



XXXIV. OTDK

BIOLÓGIA
szekció

PÁZMÁNY PÉTER
KATOLIKUS EGYETEM
INFORMÁCIÓS TECHNOLÓGIAI
ÉS BIONIKAI KAR

Budapest, 2019.
április 15-17.

Támogatóink



XXXIV. ORSZÁGOS TUDOMÁNYOS DIÁKKÖRI KONFERENCIA

BIOLÓGIA SEKCIÓ

PROGRAM ÉS ÖSSZEFOGLALÓK



Pázmány Péter Katolikus Egyetem
Információs Technológiai és Bionikai Kar

BUDAPEST
2019

Szerkesztette: Dr. Garay Tamás, Dr. Gáspári Zoltán
Kiadja a Pázmány Péter Katolikus Egyetem

Információs Technológiai és Bionikai Kar

Felelős kiadó: Dr. Gáspári Zoltán

ISBN 978-963-308-355-0

Készült 400 példányban

Pázmány Egyetem eKiadó

<https://ppke.hu/>

Borító: Molnár Izisz Viola

Tartalom

A Pázmány Péter Katolikus Egyetem rektorának köszöntője	5
Roska Tamás Tudományos Előadás	6
Roska Tamásra emlékezve - „Énekeljtek az elmétekkel”	6
A nyertes előadás összefoglalója	7
Szervezők	8
Középiskolás diákok tudományos bevezető előadásait tartották	8
Támogatóink	9
Program – áttekintő táblázat	10
Tagozati előadások programja és zsűri beosztás	11
Hétfő délután (04.15) rendezett tagozatok programja	11
Kedd délelőtt (04.16) rendezett tagozatok programja	15
Kedd délután (04.16) rendezett tagozatok programja	20
Közösségi programok	26
Középiskolás diákok programja	27
PPKE ITK alaprajz	28
Bemutatott előadások rezüméi	31
Állatélettan / ideglettan	31
Állatökológia I	42
Állatökológia II	50
Állatökológia III	59
Biofizika és szerkezeti biológia	68
Bioinformatika	75
Biokémia	84
Etológia és viselkedésökológia	93
Hidrobiológia	103
Kísérletes botanika	113
Mikrobiológia I	121
Mikrobiológia II	130
Modellzés és rendszerbiológia	139
Molekuláris és sejtbiológia I	147
Molekuláris és sejtbiológia II	157
Neurobiológia	168
Neurofiziológia	177
Sejtbiológia	188

Terepi botanika	197
Tumorbiológia.....	208
Statisztikák.....	217
Névmutató	218
Előadók és társszerzők.....	218
Témavezetők	220

A Pázmány Péter Katolikus Egyetem rektorának köszöntője

Tisztelt Oktatók és Hallgatók!

A Pázmány Péter Katolikus Egyetem nevében szeretettel köszöntöm Önöket a XXXIV. Országos Tudományos Diákköri Konferencia Biológiai Szekcióján! A szervezők és az Egyetem minden munkatársa nevében szeretném kifejezni abbéli örömünket, hogy vendégül láthatjuk Önöket a rendezvényen és ugyancsak mindnyájunk nevében kívánom, hogy a nemes versengés, a szakmai megmérettetés napjait igazán emelkedett légkörben tölthessék nálunk.

Ki tudja, hogy ez a néhány intenzív nap milyen új szakmai kapcsolatok létrejöttére ad lehetőséget, milyen új tudományos kihívásokat csillant fel, kinek-kinek milyen tapasztalatokat, sikereket tartogat; legyenek tehát nyitottak, éberek és befogadók! A Pázmány Péter Katolikus Egyetemen igyekszünk minden tőlünk telhetőt megtenni annak érdekében, hogy az eseményen való részvétel mindenki számára gyümölcsöző lehessen.

Őszinte tisztelettel:

Dr. Szuromi Szabolcs DSc
rektor

Roska Tamás Tudományos Előadás

Idén először került be az OTDK programjába a Roska Tamás Tudományos Előadás, melyet az Országos Tudományos Diákköri Tanács (OTDT) hívott létre „a felsőoktatás különböző képzési szintjein történő tehetséggondozó, tudományos kutatói tevékenység folyamatosságának támogatása és perspektíváinak felmutatása, a tehetség elismerése és a fiatal kutatói teljesítmények megismertetése, valamint Roska Tamás tudományterületeket összekapcsoló, nemzetközileg elismert kutatói életműve előtti tiszteletadás céljából” (idézet az alapító okiratból).



Roska Tamás (1940-2014)

Roska Tamásra emlékezve - „Énekeljetek az elmétekkel”

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

A nyertes előadás összefoglalója

Farkas Alexandra (ELTE TTK): Dunavirág mentőakció – Kérészeket érintő összetett ökológiai fénycsapdák hatásának csökkentése hidakra szerelhető védő fénySOROMPÓVAL

Az elmúlt években a széles körben ismert tiszavirágzás mellett a dunavirág (*Ephoron virgo*) kérészek július-augusztusi tömegrajzása is reflektorfénybe került, hiszen e faj egyedei ilyenkor akár milliós tömegben is megjelenhetnek a Duna és mellékfolyói mentén. A faj népszerűsége 2012 óta nő, amikor is több évtizednyi szünet után figyelték meg tömegrajzásait Göd, Vác és Tahitótfalu térségében, később pedig a Duna más szakaszain is. Mivel azonban rajzásuk sötétedés után kezdődik, nászrepülésüket és a petézés folyamatát nagymértékben zavarják a közvilágítás fényei. Ennek eredménye, hogy milliónyi egyed az élőhelyet jelentő víztől eltérítve, a száraz aszfaltutakon és hidakon leli halálát, mint ahogy 2018 nyarán ez Budapest belvárosában is megtörtént. Mivel a faj egyedeinek eszmei értéke 10 000 forintra tehető, a természetvédelmi kár óriási.

Az ELTE Környezetoptika Laboratórium és az MTA Ökológiai Kutatóközpont Duna-kutató Intézetének kutatóiként a fenti összetett ökológiai csapdahatás 2012-ben történt leírása után célul tűztük ki egy olyan módszer kidolgozását, mellyel a kérészek védelme a közlekedésbiztonság szempontjait is figyelembe véve oldható meg. Ehhez olyan terepkísérleteket végeztünk a tahitótfalui Tildy Zoltán hídnál, az Ipolyon átívelő letkési hídnál, valamint a Rábát átszelő rábahídvégi hídnál, mely során egyre pontosabb ismereteket szereztünk a dunavirág látásáról és viselkedéséről.

Eredményeink alapján kifejlesztettünk egy az érintett hidak oldalára rögzíthető védő fénySOROMPÓT, melynek reflektorai közvetlenül a folyó felett, a víz közelében tartják a rajzó kérészeket. Egy ilyen eszköz beüzemelésével tehát a kérészek nem repülnek fel az aszfaltút feletti lámpákhoz, így végül petéikkel együtt nem az aszfaltra, hanem a folyók vizébe hullnak, miáltal utódaik megmenekülhetnek. A megoldást tehát egy ilyen védő fényhíd kialakítása jelenti, melynek első fixen telepíthető prototípusát 2019-ben építjük ki a Nemzet Fiatal Tehetségeiért Ösztöndíj támogatásával.

Szervezők

Dr. Gáspári Zoltán, docens, ügyvezető elnök, gaspari.zoltan@itk.ppke.hu

Dr. Garay Tamás, adjunktus ügyvezető titkár, garay.tamas@itk.ppke.hu

Goda Márton Áron, PhD hallgató, hallgatói képviselő

Mezriczky Zsolt, PhD hallgató, helyettes hallgatói képviselő

Caesar Bálint, Grizner Gyula, Hakkel Tamás, Iván Szandra, Jákfalvy-Drágán Edit, Jeney Attila, Kiss Máté Zoltán, Mandácskó Eszter, Mandácskó Zoltán, Mihálffy Andrea, Miski Marcell, Nagy Olivér, Rozmann Dorina, Szalay Mariann

Középiskolás diákok tudományos bevezető előadásait tartották

Dr. Torma Attila - Ökológia

Juhász János - Elméleti biológia / Biológiai modellezés / Rendszerbiológia

Mezriczky Zsolt - Sejtbiológia

Kármán Zoltán - Molekuláris biológia

Miskolczi Christina - Állatélettan/ Neurobiológia

Zelenyánszki Helga - Növénybiológia

Dr. Bugyik Edina - Tumorbiológia

Dr. Faragó Tamás – Etológia / Viselkedésetológia

Szabó Attila - Mikrobiológia

Támogatóink

Magyar Tudományos Akadémia

Emberi Erőforrások Minisztériuma

Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Hivatal

77 Elektronika Kft.

Auro-Science Consulting Kft.

Bio-Science Kft

Fővárosi Állat-és Növénykert

Hiteles Ember Alapítvány

LABEX Laborkereskedelmi Kft.

Magyar Biokémiai Egyesület

Magyar Biológiai Társaság

Magyar Madártani és Természetvédelmi Egyesület

Medres Kft.

Nyíregyházi Állatkert

Oncotherm Kft.

Richter Gedeon Nyrt.

SAS Institute Kft.

SOLVO Biotechnológiai Zrt.

StreamNovation Kft.

Unicam Magyarország Kft.

A lista a nyomdai előkészítés végett 2019.03.20-án került lezárásra.

Tagozati előadások programja és zsűri beosztás

Hétfő (április 15.) délután rendezett tagozatok programja

NEUROBIOLÓGIA

fszt. Simonyi Károly terem

2019.04.15., hétfő, 15:00

Zsűri:

Dr. Világi Ildikó (ELTE) - elnök

Dr. Varga Csaba (PTE)

Dr. Puskár Zita (SE)

- | | | |
|-------|--|-----------------------|
| 15:00 | A dura mater kémiai stimulációjának hatása a caudalis trigeminalis mag kalcitonin gén-relációs peptid szintjére patkányban – a sumatriptan és a kinurénsav moduláló hatása | Curley Géza |
| 15:20 | A hypothalamus funkcionális aszimmetriája a reprodukzív folyamatokkal és a táplálékfelvétellel kapcsolatban hím patkányokon | Molnár Gyula |
| 15:40 | A parvalbumint és kolecisztokinint kifejező gátlósejtek morfológiai tulajdonságainak összehasonlítása az egér prefrontális kérgében | Nagy-Pál Petra |
| 16:00 | A P-glikoprotein immunhisztokémiai vizsgálata agyi kapilláris endotél sejteken a humán érelmeszesedés egy egér modelljében. | Barabási Beáta |
| 16:20 | Extrahipotalamikus gonadotropin-releasing hormon idegsejtek tanulmányozása emberi agyban | Váczy Viktória |
| 16:40 | Korrelált kétfoton és szuperrezolúciós mikroszkópia | Glavinics Judit |
| 17:00 | Mikroglia-idegsejt interakciók molekuláris anatómiájának vizsgálata | Schwarz Dóra
Anett |
| 17:20 | Területi különbségek a vér-agy gát molekuláris felépítésében | Győri Fanni |

KÍSÉRLETES BOTANIKA

fszt. Jedlik Ányos terem

2019.04.15., hétfő, 15:00

Zsűri:

Dr. Janda Tibor (MTA ATK) - elnök

Dr. Fodorpataki László (BBTE)

Dr. Szalai Gabriella (MTA ATK)

- | | | |
|-------|--|-------------------------------|
| 15:00 | A lúgos pH mint kulcsényező a szubmerz és emez hínárnövények versenyében | Fedor Noémi
Koleszár Gergő |
| 15:20 | A protein foszfatáz gátlás és az oxidatív stressz citológiai hatásai Arabidopsis thaliana gyökércsúcs merisztéma sejtekben | Kelemen Adrienn |

15:40	A vasellátás változtatásának hatása a kloroplasztisz vas-kelát-oxidoreduktáz génexpressziójára és enzimaktivitására	Sági-Kazár Máté
16:00	A vízhiány és a sóstressz hatása a fotoszintetizáló apparátus hőmérsékleti stabilitására a búza és vadbúza vonalakban	Salamon Dóra
16:20	Cink által okozott változások reaktív nitrogén-, és oxigénformák metabolizmusában lúdfűben	Oláh Dóra
16:40	Mikroalga törzsek sótűrőképességének fejlesztése és a palmelloid képződés szerepe sóstresszben	Hupp Bettina
17:00	Milyen a jó szomszéd? Mag-mag interakciók vizsgálata denzitás és magméret függvényében	Kelemen Kinga
17:20	Nem ionizáló sugarak biológiai hatásai	Takács Szilárd László

SEJTBOLÓGIA

fszt. Neumann János terem

2019.04.15., hétfő, 15:00

Zsűri:

Dr. Krenács Tibor (SE) - elnök

Dr. Barna Gábor (SE)

Dr. Tóth Judit (MTA TTK)

15:00	A pikkelysömör patomechanizmusának vizsgálata <i>in vitro</i> bőrmoddellen	Flink Lili Borbála
15:20	A Rab3GAP-Rab18 modul szerepe az autofágia során	Lévay Luca
15:40	A rabenosyn-5 és Vps18 endoszómális pányvázó faktorok interakciójának vizsgálata	Sóth Ármin
16:00	Beágyazódásra ható növekedési faktor és a PACAP vizsgálata egereken	Török Dóra
16:20	Hisztin módosítások szerepe a hisztinok magi transzportjában, illetve mutáns Huntingtin által indukált mitokondriális zavarban	Korbai Szabina
16:40	Laser-capture microdissection (LCM) és nagy-áteresztőképességű RNA-Seq módszertanok alkalmazása ösztrogén-indukált génexpressziós változások azonosítására az egér hipotalamusz arcuatus idegmagjában	Göcz Balász Gergő
17:00	Mitokondriális lebontás tanulmányozása a spermatogóniumok dedifferenciálódása során ecetmuslicában	Varga Virginia Beatrix
17:20	Oxidatív stressz hatása az aktin citoskeletonra	Góra Valér
17:40	Újonnan születő sejtek beépülése és túlélése serdülőkorú patkányokban magas cukorfogyasztás mellett	Tyler Teadora

ÁLLATÖKOLÓGIA I

134. terem

2019.04.15., hétfő, 15:00

Zsűri:

Dr. Csuzdi Csaba (EKE) - elnök**Dr. Torma Attila (SZTE)****Dr. Farkas János (ELTE)**

- | | | |
|-------|---|------------------------------|
| 15:00 | A mezei pocok (<i>Microtus arvalis</i>) lucerna parcellákban mérhető aktivitásának változása indirekt járatszámoláson alapuló három éves monitoring alapján | Kusz Petra
Szünstein Máté |
| 15:20 | Az alpesi göte (<i>Ichthyosaura alpestris</i>) populációstruktúrája a Mátrában | Balogh Diána Éva |
| 15:40 | Domináns kisemlősfajok mikroélelőhely asszociáltságának vizsgálata a Lankóci erdőben | Nagyfenyvesi Zoltán |
| 16:00 | Közösségi mintázatok elemzése különböző korú erdőállományok kisemlős együtteseiben | Harmat Máté |
| 16:20 | Lucernaparcellák mezei pocok (<i>Microtus arvalis</i>) állományának változása a faj 3 éves demográfiai ciklusa alatt | Soós Anna
Takács Kristóf |
| 16:40 | Régi-új csiborfajok a hazai faunában. A <i>Hydrobius</i> fajkomplex revideálása Magyarországon | Mészáros Ádám |
| 17:00 | Tarvágás kisemlősökre gyakorolt hatása: szisztematikus irodalmi áttekintés és meta-analízis | Surányi Kinga |
| 17:20 | Természetes erdőössztyepek és tájidegen fenyőültetvények pókközösségei és funkcionális diverzitásuk | Szabó Ágota Réka |

BIOINFORMATIKA

239. terem

2019.04.15., hétfő, 15:00

Zsűri:

Dr. Barta Endre (DE) - elnök**Dr. Ligeti Balázs (PPKE)****Dr. Doleschall Márton (SE)**

- | | | |
|-------|---|--------------------------|
| 15:00 | A humorális immunválasz diverzitásának vizsgálata a B-sejt repertoár új-generációs szekvenálásával | Marx Anita |
| 15:20 | Amarilliszfélék filogenetikai szelekciója potenciális farmakológiai hatóanyagok felfedezése céljából | Magyar
Lilla-Brigitta |
| 15:40 | A neuro-immun interakció új lehetősége: Immunsejtek protein hálózatainak expressziója kérgi neuronokban | Mittli Dániel |

16:00	Autoszómalis dominánsan öröklődő mitokondriális betegségek genetikai hátterének vizsgálata újgenerációs szekvenálással	Trifán Eszter
16:20	A Vakcína vírus genom és transzkriptom analízise hosszú-read szekvenálással	Torma Gábor
16:40	Fehérje- és génhálózatok elemzési lehetőségei	Moussong Éva
17:00	Krónikus agyi hipoperfúzió által kiváltott szinaptikus proteom változások patkány központi idegrendszerében	Tukacs Vanda
17:20	Az Alzheimer kórban érintett humán entorhinális kéreg proteomikai jellemzése	Szeitz Beáta
17:40	Transzkripció szabályozási adatbázis létrehozása kísérletes adatok integrálásával	Liska Orsolya

BIOKÉMIA

319. terem

2019.04.15., hétfő, 15:00

Zsűri:

Dr. Berente Zoltán (PTE) - elnök

Dr. Ambrus Attila (SE)

Dr. Dobó József (MTA TTK)

15:00	A humán BLM helikáz szerepe a homológ rekombináció útvonalválasztásában	Pálinkás János
15:20	A Humán Fanconi Anémia nukleáz1 szerepe a DNS hibajavításban	Bene Szabolcs
15:40	A komplement H-faktorról rokon FHR1 fehérje kölcsönhatása bakteriális ligandumokkal	Brandus Bianca
16:00	Anyagcseremérnökségben alkalmazható malonil-KoA-reduktáz expressziója és jellemzése	Antal Emőke
16:20	Egy DNS-metiltransferáz enzim cirkulárisan permutált változatai	Varga Bence
16:40	Egy újfajta fehérje jelölési, immundetektálási és tisztítási rendszer kidolgozása	Nagy Zsuzsánna
17:00	Sejtes RSK1 aktivitás szenzor létrehozása	Bilics Viktória
17:20	Specifikus aminosav jelölési stratégia fejlesztése és kiterjesztése humán plazmamembrán transzmembrán fehérjék vizsgálatára	Müller Anna
17:40	Szulfid kinon oxidoreduktáz C-terminális domén funkcionális analízise	Balogh Fanni

Kedd (április 16.) délelőtt rendezett tagozatok programja

MIKROBIOLÓGIA I	
fszt. Simonyi Károly terem	2019.04.16., kedd, 9:00

Zsúri:**Dr. Máthé István (EMTE) - elnök****Dr. Hatvani Lóránt (SZTE)****Dr. Galgóczy László (SZTE)**

9:00	A betametazon és a menadion együttes hatásának vizsgálata a <i>Candida albicans</i> oxidatív stressz érzékenységre	Géczi Dóra Anikó
9:20	A <i>Melanogaster</i> gombanemzetség fajai - Hányan vannak valójában?	Cseh Péter
9:40	A <i>Trichoderma</i> nemzetség <i>Longibrachiatum</i> szekciójába tartozó fajok peptaibol-profiljainak összehasonlítása és bioaktivitásuk vizsgálata <i>Arabidopsis thaliana</i> növényeken	Balázs Dóra Krisztina
10:00	Denevérek poliómavírusainak első kimutatása Európában	Surján András
10:20	Egy extrém antibiotikum rezisztens <i>Enterococcus faecalis</i> törzs β -laktám és glikopeptid rezisztencia mechanizmusának genetikai vizsgálata	Tóth Kinga
10:40	Genotoxikus környezeti tényezők hatása a <i>Mycobacterium smegmatis</i> növekedésére és DNS hibajavító folyamataira	Gálik Nikoletta
11:00	Ízeltlábúak mikrogombáinak taxonómiai és ökológiai vizsgálata	Makó Rebeka Anna
11:20	Karbonátképző baktériumok a Csodabogyós-barlangból	Halmy Réka
11:40	Norovírusok kimutatása real-time RT-PCR technikával	Szűcs Kata Dorina

ÁLLATÉLETTAN / IDEGÉLETTAN	
fszt. Jedlik Ányos terem	2019.04.16., kedd, 9:00

Zsúri:**Dr. Krizbai István (SZTE) - elnök****Dr. Emri Zsuzsanna (EKE)****Vidáné Dr. Erdő Franciska (PPKE)**

9:00	A korai szociális izoláció által kiváltott felnőttkori szociális deficitek és a prefrontális kéreg zavart hálózati működése	Szebik Huba
------	---	-------------

9:20	A korai szociális izoláció hatása a szerotonerg rendszer által mediált viselkedési válaszkészségre zebraadánió (<i>Danio rerio</i>) modellben	Pejtsik Diána
9:40	A medián ráfe régió glutamaterg sejtjeinek szerepe a szociális érdeklődésben	Fazekas Csilla Lea
10:00	A neurokognitív teljesítmény csökkenésének vizsgálata természetesen idősödő laboratóriumi patkányokban a pszichomotoros vigilancia mérésével	Göntér Kitti
10:20	A stressz hatása a megerősítéses tanulásra, fejbefogott egerekben	Bánhídi Anita
10:40	Automatizált rendszerben hatékonyabban tanulnak az egerek operáns kondicionálás során	Birtalan Eszter
11:00	SZÜNET	
11:10	Az endogén PACAP hatásának vizsgálata lipopoliszacharid okozta retinális károsodásban	Kővári Petra
11:30	Egér talamoamygdaláris hálózatának félelmi viselkedés által időzített optogenetikai manipulálása	Jártó Félix
11:50	Genetikai alapú neurobiológiai módszerek alkalmazása az asszociatív félelmi tanulás thalamikus hatásának vizsgálatában	Szabó Mónika
12:10	Hosszú távú fizikai terhelés szívelektrofiziológiai hatásának vizsgálata nyúl sportszív modellben	Nagy Krisztina
12:30	Kisspeptin-13 hatása a térbeli tanulásra és memóriára Alzheimer-kór patkány modelljében	Dobó Éva

MODELLEZÉS ÉS RENDSZERBIOLÓGIA

fszt. Neumann János terem

2019.04.16., kedd, 9:00

Zsűri:

Dr. Meszéna Géza (ELTE) - elnök

Dr. Lente Gábor (PTE)

Dr. Szalai Bence (SE)

9:00	1,4 butándiol előállításának tanulmányozása glicerín szubsztráton <i>in silico</i> tervezés alapján	Tompos Lehel
9:20	A dNTP anyagcsere vizsgálata és beavatkozási pontok keresése enzimkinetikai modellezés segítségével	Füzesi Dóra
9:40	A hippokampális CA3 régió piramissejtjeinek részletes biofizikai modellezése	Osztbányi Lilla Eszter
10:00	A komplexom nagyteljesítményű szimulációi	Keömley-Horváth Bence

10:20	A napi ritmus és a sejtciklus kapcsolatának matematikai modellezése	Bujtár Zsófia
10:40	Az örvös légykapó (<i>Ficedula albicollis</i>) énekének kulturális evolúcióját irányító mechanizmusok vizsgálata egyed alapú modellek segítségével	Barta Karola Anna
11:00	Iparilag fontos vegyületek bioszintézise rejtett enzimaktivitások felhasználásával	Kovács Szabolcs Cselgő
11:20	Rosszindulatú daganatok áttéteinek előrejelzése Markov-láncok felhasználásával	Nyerki Emil

ÁLLATÖKOLÓGIA II

134. terem

2019.04.16., kedd, 9:00

Zsúri:

Dr. Magura Tibor (DE) - elnök

Dr. Pogány Ákos (ELTE)

Dr. Hartel Tibor (EMTE)

9:00	A mocsári teknős (<i>Emys orbicularis</i>) fészekaljainak és utódainak túlélési esélyei Balaton menti vizes élőhelyeken	Lanszki Zsófia
9:20	Az északi pocok (<i>Microtus oeconomus</i>) 20 éves monitorozása a Keleti berek (Kis-Balaton) területén	Burka Petra Kaló Orsolya
9:40	Barna varangy (<i>Bufo bufo</i>) szaporodási sikerének és szennyezőanyag rezisztenciájának összehasonlítása különböző szennyezetségű élőhelytípusok között	Verebélyi Viktória
10:00	Erényövek és párzási dugók cserélődési rátája kis Apolló-lepkéknél (<i>Parnassius mnemosyne</i>)	Gór Ádám Kristóf
10:20	Hol és mikor híznak a méhek? Környezet- és korfüggő zsírfelhalmozás méheknél	Szőcs Boróka
10:40	Ivararány-manipuláció és fiókafejlődés az örvös légykapónál	Sarkadi Fanni
11:00	Kételtűeket fertőző <i>Batrachochytrium dendrobatidis</i> gomba patogenitásának hőmérsékletfüggése	Kásler Andrea
11:20	Színcinegék túlélésének vizsgálata, különböző típusú fészkelő helyeken	Bukor Boglárka
11:40	TiO ₂ alapú fotokatalizátorok hatása hangyák túlélésére	Nagy Zsuzsánna

ETOLÓGIA ÉS VISELKEDESŐKOLÓGIA

239. terem

2019.04.16., kedd, 9:00

Zsűri:

Dr. Topál József (MTA TTK) - elnök**Dr. Maros Katalin (SZIE)****Dr. Herczeg Gábor (ELTE)**

- | | | |
|-------|--|--|
| 9:00 | A kutya (<i>Canis lupus familiaris</i>) referenciális szóértési képességének etológiai vizsgálata | Kőszegi Hanna |
| 9:20 | A kutya utódgondozó magatartása – a kölykök fejlődését befolyásoló szociális tényezők | Sztruhala Sára |
| 9:40 | Ebihalak melegkedvelő viselkedésének hatása a <i>Batrachochytrium dendrobatidis</i> kétlélű patogén gombával való fertőzöttségre | Jaloveczki Boglárka |
| 10:00 | Egy új hazai kezdeményezés: Kutya Agy- és Szövetbank létesítése és működtetése | Czakó Lenke |
| 10:20 | Hangingerek feldolgozásának pszichofiziológiai mutatói kutyáknál | Turzó Andrea |
| 10:40 | SZÜNET | |
| 10:50 | Jutalmazó ingerekre mutatott egyedi különbségek vizsgálata kutyán a jel-követő/cél-követő viselkedéses paradigma alkalmazásával | Zsilák Borbála
Anna |
| 11:10 | Kor hatása nyeles hidra (<i>Hydra oligactis</i>) polipok ivarérésére és posztrepro-duktív összejt dinamikájára | Iván Katalin |
| 11:30 | Kulcsingerhez és sokkolási környezethez társított félelmi memória vizsgálata patkányokban | Varga Bence Tamás |
| 11:50 | Repellensek kullancsellenes hatékonyságának összehasonlítása <i>in vitro</i> módszerek tesztelésével | Koleszár Balázs |
| 12:10 | Vezikuláris glutamát transzporter 3 knockout egerek tanulása | Fazekas Csilla Lea
Horváth Hanga Réka |

MOLEKULÁRIS ÉS SEJTBOLÓGIA II

319. terem

2019.04.16., kedd, 9:00

Zsúri:

Dr. Szondy Zsuzsa (DE) - elnök

Dr. Wiener Zoltán (SE)

Dr. Sebestyén Anna (SE)

9:00	A diszkerin-mediált pszeudouridiláció hatása a sejtciklusra	Hamar Renáta
9:20	A LiliA fehérje foszforilációjának szerepe a genom stabilitásának megőrzésében	Tóth Zsófia Edit
9:40	A maláriaellenes gyógyszer-célpont, <i>Plasmodium falciparum</i> foszfolipid bioszintetikus kulcsenzim karakterizálása emlős sejtvonalon	Izrael Richard
10:00	A Tks4 fehérje új szerepének vizsgálata a csontsejtek biológiájában	Kállai Dóra
10:20	Az Orai1 Ca ²⁺ csatorna szerepe a hasnyálmirigy duktális sejtek folyadék szekréciójában	Papp Noémi
10:40	Az Rybp gén szerepe a neurális fejlődésben	Takács Bertalan Vilmos
11:00	SZÜNET	
11:10	Az Src-szerű adaptor fehérje expressziójának vizsgálata egészséges és rheumatoid arthritises donorok T-limfocitáiban	Molnár Eszter Sarolta
11:30	Fluoreszcensen jelölt élesztőkolóniák vizsgálata	Pillér Báborka
11:50	Immun-checkpoint útvonalak vizsgálata T-sejt alpopulációkon egészséges terhes és early-onset preeclampsias nőknél	Szigeti Brigitta
12:10	Madár embrionális ivarsejtek tenyésztése, vizsgálata	Kepler Tamara Nagy Borbála
12:30	TRPM7 funkcionális jelenlétének igazolása ameloblast eredetű sejtvonalon	Juhász Viktória

TUMORBIOLOGIA

320. terem

2019.04.16., kedd, 9:00

Zsúri:

Dr. Kovalszky Iлона (SE) - elnök**Dr. Hegedűs Balázs (NO)****Dr. Tóvári József (OOI)**

- | | | |
|-------|---|------------------------------------|
| 9:00 | A Sox9 pozitív sejtpopuláció genetikai jelölése vastagbél-tumorban | Kelemen Andrea |
| 9:20 | A szöveti transzglutamináz szerepe dermális őssejtekben | Barsi Szilvia |
| 9:40 | <i>Candida albicans</i> és szájjüregi tumorsejtek interakciója az extracelluláris vezikulák szintjén | Adamecz Dóra Izabella
Veres Éva |
| 10:00 | Humán glioblastoma multiforme protein biomarkerek azonosítása szérumból | Bukva Mátyás |
| 10:20 | Humán hasnyálmirigy-tumor eredetű organoidok és sejt-kultúrák jellemzése | Soós András Áron |
| 10:40 | Konvencionális citogenetikai eltérések vizsgálata CLL esetén | Szabó Nikolett |
| 11:00 | Sanger szekvenálás alapú molekuláris diagnosztikai módszer fejlesztése archivált tumorszöveti mintákon | Komporday Linda |
| 11:20 | Szájjüregi laphámrákra és leukoplákiára jellemző nyálfehérje profil vizsgálata tömegspektrometriás módszerekkel | Gyenge Ervin |
| 11:40 | Világos sejtvesetumorokban kialakuló epigenetikai változások összehasonlító elemzése immuohisztokémiai módszerrel | Ördög Nóra |

Kedd (április 16.) délután rendezett tagozatok programja

NEUROFIZIOLOGIA

fszt. Simonyi Károly terem

2019.04.16., kedd, 13:00

Zsúri:

Dr. Sík Attila (PTE) - elnök**Dr. Hernádi István (PTE)****Dr. Molnár Gábor (SZTE)**

- | | | |
|-------|--|---------------|
| 13:00 | A dezoxinivalenol hatása a nucleus accumbens működésére patkány agyszeleteken | Barcsai Lívía |
| 13:20 | A medián raphe szerepe a hippocampális oszcillációs aktivitás szubkörtikális szabályozásában | Klein Kristóf |

13:40	A mérőelketróda agyszövetbe történő beszúrási sebességének hatása a rögzített sejtaktivitás minőségére	Márton Adrienn Lilla
14:00	A talamikus középvonali magvak optogenetikai gátlásának vizsgálata egerek alvási periódusában.	Jász Anna
14:20	Axonális ionotróp receptorok a hippocampalis moharost terminálisokon	Marosi Endre
14:40	Closed-loop algoritmusok fejlesztése gyors oszcillációk valós idejű manipulálására <i>in vivo</i> állatkísérletekben	Tarcsay Gergely
15:00	SZÜNET	
15:10	Gátlósejtek kapcsolatrendszerének elektrofiziológiai vizsgálata a prefrontális agykéregben	Fekete Zsuzsanna
15:30	Hippokampális Theta oszcilláció keletkezésének vizsgálata	Kocsis Barnabás
15:50	Idegsejtek serkenthetőségének vizsgálata újszerű elektrofiziológiai megközelítésben	Szabó Adrienn
16:10	Információáramlás a hippocampus gyurus dentatusa és CA3 régiója között sharp wave ripple aktivitás során	Maczelka Hédi
16:30	Neurális agyhálózat egyedi sejtmodulációja két-fotonos fotoaktív molekulával epileptikus túlélő agysejtben	Majoros Myrtil
16:50	Talamikus manipuláció elektrofiziológiai hatásának térképezése az amigdala mikrohálózatában	Váncsodi Melinda

MIKROBIOLÓGIA II

fszt. Jedlik Ányos terem

2019.04.16., kedd, 14:00

Zsűri:

Dr. Venekei István (ELTE) - elnök

Dr. Jakab Endre (BBTE)

Dr. Kovács M. Gábor (ELTE)

14:00	A Ligáz IV gén megszakításos konstrukciójának elkészítése és fenotípusának vizsgálata <i>Schizosaccharomyces japonicus</i> ban	Takács Szonja Izabella
14:20	Anyagcseremérnökséggel előállított, rekombináns <i>E. coli</i> törzsek génextpressziós profilelemzése és optimális tenyésztési körülményeinek meghatározása	Both-Fodor Márta Salamon Pál
14:40	A propolisz hatásának vizsgálata különböző <i>Candida</i> izolátumok szaporodására és biofilm képzésére	Meszéna Réka
15:00	A <i>Pseudomonas tolaasii</i> elleni biológiai védekezésben felhasználható baktériumtörzsek vizsgálata	Varga András
15:20	Az <i>Aspergillus nidulans</i> sterigmatocisztin termelésének, és szexuális fejlődésének vizsgálata	Kelemen Evelyn

15:40	Egy házasított mikroba sorsa az emberben: A domesztikáció és törzsnemesítés hatása a patogén és kommenzalista élesztők mikroevolúciójára	Rácz Hanna Viktória
16:00	Egy mezőgazdasági hulladék recirkularizációja	Markó Viktória
16:20	Humán keratinocita sejtvonalak kölcsönhatása <i>C. albicans</i> és <i>C. parapsilosis</i> élesztőgombákkal	Csikós Máté Lajos Halmos Emese
16:40	Mezőgazdasági melléktermékek előkezelése fonalas gombákkal biogáztermelés fokozása céljából	Szűcs Csilla

TEREPI BOTANIKA

fszt. Neumann János terem

2019.04.16., kedd, 13:00

Zsűri:

Dr. Penksza Károly (SZIE) - elnök

Dr. Király Gergely (NYME)

Dr. Kelemen András (DE)

13:00	Adatok Bátka (Bátka) flórájához	Vas Kinga
13:20	A hengeres vasvirág (<i>Xeranthemum cylindraceum</i>) utóbbi években tapasztalható erdélyi terjedésének lehetséges okai és mechanizmusai	Tímár Rita
13:40	A letűnt korok építményeinek botanikai összehasonlítása	Kis Szabolcs
14:00	A parlagfű pollen mennyiségi és minőségi vizsgálata Nyíregyháza légkörében.	Krasznai Brigitta
14:20	A potenciális vegetáció belső hasonlóságviszonyainak elemzése a Bükk hegység példáján	Konrád Krisztina Dóra
14:40	Földalatti sivatagok: fás szárú növények hatása a homoktalajok mélyebb rétegeire	Hábenczyus Alida Anna
15:00	SZÜNET	
15:10	Különböző erdészeti fahasználatok aljnövényzetre gyakorolt hatása a beavatkozások utáni negyedik évben	Horváth Csenge Veronika
15:30	Kunhalmok a mesterszállási határban	Olasz Ákos
15:50	Nagytestű növényevő fajok és erdészeti fahasználatok együttes hatásának vizsgálata egy pilisi gyertyános-tölgyesben	Tóth Bence
16:10	Szezonális hatása a Tókés récék propagulum terjesztésére	Urgyán Renáta
16:30	The Moai of <i>Bryophytes</i> , what influences the capsule orientation of <i>Buxbaumia</i> species?	Alberto Zurdo

ÁLLATÖKOLÓGIA III

134. terem

2019.04.16., kedd, 13:00

Zsűri:

Dr. Erős Tibor (MTA ÖK) - elnök**Dr. Czeke Zsolt (BBTE)****Dr. Lőrinczi Gábor (SZTE)**

- | | | |
|-------|--|-------------------------------|
| 13:00 | <i>Apodemus</i> fajok mozgásmintázata intenzíven művelt mezőgazdasági parcellák közötti sövények mentén | Szűcs Boldizsár |
| 13:20 | A vérű-hangyaboglárka (<i>Maculinea teleius</i>) mátrai állományának vizsgálata és a megmentésére irányuló kísérlet | Teplánszki Dóra |
| 13:40 | Az entomoparazita fonálféreg-siker titka a belekben keresendő! | Balog Luca Eszter |
| 14:00 | Egészségi állapot és rátermettség kapcsolata örvös légykapónál | Szabó Gyula |
| 14:20 | Glifozát-alapú gyomirtó és ragadozó jelenlétének hatása erdei béka (<i>Rana dalmatina</i>) ebihalak testalakjára és ragadozóelkerülő viselkedésére | Holly Dóra |
| 14:40 | Morfológiai ivarmeghatározás validálása molekuláris módszerekkel parlagi sasnál | Kacz Péter |
| 15:00 | Oxidatív stressz: hőmérséklet hatása a nácsszínezetre eltérő élőhelyű gyíkfajoknál | Jordán Lilla |
| 15:20 | Parlagi sas (<i>Aquila heliaca</i>) hímek és tojók túlélésének becslése vedlett és fiókákból tépett tollakból meghatározott genotípusok alapján | Zsinka Bernadett |
| 15:40 | Testméret kapcsolata túléléssel kis Apolló-lepkénél | Zorkóczy Orsolya
Krisztina |

HIDROBIOLÓGIA

239. terem

2019.04.16., kedd, 14:00

Zsűri:

Dr. Padisák Judit (PE) - elnök**Dr. Boda Pál (MAT ÖK)****Dr. Selmeczy Géza (PE)**

- | | | |
|-------|--|--------------|
| 14:00 | A balkáni hegyiszitakötő (<i>Cordulegaster heros</i>) méretének tér- és időbeli változásai exuviumok vizsgálata alapján | Varga Zsófia |
| 14:20 | A domolykó [<i>Squalius cephalus</i> (Linnaeus, 1758)] bioindikátor szerepe a Sajó vízgyűjtője nehézfém tartalmának kimutatásában | Rózsa János |

14:40	Akvakultúrákban tenyésztett ponty egyedek (<i>Cyprinus carpio</i>) izomszövetében előforduló métely-metacerkáriák életképességének vizsgálata	Gyöngy Martina
15:00	Árvaszúnyog-együttesek (<i>Diptera: Chironomidae</i>) strukturális és funkcionális összetétele egy módosított kisvízfolyásban	Boóz Bernadett
15:20	A természetesség és a trofikus hálózat kapcsolata asztatikus szikesekben	Póda Csenge
15:30	SZÜNET	
15:50	Bodrogzugi holtmedrek vizének és üledékének összehasonlító elemanalitikai vizsgálata	Törőcsik Noémi
16:10	Képesek-e a vízi makrofitonok a gadolíniumformák biofiltrációjára?	Zavanyi Györgyi
16:30	Kiskunsági szikes tavak planktonikus baktériumai és sótürésük	Bedics Anna
16:50	The effect of climate change on the community assembly of aquatic macrophytes	Kékedi Levente
17:10	Urbanizáció hatása vízfolyások halközösségeinek sokféleségére	Kern Bernadett

BIOFIZIKA ÉS SZERKEZETI BIOLÓGIA

319. terem

2019.04.16., kedd, 14:00

Zsúri:

Dr. Barabás Orsolya (EMBL Heidelberg) - elnök

Dr. Beke-Somfai Tamás (MTA TTK)

Dr. Tömböly Csaba (SZBK)

14:00	A humán gasztrotropin fehérje belső mozgásainak szerepe a ligandumkötésben	Szabó András László
14:20	A Shank fehérjecsalád PDZ doménjének kísérletes előállítása és vizsgálata	Sánta Anna
14:40	Activation mechanism of autoinhibited RalF	Dudás Bálint
15:00	Az S100 fehérjecsalád irányított kvalitatív interaktomikai vizsgálata	Simon Márton
15:20	Klinikai gyakorlatban használt röntgen kontrasztanyagok hatása az aktin citoskeletonra	Gárdos András Gergő
15:40	Mágneses nanoszálak előállítása magnetit-kötő flagelláris filamentum templátok alkalmazásával	Papp Lejla
16:00	Mutánsok a porondon! - avagy hogyan fejtsük meg a Hv1-es protoncsatornák működését	Noszály Bettina Blanka

MOLEKULÁRIS ÉS SEJTBIOLÓGIA I

320. terem

2019.04.16., kedd, 13:00

Zsúri:

Dr. ifj. Gallyas Ferenc (PTE) - elnök

Dr. Batta Gyula (ifj.) (DE)

Dr. Hoffman Gyula (PTE)

- | | | |
|-------|--|-----------------|
| 13:00 | ABCG2 mutációk jellemzése molekuláris- és sejtbiológiai módszerek segítségével | Móznér Orsolya |
| 13:20 | A BRCA1 és ZBTB1 fehérjék szerepe a Rad18-függő DNS-hibaterolerancia útvonalak szabályozásában | Dudás Kata |
| 13:40 | A lidokain hatásának vizsgálata a vér-agy gát <i>in vitro</i> modelljén: biofizikai és sejtbiológiai kísérletek | Klepe Adrián |
| 14:00 | A Yorkie transzkripciós koaktivátor szerepe a krinofágia szabályozásában | Nagy Anikó |
| 14:20 | Az ABCB6 transzporter jellemzése <i>Caenorhabditis elegans</i> ban | Kovács Dániel |
| 14:40 | SZÜNET | |
| 14:50 | Az agyi endotélsejtek szállítófehérjéit célzó vezikuláris nanorészecskék vizsgálata a vér-agy gát sejtenyészetes modelljén | Porkoláb Gergő |
| 15:10 | Az aktin szabályozó szerepének vizsgálata egy aktinkötő fehérje sejtmagi importjában | Kovács Zoltán |
| 15:30 | Hemopoietikus nyúlványos sejtek a bélidegrendszer ganglionjaiban | Kovács Tamás |
| 15:50 | MiniCORVET és HOPS pányvázó faktorok közötti új kapcsolat feltárása | Kenéz Lili Anna |
| 16:10 | Tesztiszspecifikus proteaszóma-alegységek szerepe a spermatogenezisben | Szilasi Kinga |

Közösségi programok

Április 15., hétfő

Asztaliteniszezésre egész nap nyílik lehetőség a tornateremben.

18:00-19:00 Állófogadás

19:00-19:45 Felméri Péter stand-up előadása

20:00-22:00 Moldvai és mezőszegi táncház tánctanítással

Hencida Népművészeti Egyesület

Koccantó

Április 16., kedd

Asztaliteniszezésre egész nap nyílik lehetőség a tornateremben.

19:00-24:00 Hajós bankett a pályamunkát bemutató hallgatóknak

Akusztikus merénylet

BeatlesMB

Magidom

18:00-20:00 Vacsora és természetfilm vetítés az épületben maradó középiskolásoknak

Középiskolás diákok programja

Április 15., hétfő

Tagozati bevezető előadások

14:30 Ökológia	134. terem
14:30 Elméleti biológia / Biológiai modellezés / Rendszerbiológia	239. terem
14:30 Sejtbiológia	319. terem
14:30 Molekuláris biológia	320. terem
14:30 Állatélettan / Neurobiológia	418. terem
14:30 Növénybiológia	419. terem

MakerSpace foglalkozás

15:15 A rákellenes harc a konyhában kezdődik (Vidáné Dr. Erdő Franciska)	418. terem
--	------------

Közösségi programok

Asztaliteniszezésre egész nap nyílik lehetőség a tornateremben.

18:00-19:00 Állófogadás

19:00-19:45 Felméri Péter stand-up előadása

20:00-22:00 Moldvai és mezőségi tánc ház tánc tanítással

Április 16., kedd

Tagozati bevezető előadások

8:30 Tumorbiológia	320. terem
8:30 Etológia / viselkedésökológia	418. terem
8:30 Mikrobiológia	419. terem

MakerSpace foglalkozás

9:15 Torpedó tojásfehérjével (Gaizer Tünde)	324. terem
---	------------

14:15 Hogyan mentjük meg a világot a mikrofluidikával (Fabinyi Bianka)	342. terem
--	------------

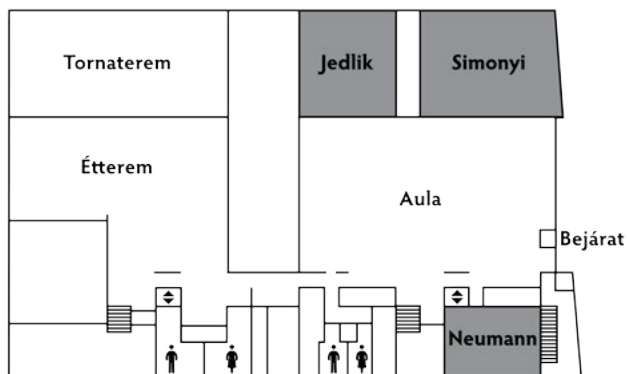
Közösségi programok

Asztaliteniszezésre egész nap nyílik lehetőség a tornateremben.

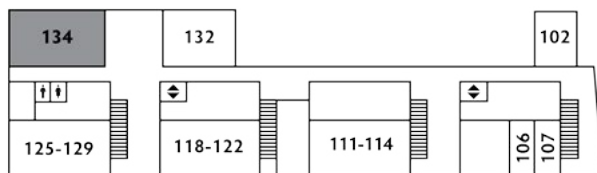
18:00-20:00 Vacsora és természetfilm vetítés

PPKE ITK épületének alaprajza

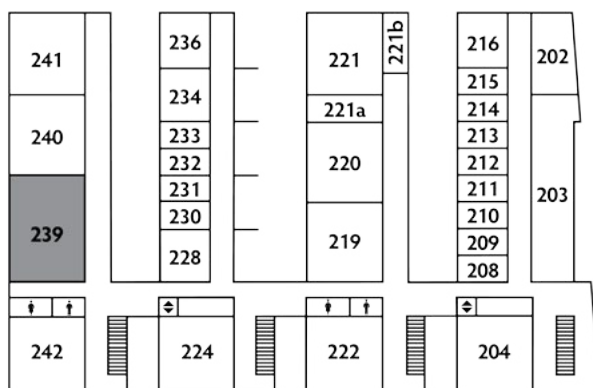
FÖLDSZINT



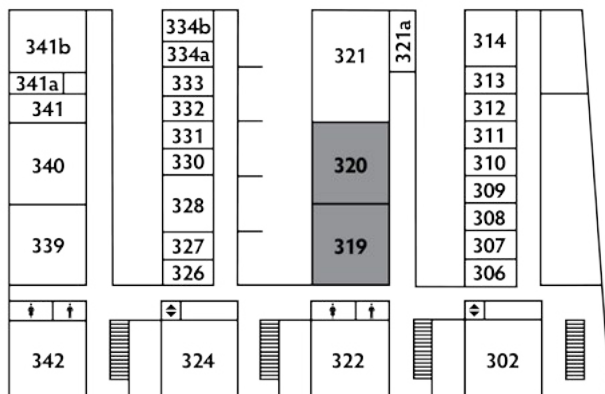
ELSŐ EMELET



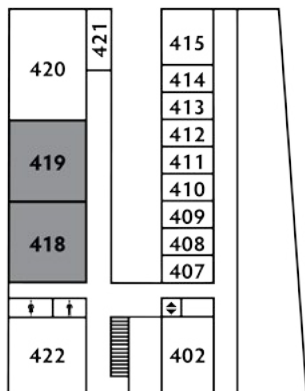
MÁSODIK EMELET



HARMADIK EMELET



NEGYEDIK EMELET



REZÜMÉK

SZEBIK HUBA

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezetők:

Dr. Mikics Éva

tudományos főmunkatárs, MTA KOKI

Dr. Tóth Máté

tudományos főmunkatárs, MTA KOKI

A korai szociális izoláció által kiváltott felnőttkori szociális deficittek és a prefrontális kéreg zavart hálózati működése

A gyermekkori szociális elhanyagolás gyakran vezet felnőttkori szociális zavarokhoz, amelyek háttérben a szerotonerg rendszer diszfunkciója állhat. Ezen rendszer alapvető eleme a szerotonin transzporter (SERT), amely magas kifejeződést mutat a prefrontális kéregben (PFC), a szociális magatartás egyik fontos szabályozó régiójában. A korai elhanyagolás elfogadott laboratóriumi modellje az egerek anyától való elválasztás utáni, felnőttkorig tartó szociális izolációja. Célunk annak a feltárása volt, hogy a szociális izoláció hogyan befolyásolja a későbbi szociális magatartást, illetve, hogy felnőttkorban szociális kihívás hatására változik-e a PFC különböző alrégióinak aktivációs mintázata és szerotonin ill. SERT kifejeződése.

Eredményeink szerint az izoláltan nevelt állatok súlyos szociális zavart mutattak, melyet a szociális állatokhoz képest csökkent szociális szaglászás, valamint fokozott védekező magatartás, harapásszám és abnormális harapásmintázat jellemezett. A szociális közegben tartott állatok PFC-ében agresszív interakciót követően fokozódott az idegi aktivitás, illetve a szerotonin és SERT kifejeződés. Izoláltan nevelt állatok PFC-ében a SERT kifejeződés alrégió-specifikus hiporeaktivitást mutatott agresszív interakciót követően. Továbbá, a szociális izoláció hatására a PFC alrégiói megváltozott funkcionális interakciós mintázatot mutattak. A szociális izoláció agresszív interakció során a PFC zavart hálózati működését okozta, amelynek háttérben módosult szerotonerg neuromoduláció állhat.

PEJTSIK DIÁNA

Biológia BSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Aliczki Manó

tudományos főmunkatárs, MTA KOKI

A korai szociális izoláció hatása a szerotonerg rendszer által mediált viselkedési válaszreakció zebradánió (*Danio rerio*) modellben

A korai környezet, illetve annak zavarai komoly hatással lehetnek a központi neuromodulátoros rendszerek fejlődésére. Ezek közül kiemelkedő fontosságú a szerotonerg rendszerre gyakorolt hatás, mely meghatározza egy egyed későbbi, kihívásokkal szemben mutatott válaszreakcióját, illetve ezzel összefüggésben egyes pszichiátriai zavarok kialakulására való fogékonyságát. Ezen ősi rendszer működését jobban megérthetjük kevésbé komplex idegrendszerrel rendelkező modellfajok segítségével, ahol a neuromodulátoros hatások domináns szerepet töltenek be a viselkedés szabályozásában. Munkánk során a korai környezet zavarainak szerotonerg jelátvitelre és viselkedési válaszreakcióra gyakorolt hatását vizsgáltuk zebradánió modellben. Modellünkben karakterizáltunk egy fejlődési periódust, melyet a környezeti hatásokra való kiemelkedő érzékenység jelöl ki. Ebben az időszakban az állatokat 2 hétre elválasztottuk fajtársaiktól, ezzel megvonva tőlük egy, a tipikus fenotípus kialakításához kulcsfontosságú ingert. Az izolált állatok a Sötét-világos tesztben csökkent elkerülő magatartást mutattak. Emellett a szenzomotoros válaszreakció tesztben egy gyorsuló mozgás-ingerre nyugalmi állapotban megnőtt, újdonságstressz hatására pedig késve kialakuló, a kontrolltól ellentétes irányú választ mutattak. Teljes agyi szerotoninszint analízis alapján a megfigyelt magatartási változások alacsonyabb nyugalmi és megnőtt, gyorsabb lefutású stressz- okozta szerotoninválasszal járnak együtt. Immunhisztokémiai vizsgálataink alapján a megváltozott szerotoninválasz megjelenik az elkerülési magatartást szabályozó amigdala-homológ agyrégióban. Az izoláció elkerülő magatartásra, illetve szenzomotoros válaszreakcióra gyakorolt hatásai kivédhetők a szerotonerg jelátvitel farmakológiai tompításával (akut buspironkezelés). További kísérletek alapján az izoláció fent leírt hatása specifikus a vizuális újdonságstresszre, ugyanis nem-vizuális újdonságstressz ellentétes hatást váltott ki. Eredményeink alapján az érzékeny periódus kritikus a felnőtt megküzdési magatartás kialakításában, ugyanis ekkor egy adekvát környezeti inger hiánya alacsonyabb környezeti kihívásokkal szembeni megküzdéshez vezet, mely hátterében egy ősi, szerotonerg jelátvitel-mediált rendszer zavara áll.

FAZEKAS CSILLA LEA

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Zelena Dóra

tudományos főmunkatárs, MTA KOKI

A medián ráfe régió glutamáterg sejtjeinek szerepe a szociális érdeklődésben

Több pszichiátriai kór tünetei közé tartozik a szociális képességek romlása. A legújabban felfedezett 3-as típusú vezikuláris glutamát transzporter (VGluT3) viselkedésben betöltött szerepéről még keveset tudunk, azonban megtalálható a középagyban medián ráfe régió (MRR) neuronjaiban is. Kutatásunk során a VGluT3+ idegsejtek, kiváltképp a MRR-ban található VGluT3+ neuronok szerepét vizsgáltuk a szociális érdeklődésben és memóriában.

Ehhez hím vad típusú (WT) és VGluT3 génkiütött (KO), illetve VGluT3-Cre egereket hasonlítottunk össze. Utóbbiakban az MRR régió VGluT3+ sejtjeit farmakogenetikailag befolyásoltuk (kontroll, serkentés, gátlás). Nyílt tér (OF), szociabilitás, majd 24 órával később szociális diszkrimináció (SD) tesztekkel végeztünk.

OF-ben a WT és KO állatok közt nem volt különbség, míg a gátolt csoport kevesebbet mozgott. A tárgyakhoz való habituáció során nem volt oldal preferencia. KO többet, míg a serkentett csoport kevesebbet foglalkozott a tárgyakkal, mint a kontrollok. Mind az 5 csoport a fajtársat részesítette előnyben az üres ketreccel szemben. KO állatok többet, a serkentett csoport kevesebbet törődött a fajtárral, mint a kontrollok. SD során KO memóriája rosszabb volt, mint WT, míg a Cre törzs nem emlékezett a régi állatra. Ugyanakkor a gátolt csoport többet foglalkozott a stimulus állatokkal, mint a kontrollok.

Összességében a VGluT3 KO állatok szociálisabbak, de memóriájuk romlott. MRR VGluT3+ sejtjeinek serkentése csökkenti a szociális érdeklődést, míg gátlásuk 24 órával később növeli azt. Azaz a KO-ban tapasztalt viselkedési hatások egy részének hátterében az MRR régió VGluT3+ sejtjei állhatnak.

GÖNTÉR KITTI

Biológia BSc

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezetők:

Dr. Bali Zsolt Kristóf

tudományos munkatárs, PTE TTK

Dr. Hernádi István

docens, PTE TTK

A neurokognitív teljesítmény csökkenésének vizsgálata természetes időszűdő laboratóriumi patkányokban a pszichomotoros vigilancia mérésével

A demencia definíció szerint a memória és a felfogóképesség súlyos zavarát jelenti megtartott tudatállapot mellett. Beszélhetünk primer és szekunder neurokognitív zavarokról. A primer neurokognitív zavarok leggyakoribb formája az Alzheimer-kór (AK). Az AK-ban egyaránt megfigyelhető a glutamaterg és a kolinerg neurotranszmisszió zavara. Az acetilkolin (ACh) a központi idegrendszer egy fontos serkentő neurotranszmittere, mely fontos szerepet játszik a kognitív funkciókban. Korábbi kísérleteink során kiderült, hogy az alfa7-nAChR agonista kezelés hatékonyan bizonyul a kolinerg receptor-diszfunkció által mesterségesen okozott munkamemória-hiány enyhítésében. Célunk annak vizsgálata volt, hogy létrehozható-e spontán öregedéssel természetes demencia modell laboratóriumi patkányban, ami igazolható egyszerű reakcióidő feladat (pszichomotoros vigilancia teszt, PVT) használatával. Emellett, bizonyítható-e, hogy a kolinerg rendszer serkentése egy alfa7-nAChR agonista vegyület (PHA-543613) szisztémás alkalmazásával javulást okoz a kognitív teljesítményben az idős állatokban. Kísérleteink során hím Lister-hooded fiatal (n=6) és öreg (n=6) patkányokat használtunk. Az idős állatok reakcióideje, ezáltal a fenntartott figyelme, ébersége szignifikánsan rosszabbnak bizonyult a fiatal kontroll csoport egyedeinél. Farmakológiai kísérleteink során a PHA-543613-t szubkután (SC) injektáltuk, 45 perccel a teszt kezdete előtt, és a PHA-543613 0,3 mg/ttkg (PHA0.3), 1,0 mg/ttkg (PHA1.0), és 3,0 mg/ttkg (PHA3.0) dózisainak hatásait teszteltük. Eredményeinkből kiderült, hogy a PHA-543613 javítja a fenntartott figyelmi funkciót, ami önmagában már további általános kognitív funkció javulást eredményezhet. A reakcióidőt 3,0 mg/kg és 1,0 mg/kg dózisban javította a legnagyobb hatással a vehikulumos kezeléshez képest. Eredményeink alapján a neurokognitív zavarok természetes öregedéssel létrehozott rágszálómodellje megfelelő transzlációs validitású és ezáltal alkalmasnak látjuk új fejlesztésű kognitív teljesítményfokozó farmakológiai kezelések hatékonyságának további vizsgálatára.

BÁNHIDI ANITA

Biológia BSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezetők:

Dr. Hangya Balázs

laborvezető, MTA KOKI

Sziatkó Katalin

PhD hallgató, MTA KOKI

A stressz hatása a megerősítéses tanulásra, fejbefogott egerekben

Az agy kognitív működését gyakran vizsgálják megerősítéses tanulási tesztekben rögzített platformon, fejbefogott egereken, mert ez megnöveli a viselkedésbeli teljesítményt. A motiváció kialakításának céljából gyakran alkalmaznak jutalmat jelentő megerősítő szignálként vizet, ami vízkorlátozást igényel. Ezen tényezők, bár lényegesek a kísérlet szempontjából, stresszorként befolyásolhatják annak eredményét. A mozgás ismert stresszoldó és pozitív kognitív hatása alapján feltételezhető, hogy a kísérlet során biztosított szabadabb mozgás lehetősége csökkenti a kísérlettel járó stresszt és javítja a kognitív teljesítményt.

Kísérletemben azt vizsgáltam, hogy a mozgás lehetősége hogyan hat a viselkedésbeli teljesítményre és a stressz szintre. A pavlovi kondicionáláson alapuló teszt során, ahol az alkalmazott két hang különböző valószínűségekkel jelez előre megerősítéseket (H1: többnyire jutalmat, H2: többnyire büntetést), az egerek egyik csoportja rögzített (álló csoport), a másik mozgatható keréken (mozgó csoport) tanult. Az egyhetes és egy hónapos kísérlet végén is inkább a mozgók teljesítettek jobban. A stressz szint vizsgálatakor azt találtuk, hogy az egyhetes tanulási tesztben részt vett állatok a kortikoszteron szintje magasabb, mellékveséjük tömege nagyobb, a csecsemőmirigyüké pedig kisebb lett a kontrollokhöz képest, mely megváltozott stressz tengely működést feltételez, azonban ezen változásokat a mozgás lehetősége nem befolyásolta.

A mozgás tehát önmagában nem okozott mérhető változást a stresszhormon szintekben, de javította a viselkedésbeli teljesítményt. A megerősítéses tanulási teszthez tehát érdemes lehet kereket alkalmazni a hatékonyabb tanulás érdekében. Ez a kísérleti rendszer a mozgás és a kognitív viselkedés összefüggéseinek specifikus vizsgálatára alkalmasnak bizonyult.

BIRTALAN ESZTER

Biológia BSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezetők:

Dr. Balázsfi Diána

posztdoktor kutató, MTA KOKI

Dr. Hangya Balázs

laborvezető, MTA KOKI

Automatizált rendszerben hatékonyabban tanulnak az egerek operáns kondicionálás során

A kognitív zavarok egyik jellemzője a memória és tanulási folyamatok sérülése és figyelem fenntartásának nehézsége. Ezen folyamatok állatkísérletes vizsgálatára számtalan módszer található a szakirodalomban, ezek egyike az 5-választásos sorozatos reakció idő teszt (5CSRTT), mely során az állatnak egy fényjelre kellett válaszolnia, jó válasz esetén jutalmat (vizet) kapott. Az irodalomban megtalálható protokollok azonban sokszor több hetes tanítási és tesztelési időszakot írnak elő, ami megnehezíti a kísérletek kivitelezését. Célunk egy olyan automatizált lakó-tanító rendszer fejlesztése volt, mely nem igényel állandó emberi beavatkozást, valamint felgyorsítja a tanulási folyamatot 5CSRTT esetén.

A rendszer hatékonyságát két egércsoport 1 hetes tanulásának összehasonlításával vizsgáltuk. A kontroll csoport (általánosan alkalmazott protokoll) állatait napi egyszer helyeztük a tanító egységbe, míg a másik csoport (automatizált rendszer) 2 óránként végezhetette a feladatot. A teszt mindkét csoportnál idővel nehezedett, az egerek maximálisan 12. nehézségi szintet érhettek el. Egy hét tanítás után az automata rendszer állatai szignifikánsan jobban teljesítettek, a 8-as nehézségi szintet már 70% pontossággal végezték, míg a kontroll csoport csak a 2-es szintig jutott 40%-os pontossággal. Az egerek teljesítményét ezután hosszabb távon, szünetek beiktatásával is vizsgáltuk, valamint egy héten keresztül az összes állat a kontroll csoport protokollja szerint tanult a kísérlet végén. A szünetek, illetve a teszt-környezet változása -automatizált rendszer esetén- nem okozott jelentős változást az egerek teljesítményében.

A rendszert kiegészítettük optogenetikai stimulálásra alkalmas eszközökkel, melyek működését 6, agyi implantátummal műtött állaton teszteltük. Ez a bazális előagy HDB (horizontal diagonal band of Broca) területére került és a teszt során 50 %-os valószínűséggel stimuláltuk az agyterületet az állatok felénél, míg a többi állat kontrollként szolgált. Az egy hetes tanítás után azt tapasztaltuk, hogy a stimulált állatok a tanulás kezdetén kevésbé teljesítettek jól, és így lassabban léptek szintet, mint a kontroll csoport. A kísérlettel a jövőben a bazális előagy figyelemben játszott szerepét szeretnénk vizsgálni.

Sikerült tehát egy olyan moduláris rendszert kiépítenünk, amely jelentősen csökkenti a tanítási időt, a későbbiekben használható egyéb kísérleti célokra is és minimális beavatkozással hosszú távon is képes hatékonyan működni.

KÓVÁRI PETRA

Biológus MSc

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezetők:

Váczy Alexandra

tanársegéd, PTE AOK

Dr. Atlasz Tamás

docens, PTE TTK

Az endogén PACAP hatásának vizsgálata lipopoliszacharid okozta retinális károsodásban

A hipofízis adenilát-cikláz aktiváló polipeptid (PACAP) egy neuroprotektív fehérje, melynek anti-inflammatorikus hatását számos korábbi tanulmány igazolta már különböző neurodegenerációval járó modellekben, beleértve retinális károsodással járó folyamatokat is. Az endogén PACAP biológiai funkcióinak megértéséhez PACAP-deficiens (PACAP KO) egerek vizsgálata szolgáltatja a legjobb bizonyítékot.

A lipopoliszacharid endotoxin (LPS) – a szembe kerülve – gyulladás kialakításával jelentős látáscsökkenést, akár maradandó károsodást is okozhat. Szakirodalmi adatok és korábbi eredményeink alapján azt feltételezzük, hogy bakteriális LPS-indukálta fertőzés hatására a PACAP KO egerek nagyobb fokú gyulladással reagálnak vad típusú társaikhoz képest. Kísérletünk célja egyrészt az volt, hogy a gliális fibrilláris savas protein (GFAP) immunhisztológiai jelölésével információt kapjunk az egyes kezelési csoportokban a Müller glia sejtek metabolikus állapotáról és ezáltal a retina neuronjainak károsodásáról. Másrészt, hogy összehasonlítsuk a vad- és PACAP KO egerek retinájának intraperitoneális LPS (6 mg/ttkg) kezelés hatására kialakuló fehérje-expressziós eltéréseit citokin array analízissel, valamint western blot technikával. Molekuláris biológiai analíziseinket az LPS fertőzéstől számított 24 óra elteltével végeztük. Vizsgálataink során azt tapasztaltuk, hogy kontroll körülmények között nincs különbség a vad típusú és PACAP KO egerek retinái között. GFAP fluoreszcens immunjelölés során kimutattuk, hogy az LPS kezelt PACAP KO egerek Müller gliasejtjei fokozottabb expressziós mintázatot mutatnak, amely a retina nagyobb fokú károsodására utal. Az LPS kezelést követő heveny gyulladás során expressziós eltérés volt megfigyelhető több fehérje (JE, az sICAM-1, a TIMP-1) esetén is citokin array analízisünkben. A kezelés hatására western blotlalt végzett méréseinkben a pAkt és a pGSK számottevő csökkenését tapasztaltuk a PACAP KO csoportban a kontroll- és LPS kezelt vad típusú csoporthoz képest is. Így összességében eredményeink arra engednek következtetni, hogy az endogén PACAP számottevő retinoprotektív szerepet játszhat a szem – lipopoliszacharid okozta – akut gyulladásával járó folyamataiban is.

JÁRTÓ FÉLIX

Molekuláris Bionika BSc

Pázmány Péter Katolikus Egyetem

Információs Technológiai és Bionikai Kar

Témavezető:

Kocsis Kinga

PhD hallgató, PPKE ITK

Egér talamoamygdaláris hálózatainak félelmi viselkedés által időzített optogenetikai manipulálása

Ebben a dolgozatban olyan eszközökről és módszerekről lesz szó, melyek lehetővé teszik egy optogenetikai valós idejű closed-loop rendszer használatát a félelmi viselkedés vizsgálatában. A dolgozat témáját képezik az egerekben vizsgált félelmi pályák és idegsejthálózatok bemutatása, az általunk fejlesztett elemző programok ismertetése és a kísérleteink során használt protokollok és módszerek leírása.

A kutatásaink során vizsgált amigdalába vetítő talamikus sejtek kalretinint tartalmaznak, s előzetes eredmények szerint a félelmi tanuláshoz kulcsfontosságú információt szállítanak. Ezekben a sejtekben fényérzékeny fehérjék expresszálhatók, amelyek lehetővé teszik az optogenetikai vizsgálatot és manipulációt. A kísérleteink során ezen fehérjéggel injektált transzgen egértörzsszel (Calb2-Cre) dolgoztunk.

A kísérletekről készült magas kép- és időbeli felbontású videófelvételek segítségével lehetőség nyílik a magatartások beható vizsgálatára, ez azonban komoly emberi munkát és sok időt vesz igénybe. A dolgozat során bemutatott automatizált elemzőprogramok célja a kísérletek kiértékelési folyamatának megkönnyítése. Az utólagosan elemző programok alapján létrehoztunk olyan valós időben futó programokat is, amelyek képesek egyes viselkedésformákat (pl. lokomóció, félelmi ledermedés) kísérlet közben is detektálni, és ez alapján a kísérletben használt eszközöket (optogenetikai lézerstimulátor, ultrahangleadó egység, fényforrás, valamint elektromos stimulátor) vezérelni, ezzel lehetővé téve egy optogenetikai closed-loop rendszer kialakítását.

A megfigyelt averzív viselkedések egyik fontos megjelenésformája az egerek által használt veleszületett ultrahangos vokalizáció (USV). Mivel ezek a vokalizációk utalnak az éppen aktuális érzelmi állapotra, ezek felvétele majd másik állatnak való lejátszása kiválthat érzelmi reakciókat. További célom ezen reakciók detektálása és manipulációja, illetve annak vizsgálata, hogy az általunk ezidáig tanult viselkedésben kutató, specifikus kéreg alatti pályák felelősek-e a félelemérzet által kiváltott hangok feldolgozásáért, amigdalába juttatásért.

SZABÓ MÓNIKA

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezetők:

Dr. Bary Boglárka

tudományos főmunkatárs, MTA TTK, Kognitív Idegtudományi és Pszichológiai Intézet

Dr. Mátyas Ferenc

kutatócsoport-vezető, MTA TTK, Kognitív Idegtudományi és Pszichológiai Intézet

Genetikai alapú neurobiológiai módszerek alkalmazása az asszociatív félelmi tanulás thalamikus hatásának vizsgálatában

Genetikai megközelítések révén a különböző időskálán mozgó agyi folyamatok pontosabban megismerhetők. Az asszociatív félelmi tanulás alapja az eltérő információk összekapcsolódásából (a kondicionált szignállal társított neutrális jelből) eredő memória kialakulása. E folyamat az érzékelésből, az információk kódolásából, a kialakuló memórianyomok elraktározásából, illetve későbbi előhívásából áll. Ezekben feltételezett a thalamo-amygdaláris (TA) hálózat közreműködése, habár elemei és pontos szerepük nem tisztázott. Ezért genetikai alapú neurobiológiai módszerekkel azt vizsgáltam, hogy a kutatócsoportunk által azonosított calcitonin-receptor-vezető (CR+) TA (CR+TA) sejtcsoport egérben miként befolyásolja az asszociatív tanulás egyes fázisait. A percepció és konszolidáció fázisra is ható CR+TA kemogenetikai gátlás mérsékelte a félelmi tanulást és blokkolta a diszkriminációt is. Az érzékelés/kódolás pillanatszerű eseményeinek a CR+TA rostok precíz és rövid idejű optogenetikai gátlása önmagában is megakadályozta a félelmi memória kialakulását. Sőt, a kezelt állatok a kontrollokhoz (nem sokkolt állatokhoz) hasonló viselkedést mutattak az előhívás során. A CR+TA sejtek szelektív irtása (diftéria-receptor-mediálta apoptózissal) viszont a korábbiakkal ellentétben, a tanulás valamennyi fázisában túlzott és generalizált félelmi válaszreakciót váltott ki. Eredményeink azt mutatják, hogy a CR+TA sejtek által szállított, szenzoros jellegű információ elengedhetetlen szerepet játszanak a félelmi tanulás valamennyi fázisában, nélküle sérül az állandóan változó környezethez való megfelelő alkalmazkodás.

NAGY KRISZTINA

Molekuláris bionika mérnök BSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Farkas Attila

adjunktus, SZTE AOK

Hosszú távú fizikai terhelés szívelektrofiziológiai hatásának vizsgálata nyúl sportszív modellben

Bevezetés: Közismert, hogy a rendszeres testmozgás fizikai és mentális jólétünk biztosításában rendkívül fontos szerepet tölt be. F fiatal sportolók körében azonban több tragikus, hirtelen haláleset történt az elmúlt években, melynek egy részében a halál oka pontosan nem ismert. Az esetek egy bizonyos százalékában a szív strukturáltsága nem mutat semmilyen eltérést.

Célkitűzések: Elképzelésünk szerint a sportolói szívekben olyan fiziológias elváltozások jöhetnek létre, amelyek bizonyos körülmények között életveszélyes ritmuszavarok kialakulásához vezethetnek. Munkánkban a tartós fizikai aktivitás hatására, a szívben bekövetkező elektrofiziológiai módosulásokat és a repolarizációs ionáramok génexpressziójának mértékét tanulmányoztuk egy általunk beállított nyúl sportszív modellben.

Módszerek: Kifejlett, Új-Zélandi fehér nyulakat véletlenszerűen 'futó' (n=7) és 'kontroll' (n=7) csoportokba soroltuk. A 'futó' csoport tagjait 12 héten keresztül, heti 5 alkalommal, napi 2x20 percen át 2,5 km/h sebességin tenzitással futópádon terheltek. *In vivo* EKG vizsgálatot végeztünk. A vizsgálat végén a szívizom mintákból akciós potenciál hosszának (APD) mérését végeztük különböző kálium koncentrációk mellett, valamint molekuláris biológiai vizsgálatokkal késői egyenirányító áramok (IKr és IKs) génexpresszióját vizsgáltuk.

Eredmények: A futó csoport tagjainál szignifikánsan hosszabb EKG PQ, QT, Tpeak-Tend és RR szakaszokat, illetve nagyobb Tpeak-Tend szakasz variabilitást (RMS: 60,7±2,8 vs. 46,1 ± 3,3, 'futó' vs. 'kontroll', P<0,05) találtunk. A papilláris izom APD mérések során 'futó' csoportban hosszabb APD-t mértünk, bár ez szignifikánsnak nem bizonyult. IKr és IKs áramok tendenciaszerű növekedést mutattak a 'futó' csoportban.

Következtetés: A sportszívekben megfigyelhető repolarizációs eltérések a sportszív fokozott aritmiakészségére utalhatnak. Ennek hátterében állhat repolarizációs ioncsatornák expressziójának változása is, azonban ennek egyértelmű bizonyításához további vizsgálatok szükségesek.

DOBÓ ÉVA

Biológus MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Csabafi Krisztina Anna
adjunktus, SZTE AOK**Dr. Szakács Júlia
tanársegéd, SZTE AOK***Kisspeptin-13 hatása a térbeli tanulásra és memóriára Alzheimer-kór patkány modelljében**

A hypothalamus- hypophysis- gonadalis (HPG) tengely hatással lehet az Alzheimer-kór (AD) kialakulására és progressziójára. A HPG tengely szabályozásában központi szerepet játszik az 54 aminosavból álló kisspeptin (Kp), mely többek között módosítja az antioxidáns enzimek expresszióját. Milton és munkatársai igazolták humán SH-SY5Y neuroblastoma sejtenyészetben, hogy a Kp különböző derivátumai képesek az amyloid peptidet megkötni. Továbbá, a Kp receptorok megtalálhatóak számos agyi régióban, köztük a hippocampus gyrus dentatus régiójában. Telegdy és Adamik egerekben kimutatták, hogy a Kisspeptin-13 (Kp-13), a Kp endogén derivátuma, megkönnyíti a tanulást és a memória konszolidációt passzív elkerülési tesztben.

Jelenlegi kísérleteinkben vizsgáltuk, hogy a Kp-13 hogyan befolyásolja a térbeli tanulást és memóriát amyloid- β 42 (A β 42) által kiváltott AD-ben. Hím és nőstény Wistar patkányokba intracerebroventricularis (icv) kanült helyeztünk be, melyen keresztül egyszeri A β 42 peptidet (4 μ g/4 μ l) injektáltunk. Az A β 42 kezelés után egy héttel került sor a térbeli memória vizsgálatára Morris Water Maze (MWM) tesztben. A teszt során az állatok 5 napon keresztül 4 próbát úsztak le naponta, majd a 6. napon, 30 perccel az úszás előtt történt az icv Kp-13 (2 μ g/2 μ l) kezelés. A tesztet követően, a MWM után az állatok egy részének izoláltuk a hippocampusát és mértük a Kp-13 kezelés kiváltotta acetilkolin felszabadulást szuperfúzió rendszerben.

Eredményeink azt mutatták, hogy az egyszeri A β 42 beadása kognitív deficitet okozott MWM tesztben. A betanulás során az A β csoport rosszabbul teljesített a kontroll csoporthoz képest, ez a 4. és 5. napon szignifikáns volt. A 6. napon az A β 42 kezelés hatására szignifikánsan csökkent a kvadránsában eltöltött idő. A Kp-13 önmagában is jótékony hatással volt. Az A β 42 kiváltotta kognitív deficitet a Kp-13 kezelés mérsékelte. A nemek között nem találtunk eltérést az A β csoportban. Azonban, a Kp-13 kezelés hatékonysága eltérő volt a nemek között.

A szuperfúzióban az A β 42 kezelés hatására az acetilkolin felszabadulás szignifikánsan csökkent a kontrollhoz képest, melyet a Kp-13 kezelés mérsékelte. Összefoglalva eredményeink alapján a Kp-13-nak jótékony hatása lehet a tanulásra és memóriára, továbbá védő hatása lehet AD-ben. Ez részben a hippocampális funkciók serkentésén, részben az A β toxicitás csökkentésén keresztül történhet.

KUSZ PETRA

Biológia Bsc

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

SZÜNSTEIN MÁTÉ

Biológia BSc

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Horváth György

adjunktus, PTE TTK

A mezei pocok (*Microtus arvalis*) lucerna parcellákban mérhető aktivitásának változása indirekt járatszámoláson alapuló három éves monitoring alapján

A mezei pocok (*Microtus arvalis*) mezőgazdasági kártevőként ismeretes a palearktikus régióban. Populációdinamikájára ciklikusság jellemző, három éves gradációs maximumokkal. Ennek kialakulásában fontos tényezők a több évig intenzív művelés alatt álló lucernaparcellák, ahol biztosított a mezei pocok számára az áttelelés, állandó táplálék és szaporodási terület. Munkánkat a Bóly Zrt. területein álló lucernaparcellákban végeztük 2016 és 2018 között. A három év alatt összesen hét parcellában történt a mintavételezés, standard 1 ha-os területeken, kijelölt 10x10-es négyzetekben, egyéjszakai periódusokban. Munkánk során az aktív járatszámoláson alapuló indirekt módszert alkalmaztuk.

A három éves adatok összesítésének vizsgálatakor figyelembe vettük a lucerna parcellák egyes tulajdonságait (parcella mérete, kora, és talajtípusa, a területen alkalmazott rodenticid kezelések, a parcellát övező sövények megléte vagy hiánya) és ezen tulajdonságok függvényében vizsgáltuk a feltérképezett jelölt betemetett, valamint az újranyitott aktív járatok számát 1 ha-os területre viszonyítva. A parcellák paramétereit a mezei pocok demográfiai fázisok változásnak függvényében, illetve a szezonális változások függvényében klasszikus statisztikai módszerekkel, majd általánosított lineáris modell (GLM) alkalmazásával vizsgáltuk.

A klasszikus statisztikai vizsgálat eredményei alapján a parcella paraméterek nem befolyásolták szignifikánsan sem a betemetett, sem az újranyitott járatok számát. Az alkalmazott rodenticid kezeléseket az egyes demográfiai fázisokban értelmeztük, ahol az összeomlás utáni fázisban szignifikáns csökkenést eredményezett az alkalmazott kezelés, míg a növekvő, illetve a csúcsfázisban csak eltérő medián értékeket kaptunk, szignifikáns eredményt e két fázisban nem mutattunk ki.

A GLM modellezés eredmények alapján a lucernaparcellák paramétereit közül tényleges befolyásoló tényezőként mutattuk a szezonális hatásokat, talajtípust, illetve a lucernaparcella méretét. A területeken alkalmazott rodenticid kezelések hatékonyságát a mezei pocok demográfiai fázisai befolyásolták, eredményességét elsősorban az összeomlás utáni fázisban tudtuk kimutatni.

BALOGH DIÁNA ÉVA

Biológus MSc

Állatorvostudományi Egyetem

Témavezetők:

Dr. Vörös Judit

főműzeológus, Magyar Természettudományi Múzeum

Szabó Krisztián

tudományos segédmunkatárs, ATE

Az alpesi götte (*Ichthyosaura alpestris*) populációstruktúrája a Mátrában

Az ember élőhely-átalakító tevékenysége következtében létrejövő élőhely-fragmentáció hatására egy adott faj populációi elszigetelődhetnek egymástól, és megfelelő migrációs útvonalak hiányában az állomány genetikailag szétválhat. Ez a genetikai változatosság csökkenéséhez, és hosszú távon az állomány összeomlásához vezethet.

A Mátra magasabb régiójában előforduló alpesi götte (*Ichthyosaura alpestris*) állományainak genetikai struktúráját vizsgáltuk. Arra kerestünk választ, hogy 1) a szaporodóhelyek egymástól való földrajzi távolsága hogyan befolyásolja a populáció genetikai szerkezetét, illetve 2) a szaporodóhelyek között található 24-es főút és 2408-as számú út okoz-e kimutatható genetikai elkülönülést az állományban?

Összesen 15 szaporodóhely 130 egyedéből gyűjtöttünk szövetmintát és tíz mikroszatellita lokusz segítségével jellemeztük az egyes mintavételi helyek genetikai változatosságát és az állomány genetikai szerkezetét.

Eredményeink alapján a Mátra alpesigötte-állománya genetikailag gyengén strukturált. A lelőhelyek közti különbség a teljes genetikai variáciának 4%-a, a variancia nagy része az élőhelyeken belül figyelhető meg. A mintavételi helyek közti genetikai távolság földrajzi távolságukkal korrelál, de a populáció egy nyugati és egy keleti kládra válik szét, köztük kevert csoport található. Az utak nem jelentenek barriert, a két oldalán előforduló egyedek genetikailag kevertek, vagy egy kládba tartoznak.

NAGYFENYVESI ZOLTÁN

Biológus MSc

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezetők:

Dr. Horváth György

adjunktus, PTE TTK

Tóth Dániel

tudományos segédmunkatárs, PTE TTK

Domináns kismérfajok mikroélőhely asszociáltságának vizsgálata a Lankóci erdőben

A Dráva felső szakasza mentén elterülő Lankóci-erdőben három eltérő korú erdőállományban vizsgáltuk a kismérlős közösségek összetételét és a gyakori fajok élőhely-preferenciáját 2017-ben és 2018-ban. Ezen erdőállományokról a növényzet struktúrája alapján vegetációtérkép készült, amellyel 9 eltérő mikroélőhelyet különítettünk el. Az élőhelyek összesítésében leggyakoribb fajként a pirók- és a sárganyakú erdeieger, a vöröshátú erdeipocok, valamint az erdei cickány jelent meg. Vizsgálatunk során célunk volt e négy faj elkülönített mikrohabitatok alapján jellemző élőhely-preferenciájának, valamint mikroélőhely asszociáltságának elemzése.

A mintaterületekre összesített fogási adatok alapján mindkét évben a vöröshátú erdeipocok jelent meg leggyakoribb fajként, de sárganyakú erdeiegernél is magas fogási arányt tapasztaltunk a két év során. A második évre az erdei cickány fogási száma növekedett, valamint a pirók erdeieger a második leggyakrabban megfogott fajjá vált a három terület összesítésében. A fajok élőhely-preferenciájának elemzését Ivlev-index alkalmazásával végeztük. Az erdőlakó fajok közül az erdeipocok mindkét évben a lombkoronaszinttel rendelkező mikroélőhely foltokat preferálta szignifikánsan. A sárganyakú erdeieger 2017-ben a laza lombkorona borítású területeket részesítette előnyben, míg 2018-ban a szegélyterületen vált jelentőssé. Az erdei cickány mindhárom erdőállományban megjelent, legnagyobb mértékben a sűrű sás borította aljnövényzettel rendelkező szálalt erdő területét preferálta. A pirók erdeieger fogásszám növekedése a végvágás utáni telepítés területén volt a legjelentősebb.

A fajok mikrohabitat-asszociáltságát 5 botanikai változó alapján vizsgáltuk. A botanikai változók és a fajok tömegessége közötti összefüggést redundancia analízissel vizsgálva megállapítottuk, hogy az erdeipocok elterjedése kimondottan a lombkorona borítottság mértékéhez kötött. A sárganyakú erdeieger esetében a cserjeszint magassága, illetve borítottsága bizonyult a legmeghatározóbb tényezőnek, míg a pirók erdeiegernél a cserjeszint, valamint a második évben kiemelten a gypeszint hatása egyaránt kimutatható volt. Az erdei cickány esetében eredményeink alapján a gypeszint borítása, illetve magassága a legmeghatározóbb tényező a faj megjelenésében.

HARMAT MÁTÉ

Biológia BSc

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Horváth Győző

adjunktus, PTE TTK

Közösségi mintázatok elemzése különböző korú erdőállományok kisemlős együtteseiben

A kisemlősök felmérése a Somogy megyében, Gyékényes mellett található Lankóci erdő területén három erdőállományban valósult meg 2017-2018-ban. Vizsgáltuk, hogy a három különböző minőségű erdei habitatban milyen fajkompozíció jellemzi a kisemlős közösséget, miben más a domináns és szubdomináns fajok aránya, illetve a közösségen belüli heterogenitás mennyiben eltérő az egyes élőhelyek összehasonlításában, értékeltük a területek közötti faj-gyakorisági viszonyok különbségét. Továbbá közösségi ökológiai megközelítésben a vegetáció struktúra alapján elkülönített élőhely foltokban kapott adatok vizsgálatával kitértünk a kisemlős közösség egymásba ágyazottságának és a fajok együtt-előfordulási mintázatának értékelésére is.

A fajgazdagság becslés eredménye szerint 2017-ben a végvágás utáni telepítés és a vékonyrudas állomány ritkasági görbéi szignifikánsan elváltak egymástól, az idős erdőállomány görbéje átfedést mutatott a másik két erdőállományéval, azonban 2018-ban a három vizsgált erdőállomány kisemlős együttese között a becsült fajgazdagság tekintetében nem volt szignifikáns különbség. Mind a Shannon, mind a Simpson index értékeinek becsléssel előállított görbéi markánsan elkülönültek egymástól, a három terület összehasonlításában a végvágás utáni telepítés kisemlős közösségének diverzitása volt a legnagyobb, továbbá a vékonyrudas állomány kisemlős együttesének diverzitása is szignifikánsan magasabbnak bizonyult, mint az idős erdőállományban kimutatott kisemlős diverzitás.

A három erdőállományban lehatárolt mikroélőhely foltok fajkészlete alapján a kimutatott kisemlős együttesek közösségi mintázatait is vizsgáltuk. A fajok együtt előfordulási mintázatát és közösségek egymásba ágyazottságát null modellek generálásával végeztük az elkülönült csapdázási periódusok alapján, így a fajok együttes előfordulásának évszakos változásait is vizsgálni tudtuk. Adataink alapján a fajok nagyrészt random előfordulási mintázattal rendelkeztek, néhány esetben kaptunk a véletlentől eltérő, pozitív mintázatot. Az egymásba ágyazottsági mintázat elemzésénél a 2017-ben a megfigyelt és random mátrixok rendezettségi mutatója között szignifikáns különbséget kaptunk, tehát a közösségek egymásba ágyazottnak tekinthetők, míg 2018-ban az egymásba ágyazottság hiányát mutattuk ki.

SOÓS ANNA

Biológia BSc
Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar

TAKÁCS KRISTÓF

Biológia (egészségtan) – kémia tanár
osztatlan képzés
Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Horváth Győző
adjunktus, PTE TTK

Lucernaparcellák mezei pocok (*Microtus arvalis*) állományának változása a faj 3 éves demográfiai ciklusa alatt

Beremend és Püspökböly térségében 2016 és 2018 között 3 éven keresztül vizsgáltuk az itt művelt lucernaparcellák kisméltállományát direkt csapdázás módszerével. Elsődleges célunk az volt, hogy a mezei pocok (*M. arvalis*) demográfiai mintázatát megismerjük, emellett az itt élő *Apodemus* fajokról is adatokat gyűjtöttünk, így a lucernaparcellák kismélt közösségének teljes változását nyomon követhettük ebben a 3 évben. A mezei pocok hároméves demográfiai ciklusát a fogásszám adatok értékelésével sikeresen kimutattuk. A populáció növekvő fázisát 2016-ban vártuk, azonban ez, vélhetően a klimatikus változások miatt, csak 2017-ben következett be, majd a csúcspontba 2018-ban lépett a populáció. 2016-ban, a mezei pocok állományának összeomlás utáni fázisában a legnagyobb gyakorisággal előforduló faj a pirók erdejéger (*A. agrarius*) volt. 2017-ben, a mezei pocok populáció növekvő demográfiai fázisában a faj állománya több, mint a kétszeresére nőtt, így már gyakoribbá vált a pirók erdejégernél is, majd 2018-ban elérte a demográfiai ciklus csúcspontját. A fajok relatív gyakoriságának három év alatt mért változását összevetettük az egyedszámok változásával. A mezei pocok relatív aránya jelentősen nőtt a vizsgált időszakban, de ez nem volt hatással az *Apodemus* fajok egyedszámára. A Spearman-féle rangkorreláció eredményeül azt kaptuk, hogy a mezei pocok és az *Apodemus* fajok egyedszáma között nem volt szignifikáns összefüggés. A mezei pocok tömegessége és a lucernaparcellák sajátságait leíró változók, a kezelések alkalmazása vagy hiánya, valamint a demográfiai fázis, mint időtényező közti kapcsolat értékeléséhez általánosított lineáris modelleket (GLM) állítottunk fel. Megállapítottuk, hogy a mezei pocok egyedszámára a legnagyobb hatást a demográfiai fázis gyakorolta, továbbá jelentős hatása volt a talajtípusnak is. A demográfiai fázis hatása fontosabbnak bizonyult a rodenticid kezeléseknél, a talajtípusnál és minden egyéb vizsgált változónál. Ezek alapján elmondhatjuk, hogy a mezőgazdaságban a kártevőirtást fázisonként kell megtervezni, ha megfelelő eredményt szeretnénk elérni a mezei pocok populáció szabályozásában, hogy ezáltal csökkenteni tudjuk a faj által okozott károk mértékét.

MÉSZÁROS ÁDÁM

Hidrobiológus MSc
Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Csabai Zoltán
tanszékegyeztető docens, PTE TTK

Régi-új csiborfajok a hazai faunában. A *Hydrobius* fajkomplex revidálása Magyarországon

A csiborfélék családjának (*Hydrophilidae*) képviselői igen változatosak, a fajoknak mind a testalkatát, méretét, színezetét, mind az életmódját illetően. Európában jól ismert család, kiemelt esemény, amikor tudományra új faj kerül leírásra, illetve már meglévő taxont emelnek faji rangra. Ez történt 2016-ban, amikor a változékony csibor (*Hydrobius fuscipes*) két változatát morfológiai és genetikai módszerekkel végzett vizsgálat alapján faji rangra emelték. A szerzők a fajok között jelentős élőhelyfelosztást tapasztaltak Skandináviában. Ez az eredmény serkentett bennünket arra, hogy megvizsgáljuk a *Hydrobius* genus hazai összetételét, és elkészítsük a fajok Magyarországra vonatkoztatott elterjedési térképeit.

A szárnyfedőmintázatot, a testparaméterek arányát, illetve a hímivarszervek morfológiáját vizsgáltuk 696 *Hydrobius* példányon. Az MTM Bogárgyűjteményéből, a PTE Hidrobiológiai Tanszékének gyűjteményéből, illetve a szerző magángyűjteményéből származó példányok vizsgálatával Magyarország faunájára új fajként sikerült kimutatnunk a *Hydrobius rottenbergii* és a *Hydrobius subrotundus* fajokat. Helyesebben “rég-új fajokról” kell beszélnünk, mivel a hazai szakirodalomban és a múzeumi példányok céduláin jelen vannak ezek a nevek, mint változatok. Elterjedési térképeket alkottunk a három hazai faj elterjedéséről, így megállapítható, hogy a *H. fuscipes* és a *H. rottenbergii* országszerte előfordul, míg a *H. subrotundus*-nak csupán egyetlen példánya került elő. Élőhelyfelosztás nálunk is felismerhető, szignifikáns különbség tapasztalható a *H. fuscipes* és a *H. rottenbergii* alföldi és dombvidéki százalékos előfordulása között.

A hazai *Hydrobius*-fajok előfordulására, és élőhelyfelosztására kétféle magyarázat lehetséges. Az egyik, hogy a hazai három faj megfeleltethető az észak-európai példányok alapján faji taxonokkal. A másik, hogy igaz ugyan, hogy nálunk három faj található meg, ezek részben vagy egészben különbözhetnek az északi fajoktól. Ennek megválaszolása genetikai módszerekkel lehetséges, melyet a későbbiekben tervezünk.

SURÁNYI KINGA

Biológus MSc

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

Témavezetők:

Dr. Nagy Dávid

tudományos munkatárs, MTA-DE Biodiverzitás Kutatócsoport

Dr. Magura Tibor

egyetemi tanár, DE TTK

Tarvágás kisemlősökre gyakorolt hatása: szisztematikus irodalmi áttekintés és meta-analízis

Kutatásom során a tarvágás kisemlősökre gyakorolt hatását vizsgáltam meta-analízis segítségével. A releváns szakirodalmak keresését a Web of Science adatbázisában végeztem kulcsszavak segítségével. A tudományos cikkekből kigyűjtöttem és elemeztem a tarvágások és a kontrollként kijelölt erdőállományok kisemlős együttesekre vonatkozó adatokat. A statisztikai elemzések eredményeként a kisemlősök abundanciája és diverzitása nem mutatott szignifikáns különbséget a kontroll erdőállományok és a tarvágások kisemlős együttesei között. A generalista fajok száma szignifikánsan nagyobb volt a tarvágásokban a kontroll állományokhoz képest. A generalista közönséges rétipocok és őzegér abundanciája szintén növekedést mutatott a tarvágott élőhelyeken. Az erdei generalista sárga-fenyves csikómókus abundanciája jelentősen nagyobb volt a tarvágásban, míg az erdei specialista déli vöröshátú erdeipocok abundanciája a kontroll erdőállományokban volt a legnagyobb. Jelentős különbség volt a generalista fajok egyedszámában a vizsgált erdőtípusok között. Az elegyes és lombhullató erdők generalista fajainak abundanciája nem különbözött a tarvágások és az erdőállományok között, míg a tülevelű erdők esetében szignifikánsan nagyobb volt a tarvágásokban. Eredményeim azt mutatták, hogy a tarvágás kisemlősöket befolyásoló hatásainak vizsgálatakor figyelembe kell venni a fajok élőhelyigényeit és különbséget kell tenni az erdei generalista és az erdei specialista fajok között. A kisemlősök biodiverzitásának megőrzése érdekében javaslatot teszek olyan erdőkezelési módszerek alkalmazására, amelyek folyamatos erdőborítást biztosítanak hozzájárulva ezáltal az erdei specialisták fennmaradásához.

SZABÓ ÁGOTA RÉKA

Környezettudományok BSc

Sapientia Erdélyi Magyar Tudományegyetem

Témavezetők:

Dr. Gallé Róbert

adjunktus, SZTE TTIK

Dr. Urák István

docens, RO EMTE KVK

Természetes erdőssztyepek és tájidegen fenyőültetvények pókközösségei és funkcionális diverzitásuk

Az erdőssztyepek olyan mozaikos vegetációjú élőhelyek, amelyekben nyílt nyárerdőfoltok száraz gyepekkel váltakoznak. A magyar Alföldön előforduló erdőssztyepek jelentős részén tájidegen fenyő- és akácültetvényeket hoztak létre, emiatt az erdők élőhelyi struktúrája megváltozik, és ez hatással van a gerinctelen faunára. Vizsgálatom során természetes erdőssztyepek és ültetett fenyőerdőfoltok pókközösségeit hasonlítottam össze. 2015-ben Bács-Kiskun megyében végeztem a mintavételezést, a pókok gyűjtésére a talajcsapdázás módszerét választottam. A mintavétel során 2443 egyedet gyűjtöttem be, és 103 fajt azonosítottam. Az erdők fajgazdagabbak voltak a szegély és a nyílt homoki gyepez képest, a természetes erdőfoltokban nagyobb volt a pókok abundanciája. Funkcionális diverzitásuk kisebb volt a gyepez, mint a szegélyen és az erdőben. Vizsgálatom alapján az alföldi fenyvesek gyenge minőségű másodlagos élőhelyet jelentenek a pókok számára.

LANSZKI ZSÓFIA

Biológus MSc

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Purger Jenő
docens, PTE TTK

**A mocsári teknős (*Emys orbicularis*) fészkealjainak és utódainak túlélési esélyei
Balaton menti vizes élőhelyeken**

A mocsári teknős (*Emys orbicularis*) a széles európai elterjedése ellenére számos országában – hazánkban is – veszélyeztetett faj, amit főként a természetes élőhelyeinek átalakítása és a generalista ragadozók predációs nyomása miatt. A teknősöket ért predáció terepi megfigyelésekben korlátozottan tanulmányozható; a mesterséges zsákmány modellek alkalmasabbak a predációs események becslésére. A vizsgálatom célja a mocsári teknős fészkealjok és a kikelő fiatalok túlélésének becslése és a predátorok azonosítása volt műfészkek és gyurma teknősmodellek alkalmazásával.

A vizsgálat a Kis-Balaton, Fehérvíz és az Ordacsehi-berek 3-3 helyszínén zajlott. Mesterségesen kialakított teknősfészkeket májusban (n = 198) és júniusban (n = 198) 8-8 napig, valamint gyurma kisteknős modelleket (n = 198 fészkekben 396 db modell) ért predációs eseményeket szeptembertől 29 napig követtünk nyomon. Napi túlélési rátát számoltunk és a ragadozót a gyurma modellekben hagyott nyomjelek alapján azonosítottuk.

A fészkek napi túlélési esélye a Kis-Balatonon volt a legalacsonyabb májusban és júniusban is (május / június, átlag \pm SE, Kis-Balaton: 0,771 \pm 0,028 / 0,484 \pm 0,044, Fehérvíz: 0,844 \pm 0,020 / 0,877 \pm 0,018, Ordacsehi-berek: 0,852 \pm 0,018 / 0,911 \pm 0,014). A fészkeket elhagyó fiatal teknősök túlélése szintén a Kis-Balaton volt a legalacsonyabb, az egyes területek közötti különbség szignifikáns volt (Kis-Balaton: 0,956 \pm 0,007, Fehérvíz: 0,989 \pm 0,002, Ordacsehi-berek: 0,974 \pm 0,004).

Az elsődleges fészkealjpredátor a vörös róka (*Vulpes vulpes*) volt, előfordult a borz (*Meles meles*) és a vaddisznó (*Sus scrofa*). A három területen a ragadozók eloszlásmintázata hasonló volt. A gyurma teknősmodellekre alapozott tesztben is közepes testméretű emlősök voltak a fő predátorok, de előfordult madarak általi predáció és nagyobb testű vad általi gázolás is. A ragadozó mintázat az egyes területeken különbözött. A kimutatott predátorok vadászható fajok voltak.

BURKA PETRA

Biológia BSc

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

KALÓ ORSOLYA

Biológia BSc

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Horváth Győző

adjunktus, PTE TTK

Az északi pocok (*Microtus oeconomus*) 20 éves monitorozása a Keleti berek (Kis-Balaton) területén

Az NBmR keretén belül 1999-2018 közötti időszakot tekintve a Kis-Balatonon, Keleti-berek területén végzett kismélt monitorozás húszéves adatait elemeztük, fókuszálva a fokozottan védett jégkorszaki reliktum, északi pocok (*Microtus oeconomus*) előfordulására, illetve ennek függvényében a kimutatott kismélt közösség összetételének változására. A húszéves periódus alatt a negatív környezeti hatások következtében 2 alkalommal tűnt el az északi pocok a területről, majd különböző időintervallumban jelzett hiánya után az élőhely regenerálódásával újra kimutattuk a faj rekolonizálódott egyedeit. Az északi pocok jelenléte/hiánya alapján a teljes időszakot 5 periódusra osztottuk, amely összehasonlításában vizsgáltuk a kimutatott kisméltösszettesek fajgazdagságát és fajgyakorisági viszonyait. Továbbá értékeltük az északi pocok szubpopuláció kimutatott állományának populációs paramétereit, mint az ivararány, a koreloszlás, valamint a szaporodó nőstények aránya. Ezen paraméterek megoszlásában jelentős különbségeket kaptunk az egyes évek és a periódusok összehasonlításában.

VEREBÉLYI VIKTÓRIA

Biológia BSc

Állatorvostudományi Egyetem

Témavezetők:

Dr. Bókony Veronika

tudományos főmunkatárs, MTA ATK NÖVI Lendület Evolúciós Ökológiai Kutatócsoport

Dr. Kosztolányi András

docens, ATE

Barna varangy (*Bufo bufo*) szaporodási sikerének és szennyezőanyag rezisztenciájának összehasonlítása különböző szennyezettségű élőhelytípusok között

A mezőgazdasági és városi területekről kijutó szennyezőanyagok természetes vizekbe kerülve letális és szubletális hatásokat idézhetnek elő vadon élő állatokban, például csökkenthetik az egyedek termékenységet, valamint indukálhatnak olyan változásokat, amelyek rezisztenssé teszik az utódokat a szennyezések káros hatásaival szemben. Ennek vizsgálatára természetes, városi és mezőgazdasági területekről fogtunk be barna varangyokat a nászidőszak kezdetén. A laboratóriumban lerakott peték vizsgálatával kiderült, hogy a három élőhelytípusból származó párok között a petezsinór tömege, valamint a termékenyülési és kelési siker nem különbözött, viszont a szennyezett helyekről származó nőstények kis petetömeg esetén is nagy zsinórtömeget értek el. Ez arra utal, hogy a peték köré több zselét termelnek ezek a nőstények, ami védelmet nyújthat a szennyező anyagokkal szemben. Ez a védelem azonban költséges lehet, mivel a szennyezett élőhelyekről származó párok ebihalainak testtömege kisebb volt, mint a természetes eredetűeké. A rezisztencia vizsgálatához a lerakott peték egy részét tiszta, más részét szennyezett vízben neveltük: a városi szennyeződést egy mesterséges ösztrogén származék, a mezőgazdasági szennyeződést egy glifozát alapú gyomirtószer reprezentálta. Azt találtuk, hogy a hormonszármazék a természetes eredetű utódoknál gyengén csökkentette a kelési sikert, míg a városi párok utódainál növelte. A gyomirtó a természetes eredetű családokban erősen, a városiakban gyengén csökkentette a kelési sikert, a mezőgazdaságiakban nem befolyásolta. Ezek a hatások kismértékűek voltak. A kikelt ebihalak növekedését és túlélését a gyomirtó jelentősen csökkentette, függetlenül a szülő élőhelytípusától. Ezek az eredmények összhangban vannak azzal a hipotézissel, hogy a szennyezett élőhelyeken élő populációk rezisztenssé válhatnak a szennyezőanyagok káros hatásaival szemben, ha ezek a hatások nem túl erősek.

GÓR ÁDÁM KRISTÓF

Biológus MSc

Állatorvostudományi Egyetem

Témavezető:

Dr. Kis János

tudományos munkatárs, ATE

Erényövek és párzási dugók cserélődési rátája kis Apolló-lepkéknél (*Parnassius mnemosyne*)

Az állatvilágban az ivari konfliktus a nemek eltérő szaporodási érdekéből ered, amelynek számos evolúciós vagy koevolúciós következménye van. A hímek adaptációi közé tartozik például az időben kiterjesztett párörzés, mivel sok esetben, ha a nőtények többször párosodnak életük során, akkor gyakran az utolsó hím ivarsejtjei termékenyítik meg a legtöbb vagy az összes megmaradt petesejtet. Ennek gyakori formája a párzási dugó készítése, ami elzárja a párzónyílást és megakadályozza a más hímeiktől származó hímivarsejtek bejutását. A párörzésnek egy igen extrém formája egyes lepkéknél az erényöv vagy más néven sphragis, amelynek van egy a párzónyílásban rögzítő dugó része és egy jól látható pajzsi része, ami mechanikai akadályt jelent a dugó eltávolításával szemben. A *Parnassius* génuszban ez igen elterjedt, így a kis Apolló-lepkéknél (*Parnassius mnemosyne*) is. Azonban nem minden párzás során készül erényöv, esetenként a hímek csak kisebb, szabad szemmel nem vagy alig látható párzási dugókat készítenek.

Azt feltételezem, hogy az erényöv készítésének költsége és hatékonysága az apaság biztosítása szempontjából magasabb, míg a dugóké alacsonyabb. Kérdésem, hogy hatékonyabban tudja-e monopolizálni a hím kis Apolló-lepke a nőtényt pajzssal, mint egyéb párzási dugóval. Vizsgáltam, hogy (i) a párzási dugók gyakrabban vesznek-e el, mint a pajzsok, (ii) a rövidebb pajzsok nagyobb valószínűséggel vesznek-e el, mint a hosszabbak, illetve (iii) milyen a nőtényekben látható pajzsok és egyéb képletek egymáshoz képest észlelt szezonális eloszlása és dinamikája.

A vizsgálat 2014 és 2018 között zajlott a Visegrádi-hegységben. Minden jelöletlen nőtény egyedét megpróbáltunk befogni, egyedi azonosítót és színkódot kaptak, valamint, ha pajzsot viseltek, akkor megjelöltük azt nyomon követés céljából. A párzási dugókat egyedi morfológiájuk alapján tudtuk nyomon követni rendszeres visszafogások és makrófényképek készítésének segítségével.

Az apaság biztosítása szempontjából a pajzs bizonyult a leghatékonyabbnak, a feltételezhető költségessége ellenére. Tovább marad fenn a nőtényeken, illetve ritkábban vesz el, mint a kisebb képletek. Ezen belül is a rövidebb pajzsok gyakrabban vesznek el. Pajzsok inkább szezon elején készülnek, míg az egyéb képletek a szezon vége felé növekvő arányt mutatnak, amit az időben eltolt ivararány is okozhat: a hímek inkább szezon elején kelnek, míg a nőtények a közepe felé, ezért repülési időszak elején nagyobb a hím versengés.

SZŐCS BORÓKA

Középiskolai hallgató

Bolyai Farkas Elméleti Líceum

Témavezetők:

Dr. Markó Bálint

docens, BBTE

Szatmári Enikő Katalin

biológia tanár Bolyai Farkas Elméleti Líceum

Hol és mikor híznak a méhek? Környezet- és korfüggő zsírfelhalmozás méheknél

Családunk méhészettel foglalkozik, így nagyon sok érdekességet fedeztem fel a méhek életében és elkezdett foglalkoztatni a méhek világa. „Ha kipusztulnak a méhek, azt az emberiség legfeljebb négy évvel éli túl” hangzik a híres kijelentés, melyet sokan megcáfolnak, mégis egyre több méh pusztul el rejtélyes módon. Az eltűnéseket, pusztulásokat figyelve, azt vesszük észre, hogy a méhek többsége télen pusztul el. A méhek telelését befolyásolja a méhek zsírtartaléka: minél több a zsírtartalék, annál jobban telelődnék át. A zsírtestre szükségük van tavasszal is az új nemzedék (fiasítás) „felneveléséhez”, amikor a szabadban kevés a fehérjeforrás. A zsírtestből és a keretekben elraktározott virágporból tudják pótolni a fehérje igényüket, ezzel táplálják az új nemzedéket.

Mivel a méhek szervezetében nélkülözhetetlen a zsírtartalék, fontos szerepet tölt be a megmaradásuk érdekében, kíváncsi voltam, hogy a környezet és kor mennyire befolyásolja a méhek tartalékainak alakulását. Három különböző környezetben (falun, városon és vándorlásban) tartott méheket vizsgáltam, külön fiatalokat és időseket. Összesen 90 dolgozóval kísérleteztem, mindhárom környezetből 30 példányt választottam ki 3 különböző méhcsaládból (3x10 db méh/család, fele fiatal és fele idős). Kísérletem során zsírtartalomelemzést végeztem, ahol használtam szárítószekrényt és vegyszeres zsirolás segítségével meghatároztam a száraz tömeget, valamint a zsírtartalom nélküli tömeget ahhoz, hogy a zsírtest mennyiséget felmérjem. Az eredményeket összesítve megfigyelhető, hogy a méhek zsírtestének alakulását nagyban befolyásolja a környezetük és a méhek kora.

SARKADI FANNI

Biológia BSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Rosivall Balázs

adjunktus, ELTE TTK

Ivararány-manipuláció és fiókafejlődés az örvös légykapónál

Számos vizsgálat utal arra, hogy az utódok neme nem feltétlenül véletlenszerű, a szülői minőség és a környezeti tényezők függvényében változhat. Ezt a jelenséget ivararány-manipulációnak nevezzük, és több elmélet született a magyarázatára. Ezen elméletek szerint a szülők számára akkor lehet előnyös utódaik ivarát befolyásolni, ha a szülők rátermettsége függ fiókáik ivarától, és a manipulációból származó rátermettségnyereség meghaladja az abból származó költségeket. A témában született publikációk közül csak kevés fordított figyelmet az ivararány-mintázatok leírásán túl annak vizsgálatára, hogy azok valóban előnyösek-e. Kutatásunkban a mintázatok előnyösségét vizsgáltuk vadon élő énekesmadarakon. Arra voltunk kíváncsiak, hogy az örvös légykapónál (*Ficedula albicollis*) hogyan hathat a fiókákra, ha megváltoztatjuk a szülők által létrehozott fészekaljak ivararányát. A vizsgálat során véletlenszerűen teljes fészekaljcsere-t végeztünk, majd a fiókák tömegét kétnapos koruktól kirepülésükig mértük. A vonatkozó hipotézisek alapján azt feltételeztük, hogy a manipuláció után több hím tartalmazó fészekaljak fiókái a több hím létrehozó szülők fészkeiben gyorsabban fejlődnek, mint a kevesebb hím utódot létrehozó szülőkéiben. Várakozásunkkal ellentétben sem az eredeti, sem a manipulált ivararány, sem ezek interakciója nem mutatott összefüggést a fiókák növekedésével. A kísérletnek a fiókák pusztulására sem volt hatása.

KÁSLER ANDREA

Biológus MSc

Állatorvostudományi Egyetem

Témavezetők:

Dr. Hettyey Attila

tudományos főmunkatárs, MTA ATK NÖVI Lendület Evolúciós Ökológiai Kutatócsoport

Dr. Kovér Szilvia

tudományos munkatárs, ATE

Kétélvtűeket fertőző *Batrachochytrium dendrobatidis* gomba patogenitásának hőmérsékletfüggése

A kitridiomikózis gyorsan terjedő, magas virulenciájú fertőzőesként világszerte súlyosan veszélyezteti a kétélvtűek diverzitását és fennmaradását. A betegséget okozó rajzospórák gombát, a *Batrachochytrium dendrobatidis*-t (Bd) 1998-ban írták le, ám az azóta eltelt 20 évben még nem sikerült kielégítő mértékben megismernünk ökológiai tulajdonságait. A Bd hőtürével kapcsolatos pontos adatok rendkívül értékesek lennének konzervációbiológiai szempontból, mivel ezek alapját képezhetnék egy hatékony, vegyszermentes védekezési módszer kidolgozásának. Korábbi vizsgálatok alapján úgy tűnik, hogy a legtöbb kétélvtű magasabb hőmérsékleti optimummal rendelkezik, mint a Bd, ami lehetővé teszi az állatok hőkezeléssel való gyógyítását.

Kutatásunk célja ezért az volt, hogy megtaláljuk a kezelési hőmérséklet és a kezelési időtartamának azon kombinációit, amelyek a Bd *in vivo* elpusztításához szükségesek. Megvizsgáltuk emellett a fertőzőttségnek és a hőkezelésnek az egyedek átalakulásának sebességére és az átalakuláskori tömegre kifejtett hatását. Ehhez laboratóriumi körülmények között barna varangy (*Bufo bufo*) ebihalakat fertőztünk a gomba egy világszerte elterjedt, hipervirulens törzsével. A kezeléseket során öt különböző hőmérsékletet (22, 27, 28, 29 és 30 °C) kombináltunk három melegítési időtartammal (2 nap, 4 nap, 6 nap).

Eredményeink alapján a 6 napos hőkezelés már 28 °C-on is eltüntette a Bd-t, ám az ennél rövidebb kezeléseket közül csak a 4 napos 30 °C-os kezelés volt hatékony. Az egyedek a fertőzőttségtől függetlenül 27 és 28 °C-on alakultak át leggyorsabban. A testtömeget a megfertőzés és a kezelés is befolyásolta: minél magasabb hőfokon kezeltük az egyedeket, annál alacsonyabb volt a tömegük az átalakulás végén, és ez a hatás a megfertőzött csoportba tartozó egyedeknél erőteljesebben jelentkezett.

Összefoglalóan elmondható, hogy a 6 napig tartó 28 °C-os hőkezelés hatékony, a kétélvtűekre nézve biztonságos módja lehet az egyedek fertőtlenítésének, ugyanakkor a jövőben további kísérletekkel szeretnénk még pontosabb képet kapni arról, hogyan függ a gomba patogenitása a környezet hőmérsékletétől.

BUKOR BOGLÁRKA

Biológus MSc

Állatorvostudományi Egyetem

Témavezetők:

Csikelyné Ágh Nóra

tudományos segédmunkatárs, ATE

Dr. Líker András

egyetemi tanár, PE MK

Dr. Kövér Szilvia

tudományos segédmunkatárs, ATE

Szécincenek túlélésének vizsgálata, különböző típusú fészkelő helyeken

A városok kiterjedése világszerte növekszik és rendkívüli módon megváltoztatják az addigi természetes élőhelyeket amihez az ott élő állatoknak alkalmazkodniuk kell. Szécinceneknél a városi populációkban alacsonyabb költési siker tapasztalható, mint az erdei területeken és ezt nem kompenzálják a fészkelések számának növelésével. Ugyanakkor denzitásuk mind a saját, mind pedig mások vizsgálataiban meghaladja az erdei populációkét. Az ellentmondás egyik lehetségesnek magyarázata, hogy a városi cinegek jobban túlélnek, mint az erdeiek. Jelen kutatásunkban szécincenek túlélését vizsgáltuk két erdei (Szentgál, Vilma-pusztá) és két városi (Veszprém, Balatonfüred) területen. Öt év alatt 626 egyederől gyűjtöttünk a szaporodási időszakban visszafogási és visszalátási adatokat, melyeket Cormack-Jolly-Seber modellekkel elemeztem és a terület az ivar és a vizsgálati év hatását teszteltem az éves túlélési és visszafogási valószínűségeire. A vizsgálatban szereplő szécincenek visszafogási valószínűsége konstans volt, a túlélésre azonban a költő terület és a vizsgálati év is hatással volt. A cinegek átlagos éves túlélése a legjobb modell alapján 0,454 volt. Az urbanizáció hatása nem volt konzisztens, mivel Veszprémben, az egyik városi területen volt minden évben a legmagasabb a túlélési valószínűség, Balatonfüreden, a másik városban pedig a legalacsonyabb, míg a két erdei területen mindig a kettő közti értékeket kaptam. A vizsgálati évek között jelentős különbség volt, 2014-ről 2015-re mindegyik területen jóval alacsonyabb túlélést tapasztaltam, mint a többi időszakban. Az egyed ivarának hatása a túlélésre csak akkor volt kimutatható, ha az egyes vizsgálati területeket külön modelleztem. Veszprémben és Szentgálon, az egyik városi és az egyik erdei területen a tojóknak becsültek a modellek jobb túlélést, míg Balatonfüreden és Vilma-pusztán szinte mindig a hímeknek. Utóbbi eredményünk arra utal, hogy szécincenek esetében az ivar túlélésre gyakorolt hatása a környezet függvényében változhat. Eredményeink alapján nem a terület urbanizáltsága az, ami elsősorban hat az éves túlélésükre, hiszen város és város közt is jelentős különbségeket találtunk. Feltehetően más környezeti paramétereknek lehet döntő szerepe, melyeket a jövőben érdemes lenne tovább vizsgálni.

NAGY ZSUZSÁNNA

Biológia BSc

Babeş-Bolyai Tudományegyetem

Témavezetők:

Dr. Markó Bálint

docens, BBTE

Dr. Czékes Zsolt

tudományos segédmunkatárs, BBTE

TiO₂ alapú fotokatalizátorok hatása hangyák túlélésére

A nanoanyagok tág körben használt, potenciálisan szennyező anyagok. A legelterjedtebb nanoanyag a titán-dioxid amely többek között felhasználható szerves szennyezőanyagok fotokatalitikus bontására, amely kis energiabefektetéssel, számos vegyülettel szemben hatékony. Kutatásunk során a TiO₂ szennyező hatását vizsgáltuk különböző hangyafajokra.

A hangyák a legtöbb szárazföldi élőhelyeket domináló rovarcsoport, ezáltal jelentősen alakítják élőhelyeiket, ezért ideálisak ökotoxikológiai kutatások kivitelezéséhez. Kutatásunk célja megállapítani, hogy a TiO₂ milyen hatással van különböző hangyafajok túlélésére. Dolgozatomban a TiO₂ koncentrációfüggő hatását mutatom be három hangyafajra (*Formica polyctena*, *F. pratensis*, *Lasius niger*), valamint a TiO₂ részecskeméretének hatását egy hangyafajra (*F. pratensis*).

Eredményeink kimutatták, hogy a hangyafajok túlélését különböző mértékben befolyásolja a TiO₂ koncentrációja, a különböző részecskeméretnek hatása viszont nem bizonyult egyértelműen eltérőnek.

SZÚCS BOLDIZSÁR

Biológus MSc

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezetők:

Dr. Horváth Győző

adjunktus, PTE TTK

Somogyi Balázs

tudományos segédmunkatárs, PTE TTK

***Apodemus* fajok mozgásmintázata intenzíven művelt mezőgazdasági parcellák közötti sővények mentén**

Az utóbbi néhány évtizedben világszerte megfigyelhetővé vált a mezőgazdaság robbanásszerű fejlődése, mind technológiai értelemben, mind a művelésbe bevont területek méretében. A térbeli terjeszkedés magától értetődően a természetes, illetve féltermészetes élőhelyek feldarabolódásához vezet, így a területen élő fajok lehetőségei egyre inkább lekorlátozódnak. Emiatt kiemelten fontos a sővények, vagy más néven mezővédő erdősávok létesítése, melyeknek mindamelllett, hogy komoly gazdasági jelentőségük van a szélerózió mérséklése által, fontos élőhelyek, mivel a korábbi vegetációstruktúra elemeit őrzik, valamint, mint ökológiai zöldfolyosók az állatok mozgását is elősegítik az elszeparált élőhelyfoltok között. Ez utóbbi funkciót kutatta a Pécsi Tudományegyetem Kisemlőskutató munkacsoportja a Bóly Zrt. működési területén található sővényekben 106-ban és 2017-ben. Elevenfogó csapdázást és fogás-jelölés-visszafogás módszert alkalmaztunk. A területen előforduló két eudomináns erdeiegér faj, a pirók erdeiegér (*Apodemus agrarius*) és a sárganyakú erdeiegér (*Apodemus flavicollis*) mozgásmintázatát vizsgáltuk. Eredményeink alapján elmondható, hogy a sárganyakú erdeiegér szignifikánsan nagyobb távolságokat tett meg a sővényekben. Mindemelllett e dolgozat kitér a mintaterületek közötti mozgási hálózatok részletes elemzésére a sővények vegetációs boritottsága függvényében.

TEPLÁNSZKI DÓRA

Biológia BSc

Eszterházy Károly Egyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Csuzdi Csaba

egyetemi tanár, EKE TTK

A vérfű-hangyaboglárka (*Maculinea teleius*) mátrai állományának vizsgálata és a megmentésére irányuló kísérlet

A vérfű-hangyaboglárka (*Maculinea teleius*) nagyon szórányosan fordul elő a Bükk Nemzeti Park Igazgatóság működési területén. Ezen belül a Mátra térségében mindössze két, egymáshoz közeli, kis kiterjedésű élőhelyfoltban maradt fenn a faj, Sirok határában. Ezen a két területen végeztünk jelölés-visszafogásos vizsgálatot, illetve felmértük a petezésre alkalmas őszi vérfű (*Sanguisorba officinalis*) virágok számát. A felmérést a lepké faj repülési idejének második felében kezdtük el végezni, miután szembesültünk a két élőhelyfolt fennálló kezelési problémával. A két területen folyó gazdálkodás meglehetősen rapszodikus, évenként nagyon eltérő. Az utóbbi években a kisebb vérfüves rétet júliusban kaszálták le, ami a vérfű-hangyaboglárka számára nagyon kedvezőtlen. Ennek következtében kritikusan lecsökkent az ottani populáció egyedszáma, a 2017-es felmérés során mindössze 6 egyedet tudtunk megjelölni. 2017-ben viszont kedvező időpontban történt a kaszálás, így a lepkék repülési idejében sok virágzó vérfű volt a területen (915 virág). A nagyobb élőhelyfoltban ennek éppen az ellenkezője történt, az elmúlt években a megfelelő időpontban történő kaszálás következtében stabil állománya volt a lepkének, a 2017-es felmérés során 31 egyedet jelöltünk meg. 2017-ben viszont július elején kaszálták le a gypet, így a lepkék repülési idejében alig volt petezésre alkalmas virágzó vérfű a területen (mindössze 76 virág). A faj mátrai állományának megőrzése érdekében lepke-áttelepítést végeztünk. A virágzó vérfüvet alig tartalmazó élőhelyről vittünk át 14 egyedet a virágzó vérfüben bővelkedő rétre. Így tudtunk szaporodási lehetőséget biztosítani a lepkék számára. Reméljük, hogy a munkánk hozzájárult a faj mátrai állományának hosszútávú megőrzéséhez.

BALOG LUCA ESZTER

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Török Júlia Katalin

adjunktus, ELTE TTK

Az entomoparazita fonálféreg-siker titka a belekben keresendő!

A növényi kártevő rovarokban különböző parazita fonálféregek élhetnek, melyek a gazda kondíciójára gyakorolt hatásuk tekintetében eltérnek. Az obligát bélparaziták életük egészét a gazda tápcsatornájában töltik, míg a fakultatív entomopatogén fonálféreg (továbbiakban EPF) rendelkeznek szabadonélő alakokkal is. A rovarok számára halálos entomopatogén fonálféreg fajok többsége a rovarlárva testnyílásain keresztül először a tápcsatornába kerül, majd penetrálva a testüregben fejti ki végzetes hatását. A testüregig való eljutás nem egyszerű feladat a rovar védekező mechanizmusai és a bél – számukra – toxikus tartalma miatt. Az EPF-ről szolgáló ismeretek folyamatosan bővülnek, lehetőséget adva a mező- és erdőgazdasági kártevő rovarok elleni biológiai védekezés fejlesztésére. Ezzel szemben az obligát bélparazitákra kevesebb vizsgálat irányul. Az egy rovargazdaszervezeten belüli különböző parazita fonálféreg interakcióiról a nemzetközi szakirodalomban még egyáltalán nem található adat. Az elmúlt évben cserebogár- és rózsabogárlárvák tápcsatornájában és testüregében előforduló fonálféregket vizsgáltam fénymikroszkópos módszerekkel. Megállapítottam a fonálféreg morfortípus gyakoriságot, intenzitást és a gazda kondícióját. Hipotézisem szerint a vizsgált rovarfajok beleiben előforduló obligát parazita fonálféregek gazdájukat nem pusztítják el, csak kondícióját csökkentik, teret nyitva más EPF számára. Ellenhipotézis: A bél erős fertőzöttsége mellett túlélő rovarokat a coelomát fertőző EPF sem képes elpusztítani, a bél erős fertőzöttsége a jó kondíciót mutatja. Vizsgálatom során az első hipotézis bizonyult helytállóknak. A testüregbeli fonálféreg előfordulása a tápcsatornában lévő egyedszámával összefüggést mutatott, magas coeloma fertőzöttség az elpusztult rovaroknál jelentkezett csak. A bélfonálféreg abundancia alapján következtetni lehet a rovar kondíciójára. A hatékony biokontrollhoz elengedhetetlen a célszervezet ökológiai kapcsolatainak széleskörű ismerete, hiszen a lehetséges többszörös fertőzéseknél a paraziták közötti interakció befolyásolja a célszervezetet.

SZABÓ GYULA

Biológia MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezetők:

Dr. Laczi Miklós

tudományos segédmunkatárs, ELTE TTK

Dr. Török János

egyetemi tanár, ELTE TTK

Egészségi állapot és rátermettség kapcsolata örvös légykapónál

Az egyedek egészségi állapota jelentősen befolyásolhatja szaporodási sikerüket és túlélésüket. Az egészségi állapot becslésére számos módszer ismeretes. Vizsgálatomban a hematokritot, illetve a heterofil granulociták és limfociták arányát (H/L) választottam a becsléshez. Egészségesebb egyednek magasabb a hematokritja és alacsonyabb a H/L aránya. Az örvös légykapó egy vadon élő populációjában 3 évből 461 egyeddet mintáztunk a fiókaneveléskor, hogy felderítsem az összefüggéseket az egészségi állapot, a szaporodási jellemzők (költéskezdés, tojásszám, kirepült fiókák száma) és túlélés között. A hematokrit és a H/L arány nem függött össze egymással, mivel feltehetően az egészségi állapot különböző aspektusát tükrözik. A hematokrit negatív, a H/L arány pozitív kapcsolatban állt a költéskezdéssel, vagyis a korán költők jobb egészségi állapotban voltak. A hematokrit nem állt kapcsolatban sem az előző, sem a következő évi szaporodási jellemzőkkel, ugyanakkor a H/L arány negatív kapcsolatot mutatott az előző évi szaporodási sikerrel, vagyis az egészségesebb egyedek nagyobb fészekaljakat raktak a megelőző évben. A túléléssel nem volt kapcsolatban sem a hematokrit, sem a H/L arány. Vizsgálataim alapján úgy tűnik, hogy a hematokrit és a H/L arány az örvös légykapóknál tükrözheti az egyedek szaporodási sikerét, de nem kapcsolható össze a túlélési valószínűséggel.

A munkafolyamatok közül részt vettem a terepi munkában, az adatok digitalizálásában, az adatbázisok kezelésében, a származtatott változók kiszámolásában, a vérekenetek festésében és elemzésében, valamint a statisztikai vizsgálatokat is elvégeztem.

HOLLY DÓRA

Biológus MSc

Állatorvostudományi Egyetem

Témavezetők:

Dr. Hettyey Attila

tudományos főmunkatárs, MTA ATK NÖVI, Lendület Evolúciós Ökológiai Kutatócsoport

Dr. Kosztlányi András

egyetemi docens, ATE

Glifozát-alapú gyomirtó és ragadozó jelenlétének hatása erdei béka (*Rana dalmatina*) ebihalak testalakjára és ragadozóelkerülő viselkedésére

A glifozát-alapú gyomirtók a legnagyobb mennyiségben alkalmazott peszticidek közé tartoznak. Számos korábbi tanulmány dokumentálta farkatlan kétéltű lárvákra kifejtett letális és szubletális hatásait. Egy újabb megfigyelés szerint a gyomirtó hasonló fenotípusos változásokat indukálhat ebihalaknál, mint ragadozók jelenléte. Célunk az volt, hogy ezt a megfigyelést megismételjük, valamint, hogy megvizsgáljuk a gyomirtó által indukált fenotípusos változások esetleges előnyeit, amelyek akkor érvényesülnek, amikor az ebihalak ragadozójukkal szembekerülnek. Kísérletünkben szabadtéri mezokozmoszokban nevelt erdei béka (*Rana dalmatina*) ebihalakat vizsgáltunk, két gyomirtó koncentrációt (0 vagy 4 mg a.e./L glifozát) és két ragadozó kezelést (üres ketrec vagy ketrecben tartott *Aeshna cyanea* szitakötő lárva) alkalmazva. Három hét elteltével az ebihalak viselkedését fél napon át ismételten megfigyeltük, majd az egyedeket lefényképeztük és áthelyeztük egy predációs kísérletbe, ahol a ragadozók már szabadon mozoghattak. Hét nap elteltével a túlélő ebihalakat begyűjtöttük és ismét lefényképeztük, így be tudtuk azonosítani, hogy melyik nevelési környezetből származó ebihalak élték túl a predációs tesztet. A fényképeket felhasználva utólag minden egyedben lemértünk 6 testalak-változót, hogy vizsgálni tudjuk a nevelési környezet okozta morfológiai változásokat. Eredményeim szerint a ragadozó hatására az ebihalak viselkedése és testalakja egyaránt megváltozott, míg a gyomirtónak csak a viselkedésre volt szignifikáns hatása. A ragadozó mellett nevelt ebihalak sikeresebben kerültek el ragadozójukat, mint ragadozó-naív fajtársaik, a gyomirtó nevelés alatti jelenlététől függetlenül. Továbbá, a gyomirtó jelenlétében nevelt ebihalak túlélési esélye megnőtt, ha a ragadozóval tiszta vízben találkoztak, ugyanakkor lecsökkent, ha ez gyomirtó jelenlétében történt. Úgy tűnik tehát, hogy a gyomirtó összetett módon hathat a kétéltű lárvák ragadozó-elkerülési sikerére, melyben fontos szerepet játszhat a viselkedésre kifejtett hatása.

KACZ PÉTER

Biológia BSc

Állatorvostudományi Egyetem

Témavezető:

*Dr. Pásztor-Kovács Szilvia
tudományos munkatárs, ATE*

Morfológiai ivarmeghatározás validálása molekuláris módszerekkel parlagi sasnál

Sok faj- és természetvédelmi kutatáshoz elengedhetetlenek a terepi vizsgálatok. Madaraknál az ivari dimorfizmust tollazat alapján nem mutató fajok esetében az egyedek ivarhatározása problémát okozhat. Pontos eredményeket DNS mintavétellel, ami gyakran destruktív vagy invazív módszerekkel történik, majd molekuláris ivarmeghatározással kaphatunk. Ez azonban idő- és pénzigényes folyamat. Ilyen fajoknál egyszerűbb megoldást jelenthet egy statisztikai alapokon nyugvó, morfológiai változók segítségével történő ivarhatározás. A parlagi sas (*Aquila heliaca*) Magyarországon fokozottan védett madarunk is egy ilyen faj. Ennél a fajnál már fióka korban megjelenik az ivarok közti testméretbeli különbség, a tojók nagyobbak a hímeknél.

A fajmegőrzési- és védelmi programok (HELICON LIFE és PannonEagle LIFE projekt) keretében a magyarországi költőállomány egészét felméri. A fiókákból a gyűrűzésekor DNS-mintát vesznek, egy tokos hónaltoll formájában és felveszik néhány testméret adatukat: hátsó karomhossz, tarsus átmérő, tarsus hossz, farktollhossz (mm-es pontossággal), tömeg (gramm pontossággal). Továbbá megállapítják a fiókák fejlettségi szintjét a tollazat színezete alapján. A fiókák kora az adatok felvételekor négy és nyolc hét között van, mivel a gyűrűzés ebben az időszakban a legideálisabb. Ebben a vizsgálatban 2012 és 2017 között gyűrűzött több mint 480 különböző fióka adatait dolgoztuk fel. A fiókák ivarát a CHD1 gén i16 intronjához kötődő primer pár felhasználásával PCR-es technika segítségével határoztuk meg. A kapott adatokat az R statisztikai programmal elemeztük. Az elemzésekhez döntési fákat, véletlen erdőt és lineáris diszkriminancia analízist használtunk, így keresve azon változókat, amelyek az egyes fejlettségi csoportokban a legjobban elkülönítik az ivarokat.

Eredményeink alapján egyértelműen a karomhossz bizonyult a legjobb változónak. Fontos még a tarsus átmérő, ami négy és fél hetes fejlettségi szint után a többi testméretváltozóval szemben már nem nő, azonban a legfiatalabb egyedek ivarhatározására ez a legmegfelelőbb változó. A fejlettebb fiókánál a karomhossz és a tömeg a legjobb változók az ivarok elkülönítésére. A fark toll folyamatosan nő, ahogy a fiókák fejlődnek, ezért ez a változó a korbecslésre alkalmas leginkább.

Az így kapott eredményeinket felhasználva egy morfológiai változó alapú ivarhatározó nagy segítséget nyújthat a terepi kutatásokban, amellyel gyorsan és olcsón elfogadható pontossággal meghatározhatjuk a parlagi sas fiókák nemét.

JORDÁN LILLA

Biológia BSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Molnár Orsolya Rita

posztdoktor kutató, ELTE TTK

Oxidatív stressz: hőmérséklet hatása a nászszínezetre eltérő élőhelyű gyíkfajoknál

Ektoterm fajoknál a környezeti hőmérséklet jelentős befolyással van az anyagcsere intenzitására. A metabolikus folyamatok során melléktermékeként keletkező reaktív oxigén gyökök (reactive oxygen species, ROS) képesek egyes makromolekulákat károsítva akadályozni a szervezet megfelelő működését. Amennyiben a keletkező ROS mennyisége meghaladja az őket semlegesítő antioxidánsok kapacitását, oxidatív stressz (OS) alakulhat ki.

Hipotézisünk szerint különböző hőmérsékleti adottságokkal rendelkező élőhelyeken a termoreguláció eltérő hatékonysággal működhet, ami hatással lehet az oxidatív állapotra, ezáltal pedig mind az élettani folyamatokra, mind pedig a nászszínezet kifejeződésére.

Vizsgálatunkhoz egy prediktálható (*Psammodromus algirus*) és egy sztochasztikus (*Iberolacerta cyreni*) hőmérsékletű élőhelyen élő gyíkfajnál mértük az ivari színezet intenzitását, az ektoparazita fertőzöttséget és kísérletes manipuláció mellett mértük a különböző hőmérsékleteken kialakuló ROS-szintet.

Eredményeink szerint a nászszínezet intenzitása mindkét fajnál összefüggést mutatott az oxidatív állapottal. A *P. algirus*-nál a maximális ROS-szinttel, míg az *I. cyreni*-nél az effektív ROS-tartománnyal (az a hőmérsékleti tartomány, amelyen belül a ROS-szint a maximális érték legalább 80%-a) mutatott negatív összefüggést. Továbbá, a *P. algirus* esetében az ektoparaziták száma pozitív összefüggést mutatott a maximális ROS-szinttel.

A kapott eredmények támogatják a predikciónkat, miszerint sztochasztikusan változó hőmérsékletű környezetben az egyedi minőség az effektív ROS-tartománnyal, míg prediktálhatóan változó hőmérsékleti környezet esetén a maximálisan kialakuló ROS-szinttel mutat összefüggést.

ZSINKA BERNADETT

Biológia BSc

Állatorvostudományi Egyetem

Témavezető:

Dr. Kövér Szilvia

tudományos munkatárs, ATE

Parlagi sas (*Aquila heliaca*) hímek és tojók túlélésének becslése vedlett és fiókákból tépett tollakból meghatározott genotípusok alapján

A parlagi sas (*Aquila heliaca*) egy világszinten veszélyeztetett, nagytermetű, territoriális ragadozó madár, melynek egyik legjelentősebb európai populációja a Kárpát-medencében fészkel. A magyarországi állomány az évek óta tartó fajvédelmi programoknak köszönhetően folyamatos növekedést mutat. A 2011–2016-ig tartó HELICON Life projekt eredményességének megítélésére túlélésbecslést végeztünk a hazai költőpárokra a fenti időszakra vonatkozóan. Ehhez a fészkek alól gyűjtött vedlett tollakat és a fiókáktól tépett hónalj tollakat használtuk fel. A költő madarakat egyedileg azonosítottuk a vedlett tollaiból nyert DNS felhasználásával molekuláris ivarhatározás és mikroszatellita lókuszosok alapján történő genotipizálás során. A DNS-profilok alapján megállapított jelenléti adatokból fogástörténeteket állítottunk fel 338 költő egyedre és ezeket az adatokat jelölés-visszafogásos módszerrel elemeztük. A fogástörténetekre a nyitott populációk esetén használatos.

Cormack–Jolly–Seber modellt illesztve végeztünk túlélésivalószínűség-becslést. Modellünket elkészítettük a mintavételi intenzitásból becsült fix fogási valószínűségeket tartalmazó változatban is, hogy az utolsó időintervallumra is megbízható túlélésbecslést kapjunk. Ha az adott évben nem sikerült megmintáznunk valamelyik költő madarat, akkor a fiókák genotípusából következtethettünk a kilétére, ezzel a meg nem mintázott egyed ún. becsült jelenlétét kapva.

Az AICc alapú modellszelekció során legjobbnak az a fix fogási valószínűségeket tartalmazó modell bizonyult, amely ivaronként és évenként eltérő túlélést becsül. A tojók túlélésére nagyobb, 84,4–91,3%, míg a hímekére kisebb, 75,1–85,4% közötti becsléseket kaptunk. 2011 és 2012 között mindkét ivar becsült túlélése kisebb volt az átlagosnál.

A becsült jelenlétek főleg a hímek esetében járultak hozzá a becslések pontosításához.

A tojók nagyobb túlélését magyarázhatja a két ivar eltérő viselkedése: a költési időszak alatt többet vadászó és a territóriumot védő hím több veszélynek van kitéve. A 2011–2012 időszak alacsonyabb túlélése összefüggésbe hozható az akkori nagyszámú mérgező esettel. A HELICON Life program eredményességét mutatják a későbbi évek tartósan magas túlélési valószínűségei.

ZORKÓCZY ORSOLYA KRISZTINA

Biológus MSc

Állatorvostudományi Egyetem

Témavezetők:

Dr. Kis János

tudományos munkatárs, ATE

Dr. Kőrösi Ádám

tudományos főmunkatárs, MTA-ELTE-MTM Ökológiai Kutatócsoport

Testméret kapcsolata túléléssel kis Apolló-lepkénél

Egy élőlény fitnessének ismerete kulcsfontosságú lehet egy faj vagy egy populáció megőrzésének szempontjából. Különösen igaz ez veszélyeztetett fajok esetében. Számos faj esetében a fitness közvetlenül nem mérhető, ezért más, azzal szoros kapcsolatban lévő változókon keresztül kell becsülnünk egy egyed potenciális szaporodási sikerét. Ilyen változók például a túlélés és a testméret. Rovarak esetében a nagyobb testű, nagyobb tömegű egyedek általában termékenyebbek és hosszabb ideig élnek, a hosszú élet pedig lehetőséget ad nagyobb mennyiségű tojás lerakására.

Vizsgálatunk során arra voltunk kíváncsiak, hogyan változik időben a testtömeg és a torsiélesség, és a túlélés milyen kapcsolatban áll morfológiai változókkal, mint a szárny-, és nyelv hossz, a torsiélesség, illetve a testtömeg és ezek a változók egymással milyen kapcsolatban állnak kis Apolló-lepkénél (*Parnassius mnemosyne*). Hasonló kérdéseket mindeddig csak labor körülmények között vizsgáltak, természetes lepké populációkban nem.

Méréseinket 2016–2018-ig a Visegrádi-hegységben található Hegyesden végeztük. Jelölés visszalátás adatokat gyűjtöttünk. Lemértük az egyedek torsiélességét, testtömegét, szárny- és nyelv hosszát, az előbbi kettőről 3–4 naponta visszamérési adatokat is vettünk. Ezután elvégeztük a túlélésbecsléseket, valamint elemeztük a torsiélesség- és testtömegváltozás adatokat.

Mind a nőstények, mind a hímek testtömege és torsiélessége csökkent a korrallal egyed és populációs szinten egyaránt. Ebből mind az egyedi, mind a populáció szintű öregedésről képet kaphattunk. Eredményeink azt mutatják, hogy az ivarok közötti különbség nem állandó, a három vizsgált év mindegyikében eltérő volt.

Másik fontos eredményünk, hogy a túlélésben a testméretnek meghatározó szerepe volt nőstényeknél, de egyes években a hímek esetében is. A túlélés és testméretváltozók közötti kapcsolat mértéke nem konstans és a három vizsgálati év között jelentős különbségek voltak mindkét ivarnál. A nyelv hosszal 2016-ban és 2017-ben nőtt, 2018-ban csökkent a túlélés.

Eredményeink azt sugallják, hogy a testméret túlélésre gyakorolt hatása sok más környezeti tényezővel együttesen határozza meg a túlélést, és ezáltal – egymás hatását gyengítve vagy erősítve – a lepkék szaporodási sikerét.

SZABÓ ANDRÁS LÁSZLÓ

Molekuláris bionika mérnöki BSc
Pázmány Péter Katolikus Egyetem
Információs Technológiai és Bionikai Kar

*Témavezető:
Dr. Gáspári Zoltán
docens, PPKE ITK*

A humán gasztrotropin fehérje belső mozgásainak szerepe a ligandumkötésben

A kutatás célja a lipid anyagcserében fontos szerepet játszó gasztrotropin fehérje működésének atomi szintű megértése. A gasztrotropin a lipokalin család tagja, és képes két különböző epesavmolekula egyidejű megkötésére. A kötés mechanizmusa részleteiben nem ismert. Munkám során a Tóke Orsolya és csoportja által NMR-spektroszkópiai módszerekkel meghatározott paraméterekre támaszkodva részt vettem olyan szerkezeti sokaságok előállításában, melyek megfelelnek ezen kísérleti adatoknak, és így tükrözik a molekula belső dinamikáját. Az NMR adatok segítségével kapott sokaságok egyes tagjaiba, valamint - szintén a kísérleti adatoknak megfelelően - részlegesen kitekeredett szerkezetekbe számítógépes módszerrel dokkoltam be a kétféle ligandumot minden lehetséges kombinációban. A molekula zárt kötőhelye szükségessé tette többféle kontrollszámítás elvégzését is. Eredményeim arra utalnak, hogy a molekula egy jól meghatározott belső mozgása mentén történő részleges kinyílása előfeltétele a hatékony ligandum kötésnek, továbbá, hogy a szerkezeti változások és az epesavak bekötése egymással komplex módon összefüggő események.

SÁNTA ANNA

Orvosi biotechnológia MSc
Pázmány Péter Katolikus Egyetem
Információs Technológiai és Bionikai Kar

Témavezetők:
Dr. Gáspári Zoltán
docens, PPKE ITK
Dr. Péterfia Bálint
tudományos főmunkatárs, PPKE ITK

A Shank fehérjecsalád PDZ doménjének kísérletes előállítás és vizsgálata

Dolgozatom témája a Shank fehérjecsalád, ezen belül annak PDZ doménje, amely a szinaptikus jelátvitelben játszik szerepet. A fehérjecsalád három tagja mind a poszt-szinaptikus denzitásban lokalizálódik, és állványfehérjeként számos fontos PSD fehérjével lép interakcióba. Ezen kívül önmagával való interakciói is ismertek. Funkcióvesztéses mutációit összefüggésbe hozták az autizmus spektrum zavar tüneteivel, ami motivációt jelent további kutatására. A Shank fehérjék PDZ doménjével már korábbi dolgozataimban is foglalkoztam tanulmányaim során, így ebben a munkában ezeket a korábbi, és az azóta produkált eredményeket foglaltam össze. A fehérjecsaláddal kapcsolatban már a kísérletes munka kezdetét megelőzően végeztem átfogó irodalomkutatást, amelyet idén felfrissítettem, és kiegészítettem az azóta rendelkezésre álló újabb irodalommal, melyet a dolgozatban mind összefoglaltam. Bioinformatikai eszközök segítségével prediktáltam és terveztem az előállítandó DNS- és fehérjekonstrukciók tulajdonságait. Munkám fő célja a tervezett fehérjekonstrukciók előállítása volt, NMR mérések végzésére alkalmas tisztaságban és koncentrációban. E cél elérése érdekében a félév során számos optimalizálási kísérletet végeztem, melyek segítségével következtetéseket vontam le a rendelkezésre álló eszközök alkalmazhatóságáról. A félévben sikeresen felállítottam egy fehérjetermelési és tisztítási protokollt az egyik Shank1 PDZ konstrukcióhoz. Az általam előállított mintáról NMR méréseket végeztek, amelynek eredményeiből arra következtettem, hogy a fehérje felvette a szerkezetét. Így a fehérjekonstrukció előállítása sikeresnek könyvelhető el, habár a vártnál alacsonyabb koncentrációban. A jövőben a felállított protokollal ezt a folyamatot megismételhetem, több figyelmet fordítva a koncentráció javítására, ami megkönnyítené a további mérések elvégzését. Dolgozatomban ezen kísérletes munka lépéseit és eredményeit mutatom be nagyobb részletességgel.

DUDÁS BÁLINT

Info-bionika mérnöki MSc
Pázmány Péter Katolikus Egyetem
Információs Technológiai és Bionikai Kar

Témavezetők:

*Dr. Balog Erika
adjunktus, SE AOK
Dr. Gáspári Zoltán
docens, PPKE ITK*

Activation mechanism of autoinhibited RalF

Arf GTPases are the major regulators of most aspects of lipid and membrane traffic. In the resting cell they are GDP-bound. Upon an agonist stimulation of the cell, GEFs promote the exchange of GDP to GTP resulting in an active membrane-bound conformation that interacts specifically with downstream effectors.

To invade their host and avoid being destroyed, intracellular bacterial pathogens inject their effector proteins into the host cytosol. These effectors function as illicit regulators of small GTPases. *Legionella pneumophila*, the bacterium that causes severe pneumonia (Legionnaire's disease), injects a large number of effectors that divert membrane traffic to establish a vacuole where it hides and replicates. One of these effector proteins is RalF, which diverts the function of Arf1.

RalF molecules are being auto-inhibited in cytosolic environment and need to undergo a major conformational change to reach their active, membrane-bound conformation. Using the recently developed method of Molecular Dynamics with Excited Normal Modes (MDeNM) the mechanism of auto-inhibition release and the membrane-bound open conformation of RalF are presented in this study.

The mechanism is understood by the conformational mapping with the help of the MDeNM method and its result filtering, based on experience-based knowledge. All atom mechanism is presented in this study where the comparison of active and inactive RalF was possible.

Interaction pattern between the GEF-like RalF and small GTPase Arf1 is also described with the identification of crucial residues in both parties. Pivotal residues in RalF's activation mechanism are revealed.

SIMON MÁRTON

Vegyész MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezetők:

Dr. Nyitrai László

egyetemi tanár, ELTE TTK

Gógl Gérgő

tudományos segédmunkatárs, ELTE TTK

Az S100 fehérjecsalád irányított kvalitatív interaktomikai vizsgálata

Az S100 egy 20 tagú, szinte kivétel nélkül homodimer, monomerenként két EF-kéz motívumot tartalmazó gerinces-specifikus fehérjecsalád. Mind extra-, mind intracellulárisan megtalálhatók, fő funkciójuk a kalcium homeosztázisban és a sejtek szabályozásban rejlik.

Patológiájukat illetően, számos rákos, gyulladásos és neurodegeneratív betegség esetén megváltozott expressziójukat figyelték meg, ugyanakkor az összefüggések még nagyrészt tisztázatlanok. Eddig a klinikai gyakorlatban csak diagnosztikai céllal használták őket, de potenciális terápiás célpontok is lehetnek, amennyiben feltárássra kerül interaktomikájuk, fiziológiás és patológiás szerepük, valamint a fehérjecsalád specifitása, ezért kutatásom céljaként az S100 fehérjék interaktomikai karakterizálását és specifitásának vizsgálatát tűztem ki célul.

Kutatómunkám során sikeresen előállítottam és megszentetizáltam az általam vizsgálni kívánt fehérjéket és partnereiket. Kvalitatív és kvantitatív módszerekkel jellemeztem a kötőpartnerek affinitását az S100 izoformákhoz. Megállapítottam, hogy egyrészt az adott partnerrel szembeni affinitásprofil a fehérjecsaládon belül átfedő, másrészt az S100 fehérjék specifitász-térképük és párcorrelációs analízisük alapján alcsoportokba oszthatók, melyek csak részben feleltethetők meg szekvencia analízisen alapuló evolúciós rokonsági viszonyoknak.

GÁRDOS ANDRÁS GERGŐ

Biológia – fizika tanár osztatlan képzés

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezetők:

*Dr. Ujjfaluši Zoltán
adjunktus, PTE ÁOK*

*Dr. Hild Gábor
docens, PTE ÁOK*

Klinikai gyakorlatban használt röntgen kontrasztanyagok hatása az aktin citoskeletonra

Kutatásunkban radiológiai klinikai gyakorlatban alkalmazott, jódtartalmú röntgen kontrasztanyagok, az Iomeprol és a Iobitridol hatását vizsgáltuk az aktin sejtváza, illetve az aktin polimerizációjára spektroszkópiai módszerekkel.

Kimutattuk, hogy a vizsgált kontrasztanyagok a koncentrációjuk függvényében hatnak az aktinra, jelentős mértékben csökkentve az aktin polimerizációra való képességét, illetve a polimerizáció mértékét. Korábbi vizsgálatok kimutatták, hogy a jódtartalmú kontrasztanyagok megváltoztatják az erythrocyták és az endothél sejtek alakját, többek között az aktin citoskeleton szerveződésének befolyásolása révén. Az aktin citoskeleton megváltozásának módja még nem tisztázott. Mi molekuláris szinten igazoltuk, hogy ezek a kontrasztanyagok közvetlenül az aktin fehérje hálózaton keresztül képesek kifejteni hatásukat.

PAPP LEJLA

Biomérnök BSc
Pannon Egyetem
Mérnöki Kar

Témavezetők:

Dr. Vonderviszt Ferenc
egyetemi tanár, Pannon Egyetem, Bio-nanotechnológiai és Műszaki Kémiai Kutatóintézet,
Bio-Nanorendszerek Kutatólaboratórium
Husztiné Dr. Nagy Georgina
tudományos munkatárs, Pannon Egyetem, Bio-nanotechnológiai és Műszaki Kémiai Kutatóintézet,
Bio-Nanorendszerek Kutatólaboratórium

Mágneses nanoszálak előállítása magnetit-kötő flagelláris filamentum templátok alkalmazásával

A baktériumok úszóképességét biztosító flagelláris filamentumot a flagellin fehérje több tízezer alegysége építi fel, melynek jellemző tulajdonsága, hogy felszíni doménje szabadon variálható az önszerveződésképeség zavarása nélkül. Helyére tetszőleges kötőmotívumok építhetők, és eredményül jól szabályozható tulajdonságú, nagy kötőhely sűrűséggel rendelkező, könnyen kinyerhető fehérje nanoszálakat kapunk.

A mágneses nanokristályoknak jó néhány műszaki és orvostudományi alkalmazása ismert. Számos biológiai rendszerben a nanokristályok mérete és alakja fehérjék és egyéb mechanizmusok által pontosan szabályozva van. A kutatómunka egyik kiinduló gondolata, hogy – e fehérjék mintájára – a flagellin variábilis doménjét mágneses nanorészecskéket kötő motívumokra cserélve, mágneses nanoszálakat hozunk létre.

Munkám során génebeszeti módszerekkel három különböző magnetitkötő oligopeptidet építettem be a flagellin fehérje felszíni doménjének helyére. A proteinek expresszióját *Salmonella typhimurium* törzsekkel végeztem és vizsgáltam a képződő mutáns flagellin tulajdonságait. A módosítás mind a három variáns esetében pozitív eredményt hozott, a baktériumok képesek voltak hosszú filamentumokat képezni. Ennek megfelelően sötétlátóterű mikroszkóp segítségével és motilitás lemezen is jól úszó egyedeket figyeltem meg. Ezt, a módosított baktériumokról készült transzmissziós elektronmikroszkóp felvételek is megerősítették. Próba expresszió során is megállapítottam, hogy a flagellin termelése legnagyobb mértékben a sejtek felszínén történik, ezért egyszerűen, viszonylag nagy mennyiségben termeltethető, tisztítható a fehérje.

Mágneses szelekciós eljárással kiválasztottam azt a peptidet, amelyhez a magnetit a legnagyobb affinitással képes kötődni. Mindhárom konstrukciót termelő baktériumot, illetve a belőlük preparált filamentumot transzmissziós elektronmikroszkóp segítségével vizsgáltam, hogy bizonyítsam a magnetitkötés meglétét vagy hiányát. A vizsgálatok alapján elmondható, hogy az MB1 konstrukció köti leginkább a magnetitet, az MB2 és MB3 jelű peptidok pedig kevésbé.

NOSZÁLY BETTINA BLANKA

Középiskolai hallgató

Debreceni Egyetem Kossuth Lajos Gyakorló

Gimnáziuma

Témavezetők:

Dr. Pethő Zoltán

*tudományos munkatárs, Westfälische Wilhelm-Universität Münster,
Institut für Physiologie II*

Dr. Papp Ferenc

tanársegéd, DE ÁOK

Mutánsok a porondon! - avagy hogyan fejtjük meg a Hv1-es protoncsatornák működését

A Hv1-es protoncsatornák csaknem minden eukarióta sejt membránjában megtalálhatóak. A sejtekben az ionháztartás szabályozás egyik fő egysége, ami miatt nagyon fontos fehérje, ám működési mechanizmusáról mégis keveset tudunk. A csatorna alapvető tulajdonságainak, például a nyitási és zárási mechanizmusának megfejtésével közelebb kerülhetünk ahhoz, hogy számos sejt folyamatra, s így akár adott sejt élettartamára is behatással lehetünk.

Kutatásom során a Hv1 protoncsatorna működési mechanizmusának megfejtése volt a célom. Ennek fő eszköze egy VCF (Voltage-Clamp Fluorometry) nevű technika volt, melynek lényege, hogy a vizsgált fehérje (vagy fehérje alegység) mozgását követjük végig különböző, mesterségesen indukált sejtáramok ideje alatt. Párhuzamosan monitorozható tehát egy adott sejt membránpotenciálja, a rajta átfolyó ionáram, illetve a fluoreszcencia-változás, amit a vizsgált fehérjeegységre kapcsolt festékmolekula (itt: TAMRA) gerjesztés hatására produkál.

A kutatás fő célja azon hipotézis igazolása, miszerint a fent említett módszerrel kimért fluoreszcenciajel alakja azzal magyarázható, hogy az S4 alegység (a négy, Hv1-et alkotó hélix egyike) relatív helyzete megváltozik bizonyos kitüntetett (quencher) aminosavakhoz képest. Ennek a módja indukált mutációk beville a protoncsatorna DNS-kódjába, mellyel megváltoztatható a mért fluoreszcenciajel.

Azt reméljük, hogy a kutatócsoport ezzel a munkával, a Hv1 működésének megértésével hozzájárulhat az ioncsatornák általános működési elveinek megismeréséhez, valamint akár az összetettebb, pl. K^+ és Na^+ csatornák mélyebb megértéséhez is. Ez pedig olyan, kiemelt fontosságú területeken releváns, mint az akciós potenciálok (neuronok, izomsejtek esetén), vagy más, pH függő folyamatok szabályozása.

MARX ANITA

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Kacs Kovics Imre

tanszékvezető egyetemi tanár, ELTE TTK

A humorális immunválasz diverzitásának vizsgálata a B-sejt repertoár új-generációs szekvenálásával

A neonatális Fc receptor (FcRn) az MHC-I. rokon molekulák családjába tartozik, egy α -láncból és ahhoz asszociált β 2m-ből épül fel. Az IgG védelme mellett az antigénprezentációban is fontos szerepet játszik. Kutatócsoportunk már több vizsgálattal bizonyította, hogy fokozott immunválasszal rendelkeznek azok a transzgenikus egerek, amelyek nagymértékben kifejezik a bovin FcRn-t (bFcRn). Jelenleg zajló kísérleteinkben ezen állatok B-sejt repertoárjának diverzitását vizsgáljuk új-generációs szekvenálással (NGS). A keletkező nagy mennyiségű adat feldolgozásához és kiértékeléséhez bioinformatikai elemzéseket végzünk.

Munkám során immunizálatlan egerek repertoárját vizsgáltam két vad típusú és két transzgenikus állat esetén. Ehhez az állatok lépéből CD138⁺ plazmasejteket szortoltam, belőlük RNS-t izoláltam, majd cDNS átírást végeztem és PCR reakcióval állítottam elő a szekvenáláshoz szükséges cDNS könyvtárat. A szekvenálásból származó adatokat végül bioinformatikai elemzéssel értékeltem ki.

Kísérletemben tehát az immunizálatlan állatok B-sejt repertoárjának diverzitását vizsgáltam és megállapítottam, hogy immunizálatlan egerekben nincs jelentős különbség a vad típusú és a bFcRn transzgenikus (Tg) egerek között. Mivel kutatócsoportunk időközben megállapította, hogy az immunizált Tg egerek jóval nagyobb B-sejt diverzitással rendelkeznek, mint a vad típusú társaik, eredményeim alapján elmondható, hogy a jelentős különbség valóban az immunizálás hatására alakult ki.

MAGYAR LILLA-BRIGITTA

Orvosi biológia MSc

Babeş-Bolyai Tudományegyetem

Témavezető:
dr. Kósa Ferenc
adjunktus, BBTE

Amarilliszfélék filogenetikai szelekciója potenciális farmakológiai hatóanyagok felfedezése céljából

Az *Amaryllidaceae* alkaloidokat számos betegség kezelésére használják. Vannak közöttük acetilkolin-észteráz inhibitorok, rákellenes szerek. A több mint 250 ezer ma létező zárvatermő faj közül képtelenség csupán véletlenszerűen új, hatékonyabb növényi alkaloidot találni. A dolgozat célja filogenetikai analízis segítségével potenciálisan alkaloidot tartalmazó fajokat kijelölni a számos gyógynövényt tartalmazó *Amaryllidaceae* családból. A család több törzsét vizsgálták már ezzel a módszerrel. A dolgozatban a *Cyrtanthae* törzs és az alkaloid-bioszintézisben részt vevő két ismert enzim, az NpN4OMT és a CYP96T1 vizsgálatára került sor. Létrehoztam egy filogenetikai vázat, amin feltüntettem az eddig ismert alkaloid-tartalmakat. Mivel a rokon fajok hasonló biokémiai összetétellel rendelkeznek, megbecsülhető a törzsön belül az alkaloid-eloszlás. Ez alapján javaslatot tettem néhány vizsgálatra érdemes fajra.

MITTLI DÁNIEL

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Jubász Gábor**tudományos tanácsadó, CRU Hungary Kft.*

A neuro-immun interakció új lehetősége: Immunsejtek protein hálózatainak expressziója kérgi neuronokban

Az evolúció során több formában is kialakult neuro-immun interakció egy új aspektusát ismerhetnénk meg, ha sikerülne igazolni, hogy neuronok képesek fehérje szinten kifejezni immunsejtek molekuláris hálózatait, ami segítségével direkt kölcsönhatásba léphetnek az immunrendszer sejtjeivel. Ennek lehetőségét a celluláris fenotípusról alkotott legújabb, transzkriptom-alapú elképzelések is valószínűsítik, valamint több sporadikus adat utal arra, hogy a közvetlen molekuláris neuro-immun interakció számos homeosztatis és kóros idegrendszeri folyamatban lényeges szereppel bírhat. Ismert, hogy a betegségek többségét jellemző általános tünetek nagyon hasonlítanak a major depresszióhoz, továbbá bizonyos, főleg a frontális kéreg zavaraira visszavezethető kórállapotokban szintén szerepet kapnak az immunrendszerből jól ismert proinflammatorikus folyamatok. Jelen dolgozatban ezért patch clamp mérésekkel azonosított frontális kérgi piramis sejtekből és fast-spiking interneuronokból származó egy-sejt transzkriptom mintákat elemeztem az immunrendszerben feltárt, immunsejtekre specifikus molekuláris hálózatok mRNS-einek neuronokban történő kifejeződésének igazolására.

A mélységi szekvenálással azonosított 19689 transzkript között megtaláltam több immunsejt-aktivációs és antigén prezentációs fehérjehálózat elemeinek közel 90%-át. Bioinformatikai elemzésekkel igazoltam, hogy csak kevés sejt transzkriptomában magasabb 30%-nál az egyes hálózatok lefedettsége. A vizsgált immunrendszeri géneket átlagosan a sejtek 19,34%-a fejezte ki (ez a szám az összes azonosított transzkript esetében 17,38%, míg a normalizálás során használt gének esetében 66,45%).

A neuronokban tehát nincs gátlás alatt bizonyos immunrendszeri gének mRNS szintű expressziója, viszont az immunsejt tulajdonságok fenotípusos megjelenése feltehetően állapotfüggő és nem generális tulajdonsága az idegsejteknek. Adataim alapján feltételezhető, hogy az immunrendszerhez köthető gének neuronális kifejeződése nem csupán a funkció nélküli transzkripció zaj manifestációja, hanem biológiailag releváns folyamat. Érdemesnek látszik tehát egy új kutatási irányt nyitni a neuronok immunsejtekéhez hasonló fehérjehálózatainak funkcionális feltárása céljából fiziológiás és patológiás állapotokban, amennyiben a vizsgált gének fehérje szintű neuronális expressziójának alternatív módszerekkel történő megerősítése is sikeres lesz.

TRIFÁN ESZTER

Biológia BSc

Állatorvostudományi Egyetem

Témavezetők:

Dr. Gál Anikó

adjunktus, SE

Dr. Pásztor-Kovács Szilvia
tudományos munkatárs, ATE

Autoszómális dominánsan öröklődő mitokondriális betegségek genetikai hátterének vizsgálata újgenerációs szekvenálással

A primer mitokondriális betegségek a mitokondriális genom és a nukleáris DNS (nDNS) mitokondriumok felépítéséért és működéséért felelős proteinek kódoló gének mutációi következtében kialakuló kórképek. A betegség több szervi érintettséggel, multisztémás formában jelentkezik. Hátterében mind domináns, recesszív, X-hez kötött és maternális öröklésment is kimutatható. Bizonyos esetekben ugyanazon gén autoszómális domináns és recesszív formában is öröklődhet. Jelen adatbázisok szerint ez kb. 1500 gént tesz ki, amelyek közül eddig mitokondriális betegségre jellemző klinikai tünetekkel kb. 500-at társítottak.

Munkánk során 51 olyan nDNS által kódolt gént vizsgáltunk, amelyek a mitokondriális replikációért, transzkripcióért, translációért, az mtDNS biogeneziséért, mitokondriális morfogeneziséért és dinamikáért felelős kulcsfontosságú proteinek kódolnak, valamint az irodalmi adatok szerint bennük a patogén mutációk aránya magas.

Vizsgálatunk során arra kerestünk választ, hogy az általunk kiválasztott 51 gén eltérései milyen gyakorisággal és milyen klinikai fenotípussal asszociációban fordulnak elő a magyar betegeink körében.

Vizsgálataink során 46 (18 férfi és 28 nő), multisztémás klinikai képpel rendelkező mitokondriális beteg genetikai analizését végeztük. A betegeknek korábban elvégzett izompatológiai vizsgálat igazolta a mitokondriális betegséget. A DNS-t vérből vagy izomszövetből izoláltuk. A kiválasztott 51 gént újgenerációs target szekvenálással vizsgáltuk. A klaszterek elsődleges bioinformatikai analizését követően a variánsokat a humán referencia genomhoz annotáltuk. Az *in silico* analizis során a ritka (minor allél frekvencia <0.05), magas biológiai jelentőségű nonszensz, misszensz és splice site mutációkra fókuszáltunk. Azon variánsok esetén, amelyeknél az *in silico* analizis patogén mutációnak minősített, Sanger-féle szekvenálással validáltunk, valamint a családi szegregációt elvégeztünk.

46 beteg target NGS vizsgálatának során összesen 205 ritka nonszensz, misszensz és splice site variánsot találtunk. A kohortunkban összesen nyolc betegben, három ismert patogén mutációt azonosítottunk, amely korábban a mitokondriális betegség hátterében ismert kóroki eltérésként igazoltak. E mellett további négy új ritka variáns találtunk, amelyeknek a validálása jelenleg folyamatban van.

Az NGS target szekvenálással a vizsgált betegeink 17,4%-ban találtuk meg a kórkép hátterében álló eltérést. A variánsok további vizsgálata jelenleg folyamatban.

TORMA GÁBOR

Biológus MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Boldogkői Zsolt**tanszékegyetemi tanár, SZTE ÁOK**Dr. Tombácz Dóra**adjunktus, SZTE ÁOK*

A Vakcinia vírus genom és transzkriptom analízise hosszú-read szekvenálással

A poxvírusok téglalakú, burkos vírusok, viszonylag nagyméretű, lineáris dupla-szálú DNS genommal rendelkeznek. E vírus örökítőanyaga - ellentétben a DNS vírusokkal - a fertőzött sejt citoplazmájában replikálódik, s nem a sejtmagban.

A Vakcinia vírus (VV) orvostörténeti szempontból jelentős vírus: sikeresen használták a fekete himlő elleni vakcinázásra, melynek köszönhetően 1980-ra a kórokozót világszerte eradikálták. A VV genom körülbelül 190 kb, s nagyjából 220 fehérje kódoló génje van. Kutatásunkhoz a VV legvirulensebb törzsét, a Western Reserve (WR) törzset használtuk.

A cDNS szekvenáláshoz a jelenleg elérhető harmadik generációs (hosszú-read) szekvenátorokat használtuk: a Pacific Biosciences (PacBio) RSII és Sequel készülékeit, valamint a MinION-t az Oxford Nanopore Technologies-től. A WR törzset CV-1 sejtvonalon szaporítottuk. MRNS-t izoláltunk, majd cDNS-sé konvertáltuk. A PacBio Isoform Sequencing protokollját használtuk a PacBio szekvenálásokhoz, illetve a MinION szekvenáláshoz az ún. 1D cDNS protokollt.

A megszekvenált törzs 194,888 bp-os, 33,3%-os G+C tartalommal. Ez a törzs 163 pont mutációban tér el a referencia genomtól. Emellett 18 inszerciót és négy deléciódetektáltunk.

Eredményeink szerint a teljes vírus genomon komplex transzkripciósi aktivitás zajlik. Számos új transzkriptet és izoformát azonosítottunk, közte alternatív transzkripciósi start és stop helyeket. Olyan, úgynevezett bi- és policisztronos, valamint komplex transzkripteket azonosítottunk, melyek korábban ismeretlenek voltak a VV-nál. Ezek az RNS molekulák rendkívül hosszú transzkripciósi átfedéseket biztosítanak.

MOUSSONG ÉVA

Biológia MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezetők:

Dr. Juhász Gábor

tudományos tanácsadó, ELTE TTK

Dr. Micsnai András

tudományos munkatárs, ELTE TTK

Fehérje- és génhálózatok elemzési lehetőségei

A nagy áteresztőképességű kísérletes technikák lehetővé teszik, hogy élő rendszerek működésének molekuláris hátterét rendszerszinten tanulmányozzuk. Az egy-egy sejtben észlelt fehérjék szabályozási vagy fizikai interakcióiról elérhető adatok segítséget nyújthatnak a molekulák összessége által meghatározott rendszer vizsgálatához. A rendszerbiológiai mérések során előállított adathalmazok nagysága és komplexitása megköveteli a kiértékelés automatizálását, így az elmúlt évtizedek bioinformatikai fejlesztései nyomán számos adatbázis és alkalmazás jött létre ilyen adatok kezeléséhez. Azonban az ezek segítségével végzett elemzések során figyelembe kell vennünk, hogy az adatgyűjtés, -tárolás és -feldolgozás során alkalmazott közösségi standardok nem általánosan elterjedtek; a szövegelemző módszerek nem minden esetben működnek megbízhatóan; és további körülményeket igényel, hogy a rendelkezésre álló kísérletes mérési eredmény a vizsgált rendszernek csak töredékéről hordoz információt.

Munkámban egér prefrontális kérgi idegsejtjeiből származó proteomikai és transzkriptomikai adatok értelmezési lehetőségeit vizsgáltam meg több felhasznált eszköz összehasonlításának és értékelésének céljával. Az elvégzett elemzések rávilágítanak, hogy az ilyen módon kapott eredményeket nagymértékben befolyásolja a választott bioinformatikai módszer és egyazon adatsor alapján különböző hipotéziseket állíthatunk fel. A hipotézisek alátámasztásához és annak megállapításához, hogy emberi szervezetre is értelmezhetőek-e, kísérletes módszerekre van szükség.

A fehérje- és génhálózatok bioinformatikai elemzésének hatékonyabbá és megbízhatóbbá tételének céljával felderítettem a nyilvánosan elérhető fehérje-fehérje interakciós adatbázisokat és az adataik letöltésére és rendszerezésére szolgáló R-kódot és PHP-kódot dolgoztam ki. A rendszerezés segítségével létrehozható összesített adatbázis standard formátumban tartalmazná az interakciós adatokat, lehetővé téve az egységes kezelést és hozzáférhetőséget.

TUKACS VANDA

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Kékesi Adrienna Katalin

docens, ELTE TTK

Krónikus agyi hipoperfúzió által kiváltott szinaptikus proteom változások patkány központi idegrendszerében

A krónikus agyi hipoperfúzió (CCH) egy ischémiás állapot, ahol az agyi véráramlás fokozatosan és tartósan csökken, kognitív károsodást idézve elő, mely vaszkuláris demenciához vagy Alzheimer-kórhoz vezethet. Ezek a neurodegeneratív betegségek a várható élettartam növekedésével egyre nagyobb gazdasági és társadalmi terhet okoznak. Kutatásom a CCH szinaptikus proteomra gyakorolt hatásának felderítésére irányult. Kísérleteinket patkányokon végeztük, az arteria carotis communis-ok elkötése két lépésben, egy hét eltéréssel történt, az elkötések ellenőrzését MR vizsgálatokkal végeztük. A 6-6 műtött és álműtött patkány feláldozása a műtétek utáni 7. héten történt. Három agyterületet vizsgáltunk: a kognitív funkciókért felelős frontális kérget, a hippocampuszt és az okcipitális kérget. Az agyszövetekből való szinaptoszóma preparálást követően a fehérjék elválasztását 2D-DIGE technikával végeztük, majd a szignifikáns mennyiségben változó fehérjék azonosítását LC-MS-sel történt. 32 frontális, 94 okcipitális kérgi és 15 hippocampális fehérje került azonosításra. Az alábbi négy fehérje: Coro1a, Pdia3, Sncα, Dpysl2 mind a három területen változott, az első három protein mutatta a legnagyobb mértékű változást az egyes agyterületeken. Proteomikai eredmények alapján olyan munkahipotéziseket állítottunk fel, amelyek igazolhatóak klasszikus kísérletekkel, továbbá megneveztünk új potenciális gyógyszer-célpontokat, melyek transzlációs vizsgálatokat követően hasznosíthatóak.

SZEITZ BEÁTA

Vegyész MSc
Pannon Egyetem
Mérnöki Kar

Témavezetők:

*Dr. Rezei Melinda
kutató, Lund University, Dept. of Biomedical Engineering
Erika Velásquez
PhD hallgató, Lund University, Dept. of Biomedical Engineering
Dr. Horváth Krisztián
docens, PE MK*

Az Alzheimer kórbán érintett humán entorhinális kéreg proteomikai jellemzése

Az Alzheimer-kór egy gyógyíthatatlan neurodegeneratív betegség, kialakulásának okát és a betegség pontos mechanizmusát a mai napig intenzíven kutatják. Fontos szerepet kap ebben a kutatásban a proteomika tudományterülete. A fehérjekészletben, valamint a fehérjék poszt-transzlációs módosulásában bekövetkező változások vizsgálata révén jobban megérthetjük a betegség során lezajló folyamatokat, valamint potenciális biomarkerek azonosítására nyílik lehetőség.

Munkánk során az Alzheimer-kór korai stádiumában érintett agyterület, az entorhinális kéreg proteomikai analízisét végeztük el. A fehérjék foszforilációjában, valamint a totál proteomban bekövetkező változásokat vizsgáltuk a betegség eltérő stádiumaiban. Összesen 22 humán post mortem agyszövet elemzésére került sor, csoportosításuk a Braak-féle felosztás szerint történt (kontroll, Braak I-II, III, IV, V-VI). A mintákat a Humán Agyszövet Bank (Simmelweis Egyetem, Budapest) biztosította számunkra.

A fehérjeextrakciót SDS-tartalmú pufferrel, az emésztést tripszinnel végeztük. A foszfopeptidek szelektív feldúsítása immobilizált fémion-affinitás kromatográfiával történt (Agilent Bravo AssayMap rendszer). A mérések nano folyadékkromatográfiával csatolt tandem tömegspektrometriával készültek (Ultimate 3000 nanoLC és Q Exactive HF-X MS). A foszfopeptidek tömegspektrometriás analízisére DDA (adatfüggő), a nem foszforilált peptidek analízisére DIA (adatfüggetlen) rögzítési módszert alkalmaztunk. Az automatizált dúsítási protokoll szelektivitását és reprodukálhatóságát technikai ismétlésekkel ellenőriztük.

Az adatok kiértékeléséhez a Proteome Discoverer v2.2, a Spectronaut Pulsar X v12 és a Perseus v1.6.2.2 szoftvereket használtuk. A betegség különböző fázisaiban eltérően expresszálódó fehérjéket azonosítottunk, melyek vizsgálata a hozzájárulhat az Alzheimer-kór jobb megértéséhez.

LISKA ORSOLYA

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Ari Eszter**tanársegéd, ELTE TTK**Dr. Fazekas Dávid**csoporthvezető, ELTE TTK*

Transzkripció szabályozási adatbázis létrehozása kísérletes adatok integrálásával

A transzkripció faktorok kulcsfontosságú szerepet játszanak a génexpressziós mintázat kialakításában. Képesek célgenjeik szabályozó régióihoz specifikusan kapcsolódva aktiválni (esetleg gátolni) azok transzkripcióját, ezáltal részt vesznek a differenciációban és a sejtek környezeti jelekre adott válaszainak kialakításában is. Manapság már rengeteg információval rendelkezünk a transzkripció faktorok működésével kapcsolatban, de nincs olyan központi adatbázis, amely ezeket az adatokat egy helyen gyűjtené. Így a transzkripció faktorok vizsgálata során a kutatók csak több különböző forrásból szerezhetnek információt a fehérjék működéséről, amelyek közül sok nehézkesen kezelhető vagy elavult.

Munkám célja egy transzkripció faktor adatbázis létrehozása, kísérletes adatok integrálása által. Első lépésként megvizsgáltam a jelenleg elérhető transzkripció faktor adatbázisokat. Az egyes adatbázisok mérete és tartalma jelentősen eltér, így igen időigényes megtalálni azokat a forrásokat, amelyek az adott kísérlet szempontjából releváns információt tartalmaznak. Tehát egy egységes, integrált adatszett létrehozása valóban megkönnyítené a transzkripció faktorok vizsgálatát. A második lépés az integrálandó adatbázisok kiválasztása volt. Az általam felállított kritériumrendszer alapján nyolc adatbázist választottam ki. Végül a kiválasztott forrásokat a Python programozási nyelv használatával egységes formátumra hoztam és integráltam. A kísérletes adatok integrálása mellett prediktáltunk transzkripció faktor – célgen interakciókat a ReMap és a GTRD adatbázisokban összegyűjtött CHIP-seq adatok alapján. Ezek a prediktált interakciók különálló adatszettként szerepelnek adatbázisunkban.

Az elkészült TFLink adatbázis két részből áll: egy kísérletesen bizonyított interakciókat és kötőhelyeket és egy prediktált interakciókat tartalmazó adatszettből. Az adatbázis összesen hét jól ismert modellfaj transzkripció faktorjainak genomi kötőhelyeit és célgenjeikkel való interakcióit tartalmazza.

A fent leírt munkafolyamatok közül én végeztem a jelenleg elérhető adatbázisok vizsgálatát, az integrálandó adatbázisok kiválasztását, a kiválasztott források integrálását egységes adatszetté és a transzkripció faktor – célgen interakciók prediktálását.

PÁLINKÁS JÁNOS

Biológia BSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Harami Gábor**tudományos munkatárs, ELTE TTK***A humán BLM helikáz szerepe a homológ rekombináció útvonalválasztásában**

Örökítőanyagunk legsúlyosabb hibájának a DNS kettős száltörést tekintjük. A homológ rekombináció (HR) az élővilágban általánosan előforduló folyamat, mely képes a kettős száltörések hibamentes kijavítására. Emellett eukarióta szervezetekben, meiózis során szintén a HR felel a genetikai variabilitás kialakításáért az indukált kettős száltörések javításakor kialakuló DNS-átkereszteződések létrehozása által. A HR központi résztvevői a RecQ helikázok. E fehérjék képesek a HR során kulcsfontosságú közttermékként kialakuló, D-hurok DNS-szerkezet feloldására vagy kiterjesztésére. A feloldás átkereszteződés nélküli hibajavításhoz, míg a kiterjesztés DNS-átkereszteződéshez és a genomstruktúra változásához vezethet. Az *E. coli* RecQ helikázról korábban kimutattuk, hogy hatékony a D-hurok irányított feloldásában, azonban a család más tagjai eltérő módon dolgozhatják fel a D-hurok szerkezetet: a humán Bloom-szindróma (BLM) helikáz esetében felvetődött, hogy képes lehet a D-hurok kiterjesztésére is.

Munkám céljaként az *E. coli* RecQ és humán BLM helikázok által katalizált D-hurok feldolgozás molekuláris mechanizmusának megismerését tűztem ki. Vizsgálatainkhoz kidolgoztunk egy új, többszenzoros tranziens kinetikai módszert, mely segítségével analitikai pontossággal megállapítható a megoszlás az enzim katalizált D-hurok feldolgozás összes lehetséges útvonala között. Továbbá a természetes fehérjétől eltérő doménfelépítéssel rendelkező enzim konstrukciók létrehozása és vizsgálata révén feltérképezhetővé vált az egyes domének szerepe a D-hurok feldolgozásban.

Eredményeim alapján az *E. coli* RecQ hatékonyan képes a D-hurok feloldására, a BLM helikáz viszont egyensúlyt tart fenn a két ellentétes folyamat – a feloldás és a kiterjesztés – között. Az aktivitásbeli különbségek a konzervált doménszerkezet különbségeiből erednek. Míg az *E. coli* RecQ az ún. HRDC (járulékos DNS-kötő) doménjének köszönheti hatékony D-hurok feloldó aktivitását, a BLM fehérje ugyanezen doménje a D-hurok feloldás és kiterjesztés közötti egyensúly fenntartását teszi lehetővé.

Modellünk szerint a BLM helikáznak ez, az *E. coli* RecQ-nál sokrétűbb működése teszi lehetővé, hogy a fehérje betöltse szerepét az eukarióta HR komplex folyamataiban, szomatikus és meiotikusan osztódó sejtekben egyaránt. Emellett a BLM helikáz számos interakciós partnere képes lehet a fent leírt egyensúlyt eltolni, s ezáltal befolyásolni a HR kimenetelét. Jelenleg az interakciós partnerek hatását vizsgálom a BLM helikáz működésére.

BENE SZABOLCS

Biológia BSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Kiss Ernő**tudományos főmunkatárs, MTA SZBK, Genetika Intézet**Dr. Haracska Lajos**tudományos tanácsadó, MTA SZBK, Genetika Intézet***A Humán Fanconi Anémia nukleáz1 szerepe a DNS hibajavításban**

A Fanconi anémia (FA) egy ritka és súlyos genetikai betegség, melynek hátterében különböző DNS-hibajavító mechanizmusok elégtelen működése áll. A Fanconi anémiás betegek sejtjei a DNS replikációja során bekövetkezett károsodások javításában szenvednek defektust, ezért kifejezetten érzékenyek a különböző DNS-keresztkötő ágensekre. A Fanconi anémia kialakulásáért a Fanconi géncsalád tagjainak mutációi felelősek, melyek FANCA-tól FANCG-ig terjednek és az ezen gének által kódolt fehérjék alkotják a Fanconi hibajavítási útvonalat. A Fanconi útvonal általában a replikációs villa elakadásakor aktiválódik, amely például a DNS láncok közötti keresztkötés kialakulásának eredménye lehet.

A projekt során egy, a Fanconi útvonalhoz kapcsolódó fehérje, a FAN1 (Fanconi-associated nuclease 1) szerepét vizsgáljuk. Bioinformatikai elemzések alapján ismertük meg a fehérje szerkezeti felépítését, két PCNA (Proliferating Cell Nuclear Antigen) interakciós motívumot, azaz PIP motívumot hordoz. A PCNA központi szerepet játszik a DNS replikációban, így e két fehérje kapcsolatának feltérképezése elengedhetetlen. Ahhoz, hogy megismerhessük a PCNA FAN1-re gyakorolt hatását a keresztkötött DNS-hibajavító mechanizmusokban, a következő célokat tűztük ki:

- Vad típusú és PIP motívumában hibás fan1 génkonstrukciókat állítunk elő.
- Ezeket expressziós vektorba helyezve a fehérjéket élesztő sejtekben termeljük és tisztítjuk.
- A tisztított fehérjék nukleáz aktivitását vizsgáljuk.
- Végül a nukleáz teszteket PCNA jelenlétében is elvégezzük.

Ahhoz, hogy a FAN1 szerepét jobban megértsük a DNS láncok közötti keresztkötések kijavításában, a fehérje aktivitását FANCD2 és FANCI jelenlétében is meg kell vizsgálnunk, mivel az e két fehérje által alkotott „ID”-komplex fontos szerepet játszik a FAN1 DNS-sérüléshez irányításában. Ennek érdekében:

- A két fehérjét élesztő sejtekben termeltetjük és tisztítjuk.
- A fehérjék DNS-kötő képességét Electrophoretic Mobility Shift Assay-vel (EMSA) igazoljuk.
- A FANCD2-t monoubikvitináljuk, hogy interakcióját a FAN1 fehérjével igazolhassuk.

A kísérletekhez sikeresen előállítottam a fan1 gén több különböző PIP motívumában mutációt hordozó verzióját tartalmazó plazmidot mutagén PCR segítségével. Ezen mutáns variánsokat élesztő expressziós vektorokba helyeztem és sikeresen tisztítottam *S. cerevisiae* sejtekből, a vad típusú FAN1, FANCD2 és FANCI fehérjékkel együtt. A tisztított fehérjék DNS kötő képességének igazolására EMSA tesztet hajtottam végre.

BRANDUS BIANCA

Biológia MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

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

A komplement H-faktorial rokon FHR1 fehérje kölcsönhatása bakteriális ligandumokkal

A komplementrendszer a veleszületett immunitás humorális elemeként azonnal felveszi a harcot a szervezetbe kerülő kórokozókkal szemben. Az evolúció során azonban számos patogén fejlesztett ki olyan mechanizmusokat, melyek révén képesek elkerülni a komplement támadását. Gyakori stratégia az alternatív út fő szabályozó fehérjéjének, a H-faktornak (FH) a megkötése, melynek következtében csökken a komplementaktiváció mértéke a kórokozó felszínén. A FH mellett emberben öt H-faktorial rokon (FHR) fehérjét azonosítottak, melyek funkciója nagyrészt ismeretlen. Ezek a fehérjék a FH-hoz hasonlóan kizárólag ún. complement control protein (CCP) doménekből épülnek fel. Az FHR fehérjékből hiányoznak a FH komplementgátló aktivitásáért felelős doménjei, míg a ligandum- és felszínfelismerő domének nagymértékben megőrződtek. Feltételezéseink szerint regulátor domének hiányában az FHR fehérjék nem képesek gátolni a komplementaktivációt a mikrobiális felszínen, így „felfedik” a mikroorganizmust a komplementrendszer számára.

Hipotézisünk igazolására célul tűztük ki az FHR1 és bakteriális FH-kötő fehérjék (OspE, GBS-enoláz, LigA, LigB, LcpA) közötti interakció vizsgálatát és az FHR1 komplementaktivációra gyakorolt hatásának megismerését.

Kísérleteim során kimutattam az FHR1 kötődését különböző bakteriális fehérjékhez mind humán szérumból, mind rekombináns formában, valamint az FHR1 és a FH bakteriális ligandumokért folytatott kompetícióját, melynek következtében csökkent a FH komplementgátló hatása. Végül az FHR1 komplementaktivációra kifejtett hatását vizsgáltam, melynek során az FHR1 növelte a C3-, illetve B-faktor lerakódás mértékét a bakteriális ligandumokon.

A kutatásaink során született új eredmények alátámaszthatják azt a hipotézist, miszerint az FHR fehérjék azért jelentek meg az evolúció során, hogy a FH bakteriális felszínekről történő leszorítása révén, illetve a közvetlen komplementaktiváció fokozása által védjék a gazdaszervezetet a különböző kórokozókkal szemben.

ANTAL EMŐKE

Génebeszet BSc

Sapientia Erdélyi Magyar Tudományegyetem

Csíkszeredai Kar

*Témavezető:**Dr. Miklóssy Ildikó**adjunktus, EMTE CSK*

Anyagcseremérnökségben alkalmazható malonil-KoA-reduktáz expressziója és jellemzése

Napjainkban az ipari eljárások, bioszintetikus folyamatok nagy része az enzimeken alapszik. A genetikai mérnökség lehetővé tette különböző bioszintetikus útvonalak módosítása mellett (génkiütés, génbevitel) a biokatalízisekben résztvevő enzimek módosítását, vizsgálatát is. Lehetőségünk van az enzimek szerkezetét megváltoztatva akár teljesen új tulajdonsággal rendelkező enzimek létrehozására (fehérjemérnökség) de képesek vagyunk egyes tulajdonságok módosítására is ezáltal nagyobb aktivitást, magasabb hőstabilitást nagyobb szubsztrát felhasználási rátát érhetünk el. Számos enzim fontos szerepet tölt be a különböző bioszintetikus folyamatokban, az anyagcseremérnökség tárgyát képező termelő törzsek előállításánál is a különleges tulajdonságokkal rendelkező enzimek felhasználása elsődleges fontossággal bír.

A malonil-KoA alapköve a zsírsavszintézisnek valamint prekurzora nagyon sok a gyógyszerészet és az ipar szempontjából fontos, értékes vegyületnek, mint a poliketidek és a biopolimerek. A malonil-KoA-reduktáz (Mcr, EC 1.2.1.75) enzim funkcionális domén elemzése kimutatta, hogy az Mcr enzim N-terminális régiója (McrN, 1-549 aminosavak) és a C-terminális régiója (McrC, 550-1220 aminosavak) funkcionális szempontból különállók.

Számos enzim fontos szerepet tölt be a különböző bioszintetikus folyamatokban, az anyagcseremérnökség tárgyát képező termelő törzsek előállításánál is a különleges tulajdonságokkal rendelkező enzimek felhasználása elsődleges fontossággal bír. A kutatási munkánk során magas hozzáadott értékű vegyipari termékek (1,4-butándiol) szintézisében alkalmazható heterológ útvonalban résztvevő Mcr (malonil-KoA-reduktáz) enzim és alegységeinek (McrC, McrN) heterológ expresszióját, a termelt enzimek specifikus tisztítási módszerekkel való elválasztását (affinitáskromatográfia), majd az egyéni fehérjetulajdonságok és enzimkinetikai paraméterek meghatározását valósítottuk meg.

VARGA BENCE

Biológus MSc

Szegeci Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Kiss Antal**emeritus kutatóprofesszor, MTA SZBK, Biokémiai Intézet**Albert Pál**PhD hallgató, MTA SZBK, Biokémiai Intézet***Egy DNS-metiltranszferáz enzim cirkulárisan permutált változatai**

Emlősök DNS-ében a 5'-CG-3' dinukleotidokban lévő citozinok egy része metilált formában található. A DNS metilációnak, mint az epigenetikus szabályozás legjobban ismert elemének fontos szerepe van alapvető biológiai folyamatokban (pl. egyedfejlődés, szövetspecifikus génkifejeződés, egyes betegségek). A citozin – C5-metilcitozin átalakulást CG-specifikus DNS metiltranszferázok (MTázok) katalizálják. A DNS metiláció biológiai szerepének vizsgálatában sokat segítene, ha a genom kiválasztott rövid szakaszait, vagy akár egyetlen CG helyet szelektíven tudnánk metilálni. Munkacsoportunk célja az irányított DNS metiláció módszerének javítása, specifikitásának növelése. A munkánkban felhasznált egyik enzim az M.SssI nevű bakteriális C5-MTáz, melynek specifikitása (5'-CG-3') megegyezik az emlősökben található MTázokéval, így alkalmas lehet az emlős DNS metiláció vizsgálatára. Az M.SssI érdekes tulajdonsága a fragmentumkomplementációra való képesség, vagyis az, hogy a fehérje egyes, önmagukban inaktív fragmentumai képesek aktív enzimmé összeépülni. Azt kívántuk megvizsgálni, hogy a fragmentumkomplementáció jelensége kihasználható-e az irányított DNS metiláció specifikitásának növelésére. Munkánkat hátráltatta az M.SssI-ből képzett C-terminális fragmentumok gyenge oldhatósága. Feltételeztük, hogy a rossz oldhatóságért az enzim C-terminális, sok hidrofób oldallánccal rendelkező α -hélixének molekulakörnyezetéből való kiszakítása felelős. Ez a probléma elvben megoldható, ha a komplementáló fragmentumokat az enzim cirkulárisan permutált változataiból készítjük. A rendelkezésünkre álló szerkezeti információk alapján az M.SssI N- és C- terminális végei térben közel helyezkednek el egymáshoz, ami azt sugallta, hogy a cirkuláris permutáció (CP) nem fog a fehérjeszerkezet jelentős torzulásával jární és a CP változatok megőrizhetik enzimaktivitásuk legalább egy részét. Hét különböző cpM.SssI változatot készítettünk arra ügyelve, hogy az átrendezés ne sértse a konzervált motívumok folytonosságát. A hétből hat CP változat kimutatható DNS-MTáz aktivitással rendelkezett és a CP változatokból sikerült komplementáló fragmentumokat előállítanunk. Ezek az eredmények új bizonyítékot szolgáltatnak a C5-MTázok rendkívüli szerkezeti plaszticitására. Munkánk során baktériumok tenyésztése, plazmidkonstrukciók létrehozása és megtervezése, restrikciós emésztések kivitelezése, plazmidok izolálása, PCR reakciók végrehajtása, agaróz és poliakrilamid gélelektroforézis tartozott a feladataim közé.

NAGY ZSUZSÁNNA

Biológus MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Lipinszki Zoltán**tudományos főmunkatárs, MTA SZBK**Dr. Udvardy Andor**emeritus professzor, MTA SZBK***Egy újfajta fehérje jelölési, immundetektálási és tisztítási rendszer kidolgozása**

Az életünk folyamán sejtjeink fehérjéket termelnek, melyek olykor csak rövid ideig látnak el funkciót, vagy a szintézis során akár sérülhetnek is. A rövid életidejű, valamint sérült fehérjéket a sejt visszafordíthatatlanul lebontja. Ebben vesz részt a kétkomponensű, ún. ubiquitin-proteaszóma rendszer, melynek első eleme biztosítja a specificitást, az által, hogy a lebontandó fehérjékre egy poliubiquitin láncot kapcsol (ubiquitiláció). Ezt a címkét ismeri fel a második komponens, amely a megjelölt szubsztrátumot 7-8 aminosav hosszúságú peptidre darabolja (26S proteaszóma). A poliubiquitin lánc felismerését egy konzervált és létfontosságú proteaszóma alegység, a p54 receptor végzi.

A p54 funkcionális vizsgálata során laboratóriumunk több olyan monoklonális ellenanyagot (mAb) készített, amelyek a p54 fehérjét képesek felismerni. Ezek közül az egyik rendkívüli specificitással működik, ezért összehasonlítottam a kitisztított anti-p54 mAb-ot egy széleskörben használt, kereskedelmi forgalomban kapható, szintén 8 aminosavnyi epitópot felismerő mAb-gal, az anti-FlagM2-vel. Korábbi munkák során kiderült, hogy e mAb-nak az epitópja a p54 karboxil-terminális felében található, de pontos helyét és aminosav összetételét nem ismertük. Munkám során rekombináns DNS és fehérjebiológiai technikákat alkalmazva meghatároztam az epitóp pontos helyét és 8 aminosavra szűkítettem annak szekvenciáját. GST modellfehérje karboxil-terminálisához fuzionáltatva az epitópot kimutattam, hogy ez a 8 aminosavnyi címke szükséges és elégséges a fúziós fehérje immundetektálásához. *Ecetmuslica* és emlős sejtek lizátumát Western-blot technikával vizsgálva kimutattam, hogy az általunk jellemzett ellenanyag sokkal kisebb specificitást mutat, mint az anti-FlagM2. Ebből következik, hogy az anti-p54 mAb és 8-mer epitópja egy alternatívája lehet a Flag vagy más kisméretű fehérje-címkézési (pl. HA, Strep, His, stb.) rendszereknek, és kiválóan alkalmas lehet *in vivo* jelölésre és detektálásra. Ezt bizonyítandó, készítettem egy bakteriális expressziós vektort, amely segítségével az epitópot bármely tetszőleges fehérje N-terminálisára tudjuk fuzionáltatni majd kifejezteni (ennek tesztelése folyamatban van). Jövőbeni terveim között szerepel különféle eukarióta (pl. *muslica*, emlős sejtek, stb.) expressziós vektorok készítése és annak tesztelése, hogy az epitóppal megjelölt fehérjék alkalmasak-e immunoprecipitációra, Western-blot analízisre vagy egyéb immunológiai jelölésre.

BILICS VIKTÓRIA

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Nyitrai László**egyetemi tanár, ELTE TTK**Gógl Gergő**tudományos segédmunkatárs, ELTE TTK*

Sejtes RSK1 aktivitás szenzor létrehozása

A bimolekuláris fragment komplementáción alapuló rendszerek (BiFC) az elmúlt évtizedben nagy szerephez jutottak, mivel a segítségükkel viszonylag könnyen lehet azonosítani sejteken belül interakciókat. A módszer limitációja a statikusság, amely a fragmensek irreverzibilis asszociációja miatt alakul ki. Ezt a hátrányt küszöböli ki a NanoLuc luciferáz enzimen alapú BiFC módszer, amely dinamikus jellege révén lehetővé teszi a gyenge és stimuláció függő komplexek valós idejű kinetikai nyomon követését élő sejtekben.

Ezt a rendszert alkalmaztam a RAS/ERK effektor kináz RSK1 (Ribosomal protein S6 kinase alpha-1) aktivitásának követésére. A kináz aktivációja során autofoszforilálja a C-terminálisát, ami számos kölcsönhatás létrejöttét indukálja vagy szünteti meg. A dolgozat középpontjában az RSK1-nek és az egyik interakciós partnerének, a SYNJ2BP-nek (Synaptojanin-2-binding protein) a vizsgálata áll. A munkám során az elsődleges célom azt volt, hogy létrehozzak egy olyan sejtes szenzort, melynek a segítségével sejtekben tudom nyomon követni az RSK1 és a SYNJ2BP fehérjék közötti kölcsönhatást. Ehhez először *in vitro* méréseket végeztem, mely során sikerült reprodukálnom, hogy a SYNJ2BP abban az esetben kötődik az RSK1-hez, ha annak PBM doménje foszforilálva van. A mérés során új eredménynek számított az eddig nem ismert minor foszforilációs helyek hatásának a kimérése. Ezt követően létrehoztam egy interakciós szenzort, mellyel a komplexképződést tudtam monitorozni és ennek segítségével a kölcsönhatást direkt és indirekt módon befolyásoló mutációk hatását vizsgáltam. Végül pedig a BI-D1870 nevű specifikus inhibitor kölcsönhatásra gyakorolt hatását vizsgáltam, mely eredményből egyértelműen kiderült, hogy főként az RSK1 NTDK felelős a PBM autofoszforilációjáért.

In vitro mérés során kimutattam, hogy a SYNJ2BP PDZ-doménje mely esetekben kötődik, illetve nem kötődik az RSK1 peptidhez.

A sejtes mérések során kimutattam, hogy az interakciót direkt (D187A, D535A, L714E, T573E) és indirekt (K695A, Y702A, P682S, S457L, A609E, Y248C) befolyásoló mutációknak milyen hatásuk van a kölcsönhatásra. Továbbá kimutattam, a BI-D1870 inhibitor hatását az interakcióra.

MÜLLER ANNA

Biomérnök BSc

Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi Egyetem

Vegyészmérnöki és Biomérnöki Kar

*Témavezető:**Dr. Tusnády Gábor**tudományos főmunkatárs, MTA TTK, Enzímológiai Intézet*

Specifikus aminosav jelölési stratégia fejlesztése és kiterjesztése humán plazmamembrán transzmembrán fehérjék vizsgálatára

Kutatócsoportunk által korábban kifejlesztett nagyátersztő képességű kísérletek lényege, hogy az ép sejtek plazmamembrán fehérjéinek extra-citoszólíkus oldalon hozzáférhető lizin oldalláncait biotin funkció csoportot tartalmazó speciális reagenssel jelölik. A sejtek lizálása, membránpreparátumok készítése és a jelölt peptidek tisztítása után tandem tömegspektrometria segítségével azonosítják a jelölés szekvencián belüli helyét.

Munkám során célul tűztem ki egy újfajta jelölési stratégia kidolgozását, amely az aszparaginsav és glutaminsav oldalláncok hasonló módon való jelölésére, módosítására épül. A karboxil csoportok irodalmi adatok alapján csak több lépésben módosíthatóak, előbb egy aktiválási, majd egy jelölési műveletet kell alkalmaznunk.

A stratégia kifejlesztését egy egyedi tisztított modellfehérjén kezdtem, majd az egyes paraméterek optimalizálását követően élő sejteken végzett kísérletekkel folytattam. A vizsgálandó transzmembrán fehérjék izolálását követően, a jelölt pozíciók dúsítására az ismert nagy affinitású avidin-biotin kölcsönhatáson alapuló affinitás kromatográfiát alkalmaztam, amelynek segítségével specifikusan megkötöttem a biotinált oldalláncot tartalmazó peptideket. Eluálásakor egy redukációs lépésben hasadnak el a jelölő reagensben lévő diszulfid hidak, a keletkezett eluátumban a kovalens módosítást tartalmazó peptidek HPLC-MS/MS módszerrel azonosíthatóak.

A transzmembrán fehérjék extracelluláris oldalán levő karboxil oldalláncok specifikus jelölésével lehetőségünk nyílt a jelölt fehérjék szerkezetének a jobb megismerésére, mivel az azonosított pozíciókat extracelluláris megszorításként lehet használni a CCTOP topológia becslő algoritmusban. Megmutattam, hogy a karboxil oldalláncok jelölése egy lehetséges alternatívája az eredeti kísérleti protokollnak.

BALOGH FANNI

Biológus MSc

Szegei Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Tóth András**tudományos munkatárs, SZTE TTIK***Szulfid kinon oxidoreduktáz C-terminális domén funkcionális analízise**

A rendkívül ősi, az élővilág szinte összes csoportjában megtalálható membrán kötött szulfid kinon oxidoreduktáz (Sqr) enzimek a szulfid oxidációjának katalízisével, illetve az ekkor felszabadított elektronokkal fontos szerepet játszanak számos élőlény anyagcsere és fiziológiás folyamatában. Az Sqr enzimek működésében fontos a keveset vizsgált C-terminális domén, amely több funkciót is betölt: részt vesz a kinon kötő hely kialakításában, a membrán külső oldalához való kötődésben és az ezt megelőző membrán transzlokációjában is. A fotoszintetikus bíbor kénbaktérium *Thiocapsa roseopersicina*ban található egy az Sqr fehérjék VI. típusába sorolható enzim (SqrF). Egyik célkitűzés az SqrF fehérje C-terminális domén funkciójának vizsgálata. Feltételezhető, hogy a V331, I333 és az F366 apoláris aminosavak részt vesznek a kinon kötő hely kialakításában. Munkámban ezen aminosavak funkcióját elemeztem. Vizsgáltam a fehérje C-terminális végén található α -hélix szerepét az enzim működésében és a membránnal való kölcsönhatásában. Ezen fehérjék többségében nem azonosítható szignál szekvencia, így nagy jelentősége van a membránon való transzlokációhoz szükséges információt hordozó elem azonosításának, ami modellünk szerint a fehérje C-terminális α -hélice lehet.

Munkám során elkészítettem Strep II affinitás taggel fuzionáltatott V331A, F366A mutáns SqrF változatokat termelő *T. roseopersicina* törzseket. Affinitás kromatográfiával tisztított mutáns és vad típusú SqrF fehérjéket denaturáló és natív gélelektroforézissel, abszorbancia spektroszkópiával vizsgáltam, valamint jellemeztem biokémiai és enzimkinetikai tulajdonságaikat. Eredményeim igazolták a vizsgált aminosavak szerepét az enzimnek a kinon szubsztráttal való kölcsönhatásában és így a működési folyamatában. Előállítottam C-terminális α -hélixben deléciós (DCT) SqrF fehérjét termelő *T. roseopersicina* törzset is. A DCT mutáns enzim a vad típusú fehérjéhez hasonlóan képes kötődni a sejtmembránhoz, ennek elhelyezkedésének irányát vizsgáltam. A DCT mutáns SqrF biokémiai és katalitikus analízise megmutatta, hogy a C-terminális α -hélix hiányában is működőképes az enzim, azonban stabilitása és működési mechanizmusa ebben a formában eltérő lehet a vad típusú SqrF enzimétől. Eredményeim igazolták a C-terminális domén szerepét a VI. típusú Sqr enzimek kinon szubsztráttal való kölcsönhatásában, és új adatokat szolgáltatottak ezen fehérjék membrán transzlokációs és membrán kötődési folyamatainak felderítéséhez.

KÓSZEGI HANNA

Biológia BSc

Állatorvostudományi Egyetem

Témavezetők:

Dr. Andics Attila

tudományos munkatárs, ELTE TTK

Dr. Claudia Fugazza

tudományos segédmunkatárs, ELTE TTK

A kutya (*Canis lupus familiaris*) referenciális szóértési képességének etológiai vizsgálata

A szóértés képessége általában a beszéd képességével szorosan összefüggőnek gondolt, csak az emberi fajnak tulajdonított képesség. Azonban híressé vált néhány kiemelkedő képességű kutya, amelyek bizonyítottan több száz tárgyra vonatkozó szót ismernek, és képesek megkülönböztetni a tárgyakat a kimondott nevük alapján, megértve a szó és tárgy közötti referenciális viszonyt. A kutyák szóértési képességéről általánosságban azonban nem sokat tudunk – vajon ez csak néhány egyedre jellemző kivételes képesség, vagy a kutyában, mint fajban megtalálható képesség lehet?

Kutatásunk célja az volt, hogy átfogóbb képet kapjunk a kutyák tárgyakra vonatkozó szóértési képességéről, a szavak és tárgyak közötti referencia megértéséről. Ennek első lépése átlagos családi kutyák nagyobb számban való, szó-tárgy kapcsolatokra vonatkozó ismeretet tesztelő viselkedéses vizsgálata volt. A résztvevő kutyák (N=14) – a gazdáik állítása szerint – megbízhatóan ismerték legalább két tárgy/játék nevét. A kísérlet során a kutyáknak hozniuk, illetve nézniük kellett a két tárgy közül a kért tárgyat. A kutyák számára elérhető emberi vizuális jelzéseket kontroll alatt tartottuk, ezzel kizárva az 'Okos Hans' hatás lehetőségét.

Az eredmények alapján ezen kutyák szó-tárgy kapcsolatokra vonatkozó tudása nem stabil. Egyéni szinten a többségük nem volt képes a helyes tárgy szignifikánsan véletlen szint feletti kiválasztására. Ez arra utal, hogy az, amit a gazdák a kutyák szóértésének tulajdonítanak, gyakran csak az emberi testjelzések használatának és/vagy a tárgyak egy adott kontextussal való összekapcsolásának eredménye. Csoport szinten azonban a kutyák szignifikánsan többször választották a kért tárgyat, mind a hozási (p=0.006), mind a nézési (p=0.013) feladatban. Ez azt jelezheti, hogy a kutyáknak valóban meglehet az a képessége, hogy megértsék a szavak és tárgyak közötti referencia viszonyt. Az, hogy a kutyák nyitottá váljanak tárgynevek megtanulására, nem egy magától értetődő adottságuk, de a megfelelő tanítás segítségével lehetőségük nyílt felismerni, hogy a szavak tárgyra utalhatnak, és ezáltal szóértési képességük felszínre hozható lehet.

SZTRUHALA SÁRA

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Pongrácz Péter

egyetemi docens, ELTE TTK

A kutya utódgondozó magatartása – a kölykök fejlődését befolyásoló szociális tényezők

A kölyökkutyák etológiai vizsgálata során eddig főképpen a szocializáció hatásait, illetve kutyák és farkasok összehasonlításával a szociokognitív képességeket kutatták.

A társkutyák utódgondozó magatartása, különös tekintettel az elválasztás előtti kölykök és a családban élő egyéb kutyák közötti interakcióira, gyéren kutatott terület maradt. Kutatásomban tenyésztőknél született kölyökkutyára vonatkozóan, az alábbi kérdésekre kerestem a választ:

(1) A tenyésztők által alkalmazott különböző tartási módszerek miként befolyásolják a kölyökkutyák szociális fejlődését?

(2) Megjelenik-e az alloparentális utódgondozás az emberi ellenőrzéssel szaporodó kutyáknál?

(3) Milyen tulajdonságok befolyásolják a felnőtt kutyák viszonyát a kölykökkel?

Ehhez e-kérdőívet használtam, amelyet 11 ország 77 tenyésztője töltött ki; 45 kutyafajtából gyűjtöttem adatot. A tartási módszerek összevetésével végzett vizsgálat megerősítette a korábbi eredményeket, melyek szerint a kölyköket érő szociális ingerek hatással vannak a kölykök viselkedésére. Azok a kiskutyák, amelyek nincsenek elválasztva a többi kutyától érzelmileg és viselkedésben is stabilabbak, mint az elkülönítetten, ingerszegényebb környezetben nevelkedő társaik. Az eredményeim szerint az alloparentális utódgondozási forma (az anyán kívüli egyedek is szoptatnak, visszaöklendeznek) a tenyészetek nagyobb részében megjelenik. Az alloparentalítás ilyen mértékű elterjedtsége a kutyánál a tudományban eddig nem publikált, mondhatni meglepő eredmény.

JALOVECZKI BOGLÁRKA

Biológus MSc

Állatorvostudományi Egyetem

Témavezetők:

Dr. Hettyey Attila

tudományos főmunkatárs, MTA ATK NÖVI Lendület Evolúciós Ökológiai Kutatócsoport

Ujszegi János

tudományos segédmunkatárs, MTA ATK NÖVI Lendület Evolúciós Ökológiai Kutatócsoport

Dr. Szabó Péter

docens, ATE

Ebihalak melegkedvelő viselkedésének hatása a *Batrachochytrium dendrobatidis* kétéltű patogén gombával való fertőzöttségre

A kétéltű-populációk hanyatlásának egyik vezető oka a kétéltűeket fertőző *Batrachochytrium dendrobatidis* (Bd) nevű gomba, és az általa okozott kitridiomikózis nevű fertőző betegség, aminek megjelenése frissen átalakult és ivarérett kétéltűek esetében tömeges pusztuláshoz vezethet. Ismert azonban, hogy a kétéltűek kedvelik, vagy legalábbis elviselik az olyan meleg környezetet, ami a Bd számára már nem megfelelő. Emellett a fertőzött egyedek több időt tölthetnek meleg helyeken, mint egészséges társaik („viselkedési láz”). Ezen ismeretek elmélyítése segíthet a fertőzés terjedése elleni küzdelemben. Kísérletesen vizsgáltuk barna varangy (*Bufo bufo*) ebihalak hő-preferenciáját, viselkedési láz jelenlétét, valamint, hogy a választott hőmérséklet befolyásolhatja-e a fertőzöttséget. Laboratóriumban nevelt ebihalak felét Bd-vel fertőztük, majd a fertőzött és a Bd-mentes környezetben nevelt ebihalakat 4 napra egyesével csatornába helyeztük, amelyekben kb. 20-32 °C-ig terjedő hőmérsékleti gradienst, vagy a gomba számára ideális, homogénen 20 °C-ot alakítottunk ki. Az ebihalak viselkedését kamerával rögzítettük, a fertőzés prevalenciáját és intenzitását qPCR segítségével becsültük. Az ebihalak fertőzéstől függetlenül 25-27 °C közötti hőmérsékletet preferáltak. A kísérlet végére a hőmérsékleti gradiensben tartott ebihalak 12,5 %-a, míg a homogénen alacsony hőmérsékleten tartott egyedek 31,25 %-a maradt fertőzött. A barna varangy ebihalak esetében tehát nem tapasztaltunk viselkedési lázat, de az általuk választott hőmérséklet magasabb volt, mint ami a Bd számára optimális, ami megfelelő hőmérséklet-kínálat esetén hozzájárulhat a fertőzés leküzdéséhez.

CZAKÓ LENKE

Állatorvos osztatlan képzés

Állatorvostudományi Egyetem

Témavezetők:

Dr. Adorján András

tanszéki állatorvos, ATE

Dr. Kubinyi Enikő

tudományos főmunkatárs, ELTE TTK

Egy új hazai kezdeményezés: Kutya Agy- és Szövetbank létesítése és működtetése

Az ELTE Etológia Tanszékén működő, kutyaetológiai kutatásokat folytató Családi Kutya Program részeként 2016-ban létrejött Szenior Családi Kutya Program célja a kutyák öregedési folyamatainak minél mélyrehatóbb megismerése. A kutatás nem invazív módszereinek kiegészítésére jött létre 2017-ben a Kutya Agy- és Szövetbank (röviden: Agybank), amely már közvetlen információval szolgál az agyban zajló folyamatokról.

Humán agykutatások segítésére régóta működnek agybankok a világ különböző pontjain. Ezen agybankok tapasztalatait felhasználva, ám mégis egyedi, saját módszereket alkalmazva jött létre a Kutya Agy- és Szövetbank.

A több állatorvosi rendelővel megvalósult jogilag és etikailag is stabil kapcsolat következtében a beteg vagy öreg kutyák gazdái eutanázia után felajánlhatják állataikat az Agybank számára. Az állatorvos a tulajdonos beleegyezésével információt szolgáltat a kutya körelőzményéről, betegségeiről, esetleges viselkedésbeli anomáliáiról, így támogatva a kutatók munkáját. A mintavétel állatorvosi részvétellel történik. Az agy kiemelésén kívül összehasonlítható vizsgálatok elvégzése céljából mintavétel történik többek között a temporális izomzatból, a pajzsmirigyből, retropharyngeális nyirokcsomóból, ganglionokból, bőrből, szőrből és liquorból. A makroszkópos elváltozások értékelésén túl a mintákat szövettani, valamint különböző molekuláris biológiai módszerekkel is vizsgálják.

A minták feldolgozása nagyban függ a post mortem eltelt időtől. A 4 órán belül feldolgozott minták RNS vizsgálatokra is alkalmasak (ahogy ezt a validálási folyamat során a vizsgálataink megerősítették), míg 4 óra elteltével csak formalinos fixálásra kerül sor. 2018 szeptember végéig összesen 39 olyan felajánlás érkezett az Agybankba, ahol a 4 órán belüli mintavételezés lehetséges volt, további 77 esetben pedig a 4 órán felüli feldolgozásból formalin fixált minták készültek.

Az Agybank öregedés- és viselkedéskutatásban betöltött szerepe mellett a jövőben megteremtheti bármely hasonló kutatás alapját, emellett alapot nyújthat többek között az agyban zajló különböző neurodegeneratív betegségek kutatásához.

Munkám során részt vettem számos mintavételnél, mintafeldolgozásnál, valamint a validálási folyamat részét képező RNS izolálásban. Mindezek részletezésén túl dolgozatom célja bemutatni az Agybank létrehozásának szükségességét, körülményeit, illetve működésének részleteit, továbbá ezen úttörő kezdeményezésnek a tudományban betöltött jelenlegi, valamint a jövőben várható szerepét.

TURZÓ ANDREA

Számítógépes és kognitív idegtudomány MSc
Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi Egyetem
Természettudományi Kar

*Témavezető:
Andics Attila
tudományos munkatárs, ELTE TTK*

Hangingerek feldolgozásának pszichofiziológiai mutatói kutyáknál

A TDK dolgozatban bemutatott kísérletekben stresszt kiváltó hangingerek feldolgozásának pszichofiziológiai mutatóit vizsgáltuk meg kutyáknál. Kutatásunk volt az első olyan próbálkozás, amelyben mozdulatlanságra tréningezett állatoknál elektrokardiogramot (EKG) vizsgáltunk. Az volt a célunk, hogy pszichofiziológiai mérésekkel is kimutassunk kutyák esetében olyan hangok által kiváltott stresszt, amikről viselkedéses tesztekben már tudjuk, hogy stresszelőek. Ha sikerül kimutatni, akkor ez a módszer alkalmazható lesz más esetekben is stresszes állapotot előidéző ingerek kimutatására.

ZSILÁK BORBÁLA ANNA

Biológia MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezetők:

Dr. Gerencsér Linda

tudományos segédmunkatárs, ELTE TTK

Dr. Miklósi Ádám

tanszékvezető egyetemi tanár, ELTE TTK

Jutalmazó ingerekre mutatott egyedi különbségek vizsgálata kutyán a jel-követő/cél-követő viselkedéses paradigma alkalmazásával

Napjainkban hatalmas térhez jutott a pozitív megerősítésen alapuló jutalmazó kiképzési módszerek alkalmazása kutyák körében, ennek ellenére kevés a tudományos ismeretünk ezen módszerek hatásairól. Mivel a jel-követő/cél-követő fenotípus egy jól használható állati modellt ad annak vizsgálatára, hogy a kísérleti alany a jutalomhoz kapcsolt környezeti ingert milyen mértékben hajlamos vonzó tulajdonsággal felruházni, ezért kutyákkal (*Canis familiaris*) végzett kísérletünk eszközeként mi is ezt a viselkedéses paradigmát alkalmaztuk. Célunk az volt, hogy létrehozzunk egy olyan kísérleti elrendezést a jel-követő/cél-követő paradigma használatával, mely alkalmas annak vizsgálatára, hogy a kutyák kísérlet során mutatott viselkedésmintázatában való esetleges egyedi eltérések összefüggésbe hozhatók-e az egyedek jutalmazó ingerekre mutatott érzékenységgel. A behívott kutyákat egy előzetes kérdőíves vizsgálat alapján választottam ki (N=42), és bár nem találtam szignifikáns összefüggést a kérdőívvel mért, jutalomra mutatott válaszkészségük és a tesztben mutatott viselkedésük között, azonban az eredmények megmutatják, hogy a két vizsgálati alkalom során a kutyák viselkedése konzisztensnek tekinthető, tehát alkalmas az általunk kidolgozott eljárás az egyedek közti különbségek kimutatására, használatával azonosítani tudunk "jel-követő" és "cél-követő" egyedeket.

IVÁN KATALIN

Biológia - kémia tanár osztatlan képzés
Debreceni Egyetem
Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezető:
Dr. Tökölyi Jácint
adjunktus, DE TTK*

**Kor hatása nyeles hidra (*Hydra oligactis*) polipok ivarérésére és posztrepro-
duktív összejtdinamikájára**

A dolgozatom a *Hydra oligactis*, nyeles hidra összejtdinamikájának tanulmányozásával foglalkozik. Az összejtek fontos szerepet játszanak a többséjtű élőlényeknél a szervezet integritásának fenntartásában és regenerálásában. A hidrák esetében magasfokú regeneráció figyelhető meg, ez a testükben található összejtekkel vagyis interszticiális sejtekkel valósul meg. Ezzel magyarázható, hogy standard laboratóriumi körülmények között az öregedést nem mutatnak. Ugyanakkor az egyik hidra faj esetén, mely vizsgálatom tárgya, megfigyelhető hidegben, számukra kedvezőtlen körülmények között, az ivaros szaporodás és az ezzel együtt járó összejtszám és regenerációs képesség csökkenés és megnövekedett halálozási ráta. Vizsgálatom célja annak kiderítése volt, hogy vajon a csökkent életkor hogyan viszonyul az összejtek számához, így leírhatóvá és elemezhetővé tenni a különböző hidrák összejtdinamikájának törvényszerűségeit. Bár az összejtdinamikát már vizsgálták laboratóriumi labortörzsekben, de az ivarérésben és öregedésben megfigyelhető összejtdinamikai változások egymással való összefüggéseinek ismerete nagyon hiányos.

A kísérletemet 2 hím és 2 nőstény vonallal végeztem, melyeket, alanyait ivartalan szaporodással létrehozott klónok alkották. Ezekkel a labortörzsekkel az őszi szaporodást modelleztem standard körülmények között, így a kor volt az egyetlen tényező, melynek megváltoztatásával vizsgáltam az állatokat. Az ivaros szaporodás indukálása után (hűtés) vizsgáltam a klónok sejtösszetételét. Ezek az élőlények az egyik legegyszerűbb állatok, ezért könnyen elemezhető szövettani mintát készítettem és vizsgálatom során főleg az interszticiális sejtekkel és azok epithél sejtekhez viszonyított arányával és a reprodukív sejtekkel foglalkoztam. A mintában elforduló sejtek számát egyénileg felállított kategorizálási rendszerbe vezettem, majd statisztikai próbákkal elemeztem. Az interszticiális sejteken variancianalízist (ANOVA) végeztem, ivarsejtek esetén Wilcoxon- próbát alkalmaztam, míg az eltérő korcsoportok közötti különbséget az összejtdinamikában a korcsoport és a hűtés utáni eltel idő interakciójával vizsgáltam Likelihood Ratio Test segítségével.

A kutatás eredményeként elmondható, hogy a kor jelentősen befolyásolja a hidrák ivarérését és az összejtek számát. Így elmondható, hogy az állat kora fontos és megkerülhetetlen tényezője a regenerációs vizsgálatoknak.

VARGA BENCE TAMÁS

Biológia BSc

Állatorvostudományi Egyetem

Témavezetők:

Dr. Kassai Ferenc

tudományos munkatárs, SE ÁOK

Dr. Kis János

tudományos munkatárs, ATE

Kulcsingerhez és sokkolási környezethez társított félelmi memória vizsgálata patkányokban

A félelmi kondicionálás során egy averzív feltétlen ingert, leggyakrabban áramütést, valamilyen feltételes ingerhez társítunk (akvizíció). Az így kialakuló félelmi memória a későbbi előhívási ülésekben tesztelhető, ahol az állatok nem kapnak áramütést, de a társítás alatt alkalmazott feltételes ingerek jelen vannak. A félelmi memória erősségére az állatok dermedési reakciójának az időtartamából következtetünk. Három tényező hatását vizsgáltuk a félelmi memória kialakulására és kioltódására: 1) eltérő feltételes ingerek használata a társítás során; 2) a merődoboz belsejének megváltoztatása az előhívásos ülésekben, 3) egyéb kognitív feladatokra történő tréningezés két előhívásos ülés között.

Az első kísérletben 6 elrendezést vizsgáltunk. A "megvilágított" beállítás alatt a sokkoló kamra folyamatos megvilágításban volt, diszkrét feltételes ingert nem alkalmaztunk. A "megvilágított+hang" beállításnál a megvilágított kamrában feltételes ingerként hangjelzést alkalmaztunk. A "sötét" beállításnál se kamravilágítás, se feltételes inger nem volt. A "sötét+hang", "sötét+fény" és "sötét+fény+hang" beállítások során hangot, fényt, illetve a kettőt együtt alkalmaztuk feltételes ingerként. A kísérlet az akvizíciós üléssel kezdődött (6 db áramütést társítottunk egy-egy 10 s hosszú feltételes ingerrel), majd ezt követte 5 előhívásos alkalom, végül egy újabb sokkolásos ülés következett. Az akvizíciót 24 óra elteltével követő első előhívásos ülésben a csoportok dermedési idő értékei nem tértek el szignifikánsan egymástól, kivéve az alacsony szintű dermedést mutató „megvilágított” beállítást. Az állatok ebben az ülésben mutatták a legtöbb dermedési reakciót, mely fokozatosan kioltódott az egymást követő előhívások során, majd újra szignifikánsan megnövekedett újabb sokkolásos ülés alatt. Ez arra utal, hogy maga a merődoboz, illetve a mérési eljárás jelenti a legfőbb feltételes ingert.

A második kísérlet során az akvizíciót 24 órával, majd 27 nappal később követte egy-egy előhívás. Két faktor alapján 4 csoportot határoztunk meg: 1.) a kamra falait az akvizíciót követően más mintázatúra cseréltük vagy sem, 2.) a két előhívási ülés között az állatok egyik felet kézhez szoktattuk és jutalmazott kognitív feladatokban vettek részt. A falak megváltoztatásának csak marginálisan szignifikáns hatása volt a dermedési reakcióra az első előhívásos ülésben, ellenben a kognitív feladatokban való részvétel szignifikánsan csökkentette a dermedési időt a 28 napos előhívási ülésben.

KOLESZÁR BALÁZS

Állatorvos osztatlan képzés

Állatorvostudományi Egyetem

Témavezető:
Dr. Csikó György
docens, ATE

**Repellensek kullancsellenes hatékonyságának összehasonlítása *in vitro* módszerek
tesztelésével**

A kullancsok elriasztása - parazita és vektor tevékenységük miatt - fontos része a háziállatok egészségvédelmének. Erre a célra egyre több természetes anyag, például növényi illóolajok alkalmazása merül fel lehetőségként. Azonban, egy-egy új repellensnek tűnő anyag hatásának ellenőrzése komoly költséget jelent, ha az előírások szerinti állatkísérletekkel vizsgálják azt, ráadásul nagy mennyiségű kullancsot igényel. Továbbá állatvédelmi szempontból is kívánatos lenne kiváltani az állatkísérleteket *in vitro* tesztekkel.

Munkánk során új *in vitro* vizsgálati módszert fejlesztettünk ki és teszteltünk olyan módon, hogy két illóolaj, a citronellal és a geraniol repellens hatását hasonlítottuk össze desztillált víz negatív és N,N-dietil-toluolamid (DEET) pozitív kontroll mellett különböző koncentrációkban, továbbá teszteltük a két anyag koncentrációfüggését is. A vizsgálandó anyagok vizes emulzióit gézcsíkokra vittük fel, majd négyzet alakban helyeztük el őket a kocka alakú, átlátszó plexiből készült vizsgálati térben. Kontroll futtatáshoz tiszta vízzel nedvesített gézcsíkokat használtunk. A kullancsokat egyszerre indítottuk középről, mozgásukat fix pontból fényképeztük, majd a kullancsok elrendeződésének paramétereit használtuk fel az elemzésnél.

Az adatokat R Commander segítségével elemeztük, az eloszlások közti eltérések vizsgálatára Fisher-féle egzakt próbát alkalmaztunk, ahol a kontrollal hasonlítottuk össze az egyes méréseket, illetve a koncentrációfüggés-vizsgálatok adatait egymással is összehasonlítottuk. A kontroll futtatás egyenletes eloszlását khi-négyzet próbával teszteltük. A citronellal és a geraniol koncentrációfüggésének vizsgálata során is szignifikáns eltérést tapasztaltunk a kontroll futtatáshoz képest, csakúgy, mint a két anyag összehasonlítása során. A hatáserősség összehasonlítására irányuló futtatások közül csak az 1%-os hozott szignifikáns eredményt. Az eredmények alapján a citronellal hatása sokkal inkább függ a koncentrációtól, mint a geraniolé, mely kis koncentrációban is elég riasztó a kullancsok számára. A DEET-vel összehasonlítva a citronellal – kis koncentrációban – kevésbé volt hatásos, míg a geraniol hatáserőssége a DEET-hez hasonlónak bizonyult.

Összességében elmondható, hogy a módszer működőképes, és többféle összehasonlításra is alkalmas. A továbbiakban szeretnénk az új módszert finomítani, hogy egy olyan egzakt, pontos, megbízható, valamint jól kivitelezhető preklinikai teszt legyen belőle, ami kiválthatja az állatkísérleteket.

FAZEKAS CSILLA LEA

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

HORVÁTH HANGA RÉKA

Általános orvos osztatlan képzés

Semmelweis Egyetem

Általános Orvostudományi Kar

Témavezető:

Dr. Zelena Dóra

tudományos főmunkatárs, MTA KOKI

Vezikuláris glutamát transzporter 3 knockout egerek tanulása

Öregedő társadalmunkban a tanulási képességek és a memória romlása egyre gyakoribb. Ezen folyamatokban a glutamát és receptorai kulcsszerepet játszanak. A glutamáterg neuronokat az általuk kifejezett vezikuláris glutamát transzporterek (VGluT1-3) alapján tudjuk kimutatni, melyek közül a VGluT3 más neurotranszmitterekkel való együttes előfordulása miatt különleges. Célunk az volt, hogy a VGluT3-nak a szerepét megvizsgáljuk a tanulásban. Több, különböző aspektusú memóriát vizsgáló teszttel különbségeket keressünk VGluT3 génkiütött (KO) és vad típusú egerek közt. A motoros képességeiket rotaroddal, munkamemóriájukat Y-maze-zel, jutalom motiválta tanulásukat pedig operáns kondicionálással vizsgáltuk.

Rotarodos vizsgálatok során a KO egerek leesési latenciája folyamatosan növekedett a vad típusúakhoz képest, így nemcsak, hogy ép motoros képességeik voltak, hanem még jobban is teljesítettek. Y-maze-nél a spontán alteráció csak a vad típusúaknál volt megfelelő. Az operáns kondicionálás tanulási fázisa során nem volt különbség a két genotípus közt. Azonban a fordított tanulás során a KO egereknek több időre volt szükségük, hogy megtanulják az új feladatot, ami kevésbé flexibilis tanulásra utal.

Összességében elmondható, hogy a VGluT3 transzporter kiütése a tanulás szempontjából a rövidtávú munkamemóriára és a tanulás flexibilitására volt hatással.

VARGA ZSÓFIA

Hidrobiológus MSc
Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
Pernecker Bálint
tanársegéd, PTE TTK
Dr. Csabai Zoltán
docens, PTE TTK

**A balkáni hegyiszitakötő (*Cordulegaster heros*) méretének tér- és időbeli változásai
exuviumok vizsgálata alapján**

Az OTDK dolgozatom fő célkitűzése a *Cordulegaster heros* populációk exuviumokról felvett testparamétereik között fellelhető különbségek feltárása volt.

Egy vízfolyásnál több évet összehasonlítva több paraméterben mutatkozott szignifikáns eltérés a hímek és hímek, valamint a nőstények és nőstények között, mint kis- vagy nagy térléptékben vizsgálva a populációkat. A Petőczy-árokban nyolc vizsgálati évet összehasonlítva az ivarokon belül minden testparaméter kapcsán jelentős különbséget mutattunk ki. Ezt minden bizonnyal az évek közötti klimatikus viszonyok és a táplálék mennyiségének változása okozhatta. A Petőczy-árok és a Körtyvélyesi-forrás populációi között a 2011-es és a 2012-es évben hasonlóságot tapasztaltunk az azonos ivarú exuviumok testméreteiben, mely oka valószínűleg az, hogy kis térléptékben hasonló környezeti hatások érvényesülhettek. A Petőczy-árok és a Rák-patak populációi között jelentős számú morfometriai paraméter esetén találtunk szignifikáns különbséget, amit a különböző táplálékkészlet és az eltérő környezeti viszonyok okozhattak.

Összegezve kutatásunk eredményét, elmondhatjuk, hogy a *Cordulegaster heros* szitakötőfaj exuviumainak testparamétereik – valószínűsíthetően a táplálékbeli és klimatikus különbségek befolyásoló hatásai miatt – egy populáción belül az egyes évek között sokkal nagyobb eltérést mutattak, mint egy éven belül az egymástól távolabb vagy közelebb eső populációk testméretei.

RÓZSA JÁNOS

Biomérnöki BSc

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

Témavezetők:

Dr. Antal László

adjunktus, DE TTK

Nyeste Krisztián József

PhD hallgató, DE TTK

A domolykó [*Squalius cephalus* (Linnaeus, 1758)] bioindikátor szerepe a Sajó vízgyűjtője nehézfém-tartalmának kimutatásában

Az emberi interakciók környezetszennyező hatásainak köszönhetően a Sajó hazánk egyik legszennyezettebb folyójaként volt ismert az elmúlt évtizedek folyamán, veszélyeztetve a folyó élővilágát, közvetve pedig magát az embert is. Kutatómunkánk a Sajó két legnagyobb mellékfolyójára (Bódva, Hernád), valamint a Sajóra és a Tisza Sajó torkolatának környezetére terjedt ki. A mintánk alapjául szolgáló domolykó (*Squalius cephalus*) három szervének (izom, kopolytú, máj) fémtartalom mintázatát megvizsgálva célul tűztük ki az említett folyók nehézfémterheltségének felmérését, ezáltal elsődleges képet formálva annak a vízi ökoszisztémára és az emberre kifejtett potenciális káros hatásairól. Az elvégzett munkafolyamatok során részt vettem a terepi mintavételezésben, a mintaszervek kipreparálásában és azok tömegmérésében, elsajátítottam a különböző, laboratóriumban történő emésztési folyamatok gyakorlati tevékenységeit, illetve közreműködtem az adatok kiértékelésében. Eredményeink azon előzetes hipotézisünket igazolták, miszerint továbbra is jelentős szennyezések érik a Sajó vízgyűjtőjét, amely eredmények egyrészt a folytatódó környezetszennyezésre, továbbá a domolykó, mint emberi táplálék hosszútávú fogyasztásának kockázataira reflektálnak.

GYÖNGY MARTINA

Hidrobiológus MSc
Debreceni Egyetem
Természettudományi és Technológiai Kar

Témavezetők:
Dr. Antal László
adjunktus, DE TTK
Dr. Cseh Gábor
tudományos főmunkatárs, MTA ATK AÓTI Halkórtan és Parazitológia Témacsoport

Akvakultúrákban tenyésztett ponty egyedek (*Cyprinus carpio*) izomszövetében előforduló metacerkáriák életképességének vizsgálata

A *Digenea* alosztályán belül a *Cyathocotylidae* családba tartoznak a természetes vízi és az akvakultúrákban nevelt halak izommetacerkáriás fertőzöttségét okozó *Holostephanus* metélyek. A genuszba tartozó fajok morfológiai és molekuláris vizsgálatairól, illetve zoonótikus képességéről csupán néhány publikáció ad információt, így kevésbé ismertnek számítanak.

Munkánk során a legfertőzöttebb ponty állománnyal rendelkező, észak-alföldi akvakultúrákból származó 5 db kétnyaras ponty egyed boncolását végeztük el. Az izomzatban fellelhető metacerkáriákat bonctűvel, illetve mesterséges emésztéssel gyűjtöttük ki. Sztereó- és fénymikroszkóp segítségével dokumentáltuk a morfológiai bélyegeket, majd 15 egyed alaktani összehasonlítását végeztük el. Ezután 20 metacerkáriából DNS-t izoláltunk a molekuláris azonosításhoz. A fertőzési kísérletek során 2 naposcsibét, 2 laboratóriumi albínó egeret és 4 szíriai aranyhórcsógót fertőztünk 50-100 cisztával per os. Minden túlélési vizsgálat elvégzéséhez 4 filé szendvicset készítettünk, melyekbe egyenként 10 metacerkáriát pipettáztunk, majd különböző hőmérsékletű (-18°C, +20°C, +40°C, +60°C) fizikai és kémiai (5% és 10%-os ecetsav, 10%-os NaCl oldat) kezeléseknél vetettük alá. Az eredményeket statisztikai eljárásokkal értékeltük ki.

A sikeresen elvégzett lárvális alakok morfológiai azonosítása, illetve 5 (HS17, HS1, HS5, HS20, HS11) mintából nyert szekvencia alapján, az észak-alföldi tógazdaság ponty egyedeiben élősködő metély faj a *Cyathocotylidae* családba, feltehetően a *Holostephanus* genuszba tartozik. A baromfi- és emlős fertőzési kísérletek negatív eredménnyel zárultak, így kifejlett metélyek morfológiáját nem tudtuk tanulmányozni, illetve a potenciális zoonózis lehetőségét sem lehetett megerősíteni. A túlélési kísérletek során a 10%-os ecetsavval, illetve a +60°C-on történő kezelés bizonyult a leghatásosabbnak.

BOÓZ BERNADETT

Hidrobiológus MSc
Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Móra Arnold
adjunktus, PTE TTK

Árvaszúnyog-együttesek (*Diptera: Chironomidae*) strukturális és funkcionális összetétele egy módosított kisvízfolyásban

Dél-Baranya egyik jelentős vízfolyása a Pécsi-víz, melyet számos emberi hatás ér, hiszen csaknem teljes hosszában lakott, illetve mezőgazdasági művelés alatt álló területeket érint. Korábbi vizsgálatokból szárazamó adatok nem voltak a Pécsi-víz árvaszúnyog-faunájáról. Mivel az árvaszúnyogok jó indikátorszervezetek, együtteseik összetételéből következtetéseket vonhatunk le az élőhelyek állapotára vonatkozóan. 2017-ben három mintavételi ponton történt meg az árvaszúnyog-bábbőrök gyűjtése, felső (PTR), a középső (ZOK) és az alsó szakaszon (KEM). A minták gyűjtéséhez CPET módszert használtunk. Az exuviumok a laboratóriumi feldolgozás után Langton és Visser (2003) munkája alapján kerültek meghatározásra.

- A 3479 gyűjtött exuviumból összesen 63 faj került azonosításra.
- Előkerült egy magyarországi faunára új faj, a *Limnophyes punctipennis* (Goetghebuer, 1919).
- AvTD alapján ZOK szignifikánsan a várható érték alá esett, ami az élőhelyek nagymértékű degradációját mutatja.
- Az árvaszúnyogok funkcionális táplálkozásbiológiai csoportjainak vizsgálatával is ZOK markánsan különbözött a másik két szakasztól.
- Az árvaszúnyogok szaprobitikus jellemzői alapján megállapítható volt a vízfolyás a béta-alfa-mezoszaprób jellege.
- A longitudinális elterjedés vizsgálata alapján elmondható, hogy nincs a vízfolyásnak természetes gradiensnek megfelelő jellege.
- Az intoleráns taxonok és egyedek arányának vizsgálatával elmondható, hogy a jó minőségű élőhelyek kiterjedése a vízfolyás alsóbb szakaszai felé folyamatosan csökken.
- A tájhasználat is jelentős mértékben különbözik a három ponthoz tartozó vízgyűjtő területen, a vízfolyás alsó szakaszain a mezőgazdasági területek rendkívül domináns aránya a meghatározó.
- A vízkémiai paraméterek alapján elmondható, hogy az ammónium-ion kivételével mindegyik kémiai alkotó mennyisége ZOK-nál volt a legmagasabb.

Összességében megállapítható a Pécsi-vízzel, hogy a funkcionális csoportok, az intoleráns taxonok és egyedek aránya, a tájhasználat és a kémiai paraméterek némelyike az élőhelyek nagymértékű degradációját mutatják. Ennek ellenére Pécsi-víz Magyarországon fajszám tekintetében kiemelkedő a hasonló jellegű kisvízfolyások között. Látszólag ellentmondásos, hogy miért lehet egy ennyire erősen antropogén hatásokat alatt álló vízfolyás mégis fajgazdag. A szaprobitikus jelleg mindegyik szakaszon hasonlóan mutatkozott, amit a közepesen zavar-erősen szennyezett vízminőségi kategóriáknak feleltethető meg, amely felvetheti a közepes zavarás hipotézisét.

PÓDA CSENGE

Környezettudomány MSc
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természetudományi Kar

*Témavezetők:
Horváth Zsófia
posztdoktor kutató, WasserCluster Lunz
Jordán Ferenc
tudományos tanácsadó, MTA ÖK, Duna-kutató Intézet*

A természetesség és a trofikus hálózat kapcsolata asztatikus szikesekben

A vizes élőhelyek fenntartása és védelme a természet- és a környezetvédelem legfontosabb feladatai közt szerepel, hiszen az élővilág sokszínűségének megőrzéséhez nélkülözhetetlen élőhelyekről van szó. Ennek ellenére sok esetben az élőhely-rekonstrukció sikeressége továbbra is kérdéses marad. Gyakran előfordul, hogy a beavatkozást követően az élőhely monitorozása elmarad, ill. a hatékonyságának vizsgálata csak fajlista készítésén vagy más alapvető élőhely-jellemzők (pl. fiziko-kémiai paraméterek) vizsgálatán alapul, viszont egymagában ezek a módszerek nem mindig hordoznak elegendő információt.

Kutatásunk elsődleges célja a fertőző szikes tavak trofikus kapcsolatrendszerének feltárása, majd ezen keresztül a rekonstrukciós természetvédelmi beavatkozások sikerességének ellenőrzése volt. Megvizsgáltuk a természetes és rekonstruált szikes tavak természetessége és tápláléklánc közötti összefüggést; tavanként a legmagasabb trofikus pozíciót elfoglaló makrogerinctelen csoportokat; egy makrogerinctelen csoport trofikus pozíciója és a szikesek természetessége közötti kapcsolatot; illetve elemeztük a természetességi index trofikus lánchosszra leginkább ható komponenseit.

Eredményeink alapján a szikesek természetességi indexe és a trofikus lánchossz igen erős pozitív kapcsolatban van egymással, ugyanakkor a természetességet meghatározó abiotikus tényezők közül egyik általunk vizsgált paraméter sem volt összefüggésben a trofikus lánchosszal. Az egyes tavakon belül eltérő makrogerinctelen csoportok jelentek meg legmagasabb trofikus pozícióban – arra, hogy melyik makrogerinctelen csoport lesz a szikes tavak táplálkozási hálózatában a legmagasabb trofikus pozícióban, nincs hatással a természetesség. A legtöbb vizsgált tóban előforduló makrogerinctelen csoport (poloskák) trofikus pozíciója eltérő volt az egyes tavakban, erős pozitív lineáris összefüggést mutatott a természetességi indexszel, annak komponensei közül a szikes tavak vízének elektromos vezetőképessége és hidroperiódusa van szignifikáns kapcsolatban a poloskák trofikus pozíciójával.

A szikes tavak természetességi indexe és a trofikus lánchossz igen szoros kapcsolata bizonyítja a természetesség komponenseinek közösségsszerveződésre kifejtett együttes hatását, mivel a lánchosszt a trofikus hálózat kapcsolatrendszere határozza meg. Ebből kifolyólag a hosszabb trofikus lánchossz egyben utal az adott élőhely természetességére is, ezáltal tesztelhető az adott élőhelytípus rehabilitációjának, rekonstrukciójának sikeressége.

TÖRŐCSIK NOÉMI

Hidrobiológia MSc

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

Témavezetők:

Dr. Magura Tibor

egyetemi tanár, DE TTK

Dr. Gyulai István

egyetemi tanársegéd, DE TTK

Bodrogzugi holtmedrek vizének és üledékének összehasonlító elemanalitikai vizsgálata

Hazánk sekély vizekben gazdag területei fokozott védelmet és figyelmet igényelnek. Különösen igaz ez a sekély, szemisztatikus (átmeneti) vízforgalmú vizek. A holtmedrek állapota jelentősen változékony és igen sérülékeny. Ezek a vizek a folyószabályozások során a túlfeljődött folyókanyarulatok levágásával, valamint az egyes folyószakaszok természetes lefűződése során keletkeztek. Vizsgálatunk célja a Bodrog folyó bal oldalán lévő öt különböző holtmeder felmérése és összehasonlítása az üledékben és vízben található mikro- és makroelemek tekintetében (Bodroszögi-Holt Bodrog, Sulc, Szögi-Holt Bodrog, Keleti-Holt Bodrog mentesített és nem mentesített meder, Török-ér, Fekete-tó). A mintavételek 2017-ben és 2018-ban nyári időszakban zajlottak. A vizsgálatokat mikrohullámú plazma atomemissziós spektrométerrel (MP-AES) végeztük el. A makroelemek analízise a Ca, K, Mg és Na koncentrációra terjedtek ki, míg a mikroelem koncentrációk többek között az Al, Ba, Cd, Cr, Cu, Fe, Li, Mn, Ni, Pb, Sr, és Zn. Ezeknek az elemeknek a jelenléte és mennyisége megmutatja a holtmedrek környezetének szennyeződését és antropogén jellegű terheltségét. A kiértékelt víz- és üledékminta eredmények alapján elmondható, hogy a gáttal elzárt Keleti - Holt Bodrog mentesített (KBM) meder adatai jelentős eltérést mutattak a többi víztérhez képest, mind a mikro, mind pedig a makroelemek tekintetében, ami egyértelműen kimutatta a folyótól való elszigeteltség hatását. Míg a többi holtmedernél, valószínűleg azért voltak hasonló értékek tapasztalhatók, mert a Bodrog folyó időnkénti elöntései homogénebbé teszi a rendszert. Továbbá elmondható, hogy a vizsgálatunk során a mintavételi helyek elem tartalmában nem tapasztaltunk szignifikáns különbséget ($p > 0.05$) a makrofita állomány és a nyílt vizes élőhelyek között.

ZAVANYI GYÖRGYI

Biológia-kémia osztatlan képzés
Nyíregyházi Egyetem

Témavezetők:

Dr. Szabó Sándor

főiskolai tanár, NYE

Dr. Braun Mihály

tudományos főmunkatárs, MTA ATOMKI, Debrecen

Képesek-e a vízi makrofitonok a gadolíniumformák biofiltrációjára?

Az utóbbi negyed évszázad új technológiáinak kifejlesztésével folyamatosan növekszik a gadolínium (Gd) felhasználása és kijuttatása a környezetbe. A pozitív Gd-anómália jellemző a világ azon metropoliszainak térségére, ahol nagy számú MRI (mágneses rezonanciás képalkotás) vizsgálatot végeznek, és emiatt óriási mennyiségű gadolínium- tartalmú kontrasztanyag (GBCA) jut a páciensek vizeletéből végül a felszíni vizekbe. Ezek az anyagok az élő szervezetekre veszélyes gadolíniumot (Gd), egy ritkaföldfémeket tartalmaznak és kémiaileg igen ellenállóak. A szennyvíztisztító rendszereken szinte akadály nélkül jutnak át. Azonban eddig még teljesen ismeretlen, hogy a Gd formák (GBCA és szabad Gd) milyen hatást gyakorolnak a vízi élőlényekre. Jelen vizsgálatunkban választ kerestünk arra a kérdésre, hogy a hínárnövények vajon képesek-e nagyobb mennyiségben felvenni a vízből a Gd-formákat, és azok milyen gyorsan jutnak be és távoznak a növényekből? Vizsgálatainkat kontrollált fény-és hőmérsékletviszonyok között végeztük el felszínen úszó és szubmerz hínárnövényeken (*Lemna gibba*, *Ceratophyllum demersum*). Nagyérzékenységű elemanalitikai módszerrel meghatároztuk, hogy milyen mértékben veszik fel a vízből a leggyakrabban használt két kontraszt anyagot, a Dotaremet és az Omniscant, továbbá a szabad Gd-t. A vizsgált növényfajoknak nem volt szignifikáns hatása a tápoldat Gd-komplexeinek koncentrációjára a szabad Gd-t viszont gyorsan eltávolították a közegből. A vizsgált hínárnövényekkel Gd- komplexekre nézve akkumulációt nem tapasztaltunk a szabad Gd-re nézve viszont nagy biokoncentrációs faktor kaptunk. Mind a kontraszt anyaggal, mind pedig a szabad Gd-vel telített növényekből a gadolínium maradék nélkül kiürült. Szignifikáns mértékű biofiltrációt tehát csak a szabad Gd-ra nézve kaptunk, így valószínűleg az utótisztító törendszerek a szennyvízbe került Gd tartalmú kontraszt anyagokat nem képesek eltávolítani. A szabad Gd felszabadulása esetén, annak eltávolítására ígéretes eredményeket kaptunk.

BEDICS ANNA

Biológia MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezetők:

Csitári Bianka

doktorandusz, ELTE TTK

Felföldi Tamás

adjunktus, ELTE TTK

Kiskunsági szikes tavak planktonikus baktériumai és sótűrésük

A Kárpát-medence szikes tavaira többszörösen extrém környezeti viszonyok jellemzőek (pl. hiposzalin sókoncentráció, magas huminanyag tartalom, alkalikus pH). Sekélységüknek köszönhetően időszakosan kiszáradnak, így célunk, hogy egyedi fejlesztésű táptalajokkal a kiskunsági szikesek közösségének meghatározó tagjait tenyésztésbe vonjuk és az egyes izolátumok sótűrésének megállapításán keresztül megismerjük a tavak betöményedése során fellépő sóstresszhez való alkalmazkodóképességüket. Különböző ionösszetételű oldatokkal (NaCl, Na₂(H)CO₃, Na₂SO₄) a baktériumközösség eltérő sótipushoz való adaptációs képességét vizsgáltuk, valamint összehasonlítottuk egyéb szikes tavak (szerb szikesek) és sósvízű élőhelyek (erdélyi sóstavak) tenyészhető közösségével és annak sóstresszre adott válaszával. Vizsgálataink során a teljes baktériumközösség összetételét újgenerációs DNS-szekvenálással azonosítottuk. A törzsek taxonómiai azonosításához szintén DNS-alapú megközelítést alkalmaztunk.

A legtöbb baktériumtörzs a felnövesztéséhez használt sókoncentrációnál magasabb koncentráción is képes volt növekedni, tehát képesek adaptálódni a tavak kiszáradáskor fellépő sókoncentráció növekedéséhez. Kijelenthetjük, hogy a baktériumok adaptációját meghatározza az, hogy milyen sótipusokkal találkoztak természetes élőhelyükön, az anion típusa kulcsszerepet tölt be a sóstresszre adott válaszban, illetve a legtöbb baktériumtörzs szulfátasszimilációs képessége révén jól szaporodik magas szulfáttartalmú tápközegben. Eredményeink alapján megállapítottuk azt is, hogy a sótolerancia nem kizárólag faji, illetve nemzetség szintű bélyeg.

Az újgenerációs DNS szekvenálás eredményeként elmondhatjuk, hogy a planktonikus baktériumközösséget főként az *Actinobacteria* és *Bacteroidetes* törzsek alkották, míg az iszapban ezek mellett a *Chloroflexi* és a *Gemmatimonadetes* törzs tagjai, valamint az alfaproteobaktériumok fordultak elő jelentős mennyiségben. A víz és az iszap baktériumközösségének összetételében jelentős eltérést tapasztaltunk.

A tenyésztéshez összeállítottam a táptalajokat, szélesztést, izolálást végeztem két mintavételi helyről és az azonosításhoz DNS izolálást és PCR reakciót, majd a szekvenciák kiértékelését végeztem. A sótolerancia teszthez 25 különböző oldatot készítettem és beoltottam a mikrotitráló lemezeket 172 törzssel, majd meghatározott időközönként lemértem az OD értéküket. Végül az Illumina-szekvenálás eredmények összehasonlító elemzését is elvégeztem.

KÉKEDI LEVENTE

Biológia (egészségtan) - rajz és vizuális kultúra
osztatlan képzés
Nyíregyházi Egyetem

Témavezetők:

*Dr. Lukács Balázs András
tudományos főmunkatárs, MTA ÖK, Duna-kutató Intézet Tisza-kutató Osztály
Dr. Szabó Sándor
főiskolai tanár, NYE*

The effect of climate change on the community assembly of aquatic macrophytes

It was predicted, that climate change leads to increased eutrophication and increasement of the dominance of invasive aquatic plants. However it is has not been known how habitat traits (species and functional diversity) influences the introduction of the allien species, since we have litle knowledge regarding the the functional trait based assembly of the wetland area. In the present study the influence of the elevated temperature on the trait composition of aquatic plant community was investigated. It can be seen that the projected 6-8 ° C water temperature increase significantly increases the amount of biomass produced by the community. Our results indicate a significant change in the structure of aquatic communities during climate change. It was alo pointed out that, as a result of the rise in temperature, communities are shifted towards the dominance of species with faster growth and looser leaf tissue. In the Heviz Canal, alien species have such traits that presumably gives these species a competitive advantage over indigenous species. All in all, as a result of climate change, the strong spread of alien species is expected.

KERN BERNADETT
Környezettudomány MSc
Pannon Egyetem
Mérnöki Kar

Témavezetők:
Dr. Erős Tibor
tudományos tanácsadó, MTA ÖK, Balatoni Limnológiai Intézet
Dr. Seress Gábor
tudományos munkatárs, PE MK

Urbanizáció hatása vízfolyások halközösségeinek sokféleségére

Hiányos ismeretekkel rendelkezünk arról, hogy a tájhasználatban történő nagy léptékű változások miként és milyen mértékben befolyásolják az élőlényközösségek szerkezetét vízfolyásokban. Ezen ismeretek hiánya pedig jelentős mértékben korlátozza az ökológiai állapotot javító intézkedések hatékony megvalósítását.

Kutatásunk célja, hogy feltárjuk, milyen módon befolyásolja a demográfiai növekedéssel együtt járó urbanizáció a vízfolyások halközösségeinek összetételét és a vízfolyások ökológiai állapotát a halak szerkezeti és funkcionális változói alapján.

A kutatást az egész országra kiterjedően végeztük. Összesen 29 db települést vizsgáltunk és minden településen 150 m hosszúságú vízfolyásszakaszt urbán területen. A mintavételezések során vizsgáltuk a vízfolyás fizikai és kémiai változóit, illetve a parti környezetet, amely változókkal az élőhely környezeti állapotát és szerkezetét jellemeztük. Az urbanizáció mértékét a település méretével és népességszámával, illetve az urbanizációs index segítségével jellemeztük. A vízfolyások halközösségeinek összetételét elektromos halászgéppel mértük fel, a NBmR standardizált eljárását alkalmazva.

Eredményeink szerint a vízfolyás természetes hidro- morfológiai változói jóval erősebben határozzák meg a halállomány szerkezetét, mint az urbanizációs változók. A vízfolyás átlagos szélessége és mélysége, a tengerszint feletti magasság meghatározó környezeti változói voltak a halállomány szerkezetének annak ellenére, hogy e változók értéke nem változott jelentős mértékben a vízfolyások között.

Kutatásaink tehát azt igazolják, hogy a táji környezet és a természetes lokális környezeti tényezők erősebben befolyásolják a halállomány szerkezetét, mint az urbanizáció jelenlegi fokán tapasztalt élőhely módosító hatások. A halállomány szerkezete ennek ellenére kismértékű változásokat mutatott az urbanizáció komplex hatásaira. A vízfolyások természetes élőhelyi viszonyainak fenntartása és benne az élőlényközösségek jó ökológiai állapotának megőrzése fontos környezet és természetvédelmi feladat.

FEDOR NOÉMI

Biológia - rajz és vizuális kultúra BSc
Nyíregyházi Egyetem

KOLESZÁR GERGŐ

Biológia - testnevelés MSc
Nyíregyházi Egyetem

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

A lúgos pH mint kulcstényező a szubmerz és emerz hínárnövények versenyében

Az úszó emerz és a szubmerz hínár egyaránt képes stabil dominanciájú állományokat létrehozni. Két növénycsoport között a fényért és a tápelemekért folyó versenyük aszimmetrikus, ami miatt képes mindkét növénycsoport önstabilizáló körülményeket fenntartani. Választ kerestünk arra a kérdésre, hogy a szubmerz növények (*Ceratophyllum demersum*, *Elodea nuttallii*) által előidézett számos potenciális limitáló tényező (nagy pH, egyes tápelemek hiánya) közül melyik a leginkább limitáló tényező az emerz növények (*Lemna gibba*) növekedésére nézve. A púpos békalencse (*Lemna gibba*) és a szubmerz növények (*C. demersum*, *E. nuttallii*) növények statikus tápoldaton, 2 literes akváriumokban lettek tenyésztve. A szubmerz növényekkel kezelt tápoldatokba -egy adott kémiai összetevő kivételével-, a kiindulási értékre visszapótoltuk a pH-t és azokat a tápelemeket melyeket a szubmerz növények a tápközegből életműködésük során eltávolítottak. A kísérlet során a tenyészedenyekben a kísérleti növények biomassa- és klorofilltartalom változásait mértük. Kimutatást nyert, hogy a púpos békalencse (*Lemna gibba*), mint vizsgált úszó vízinövény növekedését mind a két vizsgált szubmerz növény (*C. demersum*, *E. nuttallii*) képesek erősen gátolni. A vizsgálatunk során a két szubmerz növényfaj a közeg pH-ját ellúgosította (pH 10,2-10,5) és emellett a tápoldat nitrogén-, foszfor-, vas- és mangánkoncentrációját drasztikusan csökkentette. Ezt követően a vizsgált tápelemek visszapótlásával és a pH semlegesítéssel a békalencsék növekedése ismét helyre állt.

Következésképpen a kompetícióban a szubmerz növényeknek a békalencsére gyakorolt gátló hatása a pH emelés és a tápanyagok (N, P, Fe) elvonása révén jött létre. Egy mesterségesen létrehozott pH grádiens mentén (pH 7-11) a békalencsék növekedései rátája és klorofillhozama pH 9,5 értéken több mint 50%-kal csökkent, pH 10,5 felett pedig teljesen megállt. Terepi körülmények között a szubmerz növények állományjaiban a víz pH-ja gyakran haladta meg a 10-es értéket. A mért vízkémiai eredmények azt erősítették meg, hogy a szubmerz növények által eredményezett extrém lúgos pH - függetlenül a víz hipertróf voltától - önmagában elegendő ahhoz, hogy a felszínen az úszó emerz növények növekedése akár teljesen megálljon.

KELEMEN ADRIENN

Biológus MSc

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

Témavezetők:

Garda Tamás

tudományos munkatárs, DE TTK

Freytag Csongor

PhD hallgató, DE TTK

A protein foszfatáz gátlás és az oxidatív stressz citológiai hatásai *Arabidopsis thaliana* gyökércsúcs merisztéma sejtekben

A munkánk során a mikrocisztin és a diquat hatásait vizsgáltuk *Arabidopsis thaliana* modellnövényben. A vad típusú Columbia ökotípus mellett, foszfatáz mutáns növényekkel dolgoztunk. A munkánk célja, hogy tanulmányozzuk a mikrocisztin és a diquat által kiváltott protein foszfatáz gátlás és oxidatív stressz citológiai hatásait.

Hisztokémia és immunhisztokémiai módszert alkalmaztunk a mitotikus aktivitás, a kromatin és a mikrotubulus organizáció vizsgálatára. DCFH-DA jelöléssel a ROS szint változását detektáltuk, illetve protein foszfatáz aktivitás méréseket is végeztünk.

Rövidtávú toxinkezeléseket alkalmaztunk. A mikrocisztin a Columbia növények mitotikus aktivitását nem befolyásolta számottevően, azonban egy napos kezelés után a toxin hatására már kialakult rendellenes mitotikus orsó, fragmoplaszt és rendellenesen szegregáló testvérkromatidák, melyek kialakulása a protein foszfatáz gátlásnak tudható be.

A mutáns növények mitotikus aktivitását különböző módon befolyásolta a mikrocisztin a főgyökérben. A katalitikus alegység mutáns növény osztódását nagyobb mértékben gátolta a MCY-LR. Ez azért lehet, mert ebben a mutánsban a PP2A aktivitás teljesen hiányzik, a toxin hatására pedig a PP1 működése is gátolva lesz.

A diquat oxidatív stressz indukáló, aminek következtében lebenyes sejtmagokat detektáltunk a Columbia és c3c4 mutáns növényekben. Ezenkívül a diquat mindegyik növény mitotikus aktivitását gátolta 24 és 48 órás toxinkezelést követően is.

SÁGI-KAZÁR MÁTÉ

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:
Dr. Solti Ádám
adjunktus, ELTE TTK*

A vasellátás változtatásának hatása a kloroplasztisz vas-kelát-oxidoreduktáz génextpressziójára és enzimaktivitására

A vas minden élőlény számára esszenciális elem. Vashiány hatására a növények normál életműködései károsodnak, ami biomassza-csökkenéshez, haszonnövények esetén termés-csökkenéshez vezethet. Humán táplálkozás-élettani szempontból a termésmínőség romlása magában az emberben is vashiány-kiváltotta hiánybetegségekhez vezethet. Növényekben a hajtás vastartalmának túlnyomó része a kloroplasztiszokba transzlokálódik és a fotoszintetikus apparátus felépülésére használandó fel. A vasnak a klorofill-bioszintézisben is esszenciális szerepe van. A kloroplasztiszok vasfelvételi mechanizmusában játszik központi szerepet a belső burkolómembránban lokalizált vas-kelát-reduktáz (FRO7) enzim, amely a membránon keresztüli szállítást megelőző vas-redukcióban játszik szerepet. Az enzim hiányában a kloroplasztiszok vasfelvétele jelentősen csökken, ami a fotoszintetikus apparátus működésének a gátlásához, annak hiányában pedig a növény pusztulásához vezet.

Változó vas környezetben nevelt olajrepcékben (*Brassica napus*) megvizsgáltuk a vasellátás hatásait a kloroplasztiszok vastartalmára, és klorofill-tartalmára, és ezzel a fotoszintetikus apparátus állapotára tudunk következtetni. Hogy jobban megismerhessük a FRO7 működését, és szabályozását, megvizsgáltuk, kutatásaink során a FRO7 enzimaktivitását, valamint a fehérjét kódoló gén expressziós aktivitását. Tapasztalataink alapján, a kloroplasztiszok vasellátása hatással van mind az enzimaktivitásra, mind a génextpresszióra.

SALAMON DÓRA

Biológia (egészségtan)- kémia tanár osztatlan
képzés
Eszterházy Károly Egyetem
Természettudományi Kar

Témavezető:
Dr. Dulai Sándor
őiskolai tanár, EKE TTK

A vízhiány és a sóstressz hatása a fotoszintetizáló apparátus hőmérsékleti stabilitására a búza és vadbúza vonalakban

A vízhiány és a sóstressz búza és vadbúza (*Aegilops comosa*) vonalak fotoszintetizáló apparátusának hőstabilitására kifejtett hatását vizsgáltuk sötét- és fényadaptált helyzetben. Célunk volt továbbá, olyan génforrások felderítése, amelyek a kenyérbúza szárazságtűrésének és hőmérsékleti toleranciájának fokozására alkalmasak.

Eredményeink szerint a vízhiány sötétben nem, vagy csak kismértékben befolyásolta a vonalak hőérzékenységet. Ezzel szemben a sóstressz sötétben is jelentős mértékben megnövelte a PSII hőmérsékleti stabilitását, melyet még a magasabb ozmotikus hatással bíró erős vízhiány esetében sem tapasztaltunk. Ebből következőleg a sókezelés által kiváltott sötét hőstabilitás-növekedést részben olyan, fénytől független folyamatok eredményezik, melyek háttérben elsősorban a sóstressz ionikus hatásai állnak. A különböző fényintenzitással megvilágított növények fotoszintetizáló apparátusa már a jó vízellátottságú (kontroll) növények esetében is hőstabilabb volt, mint sötétben, amit a vízhiány és a sóstressz tovább fokozott, természetesen az egyes vonalakban eltérő mértékben. A vízhiány és a sóstressz ozmotikus hatása tehát csak energizált tilakoidok esetében csökkentette a PSII hőmérséklet érzékenységet. Eredményeink szerint a vízhiány/só, a magas hőmérséklet és fényintenzitás stresszélettani hatásai kivédésének háttérben olyan folyamatok is szerepet játszanak, amelyek háttérben a lumensavanyodás másodlagos hatásai állnak.

A vizsgált *Aegilops comosa* vonalak fotoszintetikus paramétereit alapján az Mv9kr1 búzafajta abiotikus stressztűrő képességét általában nem múlják felül. Habár néhány paraméter esetében a vízhiánnyal, vagy a sóstresszrel szemben kedvezőbb a viselkedésük a vizsgált búzafajtákhoz képest, azok stressztoleranciájának fokozására nem tűnnek alkalmasnak.

OLÁH DÓRA

Biológia MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:

*Ördögné Dr. Kolbert Zsuzsanna
docens, SZTE TTIK*

*Dr. Fejgl Gábor
egyetemi tanársegéd, SZTE TTIK*

**Cink által okozott változások reaktív nitrogén-, és oxigénformák metabolizmusában
lúdfűben**

A cink (Zn) esszenciális mikroelem a növények számára, amely nélkül nem lennének képesek fenntartani normális metabolizmusukat. Ehhez a redox aktív átmeneti fémhez elsősorban a talajból jutnak hozzá a növények, viszont egyre nagyobb problémát okoz a talajok cink szennyezettsége. A cink többlet hozzájárul a reaktív nitrogénformák metabolizmusának a zavarához növényekben. *Arabidopsis thaliana* modell növény három vonalában, a vad típusában (Col-0), S-nitrozoglutation reduktáz (GSNOR) enzimben hiányos (hot5-2) és ezt az enzimet túltermelő (35S::FLAG-GSNOR1) csíranövények gyökérrendszerében vizsgáltam a cink stressz hatására bekövetkező toxicitást és az ellene fellépő védelmi hatásmechanizmusát.

A növények kontroll, 100 μ M és 250 μ M cink szulfát tartalmú táptalajon növekedtek 7 napon keresztül. Munkám során vizsgáltam a cink okozta morfológiai változásokat a főgyökéren. Fluoreszcens festési technikákkal in situ meghatároztam a gyökér merisztéma sejtjeinek az életképességét, a cink lokalizációját a gyökérrendszer különböző zónáiban, a nitrogén-monoxid (NO) keletkezését valamint a stressz által keletkező reaktív oxigénformákat, mint a szuperoxid anion és a hidrogén-peroxid. Az eltávolításukban résztvevő antioxidánsok mennyiségét és aktivitását (szuperoxid-dizmutáz, glutation, aszkorbát peroxidáz, kataláz, tioredoxin reduktáz) fotometriás módszerrel határoztam meg. Western blotlalt mutattam ki a GSNOR enzim mennyiségét a növényvonalakban valamint a cink kezelés hatására bekövetkező változásokat. Szintén western blot alapú eljárással határoztam meg a fehérjék nitrációjában bekövetkező változásokat cink hatására.

Az eredményeim alapján összességében elmondhatjuk, hogy a vad típusú és a GSNOR túltermelő növényekben a Zn fokozza a NO és a reaktív oxigénforma produkciót, ezzel fehérje nitrációt és Zn érzékenységet kialakítva. GSNOR enzimben hiányos növényekben a Zn-indukált NO és a szuperoxid képződés elmarad, denitráció tapasztalható, ami a Zn túréshez járulhat hozzá.

HUPP BETTINA

Biológus MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Maróti Gergely

tudományos főmunkatárs, MTA SZBK Növénybiológiai Intézet

Mikroalga törzsek sótűrőképességének fejlesztése és a palmelloid képződés szerepe sóstresszben

Munkánk során axénikus és mesterségesen hozzáadott bakteriális partnert tartalmazó különböző algakultúrák sóstresszel szembeni viselkedését vizsgáltuk, valamint a törzsek sótűrőképességének növelését is megcéloltuk. Az általunk kiválasztott algatörzsek a *Chlamydomonas reinhardtii* cc124, a *Chlorella sp.* MACC 360 és a *Pectinodesmus sp.* MACC 549-es algatörzsek, míg a ko-kultúrák létrehozásához az *E. coli* Δ hypF baktériumtörzset használtuk.

Kísérletünk első lépéseként meghatároztuk az axénikus, illetve az *E. coli* Δ hypF partnert tartalmazó algatörzsek kiindulási sótűrőképességét. Fény- és elektronmikroszkópos felvételeken figyelemmel kísértük az axénikus és az *E. coli* Δ hypF partnert tartalmazó algatörzseink morfológiáját sómentes, illetve különböző sókoncentrációt tartalmazó tápközegekben. Digitális mérések során azt az eredményt kaptuk, hogy az axénikus, illetve *E. coli* Δ hypF partnert tartalmazó algatörzseknél NaCl-ot tartalmazó TAP tápoldatban nagyobb átlag algasejt méreteket és maximum sejtméreteket találtunk.

További lépésként megvizsgáltuk az axénikus, illetve az *E. coli* Δ hypF partnert tartalmazó algatörzseink sótűrőképességének növelhetőségét. Az adaptációs kísérletek eredményeként azt kaptuk a legnagyobb változást a *Ch. reinhardtii* cc124 törzs esetében figyeltük meg. A további összehasonlító vizsgálatainkban már csak a cc124-es algatörzssel foglalkoztunk.

Összehasonlítottuk a 12 adaptációs cikluson átesett és nem adaptált cc124-es algatörzsek élő alga sejt számát különböző sókoncentrációjú TAP tápoldatokban. A vizsgálat során azt az eredményt kaptuk, hogy mind szérum üvegben, mind 24 lyukú lemezben nevelve a törzseket, a nem adaptált algatörzs kultúrák, mind 0,15M, 0,25 M és 0,3 M NaCl mellett szignifikánsan kevesebb élő algasejtet tartalmaztak, mint az adaptált algatörzsek ugyanilyen sókoncentrációt tartalmazó tápoldatokban. Ezek eredményeképpen elmondhatjuk, hogy a 12 adaptációs ciklus során adaptálódott az algatörzsünk, vagyis nőtt a sótűrőképessége.

Továbbá a 12 adaptációs ciklust követően fény- és elektronmikroszkóppal részletesen összehasonlítottuk az adaptált és a nem adaptált cc124-es algatörzsek morfológiáját. A cc124-es algatörzs sótűrőképessége egyértelműen megnövekedett az adaptációs ciklusok során, ezért további kísérleteket tervezünk, hogy megismerhessük az adaptáció molekuláris hátterét és mechanizmusát. Ennek érdekében az adaptált, illetve nem adaptált algasejtek fehérjeprofilját, illetve teljes transzkriptómját tervezzük összehasonlítani.

KELEMEN KINGA

Ökológia és természetvédelem BSc

Babeş-Bolyai Tudományegyetem

Témavezető:

dr. Fenesi Annamária

adjunktus, BBTE

Milyen a jó szomszéd? Mag-mag interakciók vizsgálata denzitás és magméret függvényében

Növények magjainak csírázását az abiotikus tényezők mellett (víz mennyisége, hőmérséklet, fény stb.) biotikus tényezők is befolyásolhatják. A szomszéd növények gyökerei, hajtásai, de akár magjai is módosíthatják a szomszédos magvak csírázási sikerét. Korábbi mag-mag interakciós vizsgálatok egyértelműen bizonyították a magvak sűrűségének hatását a csírázás sikerére és gyorsaságára, de más, potenciálisan fontos tényező hatását még nem tesztelték. Épp ezért, a denzitás mellett, a magméret és rendszertani hovatartozás együttes hatását vizsgáltuk négy lágy szárú, fészekvirágzatú faj csírázási sikerére. Mivel feltételezésünk szerint a mag-mag interakciók kimenetele jelentősen változhat stressz helyzetben (pl. szárazság esetén), a választott fajok magjait optimális és alacsony vízmennyiség esetén csíráztattuk. A kísérlet kontrollált körülmények között, állítható hőmérsékletű és fényintenzitású klímakamrákban történt. A tesztelt tényezők közül a csökkentett vízmennyiség hatása volt a legerősebb, de a denzitás és a kompetitor fajok kiléte is jelentősen befolyásolta a magvak csírázási sikerét. Eredményeink értelmében minél nagyobb egy mag, annál negatívabban érinti a száraz környezet, viszont annál kevésbé befolyásolja csírázását a kompetitor magvak kiléte és denzitása. Érdekes eredmény, hogy száraz körülmények között, a szomszédos magvak jelenléte, akár nagy denzitásban is, segítheti a magvak csírázását. Például a tollas szálkaperje (*Brachypodium pinnatum*) nagy és lapos magjai több esetben is facilitáló jellegűnek bizonyultak.

TAKÁCS SZILÁRD LÁSZLÓ

Villamosmérnöki BSc

Széchenyi István Egyetem

Gépészmérnöki, Informatikai és Villamosmérnöki

Kar

Témavezető:

Barla Ferenc

tanszéki mérnök, SZE

Nem ionizáló sugarak biológiai hatásai

A rádiótoronyoknak sosem beszélnek a káros hatásairól és ezt próbáltam igazolni, hogy valójában tényleg nincsenek, vagy megcáfolni, hogy ténylegesen vannak. Ezért növényeket nem-ionizáló sugárzásokkal ingereltem napokig a csírázás alatt, illetve egy kontrol csoportot hagytam, ami nem kapott sugárzást. Majd ezeket a növényeket több szempont alapján hasonlítottam össze, ez fizikai vizsgálat és biológiai vizsgálat volt.

Első szempontban azt vizsgáltam, hogy fizikailag van-e különbség. Itt egy olyan eredményt kaptam, hogy a sugárzás egy adott frekvencián, különböző térerősségeken nem befolyásolja a növények növekedését. Második lépésben a növényeket a sejthosszuk alapján vizsgáltam. Ehhez mikroszkópot használtam. Itt is azt tapasztaltam, hogy a besugárzásnak nincsen hatása.

Utolsó pontban a fotoszintetizáló képességet vizsgáltam. Minden érték közel hasonlóan bizonyult, kivéve a nem-fotokémiai kioltás (NPQ). A nem-fotokémiai kioltás egy olyan mechanizmus, mikor a növények és algák gátolják a fényelnyelést, ezáltal védik magukat a nagy intenzitású fénytől. Itt láthatóan eltérő értékeket kaptam, méghozzá a térerősség növekedésével az NPQ érték egyre nagyobb lett. Ez azt jelenti, hogy a nem-ionizáló sugarak hatással vannak a növények fotoszintetizáló képességére. Egyre nagyobb térerősségnek van a növény kitéve a fejlődése során, annál jobban romlik a növény fotoszintetizáló képessége. Ez persze így még nem jelenthető ki, csak ha ezután még több mérés esetén is hasonlóan eltérő eredményeket kapok. Ezeket több eltérő térerősségen kell megvizsgálni.

Összegzésképpen a mérések alapján tehetek egy sejtést miszerint a nem-ionizáló sugarak hatással vannak a környezetükre. Minél nagyobb sugárzásnak vannak kitéve, annál rosszabb a fotoszintetizáló képességük a növényeknek.

GÉCZI DÓRA ANIKÓ

Biotechnológia MSc

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

Témavezető:
Dr. Jakob Ágnes
egyetemi tanársegéd, DE TTK

A betametazon és a menadion együttes hatásának vizsgálata a *Candida albicans* oxidatív stressz érzékenységre

Az elmúlt néhány évtizedben a *Candida* nemzetség tagjai által okozott oportunista gombafertőzések gyakorisága ugrásszerűen megemelkedett. A *Candida* genus tagjai közül mintegy 20 faj hozható összefüggésbe az emberi szervezetet érintő megbetegedésekkel. Azonban az infekciók többségéért (60-70%) bizonyítottan a *Candida albicans* tehető felelőssé. Ugyan, ez a mikroba a normál humán mikroflóra tagja, azonban bizonyos predesztináló tényezők meglétekor felszíni, illetve súlyos esetben szisztémás fertőzés kiváltására is képes, mely kezelés hiányában akár halálos kimenetelű is lehet.

Az egyik leggyakoribb kockázati tényezőként a hosszútávú glükokortikoid terápia említhető. Ugyanis e készítmények gyulladáscsökkentő és immunszuppresszív hatásúak, így az emberi szervezet ellenállóképességét gyengítve nagymértékben fokozzák a gombás fertőzések iránti fogékonyságot.

A *C. albicans* által okozott mikózisok leküzdésére irányuló terápiában esszenciális célpontot képvisel a gombaszpecifikus protein foszfatáz Z (CaPpz1) enzimet kódoló gén, mely bizonyítottan szerepet játszik többek között a gombafonalak növekedésének szabályozásában és az oxidatív stressz válaszban is.

Így kutatásaink során megvizsgáltuk a klinikai gyakorlatban széleskörűen alkalmazott glükokortikoszteroid, a betametazon (BM) hatását a *C. albicans* oxidatív stressz érzékenységre.

Ehhez menadiont (MSB) használtunk fel, mely oxidáns hatásánál fogva oxidatív stresszt váltott ki a sejtekben. Kísérleteink során kontroll (QMY23) és CaPPZ1 gén deléciós mutáns *C. albicans* törzsekkel dolgoztunk. Eredményeink alapján megállapítottuk, hogy önmagában a BM kezelés nem befolyásolta sem a sejtek életképességét, sem a vizsgált törzsek növekedését szülyesztett kultúrában. Azonban MSB-tal kombináltan alkalmazva már jelentős fungisztatikus hatást eredményezett, valamint fokozta a sejtek oxidatív stressz érzékenységét mind a kontroll, mind a mutáns törzs esetében. Megállapításainkat a génexpressziós vizsgálatok is alátámasztották, ugyanis a kombinált kezelés hatására megnövekedett antioxidáns enzimaktivitásokkal arányosan a vizsgált enzimeket kódoló gének expressziós szintjében is növekedés volt tapasztalható.

Összegzésképpen elmondható, hogy a glükokortikoszteroid a MSB-hoz hasonló oxidánsal kombinálva felveti a lehetőségét egy új, lokális alkalmazású antifungális szer kifejlesztésének, mely hatékony kezelési lehetőséget nyújthat a felszíni *Candida* fertőzések terápiajában.

CSEH PÉTER

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Bratek Zoltán

adjunktus, ELTE TTK

A *Melanogaster* gombanemzetség fajai - Hányan vannak valójában?

A kocsonyás álpöfetegek föld alatti gombanemzetsége (*Melanogaster*) gasztronómiailag kevésbé jelentős, viszont mikorrhiza-képző taxonként ökológiai szerepe nagy lehet. A gyakorlatban természetvédelmi célú erdősisítéshez, valamint energiaerdők telepítéséhez lehetne felhasználni. A genusz a bazídiumos gombák törzsén (*Basidiomycota*) belül a cölöpgomák családjába (*Paxillaceae*) sorolják. Kutatásunk során e nemzetség fajainak elkülönítését céloztuk meg. Számos saját minta felhasználásával morfológiai és molekuláris filogenetikai vizsgálatok révén igyekszünk a lehetőségekhez mérten tisztázni a *Melanogaster* fajok rendszertani helyzetét.

Mintáink túlnyomó része a Kárpát-medencéből, legtöbbjük Magyarországról, néhány pedig Spanyolország és Németország területéről származik. A morfológiai bélyegek közül elsősorban a spórák mérete és alakja használható fel a fajhatárok megítéléséhez. A molekuláris alapon történő osztályozáshoz a sejtmagi RNS gének ITS régióját alkalmaztuk, saját adatainkon túl nemzetközi adatbázisból (National Center for Biotechnology Information) további szekvenciákat gyűjtöttünk és használtunk fel. Filogenetikai vizsgálatainkhoz a RAxML fakészítő, az ABGD és PTP fajlehatároló programokat használtuk.

Eredményeink alapján a legismertebb gombataxonómiai adatbázisokon (Index Fungorum, Mycobank) számon tartott számos *Melanogaster* fajnál jóval kevesebb lehet valóban külön faj. A spórák szerinti morfológiai különbségtétel a nemzetség fajai esetében bizonyos esetekben megbízhatónak, más esetekben kevésbé használhatónak bizonyultak. Filogenetikailag öt nagy klád különíthető el teljes bizonyossággal, amelyből az egyik két földrajzi izolációt sejtető szubkládra válik szét. Néhány szekvencia a filogenetikai fán határozottan különválnak a többi csoporttól, ezek megítélése csekély mintaszámuk miatt egyelőre kérdéses.

A szekvenciák tisztítását, illesztését, az adatbázisból történő további szekvenciák gyűjtését, a filogenetikai fák elkészítését, online programokkal való fajlehatárolásokat és a spóramorfológiai adatok statisztikai ábráinak elkészítését végeztem magam.

A továbbiakban egyéb filogenetikában használatos szoftvereket és egyéb ökológiai változókat, például az élőhelyi növénytársulások típusát, a gombafészkekből vett talajminták pH-ját is bevonjuk kutatásunkba. Jelen munka nagyban segíthet ennek a filogenetikailag eddig szinte feltérképezetlen nemzetség taxonjainak megítélésében, majd a kétséget kizáró fajlehatárolásokban.

BALÁZS DÓRA KRISZTINA

Biológus MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:

Dr. Kredics László
docens, SZTE TTIK

Marik Tamás

tudományos segédmunkatárs, SZTE TTIK

A *Trichoderma* nemzetség *Longibrachiatum* szekciójába tartozó fajok peptaibol-profiljainak összehasonlítása és bioaktivitásuk vizsgálata *Arabidopsis thaliana* növényeken

A *Trichoderma* nemzetségbe tartozó *Longibrachiatum* szekció egy kisebb, monofiletikus csoportot alkot, mely biológiailag aktív szekunder metabolitok, peptaibolok termelésére képes. A kísérletekhez 22 törzset választottunk ki a *Longibrachiatum* szekcióból, melyekből peptaibolokat extraháltunk, majd ezekről mennyiségi és minőségi vizsgálatokat végeztünk HPLC-MS módszer segítségével.

Az analitikai vizsgálatokkal összesen 143 peptaibol szekvenciát határoztunk meg, mely alapján három nagy csoportba tudtuk besorolni a vizsgált törzseket. Az analitikai vizsgálatok után megállapítottuk a peptaibolok aminosav sorrendjét. A 20 aminosav hosszúságú szekvenciák mellett, mely leginkább jellemző volt a termelt peptaibolokra, 19 aminosavból álló szekvenciákat is találtunk, melyek 3 törzs esetében is termelődtek. Az egyes törzsek termelésének megoszlását, valamint a törzsek közti peptaibol-termelés összehasonlítását is vizsgáltuk. A szakirodalommal összevetve összesen 79 ismert és 64 újonnan azonosított peptaibolt tudtunk meghatározni.

A peptaibolok tisztítását preparatív HPLC segítségével végeztük el a *T. reesei* 22616 törzsből származó extraktum felhasználásával, majd a tisztított kivonatot *Arabidopsis thaliana* növényeken teszteltük. Különböző koncentrációjú peptaibol extraktumokkal kezeltük a növényeket, nyomon követtük a gyökerek fejlődését és az inkubációs idő letelte után lemértük a biomassza tömegeket. A növények feldolgozása után meghatároztuk a kezelt növények leveleiben lévő fotoszintetikus pigmentek (klorofill-a, klorofill-b, karotinoidok, antocián) mennyiségét. Eredményeink alapján arra a következtetésre jutottunk, hogy a tömény koncentrációban alkalmazott oldatok gátolták a növények fejlődését, a 0,1 mg/ml koncentrációjú oldattal kezelt a növények normális növekedést mutattak. A 0,05 mg/ml koncentrációjú oldat alkalmazása esetében viszont megnövekedett a biomassza tömege, fokozódott a növény gyökeresedése, továbbá a levelek klorofill-a, és -b tartalma is megemelkedett, míg az antocián-tartalma alacsony maradt a kontroll növényekben mért értékekkel összevetve.

SURJÁN ANDRÁS

Biológia BSc

Állatorvostudományi Egyetem

Témavezető:

Dr. Vidovszky Márton

*tudományos munkatárs, MTA ATK Állatorvos-tudományi Intézet, Molekuláris és
Összehasonlító Virologia Témacsoport*

Denevérek poliómavírusainak első kimutatása Európában

A denevérek számos vírus és egyéb kórokozó jelentős rezervoárjai és terjesztői. Az állati és humán szempontból veszélyes vírusok mellett (például: Ebola, veszettség, SARS), sok kevésbé jelentős kórokozó hordozói is lehetnek. E tanulmány célja denevér-poliómavírusok kimutatása, diverzitásuk vizsgálata és filogenetikai viszonyaik elemzése.

A poliómavírusok (PyV) buroknélküli, cirkuláris, kettősszalú DNS vírusok. Genomjuk mérete kb. 5000 bp, amelyen általában 5-7 gént kódolnak mindkét irányban. Orvosi fontosságukat főképpen tumorindukáló képességük adja. Denevérekben eddig főleg afrikai és ázsiai fajokban vizsgálták jelenlétüket, így munkánk az első Európában is igazolt PyV jelenlét kimutatása denevérekben.

A PyV kimutatására, a vírus protein 1 (VP1) gén egy rövid (kb 250 nt) szakaszát felerősítő kettős (nested) PCR módszert alkalmaztunk. Huszonhárom denevérfaj 65 bélsár és szervmintáját vizsgáltuk a degenerált primerekkel.

Mintáink közül 10 bizonyult poliómavírusra pozitívnak (15,4%). Ezek mindegyike simaorrú denevér (*Vespertilionidae*) minta volt. Hat denevér-fajból hét új, ideiglenes PyV típusba sorolható poliómavírus-szekvenciát mutattunk ki. Európában elsőként igazoltuk poliómavírusok jelenlétét denevérekben. A poliómavírusok nagy diverzitást mutatnak. A VP1 génszakaszon alapuló filogenetikai elemzésünk alapján az új poliómavírusok leginkább a többi denevér-poliómavírushoz hasonlítanak, de találhatók közöttük humán illetve más főemlős poliómavírusokkal közeli rokon vírusok is.

Míndezek alapján feltételezhető, hogy a poliómavírusok gyakran válhatnak gazdát denevérek és más emlősök között. A denevérek potenciális vírusrezervoár szerepük miatt nagyon érdekesnek bizonyulnak virológiai kutatások szempontjából, így célszerű az európai denevérek további vizsgálata. Az eddig kimutatott vírusok további, lehetőleg teljes genetikai elemzését tervezzük.

TÓTH KINGA

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Tóth Ákos**főtanácsos, Nemzeti Népegészségügyi Központ***Egy extrém antibiotikum rezisztens *Enterococcus faecalis* törzs β -laktám és glikopeptid rezisztencia mechanizmusának genetikai vizsgálata**

A vancomycin rezisztens *Enterococcus sp.* (VRE) egyike a leggyakoribb multirezisztens, kórházi kórokozó baktériumoknak, amelyek elterjedése világszintű népegészségügyi problémát jelent. Habár az *E. faecalis* a gyakoribb humán kórokozó nagyobb virulenciája miatt, a VRE törzsek >90%-a *E. faecium*. Ennek oka lehet, hogy előbbi általában aminopenicillinekkal iránt érzékeny marad, és ritkábban alakulnak ki sikeres VR-*E. faecalis* klónok. 2015-2017 között 11 hazai egészségügyi intézményből származó 37 vanA-pozitív, β -laktám antibiotikumokkal szemben rezisztens VR *E. faecalis* törzs (összes vizsgált VRE ~5%-a) mindegyike azonos klónhoz tartozott. A törzseken komplex vizsgálatot végeztünk (rátermettséget mutató növekedési tesztek, konjugációs kísérlet, rezisztencia mechanizmusok és a leszármazás teljes genom és plazmid szekvenáláson alapuló elemzése), hogy az elterjedés lehetséges hátterét felderítsük. Eredményeink szerint a β -laktám antibiotikum rezisztenciával korreláló mutációt találtunk a penicillin-kötő fehérje 4-ben és olyan vanA gént hordozó transzpozon variáns (Tn1546::IS1216), amely eltér a hazai *E. faecium* CC17 törzsekben korábban leírtaktól. A konjugációból nyert szexferomon érzékeny Inc18-kiméra plazmid 2 funkcionálisan elkülöníthető régióból áll: egy rep1-t és Δ rep7-t tartalmazó antibiotikum rezisztenciáért felelős (vancomycin rezisztencián kívül makrolid, chloramphenicol és streptomycin rezisztenciát is tartalmaz) részből és egy konjugációért felelős apparátusból áll, amelyen a rep2 és repUS11 található. Valószínűsítjük, hogy ez a 2 funkcionálisan eltérő régiójú kiméra plazmid egy *E. faecalis*-hoz tartozó virulencia faktorokat kódoló szexplazmidból és egy *E. faecium* rezisztencia plazmidjának összeolvadásából jött létre. A kiméra fajon belül, plazmid szétválásából származó rezisztencia plazmid fajok között válhat sikeressé. A rezisztenciáért felelős rész megegyezik a transzpozonnál is a legnagyobb hasonlóságot mutató, Ausztráliában izolált klinikai *E. faecium* plazmiddal, míg a szexferomon rész nagyfokú heterogenitása miatt, egy eddig ismeretlen *E. faecalis* plazmidhoz köthető. Lehetséges, hogy az extrém rezisztenciát mutató törzsünk gyakorivá válása esélyt adhat egy új, magas kockázatú multirezisztens kórokozó országos terjedésének, mivel a virulens *E. faecalis* CC28 leszármazási vonalba tartozik, annak ellenére, hogy vancomycin jelenlétében a rátermettsége alulmarad a klinikai izolátumokból leggyakrabban származó VR-*E. faecium* CC17 törzsektől.

GÁLIK NIKOLETTA

Biotechnológia MSc
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:

Dr. Tóth Judit

tudományos főmunkatárs, ELTE TTK

Surányi Éva Viola

tudományos segédmunkatárs, BME VBK

Genotoxikus környezeti tényezők hatása a *Mycobacterium smegmatis* növekedésére és DNS hibajavító folyamataira

A tuberkulózis gyógyítása napjainkban is számos akadályba ütközik annak ellenére, hogy gyógyszeres kezelése régóta elérhető. A hosszú terápiás idő és az antibiotikum rezisztens törzsek kialakulása ugyanis nagyban megnehezítik a kórokozó elleni küzdelmet. Habár a betegség okozója, a *Mycobacterium tuberculosis* alacsony mutációs rátával tudja genomját tovább örökíteni *in vitro* körülmények között, az *in vivo* betegekből izolált köpetmintákban gyakran nagy genetikai diverzitás figyelhető meg, sokszor több antibiotikum rezisztencia gént is beleértve. Mivel ez a baktérium nem kódolja a horizontális géntranszfer enzimeit, a rezisztenciát kizárólag nukleotid polimorfizmussal alakítja ki. Így felmerül a kérdés, hogy vajon hogyan éri el a baktérium, hogy genotoxikus stressz környezetbe kerülve rövid időn belül számos adaptív mutációt halmozzon fel? Hipotézisünk szerint a DNS hibajavító útvonalak megváltozása nagyban befolyásolhatja a mutációs ráta alakulását, és ezért tudományos diákköri tevékenységemben kidolgoztam a mikobakteriális DNS hibajavító fehérjék mRNS mennyiségének vizsgálatára szolgáló munkafolyamatot. A módszer lehetővé teszi genotoxikus stressz körülmények között tartott baktériumok génexpressziós mintázatának szisztematikus vizsgálatát a továbbiakban. Elsőként az aeroszol cseppekben stresszként ható UV sugárzást modelleztem a mikobaktériumon laboratóriumi körülmények között, és vizsgáltam a hatását a DNS hibajavító mechanizmusok aktiválódására.

MAKÓ REBEKA ANNA

Biomérnöki BSc

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezető:**Dr. Pfliegler Valter Péter
adjunktus, DE TTK*

Ízeltlábúak mikrogombáinak taxonómiai és ökológiai vizsgálata

A gombák számos csoportja között található más, többsejtű organizmussal – növényekkel, állatokkal, egyéb gombákkal – való együttéléshez adaptálódott fajok. A potenciális gazdák közül a taxonómiailag leginkább diverz csoport az ízeltlábúaké (*Arthropoda*). Ezen állatok mikrobiomjában a baktériumok és egysejtűek mellett is jelentős szerepe van a különböző gombáknak. Éppen ezért az ízeltlábúakhoz kapcsolódó gombák vizsgálata fontos és érdekes terület, ezen fajok mélyreható megismerése időszerű.

Kutatásom elsődleges célja is az élesztők ízeltlábúakkal való kapcsolatának vizsgálta volt. A gazda-mikroba interakciókat figyeltem meg. Munkám során két hazai, méhkaptárból származó élesztőizolátum meghatározását és ökológiájának, rovarokhoz való viszonyának felmérését készítettem el. Az izolátumokat táptalajon felnevesztettem majd a minták molekuláris módszerekkel történő identifikálását végeztem el. A DNS izolálást követően a PCR reakció alatt a DNS-barcode szekvenciák amplifikálása történt meg. A PCR sikerességét gélelektroforézis során néztem meg majd szekvenáltatás előtt a DNS mintákat megtisztítottam. Végül szekvenációelemzést végeztem és meghatároztam az izolátumok faji hovatartozását. Az eredmények alapján mindkét izolátum a *Starmerella magnoliae* -fajba tartozónak bizonyult. Az élesztők ökológiájának tanulmányozásához a rovarpatogenitás tesztelését és a rovarok tápcsatornájában történő forézis lehetőségét mértem fel. Az állatpatogenitási teszthez a méhkaptárakban élő, de patogenitási modellszervezetként is alkalmazott viaszmolylárvákat használtam. A *Galleria mellonella* lárvák etetési, illetve oltási kísérletéből származó statisztikai adatok alapján megállapítottam, hogy a két élesztő nem tekinthető kifejezetten patogénnek. Ennek köze lehet többek közt a pszeudohifás illetve hifás növekedés, mint virulencia faktor hiányához. Mivel az eredményeim alapján, a *Starmerella magnoliae* izolátumok nem bizonyultak erősen patogénnek, feltételeztük, hogy a rovar tápcsatornájában esetleg a gazda elpusztítása nélkül szállítható. Ennek tesztelésére etetési kísérletet végeztem, melynek során nem sikerült a tápcsatornában történő forézist kimutatni. A *Starmerella magnoliae* méhkaptárba kerülése ezek alapján könnyebben elképzelhető a méhek testén való szállítás által.

HALMY RÉKA

Biológia osztatlan képzés
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

Témavezetők:
Makk Judit
adjunktus, ELTE TTK
Enyedi Nóra
doktorandusz, ELTE TTK

Karbonátképző baktériumok a Csodabogyós-barlangból

A barlangi karbonátképződmények a klímakutatás egyik legfontosabb anyagai, információt szolgáltatnak a múlt környezeti- és klímaváltozásairól. Korábbi eredmények arra utalnak, hogy a mikrobiális tevékenységeknek fontos szerepe van a karbonátok képződésében. A baktériumok kalcium-karbonát precipitációjának vizsgálatát a Csodabogyós-barlangban végeztük, amely a Keszthelyi-hegységben elhelyezkedő fokozottan védett barlang.

A barlangi mintavétel két teremben többféle cseppkőfelszínről, állócseppkőről, cseppkőlefolyásról, hegyitejről, üledékes bevonatról és csepegővízből származó minták tenyésztésbe vonásával történt, amelyet kétféle, alacsony tápanyagtartalmú, valamint a Csodabogyós-barlang üledék extraktumát tartalmazó táptalaj segítségével végeztem. A 138 izolált baktériumtörzset a 16S rRNS-gén bázissorrend elemzése alapján az *Actinobacteria*, *Firmicutes*, *Proteobacteria* és *Bacteroidetes* törzsek képviselőiként azonosítottam. A különböző minták bevonásával és a speciális összetételű táptalajok használatával 28 nemzetség képviselőit sikerült azonosítanom, amelyek leggyakrabban a *Bacillus*, *Pseudomonas*, *Arthrobacter*, *Brevibacterium*, *Micrococcus*, *Paeniglutamibacter*, *Rhodococcus*, *Streptomyces* nemzetségbe sorolható baktériumfajok voltak.

A kalcium-karbonát precipitációs képesség prezentálásához a törzseket kalcium-acetátot is tartalmazó szilárd tápagaron 21 °C-on 8 hétig inkubáltam, majd fénymikroszkóp és pásztázó elektronmikroszkóp (SEM) segítségével vizsgáltam a baktériumtelepekről izolált kristályokat. A törzsek többségénél detektálhatóak voltak a különböző méretű és alakú kristályok, továbbá egy adott törzs gyakran többféle morfológiájú kristály egyidejű precipitációját is eredményezte. A kristályok összetételének meghatározása során (SEM-hez szerelt energiadiszperzív röntgenspektroszkóp, EDX) a kalcium, szén és oxigén jelenléte nagy mennyiségben mérhető volt, amely a kalcium-karbonát jelenlétére utal. Az izolált baktériumtörzsek között sikerült a tudományra nézve új karbonát-precipitáló törzseket is kimutatnom (pl. *Stenotrophomonas rhizophila*, *Microbacterium azadirachtae*, *Oerskovia enterophila*, *Pseudomonas cichorii*, *Rhizobium nepotum*).

SZÚCS KATA DORINA

Biomérnök BSc

Szent István Egyetem

Élelmiszertudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Kovács Mónika**adjunktus, SZIE ÉTK**Szántó-Egész Réka**tudományos főmunkatárs, Biomi Kft.*

Norovírusok kimutatása real-time RT-PCR technikával

A norovírusok, olyan RNS-vírusok, amelyek számos esetben okoznak gastroenterialis megbetegedést, amelynek forrása általában valamilyen fertőzött élelmiszer. Célul tűztük ki egy olyan eljárás kidolgozását, amely segítségével a norovírus GI és GII genocsoportja nagy megbízhatósággal mutatható ki gyorsfagyasztott málnáról. A vizsgálatokhoz kereskedelmi forgalomban kapható termékeket használtunk, amelyeket mesterségesen fertőztünk meg LENTICULE® Disc Norovirus GI, illetve GII standard vírusokkal.

A norovírus kimutatását szolgáló módszer három részlépésre tagolható, amelyek a következők: a vírus leoldása a málna felületéről; RNS-izolálás, illetve detektálás real-time RT-PCR segítségével. A munka során célkitűzésünk az volt, hogy három vírus-izolálási mód, két RNS-izoláló kit, illetve három PCR kit összehasonlításával megtaláljuk azt a módszert, amely a leginkább alkalmas a vírus detektálására.

Az eredmények alapján a norovírusok kimutatásához a CEN ISO/TS 15216-2:2013 számú szabvány 8.2.4 pontjában leírt eljárás Bioteccon Diagnostics GmbH által módosított változatát, a QIAamp® Viral RNA Mini Kit-et és a TaqMan®RNA-to-CT 1-Step Kit-et választottuk. A sikeres detektálás érdekében szükség van egy további lépésre, egy DNáz-kezelés beiktatására. Az enzim által csökkenthető a mátrixban a nem vírus eredetű nukleinsavak mennyisége. E lépésre azért van szükség, mert a málna-, illetve a málnán jelen lévő mikroorganizmusok örökítőanyaga nagy mennyiségben sztérikusan gátolhatja a real-time RT-PCR reakciót.

A vizsgálatok során meghatároztuk azt a legkisebb vírusedetektálási mennyiséget, amely a PCR reakció során még kimutatható. Ehhez a standard vírusokból kinyert RNS-ekből hígítási sort készítettünk. Az eredmények alapján – a gyártó által meghatározott átlagos vírus mennyiséggel számolva – ez a GI és a GII genocsoportok esetén 3, illetve 18 genom kópia. Meghatároztuk azt is, hogy mennyi az a legkisebb vírusedetektálási mennyiség, amellyel a málnát megfertőzve még kimutatható a vírus jelenléte. Ez a GI genocsoport esetén 2,8·10² genom kópia a GII genocsoport esetén pedig 5,1·10³ genom kópia. Az eredmények alapján, tehát megállapítható, hogy a GI genocsoport nagyobb hatékonysággal mutatható ki.

Összefoglalásképp elmondható, hogy munkánk eredményeképp megvalósult egy olyan eljárás, amely az akkreditálási vizsgálatok befejeztével, egy állandó szolgáltatásaként hozzájárulhat ahhoz, hogy mikrobiológiailag biztonságosabb gyorsfagyasztott élelmiszerek kerülhessenek a fogyasztók asztalára.

TAKÁCS SZONJA IZABELLA

Biológus MSc

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

Témavezető:

Gálné dr. Miklós Ida

docens, DE TTK

**A Ligáz IV gén megszakításos konstrukciójának elkészítése és fenotípusának vizsgálata
*Schizosaccharomyces japonicus*ban**

Kutatásunkban egy, feltehetően a DNS javításában szerepet játszó gén vizsgálatával foglalkoztunk. Ez a gén a DNS ligáz IV (*lig4*), melynek homológjairól tudjuk, hogy a duplaszálú DNS törések javításában vesz részt és a nem-homológ rekombinációt segíti elő. E gén ortológja a magasabb rendű eukariótákban, így az emberben is megtalálható, ahol szintén a DNS javítást végzi. Érdekes, hogy ezen túlmenően a gén hibás működése emberben különböző betegségeket is eredményez (immundeficiencia, mikrocefália), de kapcsolatba hozható például daganatos betegségek kialakulásával is.

Mivel a *lig4* gén működése nem ismert teljesen, ráadásul elképzelhető, hogy a rekombináción kívül más folyamatokra is hatással van, ezért e gént szeretnénk volna részletesebben megvizsgálni. Ehhez a *Schizosaccharomyces japonicus* dimorf hasadó élesztőt használtuk modellszervezetnek. A kutatásunkhoz az *S. japonicus lig4* génjének megszakításos konstrukcióját készítettük el, majd különböző kísérleteknek vetettük alá. Célunk az volt, hogy megállapítsuk, hogy a *lig4* gén hiánya milyen hatással van az élesztő sejtfolyamatára.

Eredményeink azt mutatták, hogy a *lig4* gén megszakításos allélját sikeresen elkészítettük *S. japonicus*-ban. A más fajokban kapott korábbi eredmények azt sugallják, hogy a *lig4* gén a hibajavító mechanizmusok fontos résztvevője. Eredményeink szerint feltehetően a *S. japonicus*-ban is ezt a szerepet töltheti be, hiszen a DNS-károsító UV fénnel szemben a mutáns törzsünk érzékenyebbnek bizonyult a kontroll 7-1 törzshöz képest. Ezen felül más folyamatokra is hatással lehet a *lig4* gén, mivel vizsgálataink során eltérő válaszreakciót adott stressz körülmények között a mutáns törzs a 7-1 vad típusú törzshöz képest.

BOTH-FODOR MÁRTA

Orvosi biotechnológia BSc
Marosvásárhelyi Orvosi és Gyógyszerészeti
Egyetem

SALAMON PÁL

Orvosi biotechnológia MSc
Marosvásárhelyi Orvosi és Gyógyszerészeti
Egyetem

Témavezető:
Miklós, Ildikó
adjunktus, EMTE CSK

**Anyagcsereménoökséggel előállított, rekombinás *E. coli* törzsek génexpressziós
profilelemzése és optimális tenyésztési körülményeinek meghatározása**

Az anyagcsereménoökség rendkívüli fejlődése lehetővé teszi vegyi anyagok bioszintézisét fenntartható nyersanyagokból kiindulva: ipari alkalmazásként a borostyánkósav, tejsav, aminosavak és más metabolitok mikrobiális termelése említhető. Az 1,4-butándiol biológiai alapú termelése az iparág egyik legfontosabb kihívása, mivel e vegyipari platform-molekula szintézise jelenleg petrokémiai technológián alapul.

Kutatásunk során 1,4-butándiol előállítására alkalmas, metabolikusan optimalizált *Escherichia coli* (*E. coli*) törzseket hoztunk létre géntechnológiai és genoménoökségi módszerekkel, meghatároztuk optimális tenyésztési körülményeiket, illetve elvégeztük a törzsek génexpressziós profilelemzését a primér metabolizmus néhány génjére vonatkozóan.

A kutatási munka megvalósítása az alábbi lépésekben történt: 1. génkiütött (alkoholdehidrogenáz eliminációja) és heterológ géneket (*Clostridium acetobutylicum* alkohol/aldehyd dehidrogenáz, *Chloroflexus aurantiacus* malonil-koenzimA redukáz, *E. coli* szukcinilkoenzimA szintetáz kódoló szekvenciái) tartalmazó *E. coli* törzsek létrehozása; 2. fermentációs kísérletek kis térfogatokban a törzsek tenyésztési körülményeinek vizsgálatához; 3. expressziós profilok meghatározása RT-qPCR módszerrel. A génkiütés megvalósítása a λ -Red rekombinációs rendszerrel történt, majd az 1,4-butándiol előállítására alkalmas heterológ géneket juttattunk a gazdatörzsbe megfelelő plazmid vektort (pET-Duet alapú) alkalmazva. Kis térfogatban végzett fermentációk során a baktériumtörzsek glicerin és glükóz tartalmú tápközegben való növekedését követtük aerob és anaerob/mikroaerob körülmények között. Így a vizsgált gének expressziójában bekövetkezett változások, a tenyésztési körülmények (oxigénellátás, C-forrás) közötti összefüggésekről kaphatunk képet. Ugyanakkor a kísérleti adatokból következtethetünk a genetikai módosítások, az adott törzsök primér metabolizmusának fontos génjeire gyakorolt hatására (pl.: piruvát metabolizmus, citrátkör), ezáltal a vizsgált törzsek anyagcsere és szabályozó útvonalainak további módosításai tervezhetők.

A kapott adatok összehangolásával egy biotechnológiai eljárásban alkalmazható, megfelelő céltermék hozamot biztosító törzs továbbfejlesztése valósítható meg, a téma tudományos újszerűségéhez pedig a funkcionális genomikai, illetve rendszerbiológiai megközelítés nagyban hozzájárul.

MESZÉNA RÉKA

Biológia BSc

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Papp Gábor

adjunktus, PTE TTK

A propolisz hatásának vizsgálata különböző *Candida* izolátumok szaporodására és biofilm képzésére

A propolisz a méhek által előállított növényi anyag, melynek elsődleges szerepe a kaptárban a kórokozók elleni védelem, de hőszigetelőként és ragasztóanyagként is funkcionál. A népi gyógyászatban és kozmetikai iparban már évszázadok óta széles körben elterjedt gyulladáscsökkentő, antioxidáns és antimikrobiális tulajdonságainak köszönhetően. A *Candida albicans* és nem-*albicans Candida* fajok természetes körülmények között is megtalálhatók az emberi szervezetben, azonban kóros elszaporodásuk súlyos megbetegedésekhez vezethet, főképpen immunszuppresszált egyének esetében. Az antibiotikum rezisztens gombák számának növekedése világszerte megoldandó problémát jelent a klinikumban, amelynek visszaszorításához újabb és újabb hatóanyagok szükségesek.

Vizsgálatunk célja a hat különböző területről (Aranyosgadány, Csikóstóttós, Héhalom, Somogyabod, Szolnok, Szombathely) származó magyarországi propolisz minta etanolos kivonatának (PEE) *Candida* ellenes hatásának összehasonlítása, az aranyosgadányi propolisz antifungális szerrel való együttes kezelésének vizsgálata, valamint a *C. albicans*, *C. tropicalis*, *C. dubliniensis*, *C. parapsilosis* és *C. glabrata* törzsek biofilm képzésére és az érett biofilmre gyakorolt hatásának vizsgálata volt.

Kimutattuk, hogy a somogyabodi minta kivételével mindegyik PEE minta antifungális hatású 50-200 µg/ml-es koncentrációban *Candida albicans* sejteken, de az eltérő földrajzi eredetük jelentős különbséget mutat a biológiai aktivitásukban. Az aranyosgadányi PEE és a vorikonazol együttes *in vitro* alkalmazása különböző koncentrációkban mind antagonista, additív és szinergista kölcsönhatásokat is eredményezett. A két anyag minimális gátló koncentrációjánál alacsonyabb koncentrációk kombinációja teljes gátlást okozott bizonyos *C. albicans* és *C. tropicalis*, illetve *C. glabrata* és *C. parapsilosis* törzseken, amely együttes alkalmazásukkor lehetővé teszi az alacsonyabb vorikonazol dózissal történő terápiás kezelést. Továbbá kimutattuk, hogy az aranyosgadányi PEE az összes vizsgált törzs esetében gátolta a biofilm képződését és csökkentette a planktonikus sejtek koncentrációját a rendszerben, de a már érett biofilmmel szemben kevésbé volt hatásos. Ezek alapján terápiás felhasználás céljából fontosnak tartjuk a kémiai összetétel és a biológiai aktivitás alapján a minták sztenderdizálását, valamint a kezelés megfelelő időben történő megkezdését.

VARGA ANDRÁS

Biológia MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:

Dr. Kredics László

docens, SZTE TTIK

Vörös Mónika

tudományos segédmunkatárs, SZTE TTIK

A *Pseudomonas tolaasii* elleni biológiai védekezésben felhasználható baktériumtörzsek vizsgálata

A kétspórás csiperke (*Agaricus bisporus*) a legelterjedtebb étkezési célra felhasznált gombafaj, hazánkban is termesztik. A gombákat különféle kórokozók támadhatják meg, ezzel kárt okozva a termés minőségében és mennyiségében. Ilyen patogének lehetnek egyes *Trichoderma* fajok, valamint a bakteriális kórokozók közül a leggyakrabban előforduló *Pseudomonas tolaasii*, mely a 'brown blotch disease' nevű megbetegedést okozza. A *Ps. tolaasii* más bazídiumos gombákat is képes megfertőzni, így kárt okoz a laskagomba (*Pleurotus ostreatus*) és a shiitake (*Lentinula edodes*) termesztésében is. Számos kutatás irányul a csiperkepatogén baktériumok és gombakórokozók elleni biológiai védekezés lehetőségeinek vizsgálatára, melyek során kiemelt figyelmet kapnak a *Bacillus* nemzetség tagjai. Munkánk során célul tűztük ki olyan baktériumtörzsek keresését, melyek képesek gátolni a *Ps. tolaasii* növekedését és ezáltal alkalmasak lehetnek az ellene való biológiai védekezésre. Tizenhét baktériumtörzset vizsgáltunk a *Bacillus*, *Pseudomonas* és *Pantoea* nemzetségből, melyek korábbi munkák alapján antagonista hatással rendelkeznek növénypatogén baktériumokkal szemben. Teszteltük a törzsek növekedésgátló hatását *Ps. tolaasii* izolátumokon, kromogén szubsztrátok felhasználásával extracelluláris enzimaktivitási vizsgálatokat végeztünk és meghatároztuk a vizsgált *Bacillus* fajok által termelt antibiotikumokat. Eredményeink alapján az általunk vizsgált törzsek jelentős része (*Bacillus*, *Pseudomonas* és *Pantoea* fajok egyaránt) képes volt gátolni egyes *Ps. tolaasii* izolátumok szaporodását; a vizsgált törzsek extracelluláris proteáz, β glükózidáz, lipáz és észteráz enzimaktivitással rendelkeztek; egyes *Bacillus* fajoknál jelentős szurfaktintermelést azonosítottunk, mely antibakteriális hatással rendelkezik.

Az eredmények alapján megállapíthatjuk, hogy a *B. velezensis* SZMC 6161J és SZMC 6225J jelű törzsek voltak képesek a legnagyobb mértékű gátló hatást kifejteni a *Ps. tolaasii* törzsekkel szemben, továbbá a törzsek antagonista képességei, a termelt antibiotikumok, valamint az extracelluláris enzimaktivitások között összefüggést tapasztaltunk.

Munkánk során én végeztem az *in vitro* konfrontációs tesztek és az extracelluláris enzimaktivitási vizsgálatokat, valamint a DNS izolálást az SZMC 6167J, SZMC 6172J, SZMC 6173J és SZMC 6174J törzsekből, az izolált DNS-ből a 16S rRNS gén amplifikálását polimeráz láncreakció segítségével, és a szekvenálás során kapott szekvencia adatok elemzését.

KELEMEN EVELYN

Biológia MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Hamari Zsuzsanna

docens, SZTE TTIK

Az *Aspergillus nidulans* sterigmatocisztin termelésének, és szexuális fejlődésének vizsgálata

Korunk egyik legáthatóbban tanulmányozott fonalgomba modellszervezete az *Aspergillus nidulans*. Ez a fonalgomba ivaros, ivartalan és paraszexuális életciklussal is rendelkezik. A szexuális differenciálódás kezdetén megjelennek a hülle sejtek, melyek a fejlődő primordiumot fogják közre, ahol az aszkogén hifák és a termőtest falát képző elvékonyodó hifák differenciálódása és fejlődése történik. A primordiumból mikro-kleisztotécium, majd érett kleisztotécium fejlődik. A fejlődő termőtestet körülvevő hülle sejtek az aszkogén hifákat és az aszkuszokat védik és táplálják. A szexuális differenciálódás számos kulcs-regulátora egyben a másodlagos metabolit sterigmatocisztin termelését is szabályozza. Ez alapján azt feltételezzük, hogy a mikotoxin szerepe a reprodukív struktúrák védelme kártevőkkel szemben, valamint előny szerzés a környezeti kompetitorokkal szemben. Gombákkal táplálkozó ízeltlábúakon folytatott tanulmányok megerősítik ezt az elképzelést, valamint felvetik a sterigmatocisztin kolónián belüli heterogén eloszlását. Jelen munkánkban létrehoztunk egy sterigmatocisztin bioszintézis génklaszterbe tartozó gén, az stcO kifejeződését jelző CFP-reporter *A. nidulans* törzset, amelynek mikroszkópos vizsgálatával térben és időben vizsgálhattuk a sterigmatocisztin termelést a gombatelepen belül.

Igazoltuk, hogy az stcO gén deléciója a sterigmatocisztin termelés hiányához vezet, valamint azt, hogy az stcO gén kifejeződése a növekedés 3. napjára korlátozódik. A 4. napra a génkifejeződés lecsökken, azonban sterigmatocisztin továbbra is termelődik. Megfigyeltük, hogy az stcO gén kizárólag a hülle sejteket körülvevő hifákban aktiválódik. A hülle sejtektől távolodva a génaktivitás megszűnik. Megfigyeléseink alapján feltételezzük, hogy a sterigmatocisztin termelés a szexuális differenciálódás fókuszpontjában iniciálódik és onnan terjed a vegetatív hifákba. Eredményeink felvetik és támogatják azt a hipotézist, hogy a vegetatív hifák bár morfológiailag egységesek, funkcionálisan mégis mutathatnak specializálódást.

RÁCZ HANNA VIKTÓRIA

Klinikai laboratóriumi kutató MSc
 Debreceni Egyetem
 Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezető:
 Dr. Pfliegler Valter Péter
 adjunktus, DE TTK*

Egy házasított mikroba sorsa az emberben: A domesztikáció és törzsnemesítés hatása a patogén és kommenzalista élesztők mikroevolúciójára

A *Saccharomyces cerevisiae* élesztőfaj története, evolúciója szorosan összekapcsolódik az humán kultúrtörténettel, ősidők óta használjuk az élelmiszeriparban, valamint az utóbbi időkben probiotikumként is. Képes a humán szervezetet kommenzalistaként kolonizálni, egyes esetekben azonban opportunista patogénként is viselkedik. Időszerű kérdés, hogy az emberi izolátumok honnan származnak, és hogyan változnak meg a gazdaszervezetben. Munkám során magyarországi klinikai élesztőket hasonlítottam össze kereskedelmi forgalomban kapható pékélesztőkkel és probiotikumokkal mitokondriális DNS tipizálás és mikroszatellita tipizálás segítségével. A tanszék korábbi eredményeit megerősítve megállapítottam, hogy a klinikai élesztők nagy része pék- vagy probiotikus élesztőkből származik. A probiotikum eredetűek kevésbé változnak a gazdában, míg a pékélesztők poliploid, intraspecifikus hibrid genomja méretéből adódóan jobban ki van téve a változásoknak, megfigyelhető például genomredukció, heterozigótaság vesztes is közöttük. Alapvetően fontos tehát megérteni a klinikai izolátumok származását az emberi szervezetben, hiszen a pék- vagy probiotikus élesztőktől származó izolátumok nem azonos módon alkalmazkodnak a testünkben való túlélés során, ez pedig kolonizációs képességükre és patogenitásukra is hatással lehet.

MARKÓ VIKTÓRIA

Biológus MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:

Dr. Rákbely Gábor

tanszékvezető docens, SZTE TTIK

Szilágyi Árpád

tudományos segédmunkatárs, SZTE TTIK

Egy mezőgazdasági hulladék recirkularizációja

A fogyasztói társadalmunknak köszönhetően a környezetszennyezés egyre nagyobb mértékű, amely többek között, a jelenleg alkalmazott, nem megfelelő hulladékkezelési megoldásoknak is köszönhető. A rohamos fejlődés következtében évről-évre nő az energiaigény, amelyet főként fosszilis energiaforrások elégetéséből fedezünk. Az égetési folyamat során felszabaduló üvegházhatású gázok nagymértékben hozzájárulnak a globális felmelegedéshez. Mindezek következtében egyre nagyobb érdeklődés övezi a fenntartható megoldásokra irányuló kutatásokat, melyek célja a környezeti terhelés csökkentése, valamint a megújuló energiaforrások hasznosítása, hiszen a fosszilis tüzelőanyagok kimerülöben vannak. A szerves anyagokból történő biogáz előállítás mind hulladék-, mind energiagazdálkodási szempontból ígéretes módszer. A termeléshez többféle szerves hulladék is felhasználható alapanyagként, melyek lebontása során keletkező biogáz, mint megújuló energiahordozó, alkalmas például elektromos áram előállítására, fűtésre.

Kísérleteinkben igazoltuk, hogy a mezőgazdasági hulladékként keletkező növényi biomassza, a paradicsomnövényi maradvány, alkalmas alapanyag lehet biogáz-előállítás során. Több fajta paradicsomnövényvel dolgoztunk, melyek fajtától függően más-más metánkihozatali értékkel rendelkeztek. Megállapítottuk továbbá, hogy ezen új fermentációs alapanyag közel azonos metánkihozatali értékkel bír, mint a kontrollként alkalmazott kukoricánövényi maradvány, viszont alacsonyabb szén-, és jóval magasabb nitrogéntartalommal rendelkezik. Ezen tulajdonságainak köszönhetően a paradicsomnövényi maradvány nyersanyagként történő alkalmazása jó lehetőséget biztosíthat arra, hogy nitrogénszegény talajok nitrogén-ellátottságát javítsuk a fermentációs maradékkal. Szakaszos (batch) fermentációs kísérletekben nyomon követtük az egyes alapanyagok esetén keletkező illékony szerves savak mennyiségi változását, melyből megállapítható, hogy a paradicsomnövényi maradvány, a kukoricánövényi maradványhoz képest egy jóval könnyebben hidrolizálható nyersanyag. Ezen eredményünket a nyersanyagok rostanalízisével sikeresen igazoltuk. Emellett megvizsgáljuk a mikrobiális közösség változását is a fermentációk során, melyhez újgenerációs szekvenálásokat végzünk. Az ehhez szükséges genomi DNS-ek kinyerése sikeresen megtörtént, azok szekvenálása már folyamatban van.

Köszönetnyilvánítás:

A munka az EU és a Magyar Kormány EFOP-3.6.2-16-2017-00010 projekt támogatásával készült.

CSIKÓS MÁTÉ LAJOS

Biológia BSc
Szegei Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

HALMOS EMESE

Biológia BSc
Szegei Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

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

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

A *Candida* élesztőgombák által okozott fertőzések egyre nagyobb számban fordulnak elő világszerte, amelyek a legnagyobb veszélyt többek közt az alacsony születési súlyú újszülöttekre és immunhiányos betegekre jelentik. Szisztémás mikózisos kialakítása mellett, a *Candida* fajok bőrbetegségeket is okozhatnak. Ezeket leggyakrabban a *Candida albicans* okozza, mely egészséges bőrrel csak ritkán izolálható. Ezzel szemben a *Candida parapsilosis* kommenzalista a normál humán bőrön és azon ritkán okoz kóros elváltozást. A bőr keratinocitáinak (hámsejtjeinek) válasza a különböző mértékben patogén *Candida* fajokkal szemben kevésbé ismert. Célul tűztük ki humán keratinocita sejtvonalak *Candida albicans*szal és *Candida parapsilosis*szal történő kölcsönhatásának vizsgálatát.

HaCaT és HPV-ker sejtvonalakat fertőztünk *Candida albicans* WO1 és SC5314 törzsekkel, illetve *Candida parapsilosis* CLIB214 és GA1 törzsekkel.

A keratinociták károsodásának meghatározására LDH aktivitást mértünk a fertőzött hámsejtek felülúszójából. Ezen felülúszókból a keratinociták citokin termelését ELISA módszerrel detektáltuk. A *Candidák* és keratinociták asszociációját és a hámsejtek *Candidákkal* szembeni fagocitáló képességét képalkotó áramlási citometriával monitoroztuk.

A *Candida albicans* törzsek nagyobb mértékben károsították a keratinocitákat mint a *Candida parapsilosis* törzsek. A *Candida albicans* törzsek képesek voltak a hámsejtekben IL8 citokin termelését indukálni. Egyik *Candida* törzs sem indukált a kontrollhoz képest magasabb IL-6 és CCL5 citokin expressziót. IL-1 β , TNF- α és IL-10 termelés nem volt detektálható. Mindkét *Candida* faj sejtjei képesek voltak a keratinocitákhoz tapadni és alkalomszerűen fagocitózis is megfigyelhető volt. Ez a projekt hosszú távon segíthet abban, hogy jobban megértsük a bőr válaszreakcióit patogén és kommenzalista mikrobákkal szemben.

SZÚCS CSILLA

Biológus MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Petróné Dr. Kovács Etelka

tudományos munkatárs, SZTE TTIK

Mezőgazdasági melléktermékek előkezelése fonalas gombákkal biogáztermelés fokozása céljából

Az utóbbi évtizedekben nyilvánvalóvá vált, hogy az emberi tevékenységek komoly károkat okoznak a természetben, véges mennyiségű fosszilis energiahordozóval rendelkezünk, miközben energiaéhségünk folyamatosan nő. Noha jelenlegi tudásunk szerint a megújuló energiaforrások nem képesek ezt az igényt teljes mértékben kielégíteni, az új technológiák csökkenthetik a fosszilis energiahordozók iránti igényt. Az elhalt növényi részeket tartalmazó biomassza kiemelt figyelmet érdemel, hiszen a keletkezett cellulóz mennyisége az évi ~ 7,5 x 1010 tonnát is eléri.

A biogáz-fermentáció számos forrásból származó szerves hulladékot képes biogázzá alakítani, így akár a lakosság által termelt szerves hulladékot, a mezőgazdaságból vagy erdőgazdálkodásból származó lignifikált növényi részeket is.

A hatékony cellulózbontáshoz többféle enzimre van szükség, melyeket számos fonalas gomba képes nagy mennyiségben szekretálni. Kutatásom során négy olyan gombafajjal dolgoztam (*Aspergillus nidulans*, *Rhizomucor miehei*, *Trichoderma reesei*, *Gilbertella persicaria*), melyek az általuk kibocsátott enzimek segítségével képesek a cellulóz lebontására, s így a biogáztermeléshez aktívan hozzájárulnak. A dolgozatomban említett eredményekhez nehezen lebontható mezőgazdasági melléktermékeket használtam fel. Az általam használt fonalas gombák egy rövid előkezelés során is nagy hatékonysággal voltak képesek lebontani a cellulózt, amellyel jelentősen hozzájárultak a biogáz-termelés fokozásához.

Eredményeim alapján megállapítható, hogy a metánhozam akár meg is duplázható a gomba előkezelés hatására. Ezzel egyidőben a lebontott szervesanyag-tartalom tekintetében a gombával kezelt minta 20%-kal bizonyult hatékonyabbnak. Mindez természetesen a szubsztrát és a gombafaj függvényében változik, de összességében pozitív hatást nyújt az előkezelés. Mindkét enzim aktivitásvizsgálata során az *A. nidulans* hozott kiemelkedő eredményeket.

TOMPOS LEHEL

Ökológiai mérnöki BSc

Sapientia Erdélyi Magyar Tudományegyetem

CsíkSZeredai Kar

Témavezető:

Dr. Bodor Zsolt

adjunktus, EMTE CSK

1,4 butándiol előállításának tanulmányozása glicerín szubsztráton *in silico* tervezés alapján

A nagy áteresztőképességű módszerek, "omikák" elterjedése jelentős mennyiségű új információ megjelenését eredményezte, kifejezetten genomi szinten, ami a biológiában egy új tudományterület kialakulásához vezetett, a rendszerbiológia megjelenéséhez. A rendszerbiológia matematikai eszközöket és számítógépes programokat felhasználva egy adott organizmusról az irodalomban rendelkezésre álló adatokat összesíti, úgynevezett genom-léptékű metabolikus modelleket létrehozva. Az anyagcsere mérnökség előszeretettel alkalmazza a genom léptékű metabolikus modelleket metabolitok termelésének optimalizálására vagy olyan bioszintetikus útvonalak megtervezéséhez, minek köszönhetően az adott organizmus metabolizmusa racionálisan tervezhető, átalakítható számos magas hozzáadott értékkel rendelkező molekula bioszintézisére, mint pl. az 1,4-butándiol (BDO). A BDO olyan szerves molekula, amelyet legnagyobb mennyiségben a műanyagipar használ fel, és amelynek előállítása szinte kizárólag kémiai szintézissel történik.

Kutatásunk elsődleges célkitűzése a BDO bioszintetikus útvonalának számítógépes tervezése, elemzése *Escherichia coli* gazdaszervezetben megújuló szénforrás (glicerín) mellett és a termelő törzs optimális fermentációs körülményeinek meghatározása. Munkánk során első lépésben létrehoztuk a kívánt útvonalat, *in silico* szimulációkkal meghatároztuk a céltermék fluxusának optimalizálásához szükséges géneliminációk számát, azok következményét a növekedési sebességekre, valamint azonosítottuk a maximális termelési potenciált és a keletkező melléktermékeket. A szimulációk alapján *in vivo* fermentációs kísérleteket végeztünk, majd összehasonlítottuk az *in silico* eredményekkel. Megfigyeltük, hogy az *in vivo* kapott eredmények rendre kisebbek voltak a szimulációk eredményeinél, amely számos tényező mellett az *in silico* szimulációk explicit szabályozásának tudható be.

FÜZESI DÓRA

Biológia BSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezetők:

Dr. Szabó Judit Eszter

tudományos segédmunkatárs, MTA TTK Enzimológiai Intézet

Dr. Tóth Judit

tudományos főmunkatárs, MTA TTK Enzimológiai Intézet

A dNTP anyagcsere vizsgálata és beavatkozási pontok keresése enzimkinetikai modellezés segítségével

A DNS építőkövei, a dNTP-k (dA/T/C/GTP) szigorúan szabályozott arányban és koncentrációban fordulnak elő minden sejtben. E homeosztázis felborulása súlyos következményekkel jár: genomi instabilitás, mutációs gyakoriság növekedés és kóros sejtburjánzás forrása lehet. Baktériumok esetében a változások a növekedéssel, gyógyszer rezisztenciával és fertőzőképessé válással függenek össze.

Csoportunk a dNTP homeosztázis rendszerszintű vizsgálatához fejleszt valós kinetikai paramétereken alapuló *in silico* modellt a COPASI biokémiai szimulációs szoftver felhasználásával. Elsőként a mikobaktériumok modelljét alkottuk meg, mert bár a dNTP anyagcsere enzimei nagyrészt konzerváltak az élőlényekben, ez egy minimálrendszer, amelynek orvosi jelentősége is van a *Mycobacterium tuberculosis*, a TBC kórokozója kapcsán.

A modell elemei a dNTP anyagcsere enzimei, anyagcseretermékei, valamint az enzimek működésének és szabályozásának kinetikáját leíró elemi reakcióegyenletek. Az egyensúlyi dNTP és az abszolút enzimkoncentrációkat megmértük, az egyes enzimreakciók sebességi állandóit irodalmi adatok alapján számoltuk; ahol az enzimszabályozás nem volt ismert, ott azt szerkezeti homológia alapján becsültük.

A modellünk a dNTP homeosztázis érzékeny pontjaira mutat rá, valamint további tesztelhető hipotéziseket generál. A reakcióhálózat paramétereinek optimalizálását követően a cél egy olyan prediktív modell, amely segíti a terápiás célpontok azonosítását és hatékony kombinált terápiák kidolgozását.

OSZTOBÁNYI LILLA ESZTER

Molekuláris bionika mérnöki BSc

Pázmány Péter Katolikus Egyetem

Információs Technológiai és Bionikai Kar

Témavezető:

Dr. Káli Szabolcs

tudományos főmunkatárs, PPKÉ ITK

A hippokampális CA3 régió piramissejtjeinek részletes biofizikai modellezése

Dolgozatom témája a hippokampális CA3 régió piramissejtjeinek részletes biofizikai modellezése, amely során szomatikus áraminjekciók által kiváltott valós idegsejt viselkedések reprodukálása volt a cél. A sejtípus tulajdonságainak megismerése elengedhetetlen a hippokampusz működésének és fontos kognitív funkciókban betöltött szerepének megértéséhez.

Az idegsejt modellezéshez szükségem volt egy CA3 piramissejtet leíró morfológiára, valódi neuronok stimulálásából származó kísérleti adatokra, valamint megfelelő csatorna modellekre. A modellbe beépített ionszűrő elhelyezkedését, maximális konduktanciáját és egyéb paramétereit a modell biofizikai leírásában határoztam meg, amely során bizonyos paraméterek értékét állíthatónak hagytam.

A paraméterek egyidejű, automatikus hangolását az Optimizer szoftverrel végeztem, ami előre meghatározott elektrofiziológiai tulajdonságok alapján számolta ki az optimális paraméter értékeket úgy, hogy az általuk meghatározott modell viselkedése minél jobban megfeleljen a kísérletben tapasztalt tüzelési mintázatnak. Az optimalizált modell kvantitatív analíziséhez a Hippounit validációs rendszert használtam, amivel lehetőség nyílt nem csupán az optimalizációhoz meghatározott elektrofiziológiai tulajdonságok, hanem azok egy bővebb halmazának vizsgálatára is. A validációs ábrákról a kísérleti viselkedés mellett, 20 különböző modell verzió jellemzőit is leolvashattam, jellemzőik összehasonlításával egyszerűbbé vált a következtetések levonása és a továbbhaladási irány meghatározása.

A dolgozatban bemutatott sejtmodell egy korábban már publikált CA3 piramissejt modellen alapszik. Az ebből átalakított saját modell jelen állapotában képes a kísérletek során tapasztalt burst tüzelésre és adaptálódó spike-sorozat kialakítására is. A szimulációk során kapott tüzelési mintázatokat a valódi sejtválaszokkal vizuálisan összehasonlítva, csak kevés különbséget tapasztaltunk. Az optimalizáció és validáció során kapott, egyes elektrofiziológiai tulajdonságokra vonatkozó hibaértékek megvizsgálásával azonban a nehezen észrevehető hiányosságokra is fény derült, amelyek alapján meghatároztuk a modellen elvégzendő következő lépéseket. Többek között szükség lesz az aktivációs potenciál küszöb megemelésére, a burst frekvenciájának növelésére, valamint csökkenő amplitúdójú spike-ok kialakítására, amely változásokat elsődlegesen új paraméterek és csatorna modellek bevezetésével kívánunk eszközölni.

KEÖMLEY-HORVÁTH BENCE

Info-bionika mérnöki MSc
 Pázmány Péter Katolikus Egyetem
 Információs Technológiai és Bionikai Kar

Témavezetők:

*Dr. Csikász-Nagy Attila
 docens, PPKE ITK*

*Dr. Reguly István
 adjunktus, PPKE ITK*

A komplexom nagyteljesítményű szimulációi

Az elmúlt évtizedekben az új nagy-áteresztőképességű technikáknak köszönhetően, mint például a tömeg spektrometria, nagy mennyiségű protein-protein interakciós és domén-domén interakciós adat áll rendelkezésünkre. Ez megnyitotta a lehetőséget szimuláció alapú módszerek előtt a fehérje komplexek predikciójában.

Célunk egy SiComPre-n alapuló új program készítése, amely képes szimulációs módszerekkel fehérje komplexek predikciójára, ehhez az úgynevezett Gillespie's Multiparticle algoritmust használja. Ez a módszer kombinálja a klasszikus Gillespie algoritmust a diffúzióval, azzal, hogy a szimulált teret kisebb terekre (sub-volumes vagy SVs) osztja, amelyek elég kicsik, hogy feltételezhetjük a reagensek képesek egymással interakcióba lépni, valamint képesek diffúzióvalni a sub-volume-ok között.

Az SiComPre-nek vannak korlátai; a szimulált sejt modellje csak két dimenziós, valamint teljesítménybeli limitációk miatt nem volt képes valós fehérjeszámokkal szimulálni. Célunk, hogy az implementációnk teljesítménye lehetővé tegye nagy skálájú realiztikus modellek szimulációját. Programunk képes három dimenziós sejtmodellt kezelni, ezáltal a diffúzió is kevésbé lesz limitálva. A komplexeket közvetlenebb módon tárolom, amely rugalmasabb kódot eredményez a későbbi új funkciókhoz, mint például specifikusabb belső kötések a komplexekben, fehérje szintű konformációs változások, valamint komplexekre jellemző diffúziós tulajdonságok.

Egy további kihívás, hogy nem áll rendelkezésre a teljes proteomra kiterjedő diffúziós együttthatóról szóló adatbázis. Összegyűjtöttem és módosítottam módszereket, amelyekkel meg lehet becsülni ezeket a konstansokat az ismert moláris tömegeket és a Stokes-Einstein egyenletet felhasználva. Valamint találtam egy eljárást, amivel meg lehet becsülni a reakciós koefficiensek arányát az egyensúlyi koncentrációkból.

Befejeztem a szimuláció magjának az implementálását, amely már képes fehérje komplexek predikciójára, 3D sejtmodellben. Párhuzamosítottam a programot CPU-ra, ehhez OpenMP-t használtam. A program számítási teljesítménye már CPU-n is felülmúlta az elvárásainkat, a futási idő percekben mérhető, ezért a közeljövőben nem lesz szükség GPU használatára.

Összehasonlítottam a 2D-s és a 3D-s modell predikciós teljesítményét, különböző szimulációs idők mellett. Ebben az utóbbi felülmúlta a 2D-s modellt minden vizsgált szempontból. Probléma még a természetellenesen nagy komplexek kialakulása a szimuláció során, ennek megoldására számos megoldást javasoltam.

BUJTÁR ZSÓFIA

Info-bionika mérnöki MSc
Pázmány Péter Katolikus Egyetem
Információs Technológiai és Bionikai Kar

Témavezető:
Dr. Csikász-Nagy Attila
docens, PPKE ITK

A napi ritmus és a sejtciklus kapcsolatának matematikai modellezése

Daganatos betegek kezelése során általában DNS-károsodást indukálnak azért, hogy elpusztuljanak a beteg proliferálódó sejtjei. Ez a folyamat azonban az egészséges sejteket károsíthatja. A kezelés eredményessége nagyban függ attól, hol vannak a sejtciklusban az egészséges sejtek a kezelés alatt, amit a napi ritmus is befolyásol.

A folyamat rendszerszintű megértése céljából megvizsgáltam a napi ritmus és a sejtciklus molekuláris mechanizmusait, és a cirkadián ritmus legfőbb hatását a sejtciklusra. Áttanulmányoztam a biológiai rendszerek modellezésének előnyeit és kihívásait.

Kezdetben egy napi ritmust leíró, majd egy összetettebb, cirkadián ritmust és sejtciklust összekapcsoló modellel foglalkoztam. Értelmeztem a differenciál-egyenleteket tartalmi, biológiai szempontból, kianalizáltam a matematikai modellek összefüggéseit. A komplex rendszer szimulációival *in silico* kísérleteket végeztem, aminek elemzésére a Matlab programozási nyelven egységes kódot írtam, hogy egyszerűsítsem a vizsgálatokat. A szimuláció során megzavartam, majd ennek a hosszú távú hatását analizáltam a paraméterek beállításával.

Először külön a napi ritmus folyamatait szimuláltam. Megzavartam dexametazonnal (szinkronizálja a napi ritmust a vizsgált populációban), illetve DNS-károsodást indukáltam, majd mindkét esetben megvizsgáltam a beavatkozás hosszú távú hatását. A cirkadián óra periódusideje nem változott, fáziseltolódás azonban jelentkezett. A fázis-válasz görbével kívántam ezt a jelenséget szemléltetni, majd a grafikont elemezni a következő szempontok alapján: mikor történt fázissietés, fáziskésés; mekkora ezeknek az erőssége, ellentmond-e mérési eredményeknek.

Utána megvizsgáltam együtt a két komplex biológiai rendszert. DNS-károsodással megzavart napi ritmus hatását analizálva, a sejtciklus viselkedését elemeztem különböző cirkadián ritmussal való kapcsoltságok mellett. Egyrészt zajos kapcsoltság mellett tanulmányoztam a sejtciklusok gyakoriságát és periódusidejét: a sejtciklusok viselkedése nagyban függött a megzavarás idejétől. Másrészt különböző kapcsoltságok mellett összehasonlítottam a sejtciklus fázis-válasz görbéjét a cirkadián óra fázis-válasz görbéjével, ahol közel azonos kimeneteleket kaptam. Ezek alátámasztják, hogy a DNS-sérülés nemcsak közvetlenül hat a sejtciklusra, hanem közvetve a napi ritmuson keresztül is, hiszen az magához hangolja a sejtosztódási folyamatot. Ezt a közvetett kapcsolatot nem szabad figyelmen kívül hagyni a rákgyógyszerek időzítésének a megtervezésénél.

BARTA KAROLA ANNA

Biológia MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezetők:

Scheuring István

tudományos tanácsadó, ELTE TTK

Zsebők Sándor

tudományos munkatárs, ELTE TTK

**Az örvös légykapó (*Ficedula albicollis*) énekének kulturális evolúcióját irányító
mechanizmusok vizsgálata egyed alapú modellek segítségével**

A kulturális evolúció egy igen jó példája a madarének mikroevolúciós változása, ugyanis az énekesmadarak nagy mértékben szociális úton tanulják éneküket. Maga a madarének viszonylag könnyen rögzíthető és számszerűsíthető, és ennek köszönhetően a kulturális változások hosszabb távon is követhetők egy populációban. Vizsgálatom modellfajaként az örvös légykapó (*Ficedula albicollis*) szolgált, melynek a Pilis hegységben található populációjáról sok éves adatsorral rendelkezünk. Céлом az volt, hogy numerikus szimulációk segítségével felderítsem, hogy a modellfajnál mi a domináns tanulási stratégia. A madarak énekének változását egy általam készített térben explicit egyed alapú modellen keresztül vizsgáltam. Ennek alapbeállításait valós terepi adatok alapján rekonstruáltam. A modellben változtathatóvá tettem, (1) hogy a fiatal egyedek hogyan szerzik meg kezdő ének-repertoárjukat, valamint (2) hogy milyen módon tanulnak a szomszéd egyedektől (random, facilitáció, inhibíció). A szimulációkból származó populációs énekrepertoárokat terepi mintavételezésből kapott valós adatokkal is összehasonlítottam. Sikertült kimutatnom, hogy a populációs sokféleség igen hamar eltűnik, ha a fiatal egyedek nem hoznak be új szillabusokat a repertoárjukban. Eredményeim alapján elmondható, hogy a szimulációk a valósághoz nagy mértékben hasonlító időbeli mintázatot generáltak, így ez a megközelítés alkalmasnak tűnik olyan tanulási folyamatok mechanizmusának megértésében, melyeket a terepen nehéz vizsgálni.

KOVÁCS SZABOLCS CSELGŐ

Molekuláris bionika mérnök BSc
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Papp Balázs

*tudományos főmunkatárs, MTA SZBK Biokémiai Intézet Szintetikus és Rendszertudományi Egység
Számítógépes Rendszertudományi Kutatócsoport*

Iparilag fontos vegyületek bioszintézise rejtett enzimaktivitások felhasználásával

A mai tudományos világ egyik legfoglalkoztatottabb témája a fentartható fejlődés. A globális felmelegedés, valamint a környezeti problémák jelenléte az energiaforrások egyirányú felhasználásának következménye. A kimerülő fosszilis nyersanyagok kiküszöbölésére az egyik megoldás lehet azokat biológiai úton, mikroorganizmusokkal újra előállítani. Általában a mikroorganizmusokat a nagyobb termelés elérése érdekében optimalizálni kell, mely gyakran heterológ útvonalakkal történik. A heterológ útvonalak mesterségesen előállított, más élőlényekből származó anyagcsere lépéseket tartalmazó bioszintetikus útvonalak. Ezeknek az útvonalaknak az alkalmazása azonban körülményes lehet. Például előfordulhat valamilyen speciális kofaktor igény, illetve más inkompatibilitás a gazdaorganizmussal, amely a heterológ enzim alacsony szintű kifejeződését okozza.

A rejtett enzim aktivitások, mint új eszközként történő felhasználása az anyagcsere útvonal tervezés során, megoldást jelenthet ezekre a problémákra. Az enzimek rejtett enzimreakciói olyan alacsony affinitású mellékreakciók, amelyeknek fiziológiai hatása nem kimutatható, mutációk, valamint túltermelés révén azonban felerősödhetnek és új biokémiai funkciókkal ruházhatják fel az élőlényt.

A rejtett enzimreakciók iparilag fontos vegyületek termelésében betöltött potenciális szerepét anyagcsere modellezéssel vizsgáltuk. Az *Escherichia coli in silico* anyagcsere modelljét jelentősen kiegészítettük rejtett enzimreakciókkal, majd több száz iparilag fontos vegyület megtermelésére futtatunk szimulációkat. Számos esetben egyetlen rejtett enzimreakció jelenléte is lehetővé tette a natív anyagcsere hálózatnak bizonyos vegyületek megtermelését. Eredményeinkkel kimutattuk, hogy potenciálisan a rejtett enzim aktivitások felhasználhatók az iparban új törzsek fejlesztésére.

NYERKI EMIL

Info-bionika mérnök MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Benke János

tudományos segédmunkatárs, SZTE TTIK

Rosszindulatú daganatok áttéteinek előrejelzése Markov-láncok felhasználásával

Manapság igen sokat lehet hallani különböző statisztikákat, hogy mely halálozási ok a legjelentősebb. Ezek között szinte mindegyik országban első helyen áll a szív és érrendszeri betegségek, mint a szívroham, érelmeszesedés. Csupán a fejlődő országok kis részében előzik meg ezen betegségeket a fertőzések, de ez esetben a higiénias környezet is az oka. Emellett az öregedő társadalom miatt a neurodegeneratív betegségek aránya is kezd emelkedni, melyek ellen rendkívüli erőfeszítéssel irányulnak kutatások, több kevesebb sikerrel.

A fejlődő országokat kivéve a világ minden táján igen jelentős halálozási ok a rosszindulatú (malignus) tumorok, melyekről részletesen az irodalomjegyzékben lesz szó. A WHO kimutatása szerint, 2016-ban ezek közül is a tüdőt és a légutat érintő malingus daganatok okozták a 4. leggyakoribb halálozási okot. Azonban, nem csak az elsődleges tumorok jelentenek veszélyt, hiszen ezeket szerencsés esetben észlelni és kezelni is tudják. Sokszor azonban az áttétekkel van a probléma, hiszen mikor az elsődleges daganat eléri az észlelhető méretet, az áttétek nem feltétlenül fedezhetőek fel, így azok további problémákat, esetleg halált okozhatnak.

MÓZNER ORSOLYA

Biomérnök MSc

Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi Egyetem

Vegyészmérnöki és Biomérnöki Kar

Témavezetők:

Dr. Sarkadi Balázs

professor emeritus, MTA TTK Enzimológiai Intézet

Zámbó Boglárka

doktorjelölt, MTA TTK Enzimológiai Intézet

Dr. Vértessy G. Beáta

tanszékegyetemi tanár, BME VBK

ABCG2 mutációk jellemzése molekuláris- és sejtbiológiai módszerek segítségével

Az ABCG2 membránfehérje fontos szerepet tölt be a káros anyagok sejtekből való eltávolításában. A fehérje számos szövetünkben jelen van, például a vér-agy gáton, a placentán, valamint a rákos sejtekben nagy mennyiségben kifejeződve multidrog-rezisztenciát okozhat. Emellett jelen van a vese proximális tubulusaiban és a bélhámsejtek apikális membránjában, ahol a húgysav kiválasztásában vesz részt. Amennyiben az ABCG2 fehérje funkciója csökken, a kiválasztás és visszaszívás egyensúlya felborul, és a kiválasztás hatékonyságának csökkenése a vérben a húgysav felhalmozódásához vezet. Az emelkedett szérumszintű húgysav szint, avagy hiperurikémia a köszvény betegség előfeltétele. Kutatócsoportunk korábbi vizsgálatai alapján a fehérje bizonyos variánsai és mutációi gyakrabban előfordulnak köszvényes betegekben. Az ABCG2 fehérjének számos variánsa és mutációja ismert, de még nem tudjuk, hogy vajon okoznak-e változást a vad típusú fehérjéhez képest. A genomális szintű nagy áteresztőképességű tanulmányok (GWAS) során is kapcsolatot mutattak ki a köszvény kialakulása és a fehérje egyik gyakori variánsa (Q141K) között, ezen variáns a fehérje csökkent szintjét eredményezi a sejtek plazmamembránjában. Egy nemrég megjelent tanulmányban a fehérjének olyan mutációit találták meg köszvényes betegekben, amelyek aminosavcserével járnak és eddig nem ismert a hatásuk. A tanulmányban a mutációk tényleges szerepével a köszvényben, valamint a mutációk fehérjére gyakorolt hatásával nem foglalkoztak. A kutatásom célja az eddig nem jellemzett mutációk vizsgálata volt molekuláris biológiai és sejtbiológiai módszerekkel. Kutatásom során elkészítettem a mutáns ABCG2 cDNS-t tartalmazó plazmidokat, melyekkel HEK293H sejteket transzfektáltam, majd a plazmidról keletkező fehérje mennyiségét, elhelyezkedését, transzportfunkcióját vizsgáltam a különböző mutánsok esetében. Az eredményeim alapján megállapítható, hogy a különböző variánsok nagyon változatos hatással vannak a fehérje funkciójára. Több variánsról kiderült, hogy emlős sejtekben nem expresszálódik, így fontos szerepük lehet a köszvény kialakulásában, emellett vizsgálatuk indokolt lehet a személyre szabott gyógyszeres kezelésekre, a kemoterápia során.

DUDÁS KATA

Biológus MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:

Hegedűs Lili

tudományos segédmunkatárs, MTA SZBK

Prof Dr. Haracska Lajos

tudományos tanácsadó, MTA SZBK

A BRCA1 és ZBTB1 fehérjék szerepe a Rad18-függő DNS-hiba-tolerancia útvonalak szabályozásában

Örökítőanyagunk teszi lehetővé az információ átadását generációról generációra, így épségének fenntartása a sejtek fontos feladata. Külső vagy belső forrásból származó károsító hatások azonban változásokat hozhatnak létre a DNS szerkezetében, melyek akadályt jelenthetnek mind a replikáció, mind a transzkripció számára. A különböző módosulások javítására számos hibajavító útvonal specializálódott, melyek folyamatosan monitorozzák a genomot, felismerik a hibás régiót, és eltávolítják azt. Ennek ellenére esetenként előfordul, hogy egy-egy hiba fennmarad a sejtciklus S fázisáig, mely a replikációs villa elakadásához vezethet. Az elakadt replikációs villa instabil szerkezete miatt eltörhet, ami genomikus átrendeződésekhez vezethet. Az elakadt replikációs villa menekítésére a Rad18-függő DNS-hiba-tolerancia útvonalak specializálódtak, melyek lehetővé teszik, hogy a replikációs apparátus túllépjen a hibás szakaszon. A folyamatot számos fehérje összehangolt működése teszi lehetővé.

A BRCA1 és ZBTB1 fehérjékről - egymástól független publikációkban - leírták, hogy részt vesznek az elakadt replikációs villa menekítésében. Munkánk során sejtbiológiai módszerekkel megvizsgáltuk, hogy a két fehérje hogyan szabályozza a Rad18-függő DNS-hiba-tolerancia útvonalakat, és meghatároztuk a fehérjék egymáshoz való viszonyát ezekben a folyamatokban. Ehhez megfelelő expressziós vektorokat és sejtútvonalakat készítettünk, majd túlélési kísérletekkel kimutattuk, hogy UV-sugárzás esetén a BRCA1 és a ZBTB1 fehérje együttműködve segíti a replikációs apparátus tovább haladását. Mikroszkópos módszerrel megvizsgáltuk, hogy mindkét fehérje az UV kezelés hatására károsodott DNS szakaszhoz lokalizál, és kolokalizál a Rad18-függő DNS-hiba-tolerancia útvonal egyéb fehérjéivel, valamint szabályozza azok hibához történő toborzását. Kimutattuk, hogy ZBTB1 hiányában a BRCA1 hibához történő lokalizációja sérül, tehát a ZBTB1 a BRCA1 fehérje felső szabályozója. Kísérleteinkből megállapíthatjuk, hogy mindkét fehérje megfelelő működése fontos az elakadt replikációs villa menekítésében és a genom integritásának megőrzésében.

KLEPE ADRIÁN

Biológus MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:

Dr. Deli Mária

*tudományos tanácsadó, MTA SZBK, Biofizika Intézet Molekuláris Neurobiológia Kutatóegység,
Biológiai Barrierek Kutatócsoport*

Dr. Walker Fruzsina

*tudományos munkatárs, MTA SZBK, Biofizika Intézet Molekuláris Neurobiológia Kutatóegység,
Biológiai Barrierek Kutatócsoport*

A lidokain hatásának vizsgálata a vér-agy gát *in vitro* modelljén: biofizikai és sejtbiológiai kísérletek

Az agyi endotélsejtek plazmamembránjának felszíni töltését a negatívan töltött lipid fejcsoportok és a lúminális glikokalix adják. Ez a felszíni negatív töltés jelentős szerepet tölt be a vér-agy gát védelmi rendszerében, és befolyásolja az anyagok vér-agy gáton keresztüli szabályozott transzportját. A kationos és lipofil gyógyszer, a lidokain feltételezett hatásmechanizmusa a plazmamembrán felszíni töltésének megváltoztatása. Kísérleteink célja az volt, hogy feltárjuk a lidokain vér-agy gátra gyakorolt hatását, különös tekintettel a felszíni töltésre és glikokalixra.

Kísérleteinkben a vér-agy gát két sejtenyészetes modelljén, immortalizált hCMEC/D3 humán agyi endotél sejtvonalon és primer patkány agyi endotélsejteken, a lidokain kezelés optimális koncentrációját és hosszát életképességi vizsgálatokkal (MTT, LDH) és valósidejű sejtanálizissel határoztuk meg. Az endotélsejtek felszíni töltését zéta potenciálméréssel kvantifikáltuk. Kezelést követően a sejtek gátfunkciójában történő változásokat transzendenteliális elektromos rezisztenciaméréssel és három, különböző töltésű jelzőanyag (FITC-dextrán, lucifer sárga és rodamin 123) sejtrétegen való átjutásával vizsgáltuk. A sejtközötti kapcsolatok morfológiáját immunhisztokémiai festéssel elemeztük.

Méréseink alapján az agyi endotélsejtek felszíne erősen negatív, a szakirodalmi adatokhoz hasonlóan. Lidokain kezelést követően pozitívabb zéta potenciál értékeket kaptunk, ezzel igazoltuk a szer sejtfelszíni töltést megváltoztató képességét. Rövid lidokain kezelést követően csökkent a transzendenteliális elektromos ellenállás. A semleges FITC-dextrán és a negatív töltésű jelzőanyag, a lucifer sárga permeabilitásában nem tapasztaltunk szignifikáns változást, azonban a pozitív töltésű rodamin 123 átjutása csökkent lidokain kezelést követően. Mivel a rodamin 123 egyben efflux transzporter ligand is, igazoltuk, hogy a lidokain hatása nem volt összefüggésbe hozható az efflux transzporter gátlásával. A sejtkapcsoló fehérjék festésével kimutattuk, hogy lidokain kezelést követően a sejtek alakja és a sejtközötti kapcsolatok folytonossága megváltozik. Adatainkból arra következtethetünk, hogy a lidokain a plazmamembrán töltésének megváltoztatásával befolyásolja az endotélsejtek gátműködését. Megfigyelésünk klinikai szempontból is fontos lehet, hiszen a lidokain más töltéssel rendelkező gyógyszerek agyba való bejutását is megváltoztathatja. Munkánk a vér-agy gát szintjén létrejövő gyógyszer-kölcsönhatásokra hívja fel a figyelmet.

NAGY ANIKÓ

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Csizmádia Tamás

tudományos segéd munkatárs, ELTE TTK

A Yorkie transzkripció szereg szerepe a krinofágia szabályozásában

Az autofágia olyan lebontó folyamatok összessége, melyek során a felesleges, elöregedett vagy hibás makromolekulák és sejtorganellumok degradálódnak, majd az így felszabadított építőkövek más felépítő folyamatokban kerülnek újrafelhasználásra. A krinofágia az autofágiának egy speciális típusa, amely a szekréciós granulomok rendkívül gyors és hatékony lebomlásához vezet, azok lizoszómákkal való közvetlen egyesülése által. A folyamatot már 52 évvel ezelőtt felfedezték, azonban az ehhez vezető szabályozási útvonal még ismeretlen. Munkánk során jelátviteli útvonalak főbb komponenseinek RNSi-vel teszteltük *ecetmuslica* lárvális nyálmirigyében a krinofágia folyamatának nyomon követésére alkalmas fluoreszcens rendszer segítségével. Az RNSi screen eredményeként sikerült azonosítanunk a Hippo tumorszuppresszor jelátvitel által szabályozott Yorkie transzkripció szeregét, melyeknek csendesítése fúziós defektust okozott. Megfigyeltük továbbá, hogy a Yorkie a krinofágia indukciójakor a nyálmirigysejtek magjában kimutatható. A krinofágia orvosi szerepe jelentős, hiszen hozzájárul a szekréciós mennyiségének sejten belüli szabályozásához, ezáltal a sejt homeosztázisának fenntartásához. Működésének zavarai számos betegség, például diabetes, illetve akut pancreatitis kialakulásához vezethetnek, így a krinofágia molekuláris mechanizmusának és genetikai szabályozásának feltárása alaposan indokolt.

KOVÁCS DÁNIEL

Biológia BSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Barna János

tudományos munkatárs, ELTE TTK

Az ABCB6 transzporter jellemzése *Caenorhabditis elegans*ban

Az ABC-transzporterek (ATP-binding cassette transporters) az egyik legnagyobb és legősibb fehérje szupercsalád tagjai. Az ABC-transzporterek kulcsszerepet játszanak a tumorok multidrog rezisztenciája, valamint számos örökletes betegség (pl.: cisztás fibrózis) kialakulásában, emellett részt vesznek egyéb fontos biológiai folyamatokban is. A rendkívül szerteágazó és fontos funkciójuknak köszönhetően az ABC-transzporterek a kutatások homlokerében állnak. Gerincesekben az ABCB6 fehérje funkciója és celluláris lokalizációja vita tárgyát képezi. Az emberi ABCB6 szekvenciája nagyfokú homológiát mutat a *Caenorhabditis elegans* HMT-1 (heavy metal tolerance factor 1 protein) szekvenciájával. A céloom egy heterológ modellrendszer létrehozása volt, melyben a humán ABCB6 fehérje egy egyszerű modellrendszerben (*C. elegans*ban) *in vivo* vizsgálható.

Ennek érdekében, létrehoztam az ABCB6::GFP transzgént kifejező *C. elegans* törzset. Az ABCB6::GFP és HMT-1::GFP fúziós fehérjék expressziós mintázatát és szubcelluláris lokalizációját konfokális mikroszkópiával analizáltam. Az ABCB6 funkcióját nehézfém tolerancia mérésekkel vizsgáltam.

Ezekkel a mérésekkel bizonyítottam, hogy a humán ABCB6 és a *C. elegans* HMT-1 funkcionális ortológok: szükségesek a férgek nehézfém toleranciájához. Lokalizációs vizsgálataim arra utalnak, hogy az ABCB6 és HMT-1 fehérjék az endoszómális kompartmentekben lokalizálódnak.

PORKOLÁB GERGŐ

Biológia BSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:

Prof. Deli Mária

tudományos tanácsadó, MTA SZBK, Biofizikai Intézet

Dr. Veszélka Szilvia

tudományos főmunkatárs, MTA SZBK, Biofizikai Intézet

Az agyi endotélisejtek szállítófehérjéit célzó vezikuláris nanorészecskék vizsgálata a vér-agy gát sejttenyészetes modelljén

Számos központi idegrendszeri megbetegedés gyógyszeres kezelését megnehezíti, hogy a hatóanyagok többsége nem képes megfelelő mértékben a vérből az agyszövetbe jutni. Ennek oka az agyi kapillárisok endotélisejtei által kialakított vér-agy gát. Kísérleteink célja egy új, nanoméretű gyógyszerbeviteli rendszer kifejlesztése volt hatóanyagok vér-agy gáton való célzott átjuttatására. Ehhez az agyi endotélisejtek egy erre a célra eddig kevésbé kiaknázott tulajdonságát használtuk ki: a rajtuk nagy számban és nagymértékben kifejeződő tápanyagszállító fehérjéket.

Nemionos felületaktív anyagokból és koleszterinből vezikuláris nanohordozókat, úgynevezett nioszómákat készítettünk. A nioszómák célzásához felszínükre a vér-agy gát szállítófehérjéit célzó ligandokat (alanint, glutationt vagy alanin-glutation kettős ligandkombinációt) kötöttünk. A nioszómák belsejébe fluoreszcens modellanyagot, Evans kék-albumin komplexet (EBA) töltöttünk. Kísérleteinket primer patkány agyi endotélisejteken, illetve agyi endotélisejtek, periciták és asztrociták együtt tenyésztésével létrehozott vér-agy gát modellen végeztük. A nanorészecskék sejtkárosító hatását impedanciamérésen alapuló sejtanalízissel vizsgáltuk. A nanorészecskékbe töltött EBA sejtfelvételét és vér-agy gáton való átjutását fluoreszcens spektrofotometriával mértük, a sejtfelvételt konfokális mikroszkópiával is igazoltuk. A sejtfelvétel mechanizmusát eltérő hőmérsékleten (37 és 4 °C), metabolikus gátlószer (nátrium-azid) jelenlétében, endocitózist gátló szerek (filipin és citokalazin D) jelenlétében és egy fluoreszcens sejtmembránpróbát (TMA-DPH) alkalmazva vizsgáltuk.

A 100 nm átmérőjű, enyhén negatív felszíni töltésű nioszómák az agyi endotélisejtek életképességét nem befolyásolták. A nem célzott nanorészecskékbe töltött csoporthoz képest a célzott nioszómákba csomagolt EBA-t nagyobb mértékben vették fel az agyi endotélisejtek és jobban átjutott a vér-agy gát tenyészetes modelljén; a kettős célzás eredményesebbnek bizonyult az egyszeresnél. A nioszómákba töltött EBA sejtfelvételét az alacsony hőmérséklet, valamint a sejtmetabolizmus és endocitózis gátlószerei csökkentették. A nioszómákkal való kezelés a sejtmembrán fluiditását növelte.

Eredményeink igazolják, hogy az agyi endotélisejtek szállítófehérjeinek egyszeres és kettős célzása fokozhatja hatóanyagok vér-agy gáton való átjutását és alkalmasnak bizonyulhat a központi idegrendszert célzó gyógyszerbeviteli rendszerek kifejlesztése során.

KOVÁCS ZOLTÁN

Biológus MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Vilmos Péter

tudományos főmunkatárs, MTA SZBK, Genetikai Intézet

Az aktin szabályozó szerepének vizsgálata egy aktinkötő fehérje sejtmagi importjában

Az Aktin az eukarióta sejtek egyik legnagyobb mennyiségben megtalálható citoplazmatikus fehérjeje, mely részt vesz többek között a sejtalak fenntartásában, a sejt mozgásában és a sejten belüli szállítási folyamatokban. Néhány éve ismertté vált az is, hogy az aktin a sejtmagban is megtalálható, ahol számos fontos szerepet tölt be az alapvető magi funkciókban, s hogy ezt a sejtmagi jelenlétet az aktin saját, dinamikus sejtmagi import-export mechanizmusa tartja fenn. A sejtmagba jutott aktin feladatait azonban nem önmagában, hanem aktinkötő fehérjékkel együttműködve hajtja végre. Az egyik ilyen aktinkötő fehérjecsalád az ERM (Ezrin, Radixin, Moesin). Csoportunk érdeklődésének középpontjában a család *Drosophila*-ban megtalálható egyetlen tagja, a Moesin áll.

Laboratóriumunkban korábban igazoltuk, hogy a Moesin sejtmagba jutása szabályozott, aktív folyamat, s hogy az import dinamikája az aktinétól jelentősen eltér. Ebből arra következtethettünk, hogy noha a fehérje legfőbb aktivitása az aktinkötés, a Moesin mégsem az aktin transzport mechanizmusát használja a sejtmagba jutáshoz. Azonban a szakirodalomból az is ismert, hogy az aktin képes szabályozni aktinkötő fehérjék (pl. MAL) – az aktin saját transzport mechanizmusától egyébként független – sejtmagi transzportját. Ennek mintájára kezdtük el vizsgálni, hogy a Moesin sejtmagba jutása függ-e esetleg valamilyen módon fő kötőpartnerétől, az aktintól.

Kérdéseinket megválaszolandó olyan kísérleteket terveztünk, melyekben különböző módokon igyekeztünk befolyásolni a Moesin aktinkötő képességét a citoplazmában. Először megvizsgáltuk, hogy a Moesin sejtmagba jutásának dinamikája függ-e a citoplazmatikus aktin polimerizációs állapotától. Ehhez egy aktin polimerizációt serkentő droggal kezeltünk Moesin-GFP-t termelő sejteket. Ezután két Moesin mutáns formát állítottunk elő: az egyik forma egy pontmutáció következtében nem képes aktiválódni, így aktint kötni sem, míg a másik forma állandóan aktív konformációban van, ezáltal fokozottan köti az aktint. A mutánsok GFP-vel jelölt formáit felhasználva vizsgáltuk a sejtmagba szállítódás dinamikájának változását.

A kapott eredmények alapján elmondható, hogy sem az aktin monomer és polimer formák sejten belüli aránya, sem a Moesin aktinkötő képessége nem befolyásolja a magi import dinamikáját. Ez a korábbi eredményekkel együtt arra utal, hogy bár a Moesin eddigi tudásunk szerint elsősorban aktint kötő fehérje, sejtmagi importja meglepő módon mégis attól függetlenül zajlik.

KOVÁCS TAMÁS

Biológia MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezetők:

Dr. Dóra Dávid

egyetemi tanársegéd, SE ÁOK

Dr. Nagy Nándor

docens, SE ÁOK

Hemopoietikus nyúlványos sejtek a bélidegrendszer ganglionjaiban

A központi idegrendszert (CNS) neuroektodermális eredetű neuronok és gliasejtek, valamint a szikhólyag hemopoietikus prekursoraiból származó mikroglia sejtek alkotják. A bélidegrendszerben (enteric nervous system, ENS) jelenlegi ismereteink szerint csak ganglionléc eredetű neuronok és glia sejtek találhatóak. Előzetes immuncitokémiai vizsgálatainkban megfigyeltük, hogy a csirke ENS ganglionjaiban hemopoietikus sejtekre jellemző, CD45+ nyúlványos sejtek is előfordulnak. Kisebbszámban, de az egér ENS ganglionjaiban is találtunk nyúlványos CD45+CX3CR1+CD11b+ sejteket. Jelenleg ilyen sejtípust az enterális ganglionokban nem ismer a szakirodalom. Munkánk célja az volt, hogy az ENS-asszociált CD45+ nyúlványos sejteket karakterizáljuk és meghatározzuk az eredetüket. Az immuncitokémiai karakterizálás során kiderült, hogy az intraganglionáris nyúlványos CD45+ sejtek chB6 és MHC-II antigént is expresszálnak, de makrofág és glia markereket nem. A chB6 antigén a madarak B-lymfocitáira és a CNS mikroglia sejtjeire specifikus sejt felszíni molekula. MHC-II expressziójuk révén antigén prezentációra is képesek lehetnek. A CD45+chB6+MHC-II sejtek eredetét embrionális kiméra módszerrel tanulmányoztuk. Az eredmények azt mutatták, hogy a CD45+ véreredetű sejtek kolonizálják a fejlődő enterális ganglionokat, melyek letelepedésük után nyúlványos sejtekké differenciálódnak.

KENÉZ LILI ANNA

Biológia MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:
Lőrincz Péter
tanársegéd, ELTE TTK*

MiniCORVET és HOPS pányvázó faktorok közötti új kapcsolat feltárása

Eukarióta sejtekben a lizoszomális lebontás fontos szerepet játszik az extracelluláris (endocitózis) és a sejt saját anyagainak (autofágia) degradálásában. A lebontandó anyagot tartalmazó kompartmentek több fúziós lépést követően végül lizoszómákká érnek. Ehhez a membránokat összekapcsoló pányvázó faktorok, Rab kisGTP-ázok és SNARE fehérjék szükségesek.

Az endocitózisra és az autofág útvonalakra két - hat alegységes - pányvázó faktor, a HOPS és a CORVET jellemző. Utóbbi helyett acetabulában egy kisebb, a kutatócsoportunk által azonosított miniCORVET található. Míg a HOPS Rab7 pozitív késői endoszómák, autofagoszómák és lizoszómák fúzióját segíti, addig a miniCORVET a Rab5 pozitív korai endoszómák pányvázó faktora. A komplexeknek van egy class C mag része, mely mindkettőben azonos fehérjéket tartalmaz. Ehhez hasonló felépítésű, de komplexenként egyedi Rab kötő alegységek csatlakoznak. A szerkezeti egyezések mértékéből kiindulva és élesztőben folytatott kísérletek alapján jogos a feltételezés, hogy CORVET és HOPS komplexek egymásba átalakulni is képesek vagy specifikus alegységeik kompetálhatnak.

Munkám során arra voltunk kíváncsiak, képes-e az egyik komplex a másik működését befolyásolni metazoa modellben, ezért a komplexek Rab kötő alegységeit termeltetem túl különböző muslicaszövetekben. Érdekes módon a miniCORVET Rab5 kötő alegysége, a Vps8 túltermeltetésekor minden esetben gátoltak a HOPS függő folyamatok, ellenben a HOPS Rab7 kötő alegységének, a Vps41-nek túltermeltetése nem gátolta a miniCORVET függőeket. Ezen eredményeink alapján a Vps8 képes leszorítani a Vps41-et, amely a komplexek felépülése alatt zajló alegység kompetícióra utal. Ez fontos új eredmény a két komplex közötti kapcsolat megértése szempontjából.

SZILASI KINGA

Biológia MSc

Szegei Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Sinka Rita**adjunktus, SZTE TTIK***Tesztiszspecifikus proteaszóma-alegységek szerepe a spermatogenezisben**

A sejtekben található fehérjéknek mintegy a felének a lebontásáért a proteaszómák felelősek. Ez az útvonal leginkább a rövid életidejű, vagy szabályozó funkcióval rendelkező, illetve a hibásan feltekeredett fehérjék irányított lebontását végzi. A specifitás megváltoztatásának több módja is ismert, ilyen a degradációért felelős 20S komplex különböző regulátor komplexekkel történő kapcsolódása, az egyes alegységek posztranszlációs módosításai, valamint a konvencionális alegységek szövetspecifikus alegységekre való cserélődése.

Munkacsoportunk spermatogenezissel foglalkozik, a kutatásokat *Drosophila melanogaster* modellszervezeten végezzük. Az ecetmuslica 33 proteaszóma-alegysége közül 12-nek ismert tesztiszspecifikus homológia, de ezek szerepével kapcsolatban még sok a megválaszolatlan kérdés. A vizsgálatok során 19 jelölt (klasszikus mutáns és RNSi vonal) tesztelését végeztük el, és így 5, eddig még nem jellemzett alegységet tudunk alaposabban tanulmányozni. Egy tesztiszspecifikus proteaszóma-alegység génre nézve volt inszerciós mutánsunk, az Rpn12R-re, melynek konvencionális megfelelője az Rpn12. A szomatikus és tesztiszspecifikus alegység lokalizációjának vizsgálatához elkészítettük az Rpn12R-mCherry és az Rpn12-GFP transzgenikus törzseket, melyek azt mutatták, hogy a konvencionális alegység a spermatogenezis korai, míg a tesztiszspecifikus a kései stádiumokban van jelen.

Mind az Rpn12RM, mind az RNSi törzsek esetében a spermatidák fejlődése során betöltött szerepüket immunhisztokémiai módszerekkel, valamint különböző fluoreszcens taggel fuzionáltatott fehérjéket expresszáló törzsekkel való keresztezésekkel tudtuk közelebbről szemügyre venni. Megállapítottuk, hogy a spermatogenezis korai folyamatai a tesztiszspecifikus alegységek hiányában is lezajlanak. Az Rpn12R hiánya okozta a legkevésbé látványos elváltozást, a spermiumok megnyúltak, individualizálódtak, de a szemínális vezikulum már üres volt. Az Rpt3R és az Rpt6R hiánya az individualizáció hibájához vezetett. A 20S komplex Pro α 4T alegységének két tesztiszspecifikus homológiát is ismerjük. Pro α 4T2 hiányában már a sejtmagok sem nyúltak meg, a Pro α 4T1 nélkül a sejtmagok és a spermatidák megnyúlása lezajlott, viszont ezt követően a sejtmagok ismét lekerekedtek. Eredményeinkből az is kiderült, hogy - az emlősökkel ellentétben- a *Drosophila melanogaster* 19S részkomplex poszmeiotikusan is jelen lehet a spermatidák sejtmagjában.

HAMAR RENÁTA

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Varga Máté

adjunktus, ELTE TTK

A diszkerin-mediált pszeudouridiláció hatása a sejtciklusra

A DKC1 gén által kódolt Diszkerin egy erősen konzervált, pszeudouridin szintáz funkcióval rendelkező fehérje. A pszeudouridiláció az egyik legfontosabb riboszomális RNS modifikáció, amely hiányában a riboszomális komplex működésének zavarai léphetnek fel.

A közelmúltban csoportunkban létrehoztunk diszkerin-funkcióvesztéses zebraadánió (*Danio rerio*) vonalakat, ezek elemzése jelenlegi munkám tárgya is. A homozigóta mutánsok egyik igen feltűnő fenotípusos jellemzője az abnormálisan kis méretű szemek. A mutáció szövettani és molekuláris jellemzése egyértelműen alátámasztotta, hogy a fenotípus mögött a sejtciklus aberráns működése áll.

Az osztódó sejtek általában anyagaik megkettőződése után a saját kiindulási méretükkel megegyező két leánysejtet produkálnak. A folyamat eseményei nagymértékben szabályozottak, ezekben a folyamatokban játszik kiemelt szerepet a ciklin dependens kináz inhibitoraként (CDKI) működő p27 fehérje. Vizsgálataink azt mutatták, hogy a p27 szintje abnormális a mutánsokban, ami részben magyarázat lehet a kialakuló sejtciklus problémákra is.

Korábbi irodalmi adatok alapján feltételezhető, hogy a p27 mRNS-e „belső riboszóma-belépési hely” (Internal Ribosome Entry Site – IRES) elemeket hordozó specifikus mRNS. Azt gondoljuk, hogy a mutánsokban látható sejtciklus blokk a DKC1 funkció károsodása következtében az endogén p27 hibás translációjára vezethető vissza. TDK dolgozatomban ezt a hipotézist is igyekszem letesztelni.

TÓTH ZSÓFIA EDIT

Biológia BSc

Szegei Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:

Dr. Haracska Lajos

tudományos tanácsadó, MTA SZBK

Hegedűs Lili

tudományos segédmunkatárs, MTA SZBK

A LiliA fehérje foszforilációjának szerepe a genom stabilitásának megőrzésében

Örökítőanyagunk stabilitásának fenntartását DNS-hibajavító útvonalak biztosítják, melyek hibás működése súlyos következményekkel járhat a sejt és a szervezet szintjén egyaránt. A DNS-hibajavító gének mutációi örökklődő betegségek kialakulásához vezethetnek, melyek eltérő fenotípust mutathatnak (például fejlődési rendellenességek, korai öregedés), azonban közös jellemzőjük a rákra való hajlam.

A progeria egy örökklődő betegség, melyre felgyorsult öregedési folyamatok, valamint a rákra való hajlam jellemző. Számos olyan gént azonosítottak, melyek mutációi korai öregedéssel járnak, mint például a DNS-hibajavításban szereplő Werner és Bloom helikázok, a Spartan vagy a CSA és CSB fehérjék. A nukleáris laminát alkotó laminA génmutációi is hasonló fenotípussal járnak, bár látszólag nincsenek kapcsolatban a DNS-hibajavító fehérjékkel. Vannak azonban olyan páciensek, akik bár mutatják a korai öregedés tüneteit, a betegségük hátterében álló génmutációt még nem sikerült azonosítani. Ez arra utal, hogy számos olyan gén létezik, melyek mutációi szintén korai öregedés kialakulásához vezethetnek. Ezek megtalálása és jellemzése nemcsak a páciensek pontos diagnózisának felállításában fontos, de e gének egyike lehet a hiányzó láncszem a nukleáris lamina és a DNS-hibajavító fehérjék között, mely segíthet megérteni az emberben zajló öregedési folyamatokat.

Munkánk során egy olyan, ezidáig még nem jellemzett fehérjét (LiliA) vizsgáltunk, mely kapcsolatban áll a Werner fehérjével és a nukleáris lamina komponenseivel egyaránt: fontos szerepet játszik a DNS-hibajavításban, de lokalizációját tekintve a nukleáris laminához hasonló dinamikát mutat a sejtciklus során. Célkitűzéseink között szerepelt, hogy megvizsgáljuk, hogyan szabályozódik ez a sejtmagi dinamika, és milyen szerepet tölt be a sejt működése során. A nukleáris lamina ezen dinamikáját foszforiláció szabályozza. Szekvenca-adatbázisok segítségével foszforilációs helyeket azonosítottunk a LiliA fehérjében, majd pontmutációkat készítettünk, és sejtbioológiai módszerekkel jellemeztük őket. Eredményeink alapján a foszforiláció jelentős szerepet tölt be a LiliA fehérje szabályozásában, annak sejtciklus során történő dinamikájában, és befolyásolja a kromoszómák szeparálódását az M fázis során. A nem megfelelően történő foszforiláció súlyos genomikus átrendeződésekhez vezethet, amely befolyásolja a sejtek túlélését.

IZRAEL RICHARD

Biomérnök BSc

Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi Egyetem

Vegyéssz mérnöki és Biomérnöki Kar

Témavezetők:

Dr. Vértessy G. Beáta

tanszékegyetemi tanár, BME VBK

Dr. Marton Livia

tudományos segédmunkatárs, MTA TTK

A maláriaellenes gyógyszercélpont, *Plasmodium falciparum* foszfolipid bioszintetikus kulcsenzim karakterizálása emlős sejtvonalonban

A kiterjedt és aktív kutatások ellenére, a malária továbbra is korunk egyik legfenyegetőbb fertőző betegsége. A multidrogrezisztens *Plasmodium* törzsek terjedése egyre inkább sürgeti az új fehérje célpontok azonosítását és ezek ellen újszerű hatóanyagok fejlesztését. A vörösvértesten belül fejlődő parazita számára elengedhetetlen a fokozott membránszintézis, az újonnan szintetizált membránkomponensek döntő részét pedig a foszfolipidek teszik ki, azon belül is a foszfatidil-kolin molekula. A foszfatidil-kolin de novo szintézisének egyik meghatározó módja eukariótákban az ún. Kennedy-út. A folyamat sebesség-meghatározó lépése a CTP:foszfo-kolin citidililtranszferáz (CCT) enzim által katalizált kolin-foszfát CDP-kolin átalakulás. Így felmerül a foszfatidil-kolin bioszintézisének gátlása CCT enzimen keresztül mint újszerű antimaláriás gyógyszercélpont.

A kínai aranyhórcsög petefészkek sejtvonalonban (CHO-K1) random mutagenézissel kondicionális mutációt hoztak létre, amelynek hatására az endogén CCT aktivitás drasztikusan csökken a restriktív 40°C-os hőmérsékleten. A létrejött mutáns sejtvonalon, a CHO-MT58 megfelelő eszköze a CCT enzim intracelluláris funkciójának vizsgálatára. Kísérleteim során a heterológ módon kifejeztetett *Plasmodium falciparum* CCT (PfCCT) képes volt komplementálni az endogén CCT-t a CHO-MT58 emlős sejtvonalonban, ami alkalmassá teszi az eljárást a fehérje vizsgálatára.

Tudományos diákköri dolgozatom során céloim a hatékony transzfekció elérése érdekében, különböző, kereskedelmi forgalomban kapható transzfekciós reagenssel teszteltem a transzfekciós hatékonyságot a CHO és COS-7 emlős sejtvonalonokon. Szeretném meghatározni a pszeudoheterodimert képző PfCCT első, illetve második katalitikus doménjének menekítési potenciálját FACS eljárás segítségével a mutáns CHO-MT58 sejtvonalonban. Emellett olyan szerkezeti elemeket szeretnék *in silico* azonosítani, melyek az emlős és *Plasmodium falciparum* eredetű CCT-ben különböznek és megvizsgálni azok jelentőségét. A menekítési képesség mellett a PfCCT konstrukciók lokalizációját is céloim megvizsgálni és megállapítani azok transzlokációjának sejtorganellum preferenciáját.

KÁLLAI DÓRA

Orvosi biotechnológia MSc
Pázmány Péter Katolikus Egyetem
Információs Technológiai és Bionikai Kar

Témavezetők:

Dr. Vas Virág
tudományos munkatárs, MTA TTK, Enzimológia Intézet,
Jelátviteli és Funkcionális Genomika Kutatócsoport
Dr. Gáspári Zoltán
docens, PPKE ITK

A Tks4 fehérje új szerepének vizsgálata a csontsejtek biológiájában

A szignál transzdukciós útvonalak ismerete óta világossá vált számunkra, hogy a sejten belül található fehérjék elhelyezkedése, valamint aktiválódásuk kinetikája fontos jellemzői a kaskádoknak. Mivel ez egy széleskörűen kutatott tudományterületté vált, egyre nagyobb figyelmet fordítottak a szignalizációs utak egyik fontos szabályozóira a scaffold („állvány”) fehérjékre. A Tks fehérjecsald is az állványfehérjék csoportjába tartozik, nevük a tirozin kináz szubsztrát rövidítését adja. A Tks4 fehérje egy PX domént, négy SH3 domént valamint számos prolinban gazdag motívumot tartalmaz. Kulcsfontosságú fehérje a podoszómák és invadopódiumok képzésében. A fehérjét kódoló gén hiánya egy autoszomális, recesszívén öröklődő betegség kialakulásához vezet, ez a Frank-Ter Haar szindróma. A betegeknek szív és érrendszeri, szemészeti, csontvázrendszeri problémáik vannak, valamint csökkent a zsírszövetük mennyisége. Az Enzimológiai Intézet Funkcionális Genomika és Jelátviteli munkacsoportjában pár éve létrehozott knock-out egerek (a Tks4 fehérjét kódoló gén került kiütésre) a fent említett betegséghez hasonló tüneteket mutatnak: glaukómások, csontjaik aránytalanul megrövidültek, koponya deformitásaik vannak, a Tks4 nem mutatható ki hosszú csontjaikban és megváltozott a zsírszövetük összetétele. A munkacsoport célja ezen fehérje funkcióinak megértése és annak megismerése, hogy hogyan vezethet egyetlen fehérje hiánya egy ilyen komplex kórkép kialakulásához.

A TDK munkám során azt a részfeladatot kaptam, hogy a Tks4 génhíányos egerek csontszövetét vizsgáljam. Ezzel a munkával kettős célunk volt: egyrészt a munkacsoport által már összeállított cikk publikációja során a szakmai bíráló által kért kísérletek elvégzése, másrészt további információk szerzése a Tks4 fehérje által szabályozott folyamatokról a csontsejtek homeosztázisában.

Munkám során a csontsejteket Western blot technikával vizsgáltam, valamint a Tks4 hiányos egér csontjának microCT és immunhisztológiai eredményeit tanulmányoztam. Eredményeim azt mutatták, hogy a Tks4^{-/-} egerek csontszerkezete és csont mikro-morfológiája megváltozott, ami osteoporotikus elváltozásokra utal. Ezzel a Tks4 fehérjének egy új, eddig még fel nem fedezett funkcióját írtuk le a csonttrikulás folyamatában.

PAPP NOÉMI

Biológus BSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Maléth József**tudományos munkatárs, SZTE AOK**Madácsy Tamara**PhD hallgató, SZTE AOK*

Az ORAI1 Ca²⁺ csatorna szerepe a hasnyálmirigy duktális sejtek folyadék szekréciójában

Bevezető: Akut pankreatitisz (AP) gyakori klinikai kórkép. A betegség kezelésére speciális terápia nem áll rendelkezésre. A duktális sejteknek fontos szerepük van a pankréász élettani folyamataiban. Károsodásuk a gyulladás kialakulását is elősegítheti. A nem-excitabilis sejtek Ca²⁺ háztartásában az extracelluláris Ca²⁺ beáramlásnak jelentős szerepe van. A normál működésre jellemző, hogy az endoplazmás retikulum (ER) Ca²⁺ deplécióját követően aktiválódik a STIM1, amely egy Ca²⁺ szenzor fehérje, majd ez az ER-plazma membrán junkciókban transzlokálódva aktiválja az ORAI1 Ca²⁺ csatornát. A korábbi évek kutatásai kimutatták, hogy mind az epesavak, mind az alkohol és bomlástermékei mobilizálják a Ca²⁺ raktárakat, első sorban az ER-ből történő Ca²⁺ felszabaduláson keresztül, így az ORAI1 által közvetített intracelluláris Ca²⁺ túlterhelés AP-t okoz. Mivel az ORAI1 csatornák szerepe duktális sejtek élettani és kórélettani folyamataiban nem ismer, célunk volt ennek karakterizálása.

Módszerek: FVB/N egerek pankréászából enzimatisz emésztéssel duktuszokat izoláltunk. Ezeket intracelluláris Ca²⁺ koncentrációt és pH-t mértünk. A kísérlet során ceruleinnel és N-taurokólsavval AP-t indukáltunk. CM₁₂₈ és a GSK-7975 szerek blokkolják az ORAI1 csatornát, megakadályozva a toxikus intracelluláris Ca²⁺ szignál kialakulását, és így csökkentik az AP kialakulását.

Eredmények: Az izolált duktuszokat 100 μM Carbachollal kezelve az ER Ca²⁺ raktára kiürül. Hatására megnő az intracelluláris Ca²⁺ szint, melyet egy plató fázis követ. A plató fázis során CM (ORAI1 inhibitor) vegyületeket adtunk a perfúziós oldathoz, a plató fázis dózisfüggő csökkenését tapasztaltuk. Ezek az eredmények arra utalnak, hogy az ORAI1 csatorna fontos szerepet játszik a duktális sejtek Ca²⁺ háztartásában. Majd a duktuszokon a SERCA pumpát 25 μM-os Ciklopiazonsavval gátoltuk Ca²⁺ mentes közegben, hogy az ER Ca²⁺ raktárai kiürüljenek. Az ORAI1 inhibitor 10 μM koncentrációban történő perfundálásával a Ca²⁺ beáramlás szignifikáns gátlását tapasztaltunk.

Megbeszélés: Kimutattuk, hogy az ORAI1 csatornának fontos szerepe van a duktális sejtek Ca²⁺ háztartásában. Az ORAI1 gátlása megelőzheti a duktális sejtek károsodását az AP kialakulása során, ami további vizsgálatokat igényel.

Támogató: CalciMedica, MTA LENDULET_2017-254, OTKA PD 1159

TAKÁCS BERTALAN VILMOS

Biológus MSc

Szegei Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Pirity Melinda

tudományos főmunkatárs, MTA SZBK, Genetikai Intézet

Az Rybp gén szerepe a neurális fejlődésben

Diákköri munkám során a RING1 és YY1 kötő fehérje (RYBP) szerepét vizsgáltam a korai neurális előalakok kialakulásában, őssejt alapú *in vitro* neurális differenciációs rendszerben. Csoportunk - az MTA-SZBK Embrionális és Indukált Őssejt Csoport - korábban kimutatta, hogy az RYBP elengedhetetlen a központi idegrendszer fejlődéséhez: mennyiségének csökkenése az Rybp heterozigóta egerek egy részében velőcső záródási rendellenességet okozott és az agykéreg megfelelő rétegződésének kialakulása zavart szenvedett. RYBP hiányában a vizsgált neurális előalakok *in vitro* feldúsultak, melyekből csak kis számú érett idegsejt képződött. Munkám során széles körű neurális markeranalízist végeztem, arra a kérdésre keresve a választ, hogy a neurális differenciáció mely szakaszában észlelhetők legkorábban a fenti fenotípusos eltérések. Továbbá megvizsgáltam, hogy van-e olyan kitüntetett ideg- vagy támasztősejt típus, amelynek kialakulását az RYBP hiánya jelentős mértékben befolyásolja. Kísérleteimben vad típusú (Rybp+/+) és abból előállított, funkcionális RYBP termelésére képtelen, homozigóta null mutáns (Rybp-/-) egér őssejtvonalakat *in vitro* neurális irányba differenciáltattam és a differenciáció során rendszeres mintavétel segítségével a progenitorok képződésének kinetikáját részletesen, sejtors-specifikusan (pl. neuronális progenitor, radiális glia) vizsgáltam. Valós idejű polimeráz láncreakció (qRT-PCR) segítségével kimutattam, hogy Rybp hiányában a korai neurális markerek szintje sejttípustól függetlenül megnőtt, míg a késői markerek szintje alacsony maradt, valamint az agykéreg kialakulásában fontos gének (Tbr2, Tbr1) kinetikája is megváltozott. Immunfestéssel, fehérje szinten kimutattam, hogy RYBP hiányában nagyobb számban voltak jelen neurális progenitorok (PAX6-, RC2-pozitív sejtek) és kisebb számban az érett neuronok (TUBB3-pozitív sejtek), mint a vad típusú sejt kultúrákban. Ezek alapján megállapítható, hogy az Rybp meghatározó szerepet tölt be a neurális sejtorsok- és az agykéreg szerveződésének szabályozásában.

MOLNÁR ESZTER SAROLTA

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezetők:

Királybidi Panna

laboratóriumi biológus, SE AOK

Dr. Nagy György

egyetemi tanár, SE AOK

Az Src-szerű adaptor fehérje expressziójának vizsgálata egészséges és rheumatoid arthritises donorok T-limfocitáiban

Az Src-szerű adaptor fehérje (SLAP) T-limfocitákban a T-sejt receptor (TCR) jelátvitel negatív regulátora, a TCR CD3 homodimer ζ -láncához kötődve elősegíti annak ubiquitinációját és proteasomális lebontását. Munkacsoportunk korábban kimutatta, hogy a krónikus gyulladásos folyamatokban kiemelkedő szerepet betöltő tumor nekrosis faktor alfa (TNF α) a SLAP expressziós szintjének növelésén keresztül fokozza a TCR CD3 ζ -lánc degradációját CD4+ T-sejtekben, valamint, hogy a SLAP expressziós szintje kétszer olyan magas rheumatoid arthritises (RA) beteg donorok CD4+ T-sejteiben, mint egészséges donorokban. Jelenleg azt vizsgáljuk, hogyan befolyásolja a SLAP kifejeződését CD4+ T-sejtekben két másik, a RA patogenezisében szerepet játszó citokin, az IL-10 és az IL-17A. Egészséges és RA-s donorok véréből ficoll gradiens centrifugálással perifériás mononukleáris sejteket, majd ezekből negatív mágneses szeparálással CD4+ T-sejteket izoláltunk. A sejteket concanavalin A-val történő aktivációt követően 100 U/ml IL-10-zel (48 vagy 72 h), illetve 20 vagy 80 ng/ml IL-17A-val (24h) kezeltük. A megadott időtartam elteltével a sejtek fehérjetartalmát izoláltuk, és Western blottal meghatároztuk a SLAP és a TCR ζ hiszton H3-hoz viszonyított relatív expressziós szintjét. Eddigi eredményeink a korábbi TNF α kezeléstől eltérő mintázatot mutatnak: a SLAP és a TCR ζ expressziós szintje azonos irányban változott mind az IL-10, mind az IL-17A kezeléseknél, valamint azt is megfigyeltük, hogy a SLAP és a CD3 ζ expressziós mintázata eltér a metotrexátot és a biológiai terápiát kapott RA-s donorok mintái között. Munkánk hozzájárulhat a CD4+ T-sejt-mediált mechanizmusok RA-ben betöltött szerepének jobb megértéséhez, és rámutathat a SLAP, mint potenciális terápiás célpont jelentőségére.

PILLÉR BÍBORKA

Molekuláris bionika mérnöki BSc
Pázmány Péter Katolikus Egyetem
Információs Technológiai és Bionikai Kar

Témavezető:
Dr. Csikász-Nagy Attila
docens, PPKE ITK

Fluoreszcensen jelölt élesztőkolóniák vizsgálata

A sejten belüli folyamatok egyre részletesebb megértése után, napjainkban már egyre több kutatót foglalkoztat a különböző sejtek között fellépő kölcsönhatások megértése. Kísérleteink során mi is arra próbálunk rájönni, hogy milyen interakciók zajlanak, esetünkben az élesztősejtek között. Megpróbáljuk megtalálni a választ arra, hogy milyen folyamatok mennek végbe a különböző törzsek sejtjei között amikor azok egymás környezetébe kerülnek. A kísérleteinket *Saccharomyces cerevisiae* sarjadzó élesztő különböző törzsein végezzük, ami a legfontosabb modell organizmusok közé tartozik. Ahhoz, hogy a törzseket meg tudjuk különböztetni kétféle fluoreszcens fehérjét használunk, amiket az élesztőbe transzformálunk bizonyos protokollok alapján. A további méréseket ezekkel a jelölt törzsekkel végezzük, együtt és külön-külön.

A laboratóriumi munkám során többféle élesztő törzsszel is foglalkozom. Először a törzseket külön-külön vizsgálom, majd pedig a különböző törzsek együttes növesztése és vizsgálata lett a fő célom. Ez azért fontos mivel a természetben az élesztők főleg együttesen fordulnak elő, így azokat együtt vizsgálva egy jobb képet kaphatunk a közöttük zajló kölcsönhatásokról és stabil metapopulációkat is tudunk majd tervezni. Ahhoz, hogy a létrehozott vegyes kolóniákat vizsgálni tudjuk az élesztőket jelölnünk kell, hogy azokat meg tudjuk különböztetni. Dolgozatom során ennek a jelölésnek az elvégzését szeretném bemutatni és az ezután következő fiziológiás viselkedést leíró mérések eredményeit ismertetném.

A dolgozatom során először egy rövid irodalmi áttekintést szeretnék nyújtani az élesztőkről és tulajdonságaikról, majd ismertetem a kísérletekhez szükséges módszereket, mint például a fluoreszcens jelölés folyamatát és a sporulátatást. Ezután ismertetem az abszorbancia és fluoreszcencia méréseket folyékony tápközegben és ezek összefüggését, amik alapján azt mondhatom el, hogy az élesztő törzsek sejtszámának növekedése meghatározható a fluoreszcencia mérésekből. Ezen kívül vizsgálom az együtt növesztett törzsek közötti növekedési különbségeket, amik azt feltételezik, hogy az általam választott két törzs között fennálló versengés az egyik törzset akadályozta a növekedésben a másik törzs javára. Végül elemzem az adott kísérletek során kapott eredményeket, és kitérek arra is hogy ezek a kísérletek hogyan javíthatók a későbbiek során, mik a további terveim.

SZIGETI BRIGITTA

Biológia BSc

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezetők:

*Dr. Meggyes Mátyás
biológus, PTE AOK*

*Dr. Szereday László
docens, PTE AOK*

Immun-checkpoint útvonalak vizsgálata T-sejt alpopulációkon egészséges terhes és early-onset preeclampsziás nőknél

A preeclampsia vagy terhességi toxémia egy humán terhesség-specifikus megbetegedés, mely a terhességek 3-5%-át érinti. A klasszikus tünetei early-onset preeclampsia esetében a magas vérnyomás, fehérjevizelés, ödémás állapot, jellemzően a 20. gesztációs hét után jelentkeznek. Az immunrendszer működésének megfelelő szinten tartása elsősorban az immun-checkpoint molekulák feladata. Ezek mind aktiváló, mind gátló szignálokat közvetítő molekulák, amelyek a Th1 és Th2-es immunválaszok között tartják fenn az immunológiai egyensúlyt. Szerepük az early-onset preeclampsziára jellemző Th1 mediálta immunológiai környezetben jelenleg nem tisztázott. Kísérletünkbe 22 early-onset preeclampsziás és 22 gesztációs korban megfelelő egészséges terhes nőt vontunk be, melyek perifériás vérből izolált különböző immunsejt populációkat hasonlítottunk össze. Flow cytometriás analízissel vizsgáltuk a TIGIT, CD226, és CD155 immun-checkpoint molekulák kifejeződését az egyes T-sejt szubpopulációkon.

A sejtpopulációk arányának összehasonlításakor szignifikáns különbséget nem találtunk. A preeclampsziás betegek effektor CD3⁺ CD4⁺ T és CD3⁺ CD8⁺ T sejteiben szignifikánsan alacsonyabb TIGIT expressziót, a Treg sejtek CD226 expressziójában ugyancsak csökkent értéket mutattunk ki a kontroll csoporthoz viszonyítva. Megvizsgálva a monociták CD155 molekula kifejeződését, szignifikáns eltérést a két vizsgált csoportban nem találtunk.

Eredményeink alapján feltételezzük a TIGIT/CD226/CD155 immun-checkpoint útvonal lehetséges szerepét a preeclampsia során megfigyelhető Th1 mediálta immun környezetben. Kísérleteink remélhetőleg hozzájárulnak a preeclampsia során kialakuló immunológiai folyamatok tisztázásához, illetve új, lehetséges terápiás célpontok azonosításához.

KEPLER TAMARA

Középiskolai hallgató
Premontrei Szent Norbert Gimnázium,
Egyházzenei Szakgimnázium, Alapfokú
Művészeti Iskola és Kollégium

NAGY BORBÁLA

Középiskolai hallgató
Premontrei Szent Norbert Gimnázium,
Egyházzenei Szakgimnázium, Alapfokú
Művészeti Iskola és Kollégium

Témavezető:

Dr. Gócsa Elen

tudományos tanácsadó, NAIK MBK ÁBF

Madár embrionális ivarsejtek tenyésztése, vizsgálata

A sejtek életét eltérő modellek segítségével le lehet írni. Vannak sejtek, melyek osztódását, differenciálódását nehéz nyomon követni, de olyanok is léteznek, melyek élete egyszerűen megfigyelhető, így a bennük zajló folyamatok, a környezet hatása, a sejtek közti kapcsolatok egyszerűbben megérthetőek. A háziyúk embrióban vándorló primordiális őscsírarsejtek (PGC-k) azok a sejtek, amik később érett pete-, illetve hímivarsejteké differenciálódnak, ezek az utóbbi kategóriába tartoznak, vagyis könnyen megérthetőek. Munkánk során a PGC-k osztódását követtük nyomon. Sikeresült adaptálnunk olyan módszereket, amivel meg tudtuk mérni azokat a paramétereket, amelyek meghatározták, hogy egy sejt osztódni fog, vagy elpusztul a tenyészetben. A mért értékeket be lehet adni matematikai, illetve számítógépes modell rendszerekbe. A modell segítségével lehetséges lesz hosszabb távra megadni azt, hogy meddig optimális az adott tenyésztési körülmény a sejteknek, megjósolhatjuk azt, hogyan alakul a sejtek száma az adott tenyészetben az idő előre haladtával.

JUHÁSZ VIKTÓRIA

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezetők:

Dr. Kádár Kristóf

egyetemi tanársegéd, SE FOK

Dr. Zsembery Ákos

docens, SE FOK

TRPM7 funkcionális jelenlétének igazolása ameloblast eredetű sejtvonalon

A TRPM7 kináz aktivitással rendelkező divalens kation permeábilis ioncsatorna, amelynek számos élettani funkciója ismert. Előzetes vizsgálatok alapján a zománchámsejteken (ameloblast) kimutatott TRPM7 csatorna szerepet játszhat a zománcképződéshez nélkülözhetetlen transzepithelialis Ca^{2+} transzportban.

Korábbi eredményeink azt mutatják, hogy a TRPM7 mRNS szinten kimutatható az ameloblastok iontranszportjának modellezésére használt patkány ameloblast sejtvonalon (HAT-7) is. Kutatásunk célja a TRPM7 funkcionális vizsgálata és karakterizálása HAT-7 sejteken.

A transzmembrán ionáramokat patch-clamp technika segítségével 'whole-cell' konfigurációban mértük az ismert TRPM7 agonista mibefradil ($50\mu\text{M}$) és különböző $[\text{Mg}^{2+}]_i$ oldatok (0,9 mM; 3,6 mM) jelenlétében. A TRPM7 szerepét az intracelluláris Ca^{2+} koncentráció szabályozásában Fura-2 kalcium-érzékeny festék segítségével vizsgáltuk.

Mibefadil hatására karakterisztikus „outward” áram növekedést tapasztaltunk, amely a legkifejezettebbnek +60 mV membránpotenciál felett bizonyult. Az áramfokozódás az $[\text{Mg}^{2+}]_i$ növelését követően szignifikánsan csökkent. A mibefradil szignifikáns $[\text{Ca}^{2+}]_i$ emelkedést okozott, amely nominálisan Ca^{2+} mentes oldatban elmaradt.

A mibefradil hatására a HAT-7 sejteken mérhető karakterisztikus ionáramok és a Ca^{2+} beáramlás a TRPM7 funkcionális jelenlétére utal. A HAT-7 sejtvonal alkalmas modell a TRPM7 ameloblastok Ca^{2+} transzportjában betöltött szerepének vizsgálatára.

CURLEY GÉZA

Biológia MSc

Szegei Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Párdutz Árpád**docens, SZTE AOK**Spekker Eleonóra**doktorjelölt, SZTE AOK*

A dura mater kémiai stimulációjának hatása a caudalis trigeminalis mag kalcitonin gén-relációs peptid szintjére patkányban – a sumatriptan és a kinurénsav moduláló hatása

A migrén elsődleges fejfájásbetegség, pontos patomechanizmusa nem ismert. Háttérben a trigeminalis rendszer (TR) aktivációja és szenzitizációja állhat, melynek egyik kulcsmolekulája a kalcitonin gén-relációs peptid (CGRP). Értágító hatásán kívül a fájdalomigerek kialakulásában tölt be kulcsszerepet. Perifériásan a dura mater ereinek értágulatát, neurogén gyulladást okoz, mely a szenzitizációs folyamatok fontos közreműködője. Állatkísérletekben a dura mater elektromos stimulációja megnövelte a jugularis vénás vér CGRP szintjét, valamint a migrén rohamkezelésében használt triptanok gátolják a felszabadulását az idegvégződésekből.

A glutamát is alapvető jelentőségű a trigeminalis nocicepció minden szintjén. A TR-ben található Glu receptorok aktiválódása CGRP felszabadulást vált ki, melyet az 5-HT_{1B/D} receptor agonista sumatriptan képes kivédeni. A triptofán metabolizmusa során fiziológiás körülmények között termelődő kinurénsav (KYNA) endogén Glu receptor (NMDA) antagonist, mely szintén szerepet játszhat a trigeminalis nocicepcióban.

Azt vizsgáltuk, hogy a dura materen topicalisan alkalmazott gyulladáscsökkentő mediátorokat tartalmazó inflammatory soup (IS) hogy befolyásolja a CGRP expressziót a TNC-ben, valamint, hogy a KYNA és a sumatriptan előkezelés befolyásolja-e ezt a hatást.

Felnőtt hím patkányokat használtunk (n=36) hat csoportra osztva. A feltárt dura mater felszínére az első csoportban szintetikus interszticiális folyadékot (SIF) csepegtettünk, míg a második csoport IS kezelést kapott 20 percen keresztül. A harmadik és negyedik csoport állatai a SIF vagy IS kezelés előtt 10 perccel sc. sumatriptan (0,6 mg/ttkg) injekciót, míg az ötödik és hatodik csoport sc. KYNA (0,6 mg/ttkg) előkezelést kapott a SIF vagy IS kezelés előtt 60 perccel. A durális kezelés után 2,5 órával transzkardiális perfúziót végeztünk, majd CGRP immunhisztokémiai festés céljából eltávolítottuk a TNC+C1C2-t.

Az IS szignifikánsan megnövelte a CGRP immunoreaktív rostok mennyiségét a TNC területén, kiváltképp a V/1-es területnek megfelelő szomatotópiás területen. Az IS durális alkalmazása képes megemlíni a TNC CGRP tartalmát, mely a TR aktivációjára és szenzitizációjára utal. Ezt a hatást a sumatriptan képes volt csökkenteni. Hasonló hatással bírt a KYNA is, feltehetőleg az NMDA antagonizmusa révén. Eredményeink megerősítik, hogy a glutamát és receptorai fontos szerepet játszanak a trigeminalis nocicepció folyamatában, és új támadáspontot jelenthetnek migrénellenes szerek kifejlesztésékor.

MOLNÁR GYULA

Állatorvos osztatlan képzés

Állatorvostudományi Egyetem

*Témavezetők:**Dr. Kiss Dávid Sándor**adjunktus, ATE**Dr. Tóth István**adjunktus, ATE*

A hypothalamus funkcionális aszimmetriája a reprodukzív folyamatokkal és a táplálékfelvétellel kapcsolatban hím patkányokon

A hypothalamus jóllehet szerteágazó neuroendokrin folyamatok vezérlésért felelős, mégis a központi idegrendszer aránylag igen kis kiterjedésű, anatómiailag „zsúfolt” részét alkotja. Bár sok más agyterülethez hasonlóan a hypothalamus magcsoportjai is szimmetrikusan, az agy jobb és bal térfelén helyezkednek el, működését funkcionálisan egységes, identikus felek párhuzamosan dolgozó struktúrájaként kezeljük.

Elgondolásunk szerint a hypothalamust a felsőbb agyterületekhez hasonlóan nem redundánsan identikus működésű felek, hanem egymással valamilyen, eddig jobbára ismeretlen rendezőelv alapján egymással „munkamegosztásban” dolgozó féltekék alkotják. A kutatócsoport korábbi munkái alapján fény derült arra, hogy a női reprodukzív folyamatok vezérlése a fenti hipotézist alátámasztva a két hypothalamicus félteke között aránytalanul oszlik meg. A jelen munkában arra a kérdésre keressük a választ, hogy ez a fajta funkcionális aszimmetria hím állatokban is megfigyelhető-e a szóban forgó agyterület által vezérelt két legenergiáigényesebb funkció, a táplálékfelvétel és a reprodukzív irányítással kapcsolatban.

Hipotézisünk igazolásához metabolikus vizsgálatokat végeztünk mitokondriális légzési tevékenység elemzésén keresztül. Ehhez hím patkányok elkülönített jobb és bal hypothalamusából a kutatócsoport által kifejlesztett módszert alkalmazva, differenciál- és Percoll-alapú gradiensfrakcionálás révén életképes, mitokondriális frakciókat nyertünk. A kísérletbe vont állatokat különböző reprodukzív (bilaterális orchiektomia, tesztoszteronkezelés) és jóllakottsági (táplálékmevönás, programozott etetés, etc.) állapotokban vizsgáltuk.

Eredményeink a reprodukzív folyamatok tekintetében a hím állatok (a nőstényekkel szemben) nem erősítették meg a hypothalamus lateralizált működésére vonatkozó feltevésünket. Ezzel szemben a jóllakottság-táplálékfelvétel vonatkozásában igazoltuk, hogy az éhezés és a táplálékmevönás fokozza bal oldali hypothalamus metabolikus aktivitását elnyomva ezzel a jóllakottsági fázis karakterisztikus jobb oldali dominanciáját. Fény derült arra, hogy ez a metabolikus változás fokozatosan állt be, az éhezés időtartamával párhuzamosan erősödve. A táplálékfelvételt követően pedig a jobb oldali metabolikus dominancia fokozatosan visszatér.

Ennek értelmében elmondható, hogy míg a nőstényeknél a hypothalamicus aszimmetria erősen ösztrogénfüggő, addig a hímek esetében ebben döntően a jóllakottsági állapot bír meghatározó szereppel.

NAGY-PÁL PETRA

Orvosi biotechnológia MSc
Pázmány Péter Katolikus Egyetem
Információs Technológiai és Bionikai Kar

Témavezetők:

*Dr. Hájos Norbert
tudományos tanácsadó, MTA KOKI
Dr. Kalló Imre
egyetemi docens, PPKE ITK*

A parvalbumint és kolecisztoxinint kifejező gátlósejtek morfológiai tulajdonságainak összehasonlítása az egér prefrontális kérgében

Az agykérgi funkciók működésének megértése szempontjából fontos ismerünk a szinaptikus gátlás szerveződését, azaz azt, hogy a piramis sejteket (PC) milyen gátlósejtek idegzik be és ezek a bemenetek mely rétegekből és milyen sejtektől származnak. Kísérleteink során a helyi gátlás szerveződésének kutatására fordítottunk figyelmet és a prefrontális kéreg (PFC) azon gátló interneuronjait vizsgáltuk, amelyek döntően a PC-k periszomatikus régiójára adják bemeneteiket. Először meghatároztuk, hogy a különböző rétegben elhelyezkedő PC-k számaira milyen típusú GABAerg (gamma-amino-vajsavat tartalmazó) axon terminálisok érkezik és azt figyeltük meg, hogy ezek a bemenetek elsősorban egyes típusú kannabinoid receptor (CB1) vagy parvalbumin (PV) tartalmúak voltak, mely markerek a kolecisztoxinin és PV tartalmú kosársejteket jelölik. Az idegsejtek morfológiai tulajdonságainak meghatározásához ezen interneuronokat megjelöltük egyszellvezetéssel transzgenikus egerek agyából készített agyszeletekben. A sejtreakonstruktív vizsgálatok megmutatták, hogy a periszomatikus gátlósejt típusok morfológiája jelentősen eltér egymástól. Ezen túlmenően meghatároztuk azt is, hogy a vizsgált kosársejtjeink milyen arányú bemeneteket adnak a PFC különböző rétegeiben elhelyezkedő PC-kre. Rétegek szerint számolva a boutonokat azt találtuk, hogy a két kosársejt populáció nem különbözött egymástól abban, hogy milyen arányban innerválták a PC-k szómáit, proximális- és disztális dendritjeit. Végül vizsgáltuk azt is, hogy van-e különbség a PFC-ben található különböző agyrégiókba vetítő PC-k gátló bemenetében. Ehhez retrográd jelölőanyag segítségével megjelöltük, a különböző régiókba vetítő PC-ket, összehasonlítottuk a rájuk érkező gátló bemeneteket és azt figyeltük meg, hogy a PC-kre érkező CB1 és PV-s bemenetek aránya nem a sejt vetítésének helyétől, hanem a PFC rétegein belüli lokalizációjától függött. Eredményeink tehát azt mutatják, hogy a különböző periszomatikus gátlósejt típusok morfológiai különbségei lehetővé teszik, hogy más-más szerepet töltsenek be a PFC működésében, amit elősegíthet az is, hogy a PFC különböző rétegeiben található és eltérő funkciókkal rendelkező PC-k más-más periszomatikus gátlást kapnak. Az ehhez szükséges kísérletekből az immunhisztokémiai jelöléseket és készítését végeztem, továbbá a PAG-os beadásokat is magam csináltam. Ezen felül a sejtek rekonstrukcióját és a vetítő sejtekre érkező bemenetek számolását döntően én csináltam és segítettem az adatok elemzésében is.

BARABÁSI BEÁTA

Idegtudomány és Humánbiológia MSc
Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:
Dr. Deli Mária
tudományos tanácsadó, MTA SZBK Biofizika Intézet
Dr. Hoyk Zsófia
tudományos munkatárs, MTA SZBK Biofizika Intézet

A P-glikoprotein immunhisztokémiai vizsgálata agyi kapilláris endotél sejteken a humán érlemeszesedés egy egér modelljében.

A magas triglicerid szint közismerten összefügg az érlemeszesedéssel, gyulladási folyamatokkal, és az újabb kísérleti eredmények szerint a neurodegeneratív betegségek létrejöttének kockázatát is növeli. Feltehetően a vér-agy gát működése is megváltozik magas szérumban triglicerid szint esetén, de ezzel kapcsolatban még kevés adat áll rendelkezésre.

Munkánk során a vér-agy gát működésében fontos fehérjék expresszióját és immunfestődési mintázatát vizsgáltuk az érlemeszesedés egyik állat modelljében, a humán ApoB-100 fehérjét expresszáló transzgenikus egerekben. Kvantitatív polimeráz láncreakció segítségével összehasonlítottuk az egyik legfontosabb efflux pumpa fehérjének (P-glikoprotein) az expresszióját vad típusú és ApoB-100 transzgenikus egerekből izolált agyi mikroerekből, és egy gyulladási citokint (TNF α) mindkét genotípusú agykérgi és hippocampális mintákban.

Elemeztük a P-glikoprotein (Pgp) immunhisztokémiai festődését az agykéregben és a hippocampusban, valamint agyi kapilláris endotélsejt tenyészetben mindkét kísérleti csoportban. Az *in vitro* kísérletekben citokin kezeléssel (TNF α +IL-1 β , IL-6, IL-10, IL6+10) modelleztük az endotélsejteket érő különböző gyulladási hatásokat, analizáltuk a sejtek növekedési görbéjét, és az agyi endotélsejtek közti szoros kapcsolatokat két fehérjének (claudin-5 és ZO-1), továbbá a Pgp-nek az immunhisztokémiai festődését mindkét genotípusú egérből származó endotél tenyészetben.

A kvantitatív polimeráz láncreakció eredmények a TNF α expresszió növekedését és a Pgp expresszió csökkenését mutatták az ApoB-100 transzgenikus mintákban. Ezzel összhangban a vad típusúhoz képest csökkent Pgp immunfestődést tapasztaltunk a transzgenikus egerek agykéregében és hippocampusában. A transzgenikus állatok endotélsejtjei lassabban növekedtek, mint a vad típusúak, és kisebb intenzitású claudin-5 és Pgp immunjelölődés jellemezte őket. A gyulladási citokinek (TNF α +IL-1 β , IL-6) csökkentették a sejtek életképességét, valamint a claudin-5 és a Pgp immunfestődés erősségét, míg a gyulladást csökkentő IL-10 ezt a hatást kivédte mindkét genotípusú endotél tenyészetben. A ZO-1 immunfluoreszcencia minden citokin kezelés esetében erősödött.

Eredményeink alapján kijelenthetjük, hogy a magas szérumban triglicerid szinttel összefüggő gyulladási körülmények mellett károsodik a vér-agy gát működése: csökken az agyi kapilláris endotélsejtekben a Pgp mennyisége, és a szoros zárókapcsolatok fehérjéinek expressziója is zavart szenved.

VÁCZI VIKTÓRIA

Biológia - matematika osztatlan képzés

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Hrabovszky Erik**tudományos tanácsadó, MTA KOKI, Reprodukzív Neurobiológia Laboratórium*

Extrahipotalamikus gonadotropin-releasing hormon idegsejtek tanulmányozása emberi agyban

A reprodukció fő agyi szabályozói a gonadotropin-releasing hormon (GnRH) idegsejtek. E neuronok az orrplakodban születnek, majd embrionálisan egy ventrális és egy dorzális útvonal mentén vándorolnak az agyba. Míg a ventrális pálya idegsejtjei pubertást követően a szaporodást irányítják, a dorzális pálya neuronjainak sorsa nem ismert. Tanulmányunkban feltételeztem, hogy e neuronok felnőtt ember extrahipotalamikus régióiban továbbra is megtalálhatóak. A különböző proGnRH antistekkel immunfestést végezve, azt találtam, hogy a putamenben eltérő festődés mutatkozik, ezért a peptid átvívóanyag mibenléte nem ismert. Immunhisztokémiát használva közel 200 000 proGnRH-immunreaktív idegsejtet azonosítottam egy-egy emberi minta striatumában. Ezek többsége a putamenben, kisebb része a nucleus caudatus, pallidum, Meynert-mag, nucleus accumbens és a stria terminalis környékén jelent meg. A proGnRH idegsejtek alaktani tanulmányozására génpuska segítségével lipofil DiI festéket juttattam a humán striatális proGnRH neuronokba. A feltöltött proGnRH-immunreaktív neuronok nem, vagy csak ritkán rendelkeztek dendrittüskékkel. Immunhisztokémiai vizsgálatok alapján e sejtek különböztek a parvalbumint, nitrogén-oxidot vagy szomatosztatint szintetizáló sejt populációktól. A sejtek többsége ugyanakkor tartalmazta a kolinerg rendszer marker enzimjét, a kolin-acetil-transzferázt. Összefoglalva, vizsgálataimból megállapítottam, hogy a humán striatum kolinerg neuronjainak egy csoportja proGnRH-t is szintetizál. Elképzelésem szerint a kolinerg interneuronok peptiderg jelátvittele képes modulálni a GABAerg tüskés projekciós neuronokat szabályozó dopaminerg és/vagy glutamaterg neurotranszmissziót.

GLAVINICS JUDIT

Mérnök-informatikus MSc

Pázmány Péter Katolikus Egyetem

Információs Technológiai és Bionikai Kar

Témavezetők:

Dr. Katona István

tudományos tanácsadó, MTA KOKI

Csapóné Miczán Vivien

doktorjelölt, PPKE ITK

Korrelált kétfoton és szuperrezolúciós mikroszkópia

Az idegsejtek közötti kommunikáció alapja elsősorban a neuronok szinaptikus kapcsolatain alapszik, melynek szabályozásában kiemelkedően fontos szerepet tölt be a visszacsatolás elvén működő endokannabinoid jelátvitel. A preszinaptikusan elhelyezkedő CB₁ kannabinoid receptor aktivációja a kalcium csatornák blokkolásához vezet, mely a beáramló kalcium mennyiségét, ezáltal a neurotranszmissziót csökkenti. Habár az endokannabinoid rendszer fő alkotóit már régóta ismerjük, keveset tudunk arról, hogy mennyiségük és nanoskálájú elhelyezkedésük hogyan befolyásolja a jelátvitel különböző formáinak megjelenését, hatékonyságát az egyes sejtípusokban. Ennek megértéséhez kiemelten fontos az élettani, anatómiai és molekuláris vizsgálatok korrelálása. A preszinaptikus kalcium koncentráció változása egy axonterminálisban kétfoton mikroszkópiával, az endokannabinoid rendszer alkotóinak nanoskálájú elhelyezkedése pedig szuperrezolúciós mikroszkópiával vizsgálható, azonban nem létezik módszer ennek a két technikának az együttes alkalmazására. Ezért tudományos diákköri munkám során célul tűztem ki egy új munkafolyamat kidolgozását, mely ezt a két módszert kapcsolja össze.

Ennek megvalósításához ImageJ, Python és NIKON makró nyelven írt programokat készítettünk, és lehetségessé tettük, hogy az ugyanabban az axonterminálisban mért kétfoton kalcium jelet korreláljuk a fehérjék nanoskálájú elhelyezkedésével. Ezzel az új módszerrel lehetővé vált az endokannabinoid és más jelátviteli rendszerek korrelált funkcionális és anatómia vizsgálata, mely nagyon hasznos lesz az élettani tulajdonságokat meghatározó nanoskálájú molekuláris szerveződési elvek felderítésére.

Az endokannabinoid rendszer hatékonysága különbözik az egyes sejtípusokban, ezért szükség van sejtípus-specifikus vizsgálatokra. Kutatócsoportunk korábban a hippocampusban két CB₁-pozitív sejtípus elkülönítésére egy objektív, ám időigényes eljárást dolgozott ki. Ennek továbbfejlesztésére egy mély tanuló modellt készítettem, mely a tanítóhalmazon 98%-os, a tesztahalmazon 72%-os helyes osztályozást ért el. Ez azt jelenti, hogy a modell képes megtanulni a típusok elkülönítését, azonban még nem megfelelő az általánosító képessége, mely a modell komplexitásának csökkentésével javítható.

A mély tanuló modell kezdeti eredményei biztatóak, a jövőben célunk a tesztahalmazon elért eredmény javítása, és a mély tanuló modell alkalmazása az osztályozást segítő manuális munka helyett.

SCHWARCZ DÓRA ANETT

Biológia BSc

Állatorvostudományi Egyetem

*Témavezetők:**Dr. Cserép Csaba**tudományos főmunkatárs, MTA KOKI, Molekuláris és Fejlődés Neurobiológia Osztály,
Neuroimmunológia Kutatócsoport**Dr. Vili Nóra**tudományos segédmunkatárs, ATE*

Mikroglia-idegsejt interakciók molekuláris anatómiájának vizsgálata

Az elmúlt évtizedek vizsgálatai fedték fel, hogy az agyi gyulladásos folyamatok kiemelten fontosak szinte az összes neurodegeneratív kórképben, emellett pedig igazolták a mikroglia alapvető szerepét a neuroinflammáció folyamataiban. A mikroglia az agy rezidens immunsejtje, mely számos fiziológiás és patofiziológiás folyamatban meghatározó szerepet játszik. Nem ismert azonban, a fő kommunikációs felület a mikroglia és a neuronok között. Vizsgálataink céljaként ezért a fenti folyamatok hátterében álló mikroglia-neuron kapcsolat funkcionális anatómiájának megismerését tűztük ki.

A mikroglia-neuron kapcsolatát célzó kutatások mindeddig szinte kizárólag a szinaptikus struktúrák és a mikroglia közötti kölcsönhatás vizsgálatára korlátozódtak. Többszörös immunhisztokémiai jelölést és konfokális mikroszkópiát alkalmazva, arra a meglepő megfigyelésre jutottunk, hogy a mikroglia az idegsejtek túlnyomó többségének sejttestjével is kapcsolatot létesít. Elektronmikroszkópos vizsgálatainkkal igazoltuk, hogy a neuron sejttestje és a mikroglia-nyúlvány között közvetlen kapcsolat van, melyet a mikroglia-specifikus purinerg P2Y₁₂ receptor felhalmozódása jellemez. Mivel a mikroglia számára a fő kemoaktív inger az ATP, ezért megvizsgáltuk a neuronok szomatikus régiójában a vezikuláris ATP-felszabadulásért felelős transzporter és az ATP termeléséért felelős mitokondriumok elhelyezkedését. Azt találtuk, hogy mind a nukleotid transzporter, mind pedig a mitokondriumok felhalmozódnak a neuronok mikroglia-nyúlvány által érintett területein. Irodalmi adatok alapján ismert, hogy a neuronok sejttestjén a Kv2.1-es kálium csatorna felhalmozódása jelöli ki az exo- és endocitózis legaktívabb területeit. Megvizsgálva ezen fehérje eloszlását arra jutottunk, hogy a mikroglia által érintett neuronális membrán-szakaszoknál volt kiemelten erős a Kv2.1-es jel denzitása. Eredményeink arra engednek következtetni, hogy a neuronok sejttestjén a mikroglia-nyúlványok kitüntetett kommunikációs „szigetekhez” kapcsolódnak, melyeket a transzcelluláris jelátvitelben fontos fehérjék és sejtorganelumok feldúsulása jellemez.

Mivel az általunk azonosított funkcionális-anatómiai egység a mikroglia és az idegsejt között várhatóan mind fiziológiás, mind patofiziológiás folyamatokban szerepet játszik, a két sejt típus kapcsolatainak részletes feltárása új távlatokat nyithat a jövőben a humán agyi betegségek elleni védekezésben és segíthet célzott terápiás módszerek kidolgozásában.

GYÓRI FANNI

Biológus MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Wilhelm Imola**tudományos főmunkatárs, MTA SZBK*

Területi különbségek a vér-agy gát molekuláris felépítésében

Az agy homeosztázisának fenntartása és védelme rendkívül fontos az idegrendszer megfelelő működéséhez. A vérben keringő potenciálisan veszélyes anyagok agyba jutásának megakadályozásában a vér-agy gátnak kiemelkedő szerepe van. A vér-agy gát az agy mikroérhálózatának szintjén helyezkedik el, és legfontosabb sejtjes alkotóelemei a folytonos szoros kapcsolatokkal rendelkező agyi endotélsejtek, illetve a periciták és az asztrociták. Ez a rendszer egy négyzetes védelmi gátat biztosít, amelynek részei a paracelluláris, a transzcelluláris, valamint az enzimikus barrier és az efflux pumpák. Számos olyan központi idegrendszeri megbetegedés ismeretes, amelyek a vér-agy gát sérüléséhez vezethetnek. A patológias folyamatok azonban különböző agyterületeket eltérően érinthetnek. Ezért felmerül a kérdés, hogy vannak-e regionális különbségek a vér-agy gát molekuláris felépítésében.

Munkánk során arra kerestük a választ, hogy a különböző agyterületek között a vér-agy gát felépítésében résztvevő asztrociták és periciták specifikus fehérjéinek expressziójában milyen eltérések figyelhetők meg egérben és sertésben. A vizsgált gének és fehérjék sejttípus specificitásának validálásához online agyi sejttípus transzkriptom adatbázist használtuk, eloszlásukat és mennyiségi jellemzőiket immunfluoreszcens festéssel és western-blottal vizsgáltuk. Az asztrocita marker GFAP (gliális fibrilláris savas fehérje) expressziója a hippocampusban magasabb, mint a többi vizsgált agyterületen mind a génexpressziós adatbázisok, mind az immunfestések alapján, és minden vizsgált agyterületen a fehérállományban dominál. Az aquaporin-4 mennyisége a szürkeállományi területeken nagyobb, és expressziója erősen függ az adott agyterület vaszkularizációjától. A pericita és simaizom marker PDGFR- β (vételemezke eredetű növekedési faktor receptor béta) jelenléte is eltéréseket mutat a különböző agyterületek között, ami eltérő pericita lefedettségre utal. Az α -SMA (alfa simaizom aktin) főleg a nagyobb erek falában, illetve elszórtan kisebb erekben is megtalálható.

Összességében elmondhatjuk, hogy a vér-agy gát alkotásában résztvevő asztrociták és periciták specifikus fehérjéinek expressziója különbségeket mutat a vizsgált agyterületek között, és ennek fiziológias és patológias relevanciája lehet.

BARCSAI LÍVIA

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Varró Petra**tanársegéd, ELTE TTK*

A dezoxinivalenol hatása a nucleus accumbens működésére patkány agyseleteken

Napjainkban is okozhatnak élelmiszeripari problémákat a mikroszkopikus gombák, melyek megfertőzhetik a gabona- és gyümölcsféléket, majd toxikus anyagcseretermékeik bejuthatnak az állati és emberi szervezetbe. Egy, leginkább a *Fusarium* nemzetség által termelt ilyen toxin a dezoxinivalenol (DON), melynek idegrendszeri hatásait széles körben kutatják. Korábbi, a tanszéken végzett *c-fos* expressziós vizsgálatokból kiderült, hogy az állatok toxinnal való kezelése következtében jelentősen megnő a nucleus accumbens egyes sejtjeinek aktivitása (Csikós és mtsai, 2018). Emiatt ezen agyterületen vizsgáltam a DON kezelés hatására bekövetkező működésváltozást elektrofiziológiai módszerekkel. Fiatal hím patkányok agyából horizontális szeleteket készítettem, melyeket 10, 50, illetve 100 μM DON-t tartalmazó mesterséges agygerincvelői folyadékban előinkubáltam. Ezután a nucleus accumbens elektromos ingerlésre adott mezőpotenciál változásait rögzítettem. Az ingerlésre adott válaszok küszöbértékének, az egyszeri, illetve páros ingerlésre adott válaszok nagyságának mérése mellett a magban esetlegesen fellépő hosszútávú szinaptikus hatékonyság-változás (LTP) meglétét is vizsgáltam.

Azt tapasztaltam, hogy a toxinkoncentráció növekedésével a kiváltott válaszok amplitúdója dóziszfüggő csökkenést mutat. Az LTP kialakulását összességében szintén gátolja a DON. A páros ingerléssel kiváltott válaszok arányát a DON csak kis mértékben befolyásolta, de megfigyelhető, hogy a két inger közti idő csökkenésével a második válasz amplitúdója is egyre csökken. Következtetesként elmondható, hogy a DON közvetlenül befolyásolja a nucleus accumbens idegsejthálózatának működését.

KLEIN KRISTÓF

Info-bionika mérnöki MSc
Pázmány Péter Katolikus Egyetem
Információs Technológiai és Bionikai Kar

*Témavezető:
Dr. Barth Albert Miklós
tudományos főmunkatárs, MTA KOKI*

A medián raphe szerepe a hippocampális oszcillációs aktivitás szubkortikális szabályozásában

The hippocampus is indispensable for the spatial navigation, and the formation of episodic memory. The hippocampal theta rhythm enables the brain to encode and to learn new information, while sharp wave ripple activity could be responsible for memory consolidation and stabilization. The hippocampal information processing is controlled by subcortical neuromodulatory pathways among them by the serotonergic system.

The brainstem raphe nuclei establish the main serotonergic inputs of the forebrain. Recent anatomical results indicate, that a significant part of the serotonergic raphe nuclei are glutamatergic too and this glutamatergic raphe-hippocampal pathway is able to precisely modulate hippocampal interneuronal activity. Earlier studies suggest that the median raphe is involved in memory resilience by controlling the consolidation of aversive memory contents. We hypothesize that the recently uncovered glutamatergic raphe-hippocampal connection can modulate the association of aversive stimuli to the hippocampal place code, and, ultimately, the formation of the aversive memory.

The present work investigates the modulatory effect of this brainstem nucleus on the hippocampus linked learning and memory processes. We have used *in vivo* optogenetic interventions combined with simultaneous multichannel recordings from the hippocampus and the median raphe or nucleus incertus of awake behaving animals. We facilitated the identification of brainstem cell populations by the optogenetic tagging method.

In this work, we have analysed the hippocampal ripple linked activity pattern of identified vGLUT2 and vGLUT3 median raphe neurons and also their responses upon encountering with behavioural stimuli with different valences.

We found that a subpopulation of vGLUT2 median raphe cell population shows robust hippocampal ripple linked activity and also prominent responses upon aversive stimuli. Our data suggests that the median raphe is involved in different phases of hippocampal information processing.

This study provides innovative data about the function of recently discovered cell populations of the median raphe on hippocampal information processing.

MÁRTON ADRIENN LILLA

Molekuláris bionika mérnöki BSc

Pázmány Péter Katolikus Egyetem

Információs Technológiai és Bionikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Ulbert István**kutatócsoport-vezető, MTA TTK**Dr. Fiáth Richárd**tudományos munkatárs, MTA TTK*

A mérőelketróda agyszövetbe történő beszúrási sebességének hatása a rögzített sejtaktivitás minőségére

A MEMS (Micro-Electro-Mechanical Systems) technológia és az elektronika fejlődésének köszönhetően a mai agyi implantátumok kiváló időbeli és térbeli felbontással rendelkeznek. Azonban a szövetben zajló biológiai és kémiai folyamatok idővel jelentősen lerontják az eszközöknek a teljesítményét, így fontos kifejleszteni olyan módszereket és anyagokat, melyek megfelelő működést biztosítanak akár hosszabb távon (hónapok, éveken keresztül) is. Maga az implantációs módszer, mellyel az érzékelőket beültetjük az agyba, is kritikus lehet, ezért alátartott patkányokon azt vizsgáltuk, hogy milyen hatással van a rögzített agyi jelekre, ha egy adott szilícium-alapú elektródát különböző sebességek alkalmazásával szúrunk be az agyszövetbe.

Ennek érdekében 10 kísérletet végeztem el, melyek során a beszúrást 128 csatornás szilícium alapú elektródával történtek a szomatoszenzoros kéregbe 4 különböző sebességgel: 0.002 mm/mp, 0.02 mm/mp, 0.1 mm/mp, 1 mm/mp. Minden beszúrást követően 45 percig regisztráltam az agy elektromos tevékenységét. Jelfeldolgozást követően meghatároztam a detektált sejtek számát, azok csúcstól-csúsig amplitúdóját, az első AP latencia értékét, az izolációs távolságot, illetve a sértési arányt. Emellett szövettani vizsgálatokat is végeztem mindegyik kísérletnél. Hét kísérlet esetében az elektróda Dil fluoreszcens festékkel volt bekenve, melynek segítségével pontosabban meg tudtam állapítani az elektróda beszúrási helyét.

Eredményként azt kaptam, hogy lassabb beszúrási sebességek alkalmazása esetén a válogatható sejtek száma magasabb, melyek akciós potenciáljainak az amplitúdója is szignifikánsan nagyobb, mint a gyorsabb sebességekhez tartozó jelekből kiválogatott sejteké. Lassú sebességek esetén az idegsejtek általában hamarabb kezdtek el tüzelni, mint gyorsabb beszúrást követően. Emellett a neuronklaszterek minősége és a jel-zaj viszony is a legjobb volt a leglassabb beszúrási sebesség esetén.

Ezek alapján látható, hogy akut elvezetésnél a lassabb beszúrási sebesség mellett a regisztrált sejtaktivitás minősége jobb volt, tehát feltehetőleg kisebb mértékben károsítottuk az agyszövetet az elektróda körül. Ez megerősíti azt a hipotézisünket, hogy akut elvezetések esetén ajánlatos lassú beszúrási sebességeket alkalmazni az implantáció során a jobb minőségű agyi elektromos tevékenység kinyerése érdekében.

JÁSZ ANNA

Mérnökinformatikus MSc

Pázmány Péter Katolikus Egyetem

Információs Technológiai és Bionikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Komlósi Gergely Sándor
posztdoktori kutató, MTA-KOKI**Dr. Aczárdy László
MTA professzora, MTA-KOKI*

A talamikus középvonali magvak optogenetikai gátlásának vizsgálata egerek alvási periódusában.

A stressz okozta alvászavarok sokakat érintenek világszerte, az alvás és a stressz kapcsolatában azonban még számos kérdés tisztázatlan. Kísérletek kimutatták, hogy a középvonali talamusz dorzális része (DMT) szerepet játszik stresszben (Beas et al., 2018) és az ébredés folyamatában (Ren et al., 2018). Kutatásunk célja a két funkció összekapcsolása és a DMT stressz okozta alvászavarban betöltött szerepének vizsgálata. Kutatócsoportunk korábbi kísérletei kimutatták, hogy a DMT nagy részét képező calretinin pozitív sejtek (DMT/CR+) optogenetikai serkentésével tranziens és tartós felébredés generálható (Mátyás et al., 2018). Eredményeikre alapozva, hipotézisünk szerint a DMT/CR+ aktivitása szükséges a megfelelő éberségi szint kialakításához és befolyásolja az alvásstruktúrát. Méréseink során optogenetikai eljárással tartósan gátoltuk egerek DMT/CR+-t az alvós szakaszuk elején, és megvizsgáltuk a mozgás, az EEG és EMG aktivitás változásait. A gátlás alatt és az azt követő időszakban a mozgásból és EMG-ből számolt aktivitás jelentősen lecsökkent, az EEG-n nyugalmi állapotban és mélyalvásban megjelenő delta hullámok (1-4 Hz) jelentősen gyakoribbá váltak, továbbá az állatok elalvási latenciája nagymértékben lecsökkent, utalva a DMT/CR+ éberségi szintet szabályozó szerepére. Az elalvás utáni fél órában elkülönítettük az alvós non-REM, REM és az éber szakaszokat, hogy megvizsgáljuk, megegyezik-e az alvásstruktúra a gátolt és kontroll napokon. Az non-REM és REM szakaszok nagy hasonlóságot mutattak, az éber szakaszoknál azonban a gátolt napokon jelentősen kevesebb időt töltöttek ébren az állatok, utalva a DMT/CR+ alvásstruktúra kialakításában játszott szerepére. Eredményeinkből megállapíthatjuk, hogy a DMT/CR+ optogenetikai gátlása csökkenti az aktivitást, növeli a delta hullámok gyakoriságát, csökkenti az elalvás idejét és hatással van az alvás struktúrájára. Hipotézisünk helyesnek bizonyult, a dorzomediális talamusz calretinin pozitív neuronjai szükségesek a megfelelő éberségi szint kialakításához. A jövőben a DMT/CR+ alvászavarban betöltött szerepét vizsgáljuk meg, amely alapját ezen eredményeink képezik.

MAROSI ENDRE

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Szabadics János

csoportvezető, MTA KOKI

Axonális ionotróp receptorok a hippocampalis moharost terminálisokon

Az idegsejtek közt zajló kommunikáció pontos ismerete elengedhetetlen az agy működésének megértéséhez. Klasszikusan, az idegsejtek kémiai szinapszisaiban a preszinaptikus oldalról a szinaptikus részbe kerülő neurotranszmitter aktiválja a posztszinaptikus membránon elhelyezkedő ionotróp receptorokat, melyek ioncsatornaként működve alakítják ki a gyors posztszinaptikus válaszokat. Kísérleteim során ezen alapszabály alól való kivételeket vizsgáltam: az általában posztszinaptikusan elhelyezkedő ionotróp receptorok axonális (preszinaptikus) jelenlétét a gyrus dentatus glutamaterg szemcsesejtjeinek óriás boutonjain, az úgynevezett moharost terminálisokon (MFB), túlélő agyszövetben. Ennek kivitelezése céljából elsajátítottam egy világszerte kevesek által megvalósítható kísérletes megközelítést, mellyel az eddig nehezen vizsgálható axonok fiziológiás állapota közvetlenül mérhető patch clamp elvezetésekkel. Feladatom az volt, hogy az intracellulárisan elvezetett MFB-ok mikrokörnyezetébe különböző hatóanyagokat (pl. specifikus ionotróp receptor agonistákat) juttassak. Ezáltal vizsgálhattam az axonális membránon található ligand-kötő receptorokat, ugyanazon sejt dendritikus receptorainak aktiválása nélkül. Eredményeim egyértelműen bizonyítják preszinaptikusan elhelyezkedő ionotróp GABAA és glutamát receptorok jelenlétét a MFB-okon, azonban ezen axonális receptorok pontos működése és lehetséges élettani szerepe még nem tisztázott, ezek feltárása további kísérleteket igényel.

A pályamunkában bemutatott elektrofiziológiai méréseket én végeztem. Saját eredmény a vizsgálat során alkalmazott technika elsajátítása, valamint az ionotróp GABAA és AMPA típusú glutamát receptorok jelenlétének vizsgálata a MFB-on. Méréseim azt mutatják, hogy nem található funkcionális AMPA receptor a vizsgált terminálison, vagy ha mégis, biztosan nem tölt be olyan fontos szerepet az ingerületátadás szabályozásában, mint a GABAA receptor, minek jelenléte egyértelműen bizonyított.

TARCSAY GERGELY

Fizikus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezetők:

Dr. Laura Ewell

csoportvezető, Bonni Egyetem

Dr. Szabadics János

csoportvezető, MTA KOKI, Celluláris Neurofarmakológiai Csoport

Closed-loop algoritmusok fejlesztése gyors oszcillációk valós idejű manipulálására in vivo állatkísérletekben

Az emlős agy aktivitás-mintázatában megjelenő nagy frekvenciás oszcillációknak kitüntetett szerepe van az agyi funkciókban és egyes betegségekben. Ezekben belül a hippocampális területeken megjelenő éles hullám-fodroknak (SW-Rs) kulcsfontosságú szerepe van a memória konszolidációban. Ezek az események alvás, illetve memóriafeladatok közben, az állat pozíciójától függően figyelhetőek meg. Továbbá a temporális lebeny epilepszia patológikus nagy frekvenciás eseményei láthatóak a rohamok kiindulási zónájában, azonban a memóriára gyakorolt hatásáról keveset tudunk. Annak érdekében, hogy jobban vizsgálhassuk az egészséges és patológikus gyors oszcillációs események funkcióit, illetve mechanizmusait kifejlesztettem egy closed-loop algoritmust MatLab programozási környezetben. Az algoritmus lehetővé teszi az állat helyének valós idejű követését és gyors oszcillációk detektálását a közben elvezetett elektrofiziológiai adaton, valamint a neurális hálózat manipulálására alkalmas kimenő jel küldését.

FEKETE ZSUZSANNA

Kognitív tanulmányok MSc

Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi Egyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Hájos Norbert**tudományos tanácsadó, MTA KOKI**Dr. András Tibor**tudományos munkatárs, MTA KOKI*

Gátlósejtek kapcsolatrendszerének elektrofiziológiai vizsgálata a prefrontális agykéregben

Az emlős agy prefrontális kérgi régiója számos magasabb rendű kognitív funkció végrehajtásában játszik szerepet. Ezen funkciók közé tartozik a döntéshozás, a figyelem fókuszálása, a munkamemória műveleteiben való részvétel, illetve az emocionális reakciók szabályozása.

Ahhoz, hogy jobban megérthessük a prefrontális kéreg működését e komplex folyamatokban, részleteiben is meg kell ismernünk a rendszert alkotó idegsejtek közötti kapcsolatok szabályszerűségeit. A prefrontális kéreg fő idegsejt típusát a serkentő típusú piramisneuronok adják, melyek aktivitását különböző gátlósejtek szabályozzák. Ennek egyik leghatékonyabb módja a piramisneuronok periszomatikus régiójának gátlása, melyet a parvalbumin (PV) tartalmú kosár- és axo-axonikus neuronok, valamint a kolecisztokinin (CCK) és I-es típusú kannabinoid receptort kifejező kosárneuronok céloznak (röviden PTI: perisomatic region-targeting interneuron).

Munkánk során *in vitro* patch clamp technikával és anatómiai módszerek segítségével feltártuk a prefrontális kérgi neuronhálózatokat felépítő PTI-k és piramisneuronok közötti szinaptikus kapcsolatok alapvető tulajdonságait. Transzgenikus egerekben, melyekben a különböző gátlósejt típusok fluoreszcens fehérjével jelöltek, megmértük és összehasonlítottuk az egyes periszomatikus gátlósejtek egység-tulajdonságait. Páros elvezetéssel felderítettük a különböző típusú PTI-k és piramisneuronok közötti szinaptikus jelátvitel tulajdonságait és annak rövid távú dinamikáját. Az elvezetett gátlósejteket anatómiai módszerekkel vizualizáltuk és azonosítottuk.

Eredményeink szerint a három PTI típus passzív és aktív membrántulajdonságai szignifikánsan különböztek például a membrán időállandó, a bemenő ellenállás vagy az akkommodációs ráta tekintetében. A gátlósejtekre érkező lokális serkentés vizsgálatából megtudtuk, hogy az eltérő nagyságú serkentő áramok késleltetése, kinetikája és rövid távú dinamikája is különböző. A piramisneuronok a PV tartalmú kosárneuronok nagy amplitúdójú és megbízható gátló bemenetet adtak, míg az axo-axonikus és CCK-s kosárneuronok által adott gátló áramok később jelentek meg és átlagosan kisebb amplitúdójúak voltak. Ezen túlmenően a különböző PTI-ktől eredő szinapszisok a piramisneuronokon eltérő rövid távú dinamikát mutattak. Mindez arra enged következtetni, hogy a három periszomatikus gátlósejttípus más-más szereppel bírhat a prefrontális kérgi hálózatok működésében.

KOCSIS BARNABÁS

Info-bionika mérnöki MSc

Pázmány Péter Katolikus Egyetem

Információs Technológiai és Bionikai Kar

Témavezető:

Dr. Hangya Balázs

tudományos főmunkatárs, MTA KOKI

Hippokampális theta oszcilláció keletkezésének vizsgálata

A felfedező magatartás és REM fázisú alvás alatt megjelenő 4-10 Hz-es hippocampális theta oszcilláció a tanulás és a memória nyomok kialakulását kísérő agyi aktivitás. Generálását főképpen a bazális előagy medialis septuma végzi. A jelenleg legelfogadottabb elmélet szerint ritmikusan aktív „pacemaker” sejtek saját, különböző ritmikussági frekvenciájukról egy közös frekvenciára szinkronizálódnak, és így együtt kellően erős és rendezett bemenetet adnak a hippocampusnak a theta kiváltásához. Mindemellett viszont kevés olyan kísérlet ismert, melyben több septális sejtet együtt vezettek el és így a theta generálás pontos háttere máig ismeretlen.

Hogy a fenti kérdésre választ kapjunk altatott és éber rágszálókból elvezetett septális többsejt felvételt és hippocampális mezőpotenciált vizsgáltunk. Míg altatott egerekben és patkányokban szenzoros stimulációra kiváltott, addig éber egerekben spontán megjelenő thetat analizáltunk. A septális sejtek egy része theta és nem-theta szakaszok alatt is theta ritmikus aktivitást mutatott („pacemaker”), és így feltehetőleg a theta kialakulása is szinkronizálódásukhoz kötött. Rajtuk kívül három további ritmikussági csoportot is azonosítottunk.

A pacemaker szinkronizálódására vonatkozó lehetséges módokat statisztikailag tesztelve el kellett vesszük a fent említett frekvencia szinkronizáció elméletét és helyette az átlagos tüzelési frekvencia emelkedését és az időben egymáshoz viszonyított „burstök” távolságának csökkenését bizonyítottuk.

Hogy jobban megértsük a septum ritmus generáló mechanizmusait egy minimális hálózati modellt építettünk, mely kizárólag „pacemaker” sejtekből állt. Megmutattuk, hogy egy ilyen egyszerű hálózat is képes theta generálásra ideális paraméter elrendezés mellett.

A septális ritmikussági csoportok elektrofiziológiai alapon meghatározott kilétének meghatározására optogenetikai kísérleteket kezdtünk PV-Cre, ChAT-Cre, Gad-Cre és Slc17a6-Cre egérvonalakban.

SZABÓ ADRIENN

Biológia MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Szűcs Attila**tudományos főmunkatárs, ELTE TTK*

Idegsejtek serkenthetőségének vizsgálata újszerű elektrofiziológiai megközelítésben

Az idegsejtek serkenthetősége alapvető fontosságú élettani tulajdonság, amely lehetővé teszi az akciós potenciálok keltését. A neuronok tüzelési kimenetét a sejtmembránban lévő feszültségfüggő ioncsatornák, és az időben folyamatosan változó szinaptikus bemenetek komplex összjátéka hozza létre. Korábbi modell szimulációkban és elektrofiziológiai kísérletekben kimutattuk, hogy a különböző feszültség-aktiválta ionáramok eltérő hatékonysággal szabályozzák az idegsejtek tüzelését, amit a membránpotenciál pillanatnyi állapota is erősen befolyásol. Ez egy fontos észrevétel, hiszen a neuronális serkenthetőséget leggyakrabban konstans áramimpulzusok alkalmazásával mérik az elektrofiziológusok.

Munkám során egy fiziológiai és neurokémiai szempontból diverz idegsejt populációban az egyes neuronok statikus és dinamikus stimulációra adott válaszait mértem meg, valamint azokat összevettem a sejtek egyéb fiziológiai és neurokémiai paramétereivel. Ennek érdekében immuncitokémiával kombinált egészejt patch clamp kísérleteket végeztem primer eger hippocampális idegsejtenyészeteken.

Az idegsejtek serkenthetőségét standard áramlépcsős módszerrel és korszerű dinamikus clamp technika alkalmazásával is vizsgáltam. Munkatársaimmal 347 egyedi sejt tulajdonságait mértük meg ebben a kísérletsorozatban, amiből több mint 216 sejtet magam regisztráltam. A mérés során a neuronokat biocitinnel töltöttük fel, így lehetőségünk volt immuncitokémiai módszerekkel a neurokémiai besorolást is elvégezni. Összesen 102 sejtet sikerült így azonosítanom.

Az áramlépcsős kísérletekben mintegy 30 fiziológiai paramétert határoztam meg, többek között a sejtek membránellenállását, reobázisát és kumulatív spike számát. A dinamikus clamp mérésekben a tüzelési válasz konduktanciaküszöbét és kumulatív spike számát rögzítettem. Ugyanazon kísérleti protokoll alkalmazásával nyert paraméterek között erős, míg a kétfajta stimulációra adott válaszok között csak mérsékelt korrelációt kaptunk, amely megerősíti korábbi modell szimulációink eredményeit.

Ezután az egyik fontos feszültségfüggő ionáram, a dendrotoxin-érzékeny káliumáram specifikus blokkolásával a sejtek tüzelési válaszaiban fellépő változásokat is analizáltuk, ahol szintén markáns eltérések mutatkoztak a két bemenettel kiváltott tüzelési válaszokban. Mindezen eredmények segítenek jobban megérteni, hogyan befolyásolják a különböző idegsejt-típusokban kialakuló plazmatikus biofizikai változások azok tüzelési kimenetét.

MACZELKA HÉDI

Biológia BSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Wittner Lucia

*tudományos főmunkatárs, MTA TTK Kognitív Idegtudományi és Pszichológiai Intézet,
Összehasonlító Pszichofiziológiai Kutatócsoport*

Információáramlás a hippocampus gyurus dentatusa és CA3 régiója között sharp wave ripple aktivitás során

A sharp wave-ripple (SPW-R) komplexek, magyarul leginkább éles hullámként emlegetett aktivitások lassú hullámú (nem REM) alvás és ébrenléti mozdulatlanság alatt figyelhetők meg a hippocampális elektroencefalogramon. Ezeknek a szinkron populációs kisüléseknek fontos szerepet tulajdonítanak a memóriakonsolidációban és a hosszútávú emléknymok kialakításában. A gyurus dentatus és CA3 régió közötti információáramlás szerepe a SPW-R kialakításában a mai napig nem tisztázott. Mi ezt vizsgáltuk egy *in vitro* SPW-R modellben, patkány hippocampus szeleteken, 24 csatornás lineáris elektróda segítségével. A klasszikus triszinaptikus kör alapján feltételeztük, kizárólag a gyurus dentatus felől a CA3 felé tartó információáramlás helyett vizsgálataink azt mutatták, hogy SPW-R-ek keletkezhetnek egyszerre mindkét területen, vagy előbb a CA3 régióban, ami aztán áterjed a gyurus dentatusba és fordítva, valamint olyan esetekkel is találkoztunk, amikor, vagy csak az egyik, vagy pedig csak a másik említett területen jelent meg ez a populációs aktivitás. Ezen eredmények alapján kijelenthetjük, hogy a hippocampus gyurus dentatusa és CA3 régiója között kétirányú információáramlás valósul meg. A jövőben farmakológiai vizsgálatokkal és az egyes sejtek klaszterezésével szeretnénk megtudni azt, hogy milyen gátló és serkentő sejtek vesznek részt a SPW-R-ek kialakításában.

MAJOROS MYRTILL

Orvosi biotechnológia MSc
Pázmány Péter Katolikus Egyetem
Információs Technológiai és Bionikai Kar

Témavezetők:

Dr. Rózsa Balázs

csoportvezető, PPKE ITK

Dr. Chiovini Balázs

tudományos segédmunkatárs, PPKE ITK

**Neurális agyhálózat egyedi sejtmodulációja két-fotonos fotoaktív molekulával
epileptikus túlélő agyszeletben**

Komplex fiziológiai agyi aktivitásmintázatok alatt a serkentő és gátló folyamatok érzékeny egyensúlyban jelennek meg, amely egyensúly patológiás folyamatok alatt felborul. A felfedező kutatások kísérlet tervezésének és kivitelezésének fontos része a fiziológiai kísérletek reprodukálása és manipulálása. Ennek egyik kedvelt módszere a két-foton mikroszkópiai eljárással ötvözött uncaging technika, ahol a hordozó molekuláról nagy tér-időbeli precizitással aktív neurotranszmittert szabadítunk fel. A két-fotonos ketrec vegyületek kiváló eszköznek bizonyulnak a neuronális folyamatok szimulálására dendritikus szinttől egészen a sejtpopulációk szintjéig. Míg a két-fotonos kísérletekhez a serkentő glutamát neurotranszmittert hordozó cage molekula kifejlesztése megtörtént, addig a gátló GABA molekulát hordozó cage komponens kifejlesztése ez idáig nem valósult meg.

Kvantumkémiaili modellek kimutatták, hogy a korábban leírt GABA-cage molekulák mérsékelt kvantum hatékonysággal rendelkeznek, továbbá magas koncentrációban számos mellékhatás jelenik meg. Az igényeknek megfelelően két-foton uncaging kísérletekhez kifejlesztettünk egy új, hatékonyabb GABA molekulát hordozó ketrec vázlat, ez a 4-amino-1-(4'-dimetilamino-izopropoxi-5',7'-dinitro-2',3'-dihidro-indol-1-il)-1-oxo-bután-gamma-amino-vajsav (iDMPO-DNI-GABA).

Kísérleteink során *in vitro* karakterizáltuk az iDMPO-DNI-GABA molekulát és annak sejtekre gyakorolt hatásait. Eredményeink alapján elmondhatom, hogy az iDMPO-DNI-GABA relatív két-foton hatékonysága erősebb a korábban publikált DNI cage molekulánál, illetve megfelelő a szimultán két-foton képalkotás kivitelezéséhez. Karakterizáltuk a iDMPO-DNI-GABA sejtekre gyakorolt hatását elektrofiziológiai és kalcium képalkotó technikákkal. Alkalmazásával megfelelő tér-időbeli precizitással skálázható gátló ionáramok válthatóak ki, amelyekkel nagy hatékonysággal tudtunk spontán és kiváltott sejt aktivitást blokkolni. Akut horizontális agyszeletekben epileptikus aktivitást váltottunk ki 4AP segítségével, majd a szimultán aktív sejt populáció egy-egy sejtjét képesek voltunk kikapcsolni, elcsendesíteni. Az itt bevezetett új két-fotonos ketrec molekula lehetőséget ad a sejtek, sejhálózatok komplex serkentő és immár gátló bemeneteinek reprodukálására, illetve modulálására. Ennek a technikának a használatával jobban megérthetjük a fiziológiás és az abnormális agyi működést, így lehetőség nyílik a betegségek új terápiás lehetőségeinek kidolgozására.

VÁNCSONDI MELINDA

Molekuláris bionika mérnöki BSc

Pázmány Péter Katolikus Egyetem

Információs Technológiai és Bionikai Kar

*Témavezető:**Kocsis Kinga**PhD hallgató, PPKE ITK*

Talamikus manipuláció elektrofiziológiai hatásának térképezése az amigdala mikrohálózatában

A megfelelő félelmi memória kulcsfontosságú a környezeti adaptációhoz, mely kialakításában az amigdala kitüntetett szerepet játszik. Előfeltétele a releváns környezeti ingerek jelenléte. Ugyanakkor elengedhetetlen az is, hogy az amigdala megfelelő, ébrenléti állapotot kialakító serkentő bemenetet kapjon a szenzoros információk pontos feldolgozásához. E két információt két talamikus pálya szolgáltathatja. Így a készenléti állapotra vonatkozó szignált közvetítő kalretinin-tartalmú (KR+) középvonali (KT), míg a szenzoros információért felelős, ugyancsak KR+ posterior intralamináris/szupragenikuláris magvakból (PIL/SG) érkező bemenetek terjedési útvonulatát és hatásait vizsgáltam meg az amigdalában. Továbbá a félelmi tanulás során fontos szerepet játszó, lokális gamma oszcilláció talamikus befolyását tanulmányoztam. A talamikus rostok pályaspecifikus optogenetikai aktiválásával az amigdaláris helyi mezőpotenciálban (LFP), soksejt-aktivitásban (MUA) és gammaerőben bekövetkező változásait nagy időbeli és térbeli felbontást biztosító sokcsatornás (256) *in vivo* elvezetésekkel monitoroztam. A KT rost aktivációja az amigdalostriatális területre (AStr) és az intercalated sejtekre (ITC) rövid latenciájú serkentő, depolarizáló hatással volt, a bazolaterális amigdalában (BLA) pedig gátlást, hiperpolarizációt idézett elő. A PIL/SG rostok AStr/ITC területére voltak aktiváló hatással, viszont a laterális amigdalában (LA) idéztek elő gátlást. A perifériás averzív stimulálás a PIL/SG rostoknak megfelelő LFP mintázatot eredményezett. A MUA minden esetben tükrözte a LFP változásait. Mind az optogenetikai, mind az averzív stimulálások hatással voltak az amigdaláris gammaerőre, főként az LA/BLA területén idéztek elő oszcilláció növekedést.

Eredményeim arra utalnak, hogy a két KR+ talamikus pálya gyorsan és hatékonyan képes, egymástól eltérő amigdaláris mikrohálózatot kontrollálni az általa szállított szenzoros és készenléti információk révén. A kétféle szignál integrációja az ITC területén valósulhat meg, mely így kulcsszerepet játszhat az amigdala-függő viselkedésformák kialakításában és ennek hátterében álló gamma oszcilláció formálásában.

FLINK LILI BORBÁLA

Biológia MSc

Szegei Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Bata-Csörgő Zsuzsanna**egyetemi tanár, SZTE ÁOK**Konczné Dr. Gubán Barbara**tudományos munkatárs, SZTE ÁOK***A pikkelysömör patomechanizmusának vizsgálata *in vitro* bőrmodellen**

A pikkelysömör egy multifaktoriális gyulladásos bőrbetegség. Eredményeink alapján ismert, hogy az egészségesnek kinéző nem léziós (NL) pikkelysömörös bőr egy kiegyensúlyozatlan fenotípust mutat, amely szerkezeti változásokat hordoz magában az egészséges bőrhöz képest. Kevés ismeret áll rendelkezésünkre a NL szövet rezidens sejtjeinek szerepéről a betegség patológiájában, ezért célul tűztük ki egy olyan szövetmodell létrehozását, amelyben egészséges és pikkelysömörös donorokból származó sejtek egymásra gyakorolt hatását vizsgáljuk.

Enzimatisz módszerrel pikkelysömörös és egészséges bőrbioptziákból primer fibroblasztokat és keratinocitákat szeparáltunk és tenyésztettünk. Standard protokoll alapján *in vitro* szövetmodellt hoztunk létre, majd immunfluoreszcens és hematoxilín-eozin festéssel karakterizáltuk a szövetet. Az egészséges és NL pikkelysömörös *in vitro* bőrmodellek, melyeket létrehoztunk, bizonyos szempontokból megfeleltethetőek az *in vivo* bőrnek. A bőrre jellemző extracelluláris molekulák (laminin, elasztin) kimutathatóak voltak a létrehozott bőrmodellekből, amely jól mutatja, hogy a sejtek közötti kapcsolatok létrejöttek és kialakult a mikroköznyezet. A modellekben felhasznált izolált fibroblasztok kifejezték a vimentint és a desmint, a keratinociták pedig mind a bazális hámsejtekre jellemző citokeratin 5-öt, mind a suprabazális hámsejtekre jellemző 1/10 citokeratint. Az egészséges és a NL pikkelysömörös bőr eltérései vizsgálhatóvá váltak ebben a bőrmodelben. Az autológ NL pikkelysömörös bőr esetében konfluens, megvastagodott keratinocita réteg volt megfigyelhető, az autológ egészséges bőrmodellehez képest.

A létrehozott *in vitro* bőrmodellel további lehetőséget nyújt számunkra a pikkelysömörös betegek NL bőrében lévő eltérések részletesebb vizsgálatára, a szöveti sejtek szerepének kutatására. Választ kaphatunk arra, hogy a különböző sejtek egymásra gyakorolt hatása, az extracelluláris mátrix megváltozása milyen jelentőséggel bír a pikkelysömör patomechanizmusában.

LÉVAY LUCA

Biológia MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Takáts Szabolcs

tudományos segédmunkatárs, ELTE TTK

A Rab3GAP-Rab18 modul szerepe az autofágia során

Autofágia során a sejt a saját fölösleges vagy hibás fehérjéit, illetve sejtalkotóit bontja le lizoszomális úton, majd a felszabaduló monomereket újrahasznosítja. Az autofágia kulcsfontosságú szerepet tölt be számos sejtélettani folyamatban, hibája pedig többek között neurodegenerációs betegségek kialakulásához vezethet.

Az autofágia szabályozásában fontos szerepe van a Rab kis GTPáz fehérjéknek, melyek a membrántranszport folyamatok fő irányítói. Kutatásunk fókuszában a Rab3GAP2 fehérje áll, mely a Rab3GAP1 fehérjével komplexet alkotva, a Rab18 kofaktoraként a fehérje aktiválásáért felel.

*Drosophila melanogaster*en végzett kísérleteink azt mutatták, hogy a három fehérje együttműködve szabályozza az autofágiát, a Rab3GAP-Rab18 modul hiányában pedig sérül az autolizoszómák érése és morfológiája, valamint az autofág lebontás is gátolt. További eredményeink arra utalnak, hogy az autofágia ezen lépését a Rab3GAP-Rab18 modul az Atg14 fehérjét tartalmazó Vps34 kináz komplex működésén keresztül szabályozza. Végül bemutatjuk, hogy a Rab3GAP-Rab18 modul hiányának következtében kialakuló autofágia hiba egy lehetséges kiváltó oka lehet a Rab3GAP-Rab18 mutáns betegekben kialakuló, súlyos idegrendszeri és mozgási zavarokkal járó Warburg Micro szindrómának.

SÓTH ÁRMIN

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Simon-Vecsei Zsófia**tudományos munkatárs, ELTE TTK***A rabenosyn-5 és Vps18 endoszómális pányvázó faktorok interakciójának vizsgálata**

A rabenosyn-5 (Rbsn-5) egy Rab5 effektor fehérje, mely a korai endoszómális rendszer működésében tölt be szerepet. Munkacsoportunk korábban a *Drosophila* Rbsn-5 kötőpartnereként a Vps18-at azonosította, mely a CORVET és HOPS pányvázó komplexek alegysége. Az Rbsn-5 mellett a CORVET komplex is kulcsfontosságú szerepet játszik a korai endoszómális fúziós mechanizmusokban.

Célunk az Rbsn-5 és a Vps18 közötti interakció vizsgálata humán fehérjék vonatkozásában.

Vizsgálataink során a korábban kimutatott *Drosophila* Rbsn-5 és Vps18 közötti interakciót humán fehérjék esetében is sikerült igazolni élesztő két-hibrid technikával. Ezt követően a fehérjék darabolásával meghatároztuk a kötés kialakításáért felelős régiókat: a Rbsn-5 esetében az N-terminális régiót (1-421 aminosav), míg a Vps18 esetében a 482-854 aminosavakat magába foglaló fehérjerészletet azonosítottuk. A teljes hosszú proteinek közötti interakció meglétét koimmunoprecipitációval is vizsgáltuk: a fehérjéket hemagglutinin (HA) és FLAG címkékkel ellátott formában HEK293 sejtekben tranziensen expresszáztattuk, majd a transzfektált sejtekből származó lizátummal immunoprecipitációt végeztünk mind a HA, mind a FLAG címke irányából, a mintákat pedig western blottal vizsgáltuk. A fehérjék közötti interakció mindkét esetben kimutatható volt, kolokalizációjukat pedig immuncitokémiai módszerrel igazoltuk. Összehasonlítottuk a vad típusú és a Vps18 nullmutáns HEK293 sejtek Rbsn-5 expresszióját – western blottal- és lokalizációját -epifluoreszcens mikroszkópos vizsgálatokkal-, ami alapján elmondható, hogy a Vps18 hiánya nem befolyásolja az Rbsn-5 szintjét és eloszlását. Ezt követően a sejtek adhéziós képességét vizsgáltuk, melyhez passzálást követően 6, 12, 24 és 48 órával hasonlítottuk össze a letapadt vad típusú és a Vps18 mutáns HEK293 sejtek számát. Ez alapján elmondható, hogy a Vps18 hiányában szignifikánsan csökkent a letapadó sejtek száma, ezáltal életképessége.

Munkánk során kimutattuk a humán Rbsn-5 és Vps18 fehérjék kapcsolatát mind élesztő-két hibrid, mind humán sejtrendszerben. Igazoltuk, hogy a humán Vps18 szerepet játszik a HEK293 sejtek letapadásában, de nem befolyásolja a Rbsn-5 expresszióját és lokalizációját.

TÖRÖK DÓRA

Biológus MSc

Állatorvostudományi Egyetem

*Témavezetők:**Dr. Cseb Sándor**egyetemi tanár, ATE**Dr. Somoskői Bence**tanszéki mérnök, ATE***Beágyazódásra ható növekedési faktor és a PACAP vizsgálata egereken**

A növekedési faktorok egy olyan jelátvivő fehérjecsald, mely stimulálja a sejtnevekedést, a proliferációt és a differenciálódást. Jelentős mértékben termelődnek a preimplantációs periódusban, melynek ténye azt sugallja, hogy fontos szerepet tölthetnek be az implantációs folyamatokban. A heparin-binding epidermal growth faktor (HB-EGF) az ovulációt követő 5-8. napon éri el expressziójának csúcsát a méh epithelialis sejtjeiben, amelyből arra lehet következtetni, hogy ez a növekedési faktor fontos szerepet játszhat a blasztociszta implantációjának szabályozásában. A hipofízis adenilát cikláz aktiváló polipeptidet (PACAP) nagymértékű szervezeten belüli előfordulásának és antiapoptotikus hatásának köszönhetően általános citoprotektív fehérjeként tartják számon. Jelentős mennyiségben megtalálható a méhben, a petefészekben és a tüszőfolyadékban, így feltételezhető, hogy szerepet játszik a reprodukcióban is.

A HB-EGF implantációban betöltött fontos szerepéből és a PACAP szervezeten belüli nagymértékű elterjedéséből és citoprotektív hatásából kiindulva, kutatásunk célja, hogy tanulmányozzuk ennek a két fehérjének kimutathatóságát méhszövetből és embrióból, esetleges kapcsolatukat, valamint az embriók fejlődésére gyakorolt hatásukat.

Vizsgálatainkat BDF1 egértörzsön végeztük. A nőstényeket szuperovuláltattuk (7,5 NE PMSG, 48 óra elteltével 7,5 NE hCG), majd a hCG injekciót követően egy éjszakára egy-egy hímhez helyeztük őket. A párzást követő 4. napon kinyertük az embriókat, valamint egy 0,5 cm hosszúságú méh szövet darabot. Az embriók fejlődési állapotának meghatározása után RNS-t vontunk ki mind az embriókból, mind a méhszövet darabokból. A cDNS átírás után PCR berendezéssel határoztuk meg a HB-EGF és PACAP mennyiséget.

Szignifikánsan magasabb szöveti expressziókat tapasztaltunk a sikeresen termékenyült nőstényekben, mint azokban, akiknél a termékenyülés elmaradt. Vizsgálataink azt mutatják, hogy a nőstény méhszöveti PACAP expressziójának növekedésével nő a fejlett embriók előfordulási esélye. HB-EGF esetében ugyanakkor nem találtunk szignifikáns kapcsolatot. Kutatásunk alapján a fejletlen embriók alacsonyabb mennyiségben tartalmaztak HB-EGF-t, mint a morula illetve blasztociszta fejlődési állapotú embriók.

KORBAI SZABINA

Biológus MSc

Szegei Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Bodai László**docens, SZTE TTIK*

Hiszton módosítások szerepe a hisztonok magi transzportjában, illetve mutáns Huntingtin által indukált mitokondriális zavarban

Munkánk során egy autoszómális domináns úton öröklődő, jelenleg gyógyíthatatlan emberi neurodegeneratív betegségre, a Huntington-kórra ható epigenetikai tényezők, pontosabban a hiszton módosítások szerepét vizsgáltuk, mely problémakört két irányból közelítettük meg: egy hiszton-acetiltransferáz fehérjét, valamint két, hiszton-módosító enzimet gátló vegyületet helyeztünk kísérleteink fókuszába, melyeket a Huntington-kór *Drosophila*-modelljén végeztünk.

Egy korábbi elmélet szerint a Hiszton-acetiltransferáz 1 fehérje (Hat1) működése teszi lehetővé azt, hogy a H4 hisztonfehérje a magba juthasson. Homozigóta Hat1 deléziós mutáns immunfestéssel vizsgáltuk, hogy a Hat1 szükséges-e a His4r sejtmagi lokalizációjához. Eredményeink szerint a His4r fehérje a Hat1 mutánsban is a magban halmozódik fel, csakúgy, mint a vad típusú kontroll esetében, így a Hat1 nem szükséges a His4r sejtmagba való transzportjához.

Egyes hiszton módosításoknak a Huntington kórra gyakorolt hatásának vizsgálatához mutáns emberi huntingtin fehérjét kifejező transzgenikus *Drosophila*-kat a hiszton-deacetiláz gátló nátrium-butiráttal, illetve demetiláz gátló GSK-J4-el kezeltünk. Életképességüket túlélési adatok segítségével monitoroztuk, valamint kvantitatív real-time PCR-rel vizsgáltuk a mitokondriális DNS és kromoszómális DNS arányát, mivel előkísérleteink alapján a mutáns huntingtin-transzsgént hordozó állapotokban megnő a mitokondriális DNS relatív mennyisége.

Kísérleti eredményeink azt mutatják, hogy a GSK-J4-el történő kezelésnek ugyan volt kimutatható hatása, de a Huntington-kóros fenotípust nem enyhítette, míg a nátrium-butiráttal végzett kezelés esetében azt tapasztaltuk, hogy csak az élethosszan tartó kezelésnek volt hatása, azonban magas vegyszerkoncentráció esetén az általunk monitorozott hatás, a relatív mitokondriális DNS-szint csökkenése mellett az életképesség erőteljes csökkenése is megfigyelhető volt, ami rávilágít a megfelelő hatóanyag-adagolás beállításának nehézségeire.

GÖCZ BALÁSZ GERGŐ

Orvosi biotechnológia MSc
Pázmány Péter Katolikus Egyetem
Információs Technológiai és Bionikai Kar

Témavezetők:

Dr. Hrabovszky Erik

csoportvezető, MTA KOKI, Reprodukív Neurobiológia csoport

Dr. Kalló Imre

tudományos főmunkatárs, PPKE ITK

Laser-capture microdissection (LCM) és nagy-áteresztőképességű RNA-Seq módszertanok alkalmazása ösztrogén-indukált génexpressziós változások azonosítására az egér hipotalamusz arcuatus idegmagjában

Hasonlóan más endokrin és vegetatív működésekhez, a szaporodás idegi szabályozását is a hipotalamusz végzi. A nemi mirigyekben termelt hormonok, így a petefészek ösztrogénjei is, ugyanakkor visszacsatolási mechanizmusok révén szabályozzák a hipotalamusz hormon-érzékeny idegsejtjeinek működését. Az ösztrogén ezen feedback hatásainak egyik fő célpontja a hipotalamusz arcuatus idegmagva (ARC). Az itt elhelyezkedő ösztrogén-érzékeny idegsejtek génexpressziós mintázatát a női nemi ciklus során változó hormon szintek nagyban befolyásolják. Az ARC ösztrogén hatására bekövetkező génexpressziós változásait ezidáig főképp kis áteresztőképességű módszerek használatával vizsgálták. Jelen munkám célja az ARC ösztrogén-függő génjeinek és biológiai folyamatainak azonosítása volt, melyhez igen pontos laser capture microdissection (LCM) mintavételi megközelítést és nagy áteresztőképességű RNA-Seq módszertant használtam.

Az állatkísérlet kezdetén 12 egér petefészket eltávolítottunk az endogén ösztrogén szintek csökkentésére. Ezt követően az egerek bőre alá ösztradiollal (N=6) vagy annak vivőanyagával (napraforgó olaj; N=6) megtöltött szilikon kapszulát ültettünk be 4 napra. Ez a kezelés magas ill. alacsony szérum ösztrogén szintet hozott létre. A kapszula beültetését követő 4. napon az állatokat transzkardiális perfúzióval elpusztítottuk, agyukat lefagyasztottuk, majd kriosztát metszőberendezéssel az ARC területét is tartalmazó, homlokirányú (frontális) szövettani metszeteket készítettünk. A metszetekből laser capture microdissection (LCM) módszerrel kigyűjtöttük az ARC területét. RNS izolálást követően meghatároztuk az RNS minták minőségét Bioanalyzer berendezéssel. Az RNS mintákból könyvtárakat készítettünk, majd RNA-Seq módszertannal azonosítottunk az ösztrogén hormon hatására megváltozott expressziót mutató mRNS-eket. A kapott eredményekből kiderül az, hogy adott vágási értéknél ($\log_{2}FC=1$), összesen 144 egyedi gén (257 transzkriptum) expressziója változott meg az ösztrogén kezelés hatására szignifikánsan. Ebből 113 gén transzkriptciósan aktiválódott míg 31 gén transzkriptciósan gátlódott. Funkcionális annotációs vizsgálatokból megállapítottuk, hogy 4 útvonal (Neuroaktív ligand-receptor interakció, cAMP szignalizáció, Kalcium szignalizáció, ECM-receptor útvonal) érintett leginkább ezekben a génváltozásokban. 50 megváltozott expressziót mutató gén részvételével a Neuroaktív ligand-receptor interakciós útvonal emelkedett ki, a legtöbb szignifikáns változást mutatva.

VARGA VIRGINIA BEATRIX

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Kovács Tibor

adjunktus, ELTE TTK

Mitokondriális lebontás tanulmányozása a spermatogóniumok dedifferenciálódása során ecetmuslicában

Az eukarióta sejtekben két lizoszómális lebontással végződő útvonalat ismerünk; az autofágiát és az endocitózist. Az autofágia a sejt saját sérült vagy felesleges fehérjéinek és organelleimainak eltávolítását végzi, így a differenciálódás során a sejt szükségleteinek megfelelően képes az organelleimok számának változtatására. Ismerünk egy „alternatív” autofágia útvonalat is, amely endocitózis vezérelt. Ennek során az autofagoszómák késői endoszómákkal fuzionálnak, így bontódnak le a bennük elkülönített struktúrák.

Az ecetmuslica (*Drosophila melanogaster*) szolgált a kutatásaim modelljéül, melynek a hímivarszervében található csíravonal őssejtet (germ stem cells, GSCs) vizsgáltam. Az élettartam előrehaladtával, vagy stressz folyamatok hatására a GSC szám lecsökkenhet, így azok pótlásra szorulnak. A GSC-k regenerációja ilyenkor differenciálódásnak indult csíravonal sejtek (gonialblasztok és spermatogóniumok) dedifferenciációjával is megvalósulhat. Kutatásaim során fluoreszcens- és elektronmikroszkóppal is tanulmányoztam a dedifferenciálódás alatt az endocitózis és az autofágia mértékét és szerepét a mitokondriumok degradációjában.

Eredményeim alapján a regeneráció alatt a megnövekedett savas lebontás egyik lényeges funkciója a mitokondriumok eliminálása lehet. Ekkor a szomatikus sejtekben klasszikus mitofágiát, a csíravonalban pedig amfiszómális mitokondrium lebontást figyeltünk meg, tehát a regeneráció egyszerre vált ki egy autofágia és egy endocitózis szabályozta mitokondrium lebontást egyazon szervben.

GÓRA VALÉR

Biológia BSc

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Huberné Dr. Barkó Szilvia
egyetemi adjunktus, PTE AOK***Oxidatív stressz hatása az aktin citoskeletonra**

Bevezetés: Egy egészséges sejtben a prooxidáns-antioxidáns folyamatok egyensúlyban vannak. Az oxidatív folyamatok túlsúlyba kerülése esetén oxidatív stressz alakul ki, ami hatással van a sejtfolymatokra, így az aktin polimerizáció folyamatára is. A malignus transzformáción átesett sejtek citoplazmájában a reaktív oxigén származékok – egy egészséges sejthez képest – nagyobb mennyiségben vannak jelen, ezáltal a daganatos sejtekben a sejtfolymatok feltehetően módosulnak, ami azok osztódását, metasztázis képző képességét befolyásolhatja. Mivel az aktin minden eukarióta sejtben megtalálható és az említett folymatokban kulcsszerepet játszik, ezért az aktin polimerizáció folymatát vizsgáltam oxidatív körülmények között. Ez segíthet megérteni a daganatos sejtekben lejátszódó módosult folymatokat, ami alapvető fontosságú lehet a modern daganatkutatás szempontjából.

Módszerek: fehérje izolálás, ultracentrifugálás, gélelektroforézis, fluoreszcencia mikroszkópia, fluoreszcencia spektroszkópia.

Eredmények: Hidrogén-peroxid kezelés hatására (1) az aktin polimerizációnak dinamikája megváltozik, (2) a filamentumok hossza drasztikusan lecsökken, (3) az aktin monomerek aránya megnő.

Összefoglalás: A hidrogén-peroxid *in vitro* hatással van az aktin filamentumok polimerizációs tulajdonságaira, mégpedig olyan módon, hogy a kialakuló filamentumokat destabilizálja, ezáltal a szabad monomerek mennyisége megnő. Ennek a daganatos sejtek szempontjából nagy jelentősége lehet, hiszen a sejtek motilitásához elengedhetetlen a citoskeleton gyors átrendeződése. Mindazonáltal feltételezzük, hogy egyéb aktin kötő fehérjék megváltozott oxidációs állapota, illetve a kötőfehérjéknek az oxidált állapotban lévő aktinhoz való megváltozott kötése is alapvető jelentőséggel bír ebben a folymatban.

TYLER TEADORA

Biológia BSc

Állatorvostudományi Egyetem

Témavezetők:

Dr. Zachar Gergely

tudományos munkatárs, SE AOK

Dr. Csonka Diána

tudományos segédmunkatárs, ATE

Újonnan születő sejtek beépülése és túlélése serdülőkorú patkányokban magas cukorfogyasztás mellett

Napjainkban, a modern ember életmódja mellett kiemelkedően fontos a fokozott zsír-és cukorfogyasztás szervezetre tett hatásának vizsgálata.

Ennek a komplex hatásnak a gerince a homeosztázis megbomlása, mely a neuroendokrin rendszerrel együtt az idegrendszert is érinti.

Kísérletünket előzetes eredményekre alapoztuk, melyekben hím patkányok hippocampalis neurogenesisében jelentős csökkenést mutattak ki magas cukortartalmú folyadék, illetve magas zsírtartalmú táplálék tartós bevitele mellett.

Kutatásunk során a túlzott cukorfogyasztás esetleges hatását vizsgáltuk a serdülőkori hippocampalis neurogenesisre fiatal hím patkányokon. A kezelést esetünkben 23%-os szacharóz oldat jelentette. A két csoport táplálék és tartási körülmény tekintetében megegyezett. Az állatok a szintetizálódó DNS-be épülő marker injekciót kaptak, majd a túlélési idő után perfúzió estek át, s agyuk lemetzésre került. Dupla immunhisztokémiai festéssel vizualizáltuk a jelölődött DNS-t, illetve a már érett neuronokat. Nem találtunk különbséget a két csoportban az újonnan létrejött és sikeresen beépült (dupla jelzést mutató) neuronok számában. Azonban a kezelt csoport hippocampus-ában szignifikánsan több újonnan létrejött DNS-ű, kis átmérőjű sejtet detektáltunk - ezek feltételezésünk szerint legnagyobb részben gliasejtek. Eredményünk kérdéseket vet fel és további kutatásokra ösztönöz, melyben proliferáló neuron, asztrocita és mikroglia markerekkel kiegészítve, részletesebben vizsgáljuk az életmód hatásait a fiatal szervezetre.

VAS KINGA

Biológia-angol nyelv és irodalom MSc

Selye János Egyetem

*Témavezető:
Dr. Balázs Pál
adjunktus, Selye János Egyetem*

Adatok Bátka (Bátka) flórájához

Munkám célja bemutatni a Szlovákiában található Bátka község környékén kiválasztott három élőhelytípus flóráját. A következő élőhelyek flóráját dolgoztam fel: rét, patak mente és erdő. A növények gyűjtését 2016 vegetációs időszakában végeztem, márciustól szeptemberig. A növényeket Simon Tibor: A magyarországi edényes flóra határozója szerint határoztam meg. A begyűjtött növényekből herbáriumot készítettem.

Az irodalmi részben általánosan jellemeztem a Rimaszombati járást, és a bele tartozó Bátka községet. Ez a rész tartalmazza továbbá a járás flórájának leírását.

A gyakorlati részben jellemeztem az élőhelytípusokat. A gyűjtött növények listáját táblázatba foglaltam tudományos nevük szerint ábécé sorrendben. A tudományos nevek mellett a magyar és szlovák fajnevek is fel vannak tüntetve.

A következő rész a növénycsaládok fajgazdagságát mutatja be.

A vizsgált idő alatt 93 fajt azonosítottam, mellyel részben pótoltam a Bátka községre vonatkozó teljes adathiányt.

TÍMÁR RITA

Biológia BSc

Babeş-Bolyai Tudományegyetem

*Témavezető:**Dr. Ruprecht Eszter
egyetemi docens, BBTE*

A hengeres vasvirág (*Xeranthemum cylindraceum*) utóbbi években tapasztalható erdélyi terjedésének lehetséges okai és mechanizmusai

A hengeres vasvirág (*Xeranthemum cylindraceum*) az őszirózséfélék (*Asteraceae*) családjába tartozó egyéves növény, mely hazánkban főleg alföldön és alacsony dombvidéki területeken fordult elő, Erdélyben pedig ritka fajként volt számontartva. Terepi megfigyeléseink alapján az utóbbi 5 évben egyre jobban elterjedt, ami aggasztó. Természetvédelmi szempontból nagyon fontos kérdés, hogy mi gyors térnyerésének titka.

Hipotéziseink csoportosíthatók a tájhasználati változások, a növény valamely tulajdonsága, mely kompetíciós helyzetben őt előnyhöz juttatja és klímaváltozás szerint. Kísérletünkben vasvirág magvakat csíráztattunk, és egyedeket neveltünk fel két denzitásban élő gyepi kompetitor fajok társaságában (*Festuca rupicola*, *Brachypodium pinnatum*, *Centaurea jacea*, *Plantago media*). Az ilyen módon kialakított közösségek esetében két kezelés kombinációját alkalmaztuk: herbivória, valamint aktivált szén hozzáadás a vasvirág feltételezett allelopatikumainak lekötésére. A herbivóriát havi rendszerességű vágás jelentette, kizárólag a kompetitor fajok esetében, mivel a vasvirágot az állatok nem fogyasztják. A kísérlet 7 hónapig zajlott, lezárása után lemértük a növények talajfelszín feletti és –alatti biomasszáját.

Eredményeink azt igazolják, hogy a vasvirágok teljes biomasszában mérhető teljesítményét csökkentette az élő kompetitor jelenléte, és a kompetitorok közül a *Brachypodium pinnatum* bizonyult a leggyengébbnek. Ha a herbivória gyengítette a kompetítort, akkor a vasvirágok erőteljesebben fejlődtek. A vasvirágok denzitása is befolyásolta a végső biomasszát, de hatása lényegesen gyengébb volt az élő kompetícióval szemben. Az aktív szénnek összességében nem volt hatása a vasvirágok teljesítményére. Az élő gyepekben való legelés nagyban megnöveli a vasvirág sikerét, tehát ahol a vasvirág visszaszorítása kívánatosá válik, néhány évig tartó felhagyást javasolunk.

KIS SZABOLCS

Középiskolai hallgató

Karcagi Nagykun Református Gimnázium és

Egészségügyi Szakgimnázium

Témavezető:

Bíróné Varga Tünde

biológia-környezettan szakos tanár, Karcagi Nagykun Református Gimnázium és

Egészségügyi Szakgimnázium

A letűnt korok építményeinek botanikai összehasonlítása

A hazánk vegetációjának egyik kulcsfontosságú eleme az alföldi löszvegetáció. Ennek állományai a különböző antropogén hatásokra (például a földterületek mezőgazdasági művelés alá vonásával) jelentősen megfogyatkoztak, fragmentálódtak és degradálódtak.

Kutatásom során az olyan ember alkotta tájlemek (felszínformák) növényzetével foglalkoztam, melyeken fennmaradhattak az egykori löszvegetációt képviselő társulások és löszspecialista fajok. Ezen építmények szerepe kiemelten fontos, mivel hozzájárulnak az Alföld biodiverzitásának megőrzéséhez. Dolgozatomban az olyan felszínformák növényzetét hasonlítom össze, mint a kunhalmok, az ókori sáncok és az árvízvédelmi töltések. Ezek különböző korokban épültek, ennek ellenére növényzetükben számos hasonlóságot figyelhetünk meg, ugyanakkor vegetációjuk különböző mértékben őrizte meg az egykor széleskörűen elterjedt társulásokat.

Eredményeiből megállapítható volt, hogy mind a kunhalmok, mind az ókori sáncok között vannak olyanok, amelyeket igen jó állapotban fennmaradt löszpusztagyep és löszfelnövényzet borít, valamint a gátszakaszokon is megtalálhatóak. Az egyes felszínformákon található löszgyepek állapotát (degradáltságát) és azok közötti hasonlóságot fajlisták és különböző vizsgálati szempontok (szociális magatartás típusok, cönoszisztematikai kategóriákból kialakított funkcionális csoportok, DCA ordinációk, Shannon diverzitás) alapján határoztam meg.

Mindezek alapján összességében megállapítható volt, hogy a vizsgált építmény típusok közül a Nagykunszágon, Nagy-Sárréten és a Kiskunság keleti felén végzett felmérések adatai szerint a vizsgált tájlemek közül az ókori sáncok voltak azok, melyek a leginkább épségben őrizték meg az egykor kiterjedt löszvegetáció maradványait.

KRASZNAI BRIGITTA

Biológia (egészségtan) - földrajz osztatlan képzés
Nyíregyházi Egyetem

*Témavezető:
Dobróné Dr. Tóth Márta
főiskolai docens, NYE*

A parlagfű pollen mennyiségi és minőségi vizsgálata Nyíregyháza légkörében

Vizsgálataink arra fókuszáltak, hogy a pollen évszakos és napszakonkénti mennyisége hogyan alakul, továbbá a pollen felszínén milyen szennyeződések és milyen arányban fordulnak elő. Legnagyobb pollen mennyiséget augusztus és szeptember hónapokban mértünk mindhárom vizsgált évben. Augusztusban jóval nagyobb a pollen mennyisége a légtérben szeptemberhez képest kivéve 2018-as évben. A pollen legnagyobb mennyiségét minden nap elsősorban 8 és 12 óra között mértük. 12 óra után egy egyenletes pollencsökkenést figyeltünk meg egészen 20 óráig, majd egy gyenge, de egyenletes emelkedés volt mérhető egészen 6 óráig.

A pollen felületén szerves és szervetlen szennyeződések figyeltünk meg elsősorban augusztus és szeptember hónapokban. A szennyeződések mennyisége szeptemberben nagyobb volt mindhárom vizsgált évben. A szerves szennyeződések elsősorban gomba spórák voltak. A gomba spórák mennyisége a légkörben sokszor a pollenmennyiség többszöröse legnagyobb gomba koncentrációkat augusztusban és szeptemberben mértünk. Elsősorban azért, mert a három vizsgált nemzetség közül *Cladosporium* gombákat figyeltünk meg legnagyobb mennyiségben, amelynek sóra képződéséhez kedvez a szász, meleg időjárás.

Mivel rendkívül allergén gomba, és konidiuma kisebb méretű az *Alternaria* és *Epicoccum* gomba spóráktól, ezért könnyen tapad meg a parlagfű virágporán, amely erősítheti az allergiás tüneteket. A pollen alakjában is megfigyeltünk eltéréseket. Szeptember hónapban átlagosan több deformált, málna termésére emlékeztető pollent figyeltünk meg augusztushoz képest. A HPLC-s vizsgálatok eredményei szerint, a nehéz fémmel szennyezett területről származó nagy mennyiségben deformált virágporok Amb a1 tartalma nagyobb volt a kontrollhoz (nem deformált virágporsemekhez képest).

Annak ellenére, hogy Magyarországon a parlagfű elleni védekezés évről-évre fokozódik, az emberek tudatosan is odafigyeljenek a parlagfű mentesítésre meglepő volt az, az eredményünk, hogy 2018-ban tovább növekedett az Ambrosia pollenkoncentráció. Feltételezhető, hogy Ukrajna felől olyan légáramlatok érkeznek Nyíregyháza térségébe, amely a parlagfű pollenkoncentrációt tovább növeli.

KONRÁD KRISZTINA DÓRA

Biológus MSc

Állatorvostudományi Egyetem

*Témavezetők:**Dr. Somodi Imelda**tudományos munkatárs, MTA ÖK, Ökológiai és Botanikai Intézet,**ÖBI Durva-léptékű vegetációökológiai kutatócsoport**Dr. Bede-Fazekas Ákos**tudományos munkatárs, MTA ÖK, Ökológiai és Botanikai Intézet,**ÖBI Durva-léptékű vegetációökológiai kutatócsoport**Dr. Kis János**tudományos munkatárs, ATE*

A potenciális vegetáció belső hasonlóságviszonyainak elemzése a Bükk hegység példáján

Elméleti és gyakorlati megfontolásból egyaránt fontosak a vegetáció szempontjából egységes régiókat megtestesítő vegetációbeosztások. Ezek hagyományosan figyelembe veszik a meglévő természetes növényzeti foltok elhelyezkedése mellett azt is, hogy a jelenleg növényzettől mentes vagy átalakított helyek milyen vegetációt hordozhatnak, azaz a potenciális természetes vegetációt (potential natural vegetation, PNV) is.

A hagyományos vegetációbeosztások szakértői becsléseken, tehát a felgyűlt személyes tapasztalatokon alapultak. Jelen dolgozatban azt tűztük ki célul, hogy – támaszkodva Somodi és mtsai (2017) többretegű PNV (MPNV) modelljeire – formalizált, statisztikai összefüggéseken alapuló beosztást készítsünk a kijelölt mintaterületre, és ezt térképsorozaton ábrázoljuk. Emellett célunk volt a beosztás értékelése meglévő információk alapján.

A vizsgálat során a Bükk hegység területét jelöltük ki mintaterületnek, mivel ennek természetes vegetációja viszonylag jól megmaradt, így az elkészülő beosztás érvényessége jól ellenőrizhető. Mivel a munkánk alapjául szolgáló MPNV-becslés Magyarország Élőhelyeinek Térképi Adatbázisán (MÉTA) alapul, mi is a MÉTA-ban alkalmazott hatszögeket használtuk térbeli egységeknek. A Kendall-féle páronkénti korreláció alapján képzett távolságindexet alapul véve csoportátlag (UPGMA) hierarchikus klaszterezési módszert, ill. főkoordináta-elemzést (PCoA) használtunk. A klaszterezés eredményét több helyen elvágva különböző csoportbontásokat vizsgáltunk, ill. a főkoordináta-elemzés eredményét ezen csoportosítások figyelembevételével ábráztuk, elemeztük.

A klaszterezés eredményeit vizsgálva a 11, ill. 15 csoportot tartalmazó változatokat tartottuk a legjellemzőbbnek. A dendrogramon a Bükk belső tömbjére jellemző homogén vegetációs komplex fűződött le, mely területegységekben üde erdők, ill. sziklagyepek fordulhatnak elő. Az ordináció jól leképezi a Bükk tájtípusait: szeparálódnak az üde, zárt erdők, a szárazabb hegylábi tájak, ill. a vizes vegetációtípusok dominálta területek. A csoportok térképi megjelenítését a Zólyomi-féle beosztással (1989) összevetve a vegetációról hasonló, ugyanakkor komplexebb képet kaptunk.

Az MPNV becslés alapján rugalmasan és irodalmainkkal összevetve reálisan jelölhetők ki vegetációs zónák. A magas természetességű Bükk hegységben tapasztaltak alapján a módszer kiemelten hasznos lehet a jelenleg természetes vegetációval gyéren borított tájak (pl. Alföld) vegetációbeosztásának pontosítására is.

HÁBENCZYUS ALIDA ANNA

Biológus MSc

Szegei Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Tölgyesi Csaba
adjunktus, SZTE TTIK*

Földalatti sivatagok: fás szárú növények hatása a homoktalajok mélyebb rétegeire

Jól ismert, hogy a fás szárú növények lombkoronájuk árnyékoló hatása révén többnyire mérsékelik a mikrokörnyezeti tényezők szélső értékeit a fátlan élőhelyekhez képest. A mélyebb talajrétegekre gyakorolt hatásokról azonban keveset tudunk. Jelen kutatásban arra kerestük a választ, hogy a gyepek közösségeihez képest hogyan befolyásolják a fás szárúak az alsóbb talajrétegek nedvességének éves dinamikáját, illetve tapasztalható-e eltérés a különböző funkcionális csoportokba sorolható fák között. A vizsgálat során szomszédos nyárasok, akácok, fenyvesek és homoki gyepek talajának 120 cm mély szelvényének nedvességét monitoroztuk nyolc térbeli ismétléssel egy éven keresztül. A talajfelszín feletti légréteg mikroklimatikus értékeit is rögzítettük. Eredményeink szerint a lombkorona egész évben mérsékeli a mikroklimatikus szélsőségeket és többnyire nyirkosabban tartja a talaj legfelső, 20 cm-es rétegét a gyepekhez képest. A mélyebb talajrétegekben a gyepeken 5 v/v% körüli nedvességértékeket tapasztaltunk egész évben, míg a fás közösségek alatt tavasztól ősziig jóval szárazabb volt. A fenyő esetén márciustól decemberig állt fenn a különbség a gyepekhez képest; a nyári hónapok folyamán többször 1 v/v% alatti értékeket mértünk. A nyárasok alsóbb talajrétegeiben áprilistól, az akácok alatt májustól tapasztaltuk a nedvességdeficitet. A visszatöltődés október-december között zajlott le. Eredményeink rámutatnak, hogy a fák mikrokörnyezeti mérséklő hatásának ára a mélyebb talajrétegek vízkészletének teljes depletálódása. Ennek háttérmechanizmusaként a gyökerek felszívását és a hulló csapadék lomb általi felfogását, azaz a visszapótlódás gátlását említhetjük. E hatások éves léptékben örökzöld fák esetén érvényesülhetnek a leghosszabb ideig, így a fenyő szárító hatása a legkifejezettebb. A másik két fafaj lombhullató, a visszatöltődést kevésbé gátolják a vegetációs időszakon kívül. Az akác szárító hatása enyhébb a nyárhoz viszonyítva, mivel egy hónappal később fakad és kisebb levélmérettel rendelkezik. Eredményeink felhívják a figyelmet egy eddig kevésbé ismert jelenségre, a homoktalajok mélyebb rétegeiben uralkodó extrém száraz viszonyokra, melynek komoly szerepe lehet a regionális vízháztartásbeli problémákban és egyes erdőalkotó fafajok megfelelő újulatának gátlásában.

HORVÁTH CSENGE VERONIKA

Biológus MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Ódor Péter**tudományos tanácsadó, osztályvezető, MTA ÖK, Ökológiai és Botanikai Intézet***Különböző erdészeti fahasználatok aljnövényzetre gyakorolt hatása a beavatkozások utáni negyedik évben**

Felismerve az erdők megújulási képességét és diverzitását fenntartani képes erdőgazdálkodás szükségességét, az elmúlt évtizedekben fontossá vált a vágásos és az örökerdő üzemmódhoz tartozó fahasználatok erdei életközösségre gyakorolt hatásainak összehasonlítása.

A Pilis Üzemmód Kísérletben négyféle kezelés (tarvágás, hagyásfacsoport, bontóvágás és lékvágás) hatásának vizsgálata folyik egy gyertyános-kocsánytalan tölgyes erdőállományban 2014 óta. A fahasználatok után két évvel, 2016-ban végzett vizsgálat módszereire és eredményeire alapozva 2018-ban húsz mintaterületen mértem fel az aljnövényzetet alkotó fásszárú és lágyszárú fajok borítását. Ezután a kezeléseket összevettem mindkét vizsgált év esetében a fajszám, a borítás, valamint négy különböző növényi életformatípus borítása alapján.

Kimutattam, hogy a kezelések hatására a fahasználatokat követő negyedik évre az aljnövényzet borítása és fajszáma a tarvágásokban és lékekben nagy, a bontásokban közepes, a hagyásfacsoportokban kis mértékben megnövekedett. A fásszárúak borítása a bontásokban és lékekben, az egyéveseké a tarvágásokban és a lékekben nőtt a leginkább, 2016 és 2018 között azonban jelentősen visszaesett minden kezelésben. A kezelésekre jellemző fajkészlet is változott, különösen a tarvágások esetében, ahol egyes erdei fajok mellett tömegessé váltak nem erdei lágyszárúak is.

A bontásokban és hagyásfacsoportokban a fajszám és a borítás kismértékű megnövekedése azt mutatja, hogy a vágásos üzemmód ezen kezelésesei képesek a véghasználat drasztikus termőhelyátalakító hatását kompenzálni, ennek mértéke azonban térben és időben korlátozott. A lékekben bár a fajszám és a borítás is megnőtt, a borítás növekedése a negyedik évre csak a fásszárúak esetében maradt fenn. Emellett a termőhely viszonylagos állandósága és heterogenitása inkább az erdei és erdőszegélyi fajoknak kedvezett.

Összességében tehát a vizsgált fahasználatok közül az örökerdő üzemmódra jellemző lékvágás és a csak részleges faanyagtermeléssel járó bontóvágás esetében tapasztaltuk az erdei aljnövényzet szempontjából legkedvezőbb változásokat. Ezek alapján megállapítható, hogy a folyamatos erdőborítást fenntartó erdőgazdálkodás képes az erdők gazdasági és biodiverzitás védelmi rendeltetését egyszerre biztosítani.

OLASZ ÁKOS

Középiskolai diák

Mezőtúri Református Kollégium, Gimnázium,
Szakgimnázium, Általános Iskola és Óvoda*Témavezető:**Dr. Novák Tibor József
adjunktus, DE TTK*

Kunhalmok a mesterszállási határban

„Ti vagytok a mi katedrálisaink!”

/Illyés Gyula/

Roppantmód szerencsésnek érezhetem magam, ugyanis olyan természeti értékekben bővelkedő térséget, mint lakhelyem – az Alföld, s azon belül a Nagykunság – el sem tudok képzelni. Még boldogabb vagyok, hogy ezen értékeket most másoknak is bemutathatom, s felhívhatom a figyelmet a kunhalmok fontosságára.

Dolgozatomban a környékbeli kunhalmok flóráját vettem górcső alá. Arra szeretnék rámutatni, hogy milyen növény fajok települnek vissza a már művelés alól kivont kunhalmokra. Kutatásom során minden növényfajról képet és dokumentációt készítek, továbbá herbáriumba példányokat gyűjtök be (a begyűjtés alól felmentést élveznek a védett növények).

Munkámban öt kurgán flóráját (-és egyes esetekben, részben faunáját is) szeretném bemutatni. Az öt kunhalom a következő: a Büdös-halom, a Hangáts-halom, a Rókalyukas-halom (egyes térképeken: Hékö-halom) továbbá a Hegyes-halom, illetve a Laczkó-halom. Mindig is ámulattal töltöttek el a kunhalmok, s most tisztelem tárgyainak szeretnék adózni azzal, hogy dolgozatom révén segítek megismerni, megismertetni a kunhalmok ökológiai fontosságát.

A téma kapcsán felkeresek sok neves szakembert, mint Dr. Tóth Albert tájökológust, vagy Novák Tibor József neves talajkutatót, és a növények jó ismerőjét. Továbbá felkeresem és feldolgozom a rendelkezésemre álló szakirodalmat. És aminek még nagyobb hangsúlyt szentelek, az a terepi munka! Én szentül hiszem, hogy a legtöbbet csak úgy tudhatjuk meg valamiről, ha mi is részeseivé válunk kutatásunk tárgyának, melynek – szerintem – legegyszerűbb módja: lányomunk otthagya. Dolgozatomban bemutatom eredményeimet, melyet szívesen osztok meg Önökkel.

TÓTH BENCE

Biológia (egészségtan) - kémia tanár osztatlan
képzés
Eötvös Loránd Tudományegyetem
Természettudományi Kar

*Témavezető:
Kovács Bence
tudományos segédmunkatárs, MTA ÖK, Ökológiai és Botanikai Intézet*

Nagytestű növényevő fajok és erdészeti fahasználatok együttes hatásának vizsgálata egy pilisi gyertyános-tölgyesben

A patás nagyvadfajok állományának növekedése jelentős hatást gyakorol a hazai erdők természetes felújulására. Vizsgálatom célja az volt, hogy a vadhatást a különböző erdészeti fahasználatokkal (tarvágás, egyenletes bontás, hagványfacsoport, lék) együttesen, az újulati egyedek növekedésének nyomon követésével elemezzem. A kísérletet állandósított újulati egyedpárokon végeztem, amelyek egyik tagját vadkizáró kerítéssel elzártuk. 2014-től évente rögzítettem az egyedek növekedési tulajdonságait (hajtáshossz, tőátmérő, hajtásszám, levélszám, levélfelület) és rágottságát. Az elemzésekhez az újulatban előforduló leggyakoribb fajokat (kocsánytalan tölgy, gyertyán, virágos kőris) vettem figyelembe, illetve a cserjealkatú fajokat összevontan kezeltem.

A vizsgálat során kimutattam, hogy a rágottsággal összefüggő változók gyakorisága az idő előrehaladtával ellenkező irányba változott a vadkizárás hatására: például a kerítésen belül nőtt az ép vezérhajtások száma; azon kívül csökkent. Az egyedek növekedésére jobban hatott a kezelés, mint a vadkizárás – a lékben és tarvágásban volt a legintenzívebb növekedés. A virágos kőrisen kívül minden faj hajtáshossz-növekedése szignifikánsan nagyobb volt az elkerített részben. A cserjefajok növekedése a hajtásszám kivételével minden változóra szignifikánsan nagyobbak bizonyult a kerítésen belül. Ez alapján a cserjék védő hatása az erdészeti célfajokra nézve is jelentős lehet, ami indokolhatja a jól fejlett cserjeszint fenntartását a gazdasági erdőekben.

Az erdészeti kezelések kialakítását és a vadkizáró kerítés telepítését kutatócsoportunk a Pilisi Parkerdő Zrt. közreműködésével végezte. Az újulati egyedek kijelölését, azok ismételt felmérését, valamint az adatok elemzését önállóan hajtottam végre, a bemutatott eredmények a saját eredményeim.

URGYÁN RENÁTA

Biomérnök BSc

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezetők:**Dr. Lovas-Kiss Ádám**tudományos segédmunkatárs, MTA ÖK, Duna-kutató Intézet, Tisza-kutató osztály**Dr. Molnár V. Attila**egyetemi tanár, DE TTK***Szezonális hatása a Tőkés récék propagulum terjesztésére**

Az endozoochór magterjesztéssel foglalkozó tanulmányok többsége a frugivór (gyümölcssevő) fajokra fókuszál, emellett a vízimadarak szerepét jóval kevesebb tanulmányban vizsgálják. Az utóbb említett csoport fontos terjesztő vektora lehet a növényeknek és vízi gerinctelen élőlényeknek. Ennek ellenére eddig nagyon kevés terepi vizsgálat foglalkozott ezekkel a madarakkal. Kutatásom során tőkés récéktől (*Anas platyrhynchos*) származó ürülék mintákat gyűjtöttem (n = 670) a Velencei-tó parvidékén, havonta egyszer 2017. szeptemberétől 2018. augusztusáig. A minták feldolgozása során a sértetlen propagulumokat kiválogattam és standard körülmények között, csíráztatással teszteltem az életképességüket. Összesen 5760 ép magot találtam, amely harminchárom (tizenkettő makrofiton, huszonegy szárazföldi életmódú) növényfajhoz tartozott. A propagulumok többsége a tenger melléki kákához (*Schoenoplectus littoralis*) tartozott (5760 propagulumból 4696 darab). A diasporák közel 40%-a csírázott ki, amelyek tizenhat fajhoz tartoztak. Mindössze egy növényfaj, a keskenylevelű ezüstfa (*Elaeagnus angustifolia*) magja mutatott endozoochór morfológiai adaptációt (húsos szövetek). A vizsgálatom során kimutattam négy olyan fajt, amelyeket korábban nem találtak tőkés récék emésztőrendszerében, illetve hat taxont, amelyeket eddig nem jellemeztek vízimadarak általi magterjesztéssel. Négy idegenhonos növényfajt találtam a mintáimban: keskenylevelű ezüstfát (*E. angustifolia*), szőrös disznóparéjt (*Amaranthus retroflexus*), labodás disznóparéjt (*Amaranthus blitoides*), valamint a kanadai betyárkórót (*Conyza canadensis*). Tanulmányom során kimutattam a terjesztett növényfajok időbeli variabilitását egy vándorló vízimadár esetében, valamint részben cáfoltam a CLAUSEN ET AL. (2002) által megfogalmazott limitációs jelenségeket.

ALBERTO ZURDO

Biológia BSc

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Csiky János*
*docens, PTE TTK**Deme Judit**PhD hallgató, PTE TTK*

The Moai of *Bryophytes*, what influences the capsule orientation of *Buxbaumia* species?

Bilateral symmetry of capsules among *Bryophytes* is quite common and their development is usually regulated by gravitation (gravitropism), but the sporophytes usually do not have a special orientation. According to the literature and our field experiences, *Buxbaumia* and *Diphyscium* are exceptional genera, because their bilateral capsules uniformly point in the same direction within a stand. Some literature mention the phototropism as a reason for this development, but the explanation of this statement is contradictory or absent.

Instead of that, we found that dorsal faces of the capsules are regularly orienting in front of the slope. Since the ancient sculptures along the coasts of Easter Island are all mysteriously facing inland, the same direction as the capsules would be oriented in the case of a cone-shaped island, we call this phenomenon the 'Moai-theory'.

To confirm our speculation, we examined the Hungarian species of these genera (*Buxbaumia aphylla*, *B. viridis*, *Diphyscium foliosum*) in 10 landscapes in Hungary and measured the capsule direction, the slope aspect and the light intensity at the four cardinal points of the stands and at the dorsal side of the sporophytes. For testing our hypotheses PAST software and different directional analyses were used.

The results verify our hypothesis: in the case of all species and all slope aspects, the dorsal side of the capsules are regularly facing in front of the fine-scale relief within a stand. The light analysis revealed, that capsules usually do not turn into the direction of strongest insolation, so the phenomenon cannot be explained by phototropism, but fits very well to the 'Moai-theory'.

'Moai-theory' supposes negative geotropism working in the background, but it is an open question, why these species develop such slope regulated capsules, why is it profitable for the plant, or how could it improve the fitness of the individual. We cannot answer these questions yet, but can enter into evolutionary-ecological speculations. Since *Buxbaumia* and *Diphyscium* species prefer acidic habitats, which regularly occur in the convex, upper region of the slopes, perhaps the uphill oriented capsules have more chance to release/disperse their spores to the preferred habitats.

KELEMEN ANDREA

Biológia MSc

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:
Dr. Wiener Zoltán
docens, SE AOK*

A Sox9 pozitív sejtpopuláció genetikai jelölése vastagbél tumorban

A vastag- és végbélrák (CRC) a harmadik helyet foglalja el a rákos megbetegedések listáján. A CRC sejtek heterogén populációt alkotnak; például az őssejtek tehetősek elsősorban felelőssé a tumorok áttétképzési hajlamáért. Bár a CRC kiemelt népegészségügyi probléma, a CRC sejtek funkcionális heterogenitásának jelentősége, valamint az egyes sejtpopulációk tulajdonságai még nem ismertek; eddig csak az LGR5+ és PROX1+ sejtekről állnak rendelkezésre információk. További, a progresszióban fontos sejtpopulációk jellemzése érdekében bioinformatikai elemzést végeztünk, mely alapján a SOX9-re koncentráltunk. A SOX9 szintjét már több tanulmányban is módosították, a SOX9+ és SOX9- humán CRC sejtek viselkedését azonban eddig még nem vizsgálták. Munkám során a legmodernebb technológiát képviselő CRISPR/Cas9 rendszert, egér intestinális, valamint CRC betegekből származó 3D organoid tenyészeteket is használtam, melyek megtartják az eredeti szövet sejt heterogenitását. Eredményeim alapján a SOX9 szintje megemelkedik a CRC tumorigenezis során mind egér, mind pedig humán modellekben. A SOX9- és a SOX9+ sejtpopulációk egymástól való elkülönítése érdekében első lépésként genetikai jelölést végeztem, a konstrukció működőképességét ellenőriztem, valamint beállítottam a humán CRC betegekből származó 3D organoid minták hatékony transzfekcióját. A vizsgálataim fő célja ezen sejtpopulációk tulajdonságainak összehasonlítása, különös tekintettel a sejtsztódás intenzitására és az őssejt fenotípusra.

BARSI SZILVIA

Orvosi biotechnológia MSc
Pázmány Péter Katolikus Egyetem
Információs Technológiai és Bionikai Kar

*Témavezető:
Székely Balázs
PhD hallgató, PPKE ITK*

A szöveti transzglutamináz szerepe dermális őssejtekben

A szöveti transzglutamináz (tTG), vagy más néven transzglutamináz-2 (TG2) a transzglutamináz enzimes család tagja, fehérjék keresztkötését (transzamidációját), amidációját és deamidációját katalizálja. A TG2 ubikviter fehérje, többféle szövet sejtjeiben expresszálódik. Ca^{2+} -függő enzimaktivitása mellett a TG2 G-fehérjeként és állványfehérjeként is részt a sejtadhézió, sejt migráció, differenciáció és az apoptózis, valamint az extracelluláris mátrix szerkezetének szabályozásában.

A TG2 fontos szerepet játszik az egyedfejlődésben és a szöveti regenerációban. Sejtvonalakban és állatmodellekben a TG2 funkcióit foként a csontképződés, adipogenezis, sebgyógyulás folyamataiban, valamint a gyulladásos folyamatok kialakulásában jellemezték, jelentőségét a tumor-progresszió különböző folyamataiban - például gyógyszerrezisztencia, invázió, epiteliális mezenhimális tranzíció (EMT), angiogenezis, proliferáció – is bizonyították. Annak ellenére, hogy a TG2 fontosságát a szöveti regenerációban és a tumoros sejtek képződésében számos kutatás alátámasztja, az enzim őssejtekben való kifejeződéséről és őssejtekben betöltött szerepéről még kevés ismeretünk van.

Dolgozatomban a TG2 fibroblaszt populációkban való expresszióját és a fibroblaszt sejtek differenciációjában játszott szerepét jellemzem. Kötőszövetből izolált fibroblasztokban olyan TG2 pozitív szubpopulációkat azonosítottam, amik a dermális őssejtek markereit expresszálják. *In vitro* differenciációs kísérletekben kimutattam a TG2 expressziójának változását a differenciálódó sejtekben, a TG2 farmakológiai gátlásával az enzim differenciációban játszott szerepét megvizsgáltam. A bőr folyamatosan regenerálódó szerv, kötőszövetében pedig számos őssejt populáció van, ezért a TG2 őssejtekben betöltött funkcióinak tisztázása fontos lépés az őssejtek szöveti homeosztázisban játszott szerepének megértéséhez.

ADAMECZ DÓRA IZABELLA

Biológia MSc
Szegei Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

VERES ÉVA

Biológia MSc
Szegei Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:

Dr. Gácsor Attila
egyetemi tanár, SZTE TTIK
Dr. Kiricsi Mónika
adjunktus, SZTE TTIK

***Candida albicans* és szájiüregi tumorsejtek interakciója az extracelluláris vezikulák szintjén**

Egy korábbi tanulmányunk szerint szájiüregi laphámsejtes karcinóma (OSCC) esetén a nyálkahártya mikroflórája megváltozik, jelentősen megnő a kolonizáló élesztőgombák (*Candida sp.*) mennyisége és diverzitása az egészséges kontrollhoz képest (Berkovits és mtsai).

A gombák és a tumorsejtek közötti szoros kapcsolatot megvalósulhat közvetetten is, az általuk szekretált vezikulákon/exoszómákon keresztül, így munkánk során célul tűztük ki ennek tanulmányozását, hiszen ezek még részleteiben nem ismert folyamatok.

Kísérleteink során vizsgáltuk mind a hővel inaktivált *Candida albicans* (SC5314), mind a gomba által szekretált extracelluláris vezikulák HSC-2 és HO-1-N-1 humán OSCC sejtekre gyakorolt hatását. Ehhez, a gombatorzs tenyészetéből izolált extracelluláris vezikulákat (EV) karakterizáltuk, majd a tumoros sejtek viabilitására kifejtett hatásukat MTT esszével határoztuk meg. Megvizsgáltuk az EV-k tumorsejtekre kifejtett citotoxikus hatását is. Ezt követően a tumorexoszómák gombákra kifejtett hatását tanulmányoztuk, amelynek során a *Candida albicans* túlélését vizsgáltuk exoszóma kezelést követően kolónia képző egység (CFU) meghatározásával, valamint fluoreszcens mikroszkópos felvételeket készítettünk, hogy megvizsgáljuk az interakciós partnerek kölcsönhatását.

Sikeresen izoláltunk 50-100 nm mérettartományba eső extracelluláris vezikulákat *C. albicans*-ból. A gomba eredetű EV-k jelenléte szignifikánsan csökkentette a HSC-2 és a HO-1-N-1 sejtek viabilitását, ezzel ellentétben, a hővel előlt gombasejtek szignifikánsan megnövelték a tumorsejtek életképességét. Citotoxicitás vizsgálatok kimutatták, hogy a vezikula kezelés hatására nem apoptotizálnak és nem is nekrotizálnak az OSCC sejtek. A tumorsejtek által termelt exoszómák gombákkal történő koinkubációja során jelentősen csökkent a *C. albicans* kolónia formáló képessége a kezeletlen mintákhoz viszonyítva. A fluoreszcens mikroszkópos felvételek azt mutatták, hogy a tumorexoszómák a gombasejtek közelébe orientálódtak. A fordított kísérleti elrendezésben is azt tapasztaltuk, hogy a *C. albicans* által kibocsátott EV-k és az OSCC sejtek kolokalizálódtak.

Eredményeink alapján megállapítottuk, hogy a gomba-, illetve a tumorsejt-eredetű extracelluláris vezikulák/exoszómák egyaránt hatást gyakorolnak az adott interakciós partner sejtbiológiai folyamataira.

BUKVA MÁTYÁS

Biológia MSc

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Buzás Krisztina

tudományos dékáni tanácsadó, SZTE FOK

Humán glioblastoma multiforme protein biomarkerek azonosítása szérumból

Munkánk célja olyan glioblastoma multiforme (GBM) biomarkerek azonosítása szérumból, melyek hozzájárulhatnak a GBM biomarkereken alapuló diagnózishoz, az invazivitás megállapításához, a kezelésre történő válaszreakció nyomon követéséhez, ezáltal pedig a jobb prognózis eléréséhez.

Ezen dolgozatban 6 GBM szérumminta, 5 kontroll szérumminta, és a belőlük izolált kis extracelluláris vezikulák (sEV) összehasonlító vizsgálatainak eredményei kerültek összefoglalásra. Elsőként a GBM szövetminták és a szérumminták folyadékromatográfia-tömegspektrometria (LC-MS) analízisével létrehoztunk egy peptidkönyvtárat. Majd összehasonlítottuk a depletálatlan és depletált GBM és kontroll szérumminták peptidjeinek intenzitását, és ezáltal a fehérjetartalmát. 49 fehérje esetében találtunk szignifikáns különbséget a GBM és a kontrollcsoport között.

Az LC-MS során a szérumminta-csoportok között különbséget mutató fehérjék közül elsőként a mátrix metalloproteináz 9 (MMP-9) WB vizsgálatát tűztük ki célul. Depletált szérumminták Western blot (WB) képeinek denzitometrlásakor az MMP-9 különbségének szignifikanciája igazolódott (3,46-szor magasabb a GBM szérummintákban, $p=0,0467$).

Total exosome isolation reagent (TEIR) kittel és ultracentrifugálási (UCF) módszerrel sEV-kat izoláltunk. LC-MS analízisnek egyelőre a TEIR sEV mintákat vettük alá. A TEIR sEV izolátumokban az LC-MS analízisek szerint az MMP-9 nem volt detektálható, viszont WB vizsgálatokkal sikerült igazolnunk a jelenlétét.

További kutatásunk célja az, hogy a klinikailag releváns esetszám elérésével, az új betegcsoportoktól származó szérumminták, valamint a szérumból izolált sEV-k bevonásával – az MMP-9 mellé - olyan lehetséges GBM biomarkereket azonosítsunk, melyek tagjai lehetnek egy GBM diagnózisára, inváziós képességének meghatározására és a prognózis becslésére alkalmas specifikus markerpanelnek.

SOÓS ANDRÁS ÁRON

Biológus MSc

Állatorvostudományi Egyetem

Témavezetők:

Dr. Wiener Zoltán

docens, SE ÁOK

Dr. Zeöld Anikó

tudományos munkatárs, SE ÁOK

Dr. Szabó Krisztián

tudományos segédmunkatárs, ATE

Humán hasnyálmirigy-tumor eredetű organoidok és sejt-kultúrák jellemzése

A hasnyálmirigy egyik leggyakoribb daganatos betegsége, a pancreas ductális adenocarcinoma (PDAC) a tumoros elváltozásokból adódó halálozások közül a vezető halálokok közé tartozik. A PDAC tumorigenezis hátterében leggyakrabban a KRAS és a TP53 gén mutációját mutatták ki, de nagy szerepet játszik a betegség rossz prognózisában, ha a kialakuló mutációk mellé gyulladás is társul. A PDAC esetében a tumorstroma és a tumorsejtek között zajló kölcsönhatások, melyeket különféle citokinek és növekedési faktorok parakrin módon közvetítenek, befolyásolják a betegség agresszív mivoltát. A stroma legjelentősebb sejtösszetevői a fibroblasztok, melyek több populációt alkotnak: myofibroblaszt (α SMA expresszáló) vagy gyulladáshoz (citokin szekréció) fenotípust mutathatnak. A tumor mikro környezetben zajló sejt-közi kommunikáció egyik formája az extracelluláris vezikulák (EV) kibocsátása és felvétele; az EV-k biológiailag fontos molekulákat védett, membránnal körülvett módon tudnak szállítani.

Célom volt PDAC eredetű organoidok és stroma sejt-kultúrák 1.) megfelelő markerekkel történő jellemzése; 2.) citokin/növekedési faktor és receptoraik expressziójának, valamint 3.) EV kibocsátásának mérése, továbbá 4.) a stroma sejt-kultúrák aktiváltságának leírása, végül pedig 5.) az organoidok és stromasejtek KRAS onkogén és TP53 tumorszupresszor gén hotspot mutációinak meghatározása.

Dolgozatom során a szakirodalomban elfogadott markerekkel jellemeztem az organoid, illetve stroma sejt-kultúrákat. További RT-qPCR-es vizsgálataim kimutatták számos citokin/növekedési faktor és receptoraik eltérő mértékű expresszióját a stromasejtekben és organoidokban. Kimutattam, hogy a PDAC eredetű kultúrák jellemzően a CD63 exoszóma markerre pozitív EV-eket bocsátanak ki. Érdekes módon a stromasejtek EV kibocsátása magasabb az organoidokénál. Mindemellett a stromasejtek jellemzése során megfigyeltem, hogy hosszabb tenyésztés során megváltozik az aktivált fibroblasztokra jellemző markerek expressziója és az EV kibocsátás mennyisége.

Ezen eredmények jól mutatják, hogy az organoid technológiával készült PDAC eredetű tenyészetek, valamint a stromasejtek EV-eket bocsátanak ki, melyek a sejt-kultúrák felülszójából speciális gyönggyel és áramlási citometriával gyorsan kimutathatók. Továbbá eredményeim rávilágítanak a tumor-stromasejt közötti kommunikáció jelentőségére a PDAC tumor mikro környezetben és arra utalnak, hogy az EV-k e kommunikáció aktív résztvevői.

SZABÓ NIKOLETT

Biológia BSc

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:
Dr. Kajtár Béla
adjunktus, PTE AOK*

Konvencionális citogenetikai eltérések vizsgálata CLL esetén

A krónikus limfocitás leukémia (CLL) a leggyakoribb felnőttkori leukémia Európában. A CLL érett B-sejtes malignitás, melynek klinikai viselkedése heterogén, a prognózist számos tényező befolyásolja, mint a páciens neme, életkora, kísérőbetegségei, laboratóriumi és klinikai paraméterei, valamint számos genetikai tényező. Az utóbbiak között az immunglobulin nehézlánc (IGH) variábilis régiójának gén mutációs státusza, illetve citogenetikai eltérések, például del(11q), del(17p), del(13q), vagy 12 triszómia említhetők. Ezek az eltérések konvencionális kariotipizálás (G-sávozással) és fluoreszcens in situ hibridizáció (FISH) segítségével vizsgálhatók a mindennapi diagnosztikában.

A CLL kapcsán végzett citogenetikai vizsgálatok a klonális eltérésekre fókuszálnak, mivel a nem klonális abnormalitások biológiai és klinikai jelentősége nem egyértelmű. A kutatási munka célja volt meghatározni a nem klonális genetikai eltérések gyakoriságát CLL-ben és vizsgálni összefüggését egyéb genetikai paraméterekkel.

A vizsgálat során 440 CLL-es minta kariotipizálásának részletes, retrospektív analízisét végeztem el, melyben az összes kromoszóma eltérés felismerésre és feljegyzésére került sor függetlenül azok klonális vagy nem klonális jellegétől. A leggyakoribb visszatérő citogenetikai eltérések irányában FISH vizsgálatokra, az IGH mutációs státuszának meghatározása céljából Sanger-szekvenálásra került sor; ezek adatainak áttekintése is megtörtént.

A 387 informatív kariotipizálás 55%-ában fordult elő nem klonális citogenetikai eltérés. Ezek 36%-a strukturális eltérésnek, 29%-a kromoszóma nyereségnek, 35%-a veszteségnek felelt meg. A nem mutált IGH gént mutató esetekben szignifikánsan gyakoribb volt a strukturális nem klonális eltérés ($p = 0,035$), kedvezőtlen citogenetikai eltérés mellett pedig gyakrabban volt látható nem klonális kromoszómanyereség ($p = 0,047$).

A nem klonális kromoszóma eltérések nem tekinthetők csak háttérzajnak, biológiai jelentőséget feltételezzük mögötte, azaz nem csak a véletlen művei és összefüggést mutathatnak a betegség körlefoylásával. A CLL-ben előforduló nem klonális citogenetikai eltérések pontos természetének megismerése a genetikai diagnosztika során jelentős segítséget nyújthat a legmodernebb, leghatékonyabb terápia megválasztásához.

KOMPORDAY LINDA

Biomérnök BSc

Szent István Egyetem

Élelmiszertudományi Kar

Témavezetők:

Dr. Nagy Edina Szandra

egyetemi tanársegéd, SZIE ÉTK

Dr. Várkonyi Edit

laborvezető, Oncompass Medicine Hungary Kft.

**Sanger szekvenálás alapú molekuláris diagnosztikai módszer fejlesztése archivált
tumorszöveti mintákon**

A daganatok kialakulásában és progressziójában szerepet játszó molekuláris szintű elváltozások a molekuláris diagnosztikai eljárások segítségével azonosíthatók, megalkotva ezzel a betegek molekuláris profilját. A molekuláris profil segít eldönteni azt, hogy a betegek számára melyik lenne a leghatékonyabb és a legkevesebb mellékhatással járó terápia, ezáltal csökkenteni lehet a hatástalan kezelések számát. A korai diagnózis mellett a megfelelő kezelési stratégia időben történő kiválasztása fontos tényező a betegek túlélése szempontjából.

A molekuláris diagnosztikai eljárások közül, a Sanger-féle szekvenálás a tumorszövetekből izolált DNS bázissorrendjének nagy pontosságú meghatározására alkalmas gold-standard módszer. A molekuláris diagnosztikai laborok többnyire archivált szöveti mintákkal dolgoznak, ezek sok esetben kis méretű tumorszöveteket tartalmaznak. A Sanger-féle szekvenálás számára - a módszer érzékenysége miatt – nagy kihívás az alacsony tumorarányú ($\leq 40\%$), illetve alacsony variancia frekvenciával ($\leq 10\%$) rendelkező mintákból a tumorszövetekre jellemző elváltozást detektálni.

Munkám során e módszer továbbfejlesztése volt a cél. A Thermo Fisher Scientific által publikált szekvenálási protokoll optimalizálása révén a diagnosztikai laborok számára is alkalmazható új, gyorsabb, szenzitívebb és kevesebb laboratóriumi lépéssel kivitelezhető szekvenálási módszer beállítását végeztem el.

A vizsgálataim során összehasonlítottam az általam optimalizált, érzékenyebb módszer (új) és laboratóriumban rutin eljárásként alkalmazott hagyományos módszert (régí) a teljes munkafolyamat időigénye, illetve a munkafolyamat során adódó potenciális kontaminációs események szempontjából. A szekvenálási eredmények kiértékelési protokolljába a Minor Variant Finder szekvencia elemző szoftver integrálását is megcéloltuk.

Az új protokollal lényegesen rövidebb időt - 2 nap helyett 1 napot - vett igénybe a vizsgálat elvégzése, ami a molekuláris profil gyors felállítása és a korai terápiás döntéshez való jutás tekintetében nagy jelentőséggel bír.

Az új Sanger-alapú szekvenálási módszer szükségtelenné teheti a viszonylag drága és nagy munkaigényű új generációs szekvenálás alkalmazását azokban az esetekben, ahol a molekuláris diagnosztikai vizsgálat során csak egy-egy génre kell fókuszálni és a vizsgálandó minták tumoraránya alacsony.

GYENGE ERVIN

Biológia BA

Babeş-Bolyai Tudományegyetem

Témavezető:

Császár Éva

tudományos munkatárs, DE AOK

**Szájüregi laphámrákra és leukoplákiára jellemző nyálfehérje profil vizsgálata
tömegspektrometriás módszerekkel**

A szájüregi laphámrák egy világszerte nagy egészségügyi problémát okozó megbetegedés, amely a korszerű kezelési protokollok ellenére is alacsony 5 éves túlélési rátával rendelkezik. Emiatt fontos olyan nyál biomarkerek azonosítása, amelyek révén a diagnózis korábban megállapítható és a kezelés hatékonyabbá tehető.

Kutatásunk során egy potenciális rákmegelőző állapotra, a leukoplákiára (OLK), és a szájüregi laphámrákra (OSCC) jellemző nyálfehérje profil proteomikai vizsgálatára, valamint egy általunk összegyűjtött fehérjemarker adatbázison alapuló fehérje-fehérje interakciós hálózat létrehozására fektettük a hangsúlyt.

Proteomikai analízis segítségével daganatos és leukoplakiás betegektől és egészséges önkéntesektől gyűjtött nyálmintákban megvizsgáltuk és összehasonlítottuk a fehérje profilokat. Sikertült 12 olyan fehérjét azonosítani, amely csak egy adott csoportra volt jellemző. A továbbiakban célunk annak vizsgálata, hogy ezek a fehérjék mennyiben használhatók klinikumban alkalmazható biomarkerként.

ÖRDÖG NÓRA

Biológus MSc

Szegei Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Borsos Barbara Nikolett
tudományos munkatárs, SZTE TTIK**Majeros Hajnalka
tudományos munkatárs, SZTE TTIK***Világos sejtes vesetumороkban kialakuló epigenetikai változások összehasonlító elemzése immuohisztokémiai módszerrel**

Az Egészségügyi Világszervezet által közzétett adatok alapján a tumorokhoz köthető halálesetek száma a második leggyakoribb halálórási ok. Irodalmi adatok alapján megállapítható, hogy a korai tumor detekció, illetve a szűrővizsgálati módszerek fejlesztése csökkenthetné ezen magas halálórási rátát. A tumor azonosítását célzó molekuláris diagnosztikai eljárásoknak könnyen kivitelezhetőeknek, igen érzékenyeknek és az adott daganatra specifikusnak kell lenniük.

Az újonnan diagnosztizált daganatos megbetegedések 3-5%-a vesetumor, melyeknek 75%-át a világos sejtes vesedaganat teszi ki. Ennél a típusnál a páciensek ötéves túlélési aránya 50%.

A tumorsejtekben gyakran az epigenetikai módosításokat, vagyis hiszton posztttranszlációs módosításokat (PTM) végző enzimek az egészséges sejtekhez képest eltérően működnek, így ezek a PTM-ek alkalmasak lehetnek molekuláris tumordiagnosztikai tesztek végrehajtására. Mivel az epigenetikai módosítások számos celluláris sejtválasz folyamat túlműködését okozhatja (génexpresszió, sejtciklus, replikáció, valamint DNS hibajavítás) ezért dolgozatomban a vesetumороkban létrejött epigenetikai változások nyomon követését tűztem ki célul.

Annak érdekében, hogy a későbbiek során olyan tumordiagnosztikai biomarkereket azonosítsunk, melyek szintje változik a tumoros sejtekben, a hiszton PTM-ek vizsgálatára alkalmas immuohisztokémiai módszer optimalizálását végeztem vesetumoros szövetekből származó metszeteken. Ennek segítségével a H3K4me3, illetve a H3K9me3 szintjének változását vizsgáltam, mely információt ad a különböző szövetek kromatin szerkezetéről. Ezen hiszton PTM-ek mellett a minták γ H2AX, a kettős szálú DNS törések helyén korai stádiumban megjelenő marker, továbbá az RNS polimeráz II (RNSPII) szintjének változását követtem nyomon, amely a sejtek transzkripciósi aktivitását jelzi.

Eredményeink alapján a vizsgált mintákat az RNSPII szint változása szerint csoportosítottuk. Ahol a tumoros szövetben az RNSPII szintje emelkedett, de a γ H2AX és a H3K9me3 szintje ezzel ellentétben nem változott, nekrozis, valamint mellékvese áttét is előfordult. Azon esetekben, amikor az RNSPII szintje nem változott, több γ H2AX fókusz és kevesebb H3K4me3 jelet detektáltunk a tumoros szövetekben. Ugyanebbe a kategóriába sorolt, magas kockázattal járó tumoros minták esetén a H3K9me3 szintjének csökkenése volt megfigyelhető.

Ezen vizsgálataink alapján karakterizálhatjuk a vesetumороkat, ezzel elősegítve a páciensek személyre szabott, célzott kezelését.

Statisztikák

Elfogadott dolgozatok és végleges tagozatok

1. Állatélettan / Idegélettan	11
2. Állatökológia I	8
3. Állatökológia II	9
4. Állatökológia III	9
5. Biofizika és szerkezeti biológia	7
6. Bioinformatika	9
7. Biokémia	9
8. Etológia és viselkedésokológia	10
9. Hidrobiológia	10
10. Kísérletes botanika	8
11. Mikrobiológia I	9
12. Mikrobiológia II	9
13. Modellezés és rendszerbiológia	8
14. Molekuláris és sejtbiológia I	10
15. Molekuláris és sejtbiológia II	11
16. Neurobiológia	8
17. Neurofiziológia	12
18. Sejtbiológia	9
19. Terepi botanika	11
20. Tumorbiológia	9
ÖSSZESEN	186

Dolgozatok megoszlása a beküldő intézmények/karok között

Intézmény / kar	db	%	Intézmény / kar	db	%
ATE	22	11,8	MOGYE (RO)	2	1,1
BBTE (RO)	4	2,2	NYE	4	2,2
BME-TTK	2	1,1	PE-MK	3	1,6
BME-VBK	3	1,6	PPKE-ITK	19	10,2
DE-TTK	11	5,9	PTE-TTK	18	9,7
EKE-TTK	2	1,1	SJE (SK)	1	0,5
ELTE-TTK	50	26,9	SZE-GIVK	1	0,5
EMTE (RO)	3	1,6	SZIE-ÉTK	2	1,1
KDOSZ (középiskolások)	5	2,7	SZTE-TTIK	34	18,3

Névmutató

Előadók és társszerzők

Adamecz Dóra Izabella	210	Góra Valér	195
Alberto Zurdo	207	Göcz Balász Gergő	193
Antal Emőke	87	Göntér Kitti	34
Balázs Dóra Krisztina	123	Gyenge Ervin	215
Balog Luca Eszter	61	Gyöngy Martina	105
Balogh Diána Éva	43	Győri Fanni	175
Balogh Fanni	92	Hábenczyus Alida Anna	202
Bánhidi Anita	35	Halmos Emese	137
Barabási Beáta	171	Halmy Réka	128
Barcsai Lívía	176	Hamar Renáta	157
Barsi Szilvia	209	Harmat Máté	45
Barta Karola Anna	144	Holly Dóra	63
Bedics Anna	110	Horváth Csenge Veronika	203
Bene Szabolcs	85	Horváth Hanga Réka	102
Bílics Viktória	90	Hupp Bettina	118
Birtalan Eszter	36	Iván Katalin	99
Boóz Bernadett	106	Izrael Richard	159
Both-Fodor Márta	131	Jaloveczki Boglárka	95
Brandus Bianca	86	Jártó Félix	38
Bujtár Zsófia	143	Jász Anna	179
Bukor Boglárka	57	Jordán Lilla	65
Bukva Mátyás	211	Juhász Viktória	167
Burka Petra	51	Kacz Péter	64
Curley Géza	168	Kállai Dóra	160
Czakó Lenke	96	Kaló Orsolya	51
Cseh Péter	122	Kásler Andrea	56
Csikós Máté Lajos	137	Kékedi Levente	111
Dobó Éva	41	Kelemen Adrienn	114
Dudás Bálint	70	Kelemen Andrea	208
Dudás Kata	148	Kelemen Evelyn	134
Fazekas Csilla Lea	33,102	Kelemen Kinga	119
Fedor Noémi	113	Kenéz Lili Anna	155
Fekete Zsuzsanna	182	Keömley-Horváth Bence	142
Flink Lili Borbála	188	Kepler Tamara	166
Füzesi Dóra	140	Kern Bernadett	112
Gálik Nikoletta	126	Kis Szabolcs	199
Gárdos András Gergő	72	Klein Kristóf	177
Géczi Dóra Anikó	121	Klepe Adrián	149
Glavinics Judit	173	Kocsis Barnabás	183
Gór Ádám Kristóf	53	Koleszár Balázs	101
		Koleszár Gergő	113

Komporday Linda	214	Pejtsik Diána	32
Konrád Krisztina Dóra	201	Pillér Bborka	164
Korbai Szabina	192	Póda Csenge	107
Kovács Dániel	151	Porkoláb Gergő	152
Kovács Szabolcs Cselgő	145		
Kovács Tamás	154	Rác Hanna Viktória	135
Kovács Zoltán	153	Rózsa János	104
Kőszegi Hanna	93		
Kővári Petra	37	Sági-Kazár Máté	115
Krasznai Brigitta	200	Salamon Dóra	116
Kusz Petra	42	Salamon Pál	131
		Sánta Anna	69
Lanszki Zsófia	50	Sarkadi Fanni	55
Lévay Luca	189	Schwarz Dóra Anett	174
Liska Orsolya	83	Simon Márton	71
		Soós András Áron	212
Maczelka Hédi	185	Soós Anna	46
Magyar Lilla-Brigitta	76	Sóth Ármin	190
Majoros Myrtil	186	Surányi Kinga	48
Makó Rebeka Anna	127	Surján András	124
Markó Viktória	136		
Marosi Endre	180	Szabó Adrienn	184
Márton Adrienn Lilla	178	Szabó Ágota Réka	49
Marx Anita	75	Szabó András László	68
Mészáros Ádám	47	Szabó Gyula	62
Meszéna Réka	132	Szabó Mónika	39
Mittli Dániel	77	Szabó Nikolett	213
Molnár Eszter Sarolta	163	Szebik Huba	31
Molnár Gyula	169	Szeitz Beáta	82
Moussong Éva	80	Szigeti Brigitta	165
Móznér Orsolya	147	Szilasi Kinga	156
Müller Anna	91	Szócs Boróka	54
		Sztruhala Sára	94
Nagy Anikó	150	Szűcs Boldizsár	59
Nagy Borbála	166	Szűcs Csilla	138
Nagy Krisztina	40	Szűcs Kata Dorina	129
Nagy Zsuzsánna	58, 89	Szünstein Máté	42
Nagyfenyvesi Zoltán	44		
Nagy-Pál Petra	170	Takács Bertalan Vilmos	162
Noszály Bettina Blanka	74	Takács Kristóf	46
		Takács Szilárd László	120
Nyerki Emil	146	Takács Szonja Izabella	130
		Tarcsay Gergely	181
Oláh Dóra	117	Teplánszki Dóra	60
Olasz Ákos	204	Tímár Rita	198
Osztobányi Lilla Eszter	141	Tompos Lehel	139
		Torma Gábor	79
Ördög Nóra	216	Tóth Bence	205
		Tóth Kinga	125
Pálinkás János	84	Tóth Zsófia Edit	158
Papp Lejla	73	Törőcsik Noémi	108
Papp Noémi	161	Török Dóra	191

Trifán Eszter	78	Varga Virginia Beatrix	194
Tukacs Vanda	81	Varga Zsófia	103
Turzó Andrea	97	Vas Kinga	197
Tyler Teadora	196	Verebélyi Viktória	52
		Veres Éva	210
Urgyán Renáta	206		
		Zavanyi Györgyi	109
Váczai Viktória	172	Zorkóczy Orsolya Krisztina	67
Váncsodi Melinda	187		
Varga András	133	Zsilák Borbála Anna	98
Varga Bence	88	Zsinka Bernadett	66
Varga Bence Tamás	100		

Témavezetők

Acsády László	179	Csabafi Krisztina Anna	41
Adorján András	96	Csabai Zoltán	47, 103
Albert Pál	88	Csapóné Miczán Vivien	173
Aliczki Manó	32	Cseh Sándor	191
Andics Attila	93, 97	Cserép Csaba	174
Andrási Tibor	182	Csikász-Nagy Attila	142, 143, 164
Antal László	104, 105	Csikó György	101
Ari Eszter	83	Csiky János	207
Atlasz Tamás	37	Csitári Bianka	110
		Csizmadia Tamás	150
Balázsfi Diána	36	Csonka Diána	196
Bali Zsolt Kristóf	34	Csősz Éva	215
Balog Erika	70	Csuzdi Csaba	60
Barla Ferenc	120		
Barna János	151	Deli Mária	149, 152, 171
Barsy Boglárka	39	Deli Mária	
Barth Albert Miklós	177	Deme Judit	207
Bata-Csörgő Zsuzsanna	188	Dobroné Tóth Márta	200
Bede-Fazekas Ákos	201	Dóra Dávid	154
Benke János	146	Dulai Sándor	116
Bíroné Varga Tünde	199		
Bodai László	192	Enyedi Nóra	128
Bodor Zsolt	139	Erika Velásquez	82
Bókony Veronika	52	Erős Tibor	112
Boldogkői Zsolt	79		
Borsos Barbara Nikolett	216	Farkas Attila	40
Bratek Zoltán	122	Fazekas Dávid	83
Braun Mihály	109	Feigl Gábor	117
Buzás Krisztina	211	Felföldi Tamás	110
		Fenesi Annamária	119
Cech Gábor	105	Fiáth Richárd	178
Chiovini Balázs	186	Freytag Csongor	114
Claudia Fugazza	93		
Czeke Zsolt	58	Gácsér Attila	137, 210
Czikkelyné Ágh Nóra	57	Gál Anikó	78
		Gallé Róbert	49

Gálné Miklós Ida	130	Kovács Tibor	194
Garda Tamás	114	Kőrösi Ádám	67
Gáspári Zoltan	68, 69, 70, 160	Kövér Szilvia	56, 57, 66
Gerencsér Linda	98	Kredics László	123, 133
Gócza Elen	166	Kredics László	
Gógl Gergő	71, 90	Kubinyi Enikő	96
Gyulai István	108	Laczi Miklós	62
Hájos Norbert	170, 182	Laura Ewell	181
Hamari Zsuzsanna	134	Liker András	57
Hangya Balázs	35, 36, 183	Lipinszki Zoltán	89
Haracska Lajos	85, 148, 158	Lovas-Kiss Ádám	206
Harami Gábor	84	Lőrincz Péter	155
Hegedűs Lili	148, 158	Lukács Balázs András	111
Hernádi István	34	Madácsy Tamara	161
Hettyey Attila	56, 63, 95	Magura Tibor	48, 108
Hild Gábor	72	Magura Tibor	
Horváth Győző	42, 44, 45, 46 51, 59	Majoros Hajnalka	216
Horváth Krisztián	82	Makk Judit	128
Horváth Zsófia	107	Maléth József Phd	161
Hoyk Zsófia	171	Marik Tamás	123
Hrabovszky Erik	172, 193	Markó Bálint	54, 58
Huberné Barkó Szilvia	195	Maróti Gergely	118
Husztiné Nagy Georgina	73	Marton Livia	159
Jakab Ágnes	121	Mátyás Ferenc	39
Jordán Ferenc	107	Meggyes Mátyás	165
Józsi Mihály Krisztián	86	Mícionai András	80
Juhász Gábor	77, 80	Mikics Éva	31
Kacskovics Imre	75	Miklósi Ádám	98
Kádár Kristóf	167	Miklóssy Ildikó	87, 131
Kajtár Béla	213	Molnár Orsolya Rita	65
Káli Szabolcs	141	Molnár V. Attila	206
Kalló Imre	170, 193	Móra Arnold	106
Kassai Ferenc	100	Nagy Dávid	48
Katona István	173	Nagy Edina Szandra	214
Kékesi Adrienna Katalin	81	Nagy György	163
Királyhidi Panna	163	Nagy Nándor	154
Kiricsi Mónika	210	Novák Tibor József	204
Kis János	53, 67, 100, 201	Nyeste Krisztián József	104
Kiss Antal	88	Nyitray László	71, 90
Kiss Dávid Sándor	169	Ódor Péter	203
Kiss Ernő	85	Ördögné Kolbert Zsuzsanna	117
Kocsis Kinga	38, 187	Papp Balázs	145
Komlósi Gergely Sándor	179	Papp Ferenc	74
Konczné Gubán Barbara	188	Papp Gábor	132
Kósa Ferenc	76	Párdutz Árpád	168
Kosztolányi András	52, 63		
Kovács Bence	205		
Kovács Mónika	129		

Pásztory-Kovács Szilvia	64, 78	Tombácz Dóra	79
Pernecker Bálint	103	Tóth Ákos	125
Péterfia Bálint	69	Tóth András	92
Pethő Zoltán	74	Tóth Dániel	44
Pettróné Kovács Etelka	138	Tóth István	169
Pfliegler Valter Péter	135	Tóth Judit	126, 140
Pfliegler Valter Péter	127	Tóth Máté	31
Pirity Melinda	162	Tökölyi Jácint	99
Pongrácz Péter	94	Tölgyesi Csaba	202
Purger Jenő	50	Török János	62
		Török Júlia Katalin	61
Rákhely Gábor	136	Tusnády Gábor	91
Reguly István	142		
Rezeli Melinda	82	Udvardy Andor	89
Rosivall Balázs	55	Ujfalusi Zoltán	72
Rózsa Balázs	186	Ujszegi János	95
Ruprecht Eszter	198	Ulbert István	178
		Urák István	49
Sarkadi Balázs	147		
Scheuring István	144	Váczy Alexandra	37
Szerecs Gábor	112	Varga Máté	157
Simon-Vecsei Zsófia	190	Várkonyi Edit	214
Sinka Rita	156	Varró Petra	176
Solti Ádám	115	Vas Virág	160
Somodi Imelda	201	Vértessy G. Beáta	147, 159
Somogyi Balázs	59	Veszélka Szilvia	152
Somoskői Bence	191	Vidovszky Márton	124
Spekker Eleonóra	168	Vili Nóra	174
Surányi Éva Viola	126	Vilmos Péter	153
Sviatkó Katalin	35	Vonderviszt Ferenc	73
		Vörös Judit	43
Szabadics János	180, 181	Vörös Mónika	133
Szabó Judit Eszter	140		
Szabó Krisztián	43, 212	Walker Fruzsina	149
Szabó Péter	95	Wiener Zoltán	208, 212
Szabó Sándor	109, 111, 113	Wilhelm Imola	175
Szakács Júlia	41	Wittner Lucia	185
Szántó-Egész Réka	129		
Szatmári Enikő Katalin	54	Zachar Gergely	196
Széky Balázs	209	Zámbó Boglárka	147
Szereday László	165	Zelena Dóra	33, 102
Szilágyi Árpád	136	Zeöld Anikó	212
Szűcs Attila	184		
		Zsebők Sándor	144
Takáts Szabolcs	189	Zsembery Ákos	167



PPKE ITK

