláz aktiváló polipeptid-PACAP, pleiotróp hormonként számos élettani folyamatot szabályoz VPAC1, VPAC2, PAC1 receptorain keresztül. Ezen belül a PAC1 receptornak további hat izoformája ismert, melyek embrionális korban való megjelenése arra engednek következtetni, hogy a PACAP a retina ontogenezisében is szerepet kap. Az emlős retinában megjelenő Null, Hip, Hop1, Hiphop1 izoforma expressziós mintázata azt jelzi, hogy a retina posztnatális fejlődése során a PAC1 izoformák kifejeződése komplex reguláció alatt áll. Jelen dolgozatban célul tűztük ki, hogy fényt derítsünk az izoformák kifejeződését szabályozó mechanizmusokra és miRNS szekvenciáikra.

A kísérletekben normál körülmények között nevelkedett, 24 órás fény-, vagy sötét adaptált Wistar patkányok retináját vizsgáltuk, P5 kortól P10 korig. A totál és miRNS extrakciót követően reverz transzkripciót végeztük. A Hip és Hop1 specifikus miRNS primereket a miRBase adatbázis felhasználásával terveztük meg. A Hip és Hop1 receptorok mRNS és miRNS-ek expressziós szintjét real-time PCR segítségével állapítottuk meg. Az expressziós különbségek kalkulációjához a deltadeltaCt módszert alkalmaztuk. Statisztikáinkhoz egy-utas ANOVA-t használtunk Post-Hoc Dunnett teszttel.

Normál retinákban P6-P9 között a Hip expressziója folyamatosan csökkent, míg a Hop1 szintje csak P8 és P9 korban mutatott csökkenést. Mindkét izoforma mRNS szintjében a P10 napon egy szignifikáns növekedést detektáltunk. A sötét adaptált mintákban P5, P8, P9 és P10 korban mindkét izoforma mRNS szintjében kiugró növekedést mértünk. Az adatbázisból a miR137, miR147 miRNS-eket választottuk ki, melyek szekvencia alapján a Hip, illetve Hop1 mRNS-re specifikusak. A miRNS szintek normális fejlődési körülmények között fordítottan korreláltak a Hip és Hop1 mRNS szintekkel. A fény, illetve sötét adaptált retinák esetében azonban nem találtunk összefüggést a mRNS-ek és a miRNS-ek expressziós szintje között.

Elsőként azonosítottunk két miRNS szekvenciát, melyek normál fejlődési körülmények között szabályozhatják a Hip és Hop1 mennyiségét a patkány retinában. Kimutattuk, hogy a Hop1/Hip expressziót a fényinger hiánya nagymértékben befolyásolja bizonyos fejlődési állapotokban, azonban ebben a regulációban a vizsgált miRNS-ek nem vesznek részt. A mRNS szintek emelkedése ebben az esetben a transzkripció serkentésén vagy a splicing reguláción keresztül valósulhat meg, melyben parakrin regulátorként a dopamin és melatonin is szerepet kaphat.

SEJTNEU-3

SZABADI NIKOLETT
Biológus
MSc, 11. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:
Dr. Párdutz Árpád
docens, SZTE ÁOK
Bohár Zsuzsanna
tudományos segédmunkatárs, MTA-SZTE

A patkány Gasser-dúc elektromos ingerlés hatása a caudalis trigeminalis mag c-Fos és nNOS expressziójára – a Brilliant Blue G előkezelés moduláló hatása

A migrén önálló fejfájás betegség, amely magas prevalenciája miatt a kutatások középpontjába került. A rohamok során alapvető a trigemino-vascularis rendszer aktivációja, valamint perifériás- és centrális szenzitizációja, azonban a folyamatok pontos mibenléte és összefüggései nem teljesen tisztázottak.

A trigemino-vascularis rendszer aktivációjának nyomon követésére alkalmazható a c-Fos onkoprotein detektálása, amely közvetetten kapcsolódik a szignalizációs folyamathoz. A szenzitizációs folyamatok kulcseleme a nitrogén-monoxid (NO) és a korábbi eredmények alapján a szintetizáló enzime, a neuronális nitrogén-monoxid szintáz (nNOS) ezen folyamatok megfelelő markere.

A purinerg jelátvitel szerepet játszik a nociceptív folyamatok modulálásában, így valószínűsítik, hogy a fejfájások patomechanizmusában is részt vehet. A kutatásokban a P2X7 receptorra (P2X7R) helyezték a hangsúlyt, ugyanis a P2X7R blokkolók alkalmazásával eredményesen csökkentették a centrális szenzitizációt és az allodyniát.

Jelen kísérletben a Gasser-dúc elektromos ingerlésének következtében kialakuló trigeminalis aktiváció modulálását vizsgáltuk P2X7R antagonista kezeléssel.

Kísérleteinkben hím patkányokat használtunk (n=21) négy csoportra osztva. Az első csoport állatai fiziológiás sóoldatos előkezelést kaptak, majd álműtéten estek át. A második csoport állatainál hasonló előkezelés után a jobb oldali Gasser-dúc elektromos ingerlése történt (5Hz, 0,5mA, 30perc). A harmadik és negyedik csoport egyedeit P2X7R antagonista Brilliant Blue G (BBG) előkezelést (50mg/kg, i.v.) követően álműtöttük, illetve ingereltük. Négy óra múlva az állatokat transzkardiálisan perfundáltuk, fixáltuk, majd a caudalis trigeminalis magot (TNC) eltávolítottuk és c-Fos illetve nNOS immunhisztokémiai festést végeztünk.

Az elektromos ingerlés szignifikánsan megemelte az ipsilateralis c-Fos expressziót a TNC-ben, ezt a BBG előkezelés részben kivédte. Az nNOS expressziója az ingerlés következtében nem változott és itt a BBG sem okozott érdemi változást.

Vizsgálatunkban a c-Fos immunreaktivitás változás bizonyítja a neuronális aktivációt, a Gasser-dúc elektromos ingerlése után, viszont az nNOS szint változatlansága a szenzitizációs folyamatok hiányára utalhat. A P2X7 receptor gátlása képes volt az első hatást csökkenteni, azaz ezen receptorok részt vehetnek a trigeminalis nocicepció kialakulásában és funkciójuk pontosabb megismerése közelebb vihet a fejfájások patomechanizmusának megértéséhez.

SEJTNEU-4

TÓTH KRISZTINA
Biológus
MSc, 3. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Schlett Katalin
docens, ELTE TTK

A protein kináz D szerepe a receptor-mediált endocitózis szabályozásában idegsejtekben

A szinaptikus plaszticitás alapvető szerepet tölt be a memória rögzülésében és a tanulási folyamatokban, szabályozásában számos tényező szerepet játszik. A szinapszis erősségének szabályozásában a dendrittüskék aktivitástól függő alak-, szám- és méretbeli változása az egyik meghatározó tényező, melyben a protein kináz D (PKD) bizonyítottan szerepet játszik az aktinháló átépülésének szabályozásán keresztül. E folyamat mellett a neurális plaszticitás kialakulásához a szinaptikus membránban található neurotranszmitter receptorok számának exo- és endocitotikus szabályozása is elengedhetetlen. A PKD egy szerin/treonin kináz, amelyről ismert, hogy idegsejtekben a transzferrin (Tf) receptor szomatodendritikus eloszlását, illetve a Tf receptor-mediált felvételét szabályozza. A Tf receptor-mediált endocitózisa és sejten belüli körforgása egy részleteiben jól ismert folyamat, ezért alkalmas modell a transzmembrán receptor-körforgás tanulmányozására.

Dolgozatomban a PKD Tf endocitózisára kifejtett hatását vizsgáltam egér hippokampális idegsejteken. A korai, késői és visszatérő endoszómákat EGFP-vel jelölt, a kis GTP-ázok közé tartozó Rab5, Rab7 és Rab11 fehérjékkel azonosítottam. A PKD működését mind genetikailag, egy konstitutívan aktív PKD mutáns túltermeltetésével, mind farmakológiailag, PKD-specifikus gátlószerrel befolyásoltam. Az endocitotikus folyamatok nyomon követéséhez a sejtekkel fluoreszcensen jelzett Tf-t vetettem fel, majd konfokális felvételeken elemeztem az internalizált Tf molekulák és a Rab fehérjékkel jelzett vezikulák közötti kolokalizáció mértékét és annak időbeli változását.

Megállapítottam, hogy a PKD aktivitás fokozása az internalizált Tf és a Rab5 vezikulák kolokalizációját már az első perctől kezdve szignifikánsan megnövelte. A reciklizáló endoszómákhoz asszociálódó Rab11 esetén ez a hatás csak az első percekben érvényesült. A PKD aktivitás gátlásával a sejtek Tf felvétele lassult, a Rab5 és Rab11 vezikulákkal való kolokalizáció mértéke csökkent. A fokozott PKD aktivitás a felvett Tf és a Rab7 vezikulák közti kolokalizációban nem eredményezett különbséget, tehát a lizoszómális útvonalat nem befolyásolja. Az eredmények alapján a PKD a plazmamembrán közelében, a korai endocitózis és a vezikula körforgás irányításában vesz részt, így feltételezhető, hogy a neuronális plaszticitást a neurotranszmitter receptorok körforgásának regulálásán keresztül is befolyásolni tudja.

SEJTNEU-5

UDVARI EDINA
Biológus
MSc, 3. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
Dr. Dobolyi Árpád
tudományos főmunkatárs, ELTE TTK
Dr. Kékesi Adrienna Katalin
docens, ELTE TTK

A szinaptikus proteom változásai az anyai hipotalamuszban

A szülés utáni viselkedési és hormonális változások molekuláris háttere hipotézisünk szerint a proteom szintjén is megjelenik. Mivel az anyai adaptáció koordinációjában kiemelten fontos szerepet játszik a hipotalamusz, és mivel az agyi funkció szempontjából fontos fehérjeváltozások közül sok a szinapszisban várható, kísérleteim során azt vizsgáltam, hogy hipotalamuszból izolált szinaptoszómákban milyen fehérjék szintje változik anyaállatokban. Kontroll csoportnak olyan állatokat használtam, melyektől szülés után közvetlenül elvettem a kölykeiket.

A szinaptoszóma preparálást Ficoll gradiens centrifugálással végeztem, a preparátumok tisztaságának validálása elektronmikroszkópiával történt. A fehérjék elválasztása „full-stain" jelölést követően 2D-DIGE-val, meghatározásuk LC-MS/MS módszerrel történt. Eredményeink szerint 21 fehérje változott szignifikánsan, 7-nek a szintje nőtt, míg 14-é csökkent anyákban. Anyákban több mint kétszeres növekvő fehérjeváltozást a zsírsav anyagcserében részt vevő acetil-CoA acetiltranszferáz, a sejt differenciációban szereplő alfa-internexin és a sejtlégzésben szerepet játszó citokróm b-c1 komplex 2 alegysége mutatott. A két legjelentősebb anyákban csökkenő fehérjeváltozást az energia háztartást befolyásoló nukleozid difoszfát kináz A, valamint mielinizációt reguláló mielin bázikus protein mutatta. További két fehérje, a komplement komponens 1 q alegység-kötő fehérje (C1qbp) és a foszfatidiletanolamin-kötő fehérje 1 (Pebp1) esetén a csökkenést Western blot technikával is megerősítettem. A C1qbp korábban ismeretlen eloszlását a hipotalamuszban immunhisztokémiával is sikerült igazolni. A szignifikánsan megváltozott fehérjék funkcionális csoportosítását a Uniprot adatbázis alapján elvégezve azt lehetett megállapítani, hogy több változó protein részt vesz a citrát körben, az oxidatív foszforilációban, a protein feltekeredésben, a zsírsav anyagcserében, és a sejt differenciációban. A változó fehérjék interakcióinak Elsevier Pathway Studio Platform-mal történő bioinformatikai elemzése megmutatta, hogy számos változó gén kapcsolatban áll hipotalamikus hormonokkal. Emellett sikerült kimutatni, hogy növekedési faktorok és citokinek is hozzájárulhatnak az anyai fehérjeszint változások kialakításához.

Az eredmények alapján elmondható, hogy a kölykök gondozása együtt jár szinaptikus fehérjék szintjének a megváltozásával, aminek szerepe lehet az anyákat jellemző hormonális változások kialakításában.

SEJTNEU-6

MICZÁN VIVIEN
Orvosi biotechnológia
MSc, 11. félév
Pázmány Péter Katolikus Egyetem
Információs Technológiai és Bionikai Kar

Témavezetők:
Dr. Katona István
tudományos tanácsadó, MTA KOKI
Dr. Horváth András
adjunktus, PPKE ITK

CB1 kannabinoid receptorok szubcelluláris eloszlásának vizsgálata korrelált konfokális és szuperrezolúciós STORM képalkotás felhasználásával

Az agy kémiai szinapszisainak működési elvei és plaszticitási folyamatai nem érthetőek meg a szinaptikus fehérjék helyzetének és mennyiségének ismerete nélkül. Az endokannabinoid jelpálya a központi idegrendszer számos különböző típusú szinapszisában kulcsszerepet játszik az ingerület-átvivő anyagok felszabadulásának szabályozásában. Ennek ellenére az idegvégződéseken található, retrográd jelátvitelt közvetítő CB1 kannabinoid receptorok mennyiségének és sejten belüli eloszlásának szabályozásáról nagyon kevés ismeret áll rendelkezésre. A CB1 receptorok nanoskálájú molekuláris eloszlásának feltérképezéséhez a SzTochasztikus Optikai Rekonstrukciós Mikroszkópiát (STORM) választottuk eszközül, amellyel a hagyományos fénymikroszkópia térbeli feloldóképességét egy nagyságrenddel meghaladó felbontás is elérhető. A STORM módszert konfokális mikroszkópiával kombinálva a molekuláris eloszlásra vonatkozó szuperrezolúciós adatokat sejt- és kompartmentspecifikus kontextusba helyezve vizsgáltuk. A különböző modalitású képek egységes kiértékeléséhez és a STORM adatok pontonkénti analíziséhez egy könnyen kezelhető, rugalmas szoftvert fejlesztettünk. Perfundált egéragy metszeteken kettős fluoreszcens immunfestést végeztünk CB1 és neuroligin-2 ellen, és a hippokampusz CA1 piramisrétegében korrelált konfokális és STORM képeket vettünk fel. A posztszinaptikus aktív zóna marker neuroligin-2 konfokális képének segítségével meghatároztuk a gátló szinapszisok helyzetét. Kimutattuk, hogy az egyes axonvégződésekben a receptorok száma lineáris összefüggést mutat a bouton méretével, továbbá, hogy a CB1 receptorok átlagos sűrűsége meglepő módon nem tér el az intraszinaptikus és az extraszinaptikus zónában. A tudományos diákköri munka keretén belül tehát elsőként fejlesztettünk szoftvert a STORM és konfokális mikroszkópiás adatok korrelált analíziséhez, valamint ennek segítségével kimutattuk a CB1 receptorok homogén eloszlását a gátló axonvégződésekben.

SEJTNEU-7

BARTI BENJÁMIN
Biológus
MSc, 3. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
Dr. Katona István
tudományos tanácsadó, MTA-KOKI
Dr. Stephen Woodhams
tudományos munkatárs, MTA-KOKI

Tónikus kannabinoid hatás által kiváltott molekuláris változások a gerincvelő hátsó szarvában

A krónikus fájdalom a világ népességének ~5% át sújtja, jelentős negatív hatást gyakorolva az egyének életminőségére. Mivel a jelenlegi kezelések hatékonysága nem megfelelő, ezért az alternatív lehetőségek felfedezése fontos célja a fájdalomkutatásnak. Egy ígéretes út lehet az endokannabinoid szignalizációs rendszeren keresztüli terápia, az endokannabinoidok (eCB) ugyanis kulcs szerepet töltenek be a fájdalomérzékelés szabályozásában. Nemrég kiderült, hogy az eCB hidrolizáló enzim, a Monoacil-Glicerin Lipáz (MGL) gátlása hatékony fájdalomcsillapító hatású az által, hogy hiányában megemelkedik az eCB 2-arachidonoil-glicerin szintje, ezzel CB1 receptor mediálta fájdalomcsillapítást vált ki az eCB-k pszichoaktív mellékhatásai nélkül. Azonban a hosszú távú fájdalomcsillapító hatását eredményességét csökkenti a tolerancia jelensége. Ezért kísérletünkben célul tűztük ki, hogy felderítsük a jelenség hátterében álló molekuláris mechanizmusokat. Az MGL génkiütött egerekben nem figyelhető meg antinociceptív fenotípus, ezért potenciális tolerancia-modellként szolgálhat.

Immunhisztokémiai módszereket alkalmazva megfigyeltük, hogy az MGL-/- egerekben a vad típushoz képest drámai, 50%-os régió-specifikus csökkenés észlelhető a CB1 kannabinoid receptor jelölés intenzitásában a gerincvelő hátsó szarvi régió felső rétegeiben. A változás celluláris alapjainak feltárásához kettős immunjelölést alkalmaztunk. A peptiderg nociceptív afferens neuronok (CGRP+), valamint a gátló (VIAAT+) és serkentő interneuronok (vGluT2+) idegvégződésein nem találtunk számottevő CB1 szintváltozást. Ezzel szemben azonban a CGRP és vGluT2 immunjelölés esetében markáns csökkenést figyeltük meg. Meglepő módon csekély CB1 szint csökkenést figyeltünk meg az axon terminálisokon, emellett azonban szignifikáns csökkenést találtunk a CGRP és a vGluT2 jelölés intenzitásának szintjében.

Eredményeink alapján arra következtethetünk, hogy a krónikusan növekedett 2-AG szint változást vált ki a nociceptív hálózatok organizációjában. A hálózatban lévő serkentő neuronok markerszintjének csökkenése a KO állatban egy kompenzációs mechanizmus eredménye lehet, ami a 2-AG/CB1 szignalizáció fejlődésben betöltött szerepét hangsúlyozza. A fájdalomérzékelésben részt vevő rostok molekuláris és celluláris adaptációja tehát hozzájárulhat a tolerancia mechanizmusának kialakulásához.

TAXON-1

KOVÁCS ZOLTÁN
Biológus
MSc, 3. félév
Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Stranczinger Szilvia
adjunktus, PTE TTK

A *Callitrichae* (*Callitrichaceae*) nemzetség közel- és távol-keleti taxonjainak genetikai variabilitása

A *Callitriche palustris*, *C. hermaphroditica* és a nemzetség (*Callitriche, Callitrichaceae*) ázsiai taxonjainak filogenetikai variabilitása

A *Callitriche* nemzetség a *Callitrichaceae* család egyetlen tagja. A nemzetségen belül kb. 75 leírt fajt ismerünk, de a közelmúltban intenzívvé váló taxonómiai kutatások további új fajok leírását vetítik előre. A *Callitriche* fajok jellemzően kis termetű, vízi- vagy iszapnövények, életformájukat a környezeti tényezők változása függvényében tudják változtatni.

Ezek alapján elkezdtük a két faj különböző alakjainak oroszországi begyűjtését és genetikai vizsgálatát. Az anyaggyűjtés a jelenlegi fázisban Dél-Oroszországra, Dél-Szibériára, Kamcsatkára, és a Távol-Keletre terjedt ki.

A GenBankban elérhető *Callitriche* szekvenciák segítségével kiválasztottuk a legtöbb, filogenetikai szempontból információt mutató DNS régiót. Vizsgálataink első szakaszában a növények azonosítására alkalmas BarCode rendszerben is felhasznált, matK kloroplaszt szekvenciákat teszteltük. A rendelkezésre álló, GenBanki rbcL kloroplaszt szekvenciák alapján új, a *Callitriche* fajokra specifikusabb primert terveztünk és az analízisünkbe vontunk.

A kapott eredmények alapján a *C. hermaphroditica* kloroplaszt szekvenciái nem mutattak jelentős változatosságot, annak ellenére, hogy az elemzésbe variábilis termésmorfológiájú egyedek kerültek be. Az elemzés során nem tudtuk igazolni a Dél-Oroszországban endemikusnak tartott *C. transvolgensis* faji önállóságát.

A jól támogatott *C. palustris* agg. az előző fajnál változatosabb génállománnyal rendelkezik, de nem az azonos régiókból származó minták kerültek egy csoportba, hanem a hasonló termésmorfológiát mutató egyedek. Legfontosabb eredmény, hogy a vitatott taxonómiai értékű *C. subanceps* önállóságát a kloroplaszt régió vizsgálatának eredményei igazolják, annak ellenére, hogy a növény termései egyes esetekben a *C. palustris* terméseire nagymértékben hasonlítanak.

Jelenleg a nagyobb genetikai variabilitást mutató nukleáris ITS régió vizsgálatát végezzük, amely segítségével differenciáltabb képet kaphatunk a nemzetségen belüli filogenetikai kapcsolatokról.

TAXON-2

SZÉNÁSY DALMA
Biológia
BSc, 8. félév
Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Stranczinger Szilvia
adjunktus, PTE TTK

A neotrópusi *Hamelieae* tribusz (*Rubiaceae, Cinchonoideae*) nemzetségeinek filogenetikai kapcsolatai

Napjainkban a növényfajok rendszerezésében a morfológiai vizsgálatok mellett elengedhetetlenek a DNS alapú filogenetikai analízisek. Ezen kutatások középpontjába tartozik a Rubiaceae más néven buzérfélék családja (kávéfélék), amely több mint 13000 fajával és 650 nemzetségével a virágos növénycsaládok közül a negyedik legnagyobb. A zárvatermő kétszikűek legfejlettebb szintjébe, a Solananae főrend Rubiales rendjébe sorolják az ide tartozó fajokat.

A családon belül 3 alcsaládot különítünk el: *Rubioideae, Cinchonoideae* és *Ixoroideae*. A kombinált morfológiai és filogenetikai vizsgálatok ellenére sincs egységes nézet a Cinchonoideae alcsalád szekcióinak elkülönítésére. Munkánk során a *Hamelieae* tribusz vizsgálatára fókuszáltunk, elsősorban filogenetikai adatokra támaszkodva (ITS nukleáris és trnL-F kloroplaszt régiók).

Az ITS és trnL-F régiók szekvencia adatait először egymástól függetlenül analizáltuk mind MP, mind pedig Bayesian módszerrel. Az így kapott fák topológiája és a fő ágak támogatottsága megegyezett. Ellentmondás az erősen támogatott csoportok között nem volt, ezért a két adathalmazt egyesítettük egy kombinált analízishez.

A kombinált analízissel kapott konszenzus törzsfán a vizsgált taxonok három kládba csoportosultak (*Deppea-, Hamelia-* és *Hoffmannia* klád). Eredményeink alapján bizonyítottuk a *Deppea* s.l. nemzetség polifiletikus voltát és javasoljuk a *Deppeopsis* nemzetség kizárását abból. Szükségesnek ítéljük a *Csapodya* és *Edithea* fajok taxonómiai helyzetének újragondolását. Molekuláris szinten is bizonyítottuk a vizsgált két *Csapodya* taxon fajszintű elkülönítését. Az eddig elfogadott nézettel ellentétben igazoltuk az *Omiltemia* és *Pseudomiltemia* nemzetségek elválasztását. Megerősítést nyert a korábbiakban kizárólag morfológiai karakterek alapján vizsgált és elhelyezett *Renistipula* nemzetség *Hamelieae* tribuszba sorolása.

TAXON-3

LACZKÓ LEVENTE
Biológus MSc
BSc, 9. félév
Debreceni Egyetem
Természettudományi és Technológiai Kar

Témavezető:
Dr. Sramkó Gábor
kutató, DE TTK

Egy mezofil lomberdei faj, a szártalan kankalin (*Primula vulgaris* Huds.) európai léptékű filogeográfiája, különös tekintettel a Kárpát-medencére

A *Primula vulgaris* Huds. kis termetű, mezofil igényű, rizómával rendelkező növény, melyre jellemző a rovarmegporzás. Európai elterjedési területe a Kaukázustól a Brit-szigetekig, Norvégiától Észak-Afrikáig terjed. A kutatás során ennek az atlanti-szubmediterrán áreájú fajnak posztglaciális kolonizációs mintázatának kialakulását vizsgáltuk filogeográfiai szempontból, különös figyelmet fordítva a Kárpát-medencére. A Kárpát-medencei elterjedést többen az illír-dácikus harapófogó elmélete segítségével értelmezték, amelynek értelmében a terület kolonizációja két, egymástól független, egy keleti dácikus és egy nyugati illír-norikus ág mentén mehetett végbe. A hipotézis helyességét – amely csak akkor lehet igaz, ha a faj a glaciálisokat a nagy dél-európai félszigetek refúgiumaiban vészelte át – molekuláris filogenetikai módszerekkel vizsgáltuk. Felhasználtunk nem kódoló és populáción belül nem variábilis nrITS sejtmagi, valamint trnL-trnF és rpl32-trnL plasztidiális DNS-szekvenciákat,ezek alapján alkottuk meg a populációk ribo-, illetve haplotípushálózatait a kolonizációs útvonalak rekonstruálása érdekében. A Kárpát-medencei populációk elemzésénél kiegészítettük ezt mikroszatellit markerekkel, amelyek segítségével 14 lókuszon alapuló genotipizálást végeztünk az egyes populációk közötti genetikai távolság meghatározása céljából. Adatsoraink alapján megállapítottuk a valószínűsíthető migrációs útvonalakat, amelyek európai léptékben kelet-nyugati irányultságot mutatnak. Meglepő eredményünk, hogy a Kárpát-medencében régóta jelen lévő, ősi ribotípusokat hordozó populációkat mutattunk ki, ami régiónk Európa kolonizációjában betöltött központi szerepére világít rá. Az illír-dácikus harapófogó elméletére nem találtunk megfelelő bizonyítékot, sem a szekvenciákon, sem a mikroszatelliteken alapuló adatsorunk nem támogatja azt, hiszen eredményeink szerint a faj posztglaciális kolonizációja nem a dél-európai refúgiumokból történt.

TAXON-4

BÓNA LILLA
Biológia
MSc, 1. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
Dr. Bratek Zoltán
adjunktus, ELTE TTK
Merényi Zsolt
PhD hallgató, ELTE TTK

Kárpát-medencei *Pachyphlodes* fajok molekuláris taxonómiai revíziója

Jellemzően az északi féltekén elterjedt, föld alatti, ektomikorrhiza-képző gombákat magába foglaló *Pachyphlodes* nemzetség az *Ascomycota* törzs *Pezizales* rendjébe és azon belül a *Pezizaceae* családjába tartozik. Eddigi ismereteink alapján 13 fajt különböztethetünk meg, amelyből Európában öt faj használata elfogadott a taxonómia gyakorlatban. Jelen munka célja, hogy összevessük a több lókuszon alapuló molekuláris filogenetikai és klasszikus morfológiai fajelkülönítés eredményeit, ezáltal hozzájárulva a helyes fajhatárok kialakításához.

A vizsgálat anyagát az EMSZE hipogea adatbázisában szereplő Kárpát-medencéből származó minták képezték, melyek előzetes morfológiai jellemzése a begyűjtést követően történt meg. A filogenetikai elemzések négy különböző lókusz (ITS, P7, PSS3, PSS7) alapján történtek, amit az ITS régió esetében a nemzetközi szekvencia adatbázisokból származó szekvenciákkal is kiegészítettünk.

Az ITS régió vizsgálata alapján ABGD elemzéssel legalább 22 klád különíthető el, melyből a Kárpát-medencei minták hat kládban fordulnak elő. P7 alapján hat, míg PSS3 alapján nyolc különböző klád különíthető el. Az egyes lókuszok alapján készült fákon a kládok szinte minden esetben megfeleltethetőek egymásnak. A morfológiai bélyegek alapján történő fajbesorolás nem minden esetben követi a filogenetikai vizsgálatok eredményeit, a morfológiai fajok néhány esetben több leszármazási vonalon megjelennek.

TAXON-5

SILNICKI ÁDÁM
erdőmérnöki
Osztatlan, 7. félév
Nyugat-magyarországi Egyetem
Erdőmérnöki Kar

Témavezető:
Dr. Bartha Dénes
egyetemi tanár, NYME EMK

Összehasonlító vizsgálatok a magyar kőris (*Fraxinus angustifolia* Vahl ssp. danubialis Pouzar) és a magas kőris (*Fraxinus excelsior* L.) vegetatív szervein

Jelen tanulmányt a szerző korábbi kutatásának az „Összehasonlító vizsgálatok a magyar kőris (*Fraxinus angustifolia* VAHL subsp. danubialis POUZAR) és a magas kőris (*Fraxinus excelsior* L.) generatív szervein" folytatásaként és a vegetatív szervek vizsgálatával, mintegy kiegészítéseként készítette. A dolgozat első részében felvázolja a magas kőris (*Fraxinus excelsior* L.) és a magyar kőris (*Fraxinus angustifolia* VAHL subsp. danubialis POUZAR) elkülönítésének problémáit. Egy áttekintő táblázatban felsorolja a két faj elkülönítéséhez felhasználható bélyegeket, s ezeket a felhasználhatóságuk szerint minősíti. A vizsgálat elsősorban a Rábaköz – Répce-sík menti populációkat érintette, de mintázta a Soproni-hegyvidék, és a Gemenci-erdő állományait is. A begyűjtött minta kiértékelését többváltozós statisztikai módszerekkel végezte. A feldolgozás során a hierarchikus klasszifikációt, azon belül a csoportátlag analízist (UPGMA), illetve a főkoordináta analízist (PCoA), és a főkomponens analízist (PCA) alkalmazta, melyek segítségével szemléltette az egyedek kapcsolatrendszereit. A vegetatív szervek esetében kizárólagosan a mennyiségi paramétereket vizsgálta, így egzakt módon közelítette meg a levelek tulajdonságainak elemzését, s kizárta a minőségi paraméterek szubjektív meghatározásának lehetőségét. Megállapítja, hogy a vegetatív szervek külön-külön kevésbé alkalmasak a két faj sokváltozós statisztikai módszerekkel, s hagyományos, leíró morfológiai vizsgálatokkal történő elkülönítésére, de együttes alkalmazása kielégítő eredményeket mutat a faji szintű differenciálódásra. Továbbá, a kiemelt figyelemben részesített hibrid gyanús egyedek vegetatív morfológiájának esetében felhívja a figyelmet arra, hogy ezek az egyedek vegetatív szerveiket tekintve szinte semmiben sem különböznek a magyar kőris egyedektől, de generatív szerveik a magas kőris bugájához hasonlóan, de gyengébben ágaznak el. Megállapítja, hogy a magyar kőris és a magas kőris egyedek közt ugyan különbséget lehet tenni, mind vegetatív, mind generatív szervek alapján, ha jó elkülönítő bélyegeket használunk, de a hibrid gyanúsnak vélt, átmeneti bélyegekkel rendelkező egyedeket többé-kevésbé csak generatív szerveik alapján, termőkorban lehet megbízhatóan elkülöníteni az alapfajoktól.

TAXON-6

WEISZ ANETT
Biológus
MSc, 3. félév
Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar

GODI ALÍZ
Biológia Bsc
BSc, 7. félév
Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
Dr. Stranczinger Szilvia
adjunktus, PTE TTK
Nagy Dávid
PhD hallgató, PTE TTK

Populációgenetikai módszerek alkalmazhatóságának összehasonlítása az invazív magas aranyvessző (*Solidago gigantea*) példáján

Az invazív növényfajok terjedése egyre jelentősebb gazdasági károkat okoz. Ennek köszönhetően terjedésük okainak vizsgálata különösen fontos részét képezi a jelenkori biológiai kutatásoknak, hazai és nemzetközi szinten egyaránt. Az Inváziópesség Evolúciója hipotézis szerint az invazív fajok sikerének egyik kulcsa, hogy az elözönlött területen rájuk ható új környezeti hatásokhoz rendkívül gyorsan alkalmazkodnak. Ennek során differenciálódás következik be a honos és invazív populációk egyedei között, amelyeket a genetikai szegregáció okozhat, azonban ezt a folyamatot még nem vizsgálták részletesen.

Kutatásunk modell növénye a hazánkban invazív magas aranyvessző (*Solidago gigantea*). Célunk egy olyan genetikai vizsgálati módszert találni, amely segítségével felmérhető a faj populációinak genetikai elkülönülése. Vizsgálataink alapját az öt egyesült államokbeli és hat magyarországi populációból gyűjtött, populációnként tíz-tíz egyed képezte. A populációk elkülönítésére szolgáló legmegfelelőbb módszer kiválasztása érdekében laboratóriumi vizsgálatokat végeztünk. Az általunk tesztelt módszerek: 1.) a populációk ploidiaszintjének vizsgálata; 2.) nukleáris, intergénikusspacer régiók (nrITS) szekvenciáinak elemzése; valamint 3.) a mikroszatellit régiók fragmenthossz analízise.

Vizsgálataink során a következő eredményekrejutottunk: 1.) Ploidiaszintben különbséget detektáltunk a honos (hexaploid) és invazív (tetraploid) populációk egyedei között. 2.) Az általunk használt intergénikusspacer markerek nem bizonyultak elég érzékenynek még kontinens szintű elkülönítésre sem. 3.) Mikroszatellit analízisünk során több közelrokon fajraleírt primert (29db) teszteltük, amelyek közül 6 esetében állapítottunk meg polimorfizmust. A fragmenthossz vizsgálat 49 különböző haplotípust mutatott, egyenletes földrajzi eloszlással. Használt markereink segítségével ezen felül képesek voltunk különbséget felderíteni a honos, valamint az invazív populációk között.

Eredményeink alapján a mikroszatellit fragmenthossz analízis és a ploidiaanalízis együttes használatát ajánljuk a faj populáció genetikai vizsgálatára. Ezen módszerek és nagyobb léptékű mintavételezés felhasználásával részletesebb képet kaphatunk a faj földrajzi és genetikai elkülönüléséről.

TAXON-7

TÖRÖK EDINA
Biológiai források felhasználása és védelme
MSc, 2. félév
Babeş-Bolyai Tudományegyetem
Biológia és Geológia Kar

Témavezető:
Dr. Keresztes Lujza
docens, BBTE

Szárnyjellegek variabilitásának vizsgálata a redős szúnyogok (*Ptychopteridae*) romániai képviselőinél: fajok között és fajon belül

A természetes élőhelyek biodiverzitás csökkenésének gyorsuló válsága fokozottan előtérbe helyezi a faunisztikai és taxonómiai kutatásokat. Ennek ellenére még számos csoport kutatása elhanyagolt, mint például a vízi rovarok közül a redős szúnyogoké (*Ptychopteridae*). Jelen kutatásunkban azt vizsgáltuk, hogy a lineáris morfometria vagy a geometiai morfomertiai módszerek milyen földrajzi mintázatot mutatnak és összefüggésbe hozható e az aktuális taxonómiai hipotézisekkel. A könnyen preparálható szárnyak morfometriai vizsgálata azt mutatja, hogy a geometriai morfometria jól alkalmazható a redős szúnyogok faji szintű elkülönítésében, szemben a lineáris morfometria eredményeivel, mely még algénusz szinten sem különítette el. A geometriai módszereket először alkalmazzuk a redős szúnyogok esetében, módszerünk a konzerváció biológiában jelentős hisz lehetővé teszi olyan non-invazív módszerek alkalmazását melyek nem követelik meg a példányok konzerválását.

TERBIO1-1

LAKATOS JÁNOS
Gépészmérnöki
BSc, 7. félév
Dunaújvárosi Főiskola

ALADICS DÁVID JÁNOS
Gépészmérnöki
BSc, 7. félév
Dunaújvárosi Főiskola

Témavezető:
Dr. Bíró Borbála
egyetemi tanár, DF

A levegő- és a talajminőség közötti összefüggések vizsgálata Dunaújvárosi helyszíneken

Dunaújváros levegőminőségét egy adott mintavételi ponton rendszeresen vizsgálják. A porszennyezettség (PM10) mérése mellett, a legfontosabb szennyező gázok (NOx, SOx, CO2) mennyiségét is analizálják. Ezek adatbázisát és a szennyezőkre vonatkozó szezonális, évjárati összefüggéseket korábbi TDK munkában mutattuk be. A levegővel ellentétben nincsenek adatok a talajok szennyezettségéről még a rendszeres és hivatalos egyetlen levegő-mintavételi helyszínen sem. TÁMOP és EUfp7 támogatású projektben előzetesen 10 dunaújvárosi helyszín talajszennyezettségét vizsgáltuk. Ennek eredményei alapján 3-3 kevésbé és jobban szennyezett mintavételi pontot jelöltünk ki a további rendszeres vizsgálatokra. A levegő-minőséget havonta monitoroztuk, a kitenyészthető összes baktérium és gomba számot szelektív táplemezeken (Nutrient, Martin agar) tenyésztettük ki és inkubálás után feljegyeztük a kinőtt telepképző egységeket (Cfu). A talajminőséget évente 1 alkalommal mintáztuk a 0-20 és a 20-40 cm-es talajrétegekből a legfontosabb szervetlen és szerves szennyezőkre (nehézfémek, PAH, TPH). Összefüggéseket kerestünk a levegő mikrobiológiai állapota és a talajminőség között a városi vizsgálati helyszíneken. Hipotézisünk szerint a levegő szennyezettsége hatással van a talajok állapotára is. A mért paraméterekben mutatkozó erősen helyszín-függő különbségek felhívják a figyelmet az ipari tevékenység és a közlekedési hatások fokozottabb figyelembevételének szükségességére a környezetminőség értékelésénél. Eredményeink alapján rendszeresebb monitorozás több helyszínen is szükséges.

TERBIO1-2

BÉNDEK JULIANNA
természetvédelmi mérnök B.Sc.
BSc, 5. félév
Szent István Egyetem
Mezőgazdaság- és Környezettudományi Kar

Témavezetők:
Dr. Malatinszky Ákos
docens, SZIE MKK
Dr. Barina Zoltán
főmuzeológus, MTM Növénytára

A védett kúszó zeller (*Apium repens*) társulási viszonyai és megőrzésének lehetőségei mesterséges élőhelyen

A kúszó zeller (*Apium repens*) a 92/43/EGK irányelv (élőhelyvédelmi irányelv) II. és IV. mellékletében szereplő, Natura 2000-es, kiemelt közösségi jelentőségű faj. Egész elterjedési területén visszaszorulóban van, hazánkban is védett. Hazai előfordulásainak száma jelenleg tíz alatt van, korábbi lelőhelyeinek többségéről eltűnt. Védelme kihívást jelent a természetvédelem számára, mivel pionír fajról van szó, amely folyamatosan friss vízellátottságot és napos termőhelyet igényel, a konkurenciát nem tűri.

Hazánkban eddig csak néhány természetes előfordulását tartották számon a Duna egykori árterén, 2014-ben azonban a budapesti Margitszigeten előkerült egy nagy egyedszámú állománya. A szokatlan előfordulás miatt célul tűztük ki az állomány felmérését és az állomány fenntartásában szerepet játszó azon tényezők meghatározását, amelyek a faj hazai és európai állományainak megőrzésében eredménnyel használhatók.

Felméréseink során összesen 0,23 ha területen mutattuk ki a sarjtelepet képező faj jelenlétét, akár 70 százalékot elérő borításban is, nem Natura 2000 közösségi jelentőségű élőhelyen, hanem kizárólag zavarástűrő, tágtűrésű gyomfajok (pl. *Lolium perenne, Trifolium repens*, *Cynodon dactylon*) alkotta gyepben. Módszert dolgoztunk ki az állományok összehasonlító vizsgálatára. Vizsgálatunk során megállapítottuk, hogy a faj állományának fennmaradását, hazánkban egyedülálló módon kizárólag mesterséges tényezőknek köszönheti. A rendszeres locsolás, valamint az enyhén lejtős talajfelszín és a gyep rendszeres nyírása biztosítják számára a fennmaradásához szükséges, a természetes élőhelyeihez (iszapnövényzet) hasonló feltételeket: a folyamatos, friss (szivárgó vizű) nedvességet és a napos termőhelyet, valamint a konkurens gyepalkotók dominanciájának visszaszorítását. Emellett lépéseket tettünk a gyakorlati természetvédelem érdekében, bevonva a terület kezelőjét, hogy kutatásaink eredményeit széles körben hasznosítani lehessen.

TERBIO1-3

DOMOKOS PÉTER
Biológi
BSc, 6. félév
Babes-Bolyai Tudomány Egyetem
Biológoa és Geológia Kar

Témavezető:
Dr. Ruprecht Eszter
docens, BBTE

Az égetés hatása erdélyi gyepekben élő lágyszárú növények magjainak csírázására

Erdélyben a hagyományos gyepkezelés csökkenésével egy sokak számára tetszetős és egyszerű alternatívakén merül fel az égetés lehetősége. A kérdés csak az, hogy a tűz segít-e fenntartani a gyepjeinkben jelen lévő változatosságot? Ennek a problémakörnek az egyik kulcskérdése, hogy mennyire tudják tolerálni a növényfajok magjai az égetést, hiszen a magról történő szaporodás a növénypopulációk hosszú távú fennmaradását biztosítja. Jelen kutatás célja az előző évi kísérletünkben megismert családok reakcióinak kiegészítése további öt, kevésbé elterjedt család, illetve rend (boglárkafélék, keresztesvirágúak, ernyősvirágzatúak, liliomvirágúak, spárgavirágúak) és az ezekbe tartozó összesen 19 faj bevonásával. Megvizsgáltuk, hogy milyen hatással van a vizsgált fajok magjainak csírázására az égetés. A növényfajok talaj felszínére helyezett magjait vagy egymagvú terméseit kísérleti égetésnek vetettük alá. A kezelés után kinti körülmények között, cserepekben csíráztattuk a magokat és összehasonlítottuk a kezelt magok csírázási arányát a kontroll magokéval. Eredményeink azt mutatják, hogy a liliomvirágúak és spárgavirágúak rendjét kivéve, minden családban volt legalább egy vagy több olyan faj, amelynek a csírázását negatívan befolyásolta a kísérleti égetés. Csak az ágas homokliliom esetében tapasztaltunk pozitív hatást. Összefoglalva tehát, az égetések az általunk vizsgált fajok 42 %-ának csírázását befolyásolták negatívan, különösen az ernyősvirágzatúak és keresztesvirágúak családjába tartozó fajokét. Éppen ezért azt javasoljuk, hogy a természetvédelmi céllal fontolgatott égetéseket nagy körültekintéssel tervezzék meg, nehogy a tűzre érzékeny és kis denzitásban lévő fajok populációit negatívan befolyásolja.

TERBIO1-4

TÓTH KATA MÁRIA
Biológia
BSc, 5. félév
Szent István Egyetem
Állatorvos-tudományi Kar

Témavezetők:
Dr. Cserhalmi Dániel
adjunktus, SZIE ÁOTK
Endrédi Anett
biológus, SZIE ÁOTK

Csíráztatási protokoll kidolgozása herbáriumi maganyagokra

Napjainkra a fajok kihalási rátája jelentősen megnőtt. A fennmaradt fajok és élőhelyeik megőrzése még fontosabbá vált, melyhez szükséges az adott fajok természetrajzának és ökológiájának ismerete. Egy növénytársulás regenerációs képessége az adott terület magbankján alapul, mely az egyes fajokhoz tartozó csírázóképes magok mennyiségével, arányával, csírázási igényeivel és ezek megőrzésének idejével jellemezhető. A hosszan eltartható magok tárolásával és későbbi csíráztatásával elősegíthető az egyes fajok megőrzése. A természetes társulásokat alkotó gyakoribb fajok csírázásbiológiája ismeretének segítségével könnyebben becsülhető lenne egy-egy növénytársulás regenerációs képessége és környezeti változásokra adott válasza. Ehhez hosszú távú adatsort nyújthat a herbáriumokban tárolt maganyag.

Kutatásunk fő kérdései, hogy a hazai pillangósvirágú fajok magjai mennyi ideig őrzik meg potenciális csírázóképességüket, hogyan függ ez a magok tömegétől, hosszú távon milyen mértékben veszítik el a családra jellemző keménymaghéjúságot, illetve milyen mértékben használhatóak herbáriumi gyűjtések a konzervációbiológiai kutatásokban. A korábban bemutatott előkísérletek valamint jelen dolgozatban bemutatott vizsgálatok célja az is volt, hogy a fenti kérdések megválaszolására alkalmas, hatékony, és lehetőleg a család szintjén univerzális csíráztatási protokollt állítsunk fel, figyelembe véve a szakirodalomban már tesztelt módszereket. Ehhez öt, a *Fabaceae* és három a *Resedaceae*, illetve *Brassicaceae* családba tartozó faj herbáriumi és friss magjainak életképességét vizsgáltuk csíráztatásos módszerrel és szkarifikációval. A kísérletek alapján kidolgoztuk a csíráztatási protokoll első változatát, mely a gyakorlatban elterjedt különböző biológia és kémiai módszereket kombinálja. A protokoll segítségével elkülöníthetőek a halott, azonnali csírázásra képes és a potenciálisan életképes magok, valamint megállapítható a keménymaghéjúság aránya. Kimutattuk több faj esetében (*A. contortuplicatus*, *A. cicer, T. arvense*), hogy a keménymaghéjúság feloldódhat, de ez nem jelenti feltétlen a mag életképessé válását. Ugyanakkor a mag tömege befolyásolhatja a vízfelvételt és a csírázást. Vizsgálataink alapján a herbáriumi magok alkalmasak életképesség vizsgálatokra is, ugyanakkor még számos módszertani kérdés további finomítást igényel. Eredményeink jól használhatók a konzervációbiológiában magbankok létesítéséhez, fajok visszatelepítése esetében, vagy élőhelyek komplex regenerálásában.

TERBIO1-5

SZŐKE BARBARA
Biológia
MSc, 3. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:
Németh Anikó
igazgató, SZTE Füvészkert

Ex-situ szaporított, kiemelt jelentőségű löszpusztagyepi növényfajok felhasználása parlagok restaurációjában a Békés-Csanádi löszháton

Az ember története során folyamatosan alakítja a környezetét, főleg a XXI. században, ahol a nagymértékű mezőgazdasági művelés, erdőgazdálkodás, tájhasználat ma is folyik. A rendszerváltás idején, mikor a nagyüzemek megszűntek, egyéb jó minőségű, addig használatlan földterületeket is művelés alá vettek. Később azonban ezek egy része felhagyásra került.

A gazdálkodásból kivont területek egy részén (pl.: a löszön, mely kiváló minőségű talajjal rendelkezett) másodlagos, harmadlagos gyepek jöttek létre, melyek régi fajkészletének csupán töredékét őrzik. Ezek a területek csak több évtized alatt alakulhatnak vissza természet közeli állapotba. A gyepeket továbbá veszélyezteti a gyomosodás, területük csökkenése, állományaik feldarabolódnak, melynek hatására fajok szorulnak ki a területükről (pl.: a mezsgyékre), ill. el is tűnhetnek.

Ezen folyamatok elkerüléséért kezdtünk bele löszpusztagyep konzervációs programunkba, melynek célja fajgazdag élőhelyfoltok kialakítása és megőrzése volt. A Körös-Maros Nemzeti Park Igazgatósága és az SZTE Füvészkert vállalta több éve felhagyott szántók, parlagok rehabilitációs programjának kidolgozását és elvégzését 2011-2012 között, melyben szerepet vállalhattam. A program keretében a löszvegetáció jellemző, specialista, ill. védett fajainak szaporításra alkalmas propagulumait gyűjtöttük be, tároltuk, szaporítottuk és ültettük ki a különböző kijelölt területekre. Ezt Tótkomlóstól nyugatra eső felhagyott 9 parlagon végeztük, melyek korábban löszgyepek voltak. A 32 növényfajból 5914 tövet sikerült ex-situ felszaporítani, majd megfelelő talaj előkészítés után mesterséges, meghatározott mintázat szerint kiültetni 2012 októberében. Dolgozatomban a 18 védett fajra koncentrálok, melyek között pl.: a törpemandula, a kék atracél, a horgas bogáncs, a nyúlánk sárma, a macskahere, a gór habszegfű, a vetővirág és a pusztai metény fordul elő.

Növényeink túlélésének vizsgálatára 2013-ban és 2014-ben végeztünk felmérést. A monitorozás alapján a kitelepített egyedeket szinte kivétel nélkül megtaláltuk, méghozzá kiváló, sokszor virágzó állapotban, szaporulattal. A kúszó, karcsúbb növényeink túlélése volt gyengébb, a felnövő zavarástűrő pillangósvirágúak, ott élő állatok zavaró tevékenysége, valamint a változékony időjárás sem kedvezett növényeinknek.

A monitorozott adatokból messzemenő következtetés még nem vonható le, de az állapotfelmérést folytatjuk, tapasztalatainkat feljegyezzük, ha lehet újabb területek bevonásával.

TERBIO1-6

KOSZKA ATTILA
Természetvédelmi mérnök
BSc, 7. félév
Kaposvári Egyetem
Agrár- és Környezettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Pál-Fám Ferenc
docens, KE AKK

Fungisztikai vizsgálatok a Vértes déli részén

Jelen munkában a Vértes déli részén (Pusztavám–Mór-Zámoly-Vértesboglár sarokpontokkal rendelkező négyszög) folytatott nagygomba-kutatásaim eddigi eredményeit és módszerét mutatom be. A vizsgálati területen 11 éve folytatok fungisztikai feltárást, amelynek legfontosabb eredménye a fajlista, amely a csatolt függelékben megtalálható. Kitérek azokra a problémákra és nehézségekre, amelyeket magam is megtapasztaltam a kutatások alatt. A dolgozatban a 2004-2014-ig terjedő időszakban végzett kb. 550 terepi gyűjtőút során fellelt és meghatározott 501 (közülük 18 védett) makrogombafaj védelmi igényét jellemzem az európai vörös listák tükrében. Munkám során létrehoztam egy olyan mutatót, amely a rendelkezésre álló adatok alapján egzakt módon fejezi ki a vizsgált fajok veszélyeztetettségi helyzetét Európában. Az általam EVLI-nek (Európai Vörös Lista Index) nevezett értéket figyelembe véve egy járulékos szempontot kaphatunk a hazai gombák védelmének további irányaihoz. Statisztikai elemzést végezve kimutattam, hogy a nagygombák veszélyeztetettsége hazai és európai szinten összefügg. A felismerés további kérdéseket nyit a nagygombák elterjedéséről, annak változásairól, tendenciáiról. Ezen új kérdésekre választ keresve fokozottabban ráirányulhatna a figyelem erre a természetvédelmi szempontból alábecsült és sanyarú sorsú élőlénycsoportra.

TERBIO1-7

SÜVEGES KRISTÓF
Biológia
BSc, 5. félév
Debreceni Egyetem
Természettudományi és Technológiai Kar

FEKETE RÉKA
biológia BSc
BSc, 5. félév
Debreceni Egyetem
Természettudományi és Technológiai Kar

LOVAS-KISS ÁDÁM
Biológus MSc
MSc, 11. félév
Debreceni Egyetem
Természettudományi és Technológiai Kar

Témavezetők:
Dr. Molnár V. Attila
docens, DE TTK
Dr. Tökölyi Jácint
tanársegéd, DE TTK

Törökországi temetők, mint veszélyeztetett orchidea élőhelyek

Törökország mintegy 9000 fajt számláló edényes flórája – összefüggésben klimatikus, geomorfológiai és geológiai változatosságával, valamint biogeográfiai helyzetével –kiemelkedően gazdagnak számít a térségben. Az ország globálisan is jelentős biodiverzitását az utóbbi évtizedek népesedési, urbanizációs és gazdasági folyamatai jelentősen veszélyeztetik. A flórát fenyegető legjelentősebb tényezők a tájhasználat és a művelési módok megváltozása, intenzívebbé válása és a túllegeltetés. A gazdag, mintegy 170 taxont számláló orchidea flórát emellett még a gumók évente több tízmilliós nagyságrendű gyűjtése is fenyegeti (’salep’). Az a tény, hogy törökországi temetők több orchideafajnak menedékül szolgálnak elég széles körben ismert, de a temetők átfogó, összehasonlító elemzése eddig nem történt meg. 2014 áprilisában és júniusában tett két kutatóút során összesen 300 temető orchideaflóráját és anthropogén, illetve környezeti körülményeit mértük fel. A temetők 69 %- ában találtunk legalább egy orchidea fajt, de előfordult, hogy 14 taxon egyedeit is észleltük egyes lelőhelyeken. Több értékes florisztikai adattal sikerült bővítenünk Törökország flórájának ismeretét. Az orchideák faj- és egyedszámát a temetőkben jelentősen befolyásolja a temetők földrajzi elhelyezkedése, a temető erdősültsége és az őshonos fák aránya, valamint a település lélekszáma, de a temetők területének a fajszámra nincs jelentős hatása. Adataink alapján a törökországi orchideaflóra (és vélhetően más természeti értékek) megőrzésében fontos szerepe lehet a temetőknek.

TERBIO1-8

KISS RÉKA
Szárazföldi és vízi ökológia szak
MSc, 4. félév
Babeş-Bolyai Tudományegyetem
Biológia és Geológia Kar

Témavezető:
Dr. Fenesi Annamária
adjunktus, BBTE

Veszélyt jelent-e az inváziós fajok terjedése a gyakran égetett gyepekre?

A gyepek rendszeres égetése új tájhasználati mód Közép-Kelet Európában. Hipotézisünk szerint a gyakorivá váló égetések miatt a hazai gyepekben elszaporodnak az égetéshez adaptálódott idegenhonos fajok. Ezért megvizsgáltuk két észak-amerikai inváziós faj, a kanadai aranyvessző (*Solidago canadensis*) és a betyárkóró (*Conyza canadensis*) magvainak reakcióját a tűzre. Eredményeink alapján az aranyvessző magvak kevésbé bírják a hősokkot, mint a betyárkóró magvak. A kísérleti égetés az amerikai betyárkóró populációknál csökkenti a magok csírázási arányát. Az aranyvessző pozitív választ ad az égetésre a hajtáshossz esetében. A betyárkóró amerikai és európai populációi között szintén nagy az eltérés a hajtáshossz esetében. Ugyancsak nála a kísérleti égetésnek alávetett cserepekben nagyobb a teljes biomassza, mint a kontrollcserepekben. Összefoglalva, a tűz nem csökkenti ezen inváziós fajok túlélési esélyeit, aminek komoly természetvédelmi következményei lehetnek a tüzek rendszereződésével.

TERBIO1-9

PAPP TIBOR
Növénytermesztő mérnök
BSc, 5. félév
Pannon Egyetem
Georgikon Kar

Témavezető:
Dr. Szeglet Péter
docens, PE GK

Zalacsány 3G erdőrészlet gombavilága - Erdőminősítési rendszer létrehozása gombák alapján

2010. június óta végzek terepi megfigyeléseket a zalacsányi erdőben és környékén, amely során a növényeket, gombákat és rovarokat fotózom.

A célom az volt, hogy a terület gombavilágáról adatokat szerezzek, amelyeket egy adatbázisba gyűjtöttem, a gombák elterjedését tudjam ábrázolni is az egyes területrészekre bontva. Korábban senki nem csinált az erdőrészen hasonló felmérést. Rá szeretnék mutatni arra, hogy a beavatkozás miatt a hátrahagyott maradványokon már csak a parazita gombák és a szaprofiták töredéke képes megélni.

A tereptanulmányok során 140 fajt sikerült lefotóznom és azonosítanom, ezek között három védett, valamint a megtalált fajok majdnem fele ritka és veszélyeztetett. Egy új erdőminősítési rendszert dolgoztam ki, amelynek alapja az általam létrehozott adatbázis. A gombákat szakirodalmi adatok alapján pontoztam, vizsgálva a gazdasági és ökológiai hasznát.

Kutatásomban az alábbi kérdésekre keresem a választ:

- Milyen gombafajok fordulnak elő a területen?
- A favágásnak voltak/vannak-e látható következményei?
- Lehetséges-e a gombák előfordulásával az erdő minősítése?
- A területen milyen védett és veszélyeztetett értékek fordulnak elő?
- Érdemes-e a terület a védelemre?

A vizsgált területet 10 részre osztottam a növényzet és a geomorfológiai tagoltság alapján. A területeket két-három hetenként látogattam, esős időjárástól függően, a talált gombáról fotót készítettem, valamint feljegyzést a kép készítésének napjáról és pontos helyéről. A térképem szerkesztéséhez a Google Earth programot térképét szerkesztettem, ennek adatait egészítettem ki, mivel az újabb vágások nem láthatóak a műholdfelvételen. A területfelosztásnál egy Sony Ericsson XPeria MiniPro GPS Status software segítségével rögzítettem a koordinátákat, majd ezeket a számítógépen bejelöltem és „sokszög" funkcióval körülrajzoltam a területrészek határát. Minden résznél vizsgáltam a talajadottságokat, mint a Ca tartalmat, pH értéket, humusztartalmat, humuszréteg átlagos vastagságát, valamint a talaj kötöttségét. Az erdőminősítési rendszer kidolgozásánál 5 tulajdonságot vettem figyelembe, a tulajdonságok egyenként maximum 10 pontot érnek. A területrészekre nézve vizsgáltam a legalacsonyabb és legmagasabb pontszámot, a szórást, a módusztot és az átlagot. A kapott adatok alátámasztották a hipotézisemet, miszerint az értékes gombák az ép területrészekre szorultak vissza.

TERBIO2-1

KISS CSABA
Zoológus
MSc, 3. félév
Debreceni Egyetem
Természettudományi és Technológiai Kar

Témavezetők:
Dr. Juhász Edit
tanársegéd, DE TTK
Dr. Cserkész Tamás
tudományos segédmunkatárs, ELTE TTK

A csíkos szöcskeegér (*Sicista subtilis trizona*) magyarországi populációjának természetvédelmi szempontú vizsgálata.

Az elmúlt évtizedekben a füves élőhelyek az intenzív mezőgazdasági és állattartási hatások következtében jelentősen beszűkültek. A kialakult feltételekhez nem minden társulás tudott megfelelően alkalmazkodni. A csíkos szöcskeegér (*Sicista subtilis trizona*) egyike azon állatoknak, amelyre a módosulások negatív tényezői fokozott veszélyt jelentenek. A Bükki Emlőstani Kutatócsoport az Eötvös Lóránd Tudományegyetemmel, valamint a Debreceni Egyetemmel közösen foglalkozik a Borsodi Mezőségben található fokozottan védett alfaj kutatásával, védelmével. Dolgozatomban a 2006 óta dokumentált csapdázási adatokat felhasználva vizsgáltam meg az egyedszámváltozást, az ivar- és koreloszlást, illetve az előfordulási valószínűséget. Az adatok elemzését R statisztikai környezetben, valamint a QGIS program segítségével végeztem, ahol a pontok koordinátáiból úgynevezett kernel-becsléssel számítottam ki az alfaj lokális elterjedésének adott százalékát adó poligonokat. Hipotézisem szerint az előfordulási mintázatok függnek a nemtől és a kortól. Eredményeim alapján az egyedszámoknál nem szignifikáns csökkenő tendenciát, ivarmegoszlásnál bizonyos években jelentősen eltolt ivararányokat, kormegoszlásnál az adult egyedek fokozott jelenlétét figyeltem meg a populációban. Az előfordulási valószínűségnél a nemre vonatkozólag tapasztaltam összefüggést.

TERBIO2-2

SCHMIDT KORNÉL
Biológia
BSc, 7. félév
Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar

SZÉCHENYI ALEXANDRA
Biológia
BSc, 7. félév
Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Horváth Győző
adjunktus, PTE TTK

A Kis-Balaton lápterületein jellemző kisemlős együttesek összehasonlító vizsgálata nagyobb csapdázási ráfordítású faunisztikai monitoring alapján

A Kis-Balaton kisemlős faunájának monitorozása során 2014-ben 5 különböző lápterületen (Balatoni-, Keleti-berek, Halász-rét, Zimányi-berek, Zimányi-terelőtöltés) rétegzett mintavétellel (területenként 2-3, 6×6-os kvadrát), CMR módszerrel történt a csapdázás. Mivel eltérő mennyiségű csapdahálóval dolgoztunk, a fogásszámokat 100 csapda éjszakára standardizáltuk. A mintavételt 3 periódusban végeztük, amelyet júniustól augusztusig tartó vízszintemelkedés jellemzett. A vizsgálat alatt 12 kisemlős fajt mutattunk ki, ezen belül 5 faj fordult elő minden lápterületen. A legnagyobb fajgazdagság a Halász-rétre, a legkisebb a Balatoni-berekre volt jellemző. Vizsgáltuk a fajgazdagság, különböző diverzitási paraméterek (Shannon- és Simpson-diverzitás), valamint a standardizált fogási értékek területek közötti megoszlását, melynek értékei az egyenletesség kivételével szignifikáns különbséget mutattak. A Zimányi-terelőtöltés mentén mutattuk ki a legdiverzebb kisemlős együttest. A lápterületek elemzésénél mindhárom kisemlős csoport, valamint a védett nem védett fajok esetén is szignifikáns különbséget kaptunk, viszont havi megoszlásban a cickány- és pocokféléknél, valamint a védett nem védett fajok esetén sem kaptunk szignifikáns különbséget. Az egyes fajok, illetve különböző fajcsoportok abundancia és a közösségi paraméterek értéke között korreláció analízist végeztünk. A lápterületeken dominánsan előforduló pirók erdeiegér abundancia értéke, valamint a nem védett fajok összes abundanciája szignifikánsan negatívan korrelált a diverzitás indexek értékével. A védett fajok összesített abundancia értéke azonban a két alfa-diverzitás értékkel és a fajgazdagsággal, míg a természetvédelmi pontérték 5 faj abundancia értékével mutatott szignifikáns pozitív korrelációt. A GLM paraméter becslése alapján a Shannon-diverzitás értékét szignifikánsan negatívan befolyásolta a Balatoni-berek és a Zimányi-berek területe, míg a Simpson-diverzitás értékét az átlagbecsléshez viszonyítva három terület (Balatoni-berek, Halász-rét, Zimányi-berek) befolyásolta negatívan. A természetvédelmi értékelés alapján kapott pontszámok szignifikánsan különböztek a területek összehasonlításában, ami alátámasztotta, hogy a különböző lápterületeken jellemző kisemlős együttesek összetétele és szerkezete egy éven belül is jelentősen különbözhet.

TERBIO2-3

JANÓ GIZELLA
Biológus
MSc, 1. félév
Debreceni Egyetem
Természettudományi és Technológiai Kar

Témavezető:
Dr. Végvári Zsolt
tanszékvezető, Hortobágyi Nemzeti Park -DE

A túzok (*Otis tarda*) telelési viselkedése a Körös-Maros Nemzeti Parkban

A túzok (*Otis tarda*) az eurázsiai sztyepp zóna igen jelentős ernyőfaja és sajnos világszerte veszélyeztetett. A szakemberek már régóta figyelemmel kísérik őket, így élőhely igényeiről viselkedésükről számos dolog kiderült már. Ezeknek a munkáknak, valamint az ezzel szervesen összekapcsolódó természetvédelmi intézkedéseknek köszönhetően több országban is sikerült állománynövekedést elérni.

A kutatók eddigi vizsgálataival összhangban és azokat kiegészítve, én telelő túzokcsoportokkal dolgoztam. Azért fontos ezeknek a telelő közösségeknek a vizsgálata, ugyanis kifejezetten erről a periódusból szóló szakirodalmi anyagok száma igen kevés. A faj komplex védelme érdekében azonban fontos tudnunk, hogy ebben a szaporodási időszak mellett igen kritikus szakaszban mik azok a tényezők, amik a csoportok elhelyezkedését befolyásolják. Ezeknek az ismeretében, megkönnyíthetjük a túzokok telelését, ami segíti a következő évi szaporodási időszak sikerességét, így a faj egyedszámának növekedését.

Dolgozatomban a Körös-Maros Nemzeti Park, Dévaványa-Ecsegi Puszták tájegységén vizsgáltam telelő túzok csoportokat három éven keresztül. Az összegyűlt adatokból kernel becsléssel a faj regionális elterjedésének poligonjait ábrázoltam, különböző százalékos megjelenésben. Ez az elemzés kimutatta, hogy jelentős telelési régió a faj számára a Dévaványától északra fekvő terület, valamint ezek mellett - igaz a három évből csak egy évben volt ott megfigyelhető telelés - a településtől Körösladány irányában található Kéthalom határrész. Két hetes periódusonként vizsgálva azt is megmutatták az eredmények, hogy nem egyformák a csoportok mozgáskörzetei a téli évszak folyamán. Január második feléig növekednek, majd drasztikusan csökkennek a körzetek, és ilyen változást mutat a poligonok átfedése is.

A mozgáskörzetek megállapítása után az ivarok közötti kapcsolatok feltárását is elvégeztem. Spearman-rangkorrelációval szignifikáns eredményt kaptam a tojók és a fiatal kakasok száma között ($p= 0,045$), míg a tojók és az ivarérett kakasok száma nem mutatott ilyen összefüggést. Az öreg kakasok megjelenésére csak a dürgő helyek távolsága volt meghatározó ($p= 0,0031$).

Az eredményeim rávilágítanak arra, hogy a dürgőhelyek nyugalmának megtartása a telelési időszakban is fontos a túzokok túlélésének biztosítása miatt, valamint egy nem védett terület is jelentős szerepet tölthet be ezen fokozottan védett madarunk fennmaradásában.

TERBIO2-4

FERENCZ MÁRTA
Szárazföldi és vízi ökológia
MSc, 4. félév
Babeș-Bolyai Tudományegyetem
Biológia és Geológia Kar

Témavezető:
dr. Markó Bálint
docens, BBTE

Egy védett lepkefaj, a *Maculinea alcon* 'xerophila' (*Lepidoptera: Lycaenidae*) torockói populációjának felmérése

Az obligát parazita hangyaboglárka nemzetség (*Maculinea* spp.) a Palearktikus régió legintenzívebben tanulmányozott lepkecsoportját képezi. A hangyaboglárkák életciklusának elengedhetetlen feltétele a petézésre és a lárvák kezdeti táplálására alkalmas tápnövények, valamint a lárvákat befogadó és felnevelő *Myrmica* hangyagazdák jelenléte. Az intenzívvé váló mezőgazdaság élőhelyeik eltűnéséhez, populációik drasztikus csökkenéséhez vezetett. Kutatásunk során a karszti hangyaboglárka (*Maculinea alcon* 'xerophila') egy torockói populációját tanulmányoztuk jelölés-visszafogás módszerével. Eredményeink alapján a repülési időszak június és július közepe közé tehető, viszonylag korai repülési csúccsal, s a populáció becsült mérete 505 egyed. A nemek repülési ideje közötti eltérések ugyanakkor kismértékűek, a hímek repülési csúcsa csupán három nappal előzi meg a nőstényekét. Az egyedek túlélési valószínűsége viszonylag alacsony, melyben az egyedek elvándorlása is szerepet játszhat. Kutatásunk eredményei egy életképes populáció jelenlétét támasztják alá.

TERBIO2-5

SCHMIDT DOROTTYA
Biológia
BSc, 9. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
Bernáth Gergely
PhD hallgató, SZIE MKK
Dr. Horváth Ákos
tudományos főmunkatárs, SZIE MKK

Európában őshonos pisztrángfélék természetvédelmi helyzete és a spermamélyhűtés, mint megőrzésük egyik eszköze

Korunk nagy problémája a biodiverzitás folyamatos csökkenése emberi tevékenység hatására, így a természetvédelem egyre több figyelmet kap. Európa édesvizeiben a pisztrángfélék legnagyobb egyedszámmal bíró, őshonos képviselője a sebes pisztráng, mely gazdaságilag igen jelentős, ám egyes vonalainak veszélyeztetettsége pont ennek következménye. Főleg a horgászati célú, nem körültekintően elvégzett betelepítések miatt zilálódott szét a nagy filogenetikai csoportjainak földrajzi eloszlása. Szintén említésre méltó a ma már önálló fajként kezelt márványpisztráng. A hibridizáció, az élőhely-fragmentáció és természeti katasztrófák miatt összesen 7, szerfelett kis egyedszámú, fajtiszta populációja maradt.

A természetvédelem egyik eszköze az állattenyésztésben régóta ismert spermamélyhűtés. A hűtőmédiumot és a módszert minden esetben fajspecifikusan kell megválasztani, így ezt az eljárást szerettük volna tovább tökéletesíteni az említett taxonoknál. Mindkét fajnál vizsgáltuk a mélyhűtött sperma felolvasztása és felhasználása között eltelt idő motilitásra, és az ikrák kelési arányára gyakorolt hatását, valamint márványpisztráng esetében két különböző védőanyagot hasonlítottunk össze.

Kísérleteink összegzéseként megállapítottuk, hogy márványpisztráng esetében a metanol effektívebb védőanyag a leggyakrabban használt DMSO-nál, és bár a kikelt halak száma némileg csökkent a tárolási idő növelésével, az általunk használt eljárással még 60 perc után is sikeres volt a termékenyülés (13 ± 16 %). Sebes pisztrángok mélyhűtött spermájának vizsgálatakor pisztrángfélékhez képest szokatlanul magas motilitást és termékenyítő képességet mértünk, amit nem befolyásolt a felolvasztás utáni szobahőmérsékletű tárolás ideje. A progresszív motilitás 2, 10 és 60 perc tárolás után is 55 % körüli volt, és a megtermékenyített ikrák átlag 37 %-a jutott szempontos stádiumba – ez pisztrángféléknél kiemelkedően jó! A 2 kísérletsorozat összehasonlításából kiderült, hogy a sperma közvetlenül hígítóba fejése pozitív hatású.

TERBIO2-6

KELEMEN KRISZTINA
Biológia
BSc, 5. félév
Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar

BÁN VIKTÓRIA
Biológia
BSc, 5. félév
Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Horváth Győző
adjunktus, PTE TTK

Kisemlősök makro- és mikroélőhely léptékű asszociáltságának vizsgálata felújító lékvágásos erdőgazdálkodással kezelt erdőrezervátumi pufferterületen

A Bükkhát Erdőrezervátum területén 2014-ben elevenfogó csapdázással vizsgáltuk a kisemlősök makro- és mikroélőhely szintű asszociáltságát. Három zárt erdőfoltban és négy különböző lékben befogott 4 rágcsálófaj – sárganyakú erdeiegér (*Apodemus flavicollis*), pirókerdeiegér (*Apodemus agrarius*), vöröshátú erdeipocok (*Myodes glareolus*), valamint a mezei pocok (*Microtus arvalis*) – fogási adatait használtuk fel. A makroélőhely szintű vizsgálatokat többváltozós variancia-analízissel (MANOVA) végeztük, amely során mind a négy faj esetén két modell felállításával vizsgáltuk a térbeli elkülönülést. Mindkét modell esetén a többváltozós MANOVA teszt igazolta az elkülönített makroélőhelyek szignifikáns hatását. Tehát az erdőgazdálkodás hatására kialakuló élőhelyi heterogenitás makrohabitat szinten is elősegítette a fajok közötti térbeli szegregációs mechanizmus kialakulását. A fajok mikrohabitat asszociáltságát a csapdapontok körüli botanikai kvadrátokban felmért 15 változó alapján többváltozós statisztikai módszerekkel (diszkriminancia analízis, ordinációs eljárások) vizsgáltuk, melyek a vegetáció fiziognómiai struktúrájának több mért változója esetén bizonyították a fajok mikroélőhely-szintű szegregációjában feltételezett jelentőségét. A diszkriminancia analízis teljes mintaterületre vonatkozó eredményei azt mutatták, hogy a fajok nem különültek el határozottan egymástól. Ezzel szemben az egyes élőhelytípusok (melyek különbözőségét a diszkriminancia analízis alátámasztotta) vizsgálata során azt az eredményt kaptuk, hogy a fajok szegregációja a legtöbb esetben jól kifejezett. A zárt erdőfoltokban egyedül a mezei pocok nem különült el egyértelműen a többi fajtól, míg lékek esetében egyik faj sem mutatott jelentős átfedést. A többváltozós statisztika segítségével tehát kimutattuk, hogy a vegetáció struktúra függvényében a fajok térbeli szegregációja egy adott habitat típuson belül, kisebb térléptékben is megvalósul. Így jelen tanulmányunk eredményei is alátámasztották a korábbi kutatások következtetéseit, miszerint a kisemlősök élőhely használatát mind makrohabitat, mind mikrohabitat szinten is érdemes vizsgálni.

TERBIO2-7

KONDOR TAMÁS
Biológia
MSc, 3. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Cserkész Tamás
tudományos segédmunkatárs, ELTE TTK

Újabb taxonómiai és természetvédelmi célú kutatások a csíkos szöcskeegérrel (*Sicista subtilis trizona*)

A csíkos szöcskeegér (*Sicista subtilis trizona* Frivaldszky, 1865) hazánk és egyben a Kárpát-medence veszélyeztetett kisemlőse, helyzete hasonló a rákosi viperáéhoz. Fokozottan védett, ezért alapvető fontosságú, hogy a teljes előfordulási területét feltérképezzük és szintén elvárt, hogy a taxonómiai státuszról is pontos, korszerű módszerekkel gyűjtött, stabil eredményeink legyenek. Az utóbbi 78 évben hazánkban csak a Borsodi-Mezőségen került elő élő példány, de még ezen a területen se ismerjük megfelelő részletességgel a populáció elterjedési határait. A faj jelenléte kérdéses továbbá a Hernád-völgyben, ahol eddig csak bagolyköpetekből kerültek elő maradványai, élő példányt itt még nem sikerült fogni. A trizona taxonómiai helyzetét a legújabb molekuláris kutatásaink tisztázták, azonban a faji státuszát még több anatómiai bizonyítékkal is támogatni kell. Kutatásaink arra irányultak, hogy teljesebb képet kapjunk a kárpát-medencei *Sicista subtilis* állományok előfordulásáról, valamint a populációk közötti rokonsági viszonyokról. A faj előfordulási adatait újabb sikeres csapdázásokkal bővítettük a Borsodi-Mezőségen, valamint potenciális élőhelyek után kutattunk a Hernád-völgyben. Továbbá összehasonlító vizsgálatokat végeztünk a hazai és más Sicista fajok között. Ezek a kutatások hozzájárulnak a faj mélyebb szintű megismeréséhez és hatékony védelmi programjának továbbfejlesztéséhez.

VISÖKO-1

LOVÁSZ LILLA
Biológia
BSc, 5. félév
Nyugat-magyarországi Egyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Gyurácz József
főiskolai tanár, NYME TTK

A barkóscinege (*Panurus biarmicus*)párképzési stratégiája és kóborlási dinamikája

A barkóscinege (*Panurus biarmicus*) párkapcsolatának tartósságáról, valamint kóborlásának időjárás, kor- és ivarfüggéséről viszonylag keveset tudunk. Kutatásunk célja a barkóscinege párképzési stratégiájának alaposabb megismerése, valamint a nyári-őszi kóborlás dinamikájának jellemzése volt a kor- és ivarcsoportok, valamint a téli hónapok hőmérséklete és a költési időszak csapadékmennyiségének függvényében. Vizsgálatunkban a Dinnyési-fertő (Velencei-tó) területén 2001 és 2013 között, júliustól októberig az Actio Hungarica standard módszerei szerint befogott és meggyűrűzött barkóscinegék fogási (8407 egyed), visszafogási (2691 egyed), illetve párminősítési adataira (1163 pár) támaszkodtunk. A párminősítést új, eddig nem alkalmazott módszer szerint végeztük. A függönyhálókban egymástól 1 méternél nem távolabb befogott hím és tojó madarakat, valamint az 1 méternél nagyobb távolságban befogott, de a befogás előtt párként viselkedő egyedeket tekintettük párnak és egymás melletti sorszámmal rendelkező gyűrűvel jelöltük azokat. Eredményeink részben megerősítik a barkóscinege fiatalkori párba állására vonatkozó ismereteket, továbbá bizonyítottuk, hogy az egyszer visszafogott párok 63%-a fiatal hímből és fiatal tojóból állt már a madarak nyári teljes vedlése előtt. A fejlett-fejlett egyedekből álló párkonstrukció a pároknak 30 %-ára, a fiatal-fejlett példányokból álló a párok 7%-ára volt jellemző. A párba állt és legalább egyszer visszafogott madarak 78 %-a együtt maradt a vizsgálati területen a vedlés előtti időszaktól (július) a vedlési időszakon át a késő őszi (október végi) kóborlási időszakig, míg 22 %-uk párt váltott ugyanezen időszak alatt. Megállapítottuk, hogy a hímek és a tojók éves és napi fogása között szignifikáns pozitív korreláció volt mind a vedlés előtt (augusztus 15 előtt), mind a vedlés után befogott madarak esetében, ami a hím és tojó madarak tartós párkapcsolatból adódó hasonló mértékű túlélési esélyeire, valamint hasonló kóborlási dinamikájára utal. Egyes években (2012, 2013) valamennyi kor- és ivarcsoportban szignifikánsan kevesebb barkóscinegét fogtunk be, mint más években. Az éves fogás és a fogást megelőző téli hónapok hőmérséklete között negatív kapcsolatot mutattunk ki, melynek alapján feltételezhetjük, hogy a hím és tojó egyedek mortalitása az átlagosnál hidegebb teleken hasonlóan nagyobb arányú, mint az enyhébb időszakokban. A költési periódus csapadékösszege és az éves fogás között nem találtunk szignifikáns összefüggést.

VISÖKO-2

KRENHARDT KATALIN
Környezettudomány
MSc, 3. félév
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Rosivall Balázs
adjunktus, ELTE TTK

Az utódgondozási befektetés hatása az örvös légykapók (*Ficedula albicollis*) maláriás fertőzöttségére

Az életmenet-elmélet szerint csereviszony figyelhető meg a jelenlegi és a jövőbeni szaporodási siker között. Ennek, feltételezések szerint, az egyik fő oka a szaporodási befektetés és az immunműködés közötti negatív kapcsolat lehet, mivel az egyed számára mind a reprodukció, mind az immunrendszer működése igen költséges. Ha egy egyed több energiát fordít a szaporodásra, akkor várhatóan kevesebb energiája marad az immunrendszer működésére, ami csökkenti a fertőzésekkel szembeni ellenállóképességet, és ezáltal negatívan befolyásolja a túlélést. A szülői befektetés parazitáltságra gyakorolt hatását számos vizsgálat nem igazolta, aminek az egyik oka az lehet, hogy a legtöbb kutatás csak rövid távú hatásokat vizsgált. Jelen vizsgálatunkban arra kerestük a választ, hogy az utódgondozásba történő befektetés vajon hatással van-e a vizsgált egyedek maláriás fertőzöttségére. Kísérletesen csökkentettük, illetve növeltük az örvös légykapó (*Ficedula albicollis*) egy vadon élő populációjában a szülők fészekaljméretét, és meghatároztuk a maláriát okozó vérparaziták (*Haemoproteus* és *Plasmodium* genuszok) prevalenciáját. Eredményeim alapján a manipulációnak nem volt hatása a szülők kondíciójára a kísérlet évében, valamint a fertőzöttségére sem a kísérlet évében, sem a következő évben. A manipuláció szignifikánsan csökkentette az egyedek visszatérési valószínűségét.

VISÖKO-3

BABITS MELINDA DOROTTYA
biológus
MSc, 1. félév
Debreceni Egyetem
Természettudományi és Technológiai Kar

Témavezető:
Dr. Barta Zoltán
egyetemi tanár, DE TTK

Csoportos viselkedés vizsgálata verőköltő bodobácsnál

Az állatok szociális viselkedésének, valamint személyiségének vizsgálata a viselkedésökológia két dinamikusan fejlődő területe. Az utóbbi években számos olyan publikáció jelent meg, melyek az egyedek közti különbségek jelentőségére és funkciójára mutatnak rá szociális kontextusban.

A szociális viselkedés számtalan formája megfigyelhető az állatvilágban; a fajtársak felismerésétől kezdve az utódgondozáson át a komplex altruisztikus viselkedésformákig. Az állati személyiség (egyedi viselkedési különbségek, melyek a környezettől (kontextustól) függetlenül és időben is egyaránt állandóak) szociális kontextusban történő vizsgálata új megvilágításba helyezheti a szociális viselkedés tanulmányozását.

Elméleti modellek alapján az várható, hogy a szociális evolúciós folyamatok teljesen másképpen zajlanak változatos populációkban, mint egyforma egyedekből állókban. Ezen modellek tesztelésére és így empirikus alátámasztására a verőköltő bodobács potenciálisan optimális modell szervezet, hiszen korábbi vizsgálatok (Gyuris és mtsai 2011) alapján tudjuk, hogy a leggyakrabban vizsgált személyiség-jellegek közül az aktivitás, a bátorság és a felfedezőképesség is konzisztensen jellemző a faj egyedeire.

Mivel vizsgálataink fő célja a szociális viselkedés és az állati személyiség közti összefüggések vizsgálata, első lépésként arra kerestük a választ, hogy ki lehet-e mutatni konzisztens szociális viselkedést verőköltő bodobácsoknál. Eddigi eredményeink azt mutatják, hogy a bodobácsok csoportjainak kialakulásában az egyedek közti interakciók is szerepet játszanak: laboratóriumi körülmények közt, vagyis állandó környezeti feltételek mellett az aggregáció az egyedek közti szociális interakció hatására alakult ki. Továbbá megmutattuk, hogy a szociabilitás konzisztensen jellemző a bodobácsokra, az általunk használt teszt pedig alkalmas ezen személyiség-jelleg mérésére.

Emellett a hálózatelemzés eszköztárának használatával megvizsáltuk az egyes egyedek hálózatban elfoglalt pozíciója, valamint viselkedési-jellemzőik közötti kapcsolatot.

A későbbiekben a szociális viselkedés és a három további, korábban már vizsgált személyiség-jelleg kapcsolatát szeretnénk tovább elemezni, aminek segítségével közelebb kerülhetünk a szociális környezet és a konzisztens egyedi viselkedési különbségek közti kapcsolat jobb megértéséhez.

VISÖKO-4

RÁDAI ZOLTÁN
biológus
MSc, 3. félév
Debreceni Egyetem
Természettudományi és Technológiai Kar

Témavezetők:
Dr. Barta Zoltán
egyetemi tanár, DE TTK
Dr. Kiss Balázs
tudományos főmunkatárs, MTA NÖVI

Eltérő életmenet stratégiájú egyedek kockázatvállaló viselkedésének vizsgálata a pusztai farkaspók (*Pardosa agrestis*, Westring, 1861) esetében

Az életmenet elmélet egyik érdekes esete az ún. kohorsz szétválás, amikor is az egyazon időben született egyedek eltérő életmenet stratégiák követése révén jelentős, pl. fejlődésbeli különbségeket mutatnak. Erre a jelenségre kiváló példa a pusztai farkaspók, mely az európai mezőgazdasági területek egyik domináns pókfaja. Ökológiájáról, életmenetéről számos publikáció szól, melyekben nagy hangsúlyt kap az egy szaporodási cikluson belül megfigyelhető ún. fakultatív második nemzedék megjelenése. A faj viselkedésökológiai vizsgálata újszerű megközelítést adhat ezen jelenség hátterének és adaptív értékének megértéséhez. Az életmenet elmélet alapján a negatív csereviszony a jelenlegi és jövőbeni szaporodás között viselkedésükben (pl. kockázatvállalás) eltérő egyedek megjelenéséhez vezethet, akár egy populáción belül is (Wolf et al., 2007). A pusztai farkaspókok esetében a két, jelentősen eltérő fejlődési sebességű kohorszba tartozó egyedek vagy a közeli- (tél előtt), vagy a távolabbi (áttelelést követő) jövőben történő szaporodásba fektetnek több erőforrást. A kohorsz szétválás jelenségének viselkedésbiológiai módszerekkel történő vizsgálatával arra kerestünk választ, hogy a két, eltérő fejlődési ütemű kohorszba tartozó egyedek viselkedése (felfedezőkészség, potenciális zsákmánnyal szembeni magatartás) jelentősen különbözik-e, valamint, ha igen, akkor a különbség időben is stabil-e. Eredményeink alapján úgy tűnik, hogy jelentős eltérés van a gyors és lassú fejlődésű egyedek kockázatviselő viselkedésében. A gyors fejlődésű egyedek nagyobb arányban támadták meg a rendelkezésre álló potenciális prédát, valamint a felfedezőkészség mérésére vonatkozó változók alapján átlagosan aktívabbak, felfedezőkészebbek voltak, mint lassan fejlődő társaik.

VISÖKO-5

MÓDRA GÁBOR
Biológia
BSc, 7. félév
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:
Lőrinczi Gábor
tanársegéd, SZTE TTIK

Eszközhasználat és -preferencia az *Aphaenogaster subterranea* hangyafaj táplálékszerzése során

A hangyák között az eszközhasználatnak eddig három formáját írták le. Az első típus a különböző szövőhangya-fajok fészeképítése a lárváik által termelt selyemfonál segítségével, míg a második egyes sivatagi hangyafajok kompetítorainak akadályozására szolgál azok fészekbejáratainak eltorlaszolásával. Az eszközhasználat harmadik, az *Aphaenogaster* génuszra jellemző formája pedig a folyékony táplálék szállítása különböző tárgyak (pl. talajrögök, levéldarabok, stb.) segítségével. Noha a hangyák esetében általános viselkedés a fészek közelében lévő folyadékokra történő ráhordás, ennek célja azonban a védekezés a beleragadás vagy belefulladás ellen, nincs rá hatással a folyadék tápanyagtartalma, elszállítás róla pedig soha nem történik. Az *Aphaenogaster*-fajok esetében viszont a folyékony táplálék fészektársakhoz való eljuttatásának egyetlen módja ez a fajta eszközhasználat, mivel a génusz képviselői nem rendelkeznek olyan tágulékony beggyel, mint a Formicinae alcsalád képviselői, ráadásul egyes kutatások esetükben a trofallaxis teljes hiányát is kimutatták.

Vizsgálataink során az *Aphaenogaster subterranea* eszközhasználatát és eszközpreferenciáját tanulmányoztuk laboratóriumban különböző kísérleti körülmények között. A vizsgálatok során külön-külön háromféle anyagot használtunk csalétekként (víz, méz, mézes víz), eszközként pedig minden egyes esetben ötféle tárgyat (kis- és nagy talajrög, fenyőtű-, levél-, ill. szivacsdarabok) biztosítottunk a hangyáknak. Kétféle kísérleti felállással dolgoztunk, az egyikben az eszközök 4 cm-re, míg a másikban 12 cm-re, félkörben voltak elhelyezve a csalétek körül.

A dolgozók hipotézisünknek megfelelően azt az eszközt preferálták a leginkább, amelyik a legkönnyebben szállítható (vizsgálatunk esetében a kis rögöt), csökkentve ezzel a befektetett munkát és időt. Összességében a vízre szignifikánsabban kevesebb ráhordást tapasztaltunk, mint a kétféle táplálékra, elszállítást pedig a dolgozók soha nem végeztek róla. A mézre a mézes vízhez képest szignifikánsabban kevesebb ráhordás történt a kis és a nagy rögből is, a szivacsnak viszont nőtt a preferenciája a méz esetében. A táplálék és az eszközök közötti távolság növelésével a nehezebben hordható eszköz használatának gyakorisága is megemelkedett, feltehetőleg azért, mert sokkal nagyobb energia befektetést igényelne felkutatni a többi eszközt is, mint az elsőként megtaláltból végezni a ráhordást.

Kulcsszavak: *Aphaenogaster*, eszközhordás, talajrög, táplálék viszkozitás, távolság

VISÖKO-6

SÜTŐ SZANDRA
Környezettan
BSc, 3. félév
Pannon Egyetem
Mérnöki Kar

Témavezető:
Preiszner Bálint
PhD hallgató, PE MK

Küszvágó csérek (*Sterna hirundo*) fészkelőterület-hűségének vizsgálata és nyomonkövetős jelölésük

A Magyarországon fokozottan védett, hosszútávú vonuló küszvágó csér (*Sterna hirundo*) európai állományai a vonulás során két fő útvonalat használnak. Annak ellenére, hogy az elmúlt 60 évben Magyarországon a fajnak közel 5000 egyedére került az egyedi azonosításukat szolgáló gyűrű, valamint 2009-ben színes gyűrűzési program is indult, meglehetősen kevés megkerülési adata áll rendelkezésünkre. A meglévő adatokból arra következtethetünk, hogy a magyarországi fészkelő állomány dél-keleti irányba, a Boszporusz felé vonul és Afrika déli területein telel. A képet árnyalja azonban, hogy a környező országok állományairól vannak ellentmondásos adatok. Mivel a pontos vonulási útvonal felderítéséhez a gyűrűzés nem elegendő, 2014-ben 5 felnőtt egyedet láttunk el színes gyűrűre rögzített geolokátorral. Az eszköz segítségével a fényintenzitás alapján becsülhető a napkelte és a napnyugta időpontja, így a nappalok hossza, amelyekből kb. 200 km-es pontossággal meghatározható az egyed földrajzi helyzete. A szerkezet az adatokat nem továbbítja, csak tárolja, így azok kinyeréséhez az egyedet vissza kell fogni. A geolokátorok felszerelése előtt vizsgáltuk, hogy az általunk vizsgált kolóniában is fennáll-e a szakirodalom szerint a fajra jellemző fészkelőterület-hűség; illetve teszteltük a fészken fogási módszert. 3 év alatt – visszafogásokkal együtt – 17 alkalommal sikerült felnőtt egyedet fogni. 2014-ben 6 gyűrűs madarat olvastunk le, beleértve a 2012 előtt fiókaként gyűrűzött, majd felnőttként visszatérő egyedeket is. Egy kivétellel ezen tapasztalt vonulók közül került ki az az 5 madár, amelyek a geolokátorokat kapták. Amennyiben ezek a madarak 2015-ben is visszatérnek, a geolokátorokból kinyert adatok segítségével fény derülhet a vonulás pontos útvonalára és a telelőterületek elhelyezkedésére. Ezek ismeretében pedig a pihenő-, és táplálkozó területek védelmével jelentős eredményeket lehet elérni a faj megőrzésében.

VISÖKO-7

NÉMETH BRIGITTA
Környezettudomány
MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Vincze Ernő
PhD-hallgató, PE MK

Széncinegék (*Parus major*) ragadozóval szembeni viselkedésének vizsgálata az élőhely-urbanizáció függvényében

Az urbanizált környezet számos jellemzőben eltér a természetes élőhelyektől. Az élőlényeknek alkalmazkodniuk kell a megváltozott környezethez, melynek egyik módja lehet a ragadozókkal szembeni csökkent félelem.

Célunk annak a vizsgálata, hogy a különböző urbanizáltságú élőhelyeken hogyan viselkedik a préda a predátorral szemben. Ehhez azt figyeltük meg, hogy a városokban, illetve természetes erdőkben fészkelő széncinegék (*Parus major*) utódgondozó viselkedése hogyan változik meg egyik természetes ragadozójuk, a karvaly (*Accipiter nisus*) jelenlétében.

A madarak viselkedését kb. egy órás videofelvételekről figyeltük meg, melyek mesterséges odúkban költő széncinegékről készültek 2013-ban, két városi és két természetes, erdei helyszínen (Veszprém és Balatonfüred, illetve Szentgál és Vilma-puszta). A kamera közvetlen az odú bejárata mellé lett kihelyezve, így a felvételekről nyomon lehet követni, hogy melyik szülő mikor érkezik etetni a fiókákat. A teszt során, standard protokoll szerint előbb kontrollként egy kitömött balkáni gerle (*Streptopelia decaocto*), majd ragadozóként egy kitömött karvaly került kihelyezésre. A videók elemzése során feljegyzésre került az etetési frekvencia és latencia. Az így kapott adatmennyiséget ezután R statisztikai programban, ANOVA-val és lineáris kevert modellekkel értékeltük ki.

Első kérdésként megvizsgáltuk, hogy van-e különbség az élőhelyek között a széncinegék utódgondozásában, amit a gerle kihelyezését megelőző etetési frekvenciával és latenciával jellemeztünk. A második, fő vizsgált kérdés pedig, hogy a széncinegék ragadozókra adott válasza függ-e az urbanizációtól, azaz a városi és a vidéki helyszíneken különböző módon változik-e meg az etetési viselkedés karvaly jelenlétében a gerléhez képest.

Eredményeink azt mutatják, hogy a vidéki Szentgál és a városi Veszprém helyszínen szignifikáns különbség van a szülők etetési gyakoriságában és latenciájában is. Azonban adataink nem támasztják alá, hogy a karvalyra adott válaszban különbség lenne az egyes helyszínek között: a városi és vidéki széncinkék a ragadozó válasz szempontjából egyaránt érzékenyek erre a stimulusra.

A vidéki és városi helyszín közötti etetési különbségeket okozhatja az élőhelyen található táplálék mennyiségének és minőségének eltérése, vagy a madarak ismeretlen stimulusoktól való eltérő félelme. Annak, hogy a karvalyra adott válaszban nem találtunk szignifikáns különbséget, az lehet a magyarázata, hogy a karvaly vidéken és városban is jelentős ragadozónak számít.

FÜGGELÉK

STATISZTIKÁK

A nevezések megoszlása a tervezett tagozatok között

Állatökológia 16	Molekuláris biológia 15
Állatszervezettan 2	Neuroanatómia 4
Biofizika 2	Neurobiológia 16
Bioinformatika 10	Neurofiziológia 7
Biokémia 11	Növényélettan 8
Biotechnológia 8	Növényi molekuláris biológia és genetika 3
Etológia 8	
Evolúció- és elméleti biológia 1	Növényökológia 8
Faunisztika és állatföldrajz 4	Növényszervezettan 1
Florisztika és cönológia 2	Ökotoxikológia 5
Genetika 14	Populációgenetika 3
Hidrobiológia 12	Szünzoológia 2
Humánbiológia 2	Taxonómia 5
Immunológia 12	Természetvédelmi biológia 16
Mikrobiális genetika 0	Virológia 2
Mikrobiológia 17	Viselkedésökológia 5
	ÖSSZESEN 224

Nevezett dolgozatok intézményi/kari bontásban

intézmény-kar	dolgozat	%
BCE-KERTK	1	0,4
BME-VBK	2	0,9
DE-TTK	21	9,4
DF	1	0,4
EKF-TTK	4	1,8
ELTE-TTK	64	28,6
ETDK-RHK (1)	8	3,6
FTDK (2)	1	0,4
KE-AKK	1	0,4
KTDK (3)	3	1,3
NYF	4	1,8
NYME-TTK	4	1,8
PE-GK	2	0,9
PE-MK	3	1,3
PPKE-ITK	10	4,5
PTE-TTK	28	12,5
SZIE-ÁOTK	11	4,9
SZIE-MKK	7	3,1
SZTE-TTIK	49	21,9
ÖSSZES	224	100,0

Határon túli 12 dolgozat (5,4 %): 1) ETDK: Erdélyi Tudományos Diákköri Konferencia Reál- és Humántudományi Konferencia 2) FTDK: Felvidéki Tudományos Diákköri Konferencia 3) KTDK: Kárpátaljai Tudományos Diákköri Konferencia, II. Rákóczi Ferenc Kárpátaljai Magyar Főiskola

STATISZTIKÁK

	Végleges tagozatok	előadások
1.	Állatökológia	10
2.	Állatszervezettan és -élettan	9
3.	Bioinformatika	9
4.	Biokémia I.	6
5.	Biokémia II.	6
6.	Biotechnológia	9
7.	Etológia	7
8.	Faunisztika	9
9.	Genetika	9
10.	Hidrobiológia	11
11.	Humángenetika és -biológia	10
12.	Immunológia	10
13.	Mikrobiológia I.	9
14.	Mikrobiológia II.	9
15.	Molekuláris biológia I.	9
16.	Molekuláris biológia II.	9
17.	Neurobiológia	11
18.	Neurofiziológia	7
19.	Növénybiológia	10
20.	Növényökológia	8
21.	Ökotoxikológia	7
22.	Sejt- és molekuláris neurobiológia	7
23.	Taxonómia, filogenetika,	7
24.	Természetvédelmi biológia I.	9
25.	Természetvédelmi biológia II.	7
26.	Viselkedésökológia	7
	ÖSSZESEN	**221**

NÉVMUTATÓK

A konferencián résztvevő előadók és társszerzők

A
Adonyi Ádám 166.
Aladics Dávid János 243.
Appl Ádám János 226.
Aszalós Júlia Margit 120.

B
Babiczky Ákos 229.
Babits Melinda Dorottya 261.
Bakonyi Krisztina 118.
Balázs Viktória Lilla 218.
Balogh Bálint 171.
Balogh Gergő Mihály 182.
Balogh Veronika 198.
Bán Viktória 257.
Baráth Veronika 178.
Barti Benjámin 235.
Béndek Julianna 244.
Bindics Barnabás 108.
Bíró Gina 96.
Biró Orsolya 129.
Boda Attila 177.
Bodó Kornélia 62.
Boglári Csaba 111.
Bóna Lilla 239.
Borbély Andrea 132.
Borkúti Péter 116.
Bozó Renáta 82.
Bozóki Tamás 107.
Bruzsik Bíborka 188.
Büki Alexandra 193.

C
Czinege Nikolett 97.

Cs
Csehiné Pusztai Szilvia Anna 55.
Csikota Péter 186.

D
Dallos Bianka 167.
Deme Judit 216.
Demeter Amanda 65.
Dikó Anna Emese 71.
Dobrocsi Patrik András 224.
Dobson László 63.
Domokos Péter 245.
Dorogházi Beáta 92.
Drexler Tamás 95.
Dunai Dániel Imre 165.

F
Faradzs-zade Lejla 200.
Farkas Zsuzsanna 131.
Fekete Réka 219. 249.
Felde Orsolya 213.
Ferencz Márta 255.
Fikó Dezső-Róbert 150.
Fodor Mátyás 70.
Fóthi Ábel 180.
Freytag Csongor 208.
Frittmann Orsolya 117.
Frühwirth Andrea 44.

G
Ganczer Alma 137.
Geréd Júlianna 217.
Giricz Zsófia 56.
Godi Alíz 241.
Gonda Csilla 121.
Gul Lejla 64.

Gy
Győri Ágnes 125.

H
Harmat Zita 67.
Harmati Petra-Anikó 54.
Hárságyi Dorottya 46.
Hepp Anna 124.
Hermann Ágnes 73.
Hidas András János 127.
Hurton Ágnes 205.

I
Igaz Nóra 173.
Illár Máté 104.
Iván Lívia 161.
Ivitz Eszter Virág 184.

J
Jákim Judit 88.
Janó Gizella 254.
Jánosa Gergely 102.
Jánosi Barbara 194.
Jégh Attila 94.

K
Kalydi Fruzsina 209.
Kanizsai Barbara 223.

Karai Edina 175.
Kardos Dorottya 149.
Kari András 157.
Katona Krisztián 103.
Kelemen Krisztina 257.
Kerekes Ivett Kriszta 52.
Keskeny Csilla 173.
Király Kinga Zsófia 85.
Kiss András Attila 114.
Kiss Csaba 252.
Kiss Lola Virág 227.
Kiss Réka 250.
Koleszár Gergő 122.
Koltai András 179.
Kondor Tamás 258.
Korponai Kristóf 156.
Korsós Marietta Margaréta 79.
Koszka Attila 248.
Kovács Antonietta 148.
Kovács Dominika 159.
Kovács Laura 113.
Kovács Zoltán 236.
Kovacsics-Vári Gergely 215.
Kozma Mihály 174.
Krausz Sarah Laura 185.
Krenhardt Katalin 260.
Kukoricza Krisztina 88.
Kupper Boróka 93.

L
Laczkó Levente 219. 238.
Lakatos János 243.
Lakatos Zsolt 110.
Laszli Adrienn 84.
Lázár Tamás 68.
Liba Zsuzsanna 151.
Lovas-Kiss Ádám 219. 249.
Lovász Lilla 259.
Lukács Áron 119.
Lukácsi Szilvia Zsófia 140.

M
Madarász Miklós 196.
Marx András 98.
Matuska Rita 189.
Mayer Márton István 57.
Mészáros Ádám 203.
Mészáros Dávid 45.
Mészáros Mária 59.
Miczán Vivien 234.
Mihályi Dávid Krisztián 89.
Miskolczi Christina 190.
Módra Gábor 263.
Molnár Anna 136. 176.
Molnár Árpád 204.
Molnár Attila 100.
Molnár Kinga 192.
Morvai Anita 46.

N
Nagy Antal Balázs 147.
Nagy Balázs József 155.
Nagy Hajnalka 152.
Nagy Kinga 72.
Nagy Lili Veronika 197.
Nagy Veronika 172.
Németh Brigitta ELTE 265.
Németh Brigitta SZTE 76.
Németh Emese 106.
Németh Kinga 90.
Németh Tamás 105.

Ny
Nyeste Krisztián József 224.

O
Orosz Anita 146.
Orosz Ivett 225.
Ottlik Dorottya 109.

Ő
Őszi Erika 168.

P
Pabar Sándor Attila 208.
Páll Orsolya 160.
Pápai Nóra 61.
Papp Rita 135.
Papp Tibor 251.
Pataki Zoltán János 169.
Pávkovics Dóra Ildikó 210.
Pethő Máté 199.
Petneházi András 60.
Piross Imre Sándor 53.
Podmaniczki Anna 212.
Polgári Botond 47.
Pöstyéni Etelka 138.
Prázsmári Hunor 220.

R
Rácz Arnold 106.
Rádai Zoltán 262.
Radnai Zsófia 221.
Radványi Lilla 211.
Rafai Tímea 80.
Rátkai Erika Anikó 201.

Rédei Eszter 86.

S
Sándor Diána 128.
Sándor Dorottya 217.
Schmidt Dorottya 256.
Schmidt Kornél 253.
Senánszky Vera 123.
Silnicki Ádám 240.
Sipos Orsolya 139. 144.
Sója Andrea Mónika 75.
Solymosi Dániel 207.
Somogyi Balázs 46.
Spekker Eleonóra 191.
Stefanov Antónia 230.
Sütő Szandra 264.
Sütő Szidónia 206.
Süveges Kristóf 249.
Sviatkó Katalin 202.

SZ
Szabadi Nikolett 231.
Szabó Adél 83.
Szabó Kitti 74.
Szabó Lilla 158.
Szabó Tamás 87.
Szabó Titanilla 130.
Széchenyi Alexandra 253.
Széky Balázs 81.
Szénásy Dalma 237.
Szenes Éva 145.
Szentiványi Tamara 101.
Szepes Dóra 69.
Szikora Bence 143.
Szkibinszkij Edgár 58.
Szőke Barbara 247.
Szücs Mihály 181.
Szuróczki Sára 154.

T
Tankó György 150.
Tapolczai Kálmán 126.
Török Annamária 139. 144.
Török Edina 242.
Tóth Dóra Erika 164.
Tóth Kata Mária 246.
Tóth Katinka 99.
Tóth Krisztina 232.
Tóth Réka 66.
Tóth Sarolta 112.
Tóth Zsófia 49.
Tőzsér Dávid 228.
Turóczi Tamás Gyula 51.

U
Udvari Edina 233.

V
Vadászi Henrietta 183.
Vadkerti Ágnes 214.
Vadovics Máté 162.
Vágvölgyi Máté 77.
Vajda Flóra 170.
Váradi Alex 48.
Váradi Orsolya Anna 133.
Varga Dániel 134.
Varga Júlia 115.
Varga Tünde 91.
Varga Zoltán Kristóf 187.
Vaskó Henrietta 151.
Velovics Ráhel 222.
Venkei Annamária 163.
Vicei Tibor Tamás 122.
Vraukó Veronika 195.

W
Weisz Anett 241.

Z
Zahorán Szabolcs 78.
Zelles Mónika 50.
Zöldi Miklós 141.

Zs
Zsolnai Pálma 153.

A konferencián bemutatott dolgozatok témavezetői

A
Acsády László 229.
Aliczki Manó 187.
Andrikovics Hajnalka 135.
Antal László 224.

B
B.-Béres Viktória 119.
Bácsi István 119.
Bajtay Zsuzsa 140.
Bakonyi Tamás 161.
Baksa Attila 81.
Bali Zsolt 197.
Bálint Bálint László 169.
Barina Zoltán 244.
Barta Zoltán 49. 261. 262.
Bartha Dénes 240.
Barthó Péter 200.
Bencsik Dóra 223.
Bencsik Krisztina 192.
Béni Áron 87.
Bereczki Judit 48.
Bereczki Zsolt 133.
Bernáth Gergely 256.
Biri Beáta 183.
Bíró Borbála 243.
Boda Pál 107.
Böddi Béla 71.
Bódi Nikolett 56.
Bohár Zsuzsanna 195. 231.
Bókony Veronika 49.
Borbély Sándor 198.
Boros Ákos 166.
Borsodi Andrea 120.
Bratek Zoltán 239.

C
Cervenak Judit 147.
Cervenak László 142.

Cs
Csányiné Dóczi Ilona 163.
Csenki-Bakos Katalin 223.
Csenki-Bakos Zsolt 226.
Cserhalmi Dániel 246.
Cserháti Mátyás 225.
Cserkész Tamás 252. 258.
Csiky János 216.

D
Deák Péter 109. 115. 116.
Deák Tamás 105.
Deli Mária 59. 60.
Dénes Viktória 230.
Dér András 60.
Dobó József 73.
Dobolyi Árpád 233.
Dobróné Tóth Márta 151. 215.
Duda Ernő 139. 144.
Duga Balázs 130.
Dulai Sándor 221.

E
Endrédi Anett 246.
Engelmann Péter 62.
Estók Péter 101.

F
Faragó Tamás 98.
Farkas Ágnes 218.
Fazekas Dávid 64. 65. 66.
Fehérvári Péter 53.
Fejes-Szabó Annamária 193.
Fekete István 87.
Felföldi Tamás 152. 153. 155. 156.
Fenesi Annamária 217. 250.
Filkor Kata 139. 144.
Földvári Mihály 101.
Fülöp Dávid 187.

G
Gacsályi István 194.
Gallé Ágnes 212.
Gáspári Zoltán 67. 70. 129. 180.
Gazdag Zoltán 159.
Gerencsér Linda 94.
Gócza Elen 90.
Groma Gergely 82.

Gy
Gyurácz József 44. 259.

H
Háhn Judit 222.
Hajnik Tünde 202.
Halasy Katalin 196.
Haller József 187. 188.
Haltrich Attila105.

Harci Alexandra 171.
Harnos Andrea 53.
Hegedűs Krisztina 177.
Hegedűs Tamás 67.
Herczeg Dávid 49.
Hermesz Edit 78.
Hernádi István 197.
Hettyey Attila 49.
Hideg Éva Olga 210.
Hodrea Judit 58.
Horváth Ádám 162.
Horváth Ákos 256.
Horváth András 234.
Horváth Gábor 89.
Horváth Győző 46. 47. 50. 102. 106. 253. 257.
Horváth Zsófia 123.
Hrács Krisztina 227.
Hubai Katalin Eszter 118.

I
Iliás Attila 143. 147.

J
Jakab Ferenc 106. 167.
Józsi Mihály Krisztián 141.
Juhász Ákos 158.
Juhász Edit 252.
Juhász Gábor 112. 113. 177.

K
Kabai Péter 95. 96.
Kacskovics Imre 143.
Kálmán János 184.
Kálmánchelyi-Farkas Alexandra 89.
Kalmár Lajos 69.
Kanizsár Orsolya 99.
Kaszáné Kiss Magdolna 121.
Katona István 234. 235.
Kedvesné Kupai Krisztina 79.
Kékesi Adrienna Katalin 233.
Kemény Lajos 82.
Keresztes Lujza 242.
Kiricsi Mónika 173.
Kiss Balázs 262.
Kiss Keve Tihamér 127.
Klement Éva 80.
Kocsis Marianna 211.
Kolozsvári István 104.
Komlósi Katalin 138.
Korcsmáros Tamás 64. 65.
Korompainé Szitta Emese 107.
Kós Péter 207.
Kotormán Márta 74.
Kovács Dávid 173.
Kovács Erika 150.
Kovács Róbert 226.
Krajcsi Péter 85.
Krifaton Csilla 225.
Krizbai István 174.

L
László Zoltán 220.
Lengyel Attila 216.
Lengyel Katalin 111.
Liliom Károly 81.
Lőrincz Péter 110.
Lőrinczi Gábor 263.

M
Magyar Zoltán 168.
Malatinszky Ákos 244.
Markó Bálint 255.
Maróti Gergely 84. 92.
Marschall Marianna 206.
Máté Gábor 159.
Máthé Csaba 208. 209.
Máthé István 150.
Mátics Róbert 134.
Mátyás Ferenc 229.
Melegh Béla 130. 137. 138.
Merényi Zsolt 239.
Mészáros Ilona 124.
Mikics Éva 190.
Miklósi Ádám 94.
Mink Mátyás 114.
Molnár Kálmán 128.
Molnár V. Attila 219. 249.

N
Nagy Bálint 129.
Nagy Dávid 241.
Nagy Nándor 54.
Nagy Péter 113.
Nagy Péter István 52.
Nagy Tibor 71.
Nagy-Grócz Gábor 191.
Nagymáté Zsuzsanna 157.
Németh Anikó 247.

NY
Nyiri Gábor 57.
Nyitray László 183.

O
Oláh Judit 83.
Oláh Viktor 124.
Orbán Tamás 180.
Ovádi Judit 83.

Ö
Ördögné Kolbert Zsuzsanna 204.

P
Padisák Judit 126.
Pajor László 134.
Pákáski Magdolna 184.
Pál Margit 115. 116.
Pál Róbert 218.
Pál-Fám Ferenc 248.
Pamzsav Horolma 131. 132.
Papp Tamás 160. 164.
Papp-Balogh Andrea 145.
Párdutz Árpád 191. 193. 195. 231.
Perczel András 179.
Perei Katalin 86.
Pirity Melinda 170.
Pohner Zsuzsanna 153.
Pólin Irén 100.
Pongrácz Péter 97.
Preiszner Bálint 264.

R
Rácz István András 103.
Rákhely Gábor 76.
Resetár Anna 209.
Rigler Eszter 95. 96.
Romsics Csaba 157.
Rosivall Balázs 260.
Rózsa Balázs 196.
Rózsa Lajos 53.
Rudnóy Szabolcs 213.
Ruprecht Eszter 217. 245.

S
Sándor Noémi 140.
Sasai Miwa 146.
Schád Éva 68.
Schlett Katalin 55. 201. 232.
Schneider György 165.
Sebestyén Anna 136. 176.
Seres Anikó 227.
Simon Diána 148. 149.
Simon Edina 125. 224. 228.
Somodi Imelda 214.
Somogyvári Ferenc 162.
Sramkó Gábor 219. 238.
Staszny Ádám 226.
Stranczinger Szilvia 236. 237. 241.

SZ
Szabados László 182.
Szabó Attila 152. 155. 156.
Szabó Krisztián 135. 172.
Szabó Sándor 122.
Szakács Gergely 172. 175.
Száz Dénes 89.
Szeglet Péter 251.
Szegletes Zsolt 181.
Székely Csaba 128.
Szekeres András 77.
Szekeres Ladislav 108.
Szemán-Nagy Gábor György 88.
Szepesi Ágnes 205.
Szinetár Csaba 45.
Szoboszlay Sándor 222.

T
Tajti János 203.
Takáts Szabolcs 112.
Takó Miklós 75.
Tálas András 185.
Tökölyi Jácint 249.
Topál József 93.
Torma Attila Gyula 51.
Tóth András 76.
Tóth Attila 199.
Tóth Erika 154.
Tóth Eszter 185.
Tóth János Pál 48.
Tóth Zsuzsanna 189.
Tóthmérész Béla 125.
Tuka Bernadett 203.
Tusnády Gábor 63.

U
Unk Ildikó 117.

V
Vad Csaba Ferenc 123.
Vajdovich Péter 175.
Várallyay Éva 91.
Varga Csaba 79.
Varga Máté 61.
Vargáné Kis Anna 99.
Végvári Zsolt 254.
Vértessy G. Beáta 72.
Világi Ildikó 198.

Vincze Ernő 265.
Vincze Orsolya 219.
Völgyi Antónia 131. 132.
Vonderviszt Ferenc 178.

W
Welker Ervin 185.
Woodhams, Stephen 235.

Y
Yamamoto Masahiro 146.

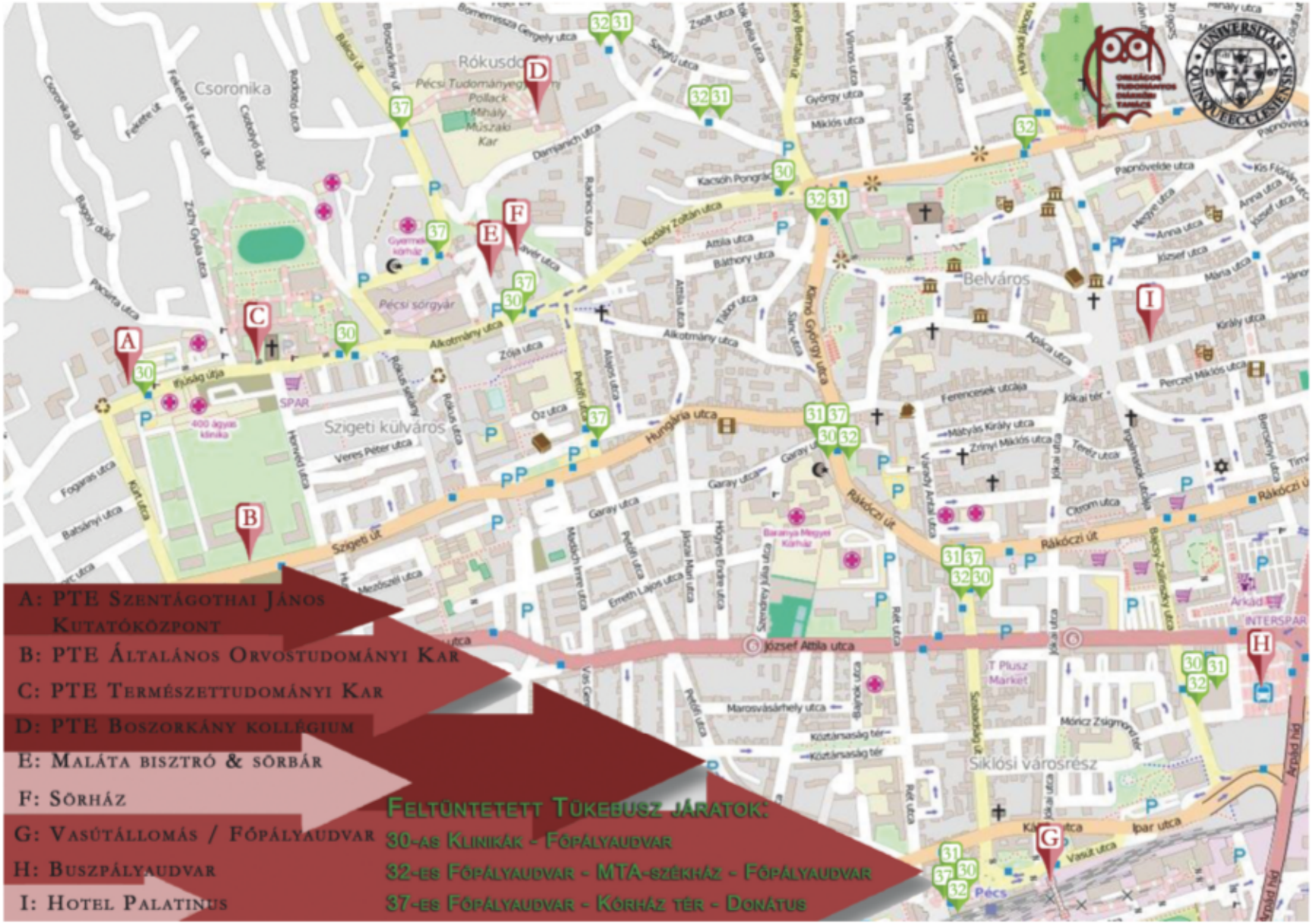
Z
Zelena Dóra 186.

JEGYZETEK

JEGYZETEK

JEGYZETEK

JEGYZETEK


A: PTE Szentágothai János Kutatóközpont
B: PTE Általános Orvostudományi Kar
C: PTE Természettudományi Kar
D: PTE Boszorkány kollégium
E: Maláta bisztró & sörbár
F: Sörház
G: Vasútállomás / Főpályaudvar
H: Buszpályaudvar
I: Hotel Palatinus
Feltüntetett Tükebusz járatok:
30-as Klinikák - Főpályaudvar
32-es Főpályaudvar - MTA-székház - Főpályaudvar
37-es Főpályaudvar - Kórház tér - Donátus