

OTDK'70



37. ORSZÁGOS
TUDOMÁNYOS DIÁKKÖRI
KONFERENCIA 2025

37. OTDK BIOLÓGIA SEKCIÓ

PROGRAMFÜZET ÉS RÉZÜMÉKÖTET



Biológia Szekció



Szeged
2025. 04. 15-17.

37. Országos Tudományos Diákköri Konferencia Biológia Szekció

Programfüzet és rezümékötet

Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar
Növénybiológiai Tanszék
Szeged, 2025

*37. Országos Tudományos Diákköri Konferencia
Biológia Szekció*

Programfüzet és rezümékötet

*Szegedi Tudományegyetem,
Szeged
2025. április 15-17.*

Szerkesztő:

Dr. Ördög Attila

Szerkesztésben közreműködött:

Prof. Dr. Fehér Attila

Kiadja:

Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar
Növénybiológiai Tanszék
6726 Szeged, Közép fasor 52.

Felelős kiadó:

Prof. Dr. Fehér Attila Sándor,
tanszékvezető, egyetemi tanár

ISBN 978-963-688-048-4

TARTALOMJEGYZÉK

FONTOS INFORMÁCIÓK	1
ELNÖKI KÖSZÖNTŐ A 37. ORSZÁGOS TUDOMÁNYOS DIÁKKÖRI KONFERENCIA RÉSZTVEVŐINEK	2
SZERVEZŐK LISTÁJA	3
AZ OTDT BIOLÓGIA SZAKMAI BIZOTTSÁG VEZETÉSE	4
A BIOLÓGIA SZAKMAI BIZOTTSÁG TAGJAI	5
BÍRÁLÓK ÉS ZSÚRITAGOK LISTÁJA	6
A XXXVII. OTDK BIOLÓGIA SZEKCIÓ RÉSZLETES PROGRAMJA	8
ROSKA TAMÁS TUDOMÁNYOS ELŐADÁS	11
KÖZÖSSÉGI- ÉS SPORTPROGRAMOK	13
TAGOZATI BEOSZTÁS	14
A TAGOZATOK RÉSZLETES PROGRAMJA	17
ÁLLATÉLETTAN	18
ÁLLATÖKOLÓGIA, FAUNISZTIKA, TAXONÓMIA	19
ANTROPOLÓGIA ÉS ÁLLATSZERVEZETTAN	21
BIOINFORMATIKA ÉS RENDSZERBIOLÓGIA	22
BIOTECHNOLÓGIA	23
ETOLÓGIA ÉS VISELKEDÉSBiológia 1.	25
ETOLÓGIA ÉS VISELKEDÉSBiológia 2.	26
EVOLÚCIÓ- ÉS POPULÁCIÓBIOLÓGIA	27
HIDROBIOLÓGIA	28
IMMUNOLÓGIA	29
MIKROBIOLÓGIA (EUKARIÓTA)	30
MIKROBIOLÓGIA (PROKARIÓTA)	32
MOLEKULÁRIS GENETIKA 1.	33
MOLEKULÁRIS GENETIKA 2.	35
MOLEKULÁRIS SEJTBiológia 1.	37
MOLEKULÁRIS SEJTBiológia 2.	38
NEUROBIOLÓGIA ÉS NEUROFIZIOLÓGIA 1.	39
NEUROBIOLÓGIA ÉS NEUROFIZIOLÓGIA 2.	40
NÖVÉNYÉLETTAN	41
NÖVÉNYÖKOLÓGIA, FLORISZTIKA ÉS CÖNOLÓGIA	42
SEJTBiológia ÉS TOXIKOLÓGIA	43
TERMÉSZETVÉDELMI BIOLÓGIA	45
TUMORBIOLÓGIA	47
VIROLÓGIA	48

AZ ELŐADÁSOK REZÜMÉI	49
TÁMOGATÓINK	276
TOVÁBBI TÁMOGATÓINK	277
GYÉMÁNT FOKOZATÚ TÁMOGATÓINK.....	277
ARANY FOKOZATÚ TÁMOGATÓINK	278
EZÜST FOKOZATÚ TÁMOGATÓINK	278



FONTOS INFORMÁCIÓK

Főbb helyszínek

Regisztráció és tagozati ülések:

SZTE TTIK Biológia Intézet
(6726 Szeged, Közép fasor 52.)



Nyitó- és Záróünnepség:

SZTE József Attila Tanulmányi és Információs Központ
(6722 Szeged, Ady tér 10.)



Gálavacsora:

HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóközpont
(6726 Szeged, Temesvári krt. 62.)



Szállás lehetőségek:

- *Résztevők számára:*
 - SZTE Herman Ottó Kollégium „A” Épület
(6726 Szeged, Temesvári krt. 50-52.)
 - SZTE Móra Ferenc Szakkollégium
(6726 Szeged, Közép fasor 31-33.)
- *Bírálok számára:*
 - Tisza Sport Hotel Szeged
(6726 Szeged, Szent-Györgyi Albert u. 42.)



ELNÖKI KÖSZÖNTŐ A 37. ORSZÁGOS TUDOMÁNYOS DIÁKKÖRI KONFERENCIA RÉSZTVEVŐINEK

Örömmel köszöntöm a kedves olvasót az Országos Tudományos Diákköri Konferencián!

A tudományos diákköri munka, a TDK a magyar felsőoktatás lényegi eleme immár 70 éve.

Általa lett a törekvő diákság az egyetemi kutatás szerves része, általa valósul meg az igazi partnerség tanár és diák, mester és tanítvány között. Ez a mentor-mentorált közötti együttműködési kultúra adja a generációk folytonosságát egyetemeinken és főiskoláinkon.

A tanszékeken és a piaci partnereknél elért közös eredmények az intézményi és országos TDK konferenciákon bukkannak felszínre. Itt kaphatja meg a diákság legjava az első támogató visszajelzéseket a tehetségéről, szorgalmáról és innovatív gondolkodásáról. Itt folynak az első szakmai viták. A jövődő magyar értelmiség – még védett körülmények között – itt készülhet fel az életre. Itt lehet megismerni, és kell szembenézni azokkal a valóság szabta keretekkel, amelyek között később az egyéni karrierok építhetők, akár az akadémiai pályákon, akár a gazdaságban, vagy a társadalom bármely más területén. A TDK tehát a jövő Magyarországának egyik fontos edzőterme.



A több mint 50 éve megalakult Országos Tudományos Diákköri Tanács, az OTDT feladata ennek a környezetnek a gondozása, a nyugodt, elmélyült szakmai munkához a feltételek és az ösztönzők biztosítása.

Az OTDT és a TDK mozgalom valamennyi intézményi képviselője nevében arra hívom az egyetemi diákságot és az érdeklődő középiskolásokat, hogy kapcsolódjanak be a TDK mozgalomba, legyenek részesei és építői ennek a kultúrának. Egyúttal arra kérem azt a százezernél is több volt TDK-st, akik ma a magyar értelmiség szövetének meghatározó szálai: segítsék a munkánkat tanácsaikkal, szakmai és anyagi támogatásukkal.

A TDK mozgalom sikere a magyar felsőoktatás sikerének egyik garanciája. Építsük együtt ezt az utat!

Magyarország, 2024. szeptember

Prof. Dr. Weiszbürg Tamás
az OTDT elnöke

SZERVEZŐK LISTÁJA

Prof. Dr. Fehér Attila

egyetemi tanár

Ügyvezető elnök

Ördögné Dr. Kolbert Zsuzsanna

egyetemi docens

Ügyvezető társelnök

Dr. Poór Péter

egyetemi docens

Ügyvezető társelnök

Dr. Szepesi Ágnes

egyetemi adjunktus

Ügyvezető titkár

Dr. Hamari Zsuzsanna

egyetemi docens

Ügyvezető titkárhelyettes

Sebők Noémi

Hallgató

hallgatói képviselő

Fejes Gábor

PhD Hallgató

hallgatói képviselő

Dr. Ördög Attila

egyetemi adjunktus

Online felelős

Szabó Anikó

Pénzügyi felelős

AZ OTDT BIOLÓGIA SZAKMAI BIZOTTSÁG VEZETÉSE

Elnök:

Dr. Müller Viktor egyetemi docens, dékánhelyettes
Eötvös Loránd Tudományegyetem Természettudományi Kar

Elnökhelyettes:

Dr. Gáspári Zoltán egyetemi tanár
Pázmány Péter Katolikus Egyetem Információs Technológiai és Bionikai Kar

Elnökhelyettes:

Dr. Markó Bálint egyetemi tanár, rektorhelyettes
Babeş-Bolyai Tudományegyetem Biológia és Geológia Kar

Elnökhelyettes:

Dr. Marschall Marianna intézetigazgató főiskolai tanár
Eszterházy Károly Katolikus Egyetem Természettudományi Kar

Tiszteletbeli elnök:

Dr. Varga Zoltán professor emeritus
Debreceni Egyetem Természettudományi és Technológiai Kar

Honoris Causa elnök:

Dr. Padisák Judit akadémikus, egyetemi tanár
Pannon Egyetem Mérnöki Kar

Honoris Causa elnök:

Dr. Hornung Erzsébet professor emeritus, az MTA doktora
Állatorvostudományi Egyetem

Titkár:

Dr. Sarkadi Fanni PhD-hallgató
Eötvös Loránd Tudományegyetem Természettudományi Kar

PSAT képviselő:

Dr. Bugyik Edina tudományos munkatárs
Semmelweis Egyetem Általános Orvostudományi Kar

A BIOLÓGIA SZAKMAI BIZOTTSÁG TAGJAI

Borsos Éva	docens	ÚE
Dobroné Tóth Márta	főiskolai docens	NYE
Fehér Attila Sándor	tszv. egyetemi tanár	SZTE TTIK
Hamari Zsuzsanna	egyetemi docens	SZTE TTIK
Hoffmann Orsolya Ivett	tudományos főmunkatárs	MATE GBI
Horváth Győző	egyetemi adjunktus	PTE TTK
Iván Kristóf	egyetemi docens	PPKE ITK
Király Gergely	egyetemi adjunktus	SOE EMK
Kohut Erzsébet	docens	IIRFKMF
Körmendi Sándor	egyetemi docens	KE AKK
Magura Tibor	egyetemi tanár	DE TTK
Máthé István	egyetemi docens	RO EMTE CSK
Miskolczi Christina	PhD hallgató	SE
Nagy Melinda	professzor, rektorhelyettes	SJE TTK
Ördögné Kolbert Zsuzsanna	egyetemi docens	SZTE TTIK
Poór Péter	egyetemi docens	SZTE TTIK
Stenger-Kovács Csilla	egyetemi tanár	PE MK
Szabó Krisztián	tudományos munkatárs	ÁTE
Szepesi Ágnes	egyetemi adjunktus	SZTE TTIK

BÍRÁLÓK ÉS ZSŰRITAGOK LISTÁJA

A Szekció megvalósulását bírálóként vagy zsűritagként segítették:

Atlasz Tamás (PTE)	Höhn Mária (MATE)
Barsy Boglárka (HUN-REN KOKI)	Janda Tibor (HUN-REN ATK)
Barta Zoltán (DE)	Jankovics Ferenc (HUN-REN SZBK)
Barta Endre (MATE)	János István (NYE)
Berta Gergely (PTE)	Kiss Orsolya (SZTE)
Boda Pál (HUN-REN ÖKO)	Koósné Dr. Szathmáry Erzsébet (MATE)
Bugyik Edina (SE)	Kós Péter (HUN-REN SZBK)
Búzás Krisztina (SZTE)	Kovács M. Gábor (ELTE)
Czimmerer Zsolt (HUN-REN SZBK)	Kuczmog Anett (PTE)
Csergő Anna Mária (MATE)	Lipinszki Zoltán (HUN-REN SZBK)
Csiszár Ágnes (SOE)	Lőrinczi Gábor (SZTE)
Darnai Gergely (PTE)	Maák István (SZTE)
Deli Mária (HUN-REN SZBK)	Marik Tamás (SZTE)
Dobson László (HUN-REN TTK)	Markó Bálint (BBTE)
Dudás-Boda Eszter (NSZKK)	Maróti Gergely (HUN-REN SZBK)
Engloner Attila (HUN-REN ÖKO)	Márialigeti Károly (ELTE)
Enyedi Balázs (SE)	Márton Mihály (MATE)
Eszterbauer Edit (HUN-REN ATKI)	Máthé Csaba (DE)
Farkas Eszter (SZTE)	Mátics Róbert (PTE)
Fekete Erzsébet (DE)	Meiczinger Mónika (PE)
Ferincz Árpád (MATE)	Németh Áron (BME)
Fóti Szilvia (MATE)	Olasz Ferenc György (MATE)
Freytag Csongor (DE)	Orbán László (MATE)
Gócza Elen (MATE)	Papp István (MATE)
Harmati Mária (HUN-REN SZBK)	Pappné Dr. Abrok Marianna (SZTE)
Herczeg Dávid (ELTE)	Pappné Dr. Terhes Gabriella (SZTE)
Hernádi István (PTE)	Pintye Alexandra (HUN-REN ATK)
Hoffman Gyula (PTE)	Pomozi Viola (HUN-REN TTK)
Horváth Gergely (ELTE)	Rancz Ede (INSREM)

**Rimayné Dr Ábrahám Hajnalka
Gabriella (ELTE)**

Róna Gergely (HUN-REN TTK)

Sántha Péter (SZTE)

Sebestyén Anna (SE)

Silhavy Dániel (HUN-REN SZBK)

Sinka Rita (SZTE)

Sonkoly Judit (DE)

Szabó Áron (HUN-REN SZBK)

Szabó Edit Zsuzsanna (HUN-REN TTK)

Szabó Krisztián (ÁTE)

Szalma Elemér (SZTE)

Szeifert Bea (HUN-REN ABTK)

Szencziová Iveta (UJS)

Szeverényi Ildikó (MATE)

Szőke Antal (MATE)

Tar Krisztina (DE)

Torma Attila (SZTE)

Turu Gábor (SE)

Vácz Olivér (HOI)

Vági Balázs (DE)

Vellai Tibor (ELTE)

Vízkeleti Laura (SE)

Wiener Zoltán (SE)

Wittner Lucia (HUN-REN TTK)

Zsilinszky Ingrid (BAY-BIO)

A XXXVII. OTDK BIOLÓGIA SZEKCIÓ RÉSZLETES PROGRAMJA

2025. április 15., Kedd

9:00 – 10:30 - Regisztráció (SZTE József Attila Tanulmányi és Információs Központ)

10.00 – 13.00 - Megnyitó rendezvény (SZTE József Attila Tanulmányi és Információs Központ) - Moderátor: Beslin Anita

- SZTE bemutatkozó videó
- Tiszteletbeli meghívottak köszöntése
- Himnusz
- Prof. Dr. Kónya Zoltán köszöntő beszéde
- Prof. Dr. Weiszbürg Tamás köszöntő beszéde
- Prof. Dr. Mátyus László köszöntő beszéde
- Prof. Dr. Gloviczki Zoltán köszöntő beszéde
- Prof. Dr. Kasza Péter előadása (30 perc) "MOHÁCS - Egy közismert csata nem közismert forrásairól"
- Borbély Jácint előadja Schubert A Pisztráng c. művét. Zongorán kíséri Tóthné Cseh Erika.
- Prof. Dr. Gácsér Attila előadása (30 perc) "Fungiverzum" Vajon átveszik a hatalmat a Földön a gombák? Avagy mennyire penészes a jövőnk?"
- 37. OTDK Humán Tudományi Szekció ügyvezető elnökének (Prof. Dr. Szilágyi Zsófia) köszöntő és egyben megnyitó beszéde
- 37. OTDK Biológia Szekció ügyvezető elnökének (Prof. Dr. Fehér Attila) köszöntő és egyben megnyitó beszéde
- Szózat
- Szendvicsebéd/állófogadás

12:00 – 15:00 - Regisztráció (SZTE TTIK Biológia Intézet, Aula)

13.30 – 14.00 - Zsűritájékoztató (SZTE TTIK Biológia Intézet, BI-167 - Ábrahám Ambrus terem)

14.00 – 19.00 - Tagozatok lebonyolítása (SZTE TTIK Biológia Intézet)

- Állatélettan
- Állatökológia, Faunisztika, Taxonómia
- Etológia és viselkedésbiológia 1.
- Evolúció- és populációbiológia
- Immunológia
- Molekuláris genetika 1.
- Növényökológia, Florisztika és Cönológia
- Sejtbiológia és Toxikológia

19.00 – 22.00 - Gálavacsora (HUN-REN SZBK aula)



*az egyes tagozatok pontos kezdési és várható befejezési idejének megtekintéséhez, kérjük keresse fel az adott tagozat részletes programját

2025. április 16., Szerda

8:00 – 15:00 - Regisztráció (SZTE TTIK Biológia Intézet, Aula)

8.30 – 9.00 - Zsűritájékoztató (SZTE TTIK Biológia Intézet, BI-167 - Ábrahám Ambrus terem)

9.00 – 13.00 - Tagozatok lebonyolítása (SZTE TTIK Biológia Intézet)

- Antropológia és Állatszervezetan
- Bioinformatika és rendszerbiológia
- Biotechnológia
- Etológia és viselkedésbiológia 2.
- Mikrobiológia (prokarióta)
- Molekuláris sejtbiológia 1.
- Neurobiológia és neurofiziológia 1.
- Viroológia

12:20 – 14:40 - UNICAM Magyarország Kft bemutató előadásai (előzetes regisztrációhoz kötött esemény) – BI-164 - Szent-Györgyi Albert terem

12:20 – „A fénymikroszkópia csúcsa: a szuperrezolúció”

A szuperrezolúció alapjai

Structured-Illumination Microscopy - MI-SIM

STED mikroszkópia - Abberior Instruments

13:20 – Szünet

13:40 – „Az elemanalitika titkai és megoldásai”

Elemanalízis a pásztázó elektronmikroszkópiában

Felbontásban a jövő: Tömegspektrometria a Proteomikában

Az izotóparány-mérő tömegspektrometria szerepe a biológiai kutatásokban

13.00 – 14.00 – Ebéd

13.30 – 14.00 - Zsűritájékoztató (SZTE TTIK Biológia Intézet, BI-167 - Ábrahám Ambrus terem)

14.00 – 19.00 - Tagozatok lebonyolítása (SZTE TTIK Biológia Intézet)

- Hidrobiológia
- Mikrobiológia (eukarióta)
- Molekuláris genetika 2.
- Molekuláris sejtbiológia 2.
- Neurobiológia és neurofiziológia 2.
- Növényélettan
- Természetvédelmi biológia
- Tumorbiológia

19.30 – 21.00 - Főzsűri ülése



*az egyes tagozatok pontos kezdési és várható befejezési idejének megtekintéséhez, kérjük keresse fel az adott tagozat részletes programját

A 37. OTDK Humán Tudományi Szekciójával közös kísérőesemény (JATE Klub):

19.00 - 20.30 - Táncolj a tanszékvezetővel! - Élőzenés tánc ház Szeged ikonikus szórakozóhelyszínén, a JATE Klubban

21.00 - 22.00 – Flóra & the Blues Fusion koncert a JATE Klub-ban

22.00 - - OTDK-party az SZTE 50 éves klubjában

2025. április 17., Csütörtök

9.30 - 12.00 - Ünnepélyes záró esemény, díjátadókkal és a Roska Tamás tudományos előadással (JATIK Alagsori előadóterem, SZTE József Attila Tanulmányi és Információs Központban) - Moderátor: Dr. Poór Péter

- Köszöntőt mond:

Prof. Dr. Horváth Dezső, dékán, SZTE TTIK

Prof. Dr. Weiszbürg Tamás, az OTDT elnöke

Dr. Müller Viktor, az OTDT Biológiai Szakmai Bizottságának elnöke

- Roska Tamás Tudományos Előadás

Roska Tamás bemutatása, megemlékezés

Roska Tamás videóüzenete

Balázs Dóra Krisztina laudációja

Roska Tamás előadás

Roska Tamás emlékérem átadása (Dr. Müller Viktor az Országos Tudományos Diákköri Tanács Biológia szakmai bizottságának elnöke és Prof. Dr. Fehér Attila szekció ügyvezető elnök)

- Bozsóki Gergely gitárművész előadásában meghallgatjuk David Kellner: D-dúr fantasia című darabját

- 12 tagozat díjátadása, a díjazottak tagozatonként/helyezésenként kapják meg a díjat

- Bozsóki Gergely gitárművész előadásában meghallgatjuk Pujol: Sonatina - 3. tételét

- 12 tagozat díjátadása, a díjazottak tagozatonként/helyezésenként kapják meg a díjat

- Dr. Bugyik Edina, a Pro Scientia Aranyérmesek Társasága képviselőjének felszólalása, és a Reménység Kitűző átadása

- A Doktoranduszok Országos Szövetsége által felajánlott jutalom átadása (átadja Rozsnyói Ákos a DOSZ képviselője)

- A középiskolásoknak meghirdetett BioArt és BioTudós fotó és videó pályázat nyerteseinek díjátadása. (átadja Prof. Dr. Fehér Attila ügyvezető elnök)

- Zárszó (Prof. Dr. Fehér Attila ügyvezető elnök) és az OTDK staféta átadása a 38. OTDK Biológia Szekcióját szervező intézménynek. Fogadja: Dr. Trócsányi András, Pécsi Tudományegyetem TTK dékán

OTDK'70



*az egyes tagozatok pontos kezdési és várható befejezési idejének megtekintéséhez, kérjük keresse fel az adott tagozat részletes programját

ROSKA TAMÁS TUDOMÁNYOS ELŐADÁS

„Énekeljetek az elmétekkel” – Roska Tamásra emlékezve

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

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

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



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

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

Hite, lelkesedése a segítő társakra 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 történeteiben.”

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 Roska Tamás Tudományos Előadás idei nyertese: Balázs Dóra Krisztina

Balázs Dóra Krisztina az SZTE Biológia Intézet Biotechnológiai és Mikrobiológiai Tanszékének doktorjelölt munkatársa. Szakdolgozati munkája során csatlakozott a Környezeti Mikrobiológia és Biológiai Védekezés Kutatócsoporthoz, ahol később a diplomamunkáját is végezte, majd a doktori képzés keretében folytatta tanulmányait. A kutatócsoport tagjaként a *Trichoderma* fonalgomba fajok által termelt kisméretű peptidek, a peptaibolok átfogó vizsgálatát végzi. A csoport laboratóriumi, számítógépes modellezési és növénykezelési eljárásokon keresztül vizsgálja a peptaibolok más mikroorganizmusokra és gazdasági növényekre kifejtett hatását, előkészítve azok gyakorlati alkalmazását, egy alternatív, kémiai vegyszereket kiváltó új biológiai módszer létrehozása céljából.



A peptaibolok jövője: új horizontok a peptidek átfogó vizsgálatában

A mezőgazdaságot sújtó szélsőséges időjárási viszonyok, újonnan megjelenő kórokozók és a kémiai vegyszerek okozta problémák új és fenntartható megoldások keresését sürgetik. A *Trichoderma* fonalgomba törzsek már bizonyították, hogy a gyakorlatban sikeresen alkalmazható biokontroll szervezetek, az általuk termelt másodlagos anyagcseretermékek, a peptaibolok azonban alternatív útvonalakat nyithatnak a biológiai növényvédelemben. Jellegzetes tulajdonságaiknak köszönhetően a peptaibolok rendkívül stabil vegyületek, hatékonyan gátolnak számos növénypatogén baktérium- és gombatörzset, a szisztémikus rezisztencia indukálásával pedig különböző kórokozókkal és környezeti hatásokkal szemben is fokozhatják a növények ellenállóképességét. Kutatócsoportunk a peptaibolok vizsgálatát több oldalról közelíti meg: laboratóriumi vizsgálatokkal a peptaibolok más mikroorganizmusokkal szemben kifejtett hatásáról nyerünk információt, a számítógépes molekulamodellezési technikák segítségével pedig működésük és szerkezetük háttérmechanizmusait ismerhetjük meg mélyebben. Az eredményeink alapján kiválasztott peptaibolkivonatokat gazdasági növényeken vizsgáljuk, hogy megkeressük azokat a kivonatokat, melyek sikeresen felkészíthetik a növények védekezőképességét az egyre fokozódó káros hatásokkal szemben.

KÖZÖSSÉGI- ÉS SPORTPROGRAMOK

Sportprogramok

Futás – április 16. és 17. 7:45-8:20

Kapcsolódj be a közös futásba, melyet Szeged legnagyobb parkjában, az újszegedi Erzsébet-ligetben található futókörön szervezünk! A rövid bemelegítés után két kör (2x1500 m) megtételére lesz lehetőség, melyet nyújtással fejezünk be. Találkozó a liget víztornya felőli edzőparknál. A futócipőt ne felejtsetek otthon!

Jóga - április 16. 8:00-8:30

Ha szeretsz jógázni, csatlakozz be a Biológia Intézet parkjában szervezett reggeli gyakorlatokba! A Buják Napsugár Hatha Jógaoktató vezetésével tartott foglalkozás segít jól indítani a napod, csökkenteni a stresszt és erősíteni a koncentrációt! Rossz idő esetén a Móra Kollégium tornatermében tatjuk meg a programot, szőnyeget biztosítunk a résztvevőknek.

Kulturális program

A Görög Sisters tavaszi zongorakoncertje – április 16. 19:00-20:30

Az előadások után szinte vétek kihagyni Görög Noémi és Görög Enikő alkotta zongoraduó koncertjét az SZTE BBMK, Fricsay Ferenc Hangversenyteremében a belvárosban (Tisza Lajos krt. 79–81.). A számos nemzetközi díjban részesült testvérpár nemcsak “klasszikus” darabokat játszik, hanem kortárs műveket is előszeretettel bemutat. További részletek: <https://gorogsisters.com/>

Középiskolás programok

A kutatói életpálya kihívásai és lehetőségei – beszélgetés Prof. Dr. Gácsér Attila, Dr. Veszélka Szilvia és Dr. Wilhelm Imola kutatókkal – április 16. 13:30-14:30

Milyen kihívásai és buktatói vannak a kutatói létnek? Mi motiválja a biológiával foglalkozó kutatókat? Mire számíthat egy fiatal tudós? Milyen lehetőségei vannak a most pályaválasztás előtt álló fiataloknak? Ehhez hasonló kérdésekre keressük a választ a 37. OTDK Középiskolásoknak meghirdetett kerekasztal beszélgetésen, mely az SZTE Biológia Intézet, az MTA TABT Biológia Szakbizottság és Fiatal Kutatók Akadémiájának szervezésében valósul meg a belvárosi MTA SZAB Székház Díszteremében (Somogyi u. 7.).

BIOArt fotópályázat és BIOTudós kisfilm pályázat eredményhirdetése – április 17. 9:30-12:00

A 37. OTDK Biológia Szekciójának középiskolai BIOArt fotópályázatának és BIOTudós kisfilm pályázatának eredményhirdetésére a zárórendezvényen kerül sor. A középiskolás diákoktól olyan képeket vagy montázsokat vártunk, melyeken a természet- vagy a biológiatudományokhoz kapcsolódó jelenségek, folyamatok láthatóak. A kisfilmekben valamilyen biológiai jelenség vagy folyamat, esetleg kísérlet bemutatását dolgozták fel a pályázók. A beérkezett pályamunkákat esztétikai, kreativitási, kivitelezési és szakmai szempontok alapján, a biológiatudományok területén jártas háromfős zsűri pontozta és rangsorolta.

TAGOZATI BEOSZTÁS

ÁLLATÉLETTAN

2025.04.15., BI-523 - Hallgatói laboratórium, 14:00 – 17:00

Zsűri: Prof. Dr. Gócza Elen (MATE), Dr. Jankovics Ferenc (HUN-REN SZBK),
Ing. Iveta Szencziová, PhD (UJS)

ÁLLATÖKOLÓGIA, FAUNISZTIKA, TAXONÓMIA

2025.04.15., BI-164 - Szent-Györgyi Albert terem, 14:00 – 19:00

Zsűri: Dr. Torma Attila (SZTE), Dr. Mátics Róbert (PTE), Dr. Boda Pál (HUN-REN ÖKO),
Dr. Lőrinczi Gábor (SZTE)

ANTROPOLÓGIA ÉS ÁLLATSZERVEZETTAN

2025.04.16., BI-164 - Szent-Györgyi Albert terem, 9:00 – 11:20

Zsűri: Dr. János István (NYE), Dr. Ferincz Árpád (MATE), Dr. Dudás-Boda Eszter (NSZKK)

BIOINFORMATIKA ÉS RENDSZERBIOLÓGIA

2025.04.16., BI-167 - Ábrahám Ambrus terem, 9:00 – 13:00

Zsűri: Dr. Dobson László (HUN-REN TTK), Dr. Vízkeleti Laura (SE),
Dr. Szeifert Bea (HUN-REN ABTK)

BIOTECHNOLÓGIA

2025.04.16., BI-182 - Ferenczy Lajos terem, 9:00 – 13:20

Zsűri: Prof. Dr. Fekete Erzsébet (DE), Dr. Meiczinger Mónika (PE), Dr. Németh Áron (BME),
Dr. Zsilinszky Ingrid (BAY-BIO)

ETOLÓGIA ÉS VISELKEDESBIOLOGIA 1.

2025.04.15., BI-132 - Ereky Károly terem, 14:00 – 17:40

Zsűri: Dr. Horváth Gergely (ELTE), Dr. Barsy Boglárka (HUN-REN KOKI), Dr. Vági Balázs (DE)

ETOLÓGIA ÉS VISELKEDESBIOLOGIA 2.

2025.04.16., BI-523 - Hallgatói laboratórium, 9:00 – 12:00

Zsűri: Prof. Dr. Barta Zoltán (DE), Dr. Markó Bálint (BBTE), Dr. Darnai Gergely (PTE)

EVOLÚCIÓ- ÉS POPULÁCIÓBIOLÓGIA

2025.04.15., BI-024 - Kolosváry Gábor terem, 14:00 – 17:00

Zsűri: Dr. Márton Mihály (MATE), Dr. Maák István (SZTE), Dr. Herczeg Dávid (ELTE)

HIDROBIOLÓGIA

2025.04.16., BI-164 - Szent-Györgyi Albert terem, 15:00 – 18:00

Zsűri: Dr. Szalma Elemér (SZTE), Dr. Eszterbauer Edit (HUN-REN ATKI),
Dr. Orbán László (MATE)

IMMUNOLÓGIA

2025.04.15., BI-343 - Kevei Ferenc terem, 14:00 – 16:20

Zsűri: Dr. Búzás Krisztina (SZTE), Dr. Pomozi Viola (HUN-REN TTK),
Dr. Lipinszki Zoltán (HUN-REN SZBK)

MIKROBIOLÓGIA (EUKARIÓTA)

2025.04.16., BI-527 - Bartucz Lajos terem, 14:00 – 18:40

Zsűri: Prof. Dr. Kovács M. Gábor (ELTE), Dr. Pintye Alexandra (HUN-REN ATK),
Dr. Kuczmog Anett (PTE), Dr. Maróti Gergely (HUN-REN SZBK)



MIKROBIOLÓGIA (PROKARIÓTA)

2025.04.16., BI-527 - Bartucz Lajos terem, 9:00 – 13:00

Zsűri: Prof. Dr. Márialigeti Károly (ELTE), Dr. Olasz Ferenc György (MATE),
Dr. Pappné Dr. Abrok Marianna (SZTE), Dr. Kós Péter (HUN-REN SZBK)

MOLEKULÁRIS GENETIKA 1.

2025.04.15., BI-182 - Ferenczy Lajos terem, 14:00 – 18:40

Zsűri: Prof. Dr. Vellai Tibor (ELTE), Dr. Hoffman Gyula (PTE), Dr. Szabó Krisztián (ÁTE),
Dr. Szabó Áron (HUN-REN SZBK)

MOLEKULÁRIS GENETIKA 2.

2025.04.16., BI-132 - Ereky Károly terem, 14:00 – 18:40

Zsűri: Dr. Silhavy Dániel (HUN-REN SZBK), Dr. Szőke Antal (MATE),
Dr. Szeverényi Ildikó (MATE), Dr. Turu Gábor (SE)

MOLEKULÁRIS SEJTBOLÓGIA 1.

2025.04.16., BI-024 - Kolosváry Gábor terem, 9:00 – 12:40

Zsűri: Dr. Atlasz Tamás (PTE), Dr. Bugyik Edina (SE), Dr. Szabó Edit Zsuzsanna (HUN-REN TTK)

MOLEKULÁRIS SEJTBOLÓGIA 2.

2025.04.16., BI-343 - Kevei Ferenc terem, 14:00 – 17:00

Zsűri: Prof. Dr. Deli Mária (HUN-REN SZBK), Dr. Wiener Zoltán (SE),
Dr. Czimmerer Zsolt (HUN-REN SZBK)

NEUROBIOLÓGIA ÉS NEUROFIZIOLÓGIA 1.

2025.04.16., BI-343 - Kevei Ferenc terem, 9:00 – 12:40

Zsűri: Prof. Dr. Farkas Eszter (SZTE), Dr. Rancz Ede (INSREM),
Prof. Dr. Wittner Lucia (HUN-REN TTK)

NEUROBIOLÓGIA ÉS NEUROFIZIOLÓGIA 2.

2025.04.16., BI-024 - Kolosváry Gábor terem, 14:00 – 17:00

Zsűri: Prof. Dr. Hernádi István (PTE), Dr. Sántha Péter (SZTE),
Rimayné Dr. Ábrahám Hajnalka Gabriella (ELTE)

NÖVÉNYÉLETTAN

2025.04.16., BI-523 - Hallgatói laboratórium, 14:00 – 17:40

Zsűri: Prof. Dr. Janda Tibor (HUN-REN ATK), Prof. Dr. Máthé Csaba (DE),
Prof. Dr. Papp István (MATE)

NÖVÉNYÖKOLÓGIA, FLORISZTIKA ÉS CÖNOLÓGIA

2025.04.15., BI-527 - Bartucz Lajos terem, 14:00 – 18:00

Zsűri: Dr. Csergő Anna Mária (MATE), Dr. Engloner Attila (HUN-REN ÖKO),
Dr. Csiszár Ágnes (SOE), Dr. Fóti Szilvia (MATE)

SEJTBOLÓGIA ÉS TOXIKOLÓGIA

2025.04.15., BI-167 - Ábrahám Ambrus terem, 14:00 – 18:20

Zsűri: Dr. Sinka Rita (SZTE), Dr. Enyedi Balázs (SE), Dr. Tar Krisztina (DE),
Dr. Berta Gergely (PTE)

TERMÉSZETVÉDELMI BIOLÓGIA

2025.04.16., BI-182 - Ferenczy Lajos terem, 14:00 – 18:40

Zsűri: Prof. Dr. Höhn Mária (MATE), Dr. Váczi Olivér (HOI), Dr. Kiss Orsolya (SZTE),
Dr. Sonkoly Judit (DE)



TUMORBIOLÓGIA

2025.04.16., BI-167 - Ábrahám Ambrus terem, 14:00 – 17:20

Zsűri: Dr. Sebestyén Anna (SE), Dr. Harmati Mária (HUN-REN SZBK),
Dr. Róna Gergely (HUN-REN TTK)

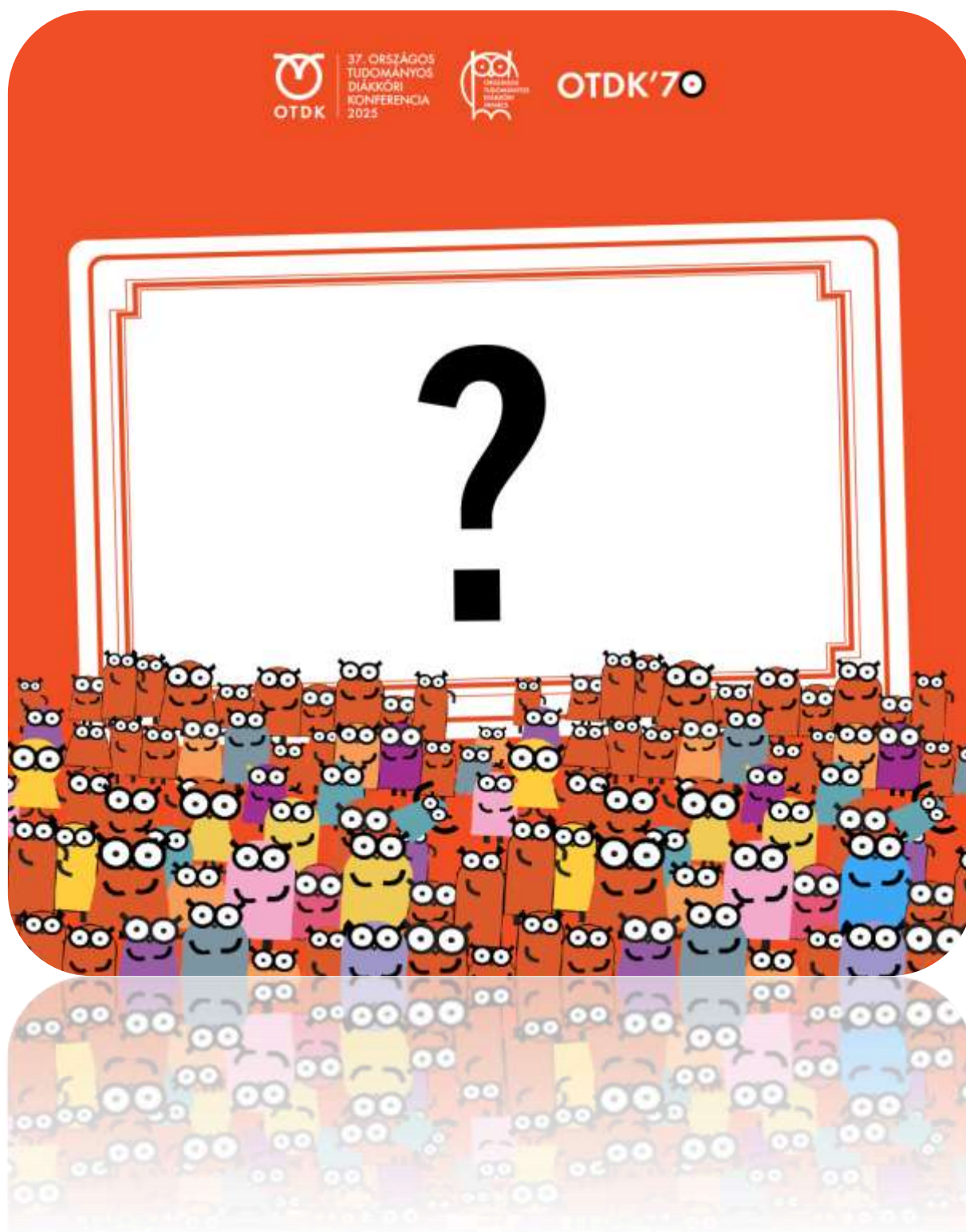
VIROLÓGIA

2025.04.16., BI-132 - Erekly Károly terem, 9:00 – 12:20

Zsűri: Pappné Dr. Terhes Gabriella (SZTE), Dr. Marik Tamás (SZTE),
Koósne Dr. Szathmáry Erzsébet (MATE)



A TAGOZATOK RÉSZLETES PROGRAMJA



ÁLLATÉLETTAN

2025.04.15., BI-523 - Hallgatói laboratórium, 14:00 – 17:00

Zsűrielnök:

Prof. Dr. Gócza Elen (MATE)

Zsűritagok

Dr. Jankovics Ferenc (HUN-REN SZBK), Ing. Iveta Szenczióvá, PhD (UJS)

14:00 – 14:20: Botyánszki-Farkas Helga Hajnalka (ELTE-TTK)

A Bowen-Conradi szindróm zebraadánió betegségmodelljének jellemzése

14:20 – 14:40: Jásdi Mihály (ELTE-TTK)

Az *Electrogena lateralis* kérész ivarilag kétalakú látórendszerének elektoretinográfiás vizsgálata különös tekintettel az időbeli felbontásra

14:40 – 15:00: Kiss Péter Sándor (SZTE-JGYPK)

In vitro neuroendokrin modell a cukorpótló vegyületek hatásainak vizsgálatára

15:00 – 15:20: Kiss Viktória Mónika (SZTE-TTIK)

A PCOS terápiás vizsgálata az oxidatív/nitrozatív stressz, valamint a gyulladásos paraméterek tekintetében, patkánymodellel

15:20 – 15:40: van Niekerk, Ashley Anzet (ÁTE)

Matriptáz gátlók repozicionálása *Streptococcus suis* fertőzések ellen

15:40 – 16:00: SZÜNET

16:00 – 16:20: Antal Adrián* (PTE-TTK)

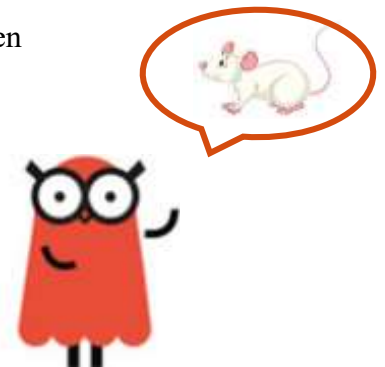
A leggyakoribb mikotoxinok hatása vadon élő európai őz (*Capreolus capreolus*) és mezei nyúl (*Lepus europaeus*) fajok kondíciójára

16:20 – 16:40: Szellár Viktória* (PTE-TTK)

Testhőmérsékleti eltérések vizsgálata cerulein által kiváltott akut pancreatitis állatmodellben

16:40 – 17:00: Tóth Gabriella Laura* (PTE-TTK)

Ugyanaz, vagy mégsem? A szelvényregeneráció új megközelítésben



*A résztvevők nem járultak hozzá az OTDK-n bemutatandó előadásuk online, élő közvetítéséhez.

ÁLLATÖKOLÓGIA, FAUNISZTIKA, TAXONÓMIA

2025.04.15., BI-164 - Szent-Györgyi Albert terem, 14:00 – 18:40

Zsűrielnök:

Dr. Torma Attila (SZTE)

Zsűritagok

Dr. Mátics Róbert (PTE), Dr. Boda Pál (HUN-REN ÖKO), Dr. Lőrinczi Gábor (SZTE)

14:00 – 14:20: Kanyó Kincső-Emőke (Sapientia EMTE, Kolozsvári Kar)

Pókközösségek szerkezetének összehasonlító vizsgálata a Néra-szurdok – Beusnica Nemzeti Parkban

14:20 – 14:40: Molnár Szonja Szilvia (ÁTE)

Genotoxikus hatások vizsgálata mikronukleusz teszttel városi környezetben élő kockás siklókon (*Natrix tessellata*)

14:40 – 15:00: Örkényi Zoltán (ÁTE)

Hőstressz által indukált ivarváltásra való hajlam összehasonlítása erdei és antropogén területeken élő populációk között erdei békánál (*Rana dalmatina*)

15:00 – 15:20: SZÜNET

15:20 – 15:40: Rák Gergő Attila (ELTE-TTK)

A rákosi vipera (*Vipera ursinii rakosiensis*) élőhelyválasztása a Kiskunságban: preferencia az élőhelyfoltok határa felé

15:40 – 16:00: Székely Áron (ELTE-TTK)

Futóbogarak (Coleoptera: Carabidae) táplálkozási deficitjének vizsgálata különböző erdészeti kezelések alatt álló fás élőhelyeken

16:00 – 16:20: Takács Panna Tamara (EKKE-TTK)

Összehasonlító talaj és fitofág faunisztikai vizsgálatok budapesti szigeteken

16:20 – 16:40: SZÜNET

16:40 – 17:00: Takács Péter (ELTE-BDPK)

Két parazita atkafaj vizsgálata hazai énekesmadarakon

17:00 – 17:20: Zám Izabella (SOE-EMK)

Echinococcus multilocularis terjedésében résztvevő fajok vizsgálata urbánus élőhelyen

17:20 – 17:40: SZÜNET

*A résztvevők nem járultak hozzá az OTDK-n bemutatandó előadásuk online, élő közvetítéséhez.

17:40 – 18:00: Benedek Szonja* (PE-MK)

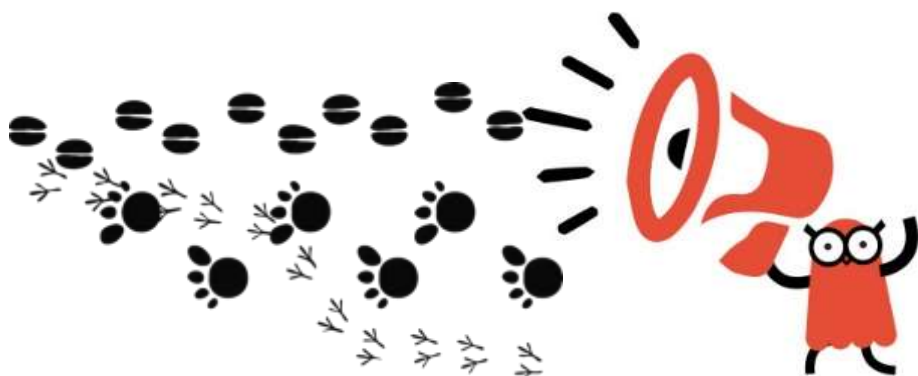
Levegőszennyező komponensek akkumulációja és toxicitása a saláta-szárazföldi csiga táplálékhálózatában

18:00 – 18:20: Flibert Réka Hajnalka* (PTE-TTK)

Gabona parcellákban szerveződő kisemlős közösségek összehasonlítása

18:20 – 18:40: Poór Hanka, Szabó Júlia* (PTE-TTK)

Erdősávval határolt mezőgazdasági parcella kisemlős közösségének változása az őszi búza és az aratást követő visszazöldítés időszakában



*A résztvevők nem járultak hozzá az OTDK-n bemutatandó előadásuk online, élő közvetítéséhez.

ANTROPOLÓGIA ÉS ÁLLATSZERVEZETTAN

2025.04.16., BI-164 - Szent-Györgyi Albert terem, 9:00 – 11:20

Zsűrielnök:

Dr. János István (NYE)

Zsűritagok

Dr. Ferincz Árpád (MATE), Dr. Dudás-Boda Eszter (NSZKK)

9:00 – 9:20: Adilov Alexandra (EKKE-TTK)

Eredeti és áthelyezett fészkekből kikelt közönséges levesteknős (*Chelonia mydas*) fiókák páncél alakjának összehasonlítása

9:20 – 9:40: Gellai Fanni (SZTE-TTIK)

A mohácsi III. számú tömegsír embertani leletanyagának posztkraniális elemein megfigyelt perimortem sérülések előzetes oszteoarcheológiai vizsgálatának eredményei

9:40 – 10:00: Pallos Réka (ÁTE)

Morfometriai vizsgálatok balatoni sügereken (*Perca fluviatilis*)

10:00 – 10:20: SZÜNET

10:20 – 10:40: Takács Beatrix (EKKE-TTK)

Morfológiai különbségek eredeti és áthelyezett fészkekből kikelt közönséges levesteknős (*Chelonia mydas*) fiókák között

10:40 – 11:00: Temple Ramóna (SZTE-TTIK)

Antropológiai nemmeghatározási módszerek összehasonlító vizsgálata avar kori humán csontleleteken

11:00 – 11:20: Vágvölgyi Lili (SZTE-TTIK)

A Mohácsi III. számú tömegsírból előkerült mandibulák fejlődési rendellenességeinek elemzése



BIOINFORMATIKA ÉS RENDSZERBIOLÓGIA

2025.04.16., BI-167 - Ábrahám Ambrus terem, 9:00 – 13:00

Zsűrielnök:

Dr. Dobson László (HUN-REN TTK)

Zsűritagok

Dr. Vízkeleti Laura (SE), Dr. Szeifert Bea (HUN-REN ABTK)

9:00 – 9:20: Bán Botond (SZTE-TTIK)

Imputáció az Archeogenetikában: Módszertani kihívások és lehetőségek a genom rekonstrukció javítására

9:20 – 9:40: Gál Nóra (MATE-GBI)

A hőindukált GUT15/CR20 lncRNS család vizsgálata bioinformatikai módszerekkel

9:40 – 10:00: Hegedűs Dániel, Juhász Márk Hunor (ELTE-TTK)

Methods for pruning phylogenetic trees

10:00 – 10:20: SZÜNET

10:20 – 10:40: Juhász Judit (PPKE-ITK)

Skálázható, MinHash alapú szekvencia-reprezentációk kidolgozása és vizsgálata

10:40 – 11:00: Kecskés Dorka (PPKE-ITK)

Analysis and control of stochastic gene regulation network models using compartmental discretization

11:00 – 11:20: Kerékgyártó Márton (PPKE-ITK)

Optimizing single α -helix detection algorithm on FPGA

11:20 – 11:40: Kiss Gergely, Paless Ágoston (BME-GPK és PPKE-ITK)

Immunsejt-tumor interakciók térbeli, sztochasztikus, ágens alapú modellje -
Kölcsönható rácsok módszere

11:40 – 12:00: SZÜNET

12:00 – 12:20: Magyary István (SZTE-TTIK)

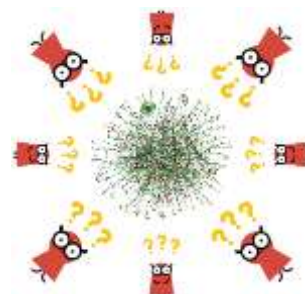
Az emberi metabolom és betegségek kapcsolatának vizsgálata a UK Biobank adatsor segítségével

12:20 – 12:40: Stier Alma Beatrix (PPKE-ITK)

Sztochasztikus mikrotubulus-kinetokor kötődés, mint a metafázis-anafázis átmenet irányítója a mitotikusan feltartóztatott sejtekben

12:40 – 13:00: Tfirst Dóra (ELTE-TTK)

Az extrém hosszú élettartam genetikai vizsgálata teljes genom szekvencia alapján kutya



BIOTECHNOLÓGIA

2025.04.16., BI-182 - Ferenczy Lajos terem, 9:00 – 13:20

Zsűrielnök:

Prof. Dr. Fekete Erzsébet (DE)

Zsűritagok

Dr. Meiczinger Mónika (PE), Dr. Németh Áron (BME), Dr. Zsilinszky Ingrid (BAY-BIO)

9:00 – 9:20: Dabosi Zsombor (SZTE-TTIK)

Fenntartható hidrogéntermelés megvalósítása váltakozó fényintenzitáson *pgr5* mutáns *Chlamydomonas* zöldalgával

9:20 – 9:40: Erdélyi Dorina (Óbudai Árpád Gimnázium)

Cellulóz és lignocellulóz tartalmú hulladékok talajbaktériumokkal történő komposztálásának vizsgálata

9:40 – 10:00: Faggyas Flóra (Tóth Árpád Gimnázium)

Aspergillus terreus és az itakonsav: egy zöldebb jövőért

10:00 – 10:20: Fejér Rebeka (Sapientia EMTE, Csíkszeredai Kar)

Bioszimiláris Nivolumab monoklonális antitest affinitás kromatográfiás tisztítása CHO sejt kultúrából

10:20 – 10:40: SZÜNET

10:40 – 11:00: Gudor Szilárd (Sapientia EMTE, Csíkszeredai Kar)

Ipilimumab monoklonális antitest expressziója HEK293 humán sejtvonalban

11:00 – 11:20: Hoffmann Klaudia (SZTE-TTIK)

Egy használt kenőolajjal szennyezett talaj *ex situ* biostimulációs kármentesítésének fokozása a *Micrococcus luteus* extracelluláris szervesanyagának ismételt adagolásával

11:20 – 11:40: Koka Alice (Sapientia EMTE, Csíkszeredai Kar)

Nivolumab (PD-1-gátló) klónozása és expressziója emlős sejtvonalban

11:40 – 12:00: SZÜNET

12:00 – 12:20: Kovács Dániel (SZTE-TTIK)

Rhizomucor pusillus gomba β -galaktozidázok vizsgálata: rekombináns enzimfehérje termeltetés, tisztítás és jellemzés

12:20 – 12:40: Kőházi-Kis Anna (SZTE-TTIK)

Bio-fotovoltaikus rendszer tervezése és optimalizálása *Parachlorella kessleri* MACC-38 algal törzs alkalmazásával

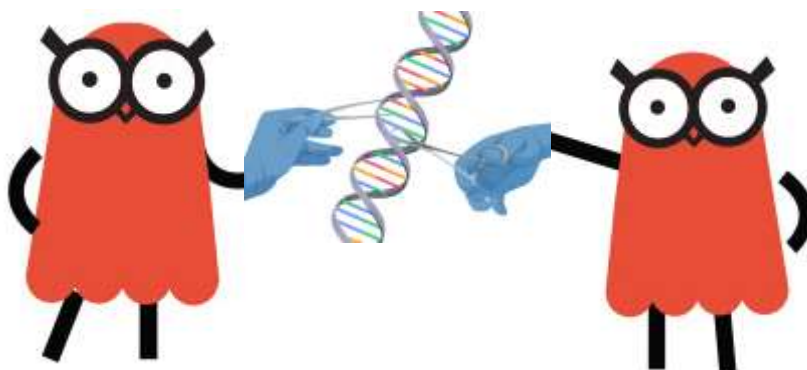
*A résztvevők nem járultak hozzá az OTDK-n bemutatandó előadásuk online, élő közvetítéséhez.

12:40 – 13:00: Reznyák Brigitta (SZTE-TTIK)

Egy *Lichtheimia ramosa* glikozid hidroláz 31 fehérje termeltetése heterológ rendszerben

13:00 – 13:20: Huszár Márta* (SZTE-TTIK)

A lignocellulóz hasznosítás fokozása a bendőben és a biogáz fermentorban lévő anaerob gombák, metanogének és baktériumok közötti szintrófikus kölcsönhatások révén



*A résztvevők nem járultak hozzá az OTDK-n bemutatandó előadásuk online, élő közvetítéséhez.

ETOLÓGIA ÉS VISELKEDÉSBOLÓGIA 1.

2025.04.15., BI-132 - Ereky Károly terem, 14:00 – 17:40

Zsűrielnök:

Dr. Horváth Gergely (ELTE)

Zsűritagok

Dr. Barsy Boglárka (HUN-REN KOKI), Dr. Vági Balázs (DE)

14:00 – 14:20: Bán Kata Anna (SZTE-TTIK)

Mennyi az annyi? Mennyiségi diszkrimináció vizsgálata mesterséges környezetben élő újlégi majmoknál

14:20 – 14:40: Csáki Dominika (Alternatív Közgazdasági Gimnázium)

A paradicsomhalak jelleme: mélytanulási algoritmusok felhasználása komplex viselkedésformák non-invazív detektálására

14:40 – 15:00: Lugosi Csenge Anna (ELTE-TTK)

Dependens Együttműködők: A megoldhatatlan feladat esete a munkakutya fajtákkal

15:00 – 15:20: SZÜNET

15:20 – 15:40: Moravcsik Anna Ágnes (ELTE-TTK)

A kutyák a gyerekekéhez hasonló proszociális viselkedést mutatnak, a macskák nem

15:40 – 16:00: Roszik Sára (ELTE-TTK)

Mitől borzonganak a kutyák? – Fajfelismerés vizsgálata kutya-robot interakciók tanulmányozásával

16:00 – 16:20: Sinkó Zalán (PTE-TTK)

A dimetil triszulfid endokannabinoid rendszeren keresztül kifejtett anxiolitikus és antidepresszáns hatásának vizsgálata

16:20 – 16:40: SZÜNET

16:40 – 17:00: Tarcsa Virág (ELTE-TTK)

Digitális atlasz létrehozása kínai paradicsomhal (*Macropodus opercularis*) agyműködésének vizsgálatára

17:00 – 17:20: Vig Eszter Aletta (ELTE-TTK)

A széncinege (*Parus major*) emberrel szembeni kockázatvállaló viselkedésének genetikai háttere

17:20 – 17:40: Zoller Kata Zsófia (ELTE-TTK)

Comparing the social competence of different companion animal species



ETOLÓGIA ÉS VISELKEDÉSBIOLOGIA 2.

2025.04.16., BI-523 - Hallgatói laboratórium, 9:00 – 12:00

Zsűrielnök:

Prof. Dr. Barta Zoltán (DE)

Zsűritagok

Dr. Markó Bálint (BBTE), Dr. Darnai Gergely (PTE)

9:00 – 9:20: Dobos Petra (ELTE-TTK)

Kerülnél velem? Nos, ez a kutyaajtától függ! A funkcionális fajtaszelekció szerepe a szociális tanulásban kutyáknál

9:20 – 9:40: Pécsy Fanni (SZTE-TTIK)

Előnyös-e mindig agresszívnek lenni? Szociálpaziták elleni agresszivitás szezonális dinamikája egy rabszolga hangyafajnál

9:40 – 10:00: Rácz Dorottya Szilvia (ELTE-PPK)

Hangok egyedi szinten történő elkülönítésének vizsgálata a kutyaagban gyors periodikus auditoros ingerlés segítségével

10:00 – 10:20: Stromájer Zille Ajsa (Kaposvári Munkácsy Mihály Gimnázium)

Koffeinfogyasztási szokások felmérése középiskolások körében, és az energiatartalom koffeintartalmának mérése

10:20 – 10:40: SZÜNET

10:40 – 11:00: Szigeti Balázs (ELTE-TTK)

Investigating the context dependency of dogs' separation behaviour

11:00 – 11:20: Veres Blanka (ELTE-TTK)

Együtt egyenesbe jövünk! - kutyák szociális tanulásának vizsgálata egyenes és V-alakú akadály megkerülésekor

11:20 – 11:40: Ábel Zsóka Mária* (PTE-TTK)

Az 5G technológia rádiófrekvenciás expozíciójának hatásai patkányok kognitív teljesítményére és általános jóllétére

11:40 – 12:00: Balkó Eszter Fruzsina* (ÁTE)

A csökkent AgRP neuron-funkció hatása a testsúlyra, élettartamra és viselkedésre kalória restrikciós egerekben



*A résztvevők nem járultak hozzá az OTDK-n bemutatandó előadásuk online, élő közvetítéséhez.

EVOLÚCIÓ- ÉS POPULÁCIÓBIOLÓGIA

2025.04.15., BI-024 - Kolosváry Gábor terem, 14:00 – 17:00

Zsűrielnök:

Dr. Márton Mihály (MATE)

Zsűritagok

Dr. Maák István (SZTE), Dr. Herczeg Dávid (ELTE)

14:00 – 14:20: Fébert Fanni Adina (ELTE-TTK)

Hozzájárulhatnak-e szexuális kölcsönhatások versengő populációk együttélésének dinamikus stabilitásához?

14:20 – 14:40: Kittlinger Villó (SZTE-TTIK)

A többsejtű formák evolúciójának vizsgálata *Saccharomyces cerevisiae*-ben

14:40 – 15:00: Kozma Ferenc Sándor (DE-TTK)

Szezon hatása a génexpresszióra nagyfejű csajkókban (*Lethrus apterus*)

15:00 – 15:20: Mándi Mihály Gábor (DE-TTK)

VerteBrainData: Több mint 6000 gerinces faj átfogó agyméret-adatbázisa és annak használata

15:20 – 15:40: SZÜNET

15:40 – 16:00: Marcsó Soma (ELTE-TTK)

A ramet mortalitás növekedéssegítő hatása klonális növényekben

16:00 – 16:20: Széles Lilla (SZTE-TTIK)

Evolúciósan konzervált metabolitarányok szisztematikus feltérképezése emlősökben

16:20 – 16:40: Tisza Ádám Bálint (ELTE-TTK)

Genetic structure and diversity of Eastern Imperial Eagle populations across Eurasia

16:40 – 17:00: Hajdu Sarolta* (PTE-TTK)

Három regionális gyöngybagoly (*Tyto alba*) populáció táplálkozásának összehasonlító elemzése



*A résztvevők nem járultak hozzá az OTDK-n bemutatandó előadásuk online, élő közvetítéséhez.

HIDROBIOLÓGIA

2025.04.16., BI-164 - Szent-Györgyi Albert terem, 15:00 – 18:00

Zsűrielnök:

Dr. Szalma Elemér (SZTE)

Zsűritagok

Dr. Eszterbauer Edit (HUN-REN ATKI), Dr. Orbán László (MATE)

15:00 – 15:20: Gergács Bence (ELTE-TTK)

A vízimadarak általi endozoochória szerepe a zooplankton tartóspeték diszperziójában

15:20 – 15:40: Buttyán Bence (ELTE-TTK)

Az urbanizáció hatása a budapesti városi tavak zooplankton közösségeire

15:40 – 16:00: Fera Gábor (SZE-AKMK)

Inváziós tízlábú rákok (Crustaceae, Decapoda) predációs hatásának vizsgálata tüskés pikó

16:00 – 16:20: Földi Kristóf (EKKE-TTK)

Táplálkozás és gyomortartalom vizsgálatok a Capniidae téli álkérés (Plecoptera) család Japán fajainak imágóin

16:20 – 16:40: SZÜNET

16:40 – 17:00: Bischof-Weisz Dorottya (PE-MK)

A globális felmelegedés várható hatása az édesvízi zooplankton közösség szerveződésre, mennyiségi viszonyaira és diverzitására

17:00 – 17:20: Huttman Máté (DE-TTK)

A Sebes-Körös és a Holt-Sebes-Körös halfaunája és halközösség alapú ökológiai állapotértékelése

17:20 – 17:40: Papp Krisztián Szabolcs (EKKE-TTK)

Az invazív *Mnemiopsis leidyi* bordásmedúza (Ctenophora) faj szaporodása és korai egyedfejlődése az Észak-Adriai-tengerben

17:40 – 18:00: Szolnoki Anna (ÁTE)

A Balaton halállományának jellemzése környezeti DNS mintavételek alapján



IMMUNOLÓGIA

2025.04.15., BI-343 - Kevei Ferenc terem, 14:00 – 16:20

Zsűrielnök:

Dr. Búzás Krisztina (SZTE)

Zsűritagok

Dr. Pomozi Viola (HUN-REN TTK), Dr. Lipinszki Zoltán (HUN-REN SZBK)

14:00 – 14:20: Bogya Stefáni Zsófia (BBTE)

A bursa szekréciós dendritikus sejtek karakterizálása új monoklonális ellenanyagokkal

14:20 – 14:40: Haskó Zsolt (ELTE-TTK)

A H faktor fehérjecsalád tagjai és a C3b komplement fehérje közötti kölcsönhatások vizsgálata

14:40 – 15:00: Homoki Eszter (DE-TTK)

Resolvin-D1 és HMGB1 hatása mezenchymális sztrómasejtek immunmoduláló képességére

15:00 – 15:20: SZÜNET

15:20 – 15:40: Kovács Anna (PTE-TTK)

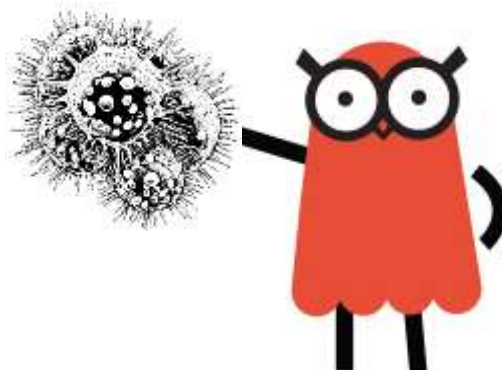
Anti-foszfolipid antitestek vizsgálata többszöri sikertelen *in vitro* fertilizáción (IVF) átesett nőkben

15:40 – 16:00: Poscher Anna Zsófia (SZTE-TTIK)

Az IL-4 és a hipoxiás mikrokörnyezet együttes hatása a makrofágok transzkripciós és epigenetikai programjára

16:00 – 16:20: Vincze Vázsony Viktor (ELTE-TTK)

A hősoikk transzkripciós faktor HSF-1 szerepe a fonálféreg *Caenorhabditis elegans* intracelluláris patogén válaszában



MIKROBIOLÓGIA (EUKARIÓTA)

2025.04.16., BI-527 - Bartucz Lajos terem, 14:00 – 18:40

Zsűrielnök:

Prof. Dr. Kovács M. Gábor (ELTE)

Zsűritagok

Dr. Pintye Alexandra (HUN-REN ATK), Dr. Kuczmog Anett (PTE),

Dr. Maróti Gergely (HUN-REN SZBK)

14:00 – 14:20: Frankó Boglárka (SZTE-TTIK)

Járomspórás gombák extracelluláris vezikuláinak jellemzése

14:20 – 14:40: Jánvári Zsófia (SZTE-TTIK)

A leucin- és uracil auxotrófia fiziológiára, továbbá virulenciára gyakorolt hatásának vizsgálata a *Mucor lusitanicus* vad típusú-, egyszeres- és kétszeres auxotróf mutáns törzseinek felhasználásával

14:40 – 15:00: Kegyes-Brassai Eszter Kinga (PPKE-ITK)

Fluoreszcens fehérjékkel jelölt élesztők vizsgálata mikrofluidikai eszközökkel

15:00 – 15:20: Péter Áron (SZTE-TTIK)

Transzkripciós faktorok szerepének tisztázása a *Mucor lusitanicus* azolokkal szembeni rezisztenciájában

15:20 – 15:40: SZÜNET

15:40 – 16:00: Selmeci Mátyás (SZTE-TTIK)

A *Candida parapsilosis* CPAR2_702260 deléciós mutáns jellemzése a hőmérséklet tolerancia vonatkozásában

16:00 – 16:20: Szathmári Benedek (SZTE-TTIK)

Termőtestképzésben potenciálisan szerepet játszó, RNS-kötő fehérjét kódoló gének funkcionális jellemzése *Coprinopsis cinerea* modellszervezetben

16:20 – 16:40: Takács Péter (ELTE-BDPK)

Kerecsensólymok vérparazita fertőzöttségének felmérése és egy új valós idejű PCR módszer tesztelése

16:40 – 17:00: Tóth Gábor Ábris (ÁTE)

A *Batrachochytrium dendrobatidis* kételtűkórokozó varangymérgekkel szembeni érzékenységének vizsgálata

17:00 – 17:20: SZÜNET

*A résztvevők nem járultak hozzá az OTDK-n bemutatandó előadásuk online, élő közvetítéséhez.

17:20 – 17:40: Boros Bence* (DE-TTK)

Yap1 ortológ FvnapA bZIP-típusú transzkripciós faktor vizsgálata *Fusarium verticillioides*ben

17:40 – 18:00: Kasuba Csenge* (SZTE-TTIK)

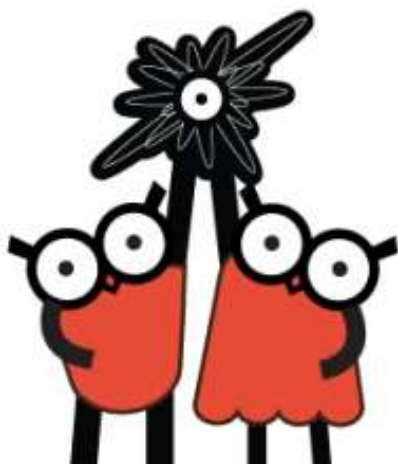
Az AN5397 lakkáz gén deléciója és a deléció hatásának vizsgálata *Aspergillus nidulans*ban

18:00 – 18:20: Salamon Bettina Kitti* (PTE-TTK)

Minimális gátlókoncentráció meghatározására alkalmas módszerek összehasonlító vizsgálata *Aspergillus* fajok esetében

18:20 – 18:40: Schwartz Balázs* (SZTE-TTIK)

Baktérium-gomba kölcsönhatás metabolomikai hátterének vizsgálata



*A résztvevők nem járultak hozzá az OTDK-n bemutatandó előadásuk online, élő közvetítéséhez.

MIKROBIOLÓGIA (PROKARIÓTA)

2025.04.16., BI-527 - Bartucz Lajos terem, 9:00 – 13:00

Zsűrielnök:

Prof. Dr. Márialigeti Károly (ELTE)

Zsűritagok

**Dr. Olasz Ferenc György (MATE), Dr. Pappné Dr. Abrok Marianna (SZTE),
Dr. Kós Péter (HUN-REN SZBK)**

9:00 – 9:20: Benedek Barbara (SZTE-TTIK)

Az antibiotikum-rezisztencia növelheti a *K. pneumoniae* inváziós képességét és citotoxicitását

9:20 – 9:40: Erika Yomalli Mera Cruz (MATE-ÉTTI)

Identification of bell pepper (*Capsicum annum* L.) microbiota and assessment of antibiotic resistance of foodborne bacteria

9:40 – 10:00: Karsai Noémi (BBTE)

Rézkomplexek hatásának vizsgálata a *Staphylococcus aureus* és a *Serratia marcescens* baktériumtörzsek fejlődésére és aktivitására

10:00 – 10:20: Kurkó Eszter (SZTE-TTIK)

A kettős célpontú permeabilizáló antibiotikumok hatékonyak a polimixin B rezisztens baktériumtörzsekkel szemben

10:20 – 10:40: SZÜNET

10:40 – 11:00: Sipos Levente (SZTE-TTIK)

Profág régiók szisztematikus vizsgálata genomszerkesztési módszerekkel

11:00 – 11:20: Szabó Dóra (DE-TTK)

A szőlő Esca betegségét okozó *Phaeomoniella chlamydospora* gomba és az endofita *Erwinia billingiae* baktérium kölcsönhatásának *in vitro* és *in planta* vizsgálata

11:20 – 11:40: Tari Kitty (SZTE-TTIK)

Pseudomonas izolátumok metabolomikai vizsgálata

11:40 – 12:00: SZÜNET

12:00 – 12:20: Urbán Anna (SZTE-TTIK)

Mikrofluidikai eszköz tervezése baktérium mikrokolóniák vizsgálatához

12:20 – 12:40: Vonyó András Zoltán (SZTE-TTIK)

Változott virulenciájú baktériumvonalak érzékenységének vizsgálata az immunrendszer nem-sejtes komponenseivel szemben



MOLEKULÁRIS GENETIKA 1.

2025.04.15., BI-182 - Ferenczy Lajos terem, 14:00 – 18:40

Zsűrielnök:

Prof. Dr. Vellai Tibor (ELTE)

Zsűritagok

Dr. Hoffman Gyula (PTE), Dr. Szabó Krisztián (ÁTE), Dr. Szabó Áron (HUN-REN SZBK)

14:00 – 14:20: Basa Márton (MATE-GBI)

Hőstressz hatására az RNS irányította DNS metiláció útvonal génjei aktiválódnak búzában és árpyában

14:20 – 14:40: Csipkay Krisztina (ELTE-TTK)

Conserved C-terminal segment of human single-stranded DNA-binding proteins facilitates protein condensation

14:40 – 15:00: Érfalvy Dávid (ELTE-TTK)

Bioengineering of single-stranded DNA binding protein to unravel the role of liquid-liquid phase separation in bacterial genome maintenance

15:00 – 15:20: Horváth Karolina Dóra (Debreceni Egyetem Kossuth Lajos Gyakorló Gimnáziuma és Általános Iskolája)

A KCNQ2 gén genetikai vizsgálata

15:20 – 15:40: SZÜNET

15:40 – 16:00: Koltai Zsófia (SZTE-TTIK)

Nemi különbségek az izom- és agyszövetben termelődő miokinek és hősokkfehérjék expressziójában egy hét futást követően

16:00 – 16:20: Larionov Tünde Aida (ELTE-TTK)

Kutyavonyítással asszociálható gének feltárása

16:20 – 16:40: László Szilvia (Sapientia EMTE, Csíkszeredai Kar)

SARS-CoV-2 indukált sejthalál vizsgálata felső légutak hámsejtjeiben

16:40 – 17:00: Nagy Éva Zsuzsanna (SZTE-TTIK)

MiR-137 és miR-219 túltermelés hatásának vizsgálata Drosophila Alzheimer kór modellben

17:00 – 17:20: SZÜNET

17:20 – 17:40: Németh Rita Mónika (ELTE-TTK)

Establishing knockout cell lines to examine the cellular function of human single-stranded DNA binding proteins

17:40 – 18:00: Petrus Júlia (SZTE-TTIK)

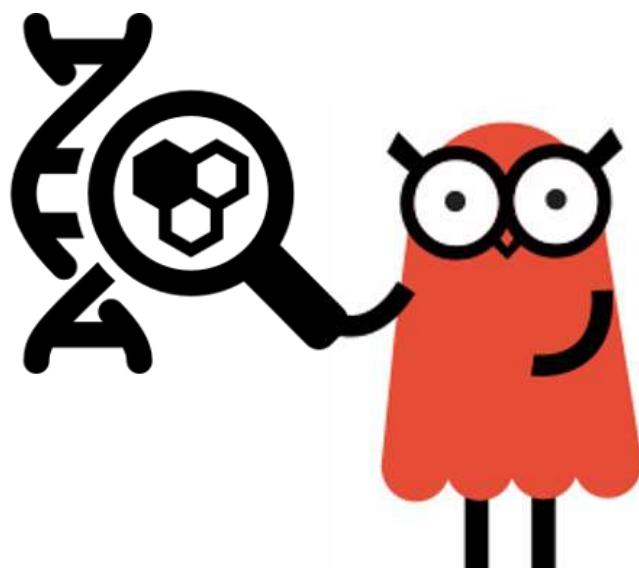
FLX-LIKE fehérjék kölcsönhatásának vizsgálata a TOC1 órafehérjével *Arabidopsis thaliana* modellszervezetben

18:00 – 18:20: Szafián Dorottya Anna (SZTE-TTIK)

A Velvet regulátorok szerepének vizsgálata bazídiumos gombák termőtestképzésében

18:20 – 18:40: Török Virág Anna (SZTE-TTIK)

Hódmezővásárhely, Kenyere-ér: Egy szarmata kori temető teljes archeogenetikai feldolgozása



MOLEKULÁRIS GENETIKA 2.

2025.04.16., BI-132 - Ereky Károly terem, 14:00 – 18:40

Zsűrielnök:

Dr. Silhavy Dániel (HUN-REN SZBK)

Zsűritagok

Dr. Szőke Antal (MATE), Dr. Szeverényi Ildikó (MATE), Dr. Turu Gábor (SE)

14:00 – 14:20: Abdulrahman Mohamed Alsadiq Abdulmohsen Seddik (ELTE-TTK)

Differential gene expression in zebrafish recql4 mutants: a transcriptomic analysis

14:20 – 14:40: Bélai Emese Krisztina (SZTE-TTIK)

Az ncPRC1 neurális differenciációban betöltött szerepének vizsgálata
funkcióvesztéses egér őssejtvonalak alkalmazásával

14:40 – 15:00: Csikós Gellért (SZTE-TTIK)

Dél-szibériai bronzkori kultúrák archeogenetikai vizsgálata

15:00 – 15:20: Honétzy Natália (PTE-TTIK)

Spermiumok DNS-fragmentáció meghatározása, mint az asszisztált reprodukciós
kivizsgálás új iránya

15:20 – 15:40: SZÜNET

15:40 – 16:00: Huba Flóra Anna (ELTE-TTK)

Az uracil-DNS-glikoziláz (Unga) funkcionális szerepe és genetikai vizsgálata mutáns
zebradánió vonalakban

16:00 – 16:20: Kómár Vince (ELTE-TTK)

DNM2 gén intracelluláris funkciójának vizsgálata siRNS modell segítségével

16:20 – 16:40: Lepár Dávid (SZTE-TTIK)

A tesztisz-specifikus proteaszóma genetikai és molekuláris jellemzése *Drosophila melanogaster*ben

16:40 – 17:00: Li Luca Kamilla (ELTE-TTK)

Humanizált ABCC6 mutáns zebrahalvonal létrehozása a pseudoxanthoma elasticum
betegség modellezésére

17:00 – 17:20: SZÜNET

17:20 – 17:40: Nagy Máté (ÁTE)

Molekuláris ivar-meghatározási módszer fejlesztése afrikai ökörbékában
(*Pyxicephalus adspersus*)

17:40 – 18:00: Nagy Vivien (SZTE-TTIK)

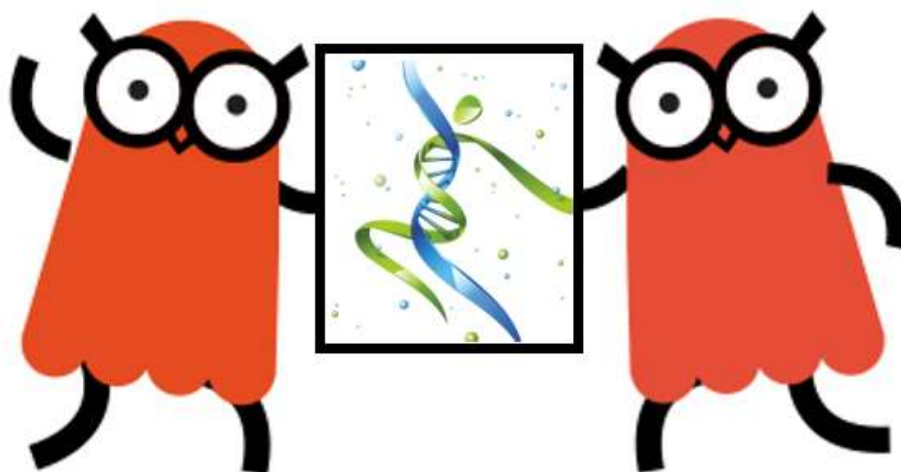
Az NF κ B p65 transzkripciós faktor expressziójának bélszakasz-specifikus változása 1-es típusú diabéteszes patkánymodellben

18:00 – 18:20: Peágics Enikő Enid (PPKE-ITK)

A posztzinaptikus Shank3 fehérje pontmutációk kóroki szerepének kísérletes és bioinformatikai vizsgálata

18:20 – 18:40: Balázs Sámuel (PPKE-ITK)

A mikroRNS-ek stabilitásának szabályozása: a célpont által kiváltott mikroRNS lebomlás (target-directed microRNA degradation, TDMD) vizsgálata



MOLEKULÁRIS SEJTBOLÓGIA 1.

2025.04.16., BI-024 - Kolosváry Gábor terem, 9:00 – 12:40

Zsűrielnök:

Dr. Atlasz Tamás (PTE)

Zsűritagok

Dr. Bugyik Edina (SE), Dr. Szabó Edit Zsuzsanna (HUN-REN TTK)

9:00 – 9:20: Béres Bence (SZTE-TTIK)

Az ER-fágia és a kanonikus makroautofágia utak kapcsolata *Drosophila melanogaster*-ben

9:20 – 9:40: Csefkó-Kis Veronika (ELTE-TTK)

A PXo testek karakterizálása az endolizoszomális rendszerben

9:40 – 10:00: Farkas Erika (ELTE-TTK)

A szekréciós granulumok membránfehérjéinek dinamikája ecetmuslica lárvális nyálmirigyében

10:00 – 10:20: SZÜNET

10:20 – 10:40: Kajári Lilian (SZTE-TTIK)

Primer humán intesztinális fibroblaszt sejtkultúra létrehozása és karakterizálása gyulladásos bélbetegségben

10:40 – 11:00: Kucsápszky Nóra (SZTE-TTIK)

A vér-agy gát változásainak vizsgálata akut hasnyálmirigy-gyulladásos beteg szérumok tanulmányozásával

11:00 – 11:20: Nemes Nóra Panna (DE-TTK)

A Vanilloid Receptor 4 (TRPV4) szerepe egér porcosodó kultúrákban

11:20 – 11:40: SZÜNET

11:40 – 12:00: Neuhauser Natali (ELTE-TTK)

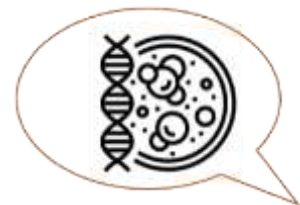
Az autofágia különböző lépéseinek hatása tumorfejlődésre

12:00 – 12:20: Párdi Koppány (SZTE-TTIK)

A vér-agy gát védelme, mint terápiás célpont az iszkémiás sztrók sejttenyészetes modelljében

12:20 – 12:40: Szalmási Katinka (SZTE-TTIK)

Szomatikus LINE-1 aktivitás vizsgálata másodgenerációs LINE-1 retrotranszpozon riporterekkel



MOLEKULÁRIS SEJTBOLÓGIA 2.

2025.04.16., BI-343 - Kevei Ferenc terem, 14:00 – 17:00

Zsűrielnök:

Prof. Dr. Deli Mária (HUN-REN SZBK)

Zsűritagok

Dr. Wiener Zoltán (SE), Dr. Czimmerer Zsolt (HUN-REN SZBK)

14:00 – 14:20: Balogh Virág (ELTE-TTK)

A PI3K(III)-komplex és a Hsc70-4 kapcsolatának vizsgálata *Drosophila* nefrocitában

14:20 – 14:40: Barnai Szintia (SZTE-TTIK)

Az E-syt1 funkciójának tanulmányozása az intracelluláris cAMP és Ca^{2+} jelátvitel összefüggéseiben

14:40 – 15:00: Batka Boglárka (SZTE-TTIK)

Magzatokból származó humán hasnyálmirigy duktális organoidok vizsgálata, mint lehetséges modellrendszer

15:00 – 15:20: Borosta Roberta (SZTE-TTIK)

A Glioxaláz rendszer neurodegenerációra gyakorolt hatásának vizsgálata Huntington-kór és Alzheimer-kór modellekben

15:20 – 15:40: SZÜNET

15:40 – 16:00: Fürstenhoffer Fanni (ELTE-TTK)

A nem-centroszomális MTOC autofágiában betöltött szerepe

16:00 – 16:20: Gáliková Ramóna (ELTE-TTK)

GTP-áz aktiváló fehérjék szerepének vizsgálata a lizoszóma exocitózisban

16:20 – 16:40: Kiss Anna (DE-TTK)

A szöveti transzglutamináz szerepének vizsgálata a faggyúsejtek autofágiás folyamataiban

16:40 – 17:00: Horváth Zsófia (SZTE-TTIK)

A kalcium kiáramlás zavarának vizsgálata pankreász duktális adenokarcinóma (PDAC) sejtekben



NEUROBIOLÓGIA ÉS NEUROFIZIOLÓGIA 1.

2025.04.16., BI-343 - Kevei Ferenc terem, 9:00 – 12:40

Zsűrielnök:

Prof. Dr. Farkas Eszter (SZTE)

Zsűritagok

Dr. Rancz Ede (INSREM), Prof. Dr. Wittner Lucia (HUN-REN TTK)

9:00 – 9:20: Bautista Soldevila Áron (ELTE-TTK)

The function of brain lateralisation in *Drosophila* decision making

9:20 – 9:40: Egyed Máté (ELTE-TTK)

Oxytocin receptor-expressing neurons in the medial preoptic area affect social behaviour

9:40 – 10:00: Gál Zsuzsanna Tamara (ELTE-TTK)

A purinerg P2Y receptorcsalád szerepe a perifériás kemoreceptor működésben

10:00 – 10:20: SZÜNET

10:20 – 10:40: Kádár Zalán (SZTE-TTIK)

Eltérő progressziójú ALS-es egérmmodellek alkotása és karakterizálása betegek vérszérumának felhasználásával

10:40 – 11:00: Sólyomvári Csenge (PTE-TTK)

A dehidroepiandrosteron protektív hatásainak vizsgálata neurotoxikus Alzheimer kóros egérmmodellben

11:00 – 11:20: SZÜNET

11:20 – 11:40: Tavaszi Tamara (ELTE-TTK)

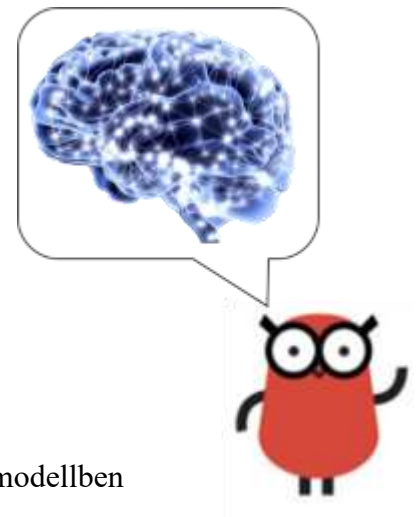
Humán cinguláris kérgi neuronok gátló innervációja szkizofréniában

11:40 – 12:00: Török András (ELTE-TTK)

Caskin1, a neuronal scaffold protein, regulates repetitive behaviour in mice

12:00 – 12:20: Juhász Zsombor* (ELTE-TTK)

Tüske-hullám aktivitás modulációja egér abszensz epilepszia modellben



*A résztvevők nem járultak hozzá az OTDK-n bemutatandó előadásuk online, élő közvetítéséhez.

NEUROBIOLÓGIA ÉS NEUROFIZIOLÓGIA 2.

2025.04.16., BI-024 - Kolosváry Gábor terem, 14:00 – 17:00

Zsűrielnök:

Prof. Dr. Hernádi István (PTE)

Zsűritagok

Dr. Sántha Péter (SZTE), Rimayné Dr Ábrahám Hajnalka Gabriella (ELTE)

14:00 – 14:20: Kispál Réka Katalin (ÁTE)

A neuromodulátorok szerepének vizsgálata egerekben asszociatív tanuláson alapuló sztochasztikus jutalmazás során

14:20 – 14:40: Maróthy Róbert Dániel (ÁTE)

Stressz iránti sérülékenység agyi hálózati jellemzőinek feltérképezése poszttraumás stressz zavar modellben

14:40 – 15:00: Nguyen Eszter (PPKE-ITK)

Effect of electrical microstimulation parameters on *in vivo* neuronal calcium responses in the visual cortex of anesthetized mice

15:00 – 15:20: Petik Ábel (PPKE-ITK)

Nagy állatok agyának funkcionális képalkotással történő gyors feltérképezése

15:20 – 15:40: Somogyi Fanni (PPKE-ITK)

Hosszútávú, nem invazív jelölése a teljes agynak rekombináns adeno-asszociált vírusokkal preklinikai állatmodellben

15:40 – 16:00: SZÜNET

16:00 – 16:20: Stelcz Rebeka* (PPKE-ITK)

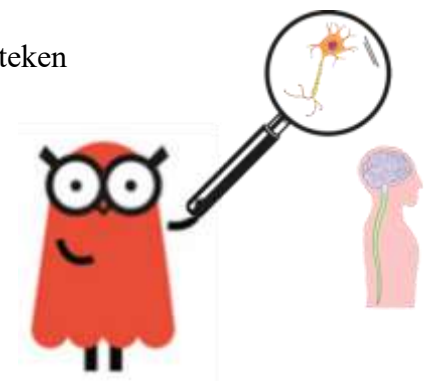
Humán organotipikus szövettenyészetek vizsgálata a központi idegrendszer felfedezéséhez

16:20 – 16:40: Szabó Sámuel* (ELTE-TTK)

Conserved molecular and cellular features of the Islands of Calleja

16:40 – 17:00: Vinga Krisztián*(SZTE-TTIK)

A DMT hatásának vizsgálata kortikális mikroglia tenyészeteken



*A résztvevők nem járultak hozzá az OTDK-n bemutatandó előadásuk online, élő közvetítéséhez.

NÖVÉNYÉLETTAN

2025.04.16., BI-523 - Hallgatói laboratórium, 14:00 – 17:40

Zsűrielnök:

Prof. Dr. Janda Tibor (HUN-REN ATK)

Zsűritagok

Prof. Dr. Máthé Csaba (DE), Prof. Dr. Papp István (MATE)



14:00 – 14:20: Hatt Róbert (PTE-TTIK)

Zöld memória: A csíranövény UV-kezelésének hatása a kifejlett növény antioxidáns/prooxidáns egyensúlyára

14:20 – 14:40: Karginov Rebeka (SZTE-TTIK)

LED-világításnak kitett mikrozöld növényfajok élettani összehasonlítása

14:40 – 15:00: Kovács Kamilla (SZTE-TTIK)

Szilícium-dioxid nanopartikulum-előkezelés hatása a későbbi CuO nanopartikulum-indukált stresszválaszra egyszikűekben

15:00 – 15:20: SZÜNET

15:20 – 15:40: Kovács Klára Terézia (SZTE-TTIK)

Az alfa-pinén és az etilén kölcsönhatásának vizsgálata paradicsom növények védekezése során

15:40 – 16:00: Kúti Kamilla (PTE-TTIK)

B6-vitamin függő válaszok különböző természetes UV tartományoknak kitett *Arabidopsis thaliana* modellnövényekben

16:00 – 16:20: Sípos Lilla (SZTE-TTIK)

Az UVR8 fotoreceptor foszforilációjának élettani hatásai *Arabidopsis thaliana* csíranövényben

16:20 – 16:40: Tóth-Nyári Zalán Gellért (SZTE-TTIK)

Mikroalgák és cianobaktériumok vizsgálata egy kompakt hiperspektrális fenotipizáló állomás segítségével

16:40 – 17:00: SZÜNET

17:00 – 17:20: Kovács Veronika* (ELTE-TTK)

A fotoszintetikus apparátus komplex-szerveződésének változásai mangánhiányos körülmények között

17:20 – 17:40: Róde Lea* (EKKE-TTK)

Ehető növényi csírák és mikrozöldek antioxidáns kapacitásának és összetételének vizsgálata különböző biomagokból

*A résztvevők nem járultak hozzá az OTDK-n bemutatandó előadásuk online, élő közvetítéséhez.

NÖVÉNYÖKOLÓGIA, FLORISZTIKA ÉS CÖNOLÓGIA

2025.04.15., BI-527 - Bartucz Lajos terem, 14:00 – 18:00

Zsűrielnök:

Dr. Csergő Anna Mária (MATE)

Zsűritagok

Dr. Engloner Attila (HUN-REN ÖKO), Dr. Csiszár Ágnes (SOE), Dr. Fóti Szilvia (MATE)

14:00 – 14:20: Baráz Emma (SZTE-TTIK)

Leggyakoribb inváziós fás szárú fajok términtázata a szegedi fűvészkertben

14:20 – 14:40: Fekete Kinga (SK-SJE)

Szünantróp élőhelyek florisztikai vizsgálata Gúta (Kolárovo) környékén

14:40 – 15:00: Horváth Levente Áron (ÁTE)

Az özönnövény-borítás hatása homoki parlaggyepek fenológiájára

15:00 – 15:20: Kurkó Eszter (BBTE)

Herbivórok elleni védekezés csíranövény és felnőtt stádiumban fészekvirágzatú legelőgyomok esetében

15:20 – 15:40: SZÜNET

15:40 – 16:00: Miló Márk (NYE)

Széntartalom változások a különböző korú rekultivált és beerdősített bányameddő területeken

16:00 – 16:20: Nagy Noémi (SZTE-TTIK)

Két inváziós növényfaj allelopátiás hatásának vizsgálata az őshonos fedélrozsokra (*Bromus tectorum*) rhizotron rendszerben

16:20 – 16:40: Sipos Attila (PTE-TTK)

Mennyiben javítja a mohaflóra feltártságát a harasztflóra lokális maximumainak keresése a mecseki völgyekben?

16:40 – 17:00: SZÜNET

17:00 – 17:20: Szabó Márton Zoltán (SZTE-TTIK)

Orchideák előfordulási mintázatai felhagyott homokbányákban

17:20 – 17:40: Szilágyi Sarolta (ÁTE)

Örökerdő és vágásos üzem mód aljnövényzeti szintre gyakorolt hatásainak összehasonlítása mecseki őshonos fafajú erdőkben

17:40 – 18:00: Szócs Ágnes (BBTE)

A növényzet szerkezetének hatása legelőgyomok fejlődésére



SEJTBiológia és Toxikológia

2025.04.15., BI-167 - Ábrahám Ambrus terem, 14:00 – 18:20

Zsűrielnök:

Dr. Sinka Rita (SZTE)

Zsűritagok

Dr. Enyedi Balázs (SE), Dr. Tar Krisztina (DE), Dr. Berta Gergely (PTE)

14:00 – 14:20: Bánáti Tibor (SZTE-TTIK)

Kinurenin útvonal és mitokondriális diszfunkció vizsgálata kinurenin aminosztransferáz II génkiütött egerek központi idegrendszerében

14:20 – 14:40: Burján Tímea (ELTE-TTK)

AUTEN autofágia aktiváló kismolekulák vizsgálata az 1-es típusú spinocerebelláris ataxia *Drosophila* modellben

14:40 – 15:00: Cser Nárcisz Mónika (SZTE-TTIK)

mRNS töltetű szolid lipid nanorészecskék vizsgálata humán sejtenyészeteken

15:00 – 15:20: Fazekas Fruzsina (ÁTE)

Az intracelluláris Ca^{2+} szint elemzésének automatizálása erősen polarizált sejtekben

15:20 – 15:40: SZÜNET

15:40 – 16:00: Kemény Eszter (SZTE-TTIK)

A sejtszintű extracelluláris mátrix felvétel vizsgálata *in vivo* *Drosophila* modellszervezetben

16:00 – 16:20: Kocsis Anna (SZTE-TTIK)

Egy új, humán őssejteken alapuló vér-agy gát és agyi organoid lab-on-a-chip modell jellemzése

16:20 – 16:40: Szántó Milán (SZTE-TTIK)

Dexametazon tartalmú polimer micellák vizsgálata az orron keresztüli agyi gyógyszerbejuttatás fokozására

16:40 – 17:00: Szittyai Júlia (BME-VBK)

Subcellular localization and rearrangement of bacterial single-stranded DNA binding (SSB) protein condensates in stress response and cell proliferation

17:00 – 17:20: SZÜNET

17:20 – 17:40: Varga Flóra Judit (PE-MK)

Zárt terű hulladékégetésből származó füstgázok és aeroszolok toxicitásának vizsgálata

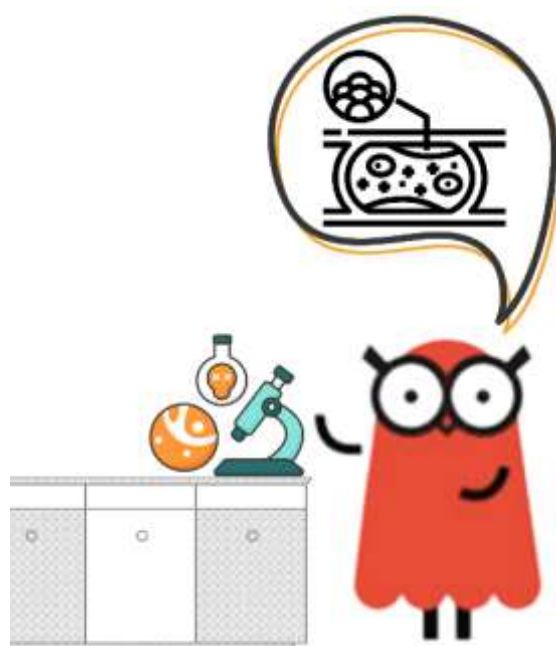
*A résztvevők nem járultak hozzá az OTDK-n bemutatandó előadásuk online, élő közvetítéséhez.

17:40 – 18:00: Virág Nikolett (SZTE-TTIK)

Különböző pikkelysömörös tünetmentes bőrtípusokból tenyésztett keratinociták eltérő proteomikai összetétellel rendelkeznek

18:00 – 18:20: Tóth Anna Henrietta* (DE-TTK)

PACAP hatásai mesenchymalis eredetű őssejtek differenciációjára



*A résztvevők nem járultak hozzá az OTDK-n bemutatandó előadásuk online, élő közvetítéséhez.

TERMÉSZETVÉDELMI BIOLÓGIA

2025.04.16., BI-182 - Ferenczy Lajos terem, 14:00 – 18:40

Zsűrielnök:

Prof. Dr. Höhn Mária (MATE)

Zsűritagok

Dr. Váczi Olivér (HOI), Dr. Kiss Orsolya (SZTE), Dr. Sonkoly Judit (DE)

14:00 – 14:20: Budai Mátyás (ELTE-TTK)

A múltbeli és jelenlegi flóra összehasonlítása a rákosi vipera (*Vipera ursinii rakosiensis*) élőhelyein

14:20 – 14:40: Hegyesi Anna (SZTE-TTIK)

Erdős sztyepp élőhelyek regenerációja különböző vegetációfejlődési útvonalak mentén

14:40 – 15:00: Kerekes Tímea (ÁTE)

Tájszerkezet hatása az üregekben fészkelő hártványasszárnyúakra magyarországi falvakban

15:00 – 15:20: Korsoveczky Lili (ELTE-TTK)

A természetvédelmi célú bűvósávok kialakításának hatása az egyenesszárnyúakra hazai gyepek esetén

15:20 – 15:40: SZÜNET

15:40 – 16:00: Krivács Zsófia (SZTE-TTIK)

Természetes és antropogén zavarások mikrorefúgiumokra gyakorolt hatásai: a töbrök talaj-mikrobiótája és növényzete

16:00 – 16:20: Lestyán Boldizsár Botond (SZTE-TTIK)

Kételtű szaporodóhelyek biztosítása vizesélőhely-rekonstrukciókkal

16:20 – 16:40: Német-Deák Bence, Vass Hunor (Benedek Elek Pedagógiai Líceum)

Életet adó vizeink

16:40 – 17:00: Simon Helga (SZTE-TTIK)

Méhlegelők nem csak méheknek

17:00 – 17:20: SZÜNET

17:20 – 17:40: Szilágyi Sarolta (ÁTE)

Természetvédelmi célú léknyítások hatásai cseres-tölgyes erdő újulatára

*A résztvevők nem járultak hozzá az OTDK-n bemutatandó előadásuk online, élő közvetítéséhez.

TUMORBIOLÓGIA

2025.04.16., BI-167 - Ábrahám Ambrus terem, 14:00 – 17:20

Zsűrielnök:

Dr. Sebestyén Anna (SE)

Zsűritagok

Dr. Harmati Mária (HUN-REN SZBK), Dr. Róna Gergely (HUN-REN TTK)

14:00 – 14:20: Cseszkó Edina (SZTE-JGYKP)

A hiponatrémia hatásai egészséges és transzformált adenohipofízis esetében

14:20 – 14:40: Dobolyi Zsófia (ELTE-TTK)

Investigating gene expression profiles of therapeutic targets in renal cell carcinoma based on single-cell RNA sequencing data

14:40 – 15:00: Horváth Péter (DE-TTK)

A Ca^{2+} -aktivált KCa3.1 ioncsatorna szerepe a CAR-T sejtek tumor eliminációjában

15:00 – 15:20: SZÜNET

15:20 – 15:40: Károlyi Dorottya (ELTE-TTK)

A lipid anyagcsere összetett szerepe a tumornövekedés során

15:40 – 16:00: Kvasznicza Júlia (PPKE-ITK)

Ciklodextrinek onkológiai felhasználhatóságának vizsgálata humán sejteken

16:00 – 16:20: Lüvi Adél (SZTE-TTIK)

Az asztrociták által aktivált NLRP3 inflammaszóma fokozza a metasztatikus sejtek szaporodását az agyban

16:20 – 16:40: SZÜNET

16:40 – 17:00: Szabados Larina (BME-VBK)

A farmakológiai aszkorbát és a klorokin együttes hatásának vizsgálata

17:00 – 17:20: Vecsernyés Kitti (SZTE-TTIK)

L1 retrotranszpozonok szerepének vizsgálata karcinogenezisben *in vivo* modellrendszer segítségével



VIROLÓGIA

2025.04.16., BI-132 - Ereky Károly terem, 9:00 – 12:20

Zsűrielnök:

Pappné Dr. Terhes Gabriella (SZTE)

Zsűritagok

Dr. Marik Tamás (SZTE), Koós Dr. Szathmáry Erzsébet (MATE)

9:00 – 9:20: Fülei Zsombor Nimród (ÁTE)

Egyes DNS vírusok monitorozása Budapest környéki béka populációkban

9:20 – 9:40: Láng Levente (PTE-GYTK)

A filovírusok molekuláris evolúciójának vizsgálata a Lloviu vírus új szekvencia adatainak fényében

9:40 – 10:00: Maloschik Emma Ilona (ÁTE)

Új vírusok metagenomikai kimutatása vietnami denevérekéből

10:00 – 10:20: Oláh Barbara (ÁTE)

A virális kvázi-speciesben bekövetkező változások nyomon követése víziszárnyasokból izolált Influenza A *in vitro* adaptálódása során

10:20 – 10:40: Sala Dóra (SZTE-TTIK)

A bakteriofágok vér- agy gáton való átjutását elősegítő genetikai determinánsok azonosítása az antibiotikum-rezisztens patogének okozta agyi fertőzések kezelésére

10:40 – 11:00: SZÜNET

11:00 – 11:20: Szabó Anna (PTE-TTK)

Magyarországon elpusztult denevérek veszettség vírusainak vizsgálata, Lyssavírus passzív monitoring

11:20 – 11:40: Szieber Dominik (PTE-TTK)

A canine distemper vírus kimutatása és genomikai vizsgálata vadászható ragadozóemlős-fajokban, Magyarország

11:40 – 12:00: Moser Tímea* (PTE-GYTK)

A humán parvovírus B19 szeroepidemiológiája (2018-2024) és a 2023/2024-ben járványosan terjedő variánsának meghatározása hazánkban

12:00 – 12:20: Varga Gréta* (PTE-TTK)

Hantavírusok izolálásának módszertani fejlesztése



*A résztvevők nem járultak hozzá az OTDK-n bemutatandó előadásuk online, élő közvetítéséhez.

AZ ELŐADÁSOK REZÜMÉI

(ABC sorrendben)

ABDULRAHMAN MOHAMED ALSADIQ

ABDULMOHSEN SEDDIK

abdulrahman.m.alsadiq@gmail.com

Student

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Varga Máté

egyetemi docens, ELTE TTK

Differential Gene Expression in Zebrafish *recql4* Mutants: A Transcriptomic Analysis

Kulcsszavak: zebrafish; RecQ helicases; Genomic stability; Apoptosis; Transcriptomic analysis

RecQ family helicases (WRN, BLM, RECQL1, RECQL4, and RECQL5) are crucial proteins responsible for maintaining the genomic stability of eukaryotic cells. Mutations in three of the genes encoding these helicases (WRN, BLM, and RECQL4) are associated with severe syndromes, including Werner syndrome, Bloom syndrome, and Rothmund-Thomson syndrome (RTS), respectively. The RECQL4 gene is particularly significant, as its mutations can lead to three clinical phenotypes, RTS, RAPADILINO, and Baller-Gerold syndrome (BGS), each characterized by skeletal abnormalities, juvenile cataracts, and a predisposition to osteosarcoma.

Using zebrafish (*Danio rerio*) to model RECQL4-related diseases we generated homozygous *recql4* mutants that displayed severe and lethal phenotypes, including skeletal deformities, heart edema, and poor eye development, leading to death by 5-7 days post-fertilization (dpf). As the earliest phenotype observable in mutants is the presence of extended apoptosis in the brain, at 2 dpf, we decided to assess the molecular effects of *recql4* mutations using this timepoint. We extracted and sequenced the transcriptome from mutant and wild type embryos to identify differentially expressed genes (DEGs) and disrupted pathways. Our results showed upregulation of genes associated with apoptosis and cell-cycle regulation, and downregulation of genes related to DNA and chromatin integrity.

ÁBEL ZSÓKA MÁRIA

abelzsoka24@gmail.com

Biológia

MSc, 1. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Hernádi István**egyetemi tanár, PTE TTK**Dr. Bali Zsolt Kristóf**tudományos munkatárs, Grastyán Transzlációs Kutatási Központ*

Az 5G technológia rádiófrekvenciás expozíciójának hatásai patkányok kognitív teljesítményére és általános jóllétére

Kulcsszavak: idegrendszer; kognitív fejlődés; 5G rádiófrekvenciás sugárzás; állatmodell;

Napjainkban az telekommunikáció fejlődésével a környezetben egyre nagyobb a rádiófrekvenciás elektromágneses terek szintje, aminek következtében a társadalom expozíciója is emelkedik. Felmerültek aggodalmak, hogy ez az expozíció milyen hatással járhat a szervezet egészségére nézve. A következmények vizsgálata a fiatalabb generációra nézve különösen indokolt. Ennek érdekében kísérletünkben megvizsgáltuk, hogy a krónikus, 4 héten át napi 1 órán át tartó három különböző dózisu (0, 3, 30 W/m²) 3500 MHz-es 5G sugárzás milyen hatással van az adolescens (4-7 hetes) korú patkányok kognitív képességeire, illetve az általános jóllétre, kiemelten az általános aktivitásra és szorongásszerű viselkedésre. A kísérlet során a memória vizsgálatára az új tárgy felismerési tesztet (NOR), az általános jóllét vizsgálatára a nyílt porond tesztet (OF) és a megemelt O-labirintus tesztet (EOM) alkalmaztuk. Az új tárgyfelismerési teszt eredményei azt mutatják, hogy az expozíció 2. hetén a besugárzott csoportok egyáltalán nem diszkrimináltak a tárgyak között, azonban ez a memória deficit az expozíció 4. hetére már csak a 3 W/m²-es csoportban volt kimutatható, míg az expozíció vége után már nem volt kimutatható memória károsodás egyik csoportban sem. Az nyílt porond tesztben az expozíció 3. hetében jelentkező csökkenés a vonalátlépések, a felemelkedések és a belső zónába lépések számában az expozíció végén végzett teszt eredményeiben már nem volt kimutatható. Az emelt O labirintus teszt eredményei nem mutattak szignifikáns különbségeket a csoportok közt. Az eredményeink összességében azt mutatják, hogy a krónikus 5G expozíció képes lehet átmeneti neurokognitív zavarok kiváltására, a kognitív fejlődés késleltetésére, illetve hatással lehet az általános jóllétre fiatal patkányokban, de ez a hatás az expozíció elmúlásával megszűnik. További vizsgálatok szükségesek annak érdekében, hogy egyértelmű következtetésre jussunk a rádiófrekvenciás elektromágneses sugárzások kognitív képességekre és általános jóllétre gyakorolt hosszútávú hatásával kapcsolatban.

ADILOV ALEXANDRA

alexandraadilov@gmail.com

Biológia

BSc, 6. félév

Eszterházy Károly Katolikus Egyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Kiss Csaba

tanársegéd, EKE TTK

Eredeti és áthelyezett fészkekből kikelt közönséges levesteknős (*Chelonia mydas*) fiókák páncél alakjának összehasonlítása

Kulcsszavak: közönséges leves teknős; veszélyeztetett; konzervációbiológia; fészkek áthelyezés; morfológiai vizsgálat

Világunk számos globális kiterjedésű problémával néz szembe a XXI. században, melyek hatásai egymást fokozottan erősítik és minden életközösségre kihatással vannak. Ez alól nem jelentenek kivételt a tengeri ökoszisztémák sem, ahol a legtöbb tengeri faj populációja ugyancsak erőteljesen lecsökkent. Ezek közé tartozik a közönséges levesteknős (*Chelonia mydas*, Linnaeus, 1758) is, amelyiknél sok más hüllőfajhoz hasonlóan a hőmérséklettől függ az ivari elkülönülés az embrionális fejlődés fázisában. A globális környezeti változásokból eredően a fészkelő partszakaszok homokhőmérsékletének emelkedése túlnyomó részt nőstény ivarú egyedek megjelenését eredményezi a populációban, ami idővel a faj kihalásához vezethet. Emiatt a frissen kikelt fiókák morfológiai vizsgálata és a környezeti háttérváltozók összefüggéseinek megértése segíthet minket a jövőben a faj konzervációbiológiai kutatásaiban. Kutatásom során Észak-Cipruson 10 fészkekből kikelt összesen 229 teknősfiókát fotóztam le, majd 2D pikkelymorfológiai méréseket végeztem az egyes egyedeken. Vizsgálatomban arra voltam kíváncsi, hogy tapasztalható-e összefüggések az egyes morfológiai jellegek és a környezeti háttérváltozók között, illetve van-e morfológiai eltérés az egyes csoportokra (áthelyezett és nem áthelyezett fészkekre) vonatkozóan. Főkomponens analízist végeztem, ahol azt határoztam meg, mely környezeti háttérváltozók vannak a legnagyobb hatással a fészkekre, illetve azon jellegeket, amelyek a legnagyobb hányadát magyarázzák a teljes fenotípusos varianciának. A páncél alak- és méretváltozásainál a Prokusztész ANOVA teszt statisztikailag szignifikáns eredményt mutatott a csoportok és alcsoportok között az alakra és méretre is. A nem-parametrikus ANOVA teszt a csoportok közötti különbségeket mutatta. Eredményeink rámutatnak az áthelyezett fészkek és az eredeti fészkek közti különbségekre, és az azokra ható környezeti tényezőkre, melyek ismerete fontos lehet a faj túlélése szempontjából. Ha a globális klímaváltozás negatív tendenciái továbbra is ilyen mértékben folytatódna, akkor a faj egyre nehezebben tud majd megfelelő környezeti tényezőkkel és háttér változókkal rendelkező szaporodóhelyet találni. Emiatt egyre inkább szükségessé válhat a fészkek áthelyezése a biztonságos kikelések érdekében.

ANTAL ADRIÁN*antaladrian01@gmail.com*

Biológia

BSc, 5. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Szemethy László**egyetemi tanár, PTE TTK**Maurer Máté**PhD hallgató, PTE TTK*

A leggyakoribb mikotoxinok hatása vadon élő európai őz (*Capreolus capreolus*) és mezei nyúl (*Lepus europaeus*) fajok kondíciójára

Kulcsszavak: mezei nyúl, európai őz, klímaváltozás, mikotoxikózis, kondíció

Mikotoxinok penészgombák által termelt toxikus anyagcseretermékek, melyek károsan hathatnak az állati szervezetekben, amivel egészségügyi problémákhoz, továbbá gazdasági károkhoz vezethetnek. A mikotoxinok előfordulása a klímaváltozás révén egyre gyakoribbá válik, így természetes közegekben történő detektálhatóságuk és hatásaik is egyre valószínűbb. A mikotoxinok hatásáról szóló tanulmányokat rendszerint kontrollált körülmények között, általában haszonállatokon végzik. Kutatásunk során természetes körülmények között élő mezei nyúl (*Lepus europaeus*) és európai őz (*Capreolus capreolus*) szervezetében kimutatható Aflatoxin B1, Zearalenon, Dezoxinivalenol, Fumonizin B1 és T-2/HT-2 toxinok szennyezettségének hatását és megjelenését vizsgáltuk. Az mérések alapján a minták nagy százalékában, mindkettő faj esetében kimutatható volt mind az öt mikotoxin jelenléte a vesében. A két faj között szignifikáns eltérés volt egyes mikotoxinokban, az európai őzben az aflatoxin B1 és fumonizin B1, a mezei nyúlban a T-2/HT-2 toxin volt jelen nagyobb koncentrációban. A rangkorreláció eredményei alapján az öt mikotoxin kondíciós paraméterekre gyakorolt hatását néhány esetben, elsősorban a mezei nyúlban sikerült csak kimutatnunk. A mikotoxin koncentrációk alapján történő csoportosítása során, azt kaptuk, hogy a magasabb szinttel rendelkező egyedek csoportjában, a mikotoxinok szervekre gyakorolt hatásai érvényesülnek. Ezen hatások elsősorban a mezei nyúlnál mutathatóak ki. A rangkorreláció és a csoportok összehasonlításának eredményei alapján a testtömeg, máj és vese közötti allometrikus kapcsolatot nem tudtuk bizonyítani. Az eredményeink alapján megállapítható a két vizsgált faj hazai állományában nagymértékű mikotoxin jelenlét van. Bár ez a szennyezettség nem fejt ki hatást a teljes állományra, de már elkülöníthető az egyedek egy olyan csoportja, ahol mérhető hatásról beszélhetünk. A jelenlegi koncentrációk mellett a mikotoxinok csak ritkán okoznak egyszerű terepi megfigyelésekkel észlelhető kondícióromlást. Eredményeink a későbbiekben segíthetnek fajspecifikus mikotoxin határértékek felállításában.

BALÁZS SÁMUEL*balazs.samuel@gmail.com*

Orvosi biotechnológia

MSc, 4. félév

Pázmány Péter Katolikus Egyetem

Információs Technológiai és Bionikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Orbán Tamás**Kutatócsoport- vezető, HUN-REN TTK, Molekuláris Élettudományai Intézet**Dr. Gáspári Zoltán**Egyetemi tanár, PPKE ITK*

Regulation of microRNA stability: investigation of target-directed microRNA degradation (TDMD)

Kulcsszavak: mikro-RNS, qualitative real-time PCR, ZSWIM8, fehérje csendesítés

microRNAs (miRNAs) are small, ~22 nucleotide (nt) long, non-coding RNA molecules, crucial for regulating gene expression on the post-transcriptional level. They function as master regulators of post-transcriptional gene control. In line with that, many developmental, medical, and cognitive disorders have been linked to the loss of animal miRNA genes or mutations of their target sites. Highlighting their importance in 2024, Victor Ambros and Gary Ruvkun received the Nobel Prize for their discovery of miRNAs in 1993.

However, despite their immense impact, following two decades of intensive research, fairly little is known about the regulation of miRNA stability. Especially of the processes about how miRNA-specific degradation occurs, as sudden drop in the levels of distinct miRNAs was described in numerous biological processes. A breakthrough in this field came in 2010, when the mechanism of target-directed miRNA degradation (TDMD) was proposed. According to this, miRNA degradation happens in case of a specific, more extensive base pairing between mRNA and miRNA: this leads to 3' modifications (mainly uridylation) and a subsequent degradation of the specific miRNAs. In addition to that, in 2020 further investigations showed that a E3 ubiquitin ligase, namely ZSWIM8 is also a key component of TDMD but it does not act primarily on the miRNA: it plays a crucial role in AGO ubiquitination and in the destabilization of the silencing complex. In humans, so far 10-15 miRNAs are shown to be ZSWIM8 sensitive. This means that in cell lines with impaired TDMD machinery, achieved by ZSWIM8 depletion, their level is elevated. In my research I am investigating TDMD in ZSWIM8 knock-down human cell lines, trying to find new miRNA(s) which are ZSWIM8 sensitive, meaning that they are most likely TDMD substrates. The relevance of identifying new TDMD substrate miRNAs lies not only in deeper understanding of cellular gene regulatory networks that govern cell growth, differentiation or apoptosis, but also it can potentially give us a better understanding of the pathomechanism of some viruses. It has recently been shown that several viruses use TDMD to regulate the host cell's miRNA pool, creating a better environment for viral infection and disease development. Therefore, in my research group we are currently investigating potentially new TDMD target miRNAs in ZSWIM8 knockdown HEK-293 cells. In my essay I am presenting our results so far.

BALKÓ ESZTER FRUZZSINA*balko.eszter@gmail.com*

állatorvosi

Osztatlan, 5. félév

Állatorvostudományi Egyetem

*Témavezető:**Rácz Bence**egyetemi tanár, ATE*

A csökkent AgRP neuron-funkció hatása a testsúlyra, élettartamra és viselkedésre kalória restriktív egerekben

Kulcsszavak: éhség, öregedés, viselkedés, AgRP

Kísérleteinkben az éhségért felelős AgRP neuronok élettartamra és viselkedésre gyakorolt hatását vizsgáltuk ad libitum és kalória restriktív diéta mellett normál és csökkent AgRP neuronfunkciójú hím és nőstény egerekben. A kísérleti állatok egy csoportját természetes halálukig követtük, míg egy másik csoportban viselkedésteztesztet végeztünk. Eredményeink az AgRP neuronok egy korábban ismeretlen ivarspecifikus hatására utalnak az élettartam, súlygyarapodás és viselkedés tekintetében.

A hipotalamus agouti-related peptidet (AgRP) és neuropeptid Y-t (NPY) kifejező neuronok kulcsszerepet játszanak az éhségérzet kialakításában. Az AgRP neuronok kizárólag a hypothalamus arcuatus magjában találhatók, és a POMC neuronokkal együtt a táplálékfelvétel és energiaháztartást szabályozó ún. melanokortin rendszer alapját képezik. Az AgRP neuronok viselkedésre gyakorolt hatása azonban kevésbé tisztázott, és esetlegesen fontos kapcsolódási pontot jelenthet különböző mentális betegségekkel, táplálkozási zavarokkal, mint az anorexia nervosa is.

Kísérleteinkben a neonatális kortól csökkent AgRP neuronszámmal rendelkező AgRP^{DTR} egérmódellet vizsgáltuk ad libitum és kalória restriktív (CR) diéta mellett. A kísérleti állatokkal klasszikus szorongást és felderítő viselkedést mérő tesztet végeztünk különböző korcsoportokban. Eredményeink az AgRP^{DTR} egerek csökkent felderítő viselkedésére utalnak a három hónapos hím és az egy éves hím és nőstény egerek esetén. A CR-ról számos tanulmány kimutatta, hogy sikeresen alkalmazható az öregedési folyamatok lassítására, és az élethossz megnövelésére. Mivel az AgRP neuronok éhezésre aktiválódnak, így vizsgáltuk a normál, és csökkent mennyiségű AgRP neuronnal rendelkező állatok CR-hoz való alkalmazkodását is. A CR-tól várt hatással ellentétben a csökkent AgRP neuronfunkciójú hím állatok megnövekedett mortalitást mutattak az éhezési periódusok hatására, miközben ad libitum diétán tartva elhíztak.

Eredményeink az AgRP neuronok egy korábban kevésbé vizsgált ivarspecifikus szerepére utalnak, melynek pontosabb megismerése jelentősen hozzájárulhat a metabolikus és táplálkozási zavarok mélyebb megismeréséhez.

BALOGH VIRÁG*balogh.virag1@gmail.com*

Biológus

MSc, 1. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Lőrincz Péter**egyetemi adjunktus, ELTE TTK**Nagy Anikó Zsuzsanna**tudományos segédmunkatárs, ELTE TTK*

A PI3K(III)-komplex és a Hsc70-4 kapcsolatának vizsgálata *Drosophila* nefrocitában*Kulcsszavak: autofágia; endosomális mikroautofágia; Drosophila melanogaster; endocitózis*

Autofágiának nevezzük azt az eukariótákban evolúciósan konzervált katabolikus folyamatot, amelynek során a lizoszómák, vagy kései endoszómák -növények és gombák esetén a vakuólumok- lebontják a már nem szükséges, vagy hibás fehérjét, organellumokat. Az endosomális mikroautofágia (eMI) az autofágia egy olyan típusa, amely során kései endoszómák endosomális betüremkedéssel felveszik a lebontásra szánt anyagot, majd lizoszómává érve lebontják azt.

Ez történhet nemszelektív és KFERQ-szelektív módon is. Mindkét folyamat során a lebontásra szánt cargo a Hsc70-4 chaperonfehérje és az ESCRT-komplexek közreműködésével jut az endosomális felszínhez, és kerül az endoszóma lumenébe.

Kutatásunk célja az eMI szabályozás hátterének felderítése, amely egyelőre igen kevésbé ismert folyamat. Megvizsgáltuk többek közt az endosomális membrán identitását is meghatározó foszfatidilinozitolok foszforilálását végző kináz-komplex, a PI3K(III)-tagok, a klatrin és a Hsc70-4 fehérje hiányának hatását az endolizoszomális rendszerre. Azt tapasztaltuk, hogy a Hsc70-4 és PI3K(III) hiányában is felborul a lizoszomális lebontás hatékonysága, az endolizoszomális rendszer rendezettsége és a klatrin az endoszómákon ragad. Mindebből arra következtethetünk, hogy ezen fehérjék szoros kapcsolatban állhatnak az eMI szabályozását illetően.

Eredményeink azt mutatják, hogy mind a Hsc70-4, mind a II-es típusú PI3K(III)-komplex részt vesz az eMI-ben, az endocitózisban, valamint szükségesek a normál klatrin-mintázat kialakításához is. Emellett elengedhetetlenek a HOPS-toborzáshoz is, viszont az I-es típusú PI3K(III) nem vesz részt az említett folyamatokban. Láthattuk azt is, hogy a makroautofág aktivitás csupán az I-es típusú PI3K(III)-tagok hiányában sérült, így vélhetően Hsc70-4 és II-es típusú PI3K(III) nem részesei ennek az útvonalnak. Emellett a II-es típusú PI3K(III) elengedhetetlen a normál PI3P mintázat kialakulásához is, azonban Hsc70-4 nem.

BÁN BOTOND*botiban22@gmail.com*

Molekuláris bionikai mérnök

BSc, 7. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Maróti Zoltán**tudományos főmunkatárs, SZTE Szent-Györgyi Albert Gyermekklinika*

Imputáció az Archeogenetikában: Módszertani kihívások és lehetőségek a genom rekonstrukció javítására*Kulcsszavak: imputáció; archeogenetika; szekvenálás; GLIMPSE; Szent László*

Az archeogenetika régmúlt populációk kapcsolatait igyekszik feltárni a régészeti mintákból szeparált DNS alapján. A csontokból kinyert degradált DNS új generációs szekvenálással is legtöbbször csak kis lefedettségű hiányos adatokat szolgáltat. Hogyan vagyunk képesek kipótolni ezt a lyukacsos genomot és milyen következtetéseket tudunk levonni a kipótolt szekvencia segítségével? Erre keressük a választ.

A régi populációk mikro régiós kapcsolatainak vizsgálatában egyre nagyobb szerepet kapnak a különböző rokonsági analízisek. Az úgynevezett Identity By Descent (IBD) fragmens alapú módszerek képesek a legtávolabbi rokonok azonosítására is, azonban ezen módszerek csak hiánytalan, diploid adatokból képesek dolgozni.

Az imputáció egy statisztikai módszer, mely során egy adatsor hiányzó tagjait egy adott séma alapján pótolják. Az archeogenetikában, a hiányos pseudo-haploid adatokból a modern populációkban megfigyelt haplotípusok alapján a teljes diploid genotípust nagy pontossággal lehet prediktálni.

A kutatásaink során megvizsgáltuk, mennyiben befolyásolja az imputáció hatékonyságát az alkalmazott algoritmus és a rendelkezésre álló populáció-azonos minták referencia adatai. Vizsgálatink során a munkacsoportunkban 5 magas lefedettségű ősi genomot analizáltunk, amelyekben a diploid genotípusok ismeretek voltak. A minták genetikai adataiból a szekvenciák nagy részét véletlenszerűen kizártuk, így szimulálva az ősi mintákra jellemző alacsony (0.5x és 1x) lefedettségeket. Az alacsony lefedettségű mintákat többféle algoritmussal imputáltuk, majd az imputáció során kapott diploid genotípusokat összevetettük a nagy lefedettségű szekvenciák valós diploid genotípusaival. A markerek ritkábbik alléljainak előfordulása (Minor Allele Frequency), és a genotípusok egyezősége alapján kiszámoltuk az egyes algoritmusok konkordanciáját az allél frekvencia függvényében. Ezen eredmények alapján tudtuk levonni következtetéseinket, válaszolni a kezdetben felmerülő kérdéseinkre.

BÁN KATA ANNA*baankataa@gmail.com*

Biológus

MSc, 4. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

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

Mennyi az annyi? Mennyiségi diszkrimináció vizsgálata mesterséges környezetben élő újlágyi majmoknál

Kulcsszavak: numerikus kompetencia; kognitív rendszerek; karmosmajmok; arányfüggés; egyedi különbségek

A numerikus kompetenciát sokáig kizárólag emberi képességnek tartották, azonban az állatok kognitív képességeinek mélyrehatóbb vizsgálata bizonyította, hogy számos állatfaj is képes az ingerek számszerű tulajdonságainak feldolgozására és azok felhasználására a viselkedésük során. A numerikus tényezők számos ökológiai kontextusban fontos szerepet játszhatnak, mint például a forrásfelkutatás, a navigáció, a vadászat vagy a szociális interakciók. Munkám során a hatékony forráskihasználáson keresztül vizsgáltam a spontán választáson alapuló mennyiségi diszkrimináció jellegzetességeit két karmosmajom (*Callitrichinae*) faj esetében. A vizsgált egyedeket ötféle mennyiség-kombinációval, és kombinációként 10 ismétléssel teszteltem kis és nagy arányok, illetve mennyiségek (négyenél kisebb vagy nagyobb értékek) felhasználásával: 1 és 2, 1 és 4, 3 és 4, 6 és 8, 6 és 12. A különböző mennyiség-párok szimultán bemutatása után az egyedek dönthettek, hogy a kisebb vagy a nagyobb mennyiségű táplálékot (szőlődarabot) választják. Eredményeim alapján a vizsgált egyedek sikeresen döntöttek a nagyobb mennyiség javára, ha 1 és 2 (65%-os siker), 1 és 4 (88,75%), valamint 6 és 12 (62,68%) darab közül választhattak. A 3 és 4, illetve a 6 és 8 kombináció esetében a megkülönböztetés sikere alacsonyabb volt (50,89% és 56,25%). A leghatékonyabb különbségtételt az 1 és 4 kombináció esetében figyeltem meg. Elmondható, hogy az általam vizsgált fajok mennyiségi diszkriminációjának főbb jellegzetességei követik a korábban vizsgált fajok esetében tapasztalt szabályszerűségeket: a teljesítmény nem a mennyiségek közötti abszolút különbségektől, hanem azok arányától függött, és a négyenél kisebb mennyiségeket könnyebben el tudták különíteni, mint a négyenél nagyobbakat. Továbbá, egy újszerű megközelítésként, a döntéshez szükséges időtartamot is elemeztem, amely nem függött a mennyiség-kombinációktól, de jelentősen befolyásolta az egyedek neme, kora, illetve faja is. Ebből következhet, hogy a vizsgált fajok numerikus kompetenciájának jellegzetességeit a kognitív képességeken felül más egyedi (pl. személyiségbeli különbségek) és fajok közötti eltérő szociális jellegek is befolyásolhatják. Kutatásom a főemlősök egy kevésbé vizsgált csoportjának tanulmányozásán keresztül bővíti az állatok numerikus képességeivel kapcsolatos ismereteinket, és új kérdéseket vet fel ezen kognitív funkciók, valamint a szociális környezet és az egyedi jellegek (pl. személyiség) viszonyával kapcsolatban.

BÁNÁTI TIBOR*banatitibor2001@gmail.com*

Biológus (Molekuláris, immun- és mikrobiológia)

MSc, 10. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Juhász László**tudományos munkatárs, SZTE SZAOK**Spisák Krisztina**PhD hallgató, SZTE SZAOK*

Kinurenin útvonal és mitokondriális diszfunkció vizsgálata kinurenin aminoszferáz II génkiütött egerek központi idegrendszerében*Kulcsszavak: kinurénsav; kinurenin-aminotranszferáz; mitokondrium; nagyfelbontású fluoreszpirometria*

Számos neurológiai és mentális rendellenesség összefüggésbe hozható a mitokondriális diszfunkcióval és triptofán-kinurenin (Trp-KYN) anyagszere útvonal zavarával. A Trp-KYN útvonal különböző bioaktív metabolitok termeléséért felelős, beleértve a kinurénsavat (KYNA), amely feltételezhetően neuroprotektív és gyulladáscsökkentő hatással bír. A pontos mechanizmus, amely révén a Trp-KYN anyagszere diszregulációja hatással van a mitokondriális működésre, nagyrészt még mindig nem tisztázott. Jelen munkánkban a központi idegrendszerben a KYNA szintéziséért felelős kinurenin-aminotranszferáz II (KAT II) enzim hiányának mitokondriális funkcióra gyakorolt hatásait vizsgáltuk. Kísérleteink során 8-10 hetes, hím CRISPR/Cas9 technológiával újonnan létrehozott KAT II génkiütött és C57BL/6N vad típusú egértörzseket használtunk. Nagy felbontású fluoreszpirometriával monitoroztuk a mitokondriális membránpotenciál (Safranin O, kék fluoreszcens szenzor), mitokondriális oxigénfogyasztás és extramitokondriális hidrogén peroxid kibocsátást (Amplex Ultrared/torma peroxidáz, zöld fluoreszcens szenzor) a cerebellumban. Méréseink során meghatároztuk a szukcináttal kiváltott hiperpolarizáció és CCCP-vel indukált depolarizáció mértékét. A mitokondriális légzést a komplex I-hez és II-höz kapcsolódó oxidatív foszforilációval, valamint a komplex IV aktivitással jellemeztük. Vizsgálataink alapján a szukcináttal és CCCP-vel kiváltott membránpotenciál változásokat (hiperpolarizáció; depolarizáció) a KAT II enzim kiütése számottevően nem befolyásolta. A KAT II knockout egerekben jelentősen csökkent a szukcinát oxidáció, komplex II függő oxidatív foszforiláció, és a komplex IV aktivitás a vad típusú egerekhez képest. Eredményeink szerint KAT II enzim deléciója jelentős mértékben rontja a mitokondriális légzést és az ATP szintézist, a mitokondriális membránpotenciál nagymértékű megváltozása nélkül. Hipotézisünk szerint ez a diszfunkció lehet az endogén KYNA termelésének gátlása, vagy a KAT II gén kiütése miatt kialakuló metabolikus zavar (zsírsav oxidáció, Szent-Györgyi-Krebs-ciklus) következménye is. Reményeink szerint a Trp-KYN útvonal befolyásolása új kezelési lehetőségeket nyithat meg neurológiai és pszichiátriai kórkepek kezelésében.

BARÁZ EMMA

baraz.emmaa@gmail.com

Biológia

BSc, 5. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Bakacsy László

egyetemi adjunktus, SZTE TTIK

Leggyakoribb inváziós fás szárú fajok términtázata a szegedi fűvészkertben

Kulcsszavak: botanikus kert; hotspot elemzés; inváziós fafajok; GIS; kezelés

Országunkban a fűvészkertek és botanikus kertek egyre inkább az inváziós fajok terjedésének áldozataivá válnak. Gyakran előfordul, hogy az itt bemutatott külföldi növényfajok, az éghajlatváltozás következtében invázióssá válnak. Ezek a növények gyorsan elszaporodnak, olykor átalakítva környezetüket, miközben versenyképesebbek, az őshonos fajoknál. Ennek következtében kiszoríthatják a hazai növényeket, és terjedésük súlyos károkat okozhat a fűvészkerti növény csoportokban. Bár a fűvészkert célja a változatos növényvilág bemutatása, az inváziós fajok elszaporodása csökkenti az állomány biodiverzitását, így veszélyeztetve a gyűjteményt, ezzel akár évek munkáját is kockáztatva. Az özönfajok nemcsak a botanikus kertekben okoznak károkat, hanem a városi zöldterületeken is. Az inváziós fajok többsége dísnövényként ültetik jelentős problémákat okozhatnak a városi épületekben, gyepekben, és akár az energiaellátásban is. E fontossá vált az inváziós fajokkal kapcsolatos adatgyűjtés, segíthet a nem kívánt növényfajok kezelésében és karbantartásában. Kutatásomban az inváziós fás szárú fajok számát mértem fel a Szegedi Tudományegyetem Fűvészkertjében. A fűvészkert sajátos elrendezése miatt többféle társulás típus modelljeként is használható. Három főbb területtel rendelkezik. (I.) Arborétum, (II.) Társulások, (III.) Park. A társulások területe egy kisebb erdőrészletet idéz, míg a park a kertvárosok, az arborétum pedig a városi ligetek modelljeként működik. Ennek köszönhetően kutatásom új lehetőségeket nyithat az inváziós fás szárúak kezelésével kapcsolatban, amelyeket az alábbi modellek alapján később városi parkokban, kertvárosokban és kisebb városi erdőrészletekben hasznosítani lehet.

A mérés eredményeképpen 20 inváziós fajt és 2552 egyedet dokumentáltam. Ezekből a leggyakoribb három fafajt (*Celtis occidentalis*, *Robinia pseudoacacia*, *Fraxinus pennsylvanica*), egy cserjét (*Mahonia aquifolium*) és egy liánt (*Parthenocissus quinquefolia*) választottam ki, amelyeknek tér- és korbeli eloszlását, és azok elemzését mutatom be részletesen. A legtöbb egyedet, a Társulásokban találtam, ahol -e fajok három nagyobb gócpontját tudtam meghatározni, de a fajonkénti eltérést találtam az egyedek eloszlásában. A hőtérképek elemzését követően megvizsgáltam elterjedésük okait. Az így feltárt tényezők és a szakirodalom alapján fajspecifikus kezelési javaslatokat dolgoztam ki, amelyek a korábban felsorolt területekre alkalmazhatók.

BARNAI SZINTIA*barnai.szintia@gmail.com*

Biológia

BSc, 5. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Kúthy-Sutus Enikő**tudományos munkatárs, SZTE SZAOK**Dr. Maléth József**tudományos főmunkatárs, SZTE SZAOK*

Az E-syt1 funkciójának tanulmányozása az intracelluláris cAMP és Ca^{2+} jelátvitel összefüggéseiben*Kulcsszavak: fehérjék; endoplazmatikus retikulum; plazmamembrán; doméneken; kapcsolatok*

Az Extended-synaptotagminok (E-syts) az endoplazmatikus retikulum (ER) membránjában található fehérjék, amelyek kulcsszerepet játszanak a sejtek Ca^{2+} homeosztázisában, valamint az ER és a plazmamembrán közötti kapcsolatok kialakításában. A Ca^{2+} a C2 doméneken keresztül kötődik az E-syt-hez, ami megváltoztatja a fehérje konformációját, ezzel befolyásolja a Ca^{2+} raktár vezérelte Ca^{2+} beáramlást (SOCE). A SOCE több ponton kölcsönhatásban áll a cAMP jelátvitellel, de az E-syt szerepe ebben a folyamatban még nem tisztázott. Kutatásunk célja az volt, hogy feltárjuk, van-e az E-syt-nek szerepe a cAMP szabályozásában, és ha igen, milyen mechanizmusokon keresztül.

Kísérleteinket epitél eredetű E-syt1-3 tripla knock out (TKO) HeLa sejtvonalakon végeztük, amelyek egyik E-syt izoformát sem expresszálnak. A sejteket vad típusú és mutáns E-syt1 plazmidokkal transzfektáltuk a Ca^{2+} -kötő (C2A, C2C) és fehérjetranszport (SMP) doménekben. Az intracelluláris cAMP szintet Fluorescence Resonance Energy Transfer (FRET) technikával mértük.

A FRET kísérletek során 10 μM ciklopiazon sav (CPA) indukálta Ca^{2+} kiáramlást követően magasabb intracelluláris cAMP szintet figyeltünk meg az E-syt1-C2A/C2C vagy E-syt1-SMP jelenlétében. Az E-syt1 az ER-PM kapcsolódási pontok gyűrűs szerkezetbe való átalakításával növeli stabilitásukat, és elősegíti az ER Ca^{2+} raktár gyors feltöltését, majd az ER-PM kapcsolatok megszűnését. Immunfluoreszcens festések alapján, indukció nélkül és 10 μM CPA indukcióját követően, E-syt hiányában, valamint a C2A/C2C/SMP domének mutációja esetén a STIM1/ORAI1 fehérjék spontán aktiválódnak és ER-PM fókuszokat hoznak létre.

Eredményeink alapján arra a következtetésre jutottunk, hogy az E-syt1 a Ca^{2+} -kötő és fehérjetranszport doménjein keresztül Ca^{2+} -függő módon hozzájárul az intracelluláris cAMP szint szabályozásához, valószínűleg a STIM1/ORAI1 fehérjék aktiválásán és az ER-PM kapcsolatok stabilizálásán keresztül.

BASA MÁRTON*marton.basa@gmail.com*

mezőgazdasági biotechnológus

MSc, 7. félév

Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem

Genetika és Biotechnológia Intézet

*Témavezető:**Dr. Havelda Zoltán**Főosztályvezető, Mezőgazdasági Biotechnológiai Kutatóközpont, MATE GBI*

Heat Stress Triggers Transcriptional Activation of RNA-Directed DNA Methylation Pathway Genes in Wheat and Barley*Kulcsszavak: hőstressz, búza, árpa, DNS-metiláció*

A búza (*Triticum aestivum*) és az árpa (*Hordeum vulgare*) gazdaságilag fontos kultúrnövények, melyeknek kulcsszerep jut az élelmezésbiztonságban is, mivel az emberiség kalóriabevitele szempontjából a legjelentősebb növények közé tartoznak.

A klímaváltozás következtében az időjárási szélsőségek kezdenek az új normává válni, és a gyakori hőhullámok globális szinten fenyegetik a búza és az árpa hozamait. Ennek következtében a két növény hőstresszválaszainak alaposabb megértése kiemelt fontosságú, hogy az emberiség felkészülhessen a klímaváltozás következő évtizedeire.

Az RNS-irányította DNS metiláció (RdDM) konzervált genetikai útvonal, mely csak növényekben fordul elő és a genom bizonyos szakaszainak metilációja útján képes szabályozni a génkifejeződést. Az RdDM-útvonal kulcselemei közé tartoznak az Argonaute fehérjék (AGOk), a Dicer-like fehérjék (DCL-ek), valamint a nukleáris RNS-polimeráz D fehérjék (NRPD-k).

A búza és az árpa hőstresszválaszainak kiterjedt irodalma van, és az említett fehérjék funkciói is alaposan tanulmányozottak, azonban nincs elérhető forrás az RdDM-útvonal génjeinek kifejeződésére vonatkozóan hőstresszelt búzában és árpában.

Ebben a tanulmányban bioinformatikai adatbázisokat és szoftvereket használtunk, hogy azonosítsuk ezen gének szekvenciáit. A hőstressz hatására fellépő fenotípus- és génaktivitásváltozásokat búzában és árpában hőstresszelés után vizsgáltuk. A génkifejeződést qPCR-reakció segítségével mértük, és összevetettük a kontrollnövényekkel.

Hipotézisünk az volt, hogy négy RdDM-hez kapcsolódó gén, nevezetesen az AGO6, a DCL3, az NRPD2A, és az NRPD2B hőstressz hatására nagyobb mértékben fejeződnek ki búzában és árpában. Mind a négy gén kifejeződését erőteljesebbnek találtuk a hőstresszelt, mint a kontrollnövényekben, emellett eredményeink nagyrésze statisztikailag is szignifikáns volt. Ez arra enged következtetni, hogy az RdDM-útvonalnak aktív szerep jut e két növény hőstresszválaszaiban. Emellett az is megállapítható, hogy ezek a válaszok erősen konzerváltak a két növényre vonatkozóan.

A tanulmány új információkkal szolgál az NRPD2B kifejeződési szintjére vonatkozóan hőstressz hatására. Emellett ez az első kutatás, amely kísérleti keretek között hasonlítja össze a búzát és az árpát ilyen körülmények között, különösen az említett négy gén esetében.

A kutatás megalapozhat későbbi kísérleteket, melyek részletesebben vizsgálják az RdDM által kiváltott genetikai válaszokat, továbbá adatokkal szolgálhat hőtoleráns búza- és árpavonalak nemesítéséhez.

BATKA BOGLÁRKA*batkabogi@gmail.com*

biológia

BSc, 6. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Kiss Lóránd**tudományos főmunkatárs, SZTE SZAOK**Dágó Ágnes**PhD hallgató, SZTE SZAOK*

Magzatokból származó humán hasnyálmirigy duktális organoidok vizsgálata, mint lehetséges modellrendszer

Kulcsszavak: CFTR csatorna, hasnyálmirigy duktusz, hasnyálmirigy organoid, Na⁺/HCO₃⁻ kotranszporter, SLC26A6 ioncsatorna

Az exokrin hasnyálmirigy főként acinusokból és duktuszokból áll. A duktális rendszer fiziológiai és pathofiziológiai funkciója részben ismert, vizsgálatára általában állati szöveteket használunk. Azonban az állati minták hátránya, hogy funkcióban kisebb-nagyobb mértékben különbözhetnek az emberi szövetektől. A humán hasnyálmirigyhez való hozzáférés azonban nagymértékben korlátozott. Célunk izolált magzati hasnyálmirigyből duktális organoid kultúrák létrehozása és jellemzése, mely egy új modellrendszer lehetne a duktuszok vizsgálatára.

Abortált humán magzatok (14-24 gestációs hetű [GH]) hasnyálmirigyei lettek a vizsgálatokhoz felhasználva (etikai engedély: SZTE-ÁOK-3415). A szövetből 3D organoid kultúrákat hoztunk létre, amiken a mérések történtek. Kvantitatív PCR segítségével relatív génexpressziós szinteket, a fehérjeexpressziót pedig immunfestéssel határoztuk meg (ioncsatornák: SLC26A6, SLC26A3, Na⁺/HCO₃⁻ kotranszporter [NBC]; duktális marker: citokeratin-19 [CK-19]). A funkcionális mérésekhez az intracelluláris pH-t követtük, mellyel az iontranszporterek (CFTR, Na⁺/H⁺ -cserélő [NHE], NBC) működését igazoltuk. Forskolin (CFTR agonista) és ioncsatorna inhibitorok (EIPA, S0859) alkalmazásával vizsgáltuk az aktivitást. Az SLC26A6, SLC26A3, NBC és a CK-19 relatív génexpressziós szintje nem különbözött jelentősen a 17-19GH és 20-24GH szövetek között. Az organoid kultúrák szintén stabil duktusz marker mRNS-expressziót mutattak. A szövet és organoid mintákban is az SLC26A3 expressziója volt a legkisebb, majd az SLC26A6 jelentősebb expressziót mutatott, és az NBC esetén mértük a legnagyobb gén kifejeződést az ioncsatornák közül. Az immunfluoreszcens festések alapján az SLC26A6 főleg az apikális membránban, míg az NBC a bazolaterális membránban helyezkedik el. Organoidokon a funkcionális mérések során az intracelluláris alkalózisból történő regeneráció a forskolin stimuláció hatására szignifikánsan nagyobb volt az alap regenerációhoz képest, ami a CFTR-csatorna fokozott aktivitására utal. Az EIPA és S0859 gátlószerekkel végzett mérések alapján az NHE és NBC ioncsatornák működését is kimutattuk.

Sikeresen létrehoztunk olyan 3D organoidokat humán magzati hasnyálmirigyből, amelyek a duktális markerek mRNS- és fehérjeszintű expresszióját mutatják, valamint funkcionálisan aktív, duktuszokra jellemző ioncsatornákkal rendelkeznek. Eredményeink ígéretes alapot nyújtanak a humán magzati hasnyálmirigy szövetek felhasználásához a duktális bikarbonát-szekréció vizsgálatában.

BAUTISTA SOLDEVILA ÁRON

aron@bautista.hu

Számítógépes és Kognitív Idegtudomány

MSc, 5. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Thomas Hummel**full professor, Bécsi egyetem*

Az agyi lateralizáció szerepe a *Drosophila* döntéshozatalban

Kulcsszavak: Lateralitás; Asszimmetrikus test; Drosophila Melanogaster; Döntéshozatal

A central question in cognitive neuroscience is aiming at a better understanding of the neural structures responsible for decision-making and the integration of relevant information. While much work has been done in humans and mammals describing decision-making influenced by different states of motivation, we know very little about the underlying neural circuit organization and function (Reeve, 2009).

We decided to use the neurogenetic model *Drosophila melanogaster*, as the powerful experimental system of targeted gene knockouts is available for it and its nervous system being smaller than those of mammals make it an ideal candidate for researching decision-making.

In our research, we focused on a central brain circuit that, based on tracking the animal's internal state controls sugar choice when the fly is hungry. In this state, the flies will prefer to feed on fructose, which serves as a signal for the flies to eat more, making fructose the advantageous choice as it will allow them to replenish lost resources better. One of its parts, the SAuni neurons innervate the AB neuropil only in the right hemisphere in most of the wild type brains (Musso et al., 2021). A function of their laterality has been described in the context of long-term memory formation (Pascual et al., 2004), but nothing is known if asymmetric SAuni neuron innervation is critical for decision making in feeding behaviour (Musso et al., 2021).

In our research, we aimed at finding out how laterality will affect the circuit's functionality. We compared food preference of wild type *Drosophila* flies with asymmetrical brains with mutant lines in which central brain asymmetry is reduced. We knocked down *unc5*, as it has been described to decrease laterality (Lapraz et al., 2023), and used a *wnt4* mutant which also had the same effect (unpublished data from Markovitch et. al.).

We found that flies with bilaterally innervated AB-s showed a tendency to prefer to sip from fructose as opposed to glucose. We hypothesise that the bilateral innervation pattern of the SAuni neurons couldn't provide as strong an excitatory connection to a fructose preference abolishing group as the unilateral innervation pattern.

BÉLAI EMESE KRISZTINA*beemkrisz@gmail.com*

molekuláris biológia

MSc, 1. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Pirty Melinda Katalin**tudományos főmunkatárs, HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóközpont*

Az ncPRC1 neurális differenciációban betöltött szerepének vizsgálata funkcióvesztéses egér őssejtvonalak alkalmazásával

Kulcsszavak: In vitro neurális differenciáció; génszabályozás; Polikomb Represszív Komplex; lncRNS

Munkám témája a nem-kanonikus Polikomb Represszív Komplex 1 (ncPRC1) neurális differenciációban betöltött szerepének vizsgálata dupla mutáns (RybpKO/Yaf2KO) egér őssejtvonal alkalmazásával. Az RYBP és a YAF2 fehérjék az ncPRC1 komplexek központi tagjai de egy komplexen belül mindig csak az egyik (RYBP vagy YAF2) lehet jelen. Az ncPRC1 komplexeknek a sejtsorsok kialakításában van feltételezett szerepe, azonban az RYBP és YAF2 között esetlegesen fennálló redundancia mértéke és a kétféle komplex célgénjei ismeretlenek. Nem ismert az sem, hogy mi okból szerelődnek össze külön RYBP-t és YAF2-t tartalmazó komplexek és ezen komplexek együttes jelenléte szüksége-e a génszabályozáshoz.

Célunk a dupla mutáns egér őssejtvonal (RybpKO/Yaf2KO) alkalmazásával az ncPRC1 funkciók teljes mértékű felfüggesztése és a neurális differenciációra gyakorolt hatásának meghatározása volt. Csoportunk korábban kimutatta, hogy Rybp hiányában az őssejtekből nem képződnek terminálisan differenciált neurális sejtek és mindezzel párhuzamosan a neurális progenitorok mennyisége feldúsul a tenyészetekben. Megállapítottuk, hogy ennek egyik fő oka, hogy Rybp hiányában a sejtekben elmarad a Pax6 gén repressziója. A progenitor sejtekben bőségesen expresszáldó Pax6 mRNS-ek mennyisége a differenciáció késői szakaszában sem cseng le és ez gátolja a differenciáció terminális szakaszát.

Jelen TDK dolgozatban tovább vizsgáltuk a Pax6 P1 promóterének szabályozását, ezzel egy tágabb képet adva az ncPRC1 komplexek tagjainak sokrétű génszabályozó mechanizmusairól. Célunk volt felderíteni, hogy az ncPRC1 képes-e a Pax6 szabályozása során együtt dolgozni a Paupar-ral (PAX6 Upstream Antisense RNA), amely a Pax6 lókuszában elhelyezkedő hosszú nem kódoló RNS (lncRNS).

Eredményeim alapján az ncPRC1 hiányában a differenciáció késői szakaszán expresszáldó gének szintje alacsonyabb a vad típusúnál, míg a Paupar szintje magasabb. Továbbá az Rybp jelenléte befolyásolhatja, a Yaf2 izoformák átíródását. Kimutattam, hogy a YAF2 és az RYBP ko-expressziója erősebb repressziót vált ki a Pax6 P1 promóterén, mint külön-külön. Valamint a YAF2 és a Paupar polikomb függő módon, míg az RYBP a Paupar-ral polikomb független módon represszálja a Pax6 P1 promóterét.

Eredményeink újszerű betekintést nyújtanak az Rybp és a Yaf2 potenciális különbségeire a génszabályozás során, valamint az ncPRC1 komplexek lncRNS-ekkel való kapcsolatára. Egyben rávilágítanak az emlősök génszabályozási folyamatainak finoman összehangolt komplexitására.

BENEDEK BARBARA

benedekbarbara22@gmail.com

Biológia

MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Prof. Dr. Pál Csaba

tudományos tanácsadó, HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Biokémiai Intézet

Az antibiotikum-rezisztencia növelheti a *K. pneumoniae* inváziós képességét és citotoxicitását

Kulcsszavak: antibiotikum-rezisztencia; virulencia; Klebsiella pneumoniae; inváziós képesség; citotoxicitás

A baktériumok rövid idő alatt képesek rezisztenciát kialakítani az antibiotikumokkal szemben és a rezisztencia mechanizmusok befolyásolhatják azok fertőzőképességét. Ugyanakkor az, hogy hogyan változik a virulencia, még kevésbé ismert. Kutatásunkban azt a hipotézist vizsgáltuk, hogy az antibiotikum-rezisztencia növelheti a baktériumok fertőzőképességét. Ennek érdekében vizsgáltuk antibiotikum-rezisztens *Klebsiella pneumoniae* törzsek humán sejtekbe történő bejutását és öléképességét. Eredményeink azt mutatják, hogy a membrán targetáló antibiotikumokkal szembeni rezisztencia kialakulása során a baktériumok inváziós képessége és citotoxicitása is növekedett, ami jelentős egészségügyi kockázatot jelent. Ezeknek a virulencia faktoroknak a változását fontos figyelembe venni az új antibiotikumok fejlesztése során, mivel a növekedett virulencia nagymértékben függ attól, hogy a baktérium milyen típusú antibiotikumhoz adaptálódott.

BENEDEK SZONJA

szonja.benedek2001@gmail.com

Biomérnök

BSc, 4. félév

Pannon Egyetem

Mérnöki Kar

*Témavezető:**Dr. Hubai Katalin Eszter
Egyetemi adjunktus, PE MK*

Levegőszennyező komponensek akkumulációja és toxicitása a saláta-szárazföldi csiga táplálékhálózatában.*Kulcsszavak: policiklusos aromás vegyületek, biomonitorung, akkumuláció, enzimaktivitás, aeroszol*

A mai 21. században az egyik legnagyobb problémát a levegőszennyezés okozza. A települések légszennyezettsége az egyik legfontosabb emberi egészséget befolyásoló tényező és emellett a környezetre is negatív hatást gyakorol. A közlekedésben különösképpen a dízelmotoros járművek által kibocsátott részecskék potenciálisan mérgező vegyi anyagok széles skáláját hordozzák, ide tartoznak a policiklusos aromás szénhidrogének (PAH). A légköri PAH-ok felhalmozódhatnak a növényekben, miközben a városi kertészkedés és a saját termesztésű zöldségek fogyasztása egyre népszerűbbé válik világszerte.

A kutatásom során laboratóriumi körülmények között kezelt saláta (*Lactuca sativa* L. teszt növényeket alkalmazva megvizsgáltam, hogy a növények által akkumulált szennyezőanyag mennyiség milyen mértékben jelenik meg a táplálékhálózat következő szintjén, amit a mi esetünkben a spanyol csupaszcsiga (*Arion lusitanicus* Mabilie.) képviselt.

Vizsgálataink során meghatároztuk a vizes aeroszol kivonattal kezelt saláták, valamint ezekkel a növényekkel táplált csupaszcsigák által akkumulált PAH mennyiségét. Megmértem a saláták fotoszintetikus pigment tartalmát, valamint a saláták és a csigák peroxidáz enzimaktivitásában bekövetkező változását.

Ezek a vizsgálatok hozzájárulhatnak az akkumulált PAH-ok további sorsának megértéséhez és az ökoszisztémák PAH szintjének meghatározásához, ami nagy jelentőséggel bírhat a populációkat érintő lehetséges kockázatok megértéséhez.

BÉRES BENCE*beresbence0322@gmail.com*

Biológia

BSc, 5. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Jipa András**tudományos munkatárs, HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóközpont*

Az ER-fágia és a kanonikus makroautofágia utak kapcsolata *Drosophila melanogaster*-ben*Kulcsszavak: Autofágia; Atg gének; Drosophila Melanogaster; ER-fágia; Szelektív autofágia*

Az autofágia egy olyan sejtfolyamat, amelyben a sejt felemészti saját magát az úgynevezett autofagoszómán keresztül. Az autofágia fontos szerepet játszik a fejlődési folyamatok lebonyolításában, az éhezési stressz kezelésében és a hibás sejtorganellumok emésztésében. Az autofágiának három ismert fajtája van: A makroautofágia, mikroautofágia, shaperon mediált autofágia. A legkutatottabb a makroautofágia, amelynek működése úgy valósul meg, hogy az autofagoszóma amely bekebelezi a citoplazma egy részét, és utána lizoszómákkal fuzionálva létrejön az autolizoszóma ami a lizoszóma emésztőenzimein keresztül képes megemészteni a bekebelezett csomagokat.

A makroautofágia molekuláris mechanizmusai az Atg(Autophagy-related genes)-en keresztül valósul meg. Összesen öt komplex van: Atg1 kináz komplex felelős az autofágia iniciációjáért, Atg9 komplex adja a membrán alapanyagokat, Vsp3 komplex felelős az alapanyagok nukleációjának biztosításáért, a konyugációs komplexek amelyek az Atg8 és Atg12 rendszerekből álnak felelősek az autofagoszóma formációjáért és éréséért. És végül a Snare komplex ami felelős az autofagoszóma lizoszóma fúzióért. Speciális esetekben az autofágia lehet szelektív. Az endoplazmatikus retikulum autofágia is egy ilyen eset ahol speciális Lir motívumokkal rendelkező transzmembrán receptorokhoz Atg8 fehérjék kötnek és ezeknek segítségével valósul meg a szelektív autofágia.

Kutatásaim célja, hogy bebizonyítsam az ER-fágia az éhezés során idukálódik és az előbb említett molekuláris mechanizmusok révén valósul meg, továbbá, hogy a komplexek valamelyikének kiütése megzavarja az ER-fágia folyamatát.

BISCHOF-WEISZ DOROTTYA*weisz.dorka@gmail.com*

Környezettudomány

MSc, 3. félév

Pannon Egyetem

Mérnöki Kar

*Témavezetők:**Dr. Lengyel Edina**Tudományos főmunkatárs, PE MK**Dr. Boros Gergely**Tudományos főmunkatárs, HUN-REN Balatoni Limnológiai Kutatócsoport*

A globális felmelegedés várható hatása az édesvízi zooplankton közösség szerveződésre, mennyiségi viszonyaira és diverzitására*Kulcsszavak: klímaváltozás, zooplankton, felmelegedés, mezokozmosz*

A globális klímaváltozás napjaink egyik legkomolyabb környezeti kihívása. Az Éghajlatváltozási Kormányközi Testület prognózisa alapján a szén-dioxid kibocsátás jelentős csökkentése nélkül bolygónk átlaghőmérséklete 3, vagy akár 5°C-al is emelkedhet az évszázad végére, melyre a sekély tavi élőlényközösségek kifejezetten érzékenyen reagálhatnak. A zooplankton fontos eleme ezeknek a közösségeknek, egyebek mellett mert anyag- és energiaforgalmi hidat képez az elsődleges termelő szervezetek (algák) és a magasabb trofikus szintek (pl. halak) között. Vizsgálatunkban célul tűztük ki, hogy kimutassuk két felmelegedési forgatókönyv lehetséges hatásait sekély tavi zooplankton közösségekre. A kísérletet 12 tartályból álló kültéri mezokozmosz rendszerben folytattuk le. A tartályokat három csoportra osztottuk (4 ismétlés/kezelés): kontroll/fűtetlen kezelés (K), illetve a kontrollnál 3 °C-kal (K+3), és 5 °C-kal magasabb hőmérsékletű (K+5) csoportokra. A kísérlet 8 hete alatt heti rendszerességgel vizsgáltuk a zooplankton közösséget (faji összetétel, egyedszám/biomassza, diverzitás) és napi rendszerességgel mértük a releváns abiotikus paramétereket a tartályok vizében (pl. hőmérséklet). A varianciaanalízis azt igazolta, hogy a kezelések között szignifikáns különbségek alakultak ki a közösségi metrikák tekintetében, emellett az NMDS (nem-metrikus skálázás) elemzés is közösségi-összetétel változást mutatott ki. A kezelések közti különbségeket az idő függvényében is megvizsgáltuk, melynek szerepe szintén jelentős volt a vizsgált paraméterek alakulásában. A hőmérséklet emelkedésének hatására a *Diaphanosoma brachyurum* egyedszáma jelentősen megemelkedett a kontroll kezeléshez képest. Ezzel szemben a *Keratella* nemzetség egyedszámára a hőmérséklet emelkedése negatív hatással volt: mind a K+3, mind a K+5 csoportban szignifikánsan alacsonyabb volt az egyedszámuk, mint a K-ban. Az eredmények alapján arra következtethetünk, hogy a felszíni vizek hőmérsékletének várható emelkedése jelentősen befolyásolhatja az édesvízi zooplankton közösségek szerveződését és mennyiségi viszonyait, melynek komoly hatása lehet az ökoszisztéma egyéb tagjaira is.

BOGYA STEFÁNI ZSÓFIA

zsofi.bogya2003@gmail.com

Biológia

BSc, 3. félév

Babeş-Bolyai Tudományegyetem

*Témavezető:**Dr. Nagy Nándor**professzor, SE ÁOK*

A bursa szekréciós dendritikus sejtek karakterizálása új monoklonális ellenanyagokkal

Kulcsszavak: bursa Fabricii; primer nyirokszerv; szekréciós dendritikus sejtek; monoklonális ellenanyag; immuncitokémia

A bursa Fabricii (BF) madarakra jellemző primer nyirokszerv, ami nélkülözhetetlen szerepet játszik a B-limfociták differenciálódásában. A BF dió nagyságú 10-12 redőkből álló szerv, lumene a kloáka üregével kommunikál. A redőket limfoid follikulusok alkotják, amelyek szövettanilag jól elkülöníthető mezodermális kéregállományból és ektodermális eredetű velőállományból állnak. A velőállományban található retikuláris hámsejtek és szekréciós dendritikus sejtek (BSDC) hozzák létre a bursa specifikus mikrokörnyezetet, amely kulcsszerepet tölt be a B limfocita prekursorokérésében. A hámsejtekkel ellentétben a BSDC-k ontogenezise és immuncitokémia tulajdonsága csak részben ismert. Kísérletes munkám során immuncitokémiai módszerekkel olyan markereket kerestem, amelyekkel megbízhatóan azonosítani lehet a BSDCket. Kimutattam, hogy az E-cadherin+ hámsejtek, chB6+ B limfocitákat és TIM4+ makrofágok mellett, a CSF1R szelektíven jelöli a BSDC-ket embrionális és felnőtt BF-ben. Kettős immunfluoreszcens festéssel igazoltam, hogy a CSF1R+ BSDC-k CD11d, p75-neurotrophin receptor és alphaVbeta3 integrin expresszálnak. Ezeket a felszíni molekulákat korábban még nem írták le madár dendritikus sejteken. Összefoglalva: a BSDC specifikus membránmolekulák azonosítása lehetőséget nyújt a sejtek fluoreszcens sejtszorterrel történő hatékony izolálására, amely elengedhetetlenül szükséges további molekuláris és *in vitro* kísérletek elvégzéséhez.

BOROS BENCE*bbence48@mailbox.unideb.hu*

Biotechnológia

BSc, 3. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezetők:**Dr. Leiter Éva**egyetemi docens, DE TTK**Mondok Ágnes Kata**PhD hallgató, DE TTK*

Yap1 ortológ FvnapA bZIP-típusú transzkripció faktor vizsgálata *Fusarium verticillioides*ben*Kulcsszavak: oxidatív stresszválasz; joint-PCR; deléciós mutáns; szaprofita; protoplaszt*

A *Fusarium verticillioides* egy szaprofita, fonalas gomba, mely hazánkban is igen gyakran fertőz szántóföldi kultúrákat, elsősorban kukoricát. Bár növénypatogénként tartjuk számon, toxintermelése miatt állatokra, és közvetetten emberre is veszélyt jelent. Sejtszintű működésének kutatása és megértése napjainkban egyre fontosabb, hiszen a fonalas gombák hagyományos fungicidek ellen kialakított toleranciája és rezisztenciája okán az ellenük való védekezési lehetőségek egyre fogynak.

A Debreceni Egyetem Molekuláris Biotechnológiai és Mikrobiológiai Tanszékén évek óta folynak kutatások élesztőkben és fonalas gombákban a YAP1 ortológ bZIP-típusú transzkripció faktorokkal. Ezek az először a *Saccharomyces cerevisiae*ben felfedezett transzkripció faktorok mára bizonyítottan olyan gének működését szabályozzák, melyek részt vesznek az oxidatív stresszválasz kialakításában, és másodlagos metabolitok, köztük a mikotoxinok termelésében, illetve közvetetten befolyásolhatják az adott faj virulenciáját is.

*Fusarium verticillioides*ben az FvnapA transzkripció faktort kódoló gént deletáltuk, az így létrehozott mutánsokat pedig fenotípusosan vizsgáltuk. Bizonyítani kívántuk, hogy a vizsgált transzkripció faktor hiányában az oxidatív stresszválasz mértéke csökken.

A delécióhoz a génkzettát double joint-PCR technikával készítettük el, majd a célsejtek protoplasztjait közvetlen transzformáltuk. A létrejött transzformánsokból egyedi telepeket izoláltunk, és PCR reakciók során, valamint emésztési mintázatok értékelése alapján igazoltuk a génkiütést. Az így azonosított deléciós mutánsokat fenotípus vizsgálatnak vetettük alá, mely során tBOOH, H₂O₂, CdCl₂, NaCl és szorbit stresszorok különböző koncentrációinak hatását vizsgáltuk a vad típus és a mutánsok telepátmérőinek összehasonlításával.

Eredményeinkkel igazoltuk, hogy az általunk vizsgált FvnapA bZIP-típusú transzkripció faktor szabályozza az oxidatív stresszválaszt. A jövőben transzkriptomikai vizsgálatokkal fogjuk meghatározni az FvnapA által szabályozott gének körét, ezenkívül a *F. verticillioides* mikotoxin termelésben betöltött szerepét is vizsgáljuk majd. Munkánkkal bővíteni kívánjuk a fonalas gombák genomjáról és metabolizmusáról rendelkezésre álló tudásanyagot, és alap kutatásként szolgálhatunk biokontroll ágensek fejlesztéséhez is.

BOROSTA ROBERTA*roberta.borosta@gmail.com*

Molekuláris biológia

MSc, 4. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

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

A Glioxaláz rendszer neurodegenerációra gyakorolt hatásának vizsgálata Huntington-kór és Alzheimer-kór modellekben

Kulcsszavak: Huntington-kór; Alzheimer-kór; neurodegeneráció; Drosophila modell; Glyoxalase 1

Kutatómunkám középpontjában a Huntington-kór (HD), egy autoszómális domináns öröklődésű, neurodegeneratív megbetegedés, illetve a jellemzően sporadikus Alzheimer-kór molekuláris hátterének vizsgálat állt. Munkámat a betegségek transzgenikus *Drosophila melanogaster* modelljeiben végeztem.

A csoportunk által korábban HD és Alzheimer-kór modell rendszereken végzett mikroRNS transzkriptomikai vizsgálatok eredményei arra utaltak, hogy a két betegségmodellben változást mutató miRNS-ek targetjei között feldúsulnak az AGE-RAGE jelátviteli útvonalhoz köthető gének mRNS-ei. TDK dolgozatomban ezért célul tűztem ki az útvonalhoz köthető egyik fő detoxifikáló fehérjét, a glioxaláz kódoló Glyoxalase 1 (Glo1) gén klónozását, és transzgenikus, Glo1 túltermelő *Drosophila* törzsek létrehozását. Az előállított UAS-Glo1.flag transzgénről történő expressziót western blot analízissel is ellenőriztük. Ezt követően HD és Alzheimer modellben is vizsgáltuk a Glo1 túltermelésének hatását az állatok életképességére, élettartamára, idegsejt degenerációjára és mozgására vonatkozóan. Eredményeink azt mutatják, hogy a túltermelés a HD modellben az összes vizsgált tesztben javította a betegség fenotípusát, míg az AD modellben az életképességre nem volt hatással, de a további tesztek esetében menekítő hatást tapasztaltunk. Továbbá fenotípusos vizsgálatot végeztünk egy Cerulean fluoreszcens fehérjével kapcsolt mutáns huntingtin (Htt.Q96-Cerulean) expresszázó HD modellen is. Ebben az esetben az élettartamok között találtunk szignifikáns eltérést a Glo1 overexpresszió hatására. Ezt a törzset használtuk arra is, hogy megfigyeljük, a Glo1 túltermelése hatására megváltozik-e a mutáns huntingtin fehérje western blottal kimutatható szolubilis formájának; illetve a stacking gélben lévő aggregált formáknak a mennyisége. A Glo1 mRNS szintjének növekedését a kísérleti csoportokban kvantitatív RT-PCR alkalmazásával igazoltuk.

A Glo1 túltermelés hatásának jellemzése mellett Glo1 funkcióvesztéses mutáns alléljének felhasználásával vizsgáltuk a csökkent Glo1 szint hatását a *Drosophila* HD és AD modellekben.

**BOTYÁNSZKI-FARKAS HELGA
HAJNALKA**

helga.hajnalka@gmail.com

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Varga Máté

egyetemi docens, ELTE TTK

A Bowen-Conradi szindróm zebradánió betegségmodelljének jellemzése

Kulcsszavak: betegségmodell, Bowen-Conradi szindróma, EMG1 gén

Az EMG1 (Essential for Mitotic Growth 1) gén kódolt metiltranszferáz enzim fontos szerepet tölt be a 18S rRNS 1248-as pozíciójában található uridin hipermodifikációjában és ezáltal a riboszómák kis alegységének összeszerelésében.

Az EMG1 humán ortológjának c.257A>G pontmutációja a Bowen-Conradi szindrómát (BCS) eredményez, ami egy olyan autoszómális, recesszív betegség mely súlyos idegrendszeri rendellenességekkel jár. Jellemző még a betegségre a növekedési retardáció, ízületi fejlődési rendellenesség, mikrocefália és mikrognathia. A betegségben szenvedők átlag életkora 13 hónap, bár regisztráltak egy olyan esetet, ahol az érintett 10 évig élt. Ez a betegség az amerikai hutterita törzsben elterjedt, ahol minden 355. gyerek ezzel a betegséggel születik.

Az EMG1-nek megtalálható az ortológja az orvosbiológiai kutatások kedvelt modelljének, a zebradániónak (*Danio rerio*) a genomjában is. Ezt kihasználva, az ELTE Genetikai Tanszékén folytatott TDK munkám keretén belül létrehoztam és jellemeztem a BCS zebradánió betegségmodelljét. Munkám során az emg1 funkcióvesztés hatására bekövetkező fenotípusos és transzkriptom-szintű elváltozásokat összevettem a laborunk által már korábban létrehozott, a sejtek pszeudouridilációjához kiemelten fontos dyskerin enzimet nélkülöző dkc1 mutánsokban tapasztaltakkal is.

BUDAI MÁTYÁS*budaimatyas@gmail.com*

Biológia

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Mizsei Edvárd**projektkoordinátor, Kiskunsági Nemzeti Park Igazgatóság, Kecskemét*

A múltbeli és jelenlegi flóra összehasonlítása a rákosi vipera (*Vipera ursinii rakosiensis*) élőhelyein

Kulcsszavak: közösségi ökológia; hüllő; növényközösség; múzeumi példányok; múltbeli elterjedés

A kutatásom célja a veszélyeztetett rákosi vipera (*Vipera ursinii rakosiensis*) egykori (1975 előtti) elterjedésének, illetve az élőhelyek flórájának meghatározása és annak összehasonlítása a fennmaradt élőhelyekével. A múltbeli lelőhelyek azonosítása után herbáriumi, cönológiai és florisztikai adatok felhasználásával létrehoztam egy növény-előfordulási adatbázist ($n=261.539$). A múltbeli-jelenlegi flóra eltéréseinek ábrázolásához NMDS-t alkalmaztam, és a különbségeiket Raup-Crick disszimilaritási indexszel jellemeztem. A disszimilaritás hatását a vipera fennmaradására GLM-mel vizsgáltam. A florális közösségeket PERMANOVA, illetve SIMPER analízissel hasonlítottam össze, majd meghatároztam az eltéréseket leginkább magyarázó növényfajokat. Az élőhelyek flórája szignifikánsan kevésbé különbözött azon területeken, amelyeken fennmaradt a vipera. A disszimilaritási index szignifikánsan negatívan hatott a vipera perzisztenciájára. A múltbeli élőhelyek flórája nem tért el szignifikánsan a vipera fennmaradása vagy eltűnése esetében, azonban a jelenlegi flórájuk szignifikánsan különbözött. Az egykori-jelen viperás élőhelyek különbségéhez legnagyobb mértékben a homoki árvalányhaj (*Stipa borysthena*) és a kiskék aszat (*Cirsium brachycephalum*) járult hozzá. Ezek alapján a vipera érzékeny az élőhelyén található flóra változására és azon lelőhelyeken maradhatott fenn, melyek jobban hasonlítanak egykori flórájukban, eredményeink pedig elősegítik az élőhelyrekonstrukciók hatékonyabbá tételét.

BURJÁN TÍMEA*timiburjan@gmail.com*

Molekuláris genetika, sejt- és fejlődésbiológia

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

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

AUTEN autofágia aktiváló kismolekulák vizsgálata az 1-es típusú spinocerebelláris ataxia *Drosophila* modellben*Kulcsszavak: autofágia; öregedés; AUTEN; SCA1; EDTP/MTMR14*

Az 1-es típusú spinocerebelláris ataxia (SCA1) egy domináns, autoszomális, neurodegeneratív betegség, melyet az ataxin1 (Atx1) fehérje poliglutamin régiójának mutációja okoz. Az autofágia egy sejtben belüli lizoszomális lebontó folyamat, amely segít a káros sejtalkotók lebontásában, biztosítva ezáltal a sejtek homeosztázisának fenntartását. Az autofágia hatékonysága az élettartam során csökken, hiányában neurodegeneráció alakulhat ki. Az AUTEN-67 (A67) és AUTEN-99 (A99) hatóanyagok a makroautofágia aktivátorai, a Vps34 autofág komplex antagonistájának, az MTMR14-nek gátlásán keresztül hatnak. Célul tűztem ki, hogy ezeket a hatóanyagokat megvizsgáljam az SCA1 muslica modelljében.

Eredményeim szerint az A67 és A99 egyaránt aktiválják az autofágiát vad típusú állatokban és növelik az élettartamot. Teljes agyban előidézett SCA1 betegségmodellben azonban csak az A67 növeli az autofágiát, az élettartamot és javítja az idős állatok mászási képességét. A betegségmodellre jellemző szem aberrációt is csak az A67 kezelés képes csökkenteni. Feltételezhető, hogy a 2 hatóanyag eltérően hat különböző típusú idegsejtekben. A megfigyelt eltéréseket neuronspecifikus hatóanyag vizsgálattal pontosítottam. A vizsgált idegsejtek közül az A99 a glutamaterg, az A67 pedig a kolinerg neuronokra volt nagyobb hatással.

Elmondható tehát, hogy bár a két AUTEN molekula célfehérjéje megegyezik, közöttük idegsejt specifikus eltérések tapasztalhatóak, amely adódhat a neuronok eltérő érzékenységből vagy a sejtek hatóanyag affinitásából.

Ezen eredmények segítenek az SCA1 betegség áthatóbb megértését, hiszen az eddigi *Drosophila* modellek az egész agyban vizsgálták a jelenségeket. Ez különösen azért fontos, mert a humán SCA1-ben leginkább a kisagy Purkinje-GABAerg sejtjei érintettek. Az elvégzett kísérletek ezen kívül segítenek az idegsejtspecifikus autofágia farmakológia aktiválás hatását megismerni, ezáltal egy pontosabb SCA1 modellt létrehozni.

BUTTYÁN BENCE*bence.buttyan@gmail.com*

biológia alapszak

BSc, 5. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Horváth Zsófia**tudományos főmunkatárs, HUN-REN Ökológiai Kutatóközpont, Vízi Ökológiai Intézet,
Biodiverzitás és Metaközösség-ökológia Kutatócsoport*

Az urbanizáció hatása a budapesti városi tavak zooplankton közösségeire*Kulcsszavak: zooplankton; urbanizáció; városi kistavak; biodiverzitás;*

A világszerte növekvő urbanizáció miatt a természetes élőhelyek kiterjedése csökken, minőségük pedig folyamatosan romlik. Ez számos esetben biodiverzitás veszteséggel jár együtt a környezeti zavarás és az idegenhonos fajok térnyerése miatt. Ezen felül a vizes élőhelyek kapcsán különösen fontos az élőhelyeket összekötő kapcsolatok megléte, mivel a diszperziós események kulcsfontosságúak mind a helyi, mind a regionális biodiverzitás fenntartásában, ami utóbbi ennek köszönhetően a kis vizes élőhelyek esetében kifejezetten magas lehet.

Kutatásom során az alábbi kérdések megválaszolása volt a célom: (1) van-e hatása az urbanizációnak a budapesti városi tavak zooplankton közösségeire és fajszáma; (2) melyik lokális változó a legfontosabb a zooplankton közösségek összetétele és fajszáma szempontjából; (3) illetve hogy megállapítsam, hogy az urbanizációnak vagy a tó lokális tulajdonságainak van-e nagyobb hatása a közösség-összetételre és fajszáma.

A kérdések megválaszolásának érdekében zooplankton mintákat gyűjtöttünk, vízkémiai- és egyéb háttéradatokat rögzítettünk a Budapest és környéki városi tavakból, majd QGIS segítségével kiválasztottunk egy reprezentatív, 20 tóból álló mintasorozatot, amely az általunk számolt urbanizációs gradiensre illeszkedett. A zooplankton minták fajösszetételét és az abundancia viszonyokat mikroszkópos módszerek használatával állapítottam meg, míg a háttéradatok elemzése és a közösségek összehasonlítása ordinációs vizsgálatok valamint többváltozós statisztikai tesztek alkalmazásával történt.

Az elemzések során 26 zooplankton taxont sikerült elkülöníteni és megállapítani gyakoriságukat, valamint meghatározni elterjedési mintázatukat a háttéradatok segítségével. Eredményeim azt mutatják, hogy a zooplankton közösségek összetételére és fajszáma nagyobb hatást gyakorolnak a tavak lokális tulajdonságai, mint az urbanizációs index, azonban mind a közösség-összetételre (vezetőképesség), mind a fajszáma (aljazat típusa, fémion-összetétel) ható legfontosabb helyi változók kapcsolatban állnak az urbanizációval.

A városi tavak biodiverzitásának megértése azért különösen fontos, mert a jól funkcionáló zooplankton közösségek az emberiség számára is elengedhetetlen szolgáltatások ellátásában játszanak szerepet. Kutatási eredményeim segítséget nyújtanak a városok természetes élőhelyeinek jobb megértéséhez és felhívják a figyelmet azok megóvásának fontosságára.

CSÁKI DOMINIKA*csaki.dominika@gmail.com*

Középiskolai hallgató

Alternatív Közgazdasági Gimnázium

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

A paradicsomhalak jellege: mélytanulási algoritmusok felhasználása komplex viselkedésformák non-invazív detektálására

Kulcsszavak: paradicsomhal; mélytanulási algoritmusok; viselkedéselemzés

A mesterséges intelligencia (MI) fejlődése a tudományok széles skáláján, így a viselkedéskutatás terén is számtalan új lehetőséggel szolgál. Az utóbbi években kifejlesztett algoritmusok gyors és pontos alternatívát nyújtanak a viselkedésformák hosszadalmas és monoton, manuális regisztrálása helyett, ráadásul a rendelkezésükre bocsátott adatokat elemezve még nem látott összefüggéseket is feltárhatnak.

A vizsgálataim központjában az összetett szociális viselkedéssel rendelkező paradicsomhal (*Macropodus opercularis*) állt, amely viselkedés-repertoárjának köszönhetően régóta az etológiai kutatások kedvelt modellszervezete. A kutatásom fő célja egy olyan módszer kifejlesztése volt, amely lehetővé teszi különböző MI-alapú algoritmusok kombinálását, hogy együttes használatukkal olyan komplex kérdésekre kapjunk választ, melyek megválaszolására ezek az algoritmusok önállóan alkalmatlanok lennének.

Kísérleteim alapját az ELTE Genetikai Tanszékén működő Halgenetikai Kutatócsoport paradicsomhal állománya adta, amely állatokról különböző viselkedési formákat rögzítő felvételek készültek, majd ezeket elemeztem kétféle mélytanulási algoritmussal. Ehhez először betanítottam egy test-pozíciós adatok kinyerésére alkalmas DeepLabCut modellt, illetve egy viselkedésklasszifikációt végző LabGym algoritmust is. Később, a videók elemzése során ezen algoritmusok kimeneti adatsorának kombinációja tette lehetővé a paradicsomhal egy jellegzetes viselkedésének, a felszíni levegővétel részletes elemzését. Ennek során főként a hát görbületét vizsgáltuk, és az eredmények arra utalnak, hogy a viselkedés során (véltetőleg anatómiai okok miatt) ebben változások észlelhetők.

Mind a paradicsomhalak viselkedését rögzítő videók elkészítése, mind az említett mélytanulási algoritmusok betanítása (és a kvantifikációs adatok 3D-s adathalmazzá történő háromszögelése), valamint adatsoraik kombinálása, illetve az eredmények elemzése és vizualizációk legenerálása is (a pályázatban szereplő 10. Ábra kivételével) saját eredmény.

CSEFKÓ-KIS VERONIKA*csefkovero@gmail.com*

Biológia

MSc, 1. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

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

A PXo testek karakterizálása az endolizoszomális rendszerben*Kulcsszavak: PXo test; LRO; lizoszóma; ecetmuslica*

A PXo test egy újonnan felfedezett sejtorganellum, amely a szervetlen foszfát (Pi) tárolása, majd felszabadítása által fontos résztvevője az intracelluláris Pi metabolizmusnak és a homeosztázis fenntartásának. Jelentős szerepe ellenére kevés ismerettel rendelkezünk róla, ugyanis kialakulása, illetve más sejtstruktúrákkal való kapcsolata még egyáltalán nem feltárt.

Az adult *ecetmuslica* bélhámsejtekben megfigyelhető összes PXo test elektronmikroszkópos felvételek alapján multilamelláris szerkezetű és nagy hasonlóságot mutat más sejtekben megfigyelhető multilamelláris lizoszómák és egyes lizoszómával rokon organellumok (LRO-k) morfológiájához. Ez felvetette annak lehetőségét, hogy a PXo testek maguk is lizoszómák vagy LRO-k lehetnek.

Ennek megválaszolására munkánk során a PXo testek mellett az endolizoszomális rendszerre jellemző molekulákat jelöltük immuncitokémiai és egyéb festési eljárásokkal, valamint elektronmikroszkópos vizsgálatokat is végeztünk.

Az eredmények alapján a PXo testek savas pH-val rendelkeznek, valamint kimutatható bennük a savas foszfatáz enzim, azonban nem jellemzők rájuk a leggyakoribb endolizoszomális markerek. Mindez arra utal, hogy hipotézisünk részben helyes lehet, de az biztos, hogy a PXo testek nem klasszikus lizoszómák. Emiatt vizsgálatainkat más organellumokra is kiterjesztettük, és meglepő módon úgy találtuk, hogy a PXo testek endoplazmatikus retikulum eredetűek lehetnek.

A későbbiekben további organellumokra specifikus jelölésekkel fogjuk folytatni a PXo testek karakterizálását, valamint vizsgálni fogjuk a PXo testek képződését eltérő Pi koncentrációjú táptalajokon, illetve LRO vagy ER mutáns genetikai háttereken.

CSER NÁRCISZ MÓNICA

csernarcisz@gmail.com

molekuláris biológia

MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Veszeka Szilvia**tudományos főmunkatárs, Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Biofizikai Intézet*

mRNS töltetű szolid lipid nanorészecskék vizsgálata humán sejtenyészeteken*Kulcsszavak: vér-agy gát, agyi endotélsejt, lipid nanorészecske, transzfekció*

A vér-agy gát egy szigorúan ellenőrzött biológiai gátrendszer, amely nemcsak a káros anyagok bejutását akadályozza meg a vérből az agyszövetbe, hanem számos gyógyszer és terápiás hatóanyagét is. A speciális tulajdonságokkal rendelkező agyi endotélsejteknek meghatározó szerepe van a vér-agy gát kialakításában és a gátfunkciók fenntartásában. Irodalmi adatok alapján ismert, hogy az agyi endotélsejtek transzfektálása – különösen génterápia céljából – rendkívül nehéz, mivel ezek a sejtek ellenállnak a hagyományos transzfektálási módszereknek, beleértve a virális és nem-virális vektorokat is. A szilárd lipid nanorészecskék (LNP-k) a nem-virális génterápia egyik ígéretes eszközei, mivel képesek nagy hatékonysággal szállítani különböző terápiás mRNS-eket, miközben minimalizálják az immunválaszt és a citotoxicitást. Az LNP-k egyszerre nyújtanak védelmet az mRNS instabilitásával szemben, és megkönnyítik annak célzott sejtekbe történő bejuttatását, különösen olyan nehezen elérhető célpontok esetében, mint az agyi endotélsejtek.

Kísérleteinkben célul tűztük ki, hogy megvizsgáljuk a zöld fluoreszcens fehérje (GFP) mRNS-ét tartalmazó LNP-k transzfekciós hatékonyságát HeLa és humán agyi endotélsejtek (hEC) tenyészetén. A nanorészecskék méretét és töltését dinamikus fényszórás méréssel határoztuk meg. A különböző mRNS koncentrációjú LNP-k sejtfelvételi hatékonyságát a sejtekben megjelenő GFP fluoreszcencia intenzitás mérésével végeztük.

Eredményeink alapján az LNP-k nem károsították a sejteket, és jelentős mennyiségben voltak képesek bejuttatni az mRNS-t a tumor eredetű HeLa sejtekbe, míg az agyi endotélsejtek esetében kisebb mértékű, de mérhető volt a transzfekció hatékonysága. Az LNP-k sejtbejutása koncentrációfüggő volt, a legmagasabb mRNS koncentrációk esetén a transzfektált sejtek jelentős részében kimutatható volt a GFP fehérje expressziója. Eredményeink alapján az LNP-k biztonságos vektorok lehetnek a humán agyi endotélsejtek génterápiás célú transzfektálására, és potenciálisan új terápiás lehetőségeket nyithatnak meg az agyi betegségek kezelésében.

CSESZKÓ EDINA*cseszko.edina@gmail.com*

Biológia - természetismeret - környezettan

Osztatlan, 9. félév

Szegedi Tudományegyetem

Juhász Gyula Pedagógusképző Kar

*Témavezetők:**Dr. Molnár Zsolt**főiskolai docens, SZTE JGYPK**Dr. habil. Gálfi Márta**főiskolai tanár, SZTE JGYPK**Dr. Hausinger Péter**adjunktus, SZTE SZAOK*

A hiponatrémia hatásai egészséges és transzformált adenohipofízis esetében*Kulcsszavak: hiponatrémia; prolaktin; prolaktinoma*

Az összetett rendszereket logikai kapcsolatok mentén szerveződő elemek fűzik egységgé. Az elemek kapcsolatai alrendszereket hoznak létre, ilyen logikai rendezőelvek mentén képezhetők le biológiai rendszerek is, így pl. az endokrin rendszer. Az agyalapi mirigy elülső lebenye számos hormont szekretál. A laktotróf sejtek morfológiája és eloszlása jól leírt, amelyek a prolaktint (PRL) termelő sejtekként az elülső lebeny lateroventrális részében ritkán oszlanak el, és a közbülső lebeny melletti sávban dominánsabban vannak jelen. A külső és belső környezetből származó ingerek széles spektruma felelős a PRL felszabadulásáért. A prolaktinómák a leggyakoribb adenomák, amelyek az agyalapi mirigy elülső lebenyének laktotróf sejtjeiből származnak, jellemző rájuk a fokozott PRL kiválasztás. Különösen érdekes, hogy a Na^+ koncentráció változása az extracelluláris környezetben milyen szerepet játszhat a hiperprolaktinémiában, mivel a Na^+ egy generikus szignáltranszducer. Jelen munkában vizsgálni kívántuk az extracelluláris Na^+ koncentrációváltozás, hiponatrémia PRL és adrenokortikotrop (ACTH) hormon elválasztásra gyakorolt hatását.

Vizsgálatainkban ♀ Wistar patkányokat (n=5) ösztön-actetáttal kezeltünk (150 µg/kg ts.kg./hét) 6 hónapon keresztül, szubkután, hogy prolaktinómát idézzünk elő. A kísérlet végpontjában primer, monolayer sejtenyészeteket készítettünk enzimátikus (tripszin: 0,2 %; kollagenáz: 30 µg/ml; diszpáz: 50 µg/ml) és mechanikus disszociáltatás útján (nylon blutex háló: Ø: 83 és 48 µm). A sejtdenzitást $2 \times 10^5/\text{cm}^3$ -re állítottuk be. A viabilitás kontrollt tripán-kék tesztel végeztük (viabilitás: > 95%). A hormon release változásait hiponatrémiás körülmények között követtük ($[\text{Na}^+]$: 0, 30, 60, 90 és 120 mM; n=10). A PRL tartalmat radioimmunoassay módszerrel, az ACTH tartalmat immuno-chemiluminescence assay módszerrel mértük. A teljes protein tartalom meghatározása módosított Lowry-módszerével történt. A statisztikai elemzést ANOVA-val végeztük.

Megvizsgáltuk a hiponatrémia hatásait egészséges adenohipofízis és transzformált, prolaktinómás adenohipofízis PRL és ACTH hormonelválasztására. Szignifikáns eltéréseket tapasztaltunk minden kezelési időpontban ($p < 0,001$; n=5) a kontroll csoporthoz viszonyítva. A prolaktinómás adenohipofízis karakteresebb változás mutatott mind az ACTH, mind a PRL elválasztás tükrében. Megállapítható, hogy egyes bifoizikai paraméterek, mint az extracelluláris Na^+ milieu és a hormonvezikulák exocitózisa között szoros összefüggés lehet.

CSIKÓS GELLÉRT*csigellert@gmail.com*

Molekuláris bionika mérnök

BSc, 7. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Török Tibor**egyetemi docens, SZTE TTIK**Schütz Oszkár**PhD hallgató, SZTE TTIK*

Dél-szibériai bronzkori kultúrák archeogenetikai vizsgálata*Kulcsszavak: Dél-szibériai bronzkori kultúrák archeogenetikai vizsgálata*

Az uráli nyelvcsalád eredete továbbra is vitatott kérdés a nyelvészeti szakirodalomban. Egy nemrégiben megjelent publikációban (Grünthal és mtsai., 2022) azonban – a történettudomány, a nyelvészet és a régészet eszköztárát kombinálva – az uráli nyelvek elterjedését a korai bronzkorban az Altáj vidékéről nyugat felé vándorló Seima-Turbino kulturális horizonttal hozzák összefüggésbe.

A nyelvi adatok alapján az uráli ősnyelv a bronzkor végére gyorsan szétválhatott alágaira, amit valószínűleg az okozott, hogy az egyes csoportok a vándorlás során elkülönültek egymástól. Az Urál keleti előterét az ugor alágakhoz tartozó csoportok vehették birtokba, mivel ezek nagy része ma is ott él. A kora bronzkori Seima-Turbino vándorlást követően a késő bronzkorban ezen a területen az Irmen és Karasuk régészeti kultúrákat találjuk, majd a vaskorban a Sargat és Gorokhovo kultúrákat. Feltételezhetően ezek mindegyike már valamilyen ugor nyelven beszélhetett, és a honfoglaló magyarok őseit is ezek között kereshetjük. (Maróti és mtsai., 2022)

Az Irmen és Karasuk kultúrák embertani leletanyagának archeogenetikai vizsgálata lehetőséget nyújt ezek egymással, a vaskori Sargat-Gorokhovo kultúrákkal, valamint a kutatócsoportunkban korábban elemzett korai honfoglalókkal való összehasonlítására. Ezáltal pedig betekintést nyerhetünk az említett népelemek genetikai kapcsolataiba, valamint az uráli nyelvet beszélő csoportok közötti kapcsolati rendszerbe is.

CSIKÓS KLAUDIA*csikos.klaudia2@gmail.com*

Info-bionika mérnök

MSc, 4. félév

Pázmány Péter Katolikus Egyetem

Információs Technológiai és Bionikai Kar

*Témavezető:**Hillier Dániel**egyetemi adjunktus, HUN-REN Természettudományi Kutatóközpont*

Investigating mesoscale cortical maps in the cat visual cortex using volumetric functional ultrasound imaging

Kulcsszavak: Látókéreg, Funkcionális képalkotás, Kortikális térképek, Implantátum, Preklinikai faj

In this thesis, I present an extensive overview of the assessment of the functional cortical organization in large-bodied preclinical species. In the technological and scientific overview, I have provided a comprehensive description of functional measurement tools and their corresponding advancements, and demonstrated how these tools have contributed to the discovery of processes taking place in the primary visual cortex. By discussing the limitations associated with each method, I have emphasized the pressing need for the development of a new methodology capable of investigating the layout and interrelationships of cortical maps in the deeper layers of the cortex.

To address this issue, I have developed a novel modular implant system, which enables the investigation of deep cortical layers in three dimensions by leveraging functional ultrasound imaging. Furthermore, I presented the core components of the experimental setup, including the stimulation design, *in vivo* measurement protocols, and analysis pipeline. The established measurement method exhibits promising potential for mapping the functional organization of the visual cortex in-depth, both in anesthetized and in awake animals.

While further development and measurement are necessary to fully validate the system, preliminary data indicate a high probability of achieving high-resolution, three-dimensional functional maps of the visual cortex in the near future. This significant advancement would contribute to a deeper understanding of how the visual system organizes itself to process and represent visual information.

CSIPKAY KRISZTINA*csipikrisztike@gmail.com*

biológia

BSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Pálinkás János**doktorjelölt, ELTE TTK**Dr. Kovács Mihály**egyetemi tanár, ELTE TTK*

Conserved C-terminal segment of human single-stranded DNA-binding proteins facilitates protein condensation

Kulcsszavak: fázisszeparáció; egyszálú DNS-kötő fehérjék; DNS-hibajavítás; biomolekuláris kondenzátumok

Recent studies highlighted the central importance of liquid-liquid phase separation (LLPS)-based protein condensation in cellular physiology, as it has been proven to be a key mechanism of internal compartmentalization. LLPS condensates are membraneless, dynamic, and liquid-like and are found in all organisms. Our group has shown that single-stranded DNA (ssDNA)-binding (SSB) proteins undergo LLPS in both bacteria and humans. Their presence is indispensable in DNA metabolism, for instance in replication, recombination and DNA-repair processes. The prototypical, tetrameric SSB from *E. coli* harbours three structural elements: the OB (oligonucleotide binding) domain, which binds to single-stranded DNA; the IDL (intrinsically disordered linker), that modulates cooperative DNA-binding by SSB tetramers and drives LLPS, and the CTP (C-terminal peptide), which is the last 9 amino acids on the protein's C-terminus. The highly conserved CTP is responsible for protein-protein interactions and recruiting proteins to single-stranded DNA. CTP-OB interactions between tetramers also facilitate LLPS. Human SSB (hSSB1/2) proteins, homologs of the *E. coli* SSB, play essential roles in the maintenance of the genome, specifically in homologous recombination and base excision repair of oxidative DNA damages. Interestingly, the last 13 amino acids at their C-terminus are conserved among vertebrates, but the function of the CTP in hSSB function and LLPS propensity is unknown. Therefore, I created CTP-truncated variants of hSSB1 (hSSB1-dC) and hSSB2 (hSSB2-dC) by molecular cloning. I expressed and purified the proteins. I examined their LLPS propensities by epifluorescence and DIC microscopy and assessed the change in their ability of condensate formation. I also examined proteins in the presence of molecular crowders, as the crowder effect is a known driving force of LLPS. I found that hSSB2-dC is poorly soluble and easily aggregates, while hSSB1-dC remains soluble but is only capable of LLPS in the presence of molecular crowders. I also showed via fluorescence anisotropy titrations that the binding affinity of hSSB1 to ssDNA is significantly reduced when the CTP is truncated, indicating that it is also involved in DNA binding. My results highlight that the CTP of human SSBs has essential roles in LLPS regulation, protein stability and ssDNA binding, with characteristic differences from the bacterial EcSSB.

DABOSI ZSOMBOR*dabosizsombor@gmail.com*

Biológia

MSc, 2. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Nagy Valéria**tudományos főmunkatárs, HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóközpont Növénybiológiai**Intézet**Dr. Tóth Szilvia Zita**tudományos tanácsadó, HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóközpont Növénybiológiai**Intézet*

Fenntartható hidrogéntermelés megvalósítása váltakozó fényintenzitáson pgr5 mutáns *Chlamydomonas* zöldalgával

Kulcsszavak: Chlamydomonas, biohidrogén, fotoinhibíció, PGR5, fotoszintézis, fotobioreaktor

A zöldalgák hidrogéntermelése egy ígéretes megújuló energiaforrás. Kifejlesztettünk egy olyan automata rendszert, amely az algák vékony folyadékrétegű fotobioreaktorban történő hidrogéntermelését képes nyomon követni, annak légterét rendszeresen nitrogéngázzal lefűtatni és a rendszer állandó nyomását biztosítani. E rendszerben vizsgáltuk a vad típusú (CC 124) és a ciklikus elektrontranszportban mutáns pgr5 *Chlamydomonas reinhardtii* zöldalga törzsek fotoautotróf hidrogéntermelését nappali fényviszonyok szimulálása mellett (0-1000 $\mu\text{mol foton m}^{-2}\text{s}^{-1}$ között). Váltakozó fényintenzitáson a pgr5 mutáns 100%-kal felülmúlta a CC-124 hidrogéntermelését. Immunoblot analízissel kimutattuk, hogy a pgr5 mutánsban a fotoszintetikus alegységek mennyisége (PsbA, PSBO, CP47, PetB, PsaA) nem változott jelentősen és a hidrogenáz aktivitásának körülbelül 29%-a megőrződött a 85 órás hidrogéntermelés alatt. A vizsgálataink rámutatnak arra, hogy a pgr5 mutáns igen ígéretes a tartós és hatékony hidrogéntermelés megvalósítására a napfény tartományában és váltakozó fényintenzitáson, megnyitva az algák szabadban történő hidrogéntermeltetésének lehetőségét.

DOBOLYI ZSÓFIA*dobolyizsofi@gmail.com*

Biológus

MSc, 1. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Prof. Dr. Györfy Balázs**Tudományos tanácsadó, HUN-REN Természettudományi Kutatóközpont, Onkológiai**Biomarker Kutatócsoport**Dr. Menyhart Otília**Tudományos munkatárs, HUN-REN Természettudományi Kutatóközpont, Onkológiai**Biomarker Kutatócsoport*

**Terápiás célpontok génexpressziós profiljainak vizsgálata vesesejtes karcinómában
egysejt RNS-szekvenálási adatok alapján**

*Kulcsszavak: egysejt RNS-szekvenálás; vesesejtes karcinóma; tumor mikrokörnyezet; célzott
terápia; biomarkerek*

Renal cell carcinoma (RCC) is the most common type of kidney cancer. Treatment is difficult due to lack of drugs with proper efficacy. We hypothesize that inefficacy is connected to moderate expression of targeted genes in cancer cells. I investigated the expression profiles of 174,611 cells by integrating single-cell RNA sequencing data from RCC patients, downloaded from NCBI GEO. I designed a complete bioinformatic workflow in Python to cluster and annotate cancer cells in the tumor microenvironment. 32,977 cancer cells were annotated based on marker genes. I identified new biomarkers of RCC, such as CD24 (FC=4.42; p-value=0.0013); CRYAB (FC=4.31; p-value=0.00093) or TMEM176A (FC=3.98; p-value=0.0017). I also determined genes (ANGPTL4; VCAM1; EDN1) that were overexpressed in a high percent of annotated tumor cells (ATCs), but not in other cell types. Drug development on these targets is suggested to establish their effectiveness in treating RCC. I collected the drugs against RCC that are approved or in clinical trials from the DrugBank database and identified 51 of their target genes. Genes targeted by most drugs were only expressed in a small ratio of ATCs: IL2R – 4.5%; mTOR – 2.5% and PD-L1 – 0.8%. While VEGFA, the target of the currently most effective drugs was expressed in 85.1% of the ATCs and only 24.7% of other annotated cell types on average. Bevacizumab, a VEGF inhibitor has the highest progression-free survival time according to clinical trials (10.2 months), thus, single-cell gene expression profiles might correlate with targeted therapy effectiveness.

DOBOS PETRA*dobospetra1@gmail.com*

Biológus

MSc, 1. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Pongrácz Péter**egyetemi docens, ELTE TTK*

Kerülnél velem? Nos, ez a kutyaajtától függ! A funkcionális fajtaszelekció szerepe a szociális tanulásban kutyáknál*Kulcsszavak: kutya; fajtaszelekció; szociális tanulás*

A szociális tanulás egyike a kutyák emberrel való együttélését és együttműködését segítő mechanizmusoknak. Feltételezésünk szerint a kooperatív vagy önálló munkára szelektált kutyaajták eltérően viselkedhetnek embertől való szociális tanulás során. Vizsgálatunkban a kerülési paradigmát alkalmaztuk. Az alanyok egy V-alakú, átlátszó, 3 m oldalhosszúságú és 1 m magas kerítés belső sarkából csak kerüléssel tudták megszerezni a jutalmat. Alanyaink minimum 1 éves családi kutyák voltak a kooperatív/önálló munkavégző fajtacsoportokból. Az egyes ajták túlreprezentációját elkerülendő 16 kooperatív és 18 önálló fajta összesen 78 egyedét teszteltük. A kísérlet három egy perces próbából állt. A kontroll csoportokban a kutyák csak demonstráció nélkül próbálkoztak; míg a demonstrációs csoportokban a kísérletvezető a második és harmadik próba előtt a jutalmat a kerítést megkerülve helyezte el. Leglényegesebb eredményünk, hogy a kooperatív kutyák emberi demonstrációt követően a 2. és 3. próba során szignifikánsan gyorsabban értek a jutalomhoz, míg az önálló kutyák nem mutattak ilyen fejlődést. A kerülési latencia a két kontroll csoportnál sem rövidült. A kutyák teljesítményét a képzettségük és tartási helyük nem befolyásolta. Vizsgálatunk eredménye az első tapasztalati bizonyíték arra, hogy a funkcionális fajtaszelekció érinthette a kutyák azon tulajdonságait, melyek szerepet játszanak a szociális tanulás során, így a ajták viselkedési eltéréseinek biológiailag releváns keretét is szolgálhat.

EGYED MÁTÉ*egydm1@gmail.com*

Biológia

MSc, 1. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Puska Gina**egyetemi adjunktus, ATE**Dr. Dobolyi Árpád**tanszékvezető egyetemi tanár, ELTE TTK*

A mediális preoptikus terület oxitocin receptort kifejező neuronjai szabályozzák a szociális viselkedést

Kulcsszavak: oxitocin receptor, mediális preoptikus terület, affiliatív szociális viselkedés

Oxytocin (OT) is known to affect emotional behaviour via the oxytocin receptor (OTR) located in several forebrain regions. The medial preoptic area (MPOA), located in the anterior part of the hypothalamus, is well known for its role in maternal behaviour. However, recent evidence suggests that it is also involved in the control of affiliative social behaviour. Since OTR is abundant in the MPOA, we hypothesized that OTR-expressing neurons in the MPOA regulate social behaviour in rodents. The aim of this study was to investigate the functional role of OTR neurons in interfemale social behaviour by fiber photometry and chemogenetic manipulation. To this end, I used OTR-Cre female rats, which expressed Cre recombinase in OTR-expressing cells, allowing the use of Cre-dependent viral vectors to express calcium sensor proteins and excitatory receptors for chemogenetics. The control group received a Cre-dependent viral vector lacking excitatory receptors. I also used fiber photometry to investigate the neuronal activity of OTR+ cells in the MPOA during direct social interaction. With anterogradely spreading viral vector, I revealed the projections of MPOA OTR-expressing neurons.

Stimulation of OTR+ neurons led to a significant increase in the duration of chasing and subsequent direct contact behaviours without altering the animals' sociability, social preference, depression and anxiety-like behaviours. Using fiber photometry, I found that OTR+ neurons in the MPOA are activated during anogenital sniffing, which I showed to be significantly followed by chasing. Neuronal tracing revealed that OTR neurons project to several brain regions that constitute the social brain network.

Here I present the first evidence of a function of MPOA OTR+ neurons by demonstrating their role in the control of affiliative social interactions. The activation of OTR+ neurons during anogenital sniffing is conveyed by their projections to the lateral septum, the periaqueductal grey matter, and the ventral tegmental area for distribution in the limbic system, motor control, and reward processing, respectively, which may facilitate a chain of behavioural elements to occur leading to direct contact between the animals. These findings suggest that MPOA OTR-expressing neurons may play a central role in regulating social interactions between adult female conspecifics.

ERDÉLYI DORINA*dorinamerdelyi@gmail.com*

Középiskolai hallgató

Óbudai Árpád Gimnázium

*Témavezető:**Tarlós Péter**középiskolai tanár, Óbudai Árpád Gimnázium*

Cellulóz és lignocellulóz tartalmú hulladékok talajbaktériumokkal történő komposztálásának vizsgálata

Kulcsszavak: komposztálás, baktérium; szerves hulladék lebontás; csírázásgátlás; PGPR hatás

A kiskertek és háztartások mind nagyobb részében ismert és elterjedten alkalmazott eljárás a komposztálás, mely lebontási folyamatot mikrobiális termékek alkalmazásával még hatékonyabbá tehetjük. Egy talajbaktérium készítményeket fejlesztő és gyártó cég munkájába kapcsolódhattam be, ahol önálló kutatást végeztem.

Kísérleti munkám során vizsgáltam, hogy a kiválasztott, majd fermentációval előállított talajbaktériumok milyen hatékonysággal bontják le a környezetünkben előforduló szerves hulladékokat. Ehhez kísérleti komposzt keveréket állítottam össze tejedobozokba kialakított mini komposztálóba. A beállítások mindegyikéből sterilizett és nem sterilizett összeállítást is készítettem, melyeket a baktérium inokulumokkal oltottam. Rendszeresen ellenőriztem a bontások állapotát, majd a lezajlott komposztálást követően a szitált komposzt felhasználásával növénykísérleteket indítottam.

A kerti zsázsa (*Lepidium sativum*) jó indikátor növény a komposzt érettség megállapítására. Petri csészékben vizsgáltam a kelésszámokat (csírázásgátlás vizsgálat). A pak choi- fodoroskel (*Brassica rapa* subs. *chinensis*) érzékenyen reagál a talajban levő tápanyagokra, ezért alkalmas tesztnövény a komposztálás során a baktériumok által feltárt hasznos szerves és szervetlen anyagok követésére.

Kísérleteim eredményeként megállapítottam, hogy a baktériumokkal beoltott mintákban a kontrollhoz képest hatékonyabb a bontás. A sterilizett beállításokban lassabbak voltak a bontások, mint a párhuzamos, nem sterilizett alapanyagokon, amit az alapanyagokon természetesen jelenlevő és a bontásban is részt vevő mikroorganizmusoknak tudhatunk be. A *Paenibacillus glucanolyticus*, a *Bacillus sonorensis*, valamint a *Bacillus licheniformis* izolátumok a többi vizsgált baktériumhoz képest hatékonyabban bontották a fadarabokat, valamint a nehezebben bomló szalmaszálakat is. A zsázsakísérletben jelentős csírázásgátlást nem tudtam kimutatni. A pak choi kísérletnél egyes baktériumokkal a kontrollhoz képest gyorsabb növekedést, erősebb, egészségesebb növényeket regisztráltam, ugyanakkor néhány jelentősen elmaradt a kontrollhoz képest.

Kísérleteim során magam is tapasztaltam, hogy a megfelelő baktériumok szignifikánsan javították a komposztálás hatékonyságát. Ezzel a természetes folyamattal olyan tápanyagdús földet lehet előállítani, mely a növények fejlődése szempontjából is egyértelműen előnyös, így természetközeli, fenntartható technológiaként hozzájárul, hogy Földünk egészségesebbé, élhetőbbé váljon!

ÉRFALVY DÁVID*erfalvy.david2@gmail.com*

Biológus

MSc, 1. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Ecsédi Péter**tudományos munkatárs, ELTE TTK**Dr. Kovács Mihály**egyetemi tanár, ELTE TTK*

Egyszálú DNS-kötő fehérje biomérnöki módosítása a folyadék-folyadék fázisszeparáció bakteriális genomkarbantartásban betöltött szerepének feltárása érdekében

Kulcsszavak: liquid-liquid phase separation; ssDNA-binding protein; genome maintenance; E. coli

It is now known that various membraneless cellular structures in eukaryotes are liquid-liquid phase-separated (LLPS) condensates of proteins and nucleic acids, enabling molecules to accumulate and function in special microenvironments, which could be especially advantageous for bacterial cells lacking inner membrane systems. Our lab showed in 2020 that *E. coli* single-stranded DNA (ssDNA) binding protein (SSB) confers such propensity, highlighting a new context for its genome metabolic function. My goal was to unravel the importance of SSB-driven LLPS in bacterial physiology and stress response.

For this purpose, I cloned, expressed and purified different EcSSB constructs, in which the intrinsically disordered linker (IDL) region is modified (which region is demonstrated to be important in eliciting LLPS of proteins). After that, the measurement of the ssDNA- and partner binding abilities of these variants followed using fluorescence polarization (FP), as these normal functions of the EcSSB is important to be left unchanged for the observation of the specific effect of the loss of LLPS. The interaction between the oligonucleotide-binding (OB) domain and the IDL C-terminal peptide (CTP) of the IDL was also measured using FP, as this interaction has been suggested to be an important factor in eliciting LLPS of EcSSB. To study this specific effect, the LLPS propensity was evaluated by turbidity measurements and epifluorescence microscopy with the IDL modified constructs, demonstrating how IDLs from different organisms, glycine rich regions, aromatic and cationic residues impact the LLPS propensity of EcSSB.

The results showed that the LLPS propensity is severely affected by the IDL structural changes, while diminishing the importance of the OB domain-CTP interactions. Meanwhile, the ssDNA-binding and partner binding abilities were in the wild-type protein levels in most constructs, which makes some of them great candidates for further *in vivo* experiments establishing *E. coli* cell lines with no EcSSB protein condensation forming abilities to understand if LLPS alone confers adaptive advantages to bacteria.

ERIKA YOMALLI MERA CRUZ*yomallimeracruz@hotmail.com*

FOOD SAFETY AND QUALITY ENGINEER

MSc, 4. félév

Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem

Élelmiszertudományi és Technológiai Intézet

*Témavezetők:**Dr. Kiskó Gabriella**Kisko.Gabriella@uni-mate.hu, MATE ÉTTI**Taczmáné Dr. Brückner Andrea**taczmanne.bruckner.andrea.erezsebet@uni-mate.hu, MATE ÉLTI*

Paprika (*Capsicum annum* L.) mikrobiótájának azonosítása és élelmiszerekből izolált baktériumok antibiotikum-rezisztenciájának értékelése

Kulcsszavak: Antibiotikum-rezisztencia, Élelmiszer eredetű baktériumok, MALDI-TOF-MS, Mikrobiális azonosítás, Biokémiai módszerek.

Antibiotic resistance among foodborne bacteria has become a significant public health concern. The extensive use of antibiotics in agriculture, animal husbandry, and food production has promoted the emergence and spread of resistant bacterial strains in the food supply chain. These bacteria pose a serious threat to human health, as they can contaminate food products and cause infections that are increasingly challenging to treat. Understanding antibiotic resistance in foodborne bacteria is essential for developing strategies to control its spread and protect public health. This research examines the microbiota of bell peppers and evaluates the antibiotic resistance of bacteria isolated from raw pork, raw milk, and the bell pepper phyllosphere. Food samples were collected and processed for bacterial isolation, followed by microscopic analysis and biochemical identification methods, including Oxidase, Catalase, and Potassium hydroxide tests. Selected bacterial strains were identified to the genus and species level using MALDI-TOF-MS. Antibiotic susceptibility testing was performed using Oxytetracycline hydrochloride at concentrations ranging from 0.375 µg/µl to 3.00 µg/µl, employing disk diffusion tests and UV/Vis spectroscopy to determine the Minimum Inhibitory Concentration (MIC).

The study identified various bacterial species, including *Micrococcus luteus*, *Pseudomonas antarctica*, *Kocuria salsicia*, *Macrococcus caseolyticus*, *Buttiauxella gaviniae*, and *Pseudomonas lundensis*, revealing diverse microbial populations influenced by different production chain environments. Antibiotic susceptibility testing demonstrated variable resistance levels among the isolates. *Macrococcus caseolyticus* was the most resistant bacterium, exhibiting minor inhibition zones (8–9 mm) at all antibiotic concentrations. In contrast, *Micrococcus luteus* was the most sensitive, showing large inhibition zones (29–43 mm). Other species, such as *Pseudomonas antarctica*, *Kocuria salsicia*, *Buttiauxella gaviniae*, and *Pseudomonas lundensis*, displayed moderate resistance with inhibition zones of 19–37 mm.

These findings emphasize the importance of monitoring antibiotic resistance in foodborne bacteria and implementing measures to mitigate its spread, such as prudent antibiotic use and surveillance programs. Continued research, particularly with lower antibiotic concentrations, is vital to address the rising challenge of antibiotic resistance and protect public health.

FAGGYAS FLÓRA

florafaggyas@gmail.com

Középiskolai hallgató

Tóth Árpád Gimnázium

*Témavezető:
Bíró Vivien
mentor, DE TTK*

***Aspergillus terreus* és az itakonsav: egy zöldebb jövőért**

Kulcsszavak: Aspergillus terreus; itakonsav; fermentáció; Mangán(II)-effektus

Az *Aspergillus terreus* kiemelkedő itakonsav-termelő képessége révén kulcsfontosságú az iparban, mivel az itakonsav fenntartható alternatívát nyújt kőolaj alapú vegyületek helyett, elősegítve környezetbarát megoldások fejlesztését.

Kutatásunk fő irányát a mangán-foszfát együttes hatása határozta meg. A Mn(II)-ionok negatív szerepe jól meghatározott, viszont az effektus mélyebb felderítéséhez széleskörű ismertekre van szükség. Irodalmi kutatások alapján kiderült, hogy a Mn^{2+} -ion felvételében bizonyos foszfát transzporterek is szerepet játszanak, így azt a célt tűztük ki, hogy felderítsük a mechanizmust, időprofil alapján meghatározzuk a termelést befolyásoló koncentrációkat, valamint összehasonlítsuk az együttes effektust.

Kísérleteinket az *Aspergillus terreus* NRRL 1960 törzsszel végezzük. A termeléshez 5 l hasznos térfogatú bioreaktorokat és 500 ml Erlenmeyer lombikokat használunk. Kísérleteink során rendkívül nagy figyelmet biztosítottunk a sterilitás megőrzésére. A fogyott cukor és termelt itakonsav koncentrációkat magas nyomású folyadékkromatográfiával (HPLC) vizsgáltuk.

A Mn^{2+} -limitált kontrol fermentációk során a moláris konverzió 87,3 %-nak adódott. A mangán terhelt fermentációk vizsgálatakor megállapítottuk, hogy a hozam nem volt olyan magas, mint a kontrol Mangán(II) limitált fermentáció végén. Továbbá Mn^{2+} ráadagolását végeztük különböző időpontokban, különböző koncentrációkban. Ha a későbbi órákban adagoltuk az ionokat a fermentációhoz a negatív hatásuk kevésbé érvényesült. Továbbá megállapítottuk, hogy magasabb Mn(II) koncentráció jelenlétében a specifikus moláris hozam lecsökkent.

Vizsgáltuk a PO_4^{3-} -ionok hatását Mn^{2+} -ionok jelenlétében. Az eredményeink azt támasztották alá, hogy az ionok szinergikusak, tehát együttesen negatívabb hatást fejtenek ki, mint önmagában a Mn^{2+} -ionok.

A morfológiai eredményeink alátámasztották a mangán limitáció hatására kialakuló kedvezőbb pelletes morfológia megjelenését. Továbbá azt, hogy minél később történik a ráadagolása, annál kisebb mértékben alakul ki fonalas morfológia, ezáltal azt, hogy minél később kerülnek az ionok a fermentációhoz a negatív hatásuk annál kevésbé érvényesül. Megállapítottuk, hogyha az ionok jelen vannak, a gomba a szénforrást arra fordítja, hogy a saját sejttömegét gyarapítsa, nem arra, hogy az itakonsavat termelje.

FARKAS ERIKA*erika0522211@gmail.com*

Biológia

MSc, 1. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Csizmadia Tamás**egyetemi adjunktus, ELTE TTK*

A szekréciós granulumok membránfehérjéinek dinamikája ecetmuslica lárvális nyálmirigyében

Kulcsszavak: krinofágia, szekréciós granulum, Syt1, Snap24, lizoszóma

Az ecetmuslica fejlődése során a lárvális nyálmirigy sejtekben felhalmozódó szekréciós granulumok beltartalma a bábozódáskor kiürül. A szekréció után a sejtben maradt váladékszemcsék lizoszómákkal fuzionálva bontódnak le (krinofágia), ennek molekuláris háttere kevésbé ismert. Izgalmas kérdés, hogy mi lesz a sorsa a citoplazmában maradó váladékszemcsék exocitózishoz szükséges membránfehérjéinek.

Kutatásom során megvizsgáltam egy, a szekréciós granulumok membránját kijelölő, és abban állandóan jelen lévő (referencia) transzmembrán fehérje, a GFP-vel jelölt humán mCD8 lokalizációját a fejlődés során, összehasonlítva azt az exocitózisban szereplő transzmembrán, illetve membrán asszociált fehérjékével (Szinaptotagmin, Snap24). Sikerült kimutatnom egyrészt, hogy a szekrécióhoz szükséges membránfehérjék már nem mutathatóak ki normál körülmények között a krinoszómákon, másrészt pedig a krinofágia gátlása során azok a lebontásra nem kerülő granulumok membránjában maradnak. Mindezek alapján feltételezzük, hogy a szekréciós granulumok membránfehérjéinek eltávolítása azok beltartalmának degradációjával szorosan összefüggő folyamat.

Ezen mechanizmusok feltárásával pedig nem csak nagyobb betekintést kaphatunk az említett folyamatról, de a krinofágiával kapcsolatos, jelenleg még gyógyíthatatlan betegségek kezelésében is segíthet, például a Crohn betegség és a pancreatitis esetében.

FAZEKAS FRUZZSINA*fazekas.fruzsina1@gmail.com*

biológia

BSc, 5. félév

Állatorvostudományi Egyetem

*Témavezető:**Berekméri Eszter**tudományos munkatárs, ATE*

Az intracelluláris Ca^{2+} szint elemzésének automatizálása erősen polarizált sejtekben

Kulcsszavak: Kalciumszint monitorozás; polarizált sejtek

A kalcium a szervezet fontos biogén eleme, amely rendkívül tág szerepkörrel rendelkezik, ezért számos kutatás foglalkozik mechanizmusaival. Gyakran ezen kutatások során kalciumszint monitorozás zajlik, melynek eredményeit számítógépes programok segítségével elemzik. Az elemzéshez hozzátartozik az úgynevezett „region of interest” – rövidítve ROI – felhelyezése is, ami a felvételen vizsgálni kívánt területek kijelölését jelenti. A ROI-k meghatározása azonban manuálisan történik, amire nincs egységes eljárás, megrajzolásuk ezért szubjektív. A szóban forgó programok emellett sokszor nem érhetők el ingyenesen. Fejlesztésük megszűnt, ezáltal elavultak, és támogatásuk fokozatosan lejár az operációs rendszerek újabb verzióival. Az elemzési folyamat nincs bennük automatizálva, elvégzésük ember- és időigényes folyamat. Az eredmények értékelése szempontjából fontos kiemelni, hogy nem nyílt forráskódot használnak, így nem tudni, milyen algoritmusok alapján dolgoznak az adatokkal. Projektünk célja egy nyílt forráskódú, mindenki számára elérhető és testre szabható, automatizált elemző program megírása volt, amely objektív módszereket alkalmaz a ROI-k felhelyezéséhez. A program az R programozási nyelven íródott, amely az egyik legelterjedtebb nyelv a biológia tudományában. Fontos szempont volt a lehető legkevesebb R csomag használata. A legtöbb csomag nem kerül az R programmal együtt letöltésre, ezeket a felhasználó maga tölti le egyesével. Mivel az R nyílt forráskódú nyelv, így a csomagok bárki által fejlesztésre kerülhetnek. Előfordulhat, hogy egy frissítés során a csomagba tartozó parancsok valamelyikét átdolgozzák, ami eredményezheti a már megírt program működésbeli változását. A csomagok egyenként történő letöltése ezenfelül lehet lassú, így nem felhasználóbarát. Oka, hogy az R a lassabb programozási nyelvek közé tartozik, ami a kód megírása során kezdetben nehézséget is jelentett. A kísérleti adatok nagysága miatt a futási idő jelentősen megnőtt, ezt idővel azonban sikerült gyorsítani. Elkészült programunkkal sikeresen mértünk különböző típusú, polarizált sejteket. Ez új lehetőségeket kínál majd a kutatóknak, hiszen jelenleg nincs hasonló ingyenes, nyílt forráskódú program, amit ilyen elemzésekre lehetne használni. A továbbiakban cél a program átfordítása Python programozási nyelvre is, a még szélesebb körű alkalmazhatóság érdekében.

FÉBERT FANNI ADINA*fanniadina@gmail.com*

fizikus

MSc, 1. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Meszéna Géza**egyetemi tanár, ELTE TTK*

Hozzájárulhatnak-e szexuális kölcsönhatások versengő populációk együttélésének dinamikus stabilitásához?

Kulcsszavak: kriptikus fajok, szexuális kölcsönhatások, együttélés, populációszabályozás

A klasszikus kép szerint a fajok együtt-létezése ökológiai niche-eik (például: táplálékforrásaik) elkülönülésén múlik. Egy ilyen differenciálódás esetén ugyanis egy megnövekedett létszámú faj hátrányba kerül a többiekhez képest, s így létrejön egy, az együttélést stabilizáló negatív visszacsatolás.

A közelmúltban végzett empirikus vizsgálatok azonban olyan - ún. kriptikus - fajok együttélését tárták fel, melyek morfológiailag megkülönböztethetetlenek, genetikailag azonban mégis eltérnek egymástól. Mivel nincs közöttük ismert ökológiai különbség, felmerült, hogy együttélésüket szexuális kölcsönhatások stabilizálhatják.

Munkám során két ilyen lehetséges kölcsönhatást vizsgáltam meg: a hím kompetíciót, valamint a hím-nőstény szexuális konfliktus egy olyan válfaját, melynél a túl sok hím párzási próbálkozása már a nőstények termékenységeinek és élettartamának csökkenéséhez vezet.

A kölcsönható populációk viselkedését csatolt differenciál-egyenletekkel modelleztem, és vizsgáltam az együttélési fixpontok strukturális és dinamikai stabilitását. Eredményeim azt igazolják, hogy a kétféle szexuális kölcsönhatás következményei jelentősen eltérnek egymástól.

Míg a nőstények hímek általi bántalmazása önmagában képes szabályozni egy populáció növekedését, és képes az ökológiailag egyenértékű populációk együttélésének stabilizálására, addig a hím kompetíció nem, hogy nem tudja fenntartani az együttélést, hanem destabilizálja azt. Ha azonban a két kölcsönhatás együttesen van jelen a populációban, akkor a nőstények fizikai ártalmának hatása elég erős ahhoz, hogy a hím kompetíció okozta instabilitást kompenzálja.

Eredményeim segítségével lehetőség nyílik a kriptikus fajok együttélésének mélyebb megértésére: a szexuális konfliktus célzott empirikus vizsgálatával eldönthető lenne, hogy ez a hatás valóban jelentős szerepet játszik-e a kriptikus fajok együttélésében.

FEJÉR REBEKA*fejergyrebeka@uni.sapientia.ro*

Génsebészet

BSc, 8. félév

Sapientia Erdélyi Magyar Tudományegyetem

Csíkszeredai Kar

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

Bioszimiláris Nivolumab monoklonális antitest affinitás kromatográfiás tisztítása CHO sejt kultúrából*Kulcsszavak: FPLC; Protein A; mAb; fehérje; passzázsszám*

A biotechnológia gyors fejlődésével számos új lehetőség tárult fel mind a tudományban, mind az iparban. Az elmúlt harminc évben a monoklonális antitestek (mAb) egyre inkább kiemelkedő szerepet töltenek be a daganatellenes terápiákban, mivel azok célzottan irányíthatóak és kevésbé toxikus kezelések a daganatban szenvedőknek, mint a hagyományos terápiák.

A Nivolumabot, amely egy programozott sejthalál fehérje-1 (PD-1) útvonal blokkoló mAb az FDA 2014. decemberében, a Bristol-Myers Squibb Pharma EEIG 2015. -ben engedélyezte, az Európai Unió egész területén szolid tumoros indikációban (adjuváns és metasztatikus melanoma, fej-nyak laphámsejtes karcinóma, nem kissejtes tüdőrák, vesesejtes karcinóma, uroteliális karcinóma).

Az antitestek tömeges előállításánál hibridóma technológiát, bakteriális sejt kultúrát, esetleg fag display-t használnak. Azonban az antitestek fajtái, valamint azok forrásai problémákat okozhatnak egyes tisztítási eljárások kiválasztásánál, ennél az oknál fogva pedig a tisztítás nehézségei gátolják azok alkalmazásait. Az antitestek tisztításának egyik elterjedt módszere a Protein A affinitás kromatográfia képezi.

Kutatásunk célja CHO expressziós rendszerben termeltetett bioszimiláris Nivolumab monoklonális antitestek tisztítása Protein A affinitás kromatográfia módszerrel, meghatározva különböző passzázsszámok közötti összefüggéseket, valamint a tisztított fehérje méret validálása MALDI-TOF-MS és SDS-PAGE elválasztással. A négy különböző passzázsszámú minta vizsgálata során, eredményeink azt igazolták, hogy a növekvő passzázsszámmal arányosan a termeltetett antitest koncentráció is növekedett.

FEKETE KINGA

129886@student.ujs.sk

Biológia - kémia tanári szak

MA, 7. félév

Selye János Egyetem

Tanárképző Kar

Témavezető:

*Ing. Pavol Balázs, PhD
egyetemi docens, SK SJE*

Szünantróp élőhelyek florisztikai vizsgálata Gúta (Kolárovo) környékén

Kulcsszavak: floristika, szünantróp flóra, Gúta, Nagy-Gúta, útszél, gazdasági udvar, kukorica kultúra, gabona kultúra

Munkánk során a Gúta környékén fellelhető négy élőhely típus szünantróp flórakutatásával foglalkozik, ezzel is szeretnék hozzájárulni és egyben bővíteni a már Gútáról készült floristika ismereteket. Munkánk készítésekor kevés adat állt rendelkezésre a kutatási területről. Maga munka egy bevezetéssel kezd majd röviden ismerteti. Bemutatom Gúta szülővárosomat, annak természeti adottságait. Ezt után a munkám célja, módszer, irodalmi áttekintés és legvégül az eredmények prezentálására kerül sor.

FERA GÁBOR*feragabor@gmail.com*Mezőgazdasági vizgazdálkodási mérnök
MSc, 3. félév

Széchenyi István Egyetem

Albert Kázmér Mosonmagyaróvári Kar

*Témavezetők:**Dr. Koltai Gábor**tudományos főmunkatárs, SZE AKMK**Dr. Weiperth András**tudományos főmunkatárs, ELTE TTK*

Inváziós tízlábú rákok (Crustaceae, Decapoda) predációs hatásának vizsgálata tüskés pikó

Kulcsszavak: idegenhonos inváziós fajok; tízlábú rákok; tüskés pikó; predáció; vízi ökoszisztémák

Az Európai Unióban különösen veszélyes idegenhonos inváziós állatfajként nyilvántartott cifrarák (*Faxonius (Orconectes) limosus*), vörös mocsárrák (*Procambarus clarkii*) és márványrák (*Procambarus virginalis*) napjainkban sajnos hazánk természetes vizeiben is tömegesen előfordul. A tüskés pikó (*Gasterosteus aculeatus*) sem őshonos halfajunk, első példánya Budapestenél került elő 1956-ban. Tudományos kutatásokban különleges viselkedésokológiája és nagy alaktani változatossága miatt modellállatként való használata igen széleskörű.

Vizsgálataink során arra kerestük a választ, hogy az 1994-ben, az inváziós rákfajok ottani megjelenése előtt a Szigetközben, illetve 2018-ban Budapest környékéről gyűjtött tüskés pikók alaktana között van-e olyan mértékű eltérés, mely választ adhat arra, hogy milyen formában járult hozzá ez az alaktani diverzitás ahhoz, hogy hazánkban két külön halfajt, a 2021-ig használt nomenklátúra alapján „keleti pikó” és „nyugati pikó”, illetve ezek hibridjeit írták le. A morfológiában bekövetkező hatások számszerűsítésére összesen 195 tüskés pikó 24 testparaméterét mértünk le és vetettük össze, pl. az oldálvértek száma, ami korábban a nyugati, valamint keleti pikók határozásának alapja volt és a tüskék mellett a halak ragadozók elleni védelmét szolgálja.

A vizsgálat során kapott eredményeink rámutatnak arra, hogy a magyarországi vizekben előforduló pikó állományok a jelenleg használt morfometriai jegyek segítségével csak részben különíthetők el. Az oldálvértek száma alapján a Szigetközben már a 90-es években is a kevéssé vértezett korábban nyugati pikóként leírt egyedek, míg a 2018-ban felmért élőhelyeken az ettől eltérő (korábban hibrid) állományok találhatóak. Az oldálvértszám alapján sem találtunk eltérést a 2018-ban vizsgált állományok között, amit részben a vízfolyásokra jellemző, közel azonos ragadozó fajkészletből származó predációs nyomás is magyarázhat. Véleményünk szerint a kárpát-medencei pikó állományok izolációja viszonylag alacsony, mert a Duna és ennek mellékfolyói, befolyói az állományok közötti összeköttetést biztosítja. Az elvégzett morfometriai vizsgálatok eredményeivel tehát megerősítjük az újabb határozókban és tudományos közleményekben megjelenteket, miszerint a környezetre adott morfológiai változásról van szó a különböző példányok esetében, vagyis a hazai tüskés pikó állományok fenotípusos plaszticitását sikerült igazolnunk.

FLIBERT RÉKA HAJNALKA*flibertreka@gmail.com*

Biológia

BSc, 5. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Horváth Győző**egyetemi docens, PTE TTK**Takács-Soós Anna**PhD hallgató, PTE TTK*

Gabona parcellákban szerveződő kisemlős közösségek összehasonlítása

Kulcsszavak: Kulcsszavak: kisemlős közösségek, mezei pocok, őszi búza, árpa, Apodemus fajok

Mezőgazdasági produktivitás szempontjából kiemelendő fontos kártevő a mezei pocok (*Microtus arvalis*), amely 3-5 éves populáció ciklusának megfelelően jelentős mértékű demográfiai fluktuációt mutat. Így tömegességének változása befolyásolja a területeken előforduló kisemlős együttesek fajkompozícióját és abundancia viszonyait. Munkánk célja, hogy nyomon kövessük a 2023-24-es év árpa és őszi búza parcella kisemlős közösségében bekövetkező változásokat. A két év során összesen 8 kisemlős faj jelenlétét regisztráltuk a 2024-es őszi búza parcellában a teljes fajkészletet ki tudtuk mutatni. A diverzitási görbék generálása során azt az eredményt kaptuk, hogy az őszi búza az árpa parcellához képest diverzebb élőhely. A fajgyakorisági görbék eredményei azt mutatták, hogy mind a négy mintavételi területen a mezei pocok rendelkezik a legnagyobb abundancia értékkel. A rangsor következő elemei az erdei egerek voltak, kivéve a 2024-es árpa parcellát, ahol a mezei pocok mellett csak a két szárazságtűrő *Crocidura* fajt mutattuk ki. A klaszteres hőtérkép eredményei is alátámasztották, hogy a 2023-as őszi búza a legdiverzebb élőhely, mivel itt a mezei pocok mellett a pírók és sárganyakú erdei egér nagyobb arányban fordult elő. A főkoordináta analízis szórásvázlata alapján a két parcella kisemlős közösségének különbsége meghatározóbb, mint a két vizsgálati év közötti különbség. Spearmann rang korreláció segítségével kimutattuk, hogy a mezei pocok egyedszáma az őszi búzában szignifikáns pozitív szinkron változást mutat.

FÖLDI KRISTÓF*foldikristof2002@gmail.com*

Osztatlan biológianár és testnevelő tanár

Osztatlan, 7. félév

Eszterházy Károly Katolikus Egyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Murányi Dávid**tanszékvezető egyetemi docens, EKKE TTK*

**Táplálkozás és gyomortartalom vizsgálatok a Capniidae téli álkérés (Plecoptera) család
Japán fajainak imágóin***Kulcsszavak: álkérszek, tápcsatornavizsgálat, szájszervek, táplálkozás, Japán*

Az *Apteroperla Matsumura*, 1931 és az *Eocapnia Kawai*, 1955 genuszba tartozó téli álkérszek Honshu és Hokkaido szigeteinek endemizmusai. Imágóik szárnyatlanok, és olyan élőhelyekhez kötődnek, amelyeket vastag hótakaró fed az év hideg időszakának egésze alatt.

Jelenleg mindkét genusz taxonómiai revíziója folyamatban van, és számos új faj kerül leírásra az eddig megkülönböztetett 3 *Eocapnia* és 6 *Apteroperla* faj mellett. Jelen munkában 16 *Apteroperla* és 5 *Eocapnia* faj imágóinak táplálkozását vizsgáltuk, gyomortartalmuk kipreparálása és analízise által. A *Takagripopteryx nigra* Okamoto, 1922, egy további japán téli álkérés gyomortartalma szintén vizsgálatra került, annak érdekében, hogy összehasonlítsuk a kis testű és szárnyatlan taxonok táplálkozását egy velük együtt élő, nagyobb és szárnyas fajjal. A legtöbb álkérés imágóval ellentétben, a vizsgált fajok kifejlett egyedei aktívan táplálkozóknak bizonyultak. Gyomruk változatos növényi és gomba polleneket, valamint állati maradványokat tartalmazott. Az egyes fajok táplálékának összetétele eltérőnek bizonyult, bár a különbségek valószínűleg az élőhelyek különböző táplálékkinálatán alapulnak, és ezek az álkérszek nagy valószínűséggel opportunistá táplálkozást folytatnak.

FRANKÓ BOGLÁRKA*boglarka.franko@gmail.com*

Biológia

MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Nagy Gábor**tudományos munkatárs, SZTE TTIK*

Járomspórás gombák extracelluláris vezikuláinak jellemzése*Kulcsszavak: Mucorales; extracelluláris vezikula; szeptin; ESCRT; TEM*

A járomspórás gombák (Mucoromycotina) törzsének egyik legjelentősebb rendje a Mucorales. A renden belül számos ipari és biotechnológiai jelentőségű gombafaj található, azonban néhány faj opportunistá humánpatogén, amelyek mucormikózist („fekete gomba fertőzés”) képesek kiváltani főként immunszuppresszált betegeknél. A mucormikózis ritka betegségnek számít, azonban az elmúlt években az esetek száma szignifikánsan megemelkedett. A Candida és Aspergillus fajok által kiváltott megbetegedések után mára a Mucorales által okozott invazív fertőzés a harmadik leggyakoribb mikózis.

Az extracelluláris vezikulák (EV-k) lipid kettős réteggel körülvett kompartmentek, amelyeket minden biológiai organizmus termel. Fontos közreműködői a gombák patofiziológiai folyamataiban, ezáltal például az antifugális szerekekkel szembeni rezisztenciában vagy a szöveti invázióban, azonban a járomspórás gombák által termelt extracelluláris vezikulákat eddig nem vizsgálták.

A munkánk során a célunk az volt, hogy megvizsgáljuk a járomspórás gombák EV termelését és elemezzük azok fehérje, illetve szterin tartalmát. A korábbi kutatások kimutatták, hogy az ergoszterin bioszintézis útvonalban bekövetkezett változások kihatnak az EV termelésre és azok méretére, ezért a laborunkban korábban létrehozott szterin bioszintézisben mutáns izolátumokat is bevontuk a vizsgálatainkba. Az EV-k fehérje elemzése során, azonosítottuk azokat a fehérjéket (HSF70, MDR, GPD), melyek antigén tulajdonsággal rendelkeznek és már más opportunistá humán patogén gomba által termelt EV-ben is kimutatták. Továbbá azonosítottunk GTP-kötő fehérjéket is, szeptineket, melyek fontos szerepet játszanak az endocitózisban, citokinézisben, a sejtek közötti intracelluláris vezikula forgalomban, a sejt-sejt adhézióban és a sejtvándorlásban azonban az EV-k kiválasztásában betöltött szerepüket máig nem vizsgálták. Távlati célunk, hogy feltárjuk a szeptin szerepét a gombák extracelluláris vezikuláinak termelésében és kialakulásában.

FÜLEI ZSOMBOR NIMRÓD*fulei.zsombor@gmail.com*

Biológia

BSc, 5. félév

Állatorvostudományi Egyetem

*Témavezetők:**Dr. Papp Tibor**tudományos főmunkatárs, HUN-REN Állatorvostudományi Kutatóintézet**Dr. Herczeg Dávid**tudományos munkatárs, ELTE TTK*

Egyes DNS vírusok monitorozása Budapest környéki béka populációkban*Kulcsszavak: Ranavirus;Ranid_herpesvirus-3;Circovirus;Endogén;Kétéltű*

A kétéltűek populációi világszerte drasztikusan zsugorodnak vagy eltűnnek. A közismert környezeti okok mellett, ebben fertőző betegségek, köztük vírusok is, jelentős szerepet játszanak. A ranavírusok súlyos lokális elhullásokat okozhatnak, s Magyarországon előforduló kétéltűekben is kimutatták már ezeket, igaz csupán az érzékeny qPCR módszerrel, így genetikai jellemzésük nem történt meg. Az elmúlt évtizedben két új béka herpeszvírust írtak le Nyugat-Európa több országából, s e fertőzésekre utaló tüneteket már itthon is jelentettek, ám a kórokozó(k) kimutatása és karakterizálása nélkül. Világszerte kétéltűekből mindössze néhány fajban írtak le eddig részleges cirkovírus szekvenciát, két esetben bizonyítottan a gazda genomjába beépült maradványokat, ún. endogén vírusokat, de ez idáig még nem publikáltak belőlük teljes genommal rendelkező, fertőző (exogén) cirkovírust. Vizsgálatunk célja volt, hogy frissen gyűjtött tamponmintákból a fenti 3 víruscsoport képviselőit mutassuk ki polimeráz láncreakció (PCR) segítségével és genetikailag jellemezzük ezeket. Mintáinkat 14 Budapest közeli élőhelyről gyűjtöttük, összesen 56 barna varangy (*Bufo bufo*) és 48 erdei béka (*Rana dalmatina*) egyedből. A ranavírus esetében a fő kapszid fehérje génjét, a herpeszvírusok esetében a DNS-polimeráz gént, a cirkovírus esetében a rep gént célozta a szűréshez használt PCR. További primereket terveztem, hogy ranid herpeszvírus egy variábilisabbnak vélt génjét (ORF97) teljes hosszában feltárjuk, valamint, hogy a cirkovírus teljes genomját megismerjük (vagy endogén voltát igazoljuk). Ranavírust egyetlen erdei béka egyedből sikerült kimutatni, s meglepő módon egy eddig csak halakból kimutatott törzset. Ranid herpeszvírus-3 jelenlétét négy különböző élőhelyről származó 12 erdei békában igazoltuk. A két génből nyert (1200 és 3750 bp) szekvenciák alapján e hazai törzs 3 %-ban tér el a nyugat-európai prototípustól. Bufonid herpeszvírust két élőhelyről, 1-1 varangyból detektáltunk, ezek rövid szekvenciája azonos volt a svájci prototípusával. Varangy mintákat vizsgálva 10 állatból mutattuk ki részleges cirkovírus rep gén jelenlétét és jellemeztük szekvencia variánsait. Saját primerekkel igazoltuk e cirkovírus endogén voltát, és azonosítottuk az integráció helyét a gazda kromoszómán. Erdei béka mintáknál, egy eddig ismeretlen ciklovírus kimutatását is eredményezte a vizsgálat.

FÜRSTENHOFFER FANNI*furstenhofferfanni@gmail.com*

Biológus

MSc, 1. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Boda Attila**tudományos munkatárs, ELTE TTK*

A nem-centroszomális MTOC autofágiában betöltött szerepe

Kulcsszavak: nc-MTOC; autofágia; vezikulumtranszport; Drosophila

A mikrotubulus-organizálást két nagy kategóriába sorolhatjuk: centroszóma általi, vagy nem centroszomális mikrotubulus-nukleálás. A mikrotubulus-organizáló központ típusa és funkciója függ a sejt típusától, differenciációjától és a sejtciklustól. Az ncMTOC komponenseinek működése az MTOC-ot alkotó fehérjékhez képest még kevésbé ismert. Kutatásunk célja az ncMTOC komponenseinek karakterizálása, ezek szerepének vizsgálata az autofág organellumok pozicionálásában és a lebontásban. Kísérleteinket az ecetmuslica (*Drosophila melanogaster*) lárvális zsírtest-sejtjein végeztük. Megvizsgáltuk, hogy az egyes komponensek hogyan vesznek részt az ncMTOC működésében és ezáltal az autofág struktúrák pozicionálásában. Azt tapasztaltuk, hogy az egyes komponensek csendesítése eltérően változtatta meg az autofág struktúrák eloszlását, és más-más hatással volt az autofagoszóma-lizoszóma fúzióra, illetve a lebontásra. Továbbá egy rekombináns mínuszvég kinezin túltermelése befolyásolta a nem-centroszomális MTOC pozícióját és ezáltal az autofág struktúrák eloszlását.

GÁL NÓRA*galnora96@gmail.com*

Mezőgazdasági biotechnológus

MSc, 4. félév

Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem

Genetika és Biotechnológia Intézet

*Témavezető:**Dr. Csorba Tibor Levente**tudományos főmunkatárs, csoportvezető, MATE GBI*

A hőindukált GUT15/CR20 lncRNS család vizsgálata bioinformatikai módszerekkel*Kulcsszavak: nemkódoló RNS; hőstressz; K-mer; virágzó növények*

A nemkódoló RNS-ek (lncRNS) részt vesznek a növények életfolyamataiban, azonban ennek pontos mechanizmusa nagyrészt ismeretlen. A virágos növényekre specifikus GUT15/CR20 lncRNS-család tagjai fokozott kifejeződést mutatnak hő hatására egy- és kétszikűekben. Egy jellegzetes másodlagos szerkezetet kialakítani képes konzervált régió alapján vizsgáltuk a homológok jelenlétét és azok szekvenciájának változásait a törzsfejlődés során bioinformatikai módszerek segítségével. Munkánk során közel 500 homológot azonosítottunk, bemutattuk ezek konzerváltságát, másodlagos szerkezetét, elemeztük lehetséges funkcióikat. Eredményeink hozzájárulhatnak funkciójuk, és ezáltal a hőstressz válasz jobb megismeréséhez.

GÁL ZSUZSANNA TAMARA

gal.zsuzsanna8@gmail.com

Biológia

BSc, 5. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezetők:

Dr. Iring András

tudományos főmunkatárs, HUN-REN Magyar Kutatási Hálózat, Kísérleti Orvostudományi

Kutatóintézet, Molekuláris Farmakológia Kutatócsoport

Dr. Vitéz-Cservénák Melinda

egyetemi adjunktus, ELTE TTK

A purinerg P2Y receptorcsalád szerepe a perifériás kemoreceptor működésben

Kulcsszavak: carotis test, kemoreceptor, P2Y12-receptor, purinerg jelátvitel, hipoxia

A nyaki verőér elágazásánál a carotis testben található kemoreceptorok felelősek a vér oxigén ellátottságának folyamatos monitorozásáért, a nyúltvelői légzőközpont tájékoztatásáért, illetve a reflexkör efferens szárán a légzésszám, a szívfrekvencia, valamint a vérnyomás szabályozásáért, hogy kielégítsék a metabolizmust végző szövetek oxigénigényét. A szervezet oxigén ellátottságát érzékelő glomus sejtek felszínén található kemoreceptorok expressziós mintázatát vizsgálva a purinerg jelátvitelben szerepet játszó P2Y12 receptor (P2Y12R) lokalizációját és a légzésszabályozásban betöltött szerepét kutattuk.

Kísérleteink során a P2Y12R jelenlétének és lokalizációjának kimutatását végeztem egerekben. A receptor expressziójának megerősítése elengedhetetlen az oxigénszegény környezet hatására kompenzatórikusan megjelenő kardiorespiratorikus változások elindításához. *In vitro* kísérleteink alapján arra következtethetünk, hogy a kemoreflex kiváltásában részt vevő sejteken megtalálható a P2Y12R, mely a jelátviteli folyamatokban is szerepet játszik izolált sejteken történő vizsgálat alapján.

A klinikumban használt irreverzibilis P2Y12R-gátló gyógyszert thromboprofilaxis céljából alkalmazzák, hatását a vérlemezke aggregáció gátlásával fejtí ki. Eredményeink alapján ezek a gyógyszerek befolyásolhatják a glomus sejtek funkcióját, gátolva az oxigénszegény környezet hatására megjelenő légzésválasz kialakulását, tehát alkalmazásuk akut és krónikus légzőszervi betegségekben szenvedő betegeknél ellenjavallatot képezhet.

GÁLIKOVÁ RAMÓNA*galikovaram@student.elte.hu*

Molekuláris genetika, sejt- és fejlődésbiológia

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Kovács Tibor**Egyetemi adjunktus, ELTE TTK**Keresztes Fanni**PhD-hallgató, ELTE TTK*

GTP-áz aktiváló fehérjék szerepének vizsgálata a lizoszóma exocitózisban*Kulcsszavak: Arl8; GAP; GTP-áz; Drosophila; lizoszóma exocitózis*

Az autofágia egy lizoszomális lebontó folyamat, amely a sejtekben felhalmozódó káros anyagok lebontásáért felelős. Aktivitása az életkor előrehaladtával csökken, főként a lebontási szakasza sérül, ez toxikus fehérjék felhalmozódásához, reaktív oxigéngyökök felszabadulásához és neurodegeneratív betegségek kialakulásához vezethet. Új terápiás megközelítésként a lizoszóma exocitózis serkentését terveztem vizsgálni, ahol a lizoszóma a mikrotubulusok mentén mozog anterográd transzporttal a plazmamembrán felé, membrán fúziót követően tartalma eltávolítódik a sejtől az extracelluláris térbe. Az Arl8 egy kis GTPáz fehérje, mely elősegíti a lizoszóma más membránokkal való fúzióját, összeköti a lizoszómákat a kinezin-1 motorfehérjével, így fontos szerepet játszik az anterográd transzportban is. Az Arl8 GTP-kötött formában aktív, GDP-kötötten inaktív. A GAP-ok (GTPáz aktiváló fehérjék) a GTP hidrolízisét serkentve gátolják a kis GTPázokat. Elméletem szerint specifikus GAP-ok gátlásával serkenthető lehet az Arl8 aktivitása és ez által fokozható a lizoszóma transzport és exocitózis. Az eredményeim alapján elmondható, hogy GAP-ok csendesítésével fokozható a Arl8 membránhoz kötött, aktív formáinak mennyisége, amely hatására növelhető a lizoszómák mennyisége lárvális zsírtestben és adult idegrendszerben. Kimutattam, hogy az Arl8-at gátló GAP-ok hiányában a lizoszómák a sejtmembránhoz közel jelennek meg. Eredményeim az anterográd transzport fokozódására utalnak. Azonban egyes eredményeim alapján a vizsgált GAP-ok némelyikének (CG42612) lizoszomális lebontásban is szabályozó szerepe lehet. Az általam tanulmányozott GAP-ok (CG7324, CG11727 és CG42612) idegrendszeri csendesítése reakcióképesség javuláshoz és élettartam növekedéshez vezet. A lizoszomális transzport GAPok általi szabályozása ígéretes új kutatási területe lehet az öregedés és vele összekapcsolható betegségeknek. Ezért eredményeimet szükségesnek tartom emlős modelleken tovább vizsgálni.

GELLAI FANNI

gellaifanni@gmail.com

Biológus

MSc, 1. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Bereczki Zsolt**egyetemi adjunktus, SZTE TTIK**Vig Viktor**PhD hallgató, Biológia Doktori Iskola*

A mohácsi III. számú tömegsír embertani leletanyagának posztkraniális elemein megfigyelt perimortem sérülések előzetes oszteoarcheológiai vizsgálatának eredményei

Kulcsszavak: oszteológia, paleopatológia, trauma, régészet, török kor

Az 1526. augusztus 29-én lezajlott mohácsi csatához köthető ma ismert tömegsírok a Baranya megyei Sátorhely község határában fekvő Mohácsi Nemzeti Emlékhely területén található. Dolgozatomban bemutatom a III. számú tömegsírban nyugvó áldozatok csontmaradványain lefolytatott előzetes oszteoarcheológiai elemzés eredményeit, különös tekintettel a csontváz posztkraniális elemeinek perimortem traumáira, amelyek segítségével betekintést nyerhetünk az áldozatok halála előtti napok eseményeibe. A vizsgálatok során az elhalálozási életkor becslése és a sexus meghatározása az oszteoarcheológiában általánosan alkalmazott standard makromorfológiai módszerek szerint történt. A teljes leletanyagból 35, előzetesen lefektetett szempontok szerint kiválasztott egyén csontmaradványainak vizsgálatát végeztem el, amelyeknél a koponyák és a posztkraniális váz elemei egyaránt megfigyelhetők voltak. Ebben a csoportban lehetséges volt a két anatómia terület sérülésmintázatának összehasonlítása. A koponyán és nyaki gerincszakaszon 34 egyénnél 145 vágástól származó vágásnyomot, posztkraniális vázon 7 egyénnél 12 vágásnyomot és 1 szúrás nyomát azonosítottam. A két terület sérülésszámának különbsége és a sérülések jellege arra utal, hogy a 35 egyén többsége kivégzés áldozata lett. Mivel korábban célzott vizsgálatok még nem irányultak a posztkraniális váz perimortem sérüléseire, ezért az eddigi terepi megfigyelések, valamint a csontok tisztítása és rendszerezése során feljegyzett adatok összesítésével elkészítettük a teljes sír posztkraniális perimortem sérüléseinek leletkataszterét. Összesen 43 teljes, vagy részleges csontvázmaradvány esetében tudtunk feljegyezni perimortem traumákat a posztkraniális vázon. Összesen 75 vágásnyomot, 2 szúrás nyomát és 2 perimortem törést azonosítottam. A megfigyelt sérülések a kivégzés előtti napok küzdelmei során keletkezhetnek akár csatahelyzetben, akár a menekülő keresztény sereg és a civil lakosság üldözése során. Azonban nem kizárt, hogy a detektált léziók az írott forrásokban említett, az oszmán-török sereg által csata után végrehajtott tömeges fogolykivégzés eseményéhez köthetők. Az érintett egyének sérüléseinek vizsgálata hozzásegít az áldozatok utolsó napjainak megismeréséhez, betekintést kaphatunk a csatában zajló küzdelmekbe, valamint az azt követő események megértéséhez is hozzájárulhat, de a kérdések végleges tisztázásához további kutatásokra van szükség.

GERGÁ CZ BENCE*bencegergacz@gmail.com*

Biológia BSc

BSc, 5. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Vad Csaba**csoportvezető, tudományos munkatárs, HUN-REN Magyar Kutatási Hálózat, Ökológiai
Kutatóközpont, Vízi Ökológiai Intézet, Plankton-ökológia Kutatócsoport**Dr. Lovas-Kiss Ádám**tudományos munkatárs, HUN-REN Magyar Kutatási Hálózat, Ökológiai Kutatóközpont,
Vízi Ökológiai Intézet, Lendület Terjedés Ökológiai Kutatócsoport*

A vízimadarak általi endozoochória szerepe a zooplankton tartóspeték diszperziójában*Kulcsszavak: diszperzió; endozoochória; zooplankton; vízimadarak*

A terjedés, vagy más néven diszperzió, egy élőlény elvándorlását jelenti a születési helyéről arra a területre, ahol később szaporodni fog. Kiválthatják pusztán környezeti tényezők, vagy akár genetikai predispozíciók is. A diszperzióknak számos ökológiailag jelentős szerepe van, ezek közül talán a legfontosabb a biodiverzitás bofolyásolása, ezzel pedig az életközösségek stabilitásának biztosítása az egyedek élőhelyek közötti áramlásának fenntartásával. A terjedés mértéke is fontos szempont a jelenség vizsgálatánál, hiszen a túl nagy mértékű megvalósulása homogenizációhoz, ezáltal biodiverzitás-vesztéshez vezethet hosszú távon. A vízimadaraknak elengedhetetlen szerepük van az édesvízi zooplankton szervezetek közösségeinek fenntartásában, mivel akár kifejlett egyedek, akár tartóspeték terjesztésén keresztül képesek hozzájárulni a tavak benépesítéséhez, ezen élőhelyek szukcessziójához. A zooplankton ilyen módú diszperziója történhet epizoochór módon (az állat kültakaróján), vagy endozoochóriával (az állat bélrendszerén keresztül). A munkám célja ezen utóbbi mechanizmus további kutatása és mélyebb feltárása, mivel jelenleg kevés információ áll rendelkezésünkre mind a szakirodalomban, mind a köztudatban. Céлом volt meghatározni bizonyos madárfajok szerepének jelentőségét diszperziós vektorokként, illetve bizonyos zooplankton fajok/taxonok hajlamát az endozoochór diszperzióra. 277 ürülmintát vizsgáltam meg 23 madárfajtól, a leggyakoribb tartóspete *Daphnia magna*-tól származott. A szállított zooplankton tartóspete-összetétel és -mennyiség madárfajonként különbözött, amely táplálkozási viselkedésükből és egyéb életmódbeli jellegeikből adódhat. A tartóspete keltetések nagyrészt sikertelennek bizonyultak, amelynek számos oka lehet, de a legtöbb kikelt pete *D. magna* egyedekhez tartozott.

GOSZTONYI BENCE*gosztonyibence@gmail.com*

Biológia BSc

MSc, 9. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Horváth Győző**egyetemi docens, PTE TTK**Szűnstein Máté**PhD hallgató, PTE TTK*

Az északi pocok (*Alexandromys oeconomus mehelyi*) élőhelyhasználata nádas-sásos élőhely mozaikban: mozgáskörzet, territórium, habitat preferencia

Kulcsszavak: északi pocok, rádiotelemetria, Kis-Balaton

A vizes élőhelyek állapotának leromlása, kiterjedésük csökkenése napjaink egyik legégetőbb problémát jelentik a természetvédelemben világszerte. A területek nem megfelelő használata, az élőhelyek beépítése, urbanizáció és a mezőgazdaság térhódítása mind e kulcsélőhelyek fragmentálódásához vezetnek. Az értékes habitatok számos védett, és fokozottan védett gerinces fajnak jelentenek kizárólagos élőhelyet, így megóvásuk a magyar természetvédelem kardinális feladatai közé tartozik. Az itt előforduló fajok közül kiemelkedik a holarktikus elterjedésű, Magyarországon fokozottan védett Északi pocok (*Alexandromys Oeconomus Mehelyi*), mely fajnak a Kis-Balaton sásos élőhelyei jelentik a legdélebbi elterjedési vonalát. E jégkorszaki reliktum faj megőrzésére irányuló monitorozás már 1999 óta zajlik a Nemzeti Biodiverzitás-monitorozó Rendszer (NBmR) projekt keretein belül, aminek célja az állomány folyamatos nyomon követése, és a faj számára szükséges kezelések megvalósítása. Munkám során a Kis-Balaton területén végzett monitorozás alprogramjába kapcsolódtam be, mely során egyedülálló magyar fejlesztésű automatizált rádiotelemetriás trendszer (ARS) alkalmazásával vizsgáltuk az északi pocok egyedek mozgáskörzeteit és territóriumait.

A vizsgálat 2023 novemberében zajlott, ami során 6 egyed esetében kaptunk statisztikailag értékelhető adatokat. A hím egyedek mozgásvektorai statisztikailag kimutathatóan nagyobbak voltak, mint a nőstény északi pocoké, aminek az oka feltehetően a nemek közötti eltérő magatartástípus lehetett. Az egyes egyedek mozgáskörzetének esetében nem kaptunk szignifikáns eltérést a napszakok elkülönítésében, aminek oka a fajra jellemző ultradián ritmus lehet. A mozgáskörzetek és átfedések meghatározásának pontosítása érdekében súlyozott autokorrelált Kernel sűrűségbecslést végeztünk, ami alapján több egyed esetében is kimutattunk kettős magterületet, amelyek közül az egyiknek feltehetően csak a táplálkozás funkcióját tölti be.

A faj élőhelypreferenciáját Jacobs-index-szel határoztuk meg, majd előjeltesztet végeztünk. Ez alapján elmondható, hogy a faj statisztikailag bizonyíthatóan keresi a sásos élőhelyet, míg a nádasokat kerüli, ezáltal a faj szempontjából az egybefüggő sásos élőhelyek meghagyása kulcsfontosságú.

Jelen pályamunka célja a fokozottan védett északi pocok monitoring programjának bővítése korszerű mintavételi protokoll, statisztikai eljárások alkalmazásával, hozzájárulva a faj megóvásához irányuló kezelések sikerességének növeléséhez.

GUDOR SZILÁRD*gudorszilard@uni.sapientia.ro*

Génsebészet

BSc, 7. félév

Sapientia Erdélyi Magyar Tudományegyetem

Csíkszeredai Kar

*Témavezetők:**Dr. Orbán Csongor**egyetemi docens, RO EMTE CSK**Dr. Salamon Pál**egyetemi adjunktus, RO EMTE CSK*

Ipilimumab monoklonális antitest expressziója HEK293 humán sejtvonalban

Kulcsszavak: Ipilimumab; monoklonális antitest; immunterápia; humán sejtvonal; kotranszfekció

A korábbi kezelési normákhoz képest, mint a kemoterápia, sugárkezelés vagy a műtét, a tumorelles immunterápia jelentős javulást eredményezett a betegek számára túlélés, illetve életminőség tekintetében, mára már a rákgyógyítás új pillérévé válva. Az immunterápia fő összetevői a monoklonális antitest (mAb) alapú kezelések, melyek egyike a legfontosabb fejlesztés alatt álló biológyszerszerészeti termékeknek. A monoklonális antitestek közvetlen úton célozzák meg a daganatokat, fokozva a tumor ellenes T-sejt immun válaszokat az immun ellenőrzőpont gátlása által. A biotechnológia fejlődésének köszönhetően, a molekuláris biológiai és a génsebészeti technikák lehetővé teszik ezen monoklonális antitestek termelését főként emlős expressziós (CHO, HEK293) rendszerekben. Az előállított magas minőségű rekombináns fehérjék felhasználhatóak humán terápiás készítményként. Kutatásunk célja az Ipilimumab, a daganatos betegségek kezelésénél, immunterápiában alkalmazott immun ellenőrzőpont (CTLA-4) gátló monoklonális antitest előállítás: rekombináns DNS konstrukciók (pOptiVec/pcDNA3.3 Ipilimumab LC, pOptiVec/pcDNA3.3 Ipilimumab HC) tervezése, kotranszfektálása tranziens expresszióval humán sejtvonalba (HEK293). A rekombináns DNS konstrukciók HEK293 sejtvonalba való bejuttatását CaCl_2 alapú transzfekcióval valósítottuk meg. A transzfekciót követően a HEK293 sejtvonalat 6 napon keresztül 37°C -on 5%-os CO_2 koncentráció mellett inkubáltuk, majd a termelt antitestet SDS PAGE-el ellenőriztük.

HAJDU SAROLTA*sachajduj@gmail.com*

biológia

BSc, 5. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Horváth Adrienn**egyetemi tanársegéd, PTE TTK**Dr. Horváth Győző**tanszékvezető egyetemi docens, PTE TTK*

Három regionális gyöngybagoly (*Tyto alba*) populáció táplálkozásának összehasonlító elemzése

Kulcsszavak: gyöngybagoly, táplálék-összetétel, biomassza, relatív fontossági index, niche metrikák

A gyöngybagoly (*Tyto alba*) ragadozómadár fő táplálékbázisát éjszakai aktivitású, terresztris kisemlősök képezik, amelyeket azok egyedsűrűségének függvényében fogyaszt. Közép-Európában a legfőbb zsákmányt a mezei pocok (*Microtus arvalis*), melynek elérhetősége és fluktuációja szignifikánsan meghatározza a táplálékforrások kihasználását, ezáltal a baglyok niche paramétereit. A relatív fontossági index (IRI) használata ragadozómadarak táplálkozásának értékelésére viszonylag újként a hagyományos táplálkozás-ökológiai paraméterek alkalmazásához képest.

Jelen dolgozat az IRI gyöngybagoly táplálkozás-ökológiai vizsgálatokban történő alkalmazhatóságát vizsgálta, három régió (Duna-Dráva, Fertő-Hanság, Őrség) három évben (2020-2022) gyűjtött köpetmintákból kapott adatokból. A gyöngybagoly táplálék-összetételének különbözőségét többváltozós permutációs varianciaanalízis (PERMANOVA), valamint főkomponens analízis (PCA) alkalmazásával teszteltük. A trofikus niche szélességet a Levin's-index alapján számítottuk. Az egyes régiókban költő populációk specializáltságának mértékéhez kiszámítottuk a WIC (within individual component) és TNW (total niche width) hányadosát, majd a régiók gyöngybagoly állományának táplálék-összetétele közötti niche átfedést a Renkonen index számításával határoztuk meg.

Eredményeink megerősítették, hogy az IRI markánsan kiemeli a fontosabb zsákmánytaxonokat, ezáltal egyértelműbb eredményt szolgáltat. Az egyes prédefajok közötti alternatív kapcsolatot is jól szemlélteti és a zsákmánykínálatban végbemenő változásokról is tisztább képet ad. A fő zsákmányfaj a mezei pocok volt a Duna-Dráva és az Őrség területén, míg a Fertő-Hanság vonatkozásában a mezei pocok és az erdei cickány hasonlóan fontos préda volt. Továbbá a gyöngybaglyok eltérő alternatív zsákmánytaxonokkal kompenzálhatják fő préda hiányát, ami az adott régió csapadékosságától is függ. Jellemző alternatív zsákmánytaxonok a különböző erdei egér (*Apodemus*) fajok, valamint a cickányfélék (*Sorex* és *Crocidura* fajok). Az *Apodemus* és *Crocidura* fajok inkább a szárazabb régiókban (ilyen a Duna-Dráva), a *Sorex* fajok pedig inkább a nedvesebb élőhelyeken, például a Fertő-Hanságban jellemzőek. Az Őrség ilyen szempontból átmenetet képez, ahol az éppen aktuális periódus nedvessége határozza meg az alternatív zsákmány megválasztását. A Duna-Dráva régióban a baglyok táplálkozása generalistább volt, mint a másik két régióban.

HASKÓ ZSOLT

zsoltihasko@gmail.com

Biológia

BSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Szakács Dávid**tudományos munkatárs, ELTE TTK*

A H faktor fehérjecsalád tagjai és a C3b komplement fehérje közötti kölcsönhatások vizsgálata*Kulcsszavak: komplementrendszer; immunológia; FHR fehérjék; ELISA; BLI*

A komplementrendszer a veleszületett immunitás központi szereplője, ami nélkülözhetetlen a kórokozók elleni védelemben, vagy az immunkomplexek és apoptotikus sejtek eltávolításában. A komplement egy közel 50 plazmafehérjéből, sejtfelszíni receptorból és regulátorból álló kaskád, amely három különböző útvonalon, a klasszikus, lektin és alternatív úton aktiválódhat. A három útvonal egy közös terminális útba torkollik, amelynek fő szereplői a C3 és C5 komplement fehérjék. A terminális út felel az effektor funkciók megjelenéséért, vagyis a gyulladásért, immunsejtek toborzásáért és aktiválásáért, valamint bizonyos kórokozók líziséért.

Az alternatív út legfontosabb szabályozója a H-faktor (FH), ami a komplementrendszer működésében központi szerepet betöltő C3b fehérjéhez kötődve gátolja a komplement aktivációt, hasonlóan a FH-val közös génről átiródó FHL-1 fehérjéhez. A FH fehérjecsaládba tartozik még öt fehérje (FHR 1-5), amelyek a FH-hoz hasonló ligandumokhoz, például a C3b-hez kötődnek, de a komplement aktivitást gátló doménjeik nincsenek. Az FHR-ek szerepe még nem teljesen tisztázott. Irodalmi adatok és kutatócsoportunk megfigyelései alapján elősegítik a komplement aktivációt egyrészt a FH leszorítása, másrészt a komplement aktivitáshoz nélkülözhetetlen C3 konvertáz komplexek létrehozása és/vagy stabilizálása révén.

ELISA kísérletekben vizsgáltam, hogy az FHR fehérjék C3b kötésének hatékonysága mutat-e összefüggést kutatócsoportunk más kísérletekben kapott eredményeivel, amelyek arra utalnak, hogy bizonyos FHR fehérjék platformként szolgálnak C3 konvertáz komplexek kialakulásához.

A pályamunka során az ELISA alapú kísérletekhez szükséges előkísérleteket elvégeztem, a pályamunkában leírt ELISA alapú kísérleteket optimalizáltam, elvégeztem és az eredményeket kiértékeltem. A BLI kísérletek optimalizálásában, elvégzésében és az eredmények kiértékelésében, értelmezésében részt vettem, a kísérletek egy részét folyamatos segítséggel elvégeztem. A kísérletekből származó adatokat kiértékeltem és grafikusán ábrázoltam.

HATT RÓBERT*hattrob32@gmail.com*

Biológus

MSc, 3. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Rácz Arnold**tudományos munkatárs, PTE TTK*

**Zöld memória: A csíranövény UV-kezelésének hatása a kifejlett növény
antioxidáns/prooxidáns egyensúlyára***Kulcsszavak: zöld memória; UV; antioxidáns; sziklevel; lomblevel*

Kísérletünk célja az UV-sugárzás hatásának vizsgálata volt a növények UV sugárzásnak ki nem tett részein. Az UV indukálta szisztémás válaszokat fotoszintetikus aktivitás, pigmenttartalmak, valamint antioxidáns és prooxidáns szintjén vizsgáltuk meg veteménybab (*Phaseolus vulgaris* L.) sziklevelein és lomblevelein. Első hipotézisünk szerint UV kezelés hatására kialakult változások hiányában szisztémás válasz sem várható, de eredményeink ezt megcáfolták: direkt UV hatást nem tapasztaló levelekben is kimutatható volt szisztémás válasz. A fiziológiás eredményeink nevelőfényen (110 PAR-on) nem mutattak szignifikáns eltéréseket a fotoszintetikus aktivitásban, de a 925 PAR-os fényintenzitáson már pozitív változásokat figyeltünk meg mind a direkt, mind a szisztémás válasz részeként. A fotoszintézist fényszakaszát jellemző klorofill fluoreszcencián alapuló eredményeink direkt UV-hatásra nem mutattak változást, de sötét szakasz folyamatait vizsgáló infravörös gázanalizátoros méréseink alapján a nettó CO₂-asszimilációs értékek megemelkedtek az UV-naiv lomblevelekben. A kiegészítő UV-sugárzás szisztémásan megnövelte az UV-naiv levelek fotoszintetikus hatékonyságát, ezáltal igazolva a „zöld memória” jelenségét, amely a fotoszintézis sötétszakaszának indukálására képes.

Az epidermális pigmenttartalmak vizsgálatokor a sziklevelek klorofill tartalma direkt UV-hatásra növekedett, míg a lombleveleké lecsökkent, aminek magyarázata nem a klorofill molekulák mennyiségi változásával, hanem a kloroplasztizok átrendeződésével magyarázható. A flavonoidok mennyisége mindkét levélszinten szignifikánsan megnövekedett direkt UV-hatásra, de szisztémás válaszként lecsökkent. Az antocianinok direkt UV-hatásra csak a sziklevelek szintjén csökkentek le, szisztémás válaszként pedig mindkét levélszinten növekedtek. A csökkent flavonoid és emelkedett antocianin tartalmak a közös szintézisúttal magyarázható, a szisztémás válasz részeként a levelek tovább alakították a flavonoidokat antocianinokká.

A hidrogén-peroxid, mint szisztémás hírvivő molekula és annak mennyiségét szabályozó enzimek vizsgálata során az enzimaktivitások (kataláz és a SOD) megnövekedését tapasztaltuk szisztémás válasz részeként, de a H₂O₂ tartalom nem változott. Eredményeink megerősítik, hogy az UV-sugárzás képes univerzális stresszválaszokat szisztémásan is kiváltani és mint vegyszermentes kezelés, alkalmazható fiatal növények stressztűrésének fokozására.

HEGEDŰS DÁNIEL*hegedani1226@gmail.com*

Matematikus

MSc, 1. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

JUHÁSZ MÁRK HUNOR*markh.shepherd@gmail.com*

Matematika

BSc, 5. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Ari Eszter**habil. egyetemi adjunktus, ELTE TTK*

Filogenetikai fák metszésének módszerei

Kulcsszavak: Bioinformatika; Filogenetika; Filogenetikai fák; Algoritmusok

DNA or protein sequence data used for reconstructing phylogenetic trees can contain various errors due to e.g., contamination, low-quality genome assembly, or misclassification of the taxon. While these errors are generally identified at the sequence level, undetected errors often result in leaves that appear as unusually long branches on the inferred phylogenetic tree. Therefore, pruning is a key process to detect and remove erroneous tips from the phylogenetic trees. Although the number of erroneous sequences is increasing along with the exponentially growing sequenced genomes and other DNA data, so far only a single algorithm and software, the TreeShrink was available for tree pruning. However, TreeShrink fails to prune the long branches from the tree in some obvious cases. In this paper, we introduce two new tree pruning algorithms: the Primitive Straight-Forward Approach (PSFA) which removes the longest branches, and the Circular Pruning Algorithm (CPA) which prunes trees into a balanced, usually circular shape. We also combine these methods and compare their results to the results of the TreeShrink software. For testing, we used 25 different phylogenetic trees and calculated the R^2 value after rooting them based on the dated tips. The vast majority of the tests show great improvement in these values compared to the unpruned trees.

Our work includes developing the aforementioned two algorithms (PSFA and CPA). We also experimented with combined methods, and compared their results with the TreeShrink. We implemented the algorithms and tested them using R^2 -regression.

HEGYESI ANNA

nanus1999@gmail.com

Biológus

MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Tölgyesi Csaba

egyetemi adjunktus, SZTE TTIK

Erdős sztyepp élőhelyek regenerációja különböző vegetációfejlődési útvonalak mentén*Kulcsszavak: erdőssztyepp; regeneráció; szukcesszió; gyepp; szegély*

Legfrissebb kimutatások szerint a Föld szárazföldi élőhelyeinek 75%-át jelentősen átalakítottuk vagy teljesen elpusztítottuk. Ezt felismerve az ENSZ a 2020-as éveket az élőhely-restauráció évtizedének kiáltotta ki, és az EU-ban idén lépett életbe az Élőhely-helyreállítási Rendelet, mely minden tagország számára grandiózus előírásokat fogalmaz meg. Mivel hazánk a Pannon biogeográfiai régió nagy részét adja az EU-ban, a rá jellemző élőhelyeket csak mi tudjuk helyreállítani. Ezek közül kiemelkedő potenciális területtel rendelkezik az ún. erdős sztyepp, mely gyeppes és fás élőhelyfoltok dinamikus mozaikjából áll. Jelen kutatásban arra kerestük a választ, hogy milyen útvonalon képes a leghatékonyabban regenerálódni az erdős sztyeppre jellemző fajgazdag növényzet. Vizsgáltunk (i) zárt lombkoronájú faültetvényekből kiinduló, fokozatosan felnyíló állományokat, (ii) felhagyást követően fokozatosan záródó gyepeket, és (iii) felhagyott szántókat, melyeken a gyepi és fás elemek egyszerre kolonizálhatnak. Minden típus esetén négy korosztályt különítettünk el (30-40, 40-50, 50-60 és 60-70 éves), melyekből 3-5 állományt kerestünk fel, és bennük egy 40×40 m-es területen teljes fajlistát készítettünk, illetve 6 db random elhelyezett 2×2 m-es kvadrátban cönológiai felvételekkel mintáztuk a növényzetet. Ezen felül nyolc érintetlen erdős sztyepp foltot is mintáztunk referenciaként. Az erdős sztyeppre specifikus őshonos gyepi fajokból a felnyíló útvonal esetén eleinte igen kevés volt, de 40×40 m-en intenzív növekedéssel a legidősebb korosztályra elérte a két másik útvonalat, és már egyik sem tért el a referenciaszinttől. A kis, 2×2 m-es léptékben a növekedés szintén megfigyelhető volt, de a referencia szintet a felnyíló állományok még nem érték el. Erdőspecifikus növényfajok esetén a gyepi útvonalon nem tapasztaltunk növekedést a korral egyik léptékben sem. Szántók esetén igen, de végül nem érte el sem a referencia, sem a felnyíló állományok szintjét, mely utóbbiak nem különböztek egymástól. Összefoglalva tehát elmondhatjuk, hogy a három elterjedt regenerációs útvonal közül a leghatékonyabb a korábban zárt faállományok felnyílása, bár szántókon is intenzív regenerációs folyamatokat tapasztaltunk. A korábbi zárt gyepi múlt azonban jelentős mértékben képes lassítani az élőhelymozaik helyreállítását. Ennek fényében a Nemzeti Élőhely-helyreállítási Tervben a gazdaságtalan erdőállományokra érdemes a legnagyobb hangsúlyt fektetni az erdős sztyepp élőhelyek rekonstrukciója során.

HOFFMANN KLAUDIA

hoffmannklaudia99@gmail.com

molekuláris biológia

MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Bodor Attila

tudományos munkatárs, SZTE TTIK

Egy használt kenőolajjal szennyezett talaj ex situ biostimulációs kármentesítésének fokozása a *Micrococcus luteus* extracelluláris szervesanyagának ismételt adagolásával

Kulcsszavak: használt kenőolaj, VBNC, Rpf, EOM, bioremediáció

A használt kenőolajokban (HKO) felhalmozódhatnak a különféle toxikus anyagok, ráadásul a talajba kerülve hosszan tartó, nehezen kezelhető szennyezést okoznak, ezzel pedig zavarják a talaj természetes élőhelyi funkcióit, és leszűkítik annak (esetleges) későbbi hasznosítási lehetőségeit. Ilyen kedvezőtlen körülmények között a mikroorganizmusok – még a szénhidrogén-bontó törzsek is – beléphetnek egy élő, de nem szaporodóképes (viable but non-culturable, VBNC) állapotba, amelyben az aktivitásuk minimálisra csökken, vagy teljesen megszűnik. Éppen ezért a biológiai kármentesítések sikere alapjaiban múlhat azon, hogy a megfelelő stimulánsok adagolásával mennyire sikerül fenntartani a mikroorganizmusok aktivitását és újraaktiválni a szunnyadó VBNC sejteket. Ebben nyújthatnak segítséget az újraéledést elősegítő faktorok (Resuscitation promoting factor, Rpf), amelyek hatékonynak bizonyultak az olajszennyezett talajok bioremediációjának kezdeti szakaszában.

A munkánk során régóta HKO-szennyezett talajok ex situ biostimulációs kármentesítésének (BS) fokozása céljából talajmikrokozmosz rendszerekhez adagoltuk a *Micrococcus luteus* Rpf-tartalmú extracelluláris szervesanyagát (extracellular organic matter, EOM) a kísérlet összeállításakor (0. nap), majd a HKO-biodegradáció kezdeti szakaszának végén (20. nap) is. Az extrahálható kőolaj-eredetű szénhidrogének (extractable petroleum hydrocarbon, EPH) kiindulási koncentrációja (30.300 mg/kg) a 60 napos inkubáció végére 56%-kal csökkent a megismételt EOM-kezelésnek alávetett talajban (BS+2xEOM), míg az egyszeri EOM-adagolás (BS+EOM) szignifikánsan kisebb, 46%-os HKO-biokonverziót eredményezett. A biokonverziós ráta növekedésén túl a BS+2xEOM esetben szignifikánsan magasabb mikrobiális telepképző sejtszámokat, valamint fokozottabb respirációs és talajenzim-aktivitásokat (dehidrogenáz, kataláz, szukráz, fluoreszcein-diacetát-hidroláz) is mértünk a megfelelő kontroll talajok (természetes csillapodás, biostimuláció, biostimuláció+EOM) értékeihez képest. Habár a bioremediáció a BS+2xEOM és BS+EOM kezelések esetében bizonyult a leghatékonyabbnak, az így kezelt talajokban a tesztorganizmusként használt repce (*Brassica napus* L.) csírázási indexe 43%-ra és 42%-ra csökkent. Az eredményeink tehát azt mutatják, hogy a kármentesítés során az EPH-tartalom csökkenéséből nem feltétlenül következik a kezelt talaj fitotoxicitásának mérséklődése.

HOMOKI ESZTER*homokiesztu@gmail.com*

Biológia

BSc, 6. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezető:**Dr. Türk-Mázló Anett**egyetemi tanársegéd, DE ÁOK*

Resolvin-D1 és HMGB1 hatása mezenchymális sztrómasejtek immunmoduláló képességére

Kulcsszavak: dendritikus sejt; mezenchymális őssejt; HMGB1; resolvin-D1

A mezenchymális őssejtek testünk szinte minden szövetéből izolálható multipotens sejtek, melyek a regeneráció mellett fontos szerepet játszanak a homeosztázis fenntartásában különböző szolubilis faktorok, valamint direkt sejt-sejt kontaktus révén. Jelentőségüket bizonyítja, hogy nem megfelelő működésük összefüggésbe hozható olyan betegségekkel, mint a cukorbetegség, lupusz, pikkelysömör, reumás ízületi gyulladás. Gyulladásnál a szöveti környezetben jelenlevő gyulladás-asszociált anyagok hathatnak működésükre, meghatározva effektor funkcióikat. Napjainkban az őssejt terápia ígéretes gyógyítási módszer, ám szükség van a mechanizmus mélyebb megértésére, ezzel fejlesztve hatékonyságát.

Kutatásom során két, a szakirodalomban alapvetően ellentétes hatással jellemzett molekula - a HMGB1 és resolvin-D1 - hatását vizsgáltam a mezenchymális őssejtek immunmoduláló tulajdonságára fenotípusos változásuk, illetve citokintermelésük megváltozásának detektálása révén. Ezt követően megfigyeltem, hogyan hat az ilyen módon kondicionált mezenchymális őssejtekből származó felülűszó az immunválasz szabályozásában kulcsfontosságú dendritikus sejtekre. Ehhez a mezenchymális őssejteket HMGB1 és resolvin-D1 különböző koncentrációival kezeltem. Inkubáció után ELISA és áramlási citometria módszerekkel detektáltam a változásokat, illetve a kondicionált médium egy részével dendritikus sejteket kezeltem. A kondicionált médiummal inkubált dendritikus sejteken szintén ELISA és áramlási citometria módszerekkel vizsgáltam a változásokat. Mivel több kutatás is bizonyította, hogy a különböző szövetekből származó MSC-ek eltérő tulajdonságokkal jellemezhetőek, így vizsgálataimat primer csontvelői MSC-eken, valamint MSC1 sejtvonalon is elvégeztem.

Eredményeim alapján elmondható, hogy a resolvin-D1 kezelés erősebben befolyásolta a mezenchymális őssejtek fenotípusát, mint a HMGB1. A két vizsgált MSC sejttípus IL-6 és IL-8 termelésében eltéréseket tapasztaltunk egymáshoz viszonyítva. MSC1 esetében tendenciális változást tapasztaltunk IL-8-nál HMGB1 kezelés hatására, a koncentráció növekedésével arányosan csökken a termelt IL-8 kemokin mennyisége. A dendritikus sejtek fenotípusának vizsgálatakor szintén azt tapasztaltuk, hogy a két sejttípus eltérő hatást fejt ki bizonyos vizsgált markerekre. Citokintermelésükre pedig főként a HMGB1 legmagasabb koncentrációja volt hatással, itt is találtunk különbséget a két sejttípus immunmoduláló hatása között.

HONÉTY NATÁLIA

nata.honetzy@gmail.com

Biológus

MSc, 1. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Máté Gábor**tudományos munkatárs, Dunamenti REK Pannon Telephely, PTE Humán Reprodukciós**Nemzeti Laboratórium**Dr. Czétány Péter**szakorvos, PTE Urológiai Klinika, PTE Humán Reprodukciós Nemzeti Laboratórium*

Spermiumok DNS-fragmentáció meghatározása, mint az asszisztált reprodukciós kivizsgálás új iránya

Kulcsszavak: DNS-fragmentáció; Reprodukció; Sperma feldolgozás; Meddőség

A meddőség manapság egyre növekvő probléma, ezért tudományos szempontból kiemelten fontos a kutatása. A DNS-fragmentáció károsan befolyásolhatja a megtermékenyítés sikerét, az embrió fejlődését, valamint növelheti a vetélés kockázatát.

Kutatásunk során vizsgáltuk a DNS-fragmentáció hatását a spermiumok funkcionális paramétereire, emellett meghatároztuk a DNS-fragmentációt teljes ejakulátumon, illetve csak élő sejteken. Továbbá a különböző spermium feldolgozási technikák hatását vizsgáltuk a DNS-fragmentációra. Ezek a feldolgozási technikák a következők voltak: sűrűség gradiens centrifugálás (DGC), swim-up (SU) módszer, mágneses sejtszeparálás (MACS), Zymot chip szeparálás. A vizsgálat során a funkcionális paraméterek meghatározása a WHO aktuális kézikönyve alapján történt. A DNS-fragmentációs index meghatározására az SCSA tesztet alkalmaztuk, amelyhez a MACSQuant 16 áramlási citométert és a Cariatd SCSA kit-et használtuk.

Retrospektív analízisben 1394 mintán két DNS-fragmentációval rendelkező ($DFI > 25\%$; $DFI < 25\%$) csoportot vizsgáltunk, melynek során minden vizsgált paraméter esetén szignifikáns kapcsolatot kaptunk. Az alacsonyabb DNS-fragmentációs indexhez (DFI) jobb értékek tartoztak: magasabb koncentráció, motilitás, progresszív motilitás és vitalitás.

A DNS-fragmentáció mérése esetén, melynek során natív ejakulátumban, illetve kapuzott élő spermiumokban mértük a DFI -t, azt az eredményt kaptuk, miszerint az élő sejteknek lényegesen alacsonyabb volt a DFI értéke.

A különböző feldolgozási technikák vizsgálata során azt az eredményt kaptuk, hogy a különböző spermiumfeldolgozási technikák hatékonyan növelik a funkcionális paramétereket (motilitás és vitalitás), mellyel párhuzamosan csökken a minták DFI értéke.

Összességében az eredményeink alapján elmondható, hogy a DFI növekedése káros hatással van a spermium funkcionális paramétereire, különösen a koncentrációra, a motilitásra és a vitalitásra. Ugyanakkor azt is látható, hogy az élő és mozgó spermiumok esetében alacsonyabb DFI -érték figyelhető meg. Munkánk során háromszoros kapcsolatot figyeltünk meg a mozgó/élő spermiumok és az alacsonyabb DFI között, mely felveti azt a kérdést, hogy szükség van-e további szelekciós eljárásokra, ha az élő, mozgó spermiumok természetesen alacsonyabb DFI -vel rendelkeznek, s termékenyítési folyamat 99%-ban csak mozgó/élő spermiummal történik.

HORVÁTH KAROLINA DÓRA*horvathkarolinad@gmail.com*

Középiskolai hallgató

Debreceni Egyetem Kossuth Lajos Gyakorló
Gimnáziuma és Általános Iskolája*Témavezetők:**Dr. Krakomperger Zsolt**gimnáziumi tanár, Debreceni Egyetem Kossuth Lajos Gimnáziuma és Általános Iskolája**Prof. Dr. Balogh István*
egyetemi tanár, DE ÁOK

A KCNQ2 gén genetikai vizsgálata

Kulcsszavak: A KCNQ2 GÉN GENETIKAI VIZSGÁLATA

Az öröklött betegségek genetikai vizsgálatai fontos szerepet játszanak a diagnosztika területén. A kimutatott variáns esetében nem mindig van bizonyíték arra, hogy valóban oki tényező lehet-e, ekkor kísérletes úton kell megvizsgálni a mutáció fehérjére gyakorolt hatását. Ennek eszköze a molekuláris klónozás.

A KCNQ2 gén egy feszültségfüggő kálium csatornát kódol, amely az agyban fejeződik ki. A génben kimutatott mutációk szerepet játszhatnak egy epilepszia típus kialakulásában.

Munkám során célom volt a KCNQ2 gén egy korábban a diagnosztikai laboratórium által egy betegben kimutatott korábban nem tesztelt mutációja (Ser113Phe) létrehozásának előkészítése a későbbi funkcionális kísérletekhez.

A vizsgálatokat a Debreceni Egyetem Klinikai Genetikai Tanszékén végeztem *E. coli* sejteken, molekuláris klónozás segítségével. A rekombináns DNS egy inzert DNS-ből és egy vektorból áll. A vektor a gazda sejtben replikálódni képes, de elkülönül a gazdasejt genomjától. Erre azért van szükség, hogy szaporítható és fenntartható legyen a klónozendó DNS molekula (inzert).

A KCNQ2 gén a rendelkezésemre állt. A plazmid DNS-t hősokk segítségével juttattam be K12 TB1 sejtbe, a baktérium-DNS elegyet antibiotikum tartalmú agarokra szélesztettem, mivel a vektor ampicillin rezisztencia gént hordoz, egy éjszakán át 37 °C-on inkubáltam, majd egy különálló telepet oltottam LB tápoldatba, amit 37°C-on inkubáltam 16 órán át. A baktériumtenyészetből plazmid DNS-t izoláltam. A DNS koncentrációját lemértem, az izolálás sikerességét agaróz gélelektroforézissel ellenőriztük. Ebben az izolált DNS-ben hozták később létre a Ser113Phe mutációt.

A KCNQ2 gént tartalmazó vektort *E.coli*-ban sokszoroztam. A DNS koncentrációja és tisztasága megfelelő volt.

Sikerrel juttattam be rekombináns DNS-t tartalmazó plazmid vektort baktérium törzsbe, ahol azt megfelelő mennyiségben sikerült létrehozni és izolálni, ezzel megalapozva a későbbi munkát.

HORVÁTH LEVENTE ÁRON

tete03515@gmail.com

Biológia

BSc, 5. félév

Állatorvostudományi Egyetem

*Témavezetők:**Dr. Lengyel Attila**tudományos munkatárs, HUN-REN Ökológiai Kutatóközpont Ökológiai és Botanikai Intézet**Durva-léptékű Vegetációökológiai Kutatócsoport**Dr. Kosztolányi András**egyetemi docens, ATE*

Az özönnövény-borítás hatása homoki parlaggyepek fenológiájára

Kulcsszavak: özönnövény; fenológia; selyemkóró; aranyvessző; homokgyep

Az emberiség az elmúlt 100 év során elképesztő mértékben átalakította környezetét. A klímaváltozás, különböző, nem őshonos fajok betelepítése, és a mindenhová eljutó rakományok „potyautasaiként” utazó élőlények miatt az őshonos társulásokba megérkeztek a „betolakodók”. A növények esetében ezek az invazív fajok elsősorban gyors reprodukciójuknak, tág tűrőképességüknek és eltérő fenológiájuknak köszönhetően nőttek őshonos versenytársaik fölé. Magyarországon az egyik legjobb példák erre a Észak-Amerikából betelepülő selyemkóró (*Asclepias syriaca*) és magas aranyvessző (*Solidago gigantea*). Kutatásunk során arra kerestük a választ, hogy ez a két faj megváltoztatja-e egy homokparlaggyep virágzási fenológiáját az egész év folyamán, tehát az invazív növény hatására az őshonos fajoknak elcsúszik-e a virágzási periódusa. Ehhez kvadrátpárokat alkalmaztunk, az egyik kvadrátban nem voltak jelen az invazív fajok, míg a másikban ők adták a fő borítást. A fajokat felosztottuk 4 kategóriába: korai egyévesekre, korai évelőkre, késői egyévesekre és késői évelőkre. A selyemkóró jelenléte negatívan hatott sok egyéves fajra (pl. *Xeranthemum annuum*). Ez annak köszönhető, hogy a selyemkóró tövek viszonylag későn és alacsony denzitással jelennek meg, emiatt a korán nyíló fajok közül az alacsonyabb, egyéves fajokat képesek elsősorban leárnyékolni. Később viszont már az invazív faj tövei leárnyékolják a későn nyíló fajokat. A magas aranyvessző több árnyéktűrő faj (pl. *Myosotis arvensis*) virágzó tőszámára pozitívan hatott, de köszönhetően a faj töveinek magas denzitásának, a későn nyíló fajokra negatív hatása van. Ugyanakkor valószínű, hogy az özönnövények borítása mellett a talajösszetételt megváltoztató hatásuk is jelentős szerepet töltött be a növényfajok virágzó tőszámának változásaiban. Fenológiai eltolódást egy fajnál, a *Cerastium semidecandrum*-nál detektáltam, ami a selyemkóró hatására hozta előbbre a virágzását.

HORVÁTH PÉTER*horvathpeti2003@gmail.com*

Biológia

BSc, 4. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezetők:**Dr. Hajdu Péter Béla**egyetemi docens, DE ÁOK**Jusztus Vivien**PhD hallgató, DE ÁOK*

A Ca^{2+} -aktivált KCa3.1 ioncsatorna szerepe a CAR-T sejtek tumor eliminációjában*Kulcsszavak: CAR-T sejt, ioncsatorna, KCa3.1, immunterápia*

A T-sejtek a limfociták igen nagy csoportját alkotják, melyek fontos szerepet játszanak az aktív immunitás kialakításában. Ezen sejtek legismertebb képviselői a CD4^+ T-sejtek (helper/segítő T-sejtek) és CD8^+ T-sejtek (citotoxikus/ölő T-sejtek). A T-sejtek csak fehérje alapú, receptorokhoz kötött antigéneket képes felismerni. Ez az MHC/HLA 1 és 2 receptorok segítségével történik, melyhez hozzákötődnek a TCR-ek (T-sejt receptorok) és komplexet alkotva ismeri fel az adott antigént. Az antigén felismerés következtében elindul egy sejten belüli Ca^{2+} -függő jelátvitel, melynek következtében a T-sejt aktiválódik, proliferálódik, citokin interleukin 2 és további citotoxikus molekula, mint például granzim B expresszálódik. A T-sejtek kálium ioncsatornáit, mint amilyen a Ca^{2+} -függő KCa3.1 kritikus szerepet játszik T-sejtek jelátvitelének és működésének szabályozásában azáltal, hogy biztosítják a hajtóerőt a megfelelő Ca^{2+} -függő jelátvitelhez. A genetikailag módosított T-sejtek az úgynevezett CAR-T sejtek, kiméra antigén receptorokkal (CAR) rendelkeznek. Ezeket a sejteket daganat ellenes terápiáknál használják, hiszen az új, módosított receptorainak köszönhetően képes a tumorsejtek felszínén található specifikus antigént detektálni, hozzákapcsolódni és elpusztítani a tumorsejtet. A munkám során a KCa3.1 ioncsatorna CAR-T sejtek effektor funkciójában betöltött szerepét tanulmányoztam. Retrovirális transzdukciónak segítségével sGFP konjugált, harmadik generációs, CD19-specifikus CAR-t és mCherry (monomer piros fluoreszcens fehérje) konjugált KCa3.1 ioncsatornát expresszáztattunk KCa3.1-deficiens Jurkat limfocita sejtvonalban, majd a transzdukciónak hatékonyságát áramlási citométerrel határoztuk meg. Direkt immunofluoreszcens jelölést végeztünk a CD19 sejtfelszíni marker expressziójának validálása céljából. Végezetül Live-or-Dye alapú killing-assay-t végeztünk TRAM34, KCa3.1 ioncsatorna gátlószer jelenlétében, amely segítségével meghatározhattuk a KCa3.1 ioncsatornának szerepét a CAR-T antitumorális válaszában. Sikeresen igazoltunk, hogy az általunk létrehozott mCherry-KCa3.1⁺ Jurkat CAR sejtek specifikusan felismerték és eliminálták célsejteket. Továbbá a KCa3.1 ioncsatorna gátlása szignifikánsan növelte az általunk létrehozott sejtek specifikus ölési hatékonyságát.

HORVÁTH ZSÓFIA*horvath.zsobia.school@gmail.com*

molekuláris biológia

MSc, 4. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Maléth József**tudományos főmunkatárs, SZTE SZAOK**Dr. Madácsy Tamara**tudományos segédmunkatárs, SZTE SZAOK*

A kalcium kiáramlás zavarának vizsgálata pankreász duktális adenokarcinóma (PDAC) sejtekben*Kulcsszavak: Ca^{2+} szignalizáció; ioncsatorna dekeftus; hasnyálmirigy duktális adenokarcinóma sejt vonal*

A kedvezőtlen klinikai prognózis mellett, a limitált és gyakran hatástalan terápiás lehetőségek miatt a pankreász duktális adenokarcinóma (PDAC) napjaink egyik legjelentősebb megoldatlan klinikai problémáját testesíti meg. A PDAC tumorokra jellemző KRAS és TRP53 gének mutációi alapvető szignalizációs útvonalak aktivitását változtatják meg. Korábbi tanulmányok alapján, a PDAC sejtekben a Ca^{2+} szignalizációban bekövetkező változások a sejtek megnövekedett metasztatikus képességét eredményezik. Sritangos és munkatársai a PMCA4 siRNS-el történő kiütésével bizonyították, hogy a PMCA4 expressziójának csökkenése gátolja a proliferációt és a migrációt. A cisztás fibrózis transzmembrán konduktancia regulátor (CFTR) hiányában a PMCA4 funkciója csökken, miközben a CFTR KO sejtekben a PMCA4 expressziója növekedett. A KRAS és TRP53 mutációt hordozó egerekben, a PMCA funkciója szintén alacsonyabb. Feltételezésünk szerint a sejt, a kieső funkciót a PMCA4 pumpa overexpressziójával igyekszik kompenzálni, és a pumpa funkció korrekciója az expressziós szintet is képes lehetne csökkenteni, ezzel csökkentve annak migrációs képességét.

Célul tűztük ki, hogy megállapítsuk PDAC-ban, a PMCA csökkent aktivitása mögött a CFTR gén defektusa áll-e és korrekciója mérsékl-e a sejt migrációt.

Kísérleteink során humán pankreász duktális organoidokat (hPO) és Capan-1 tumoros sejt vonalat használtunk. Intracelluláris fluoreszcens méréseket FURA-2-AM és MQAE festékekkel végeztünk. A csatornák lokalizációjának vizsgálatához immunofluoreszcens festéseket alkalmaztunk.

2D hPO és Capan-1 sejteken SOX9, CFTR, Vimentin és α -SMA jelenlétét igazoltuk. Fluoreszcens mikroszkópos mérésekkel megállapítottuk, hogy a Capan-1 sejtekben alacsonyabb a Cl^- és a Ca^{2+} kiáramlás mértéke a 2D hPO-khoz képest. A CFTR, Trikaftával történő kezelése helyreállította mind a CFTR, mind a PMCA funkciót a Capan-1 sejteken.

Kísérleteink azt mutatják, hogy a CFTR defektusa valóban szerepet játszhat a PMCA csökkent működésében PDAC sejtekben, amely a Trikaftával korrigálható.

HUBA FLÓRA ANNA*huba.flora@gmail.com*

Biológia

BSc, 5. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Varga Máté**egyetemi docens, ELTE TTK**Latifa Kazzazi**PhD-hallgató, ELTE TTK*

Az uracil-DNS-glikoziláz (Unga) funkcionális szerepe és genetikai vizsgálata mutáns zebradánió vonalakban

Kulcsszavak: uracil; uracil-DNS-glikoziláz; zebradánió mutánsok, Unga, Smug1

Az öröklődés szempontjából kulcsfontosságú DNS molekulák a hagyományos szemlélet szerint négy fő (kanonikus) bázist tartalmaznak: adenint, citozint, guanint és timint. Azonban az elmúlt évek kutatásai rávilágítottak arra, hogy a DNS-ben más, „nem-kanonikus” bázisok, például az uracil is megjelenhet. A gerincesek genomjában az uracil főként átmeneti hibaként jelentkezhet, amely kialakulását vagy (1) a DNS-polimerázok által történő hibás dUTP beépítés, vagy (2) a citozin dezaminációja okozhatja.

Mivel az uracil jelenléte potenciálisan mutagén hatású és ezáltal veszélyezteti a sejtek genetikai stabilitását, az uracil DNS-ből való eltávolítására hibajavító mechanizmusok evolválódtak. Az egyik legfontosabb ilyen mechanizmus a bázis kivágásos javítás (Base Excision Repair – BER), amely során az uracil-DNS-glikoziláz (UDG) enzimek eltávolítják az uracilt a DNS-ből. A gerincesek egyik fő UDG-je az UNG2 enzim, amelynek ortológja (Unga) megtalálható a csoportunk által modellként használt zebradánió (*Danio rerio*) genomjában is.

A kutatásom célja az Unga és Smug1 enzimek működési zavaraihoz eredő hosszú távú fejlődési és genomikai következményeinek feltárása mutáns zebradánió törzsek felhasználásával. Ehhez CRISPR/Cas9 technológiával létrehozott génkiütéses unga-/- és smug1-/- zebradánió vonalakat használtam, amelyek segítségével feltérképezem az uracil eltávolításának elmaradása által kiváltott hatásokat a genom stabilitására, valamint a termékenységre és a DNS-javítási folyamatokra.

Kutatásunk során elsőként hoztunk létre és jellemeztünk életképes unga-/- és smug1-/- mutáns zebradániókat. Eredményeink azt mutatják, hogy az Unga-hiány jelentős mértékben csökkenti a hím egyedek termékenységet, és rontja a DNS-javítási folyamatok hatékonyságát bizonyos szövetekben. A genomi uracil dinamikájának vizsgálata során megállapítottuk, hogy míg a vad típusú egyedek DNS-ében az uracil szintje csökken a zigotikus genom aktivációt követően, az unga-/- mutánsok DNS-ében az uracil a fejlődés későbbi szakaszaiban is jelen van. Eredményeink új megvilágításba helyezik az Unga és Smug1 enzimek szerepét a DNS stabilitásának fenntartásában és a normál fiziológiai folyamatokban.

HUSZÁR MÁRTA*hmart2001@gmail.com*

Biológus

MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Petróné Dr. Kovács Etelka**tudományos munkatárs, SZTE TTIK*

A lignocellulóz hasznosítás fokozása a bendőben és a biogáz fermentorban lévő anaerob gombák, metanogének és baktériumok közötti szintrófikus kölcsönhatások révén*Kulcsszavak: anaerob gomba; baktérium; metanogén archaea; kölcsönhatás*

A lignocellulóz a legbősebb szerves, megújuló szénforrás a Földön, ennél fogva az ilyen biomassa egyre nagyobb jelentőséggel bír, mint költséghatékony, széles körben elérhető nem ehető alapanyag mind a második generációs (2G) bioüzemanyagokhoz, mind az élelmiszer-előállításához a fenntartható, körkörös gazdaságban. Az anaerob lebontás (AD) egy széles körben használt, kiforrott technológia a biogáz előállítására, amely kiváló megújuló energiahordozó. Hasonló metabolikus úton az anaerob mikrobiális közösségek a lignocellulóz takarmányt a kérődzők tej- és hústermelésének építőegységeivé alakítják. Az anaerob gombák (AGF) hatékony takarmányhasznosításban és biogáztermelésben betöltött szerepéről, valamint a lignocellulóz biokonverziójához való jótékony hozzájárulásukról manapság korlátozott ismeretek állnak rendelkezésre. Célom egy olyan lignocellulóz lebontó konzorcium létrehozása, amely minimális tagokkal is hatékonyan képes a különböző szubsztrátok lebontására. Ennek vizsgálatához a konzorciumi tagokat együtt kívántam izolálni és feltételeztem, hogy a szintrófikus kapcsolataik révén stabil közösségként fennmaradhatnak mesterséges környezetben. Kísérleteimet a bendő szilárd rosttartalmának vizsgálatával kezdtem. A szilárd fázisból származó konzorcium AGF, metanogén archaea (MA) és baktérium (BAC) tagjait anaerob tápoldatban tenyésztettem szénforrásként szalmát alkalmazva, amelyet néhány nap alatt kolonizáltak a bendő mikrobiális közösségének cellulolitikus tagjai, és megindult a CH₄ termelés. A lebomlási folyamat a keletkező szerves savak mennyiségének mérésével is nyomon követhető volt. A vizsgálat során 4 időpontban (0 óra, 24 óra, 48 óra, 72 óra) vettünk mintát pásztázó elektronmikroszkópiához, HPLC-hez és metagenom szekvenáláshoz. A SEM képek vizuálisan mutatták be a mikrobiális proliferációt és az AGF, MA és BAC közötti szoros sejt-sejt kölcsönhatást. A szekvenálási eredmények pedig információt adtak a mikrobiom összetételében bekövetkezett változásokról.

HUTTMAN MÁTÉ*huttmanmate@gmail.com*

Hidrobiológus

MSc, 4. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

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

A Sebes-Körös és a Holt-Sebes-Körös halfaunája és halközösség alapú ökológiai állapotértékelése

Kulcsszavak: halfauna, állapotminősítés, ökológia, hidrobiológia, antropogén

Kutatásunk célja a Sebes-Körös és a Holt-Sebes-Körös halközösségeinek vizsgálata volt, különös tekintettel az emberi tevékenységek által okozott hatásokra. A vizsgálat során két mintavételi helyet választottunk a Sebes-Körösön, valamint hat helyszínt a Holt-Sebes-Körösön, hogy felmérjük a halközösség összetételét, ökológiai állapotát és az antropogén tényezők szerepét. Eredményeinket összevetettük korábbi faunisztikai adatokkal is.

A Sebes-Körös esetében a körösladányi duzzasztó hatásait elemeztük. Megállapítottuk, hogy a duzzasztó felvízi szakaszán az élőhelyek jelentős átalakuláson mentek keresztül: az alacsony áramlású, oxigénszegény környezet kedvezett az idegenhonos fajok megtelepedésének, míg a reofil halfajok számára élőhelykiesést eredményezett. A halközösség összetétele szignifikáns eltéréseket mutatott a duzzasztóhoz közeli és távolabbi szakaszokon.

A Holt-Sebes-Körös vizsgálata során az okányi szennyvíztelep tisztított szennyvizének hatásait is feltártuk. Az eredmények alapján a folyamatos tápanyagterhelés és szennyezőanyag-kibocsátás negatívan befolyásolta a halfauna összetételét és tömegességi viszonyait. A felsőbb szakaszokon gazdagabb halfőseget és védett fajokat találtunk, míg az alsóbb szakaszokon jelentős csökkenést tapasztaltunk. Az eutrofizáció következtében kialakuló oxigéningadozás tovább rontotta az alsóbb szakaszok ökológiai állapotát.

Kutatásunk rávilágít arra, hogy az emberi beavatkozások jelentős mértékben befolyásolják a vízfolyások ökológiai állapotát, ezért kiemelten fontos az élőhelyek helyreállítása és fenntartható kezelése.

JÁNVÁRI ZSÓFIA

janvarizsofia27@gmail.com

Biológia

BSc, 5. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Prof. Dr. Papp Tamás

általános és tudományos dékánhelyettes, SZTE TTIK

A leucin- és uracil auxotrófia fiziológiára, továbbá virulenciára gyakorolt hatásának vizsgálata a *Mucor lusitanicus* vad típusú-, egyszeres- és kétszeres auxotróf mutáns törzseinek felhasználásával

Kulcsszavak: Mucor lusitanicus; krakterizálás; auxotrófia

A mucormikózisos fertőzések döntő többségéért a Mucorales rendbe tartozó fajok felelősek. Ezen rendbe tartozó *Mucor lusitanicus* széleskörben alkalmazott modell szervezet (antifungális szerekek szembeni rezisztencia hátterének vizsgálata, patomechanizmus vizsgálata, virulencia faktorok azonosítása). A virulencia faktorok és patomechanizmusok vizsgálatához kiemelten fontos a megfelelő szelekciós markerek, illetve kontroll törzsek kiválasztása. A leucin bioszintézise nélkülözhetetlen a normál fehérje homeosztázis fenntartásához, befolyásolja a glükóztoleranciát, a lipidanyagcserét, a morfogenezist és a virulenciát. Az uridin-trifoszfát esszenciális a transzkripció, a DNS replikáció, a transláció, a szignáltranszdukció szempontjából és befolyásoló hatással van a sejtosztódásra, a sejtek energia metabolismusára, a foszfolipid bioszintézisre, valamint a stressz válaszokra. Munkánk célja a leucin és uracil auxotrófia fiziológiát, továbbá virulenciát befolyásoló hatásának vizsgálata a *Mucor lusitanicus* vad típusú-, uracil- (pyrG-) és leucin (leuA-) egyszeresen- valamint kétszeresen (pyrG--leuA-) auxotróf törzseinek felhasználásával. Sikeresen komplementáltuk egy pyrG--leuA- törzs leucin auxotrófiáját az általunk létrehozott, a leuA gén funkcionális változatát tartalmazó, shuttle vektor konstrukció felhasználásával. A pyrG- törzs növekedése 20-, 30 °C-on és mikroaerofil körülmények között szignifikánsan gyengébb, míg 35 °C-on szignifikánsan erősebb és stressz indukálószer jelenlétében is jelentősen eltér. A leuA- törzs növekedése jelentősen eltér stressz indukálószer jelenlétében. Az élesztő-hifa sejtípus váltási- és sporulációs képességben nem tapasztaltunk eltérést, azonban a pyrG- és leuA- törzsek csírázási képessége és *in vivo* virulenciája szignifikánsan megnövekedett.

JÁSDI MIHÁLY SÁNDOR*jasdimihaly@gmail.com*

Biológia

BSc, 5. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Egri Ádám**tudományos munkatárs, Ökológiai Kutatóközpont, Vízi Ökológiai Intézet*

Az *Electrogena lateralis* kérész ivarilag kétalakú látórendszerének elektroretinográfiás vizsgálata különös tekintettel az időbeli felbontásra*Kulcsszavak: Vizuális ökológia; Elektrofiziológia; Ökofiziológia*

A kérészek és más rovarok körében gyakori a látórendszer ivari kétalakúsága. Ez megnyilvánulhat mind morfológiai, viselkedésbeli és működésbeli különbségekben is, melyek rendkívül érdekesek, és érdemes őket eltérő módszerekkel vizsgálni. Kutatásom során az *Electrogena lateralis* [Heptageniidae] kérészfaj összetett szemének szexuális dimorfizmusát vizsgáltam az időbeli felbontás terén. A vizsgált faj hímjeinek összetett szeme két régióra osztható, melyből a ventrális a zöld és az UV tartományokra is érzékeny. Ezzel szemben a hímek dorzális szemrégiója csak UV fényre érzékeny és feltehetően a nőstények gyors érzékelésére szolgálhat. Hipotézisem szerint a hímek dorzális szemrégiójának nagyobb az időbeli felbontása, mint a ventrális szemrégió és a nőstények osztatlan szemének. Vizsgálataim során elektroretinográfiás módszerekkel mértem sötétadaptált hímek és nőstények különböző szemrégióinak kritikus fúziós frekvenciáját (KFF), azaz időbeli felbontását. Eredményeim igazolták a hipotézisemet, miszerint a hímek dorzális szemrégiója jelentősen gyorsabban reagál a vizuális ingerekre (KFF = 148,7 Hz), mint a ventrális szemrégió (KFF = 104,1 Hz), illetve a nőstények szeme (KFF = 104,5 Hz). Ez a tulajdonság feltehetően a nőstények gyors felismerését szolgálja. A hímek ventrális szemrégiója és a nőstények osztatlan szeme gyakorlatilag azonos időbeli felbontással rendelkezik, ami vélhetően az általános tájékozódásban játszik szerepet.

JUHÁSZ JUDIT*juhasszjudit@gmail.com*

Molekuláris bionika mérnök

BSc, 7. félév

Pázmány Péter Katolikus Egyetem

Információs Technológiai és Bionikai Kar

*Témavezető:**Ligeti Balázs**egyetemi docens, PPKE ITK*

Skálázható, MinHash alapú szekvencia-reprezentációk kidolgozása és vizsgálata*Kulcsszavak: szekvencia reprezentáció; gráf; valószínűség-alapú algoritmus; MinHash*

Az újgenerációs szekvenálási eljárások elterjedésével a bioinformatikai információ mennyisége rohamosan nő. A tradicionális megközelítésben a DNS-t lineáris szöveggént ábrázoljuk. Ez a leírás azonban problémákat okozhat, amikor nagyobb csoportok, telepek, fajok vagy éppen jól ismert patogének, mint pl. Klebsiella genetikai információit elemezzük. A hagyományos, lineáris ábrázolási mód tipikus hátránya, hogy genetikai diverzitás nem írható le vele jól, kevésbé alkalmas a redundancia vagy nagy változatosságú szakaszok jellemzésére. Egy lehetséges alternatív ábrázolási mód a pángenom vagy szekvencia gráfok lehetnek, melyek kompakt formában tartalmazzák az egyedek közötti hasonlóságokat és különbségeket is. Egy pángenom gráf összerakása és értelmezése azonban komplex, számításelméletileg nehéz feladat lehet. Mivel már a baktériumok genomjának hossza is milliós nagyságrendű lehet, az ilyen problémákra nagyon fontos hatékony, jól skálázódó megoldást találni. A kutatás célja egy sketching alapú algoritmus kifejlesztése, amely hasonlósági alapú keresést végez pángenom vagy assembly gráfokon.

Az algoritmus modern, valószínűség alapú módszerekkel dolgozik, melyek kifejezetten alkalmasak a szekvenciák közötti hasonlóság mértékének leírására, valamint az időkomplexitásuk is megfelelő. A gráf csúcsai egymástól függetlenül kerülnek feldolgozásra, ezáltal a módszer könnyen párhuzamosíthatóvá válik. Továbbá a gráf belső struktúrájából származó információ csak akkor kerül felhasználásra, amikor a csúcsok száma jelentősen redukálva lett. Ezáltal a jelentős komplexitású, gráfbejárást alkalmazó lépések nagyságrendekkel gyorsabban megvalósíthatóak, valamint nagyobb inzerciók és deléciók, esetleg hosszabb szakaszok fecserélődése esetén is megtalálható a keresett szekvencia.

A kifejlesztett algoritmust a long-read illesztés megoldására létrehozott eszközökkel hasonlítottuk össze. Az első tesztek alapján az algoritmus futásidő tekintetében teljesít a legjobban, habár jelenleg prototipizálási fázisban van és Pythonban lett implementálva.

JUHÁSZ ZSOMBOR

zsomborj2@gmail.com

Biológia

BSc, 5. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Borbély Sándor**tudományos munkatárs, HUN-REN Kísérleti Orvostudományi Kutatóintézet*

Tüske-hullám aktivitás modulációja egér abszensz epilepszia modellben

Kulcsszavak: Abszensz epilepszia, Tüske-hullám kisülések, Optogenetika, Elektrofiziológia

Az abszensz epilepszia – mint generalizált epilepsziás betegség – gyakran genetikai hibákra vezethető vissza. Egyik formájánál egy családi anamnézis vizsgálat során írták le a GABAA-receptorok gamma-2 alegységének pontmutációját, mely a talamokortikális (TC) hálózatok kóros oszcillációs tevékenységét, tüske-hullám aktivitását eredményezte. Azonban nem ismert a tüske-hullámok kialakulásának, terjedésének pontos mechanizmusa. Ennek vizsgálatára létrehozott, az említett pontmutációra épülő egér törzs validálását követően azt tanulmányoztuk, hogy a TC hálózatok visszacsatolását biztosító agykérgi modulációs rendszerek miként hatnak a tüske-hullámok megjelenésére, illetve azok paramétereire.

Az elsődleges szomatoszenzoros kéreg topografikusan, virális technikával megjelölt kortikotalamikus sejtjeit optogenetikailag aktiváltuk, miközben talamikus és agykérgi lokális mezőpotenciált vezettünk el szabadon mozgó állatokban. Előzetes eredményeik azt mutatják, hogy az agykérgi visszacsatolás aktiválása megszüntetheti a tüske-hullámok megjelenését, továbbá e hatás az alvás-ébrenléti ritmus különböző szakaszaiban jellegzetes oszcillációs mintázatokat indukálhat. A nem specifikus, infravörös fénnel történő kortikotalamikus ingerlés is képes modulálni a tüske-hullám aktivitást.

Mindamellet, hogy a létrehozott rágcsló modell lehetőséget biztosít az abszensz epilepszia kialakulásának pontos mechanizmusának megismerésére, kutatásaink rávilágítanak a korábban pusztán modulátor szereppel társított agykérgi visszacsatolások fontos fiziológiás és esetleges terápiás funkcióira is.

KÁDÁR ZALÁN

kadar.zalan@gmail.com

Biológia

BSc, 6. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Prof. Dr. Nógrádi Antal**intézetvezető egyetemi tanár, SZTE ÁOK**Dr. Nógrádi Bernát**klinikai rezidens, SZTE ÁOK*

Eltérő progressziójú ALS-es egérmodellek alkotása és karakterizálása betegek vérszérumának felhasználásával

Kulcsszavak: ALS; motoneuron betegség; neuromuszkuláris junkció; gyulladás

Az amiotrófiás laterálszklerózis (ALS) egy motoros rendszert érintő neurodegeneratív betegség, melyet klinikailag az izomerő progresszív csökkenése jellemez. A jelenleg alkalmazott gyógyszeres terápiák csekély mértékben képesek befolyásolni a betegség menetét. Az ALS mind patomechanikai, mind pedig klinikai szempontból nagy heterogenitást mutat, melyet a jelenleg alkalmazott transzgenikus állatmodellek csupán részlegesen tükröznek. Ahhoz, hogy jobban megértsük a kapcsolatot a molekuláris és klinikai fenotípusok között, új betegségmodellekre van szükségünk, amelyek lehetővé teszik az ALS fenotípus-specifikus vizsgálatát. Jelen kutatásunk célja az volt, hogy két eltérő – a klinikai fenotípusokat tükröző – ALS egérmodellt hozzunk létre. A két csoport megalkotásához klinikailag lassú és gyors progressziójú ALS betegek vérszérumát alkalmazva, a passzív transzfer módszerrel indukáltunk motoneuron betegséget. Ennek keretében felnőtt hím Balb/c egereket intraperitoneális injekciót a betegek vérszérumával 4 héten keresztül. A gerincvelőben és vázizmokban lezajló patológiás elváltozások karakterizálását immunjelöléses módszerekkel végeztük, vizsgálva a motoneuronok degenerációját, a neuromuszkuláris junkció (NMJ) denervációját, valamint a leukocita infiltrációt. Intakt állatokhoz viszonyítva a gyors progressziójú ALS-es csoportban a szérumkezelés az axonterminálisok degenerációjához és az NMJ-k súlyos fokú denervációjához vezetett a vázizmokban. Ezzel szemben a lassú progressziójú csoportnál egy enyhébb, mérsékelt fokú véglemez patológiát észleltünk. Az NMJ patológiához emelkedett leukocita infiltráció is társult, ez a gyors progressziójú csoport esetén ugyancsak nagyobb mértékű volt. A gerincvelői mozgató idegsejtszám tekintetében nem észleltünk különbséget a két ALS-es csoport között. A szérumkezelést követően a gerincvelőben az ALS-re jellegzetes TDP-43 fehérje citoplazmikus miszlokalizációját is megfigyeltük az érintett motoneuronokban.

Eredményeink alapján a passzív szérum transzfer alkalmas különböző ALS-es fenotípusok létrehozására egerekben. A szérum transzfer elsősorban NMJ denervációt indukált, így feltehetően az indukált immunfolyamatok a mozgató idegsejt ezen részét érintették. A modellek a jövőben alkalmasak lehetnek mechanisztikus, illetve gyógyszerkezeléses vizsgálatok kivitelezésére is.

KAJÁRI LILIAN*kajari.lilian@gmail.com*

Biológia

BSc, 5. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Maléth József**tudományos főmunkatárs, SZTE ÁOK**Dr. Jójárt Boldizsár**tudományos segédmunkatárs, SZTE ÁOK*

Primer humán intesztinális fibroblaszt sejtkultúra létrehozása és karakterizálása gyulladásos bélbetegségben

Kulcsszavak: gyulladásos bélbetegségek, fibrózis, in vitro modell, primer fibroblaszt, IBD

A gyulladásos bélbetegségek (IBD) a gyomor-bél traktus krónikus immunmediált betegségei. Az intesztinális fibrózis gyakori szövődménye hosszan fennálló krónikus gyulladásnak, amelynek következtében az extracelluláris mátrix fehérjei felhalmozódnak a szövetben. Ez felszívódási zavarokhoz, bélmotilitási problémákhoz vezet, valamint szűkületek, bélelzáródás kialakulásához vezet. A gyulladáscsökkentő gyógyszerek nem hatékonyak, csak sebészeti beavatkozás alkalmazható. A pontos patomechanizmus nem ismert, továbbá nincs megfelelő *in vitro* modell. Ezért célunk volt primer humán fibroblaszt sejt kultúrák létrehozása és karakterizálása.

A sejtkultúra létrehozásához fibroblaszt sejteket és kriptákat izoláltunk vastagbéltükrözés során levett kontroll és IBD-s biopsziás mintákból. Minden sejtenyészetet háromszor passzáltunk. Az *in vitro* fibrózisos fenotípus vizsgálatához immunfluoreszcens festést alkalmaztunk. Célfehérjék: COL1A1 (Kollagén 1 alfa 1), TGF- β 1 (Transzformáló növekedési faktor béta), PAI-1 (Plazminogén aktivátor inhibitor 1), α -SMA (alfa-simaizom aktin) és PHH3 (Foszfohiszton H3). Mindemellett, a mintákból RNS-t izoláltunk és a megfigyelni kívánt génekhez (COL1A1, ACTA2 (Aktin alfa 2), TGF- β 1, FN1 (Fibronektin 1), PAI-1, H3C4 (H3 klaszterezett hiszton 4)) primereket terveztünk. A génexpressziót qRT-PCR technikával határoztuk meg.

Hatékonyan tudunk humán vastagbél primer fibroblaszt sejtkultúrákat létrehozni és fenntartani a harmadik passzálig. A fibrotikus markerek, a COL1A1, TGF- β 1 és PAI, valamint a PHH3 proliferációs marker fluoreszcens intenzitása szignifikánsan magasabb volt az IBD-s eredetű fibroblaszt kultúrákban. Azonban, a génexpressziós vizsgálat során nem tapasztaltunk szignifikáns különbséget a két csoport között.

Vizsgálatunk során, sikeresen hoztunk létre primer humán fibroblaszt sejtenyészetekeket az általunk optimalizált protokollal. Fehérje szinten, a fibrózis markerek megkülönböztetik a beteg mintákat az egészségesektől. Azonban a génexpressziós elemzés nem tesz különbséget, a beteg fibroblaszt kultúrák elveszíthetik fibrotikus genotípusukat a harmadik passzállásra.

KANYÓ KINCŐSŐ-EMŐKE*kanyo.kincso@student.kv.sapientia.ro*

Környezettudomány

BSc, 5. félév

Sapientia Erdélyi Magyar Tudományegyetem

Kolozsvári Kar

*Témavezető:**Dr. Urák István**docens, RO EMTE SK*

Pókközösségek szerkezetének összehasonlító vizsgálata a Néra-szurdok – Beusnica Nemzeti Parkban*Kulcsszavak: pókok; természetvédelem; faunisztika; nemzeti park; élőhelyek*

A Néra-szurdok – Beusnica Nemzeti Park Erdély dél-nyugati részén, az Aninai-hegységben, Krassó-Szörény megyében található. Területe 36 758 hektár, ami egyben Natura 2000-es védett terület is (ROSCI 0031 és ROSPA 0020).

A mintavétel 2022. december - 2023. május időszakban zajlott talajcsapdázással. Összesen 30 talajcsapda került kihelyezésre hat élőhelyen, melyek közül három erdő (Szenesfalú, Néra- és Susara-szurdokok), három gyep (Alagutak, Béghídja, Római-híd). A begyűlt biológiai anyagot műanyag dobozokban, mintánként felcímkézve, 70%-os etil-alkohol-oldatban tároltuk. A különböző ízeltlábú-csoportok szétválogatása és a pókok faji szintű meghatározása binokuláris sztereómikroszkóp segítségével történt, változatos határozókulcsok alkalmazásával.

Összesen 842 pókot gyűjtöttünk, melyek közel 75%-a volt ivarérett. A faji szintig történő határozással 92 pókfaj jelenlétét mutattuk ki 22 családból. A leggyakoribb családok: Lycosidae, Agelenidae, Linyphiidae, Gnaphosidae, Liocranidae. Leggyakoribb fajok: *Urocoras longispinus* (Kulczynski, 1897), *Hahnia nava* (Blackwall, 1841), *Alopecosa farinosa* (Herman, 1879), *Apostenus fuscus* (Westring, 1851). A gyakori fajok mellett hét Románia faunájára új fajt azonosítottunk: *Atypus affinis* Eichwald, 1830, *Lathys heterophthalma* Kulczyński, 1891, *Kaemis carnicus* Gasparo, 1995, *Centromerus acutidentatus* Deltshev, 2002, *Silometopus bonessi* Casemir, 1970, *Walckenaeria stylifrons* (O.P.-Cambridge, 1875), *Zora manicata* Simon, 1878, valamint néhány nagyon ritka fajt: *Dysdera moravica*, Řezáč, 2014, *Harpactea decebali* (Nae, 2021), *Cryptodrassus hungaricus* (Balogh 1935), *Crosbyarachne silvestris* (Georgescu, 1973), melyeket eddig egy-két alkalommal jeleztek.

Az egyes élőhelytípusok és azon belül az egyes élőhelyek pókközösségei jelentős eltérést mutattak. Mindez bizonyítja, hogy a pókok nagyon jó indikátor szervezetek, melyek nagyon érzékenyen jelzik az élőhelyek minőségét, azok közötti hasonlóságokat és különbségeket, valamint a szukcessziós folyamatok irányát.

Jelen kutatás eredményei alapján azt az általános következtetést lehet megfogalmazni, hogy a Néra-szurdok – Beusnica Nemzeti Park pókfaunájának jobb megismerése érdekében egy sokkal átfogóbb kutatásra lenne szükség, mely további faunára, esetleg tudományra új fajok kimutatását eredményezné, ami további érveként szolgálhat a védelem fontosságának és szükségességének az indoklására.

KARGINOV REBEKA*karginov.rebeka@gmail.com*

Biológia

BSc, 2. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Szepesi Ágnes**egyetemi adjunktus, SZTE TTIK*

LED-világításnak kitett mikrozöld növényfajok élettani összehasonlítása*Kulcsszavak: Mikrozöld, LED-világítás, poliamin*

A mikrozöld növények nagy népszerűségnek örvendenek köszönhetően könnyű termesztetőségüknek, magas vitamin és antioxidáns tartalmuknak. Ezek a növényfajok rövid periódus alatt – 7-14 nap – fejlődnek az ún. levélzöld habitussá. A népszerűségük ellenére keveset tudunk azokról az élettani változásokról, amelyek a fejlődésük alatt következnek be. Annak érdekében, hogy megvizsgáljuk ezt a fejlődési szakaszt, növekedési paraméterek valamint stresszmarkerek vizsgálatát végezzük. Kiemelt figyelmet fordítunk a poliaminokra, amelyek az összes élőlényben megtalálható N-tartalmú polikationok. A növényekben kimutatták a növekedést és fejlődést szabályozó hatásukat, valamint védelmi szerepüket a stressz körülmények között. A poliamin metabolizmus és a mikrozöldek fejlődése közötti összefüggések vizsgálata új kutatási területnek számít, így kísérleteinkben célul tűztük ki annak vizsgálatát, hogy a mikrozöldek különböző fejlődési stádiumaiban hogyan változik a poliamin metabolizmus és vajon mutat-e fajfüggést a mikrozöld növények esetében. Ennek érdekében beltéri termesztésben, LED megvilágítás mellett három növényfaj – brokkoli, saláta és zsázsa – időbeli összehasonlító vizsgálatát végeztük, nyomon követve a mikrozöldek növekedésének dinamikáját. Eredményeink hozzájárulhatnak a beltéri termesztésben a mikrozöld növények hatékonyabb és egészségesebb termesztéséhez. Munkánk pénzügyi háttérét a GINOP_PLUSZ-2.1.1-21-2022-00080 pályázat biztosította.

KÁROLYI DOROTTYA*dorottya.karolyi@gmail.com*

Biológia

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Takáts Szabolcs**egyetemi adjunktus, ELTE TTK*

A lipid anyagcsere összetett szerepe a tumornövekedés során

Kulcsszavak: ecetmuslica daganatmodell; lipidszintézis; RNS-interferencia; foszfatidil-etanolamin

Napjainkra a rosszindulatú daganatos elváltozások civilizációs betegséggé fejlődtek, jelentős terhet róva az egészségügyi rendszerekre, így a daganatképződési és növekedési mechanizmusok vizsgálata nagy társadalmi jelentőséggel bír. A lipidszintézis egy összetett és erősen szabályozott folyamat, mely elengedhetetlen a különböző sejtfunkciók normál működéséhez. Egyre több bizonyíték utal arra, hogy a rosszindulatú daganatok progressziója nagymértékben függ a lipidanyagcserétől. A lipidszintézis egyes lépéseinek szerepe a tumor kialakulásában azonban még mindig nem tisztázott. Ezen folyamatok megértésével azonosíthatjuk a rákos sejtek metabolikus hálózatának érzékeny csomópontjait, melyek új, daganatellenes terápiák célpontjaiként szolgálhatnak.

Kutatásunk során egy *Drosophila* tumormodellt használva egy kisléptékű genetikai szűrést végeztünk el, mely során a lipidszintézis folyamatának egyes komponenseit RNS-interferenciával csendesítettük, majd megvizsgáltuk milyen hatással van az adott enzim hiánya a tumorfejlődésre. Ennek során megfigyeltük, hogy a rák korai fejlődési stádiumában még nem jár jelentős változással a lipidszintézis elrontása, azonban a késői stádiumban már szignifikánsan kisebb lesz a tumor. Emellett azt is megfigyeltük, hogy a genetikai szűrésünk alapján a neutrális lipidszintézis útvonalában szereplő komponensek nagyrésze szükséges ahhoz, hogy a daganat elérje a potenciális méretét, tehát hiányukban szignifikánsan csökkent a tumorméret. Végül azt is megfigyeltük, hogy bár a főbb membránlipideket (foszfatidil-etanolamin és foszfatidil-kolin) előállító fő útvonalak csendesítésénél nem kaptunk szignifikáns térfogatváltozást, egy alternatív, foszfatidil-etanolamin keletkezésben résztvevő mitokondrium-specifikus útvonalnak is kiemelkedő szerepe van a rosszindulatú daganatok növekedésében.

KARSAI NOÉMI

karsai.noemi15@yahoo.com

Biológia

BSc, 5. félév

Babeş-Bolyai Tudományegyetem

Témavezető:

Dr. Papp Judit

adjunktus, RO BBTE

Rézkomplexek hatásának vizsgálata a *Staphylococcus aureus* és a *Serratia marcescens* baktériumtörzsek fejlődésére és aktivitására

Kulcsszavak: biofilmek; réztartalmú fémkomplexek; Staphylococcus aureus; Serratia marcescens; quorum sensing

A multirezisztens baktériumtörzsek által okozott egyre gyakoribb fertőzések, a különböző felületeken képzett mikrobiális biofilmek és a fokozódó antibiotikum-rezisztencia szükségessé tette új, antibiotikumokétól eltérő mechanizmusú antibakteriális anyagok kutatását és gyógyászati, biotechnológiai alkalmazását. A szerves fémkomplexek alkalmasak lehetnek a baktériumok fejlődésének és aktivitásának gátlására.

Jelen dolgozat célja különböző réztartalmú fémkomplexek hatásának vizsgálata a Gram-negatív *Serratia marcescens*, illetve a Gram-pozitív *Staphylococcus aureus* baktériumtörzsek fejlődésére és egyes jellegzetes mikrobiális folyamatokat szabályozó kommunikációs rendszerek működésére.

A szerves rézkomplexek fejlődésgátló hatását Kirby-Bauer korongdiffúziós módszerrel, valamint mikrodilúciós módszerrel vizsgáltuk. A rézkomplexeknek a quorum sensing kommunikációs rendszerek működésére kifejtett hatására a baktériumsejtek biofilmképző képessége, illetve a pigmentképzés mértéke alapján következtettünk. A baktériumtörzsek biofilmképző képességének felmérése a biofilmet alkotó sejtek fluoreszcein-diacetátot hidrolizáló enzimaktivitása alapján valósult meg.

Eredményeink szerint mindkét vizsgált baktériumtörzs fejlődését és aktivitását egyes rézkomplexek negatívan befolyásolták.

A *Staphylococcus aureus* általában érzékenyebbnek bizonyult mint a *Serratia marcescens*. A vizsgált rézkomplexek közül a ligandumként naftilamint tartalmazó bizonyult a leghatékonyabbnak a *Staphylococcus aureus* törzssel szemben, míg a *Serratia marcescens* esetében a réztartalmú anilinszármazék fejtette ki a legerőteljesebb gátló hatást.

KASUBA CSENGE*tigris.csenge99@gmail.com*

Biológus

MSc, 4. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Hamari Zsuzsanna**egyetemi docens, SZTE TTIK*

Az AN5397 lakkáz gén deléciója és a deléció hatásának vizsgálata *Aspergillus nidulans*ban

Kulcsszavak: természetes antimikrobiális fenolos vegyületek; génszubsztitúciós kazetta; southern blot

Az *Aspergillus nidulans* elterjedt, talajban és bomló szerves anyagokban előforduló fonalas gomba. Modellszervezetként széles körben alkalmazzák laboratóriumi kutatásokban. A genomjában található lakkáz gének közül csak néhány géntermék esetén derítették ki azok élettani funkcióit. Köztük azonosítottak protektív szerepű pigmentanyagokat, sejtfal érésében és lignin bontásában szerepet játszó lakkázokat. Számos lakkáz gén termék, így az LccA, LccB, LccC és LccD funkciója azonban még nincs felderítve. Jelen kutatás során az LccC extracelluláris lakkáz gén delécióját és a deléciós törzs fenotípus vizsgálatát tűztük ki célul. A géndeléciót három komponensű génszubsztitúciós kazetta riboflavin auxotróf recipiens törzsbe történő transzformálásával hoztuk létre. A kazettába az *A. fumigatus* riboB génjét építettük be szelekciós markergénnek. A transzformánsokra történő szelekció után Southern blot analízissel választottuk ki azokat az lccC deléciós törzseket, amelyekben a génszubsztitúciós kazetta csak a kívánt helyre épült be homológ rekombináció útján és ektopikus integrációk nem történtek. Mivel az extracelluláris lakkázok védelmet nyújthatnak természetes antimikrobiális hatású fenolos vegyületekkel szemben, ezért több természetben előforduló fenolos vegyülettel szemben mutatott érzékenységi tesztet is elvégeztünk különböző stresszorokkal kombinálva. Az eredmények szerint az LccC géntermék hiánya önmagában nem befolyásolta a gomba érzékenységét a vizsgált körülmények között. Ez nem volt meglepő, hiszen az LccC mellett egyidőben az LccB és LccD extracelluláris lakkázok az LccC-vel redundáns funkciót tölthetnek be, azaz lehetséges, hogy egy gén deléciója nem vezet funkcióvesztéses fenotípushoz. Az lccC deléciós törzs metabolit profiljának összehasonlítása az lccC+ kontrol metabolit profiljával hat aromás vegyületet azonosított, amely a deléciós törzsben 2 nagyságrendben nagyobb mennyiségben fordult elő. Ezek között feltételezzük az LccC természetes szubsztrátját. A jövőben a természetes intracelluláris szubsztrát azonosításával lehetőségünk nyílna az LccC eddig nem feltételezett intracelluláris szerepének feltárására, valamint lccC, lccB, lccD szimpla, dupla és tripla deléciós törzsek létrehozásával tudjuk tovább vizsgálni az extracelluláris lakkázok természetes fenolos vegyületekkel szembeni protektív szerepét. Ezek az eredmények hozzájárulhatnak az extracelluláris lakkázok biológiai szerepének és potenciális biotechnológiai alkalmazásainak mélyebb megértéséhez.

KECSKÉS DORKA*kecskes.dorka@hallgato.ppke.hu*

Molekuláris bionikai mérnöki BSc

BSc, 7. félév

Pázmány Péter Katolikus Egyetem

Információs Technológiai és Bionikai Kar

*Témavezető:**Dr. Szederkényi Gábor**Egyetemi Tanár, PPKE ITK*

**Sztokasztikus génregulációs hálózati modellek elemzése és szabályozása
kompartmentális diszkretizációval**

Kulcsszavak: sztochasztikus génreguláció; kompartmentális diszkretizáció; kinetikus véges térfogat módszer

Dynamical models have a key role in the modelling of complex phenomena in systems biology. In living cells, gene expression involves numerous stochastic elements which cause the synthesis of mRNAs and proteins to show burst patterns. For this reason, stochastic description plays a fundamental role in the dynamic modelling of this process. A popular dynamical model for gene expression proposed by Friedman et al in 2006 is in the form of a partial integro-differential equation (PIDE), where the variable to be computed is the time-dependent probability distribution of protein molecules. This model was generalized for multiple dimensions by Pájaro et al in 2017. Recently, a novel discretisation method has been developed for solving the multidimensional PIDE describing the gene expression. The main objectives of this thesis are to understand the theoretical and computation background of the model and to propose novel control solutions to set prescribed properties of the stationary distribution function. In the first part of the thesis, the biological and mathematical background of the quantitative modelling of gene regulation networks is outlined, focusing on the PIDE description and the corresponding compartmental discretization. A genetic toggle switch system is chosen as the main illustrative example in the work. The basic dynamical analysis of the model is performed using the theory of nonautonomous master equations. A numerical reachability analysis is done as well, which shows the possible expected values of the stationary protein distribution. The inverse problem, i.e. the computation of inducer values to reach given expected value for the protein distribution is also addressed using lookup tables. Then simple feedback controllers are designed and analyzed to reach prescribed steady states for the system. Finally, it is shown that non-slowly-varying (e.g., oscillatory) inducer inputs may result in stationary distributions having more advantageous properties than with inputs converging to constant values.

KEGYES-BRASSAI ESZTER KINGA*kegyes.brassai.eszter@gmail.com*

Molekuláris bionika mérnök

BSc, 7. félév

Pázmány Péter Katolikus Egyetem

Információs Technológiai és Bionikai Kar

*Témavezetők:**Gaizer Tünde Éva**PhD hallgató, PPKE ITK**Csikász-Nagy Attila**Egyetemi tanár, PPKE ITK*

Fluoreszcens fehérjékkel jelölt élesztők vizsgálata mikrofluidikai eszközökkel

Kulcsszavak: sejtöregedés; mikroszkópia; egyedi sejt vizsgálata; élelciklus; sejttranszformáció

Az embereket régóta érdekli az öregedés. Sok kutatás irányul arra, hogy a sejtöregedés mechanizmusában még feltáratlan részeket jobban megértsük. A kutatások során arra vonatkozóan szeretnénk mélyebb betekintést kapni, hogy milyen faktorok és mechanizmusok játszanak szerepet a sejtek öregedésében, milyen tényezők gyakorolnak hatást erre. Ennek vizsgálatára a Molekuláris és Celluláris Hálózatok Rendszerbiológiája Kutatólaborban *Saccharomyces cerevisiae* sarjadzó élesztőket használunk modellorganizmusként, mert számos génjének van humán megfelelője. Azt szeretném megfigyelni, hogy hogyan változik a fluoreszcens jel intenzitása az élesztők öregedése során. A fluoreszcens fehérjékkel történő jelölés egy sokrétűen hasznosítható technika. Ennek segítségével vizsgálják az élesztők interakcióját más élesztő törzsekkel, különböző fehérjék expresszióját, sejtciklusát, öregedését. A fluoreszcensen jelölt élesztők élelciklusa mikrofluidikai eszközök segítségével vizsgálható. A cellák segítségével sok sejtnak követhetjük az élelciklusát közel azonos körülmények között, több napon keresztül.

Megterveztem és kiviteleztem két élesztőtörzs egyidejűleg mCherry és GFP fluoreszcens fehérjékkel történő jelölését. Ezt követően a Biomikrofluidikai Kutatócsoport által megtervezett mikrofluidikai eszközöket teszteltem. Minden konstrukciónál meghatároztam azokat a beállításokat, amelyek segítségével nagy hatékonysággal csapdázódtak be az élesztő sejtek. Ezután kikísérleteztem, hogy milyen körülmények között osztódnak az élesztők, és melyek korlátozzák ezt. A mérési eredmények és tapasztalatok alapján javaslatot tettem a mikrofluidikai eszköz módosítására.

A dolgozatomban szeretnék először egy rövid irodalmi áttekintést bemutatni az élesztőkről, a szaporodásukról, a sejtciklusukról és az eddig használt sejtöregedés vizsgálatára kifejlesztett mikrofluidikai eszközökről. Ezután ismertetem a kísérlet részleteit, hogy hogyan jelöltem fluoreszcens fehérjével az élesztőket, milyen molekuláris biológiai módszereket használtam, és milyen eljárásokat alkalmaztam az élesztőkön.

Áttekintést adok, hogy milyen mikrofluidikai eszközöket használtam, és hogyan változott a konstrukciójuk. Bemutatom az általam kidolgozott mikrofluidikai protokollt és a mérés során kapott eredményeket. Végül kitérek arra, hogy milyen módszerekkel lehetne javítani a mikrofluidikai kísérleteken, és kifejtem a jövőbeli terveimet.

KEMÉNY ESZTER

keszter10000@gmail.com

biológia

BSc, 5. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Csordás Gábor

tudományos főmunkatárs, HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóközpont

A sejtszintű extracelluláris mátrix felvétel vizsgálata *in vivo* *Drosophila* modellszervezetben

Kulcsszavak: extracelluláris mátrix (ECM); Laminin; intracelluláris vezikulum; gliasejt; Drosophila melanogaster

Az extracelluláris mátrix (ECM) egy összetett hálózat, ami 3-dimenziós szerkezete és alkotóelemei révén biztosítja a szövetek alapstruktúráját, azok mechanikai védelmét, valamint szabályozza és befolyásolja a szervek növekedését és működését. Funkcióinak ellátásához esszenciális, hogy az ECM megfelelő mennyiségben és összetételben legyen jelen a szövetek körül, ezért az egyes mátrix fehérjék szekretálása, illetve lebontása szigorúan szabályozott folyamatok. A legtöbbet vizsgált ECM lebontási mechanizmus a sejtközi térbe kiválasztott proteázok, úgynevezett mátrix metalloproteinázok (MMP-k) és katepszinek általi mátrix emésztés. Ezen kívül leírtak olyan fiziológiás és patológias eseteket, mikor bekebelezésre képes sejtek (makrofágok, gliák) felveszik és a sejten belül lebontják az ECM makromolekulákat. Azonban az utóbbi folyamatok pontos működéséről és kulcselemeiről igen keveset tudunk. Annak érdekében, hogy a sejtszintű ECM felvételt *in vivo* vizsgálni tudjuk a *Drosophila melanogaster* modellszervezetben hoztunk létre vizsgálati rendszereket és az állat glia sejtjeiben és immunsejtjeiben (hemocitáiban) tanulmányoztuk a sejt általi ECM felvételt. Kísérleteink során fluoreszcensen jelöltük az ECM fehérjéket, illetve különböző sejten belüli vezikula kompartmenteket, amelyek a fagocitózissal és endocitózissal kapcsolt lebontási útvonalakban vesznek részt. Vizsgáltuk a jelölt fehérjék lokalizációját, valamint az intracelluláris vezikula markerekkel való átfedésüket. Emellett alkalmaztunk egy fizikai sérülés modellt, amelyben a sérülés ECM felvételre gyakorolt hatását vizsgáltuk. Megfigyeltük, hogy a mátrixfehérjék sejtszintű felvételi mechanizmusa homeosztázis esetén alacsony szinten működik, míg szöveti sérülést követően a folyamat aktivitása megemelkedik mind a gliákban, mind a hemocitákban. Ezen eredmények arra engednek következtetni, hogy vagy a sérülést kísérő aktivációs jelek miatt, vagy a roncsolt mátrixfehérjék emelkedett mennyiségének következtében a vérsejtekben és gliákban megnő a Laminin felvétel és lebontás. Jövőbeli kísérleteink során genetikai szűrőrendszereket használunk, melyek segítségével az ECM fehérje felvétel receptorait, illetve az intracelluláris folyamat molekuláris hátterét tudjuk pontosabban leírni.

KEREKES TÍMEA*kertimi08@gmail.com*

Biológia

BSc, 5. félév

Állatorvostudományi Egyetem

*Témavezetők:**Török Edina**tudományos munkatárs, Ökológiai Kutatóközpont Ökológiai és Botanikai Intézet Lendület**Táj és Természetvédelmi Ökológiai Kutatócsoport**Kis János**tudományos főmunkatárs, ATE*

Tájszerkezet hatása az üregekben fészkelő hártyásszárnyúakra magyarországi falvakban*Kulcsszavak: magányos méh; magányos darázs; biodiverzitás; mezőgazdaság; tájhasználat*

A biodiverzitás csökkenése világszerte egyre nagyobb problémát jelent, amely az ökoszisztémák stabilitását és funkcionalitását veszélyezteti. A rovarok számának csökkenésével olyan folyamatok sérülnek, mint például a beporzás, vagy a biológiai védekezés (különböző kártevők számának csökkentése ragadozók, parazitoidjaik által) és ezek a folyamatok a mezőgazdasági termelésre is jelentősen kihatnak. Ugyanakkor az intenzív mezőgazdasággal járó tájszerkezetváltozás a rovarok egyed- és fajsámszámcsökkenésének egyik fő kiváltó oka, így ezen tényezők hatásának kutatása és megértése kiemelkedő fontosságú.

Ebben a kutatásban magyarországi falvakban vizsgáljuk a tájszerkezet (agrár vagy erdős) hatását az üregekben fészkelő magányos darázsokra és méhekre, illetve parazitoidjaikra. 16 erdős és 16 agrár területtel körülvett település központjába és szélébe helyeztünk ki nád-fészekcsapdákat annak érdekében, hogy felmérjük a magányos darázsok, méhek és parazitoidjaik egyedszámát a területen. Megvizsgáltuk a falvakban lévő növényzet sűrűségének hatását is, amelyet a Normalizált Vegetációs Index (NDVI) segítségével becsültünk.

A darázsok és a parazitoidok egyedszáma magasabb volt az erdős területekkel körülvett falvakban, a méhek egyedszámára azonban a tájszerkezet nem volt hatással. A darázsok és a parazitoidok esetén a falvak szélén magasabb volt az egyedszám, a méheknél a központ és szél között nem volt különbség. Pozitív kapcsolat volt a növényzet sűrűsége és a méhek egyedszáma között az erdős és az agrár táj esetén is, ezzel ellentétben a darázsok egyedszámát nem befolyásolta jelentősen a falvakban található növényzet. A parazitoidok egyedszáma agrár tájszerkezetben a növényzet sűrűségének növekedésével jelentősen növekedett.

Az eltérő életmódjuk és környezeti igényeik miatt a tájszerkezet eltérően hat a magányos méhekre és darázsokra. A darázsok részéről a tájszerkezet volt kiemelkedően fontos, a méhek számára pedig a lokális vegetáció játszott lényegesebb szerepet. A parazitoidok hasonló mintázatot mutattak, mint a gazdaszervezetek (méhek és darázsok) mintázata, így rájuk feltehetően a gazdák mennyisége van legjelentősebb hatással. A főleg mezőgazdasági területek által dominált helyeken a növényzetben gazdag falvak potenciális menedékként szolgálhatnak a darázsok és méhek, illetve feltételezhetően más élőlénycsoportok számára is, ezzel hozzájárulva a biodiverzitás megőrzéséhez.

KERÉKGYÁRTÓ MÁRTON*kerekgya@gmail.com*

Bioinformatika

MSc, 2. félév

Pázmány Péter Katolikus Egyetem

Információs Technológiai és Bionikai Kar

*Témavezetők:**dr. Gáspári Zoltán**Egyetemi tanár, PPKE ITK**dr Nagy Zoltán**Egyetemi docens, PPKE ITK*

Magányos α -hélix detektáló algoritmus gyorsítása FPGA-n

Kulcsszavak: másodlagos szerkezeti motívumok;újrakonfigurálható hardver;alkalmazásspecifikus gyorsító;fehérjeszerkezet predikció;párhuzamosítás

Single α -helices (SAHs) are secondary structural motifs in proteins. Their significance is increasingly recognized, but the number of experimentally characterized sequences is low, and there is limited knowledge about their occurrence in different species or taxonomical groups.

The most restrictive algorithm for their prediction, FT_CHARGE, is capable of identifying SAHs with high specificity, but the analysis of large datasets was hindered by its slow speed.

The aim of this study was to continue the development of the implementation of the FT_CHARGE algorithm on FPGA, a kind of programmable hardware that allows creating a highly efficient implementation of the algorithm. This will make the analysis of large databases possible, based on which new hypotheses about the occurrence and other properties of SAHs can be stated and answered.

The first part of my work is about porting the existing design to the AMD ZCU102 FPGA, identifying bottlenecks, and fixing them. The modified solution is tested, and its speed and efficiency is compared to other architectures where a significant speedup can be seen.

The second part is about fine-tuning the parameters, which results in an increase in specificity. The tuned algorithm is then used to examine the Uniprot Archive database where data is gathered about the prevalence of SAHs.

KISPÁL RÉKA KATALIN*kispalreka@gmail.com*

Biológia

BSc, 5. félév

Állatorvostudományi Egyetem

*Témavezetők:**Hangya Balázs**tudományos főmunkatárs, Kísérleti Orvostudományi Kutatóintézet**Szabó Írisz**tudományos munkatárs, Kísérleti Orvostudományi Kutatóintézet*

A neuromodulátorok szerepének vizsgálata egerekben asszociatív tanuláson alapuló sztochasztikus jutalmazás során

Kulcsszavak: Jutalom predikció hiba; dopamin; acetilkolin; noradrenalin; viselkedés

A jutalom predikció hiba (RPE) a kapott és a várt jutalom közti különbség, melynek értéke meghatározza a jövőbeli viselkedésünket. Az emberek, majmok és rágcsálók középgagyában a dopaminerg rendszer követi a RPE változásait. Korábbi kutatások bizonyították, hogy a RPE-t a kolinerg és a noradrenerg rendszer előjel nélkül kódolja.

Célul tűztük ki a dopamin (DA), acetilkolin (ACh) és noradrenalin (NE) szerepének vizsgálatát az asszociatív tanulásban, és felszabadulásuk összefüggésének vizsgálatát az RPE-vel és a viselkedéssel.

Kísérleteink során egereket (n=39) tanítottunk pavlovi kondicionáláson alapuló hangdetekciós feladatra, amely során két hang jelentette a feltételes ingert. Az egyik hang 50%-ban jutalmat (vízcsepp), míg a másik 100%-ban kihagyást kódolt. Mindeközben a DA, ACh és NE felszabadulást szál fotometriával mértük. Szimultán mértük a DA felszabadulást a prefrontális kéregből (PFC) és a ventrális striátumból (VS), illetve a NE/ACh felszabadulást a PFC-ből és a bazolaterális amigdalából (BLA). A viselkedést az egerek stimulus alatti várakozó nyalási (AL) aktivitásán keresztül vizsgáltuk.

Ahogy az várható volt, a várakozó nyalások száma csökkent a kihagyott jutalmak után, de növekedett a jutalmazott próbák után. A DA felszabadulás nem csak a VS-ben, hanem a PFC-ben is hasonló mintát követett. Ezenkívül szignifikáns pozitív korrelációt találtunk a DA felszabadulása és a várakozó nyalási ráta különbsége között mind a VS, mind a PFC esetében. Az ACh a DA-hoz hasonlóan próbánkénti frissülést mutatott mindkét vizsgált agyterületen. Az NE felszabadulás a BLA-ban a DA-hoz hasonló változást követett, a PFC-ben azonban ellentétes irányú volt. Továbbá a PFC-ben negatív, a BLA-ban leginkább pozitív korrelációt figyeltünk meg az NE felszabadulás és a AL változása között.

Eredményeink alapján elmondhatjuk, hogy a várakozó nyalásban bekövetkező változások önmagukban jelzik a RPE változásait asszociatív tanulás során. Továbbá a DA, ACh és NE különböző módon, próbánkénti frissüléssel járul hozzá az asszociatív tanulás során megfigyelhető RPE-k kódolásához. Eredményeink jelentősek, mivel az általunk vizsgált mechanizmusok károsodása hozzájárulhat a neurodegeneratív betegségekhez társuló demenciák kialakulásához, melyek az idősödő társadalom egyik kiemelt problémáját jelentik

KISS ANNA

triannus03@gmail.com

Biomérnök

BSc, 5. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezető:**Dr. Fedor-Lénárt Kinga**tudományos munkatárs, DE ÁOK*

A szöveti transzglutamináz szerepének vizsgálata a faggyúsejtek autofágias folyamataiban

Kulcsszavak: Faggyúsejt; Faggyúmirigy; Autofágia; Szöveti transzglutamináz; TG2

A faggyúmirigy a bőr dermiszében található holokrin szekréciójú mirigy, amely leggyakrabban szőrtüszőhöz kapcsolódik és a haj/szőrszállal együtt az ún. pilosebaceus egységet alkotja. A faggyúmirigyet felépítő faggyúsejtek legismertebb funkciója a faggyú termelése. Korábbi vizsgálataink során megállapítottuk, hogy az egészséges bőr faggyúmirigyei és az SZ95 faggyúsejtek is expresszálnak szöveti transzglutaminázt (TG2), mely szerepe a keratinociták differenciációjában jól ismert.

In vivo vizsgálatainkhoz vad típusú (WT) és TG2 hiányos (KO) egerek szőrének víztaszító képességét vizsgáltuk meg. *In vitro* vizsgálatainkhoz WT és KO humán SZ95 faggyúsejt sejtvonalakat használtunk, amelyet munkacsoportunk CRISPR/Cas9 módszerrel hozott létre. A sejtek zsírtartalmát Nile-Red zsírfestést követően végzett high-content screening mikroszkópos vizsgálattal mértük, míg fehérje szintű vizsgálatainkat Western blot és immuncitokémiai módszerekkel végeztük. Méréseink alapján a KO egerek csökkent víztaszító képességgel rendelkeznek, melyhez sejtszinten a TG2 hiányában fokozott lipid akkumuláció és az autofágia markerek (ATG5, ATG7, LC3) csökkent fehérje expressziója társult.

Eredményeink arra utalnak, hogy a TG2 hiányában mind az autofágia, mind pedig a faggyútermelés károsodik, így a TG2-vel kapcsolatos szabályozási folyamatok nem csak a faggyútermelés mechanizmusát segítenek megérteni, de lehetséges célpontok lehetnek bőrbetegségek, mint például az akné, kezelésében is.

KISS GERGELY*kiss.gergely1213@gmail.com*

Mechatronikai mérnök

BSc, 5. félév

Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi

Egyetem

Gépészmérnöki Kar

PALESS ÁGOSTON*paleessagoston@gmail.com*

Molekuláris Bionikai Mérnök

BSc, 5. félév

Pázmány Péter Katolikus Egyetem

Információs Technológiai és Bionikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Boldog Péter Tamás**Tudományos munkatárs, HUN-REN Wigner Fizikai Kutatóközpont, Komputációs**Tudományok Osztálya**Vághy Mihály András**doktorandusz, PPKE ITK*

**Immunsejt-tumor interakciók térbeli, sztochasztikus, ágens alapú modellje -
Kölcsönható rácsok módszere***Kulcsszavak: szimuláció;immunterápia;sztochasztikus;tumorbiológia;paraméterbecslés*

A rák világszerte vezető halálok, működésének megértése kihívásokkal teli feladat. Napjaink onkológiai kezeléseinek egyik legígéretesebb területe az immunterápia, amely az emberi immunrendszer segítségével semmisíti meg a tumort. Tekintettel az immunsejtek és a tumorsejtek közötti interakciók komplexitására, értékes lehetőséget látunk a matematikai modellezés eszköztárának alkalmazásában a mögöttes mechanizmusok mélyebb megértésének érdekében.

Dolgozatunkban bemutatjuk újszerű matematikai megközelítésünket, a Kölsönható Rácsok Módszerét: egy egzakt, sztochasztikus, ágens alapú modellt, amely alkalmas a sejtek térbeli modellezésére. A modellünkben vizsgált ágensek egy-egy diszkrétizált térben (rács) osztódnak, mozognak és hatnak kölcsön, így lehetővé válik annak modellezése, hogy az immunsejtek behatolhatnak a tumoros szövetbe. Ezzel pontosabban modellezhetjük a tumor- és immunsejtek közötti kölcsönhatásokat.

Új matematikai megközelítésünket C++ környezetben implementáltuk. A módszert Dekkers és mtsai. által a Nature Biotechnology folyóiratban publikált [Vol. 41, p. 60–69 (2023)] *in vitro* kísérletes adatokra alkalmaztuk, melyben betegekből izolált tumor organoidok és módosított T-sejtek kokultúráit vizsgálták. A kísérletek nyers adatait először feldolgoztuk és azokból idősorokat készítettünk, majd optimalizációs módszerekkel megbecsültük a modellünk futtatásához szükséges paramétereket. *In silico* szimulációink kevesebb, mint 5%-os hibahatáron belül reprodukálja a kísérleti idősorok dinamikáját, valamint jól visszaadja a kísérletekben megfigyelt tumor organoidok morfológiai változásainak jellegzetességeit -- még úgy is, hogy a morfológiai jellegzetességeket nem használtuk a modell illesztéséhez.

Szimulációink visszaadják a két sejtpopuláció kísérletesen megfigyelhető populációdinamikáját és reprodukálják a tumor organoidok morfológiai változásainak jellegzetességeit. A betegből származó organoid adatokkal való sikeres kalibráció azt jelzi, hogy ez a módszer és származékai nagy potenciállal rendelkeznek a személyre szabott orvoslás és a digitális ikrek területeinek előrelendítésében.

KISS PÉTER SÁNDOR

kisspetersandor2@gmail.com

Biomérnöki

BSc, 7. félév

Szegedi Tudományegyetem

Juhász Gyula Pedagógusképző Kar

*Témavezetők:**Dr. Molnár Zsolt**főiskolai docens, SZTE JGYPK**Dr. habil. Radács Marianna**főiskolai tanár, SZTE JGYPK*

In vitro* neuroendokrin modell a cukorpótló vegyületek hatásainak vizsgálatára**Kulcsszavak: cukorpótló vegyületek; ELISA; neurohipofízis; noradrenalin; oxitocin***

A normál humán homeosztázisban a táplálkozási alapanyagok szénhidrát, lipid, protein és ásványi, valamint vitamintartalma determináló az egészség megőrzésében. Amikor valamilyen szisztémás humán szervezeti zavar, pl. cukor-anyagszervezés lép fel, akkor ezeknek, az egyébként egyszerű anyagbevitelnek megváltozik a minőségi és mennyiségi aránya is, homeosztatikus válaszokat generálva. Az oxitocin a kötődés, a bizalom, a kognitív, valamint az empatogén tulajdonságok mediálásáért is felelős kreatív elem. Szakirodalmi adatok azt igazolják, hogy az OT elősegítheti a pozitív proszociális viselkedést.

Célunk a rendszerszintű kapcsolatfeltárás az OT release és cukorpótló anyagok között, ezért a cukorpótló vegyületek hatásait *in vitro*, az OT hormon elválasztásával megalósító neurohipofízis sejtek kultúrájával vizsgáltuk.

Vizsgálati protokollban ♂ Wistar törzsű patkányokat *in vivo* kezeltünk K-aceszulfám (40,0 mg/tt. kg/nap), eritrit (0,05 g/500 cm³), xilit (40 mg/ tt.kg/nap) és sztívia (40 mg/tt.kg/nap) cukorpótló ágensekkel 16 héten keresztül (n=5/csoport). A kezelés végpontjában a dekapitált patkányok neurohipofízisét szeparáltuk, majd *in vitro* primer sejt kultúrákat készítettünk. A neurohipofízis szöveteket enzimátikus (tripszin: 0,2 % /Sigma, Germany/, 30 min; kollagenáz /Sigma, Germany/: 30 µg/cm³, 40 min; diszpáz /Sigma, Germany/: 50 µg/cm³, 40 min; T: 37°C) és mechanikus disszociáltatás útján kezeltük. A sejtek Tripán-kék tesztelés viabilitás vizsgálata után (>95%), a sejt kultúrákat OT vonatkozásában funkcionálisan standardizáltuk. A kísérleti *in vitro* rendszerekhez 10⁻⁶ M-os dózisban, külön rendszerben noradrenalin is adtunk. A minták felülúszó médiumából az OT tartalmat ELISA módszerrel határoztuk meg. A protein tartalmat Lowry módosított módszerével határoztuk meg. A statisztikai adatokat egyszempontos varianciával vizsgáltuk (ANOVA, n=5, p<0,05).

Az *in vivo* kezelések csökkentették az OT szintet, azonban az előkezel, további cukorpótlás során az OT szint, *in vitro* jelentősen emelkedett. Noradrenalin szabályozási körben az OT release erősen modulált. A szabályozási rendszerek, a neuro-endokrino-immuno funkciókkal nagy anyagcsereláncolat kaszkádot szabályoznak. Vizsgálatainkat *in vivo* és *in vitro* állatkísérletes modellek segítségével, sejtszintű kutatási elrendezésben tanulmányozzuk, továbbá a cukorpótló ágensek hatásait figyeltük noradrenalin mediált OT hormon release funkciókra.

KISS VIKTÓRIA MÓNICA*k.viktoria007@gmail.com*

Biológus MSc

MSc, 11. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Szabó Renáta**egyetemi adjunktus, SZTE TTIK**Dr. Matvon Denise**tudományos munkatárs, SZTE TTIK*

A PCOS terápiás vizsgálata az oxidatív/nitrozatív stressz, valamint a gyulladásos paraméterek tekintetében, patkánymodellen

Kulcsszavak: PCOS; gyulladás; HPG-tengely; TAK-448

A meddő párok száma világszerte növekszik, így a gyermekáldás több évet is várathat magára. A leggyakoribb kiváltó okok között említendő a policisztás ovárium szindróma (PCOS), amely a reprodukció korú nők 8–13 %-át érinti. PCOS esetén a hipotalamusz–hipofízis–gonád (HPG)-tengely dinamikus szabályozási egységének zavara jelentkezik, amely végeredményeként hiperandrogenizmushoz vezethet. A PCOS biokémiai háttér folyamatai még nem teljesen tisztázottak, a prevenció, illetve terápiás lehetőségek vizsgálata a kutatások középpontjában áll.

Munkánk célja a TAK-448, kisspeptin receptor agonista, hatásainak vizsgálata a PCOS-sel társítható gyulladásos és oxidatív stressz folyamataira.

A PCOS állapot kialakítása érdekében nőtény Wistar patkányokat 60 mg/kg dózisú dehidroepiandrosteronnal (DHEA) kezeltük 25 napig, napi egyszer, subcutan. A PCOS kiváltását a luteinizáló hormon (LH), a follikulus stimuláló hormon (FSH), valamint a tesztoszteron szint meghatározásával igazoltuk. A DHEA-kezelt állatok egy részét TAK-448 kezelésben részesítettük (0,03 nmol/kg, a nemi ciklus 4. napján, 4 alkalommal, subcutan). A kezelési periódusokat követően a terminálási napon May-Grünwald festéssel meghatároztuk az állatok ivari ciklusát. Ezt követően az állatokat termináltuk, petefészkeket eltávolítottuk, amelyeket biokémiai vizsgálatokra és szövettani analízisre használtuk. A biokémiai mérések során ELISA módszerrel meghatároztuk a szöveti reaktív oxigén gyök (ROS) és a nitrotyrozin (3-NT) koncentrációkat, valamint patkány Legendplex mérés segítségével vizsgáltuk a gyulladásos profilt. A petefészkek szövettani analízisét hematoxilin-eozin festéssel végeztük.

A PCOS csoportban az LH/FSH egyensúlya, valamint a tesztoszteronszint emelkedését tapasztaltuk, azonban a TAK-448 kezelés javította az eltolódott értékeket. Míg a PCOS állatok esetében megnövekedett a gyulladáskeltő citokinek (interleukin-1 β , IL-12p70), CXCL-1, valamint a ROS és 3-NT szint koncentrációja, a TAK-448 kezelés ezen értékeket szignifikánsan javította, melyet a szövettani eredmények is alátámasztottak.

Eredményeink alapján megállapítható, hogy a TAK-448 terápiás hatású a PCOS-sel társítható oxidatív/nitrozatív stressz, valamint a gyulladásos állapot tekintetében, ezáltal javíthatja az infertilitásban küzdő nők termékenységi potenciálját.

KITTLINGER VILLÓ*kittlingervillo2001@gmail.com*

Molekuláris biológia

MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Sarkadi Zsuzsa**tudományos munkatárs, HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóközpont Biokémiai Intézet*

A többsejtű formák evolúciójának vizsgálata *Saccharomyces cerevisiae*-ben*Kulcsszavak: Saccharomyces cerevisiae; invazív növekedés; többsejtűség; evolúció*

A multicelluláris életformák megjelenése lehetővé tette a sejtek közötti együttműködést és differenciálódást, amely a komplex biológiai struktúrák kialakulásához vezetett. A *Saccharomyces cerevisiae* multicelluláris formáinak evolúciós vizsgálata segít betekintést nyújtani a gombák fejlődésének komplex mechanizmusaiiba, különös hangsúlyt fektetve a fonalas növekedési formákra, aminek az egyik képviselője az invazív növekedés. Ez akkor történik, amikor a kolónia penetrál az agarba. Habár az invazív növekedés molekuláris mechanizmusa a labor törzsekben jól ismert, keveset lehet tudni a természetben előforduló törzsek invazív növekedéséről, illetve az evolúciós hajtóerőkről. Ezért kutatásunk célja az invazív növekedés evolúciós hajtóerejének feltárása, valamint a házasítás, a filogenetikai hovatartozás és az ökológiai környezet hatásainak megfigyelése az élesztők invazív növekedésére. Ehhez több, mint 1000 *S. cerevisiae* törzset használtunk, amelyek a világ minden tájáról, változatos környezetből származnak. Az invazív növekedés mérésére egy nagy-áteresztőképességű módszert használtunk, ahol a telepeket agar táptalajon növesztettük, majd vizes mosást és dörzsöléses technikát használva lemostuk őket. Eredményeink azt mutatták, hogy a vad élesztők invazív növekedési hajlama szignifikánsan magasabb a domesztikált törzsekéhez képest. Ebből arra lehet következtetni, hogy a természetes szelekció során a vad törzsek jobban alkalmazkodtak a tápanyaghiányhoz és más stressz tényezőkhöz, amelyeket az ember által hasznosított környezetekben növesztett élesztők nem tapasztaltak meg, és emiatt nem is tudtak hozzájuk alkalmazkodni. Az invazivitás mértékét vizsgálva továbbá azt találtuk, hogy szoros kapcsolatban áll az ökológiai környezettel és a filogenetikai hovatartozással, valamint a kromoszóma vesztéssel/nyeréssel. Összefoglalva, kutatásunk során nagyszámú élesztőtörzset vizsgálva, közelebb kerültünk az invazív növekedés evolúciós hajtóerőinek megértéséhez. Mivel az invazív növekedés virulencia faktor patogén gombákban, például *Candida* fajokban, kutatásunk potenciálisan hozzájárulhat a gombás fertőzések jobb megértéséhez, ezzel új alkalmazásokat nyújtva a gyógyszerfejlesztés területén. Jövőbeli kutatásaink során tervezzük az invazív növekedés mechanizmusának evolúcióját jobban megérteni, valamint más többsejtű formát is megvizsgálni.

KOCSIS ANNA*annakocsis.work@gmail.com*

Molekuláris Biológia

MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Prof. Dr. Deli Mária**kutatóprofeszor, HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Biofizikai Intézet Biológiai**Barrierek Kutatócsoport**Dr. Walter Fruzsina**tudományos főmunkatárs, HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Biofizikai Intézet**Biológiai Barrierek Kutatócsoport*

Egy új, humán őssejteken alapuló vér-agy gát és agyi organoid lab-on-a-chip modell jellemzése*Kulcsszavak: vér-agy gát; agyi organoid; lab-on-a-chip; nanopartikulum*

A vér-agy gát a keringés és a központi idegrendszer közötti dinamikus határfelület, melynek funkcionális alapját a mikroereket alkotó agyi endotélsejtek képezik. Fő feladata az agy tápanyagellátása és védelme. A védelmi funkciók nemcsak a káros anyagok, hanem a gyógyszerhatóanyagok agyba jutását is korlátozzák. A gyógyszerfejlesztés során a sejtenyészetes rendszerek nélkülözhetetlenek a hatóanyagok bejutásának és hatásának vizsgálatához. A humán őssejt-alapú *in vitro* vér-agy gát modellek használata egyre fontosabbá válik preklinikai vizsgálatokban. Az indukált pluripotens őssejtek felhasználásával létrehozott agyi organoidok pedig új szintre emelik a központi idegrendszerbe való gyógyszerbejutás és hatás vizsgálatának lehetőségeit. Az elmúlt tizenöt évben a lab-on-a-chip és organ-on-a-chip eszközök egyre népszerűbbek, segítségükkel komplex sejtenyészetes modellek állíthatók elő.

Kísérleteink célja az volt, hogy létrehozzunk egy új, humán őssejteken alapuló, egyedülálló mikrofluidikai és mikroelektronikai biochip eszközt. Munkánk során sikeresen integráltunk agyi organoidokat a csoportunk által kifejlesztett, vér-agy gát modellezésére alkalmas barrier chipbe. A vér-agy gát modell létrehozásához emberi hemopoetikus őssejtekből differenciáltatott endotélsejteket és agyi pericitákat tartottunk együtt. A humán középági organoidokkal való együtt tenyésztés során az agyi endotélsejtek megőrizték gát tulajdonságaikat, amelyet impedancia méréssel, permeabilitási vizsgálatokkal és a sejtközi kapcsolatok immunfestésével igazoltunk. Többféle nanohordozó a vér-agy gáton való átjutását és agyi organoidba való bejutását teszteltük a modell jellemzésére. Kimutattuk, hogy az agyi képalkotó eljárások során használt hiperozmoláris, jódtartalmú kontrasztanyag közvetlenül hat agyi endotélsejtek gát tulajdonságaira, és hatással van az agyi organoidokban található sejtállományra is.

Az általunk létrehozott komplex lab-on-a-chip rendszerhez hasonló jelenleg nem található az irodalomban ezáltal a chiplaboratóriumi eszközök között újdonság. Kiválóan alkalmas a vér-agy gát tulajdonságok és az agyi organoidok széleskörű vizsgálatára egészséges körülmények között és kórállapotokban, valamint felhasználható gyógyszerhatóanyagok, nanohordozók átjutásának tesztelésére is.

KOKA ALICE*kokaalice@uni.sapientia.ro*

Génsebészet

BSc, 8. félév

Sapientia Erdélyi Magyar Tudományegyetem

Csíkszeredai Kar

*Témavezetők:**dr. Albert Beáta**egyetemi tanár, RO EMTE CSK**dr. Csató-Kovács Erika**egyetemi adjunktus, RO EMTE CSK*

Nivolumab (PD-1-gátló) klónozása és expressziója emlős sejtvonalban

Kulcsszavak: monoklonális antitest, immunterápia, ko-transzfektálás, CHO DG44, expressziós vektor

A monoklonális antitest-alapú immunterápiát ma már a rákterápia fő komponensének tekintik, a műtét a sugárkezelés és a kemoterápia mellett. A tumorsejtek egyedi vagy az általuk túlzottan expresszált antigének ellen célzott monoklonális antitestek különféle mechanizmusok révén okozhatják a tumorsejtek halálát. A rák monoklonális antitest terápiájának legismertebb és legígéretesebb típusa az immunellenőrző pontok blokkolása. A programozott sejthalál receptor-1 (PD-1) útvonal gátlásával, egy sokkal komplexebb, több immunológiai útvonal esetében is tumorelleses kontrollt érhetünk el. 2014-ben a PD-1 elleni monoklonális antitest, a nivolumab, elnyerte az FDA (Food and Drug Administration) jóváhagyását melanómás betegek-, vesesejtes karcinómában szenvedők-, illetve Hodgkin limfómás betegek számára. A nivolumab antitesttel kapcsolatos szabadalmi jogok 2026. május 2-án járnak le.

A kutatási munkánk célja a nivolumab bioszimiláris monoklonális antitest nehéz (NivoHC) láncának klónozása és az antitest termeltetése emlős sejtvonalban. A nivolumab könnyű láncának klónozását a CORAX BIONER CEU munkatársai végezték. A nivolumab klónozásához két olyan expressziós vektort alkalmaztunk (pOptiVEC3.3-MOCK, pcDNA3.3-MOCK), amelyek lehetővé teszik az antitest expresszióját CHO DG44 (Chinese hamster ovary cells, kínai hörcsög petefészek) sejtkultúrában. Kutatásunk első lépésében létrehoztunk egy olyan pcDNA3.3-O plazmidot, amely alkalmas a NivoHC klónozására. Ezt követően sikeresen létrehoztuk a két rekombináns plazmidot, a pcDNA3.3-NivoHC és a pOptiVEC3.3-NivoHC, amelyekbe a NivoHC génjét XhoI és NotI restrikciós helyek közé ligáltuk.

A CHO DG44 sejtek ko-transzfektálását követően, az antitest expressziójának ellenőrzését nátrium-dodecil-szulfát tartalmú poliakrilamid-gélelektroforézissel (SDS-PAGE) végeztük. A Nivolumab könnyű- és nehéz lánc is, megfelelő méretben termelődött, és megtalálható a táplevesben és a sejtes mintában is. Végeredményben elmondható, hogy az antitest termelő sejtvonal létrehozása sikeres volt.

KOLTAI ZSÓFIA*kltzsofia@gmail.com*

Biológia

BSc, 6. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Tóth E. Melinda**tudományos munkatárs, HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóközpont*

Nemi különbségek az izom- és agyszövetben termelődő miokinek és hősokkfehérjék expressziójában egy hét futást követően

Kulcsszavak: testmozgás, miokinek, hősokkfehérjék, izomszövet, hippocampus

A fizikailag aktív életmód kognitív funkciókra gyakorolt jótékony hatását számos szakirodalmi adat alátámasztja. Csoportunk korábbi kísérleti eredményei is azt mutatják, hogy a rendszeres testmozgás pozitív hatással van az egerek memóriájára, azonban ezt a tendenciát csak nőstények esetében figyelték meg. Ezért jelen kutatásunk célja, azoknak a faktoroknak az azonosítása, amelyek részt vesznek a jótékony hatások kialakításában, illetve a nemek közt megfigyelt különbség okának felderítése. A kísérleteink során az izomban és agyban termelődő miokinek, neurotróf faktorok illetve hősokkfehérjék (Hsp) génexpresszióját elemeztük. A moderált intenzitású edzés hatásainak vizsgálatához vad típusú C57BL/6 egerek egy héten át napi 1 órán keresztül végeztek futópados edzést. Az utolsó edzést követően vérvizsgálatot végeztünk, majd az állatok hippocampus és m. quadriceps femoris mintáiból RNS-t izoláltunk, és qPCR segítségével vizsgáltuk a génexpresszióban megjelenő változásokat. A mintákon továbbá fehérje izolálást követően Western-blot analízist végeztünk a qPCR eredmények megerősítésének érdekében. Izom mintákból fagyasztott metszeteket készítettünk, amelyeken immunfluoreszcensfestés segítségével a Hsp-k sejten belüli expressziós mintázatát vizsgáltuk meg.

A hím állatok izomszövetében kétszeresére emelkedett a kismolsúlyú hősokkfehérjék családjába tartozó Hsp25 és α B-crystallin, valamint a CD68 makrofág marker génexpressziója egy hét futást követően, míg ezek az értékek a nőstény állatokban nem változtak. Az izomminták Hsp70 mRNS szintje nőstényekben közel 2,5-szeresére, míg hímeiben tízszeresére növekedett a kontroll csoporthoz képest. A hippocampusban a Hsp25 és a BDNF expressziójának emelkedését figyeltük meg a testmozgást végző állatokban, a vizsgált faktorok között nemi különbségeket nem tapasztaltunk.

Eredményeink azt mutatják, hogy a testmozgás hatására a hippocampus területén a BDNF és a Hsp25 mRNS szintje is megnövekedett, ami hozzájárulhat az edzés által kiváltott pozitív hatásokhoz, ám a megfigyelt nemi különbséget nem magyarázza. Azonban a hím állatok vázizomszövetében megfigyelt túlzott Hsp és CD68 génexpresszió arra utalhat hogy a hím állatok számára az azonos típusú és intenzitású edzés megerőltetőbb, mint a nőstényeknek. Ez hosszútávon krónikus gyulladásához vezethet, amely elfedheti a testmozgás jótékony hatásait, és hozzájárulhat a kognitív funkciók javulásában megfigyelt nemi különbségekhez.

KÓMÁR VINCE

vincekomar@gmail.com

Biológia

BSc, 5. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Gál Anikó**egyetemi adjunktus, SE ÁOK**Dr. Vellainé Takács Krisztina**egyetemi docens, ELTE TTK*

DNM2 gén intracelluláris funkciójának vizsgálata siRNS modell segítségével

Kulcsszavak: DNM2; siRNS; géncsendesítés; mitokondriális dinamika; citoszkeletális dinamika

A DNM2 egy nagyméretű GTP-ázok családjába tartozó 100 kDa nagyságú mechanokemikális fehérje, mely minden eukarióta sejttypusban, kiváltképp a vázizomban és szívizomban expresszálódik. Szerepet játszik többek közt a különböző vezikulációs és membrán újrászervező folyamatokban, mint a különböző endocitotikus folyamatok, intracelluláris vezikulaforgalom, neuroszekréció, valamint az aktinszerveződésben és ezáltal a citoszkeletális dinamikában, illetve a mitokondrium osztódásában.

A DNM2 mutációi a sejt organizációjának zavarát eredményezik, valamint az autoszómális dominánsan öröklődő centronukleáris miopátia és az axonális neuropátia hátterében állnak. A DNM2 pontos intracelluláris szerepét a szisztematikus vizsgálat mellett Intézetünkben elvégzett modellkísérletek segítségével vizsgáltuk. DNM2-specifikus siRNS kezelést hajtottunk végre, ezzel vizsgáltuk a csendesítés hatására bekövetkező transzkripciós változásokat, valamint a DNM2 további lehetséges interakciós partnereit.

A géncsendesítés HeLa sejteken, a gén 3 különböző régióján ható DNM2-specifikus siRNS- sel végeztük. Az RNS szekvenálást követően a bioinformatikai analízis során az mRNS- expresszió változásaira fókuszáltunk, a magas szignifikanciát mutató gének esetében a kapott eredményeket RT PCR-rel validáltuk. Eredményeink alapján 12 gén szignifikáns változása volt megfigyelhető, melyek főként a citoszkeletális működésben és szteroid biogenezisben részt vevő, feltételezhetően mitokondriális dinamikát közvetetten módosító gén expressziójában játszanak szerepet.

A citoszkeleton működésében szerepet játszó gének indirekt módon módosíthatják a mitokondriális dinamikát, valamint a koleszterin és szteroid biogenezisben részt vevő gének expresszió változása magyarázhatja a DNM2 mutációval rendelkező betegek esetében megfigyelhető endokrinológiai eltéréseket. Az eredményeink fehérje szinten történő validálása és a kolokalizációs vizsgálatok jelenleg folyamatban vannak.

KORSOVECZKY LILI*korsoveczky.lili@gmail.com*

Biológia

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Gallé Róbert**tudományos főmunkatárs, HUN-REN Ökológiai Kutatóközpont**Dr. Szövényi Gergely**habil. egyetemi adjunktus, ELTE TTK*

A természetvédelmi célú bűvósávok kialakításának hatása az egyenesszárnyúakra hazai gyepek esetén*Kulcsszavak: homogén; heterogén; diverzitás; fajszám; egyedszám*

Hazánkban egyre fontosabb szerepet tölt be a megfelelően alkalmazott extenzív gyepterápia, mivel segítségével fenntarthatjuk a természetközeli gyepeket és megőrizhetjük az élőhely biodiverzitását. A legelterjedtebb gyepterápiás módszer a legeltetés mellett a kaszálás. A kutatásban kaszálókön létrehozott bűvósávok kialakításának hatását tárom fel az egyenesszárnyúak fajszámára és abundanciájára, valamint az egyenesszárnyúak repülési képességének és a fajok növényzeti preferenciájának megoszlására a lokális együttesekben. Vizsgálatunkat a Csanádi Pusztákon és a Hevesi Füves Pusztákon végeztük, ahol négy-négy bűvósávot jelöltünk ki, fűhálós mintavételt végeztünk a bűvósávokban és a közöttük található kaszált területen (heterogén művelés). Emellett mindkét vizsgálati régióban négy nagyobb kaszálás alól kizárt területeken és a hozzájuk közel eső nagy kiterjedésű kaszált foltokban vettünk mintát (homogén művelés). Eredményeim azt mutatják, hogy a homogén területek esetében a kaszálás alól kizárt területen találtunk magasabb abundancia értékeket, a heterogén terület esetében pedig a kaszált területen. A homogén területen több rosszul repülő fajt azonosítottunk, mint a heterogén terület esetében. A homogén művelés hatékonyabban őrizte meg a növényzetben élő fajokat, mint a szabad talajfelszínt kedvelőket. Vizsgálatommal segítem az egyenesszárnyúak diverzitásának megőrzését, hogy továbbra is betölthessék fontos szerepüket az ökoszisztémában, mint az egyik legnépesebb herbivór ízeltlábúcsoport. Emellett kutatásommal hozzájárulunk a gyepek megfelelő kezelésének kialakításához, mely elősegíti egy természetközeli ökológiai rendszer fennmaradását.

KOVÁCS ANNA

anna.ptsjaa@gmail.com

Biológia

BSc, 5. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Prof. Dr. Berki Tímea**egyetemi tanár, PTE ÁOK*

Anti-foszfolipid antitestek vizsgálata többszöri sikertelen *in vitro* fertilizáción (IVF) átesett nőkben

Kulcsszavak: Autoimmunbetegség; Meddőség; Anti-foszfolipid antitestek

Az anti-foszfolipid szindróma (APS) egy autoimmunbetegség, melyet a foszfolipidek és az azokhoz asszociált fehérjék ellen termelődő autoantitestek tartós jelenléte jellemez. Az intracelluláris térre jellemző foszfolipidek elleni autoantitestek (AAT) termelődése az apoptózis folyamatában bekövetkező zavar miatt alakul ki. A betegség laboratóriumi kritériumai az anti-béta-2-glikoprotein 1 AAT, az anti-kardiolipin AAT és a lupus antikoaguláns tartós jelenléte a vérben. A kóros autoimmun állapot trombózissal és terhességgel kapcsolatos morbiditással hozható összefüggésbe. Bizonyos esetekben APS-ra utaló klinikai manifesztációk ellenére a vérszérum vizsgálatok negatív eredményt adnak, mely felveti egyéb ritka anti-foszfolipid antitestek szerepét a betegség patomechanizmusában. A kutatás során olyan női betegek vérmintái kerültek elemzésre, akik valamilyen meddőséggel küzdenek és felmerült náluk, hogy e mögött immunológiai eredetű problémák állhatnak. Célunk ezen vérszérum minták immunológiai vizsgálatával különböző patológiás autoantitestek meghatározása, melyek alapján esetleges autoimmun kórképek felállíthatóak. Ezen kórképek pedig segíthetnek az infertilitás okainak azonosításában. A vizsgálat során összesen 410 női betegmintát vettünk figyelembe, akik közül 39 esetben teljesültek az APS klinikai kritériumai. Ezen csoporton a gyakori anti-foszfolipid AAT-eket indirekt ELISA módszer segítségével határoztuk meg, majd akiknél ez a mérés negatív eredményt adott a ritka anti-foszfolipid antitesteket is megmértük, célzottan az APS kevésbé gyakori formáinak azonosítására koncentrálnak. Valamint a ritka aPL AAT-eket kutatási célból néztük meg, hogy esetlegesen melyek beemelése a rutin diagnosztikai panelbe indokolt. A mérések alapján összesen 11 esetben sikerült patológiás autoantitest-pozitivitást meghatároznunk. Ezen eredmények erősítik a meddőség immunológiai kóreredetét, így a kezelőorvosok számára lehetőség nyílik a megfelelő kezelési stratégia kidolgozására.

KOVÁCS DÁNIEL

kov.daniel2001@gmail.com

Környezetmérnöki

MSc, 1. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Takó Miklós**egyetemi adjunktus, SZTE TTIK**Dr. Nagy Gábor**tudományos munkatárs, SZTE TTIK*

Rhizomucor pusillus gomba β -galaktozidázok vizsgálata: rekombináns enzimfehérje termeltetés, tisztítás és jellemzés

Kulcsszavak: járomspórás gomba; heterológ expresszió; laktóz; vektorkonstrukciók; enzimvizsgálat

A járomspórás gombák a fonalas gombák egyik legváltozatosabb csoportja. Többségük a talaj bomló állati és növényi szerves anyagain élő szaprotróf szervezet. Közöttük ipari, mezőgazdasági, biotechnológiai és orvosi szempontból jelentős törzsek lelhetők fel. Számos képviselőjüket alkalmazzák a gyógyszer- és élelmiszeriparban, extracelluláris enzimek (például lipázok, proteázok, amilázok, cellulázok) termeltetésére. Az ide tartozó Mucoromycota gombák kiváló forrásai lehetnek ipari enzimeknek, ennek ellenére galaktozidáz termelésük, a termelt enzimfehérjék és a kódoló gének molekuláris és funkcionális jellemzői kevésbé vizsgált területek.

A β -galaktozidáz (laktáz) egy szacharid bontó enzim, a β -galaktozidokban a glikozidos kötések hidrolízisét katalizálja. Laktózbontó képessége okán előszeretettel alkalmazzák az élelmiszeriparban tejtermékek laktóz tartalmának csökkentésére, valamint a sajtgyártás során melléktermékként keletkező tejsavó kezelésére. A laktózzérkenység ma már népbetegség, így a tej-alapú élelmiszerek laktóz tartalmának csökkentése, ezzel együtt új típusú β -galaktozidázok termelésének és fejlesztésének kidolgozása egyre nagyobb jelentőségű napjainkban. A mikroorganizmusok jelentős forrásai a β -galaktozidáz enzimeknek. Az ilyen típusú enzimek mikrobiális előállítása költséghatékony, többek között a jól optimalizálható fermentációs körülmények, az olcsó növekedési szubsztrát, és a nagyléptékű tenyésztethetőség miatt. A mikrobiális előállítás így nagy enzimhozamot biztosít, illetve a termofil fajokból származó enzimek nagyobb hőstabilitással is rendelkezhetnek. Előzetes munkákban számos β -galaktozidáz termelő Mucoromycota törzset azonosított, és tesztelt fermentációkban csoportunk. Jelen kutatásban egy jó termelőként leírt termofil Rhizomucor pusillus törzs β -galaktozidáz kódoló génjeinek feltárását, jellemzését, majd a kódolt enzimfehérje heterológ termeltetését és tisztítását tűztük ki célul. Vizsgálni kívántuk a tisztított enzimaktivitás biokémiai tulajdonságait is.

Adatbázisban elérhető R. pusillus genom elemzése során három feltételezett β -galaktozidáz kódoló gént azonosítottunk. Izoláltuk a gének kódoló cDNS szakaszait, melyeket Komagataella phaffii élesztőben való heterológ kifejeztetéshez alkalmas vektorba klónoztunk. Sikeres termeltetést követően affinitás kromatográfia technikával izoláltunk enzimfehérjét. A tisztított β -galaktozidáz aktivitás működésének optimumát 60 °C hőmérséklet körül és pH 5,8-7,0 tartományon azonosítottuk.

KOVÁCS KAMILLA*kambikov@gmail.com*

Biológus

MSc, 4. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Feigl Gábor**egyetemi adjunktus, SZTE TTIK*

Szilícium-dioxid nanopartikulum-előkezelés hatása a későbbi CuO nanopartikulum-indukált stresszválaszra egyszikűekben

Kulcsszavak: egyszikűek; Si nanopartikulum mag előkezelés; CuO nanopartikulum stressz; nitro-oxidatív homeosztázis

A mezőgazdasági növényeket érintő abiotikus környezeti stresszorok, mint a só, hőmérséklet, szárazság vagy nehézfémzennyezés mellett az ipar fejlődésével a nanoanyagok okozta stressz is kihívások elé állíthatja a növénytermesztést. Ilyenkor a növények nem érik el hozamuk maximumát, csökkent növekedést és biomassza mennyiséget mutatnak, ezért a növények stressz alatti fejlődését támogató, a termés hozamot növelő eljárások tanulmányozása kiemelkedően fontos a társadalom számára. A különböző nanoanyagok változatos tulajdonságainak köszönhetően széleskörű hatást képesek gyakorolni a növények növekedésére. A nagyobb mennyiségben a rhizoszférába kerülő réz-oxid nanopartikulumok (CuO NP) gátolhatják a gyökérnövekedést, míg a nem esszenciális szilícium, illetve szilícium alapú nanoanyagok számos tanulmány szerint képesek enyhíteni a különböző abiotikus stresszorok, így a nehézfémstressz hatásait is. A CuO NP egyszikű növényekre gyakorolt hatásának korábbi vizsgálata során kiderült, hogy az eltérő toleranciát mutató növényfajok gyökérnövekedésgátlásának hátterében eltérően változik a reaktív jelmolekulák egyensúlya. A dolgozatomban a CuO nanopartikulum-indukált stressz lehetséges enyhítését vizsgáltuk szilícium-dioxid (SiO₂ NP) nanopartikulummal előkezelt magokból fejlődő egyszikű csíranövényekben (cirok, búza, rozs és tritikálé), különös tekintettel a gyökérnövekedésre és a hátterében húzódó nitro-oxidatív stresszválaszokra. A munka során *in vitro* szemihidropónikus rendszert alkalmaztunk annak érdekében, hogy kizárólag a nanoanyagok hatását tudjuk vizsgálni a növények csírázására és korai gyökérfejlődésre, majd detektáltuk a reaktív jelátviteli molekulák egyensúlyában és a nitro-oxidatív stressz eredményeként kialakuló fehérje tirozin nitrációban bekövetkező változásokat. Az eredmények alapján megállapítható, hogy a magok SiO₂ NP előkezelése képes volt enyhíteni a CuO NP-indukált gyökérnövekedésgátlást cirok, rozs és búza esetén, miközben további negatív kihatása volt a tritikálé gyökérfejlődésére. A növekedési válaszok hátterében növényfajtól és alkalmazott SiO₂ NP-koncentrációtól függő változásokat detektáltunk a reaktív jelmolekulák gyökércsúcsi mennyiségében, valamint változások történtek a fehérje tirozin nitráció mértékében és megoszlásában egyaránt. Összességében elmondható, hogy a nanopartikulumok okozta stressz enyhítése más nanoanyagokkal lehetséges, aminek hátterében komplex változások állnak a reaktív jelmolekulák homeosztázisában.

KOVÁCS KLÁRA TERÉZIA

klara.terezia13@gmail.com

Biológia

BSc, 5. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Poór Péter**egyetemi docens, SZTE TTIK**Dr. Czékus Zsolt**tudományos munkatárs, SZTE TTIK*

Az alfa-pinén és az etilén kölcsönhatásának vizsgálata paradicsom növények védekezése során*Kulcsszavak: α -pinén, etilén, patogének, reaktív oxigénformák, VOC*

A kulcsfontosságú VOC-ek közül az α -pinénről bizonyították, hogy szabályozza (SA) által indukált növényi védekezési válaszok kialakulását. Mivel a SA a növényi stresszhormonok hálózatába ágyazottan fejti ki hatását, megvizsgáltuk, az etilénnel (ET) kölcsönhat-e az α -pinén? Továbbá, hogy a különböző hosszúságú α -pinén előkezelés hogyan hat a vad-típusú (*Solanum lycopersicum* L. Ailsa Craig) és az ET-receptor mutáns (Never ripe, Nr) paradicsomnövényekben, és ez az előkezelés hogyan befolyásolja a *Botrytis cinerea* és *Pseudomonas syringae* fertőzés kimenetelét a két genotípusban? Méréseink során 24-48-72 óráig kezeltük az intakt paradicsom növényeket az α -pinénnel, melynek hatására már 24 órára szignifikáns H_2O_2 szint növekedést kaptunk. A reaktív oxigénformák közül a szuperoxid-produkció szintén fokozódott a 72 órás α -pinén kezelés hatására. A szuperoxid-dizmutáz aktivitása megemelkedett az Nr levelekben, míg a H_2O_2 -ot elbontó kataláz enzim aktivitása lecsökkent 72 óra elteltével mindkét genotípusban. Míg az aszkorbát-peroxidáz enzimaktivitása nem változott szignifikánsan, addig a gvajakol-peroxidázé fokozatosan nőtt a három nap alatt. Az alkalmazott α -pinén koncentráció nem befolyásolta a levelek életképességét sem az ionkieresztés, sem a malondialdehid mérés alapján. RT-qPCR technikával megvizsgáltuk a védekezésben szerepet játszó főbb védekezési hormonok válaszgénjeinek transzkript szintjeit. Az ET markergén ERF1 expressziója szignifikánsan magasabb szinteket mutatott a kezelés első két napjában, mely azonban nem függött az aktív ET jelátviteltől. Ezzel szemben a SA markergén PR1 expressziós szintje az α -pinén hatására a vad-típusú növények levelében már 24 h elteltével négyszeresére növekedett, míg az Nr növényekben szintje nem változott jelentősen. A jázmonsav markergén DEF1 transzkript szintje szignifikánsan megnőtt mindhárom időpontban, és magasabb volt az Nr, mint a vad-típusú növények leveleiben, utalva az ET szerepére az α -pinén által indukált védekezési folyamatokban. Végül az α -pinén előkezelés *Botrytis cinerea* és *Pseudomonas syringae* fertőzésekre gyakorolt hatását Evan's blue festéssel követtük nyomon, összehasonlítva a nekrotikus léziók területét a vad-típusú és Nr növényekben. Összességében megállapíthatjuk, hogy az α -pinén előkezelés kismértékű oxidatív stresszt okozott a paradicsom növények leveleiben és aktiválta a védekezési hormonok jelátvitelét, mely eltérően alakult az aktív ET jelátvitel hiányában.

KOVÁCS VERONIKA

kovacs.vera13@gmail.com

Biológia

BSc, 4. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Solti Ádám

habil. egyetemi docens, ELTE TTK

A fotoszintetikus apparátus komplex-szerveződésének változásai mangánhiányos körülmények között*Kulcsszavak: Marchantia polymorpha; fotoszintézis; mangán; tilakoid; membránkomplex*

A mangán létfontosságú nyomelem a növények számára, többek között a fotoszintézisben betöltött szerepe miatt. A II. fotokémiai rendszer részeként, a mangántartalmú vízbontó komplex felel a víz oxidálásáért, az oxigéntermelésért és az elektronok biztosításáért az elektrontranszportlánc számára. Kimutatták, hogy Mn hiányában csökken a fotoszintetikus aktivitás, megváltozik a két fotokémiai rendszer aktivitás-megoszlása (előtérbe kerül a ciklikus elektrontranszport) és a tilakoidmembránok szervezettsége. A munkánkban *Marchantia polymorpha* modellen a tilakoidok strukturális változásait vizsgáltuk. Blue Native poliakrilamid gélelektroforézist (PAGE) és második dimenziós Na-dodecilszulfát PAGE-t alkalmazva kimutattuk, hogy a Mn-hiány nem változtatja meg a gélen megjelenő komplex mintázatot és a fotoszisztéma (PS)I/PSII arányt, de növeli a citokróm b6/f komplex mennyiségét, és a nagyobb PSII szuperkomplexek stabilitását. *M. polymorpha*-ban a magasabbrendű növényekétől eltérő PSI szuperkomplexeket is találtunk, amelyek fehérjeösszetételének denaturáló PAGE-sel történő és tömegspektrometrián alapuló analízise alapján arra a következtetésre jutottunk, hogy ezek a szuperkomplexek, eltérően a magasabbrendű növényekétől, a *Chlamydomonas reinhardtii* zöldalgákéhoz hasonló duplasoros antennarendszerrel rendelkezhetnek. Eredményeink hozzájárulhatnak a növények fotoszintézis-optimalizálásban szerepet játszó adaptációs mechanizmusainak megértéséhez. A pályamunkámban leírtak esetében az alábbi munkafolyamatok elvégzésében vettem részt: A tilakoid-komplexek és fehérjék elválasztását a kísérletek körülbelül felében önállóan végeztem. A gélek kvantitatív kiértékelését a gélek egy részében egyedül hajtottam végre. A bioinformatikai analízist illetően a 'blast'-olást, a fehérjék funkcionak felmérését önállóan végeztem. Az eredmények kiértékelése, az ábrakészítés, a statisztika elvégzése témavezetőmmel való megbeszélések alapján történt.

KOZMA FERENC SÁNDOR*kozmafs@gmail.com*

Biológus

MSc, 4. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezető:**Dr. Nagy Nikoletta Andrea
egyetemi adjunktus, DE TTK*

Szezon hatása a génexpresszióra nagyfejű csajkókban (*Lethrus apterus*)*Kulcsszavak: transzkriptom; DGE; dormancia; RNS; ízeltlábúak*

A környezet szezonális változása adaptációra kényszeríti az élőlényeket. Ehhez a különböző csoportok eltérő stratégiákkal alkalmazkodnak. Ide sorolható az utódgondozás megléte, mely során a szülők saját erőforrásait az utódok túlélésének növelésébe fektetik. Egy másik ilyen stratégia a dormancia, amely esetében az egyedek életfolyamataik drasztikus csökkentésével vészelik át a kedvezőtlen körülményeket. Ahogy változik a szezonális hatás, úgy ezek a stratégiák is váltják egymást, ami kiváló lehetőséget teremt háttérfolyamataik komplex vizsgálatára. Ennek jó indikátora lehet az egyedek génexpressziója. Kutatásunk célja volt, hogy vizsgáljuk a szezon hatását a génexpresszióra egy utódgondozó bogárfaj, a nagyfejű csajkó (*Lethrus apterus*) egy természetes populációjában. Ehhez teljes transzkriptom alapú differenciális génexpresszió analízist végeztünk és a génekhez funkcionális annotációt társítottunk. A szezon során szignifikánsan kifejeződő géneket expressziós mintázatuk alapján klasztereztük, mely klaszterekben géndúsulási vizsgálatot végeztünk, hogy feltárjuk az adott géncsoportban felülreprezentált funkciókat. Az elemzéseket az ivar figyelembevételével végeztük. Összesen 4390 szignifikánsan differenciálisan expresszált gént találtunk. Ezek 41 klaszterbe kerültek, majd kiválasztottunk három, magas gén számot és biológiailag releváns mintázatot mutató klasztert, melyeket jelen tanulmányunkban részletesebben is bemutatunk. Eredményeink alapján a szezon hatással van a génexpresszióra. Ezen felül eredményeink sejtetik hímek esetében a protandria, nőstények esetében pedig szaglás alapú táplálék szelekció meglétét. Ezek igazolásához további vizsgálatok szükségesek. Vizsgálatunk eredményei és a dormancia szabályozásával kapcsolatos szakirodalom összhangban voltak, valamint igazolták az eddigi eredmények érvényességét természetes populációkban is. A jövőben érdemes folytatni hasonló vizsgálatokat a faj természetes populációiban, továbbá javasolt lehet a dormancia időszaka alatt több mintavételi időpont kijelölésével fejleszteni a vizsgálatot.

A vizsgálat során az expressziós mintázatok és a metaadatokat tartalmazó adatkeretek adatkezelése, az adatainak elkészítése és a differenciálisan expresszált gének statisztikai kiértékelése, kimutatása volt feladatom. Ez után az ivarok szignifikáns génkészletének összehasonlítását, a géndúsulások vizsgálatát és az adatvizualizációt is én végeztem, melyek után kiértékeltem az eredményeket és megírtam a dolgozatot.

KÖHÁZI-KIS ANNA

kohazikis.anna@gmail.com
molekuláris bionika mérnöki
BSc, 7. félév

Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:

Dr. Tóth Szilvia Zita

tudományos tanácsadó, HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóközpont

Petrova Nia

tudományos munkatárs, HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóközpont

Bio-fotovoltaikus rendszer tervezése és optimalizálása *Parachlorella kessleri* MACC-38 alga törzs alkalmazásával

Kulcsszavak: Biofotovoltaikus rendszerek, Parachlorella kessleri, Fotoszintézis, Fenntartható energiatermelés

A fosszilis energiahordozók kimerülése sürgetővé teszi a fenntartható energiaforrások fejlesztését, illetve az alternatívák keresését. Kutatásunk során egy biofotovoltaikus (BPV) rendszert terveztünk és optimalizáltuk a *Parachlorella kessleri* MACC-38 zöldalga törzs alkalmazásával, amely figyelemreméltó eredményeket mutatott. A BPV rendszer háromelektrodás kialakítása és légmentesen zárt belseje biztosította a stabil, többnapos, steril környezetekben zajló áramtermelést. A kutatás fókuszában elsősorban az elektronmediátor (kálium-ferricianid, FeCN), ami segít az elektronexport kihasználásában, optimális koncentrációjának meghatározása állt. Megállapítottuk, hogy a 7,5 mM FeCN koncentráció mellett érhető el a legnagyobb áramsűrűség ($505 \mu\text{A}/\text{cm}^2$) anélkül, hogy jelentős sejtkárosodást tapasztaltunk volna. Magasabb koncentráción már tapasztalható volt a sejt- és klorofillszámban a sejtkárosodás, ellenben a megtisztított sejtek TAP táptalajon nevelve a sejtosztódás a kontrollhoz hasonló eredményt produkált, ami az MACC-38 alga törzs regenerációs képességét bizonyítja.

Hosszú távú vizsgálataink során igyekeztünk egy természetes körülményt modellezni, amihez állandó megvilágítás helyett 12/12 órás fény-sötét ciklust alkalmaztunk. A fotoautotróf, tehát szerves szénforrástól mentes tápoldatban tartott, algakultúránk maximális áramsűrűsége elérte az $535 \mu\text{A}/\text{cm}^2$ -t, bizonyítva az alga törzs kiemelkedő alkalmazhatóságát BPV rendszerekben.

Az optimalizált BPV rendszer hozzájárulhat a decentralizált energiatermelési megoldások fejlesztéséhez, valamint a fotoszintézis és az exoelektrogenézis folyamatainak alaposabb megértéséhez. Eredményeink alapján a MACC-38 zöldalga a BPV technológia egyik ígéretes alanyának tekinthető, amely új perspektívákat nyit meg a fenntartható bioenergia-termelés területén.

KRIVÁCS ZSÓFIA*krivacs.zsofi@gmail.com*

Biológus

MSc, 1. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. habil. Bátori Zoltán**egyetemi docens, SZTE TTIK**Frei Kata**PhD hallgató, SZTE TTIK*

Természetes és antropogén zavarások mikrorefúgiumokra gyakorolt hatásai: a töbrök talaj-mikrobiótája és növényzete*Kulcsszavak: mikrorefúgium, zavarás, talaj-mikrobióta, növényzet, klímaváltozás*

A töbrök a klímaváltozások során mikrorefúgiumként szolgálnak egyes fajok populációi számára. A refugiális kapacitásukat befolyásoló tényezőkről azonban kevés információ áll rendelkezésünkre. Dolgozatomban a mecseki töbrökben előforduló természetes (lombkorona lécek kialakulása) és antropogén (korábbi fakitermelés) zavarások refugiális kapacitásra gyakorolt hatását elemeztem, a talaj-mikrobióta és a növényzet mintázatainak vizsgálatával. Arra a kérdésre kerestem a választ, hogy az erdő kora és a lombkorona lécek jelenléte hogyan befolyásolja a töbrökben uralkodó abiotikus tényezőket, valamint a talaj-mikrobióta és a növényzet összetételét, illetve milyen különbségek figyelhetők meg a töbrök és a környező plató között a fenti paraméterek tekintetében. Vizsgálatainkat 12 erdős töbrön (északi és déli kitettség, töbrőalj) és a plató 4 helyszínén végeztük. A töbröket 3 típusba soroltuk: idős erdővel borított (> 80 év) töbrök lombkorona léccel, idős erdővel borított (> 80 év) töbrök zárt lombkoronával, fiatalabb erdővel borított (kb. 50 év) töbrök zárt lombkoronával (típusonként 4 ismételéssel). Minden vizsgált lokalitásban megbecsültük a lombkorona borítását és a holtfa mennyiségét, mikroklimát mértünk, cönológiai felvételeket készítettünk, és a talaj-mikrobióta taxonómiai jellemzéséhez és a talajparaméterek meghatározásához talajmintákat vettünk. Az adatelemzés során indikátorfaj-elemzést, többváltozós elemzéseket és lineáris kevert modelleket alkalmaztunk. Eredményeink alapján elmondható, hogy az erdő kora és a lombkorona lécek jelenléte jelentős hatással bír a mikroklima, a talaj, ezeken keresztül pedig a talaj-mikrobióta és a növényzet mintázataira. A különböző típusú töbrök talaj-mikrobiótája szignifikáns különbséget mutatott a platótól, míg az egyes töbrőtípusok között nem volt különbség. Ezzel szemben a növényzet minden összehasonlítás során szignifikáns különbségeket mutatott. Az egymástól elkülönülő közösségek éles környezeti gradiensek mentén helyezkedtek el. A talaj-mikrobióta esetében 9 indikátor nemzetséget, a növények esetében 25 indikátorfajt azonosítottunk a különböző élőhelyeken. Összességében elmondható, hogy a töbröket érő természetes és antropogén zavarások hosszabb távon is befolyásolhatják a töbrök abiotikus tényezőit, ezáltal az egyes taxonok előfordulási mintázatait. Vizsgálatunk hozzájárul a töbrök refugiális kapacitásának jobb megértéséhez, ezzel segítve a megfelelő természetvédelmi döntések meghozatalát és kezelések alkalmazását.

KUCSÁPSZKY NÓRA*nora.kucsapszky@gmail.com*

Molekuláris biológia

MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Prof. Dr. Deli Mária**kutatóprofesszor, HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Biofizikai Intézet, Biológiai
Barrierek Kutatócsoport**Dr. Walter Fruzsina**tudományos főmunkatárs, HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Biofizikai Intézet,
Biológiai Barrierek Kutatócsoport*

**A vér-agy gát változásainak vizsgálata akut hasnyálmirigy-gyulladásos beteg szérumok
tanulmányozásával***Kulcsszavak: akut hasnyálmirigy-gyulladás, vér-agy gát*

Az akut hasnyálmirigy-gyulladás az egyik leggyakoribb sürgős kórházi ellátást igénylő emésztőrendszeri kórkép, azonban a kezelése a mai napig kihívás elé állítja a klinikusokat. A hirtelen kialakuló megbetegedést erős hasüregi fájdalom jellemzi, többszervi diszfunkció mellett. Súlyos pankreatitisz esetén a betegek mintegy 4%-ánál alakul ki tudatzavar, valamint az agyat érintő pankreatikus encefalopátia. Kutatócsoportunk korábban a vér-agy gát áteresztő képességének növekedését mutatta ki a betegség patkány modelljében.

Hipotézisünk szerint a neurológiai rendellenességet mutató betegeknél a tünetek hátterében a vér-agy gát működésének sérülése állhat. Jelenlegi kutatásunk célja feltárni a vér-agy gáton történő változásokat az akut hasnyálmirigy-gyulladás különböző súlyossági fokozataiban szenvedő páciensek vérérszérum mintáinak elemzésével. Ehhez két biológiai marker – a neuron-specifikus enoláz és a gliális eredetű S100- β kalcium-kötő fehérje jelenlétét vizsgáltuk enyhe, közepes és súlyos pankreatitiszes betegek vérérszérumaiban. További célunk volt megvizsgálni, hogy a betegekből származó vérérszérum milyen hatást fejt ki a vér-agy gátat alkotó humán agyi endotélsejtekre tenyésztetes modellben. A vizsgálathoz 20% humán szérummal kezeltük a sejtenyésztetet és a következő funkcionális tesztekkel és mérésekkel elemeztük a hatást: permeabilitás, transzendenteliális elektromos ellenállás, reaktív oxigén gyök és nitrogén-monoxid termelés.

Az akut hasnyálmirigy-gyulladás minden súlyossági csoportjába tartozó beteg vérérsében jelen voltak a vér-agy gát megnyílására utaló biomarkerek. Eredményeink alapján a páciensek szérumaival végzett kezelés számos fontos barrier tulajdonságot befolyásol. Megemeli agyi endotélsejtek áteresztő képességét, valamint a kezelést követően nő a sejtekben a reaktív oxigén gyök és nitrogén-monoxid termelés. A szérumkezelés a sejtek közötti szoros és adherens kapcsolatokat alkotó fehérjék szerkezetére is hatott.

Eredményeink felhívják a figyelmet a betegség súlyos neurológiai mellékhatásaira és ezek mélyrehatóbb tanulmányozásának fontosságára. Adatainkkal hozzájárulhatunk a vér-agy gátat hasnyálmirigy-gyulladás során érintő változások összetettebb megértéséhez és a kórfolyamat részletesebb leírásához, valamint további alapot adhatunk a pankreatikus encefalopátiában szenvedő betegek hatékonyabb kezeléséhez.

KURKÓ ESZTER

kurkoeti5@gmail.com

Biológia

BSc, 5. félév

Babeş-Bolyai Tudományegyetem

Témavezető:

Dr. Ruprecht Eszter
egyetemi docens, RO BBTE

Herbivórok elleni védekezés csíranövény és felnőtt stádiumban fészekvirágzatú legelőgyomok esetében

Kulcsszavak: herbivória, fészekvirágzatúak, csíranövény stádium, felnőtt növény stádium

A növények és herbivórok közötti kapcsolat egy fegyverkezési versenyen alapszik, amelyben a növények újabb és újabb stratégiákat keresnek a herbivórok elkerülésére, a növényevők pedig készen állnak ellenadaptációk kifejlesztésére. Kísérletünk hat célfaja Romániában élő, a fészekvirágzatúak családjába tartozó, rövidéletű legelőgyom, amelyek közül a *Xeranthemum cylindraceum*, *Xeranthemum annuum* és *Centaurea solstitialis* ismerten kémiai úton védekezik, toxikus másodlagos anyagcseretermékek által, a *Carthamus lanatus*, *Centaurea diffusa* és *Centaurea calcitrapa* pedig fizikailag védekezik a növényevők ellen, a levél strukturális tulajdonságai révén. Két kontrollált kísérlet során számszerűsítettük egy generalista növényevő, az éticsiga (*Helix pomatia*), preferenciáját a hat célfaj esetében csíranövény, illetve felnőtt növény stádiumban, kontrollként salátát használva. Eredményeink alapján csíranövény stádiumban a *X. cylindraceum* csigák általi fogyasztása alacsonyabb, a *C. calcitrapa* fogyasztása pedig magasabb volt a salátához viszonyítva. A többi célfaj esetében nem voltak szignifikáns eltérések a salátához viszonyítva. A felnőtt növények levelein a Cafeteria nevű kísérleti protokollt alkalmaztuk, amelynek eredményeképpen a *C. solstitialis* bizonyult a legfogyaszthatóbb fajnak, ezt követte a *C. diffusa* és *C. calcitrapa* szintén magas fogyaszthatósági indexel. A *X. annuum* és *C. lanatus* kevésbé volt fogyasztható, míg a *X. cylindraceum* egyáltalán nem. Eredményeink alapján pedig nem volt összefüggés a csíranövény és felnőtt növény stádium csigák általi fogyaszthatósága között, tehát csíranövény stádiumban valószínűleg még nem érvényesülnek a felnőtt korban jól működő elkerülési mechanizmusok. Következtetesként megállapítható, hogy egyedül a *X. cylindraceum* esetében a kémiai védekezés kiterjed mindkét életszakaszra, valamint felnőtt növény stádiumban, a növényfajok között is ez a legsikeresebb a növényevők elkerülésében.

KURKÓ ESZTER*kurkoeti5@gmail.com*

Biológia

MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Prof. Dr. Pál Csaba**tudományos főmunkatárs, HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóközpont*

A kettős célpontú permeabilizáló antibiotikumok hatékonyak a polimixin B rezisztens baktériumtörzsekkel szemben

Kulcsszavak: multidrog rezisztencia, gram-negatív fertőzések, kettős célpontú permeabilizáló antibiotikumok

Napjainkban a membráncélzó antibiotikumok (polimixinek) képzik a Gram-negatív multidrog rezisztens fertőzések ellen az utolsó védelmi vonalat. Annak ellenére, hogy több membráncélzó antibiotikum áll fejlesztés alatt, a kialakuló rezisztencia a jövőben csökkentheti hatékonyságukat. Jelen tanulmány célja az olyan fejlesztés alatt álló membráncélzó antibiotikumok rezisztencia profiljának, keresztrezisztencia potenciáljának és baktériumölő képességének vizsgálata, amelyek több célponttal is rendelkeznek (kettős célpontú permeabilizáló antibiotikumok). Azt találtuk, hogy a kettős célpontú permeabilizáló antibiotikumok, mint az SCH79797, Tridecaptin M152-P3 és POL7306 nem mutattak keresztrezisztenciát a polimixin B-vel szemben, míg a hagyományos membrán célzó antibiotikumok, mint a kolisztin és SPR-206, keresztrezisztenciára hajlamosak voltak. Fontos megfigyelés továbbá, hogy az SCH79797, Tridecaptin M152-P3 és POL7306 rezisztens vonalak egymásra sem mutattak keresztrezisztenciát. Emellett az SCH79797 kivételesen gyors baktériumölő hatást mutatott. Összefoglalva, a kettős célpontú permeabilizáló antibiotikumok olyan hatékony alternatívát jelenthetnek a jövőben, amelyek képesek leküzdeni a polimixin-rezisztens Gram-negatív kórokozókat.

KÚTI KAMILLA*kuti.milla@gmail.com*

Biológia

MSc, 1. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Czégény Gyula**egyetemi adjunktus, PTE TTK*

B6-vitamin függő válaszok különböző természetes UV tartományoknak kitett *Arabidopsis thaliana* modellnövényekben

Kulcsszavak: antioxidáns; piridoxin; Lúdfű; ultraibolya; ROS

A természetes ultraibolya-sugárzás (UV, 280-400 nm) a napfény mindössze 3%-át teszi ki, ennek ellenére az UV számos növényi fejlődési-, vagy stresszválasz kiemelten fontos szabályozója. Mind UV-érzékeny fotoreceptorokon (kriptokróm, fototropin, UVR8), mind reaktív oxigénszármazékokon (ROS) keresztül képes a stresszre adott válaszokat befolyásolni. UV-sugárzás hatására fokozódik a flavonoidok, a hiroxifahéjsavak, egyes antioxidáns enzimek vagy a PDX proteinek szintézise. Ez utóbbiak felelősek a B₆-vitamin előállításáért. A B₆-vitamin amellet, hogy több száz enzimreakcióban játszik alapvető szerepet, antioxidánsként a stresszre adott válaszreakciókat is támogathatja.

A növénynevelő kamrákban végzett, kiegészítő UV-sugárzást alkalmazó kezelések a legtöbbször a napfénytől különböző karakterisztikájú fényforrásokkal, és a természetestől nagyban eltérő UV: PAR arányokkal történnek. Ilyen körülmények között a B₆-vitamin szintézisében akadályozott lúdfű (*Arabidopsis thaliana*) modellnövényekben a kettes fotokémiai rendszer (PSII) fokozottan károsodott, aminek egyik oka a hidrogén-peroxiddal szembeni hatástalan antioxidáns válasz volt.

A dolgozatomban bemutatott munka során a természetes napfény UV komponenseihez történő alkalmazkodás B₆-vitamin függését vizsgáltuk. Az *A. thaliana* C24 (vad típus) és *rsr4-1* (B₆-mutáns ökotípus) növényeket 2022 őszén vetettük, majd műanyag a szabad ég alatt UV-szűrő fóliákkal takarva neveltük hat hétig (teljes napfényt átengedő, UV-A-kizáró, illetve teljes UV kizáró körülmények). A B₆-vitamin korlátozott elérhetősége a PSII kvantumhatékonyság UV-független csökkenését eredményezte az *rsr4-1* genotípusban. A sikeres alkalmazkodás érdekében ezt a mutáns növények megnövekedett szabályozott nem fotokémiai kioltással kompenzálták. Ezenkívül az UV-B jelenléte genotípustól függetlenül megváltoztatta az energiaeloszlást a szabályozott és a nem szabályozott kioltási útvonalak között. Az UV-expozícióra adott tipikus növényi válaszokkal ellentétben az *rsr4-1* megemelkedett szuperoxid-dizmutáz (SOD) és nem befolyásolt fenolos peroxidáz (POD) aktivitást mutatott, és így kiegyensúlyozatlan celluláris H₂O₂-szinteket tartott fenn. A B₆-mutáció miatt az *rsr4-1* leveleiben kevesebb flavonoidot detektáltunk, ez a koncentráció azonban UV-B sugárzás hatására megemelkedett. Ez arra utal, hogy az *rsr4-1* nem megfelelő POD-válasza UV-B alatt nem az alacsony szubsztrátellátás, hanem a POD-szintézis vagy POD-aktiválás B₆-függősége miatt következhetett be.

KVASZNICZA JÚLIA*julia.kvasznicza2002@gmail.com*

Molekuláris bionika mérnöki BSc

BSc, 7. félév

Pázmány Péter Katolikus Egyetem

Információs Technológiai és Bionikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Garay Tamás Márton**egyetemi docens, PPKE ITK**Németh Afrodité**doktorandusz, PPKE ITK*

Ciklodextrinek onkológiai felhasználhatóságának vizsgálata humán sejteken*Kulcsszavak: Humán tumoros/nem-tumoros sejtvonal, ciklodextrin, extracelluláris vezikula*

A ciklodextrinek (CD) a természetben is előforduló ciklikus oligoszaharidok. A CD-k toroidális szerkezetük lehetővé teszi a lipidek és az apoláris gyógyszer-molekulák kapszulázására. A természetben előforduló gyógyszerhatóanyagok fellendülésével a CD-ket gyógyszeripari alkalmazásokban is használják. Kiemelten az apoláris hatóanyagok oldódásának fokozására. Az extracelluláris vezikulák (EV-k) jelentős hatást gyakorolnak a tumor áttétképződésre és a gyógyszerrezisztencia mechanizmusaira, így a sejtek közötti kommunikáció létfontosságú alkotóelemét képezik.

A CD-k képesek kölcsönhatásba lépni a membránlipidekkel, potenciálisan befolyásolhatják az EV-k transzportját is, így közvetetten módosíthatják a tumorsejtek közötti intercelluláris kommunikációt. Ennek következtében szerepet játszhatnak a tumorok fejlődésének, növekedésének és disszeminációjának különböző fázisaiban. Ezzel összhangban kutatásom célja a ciklodextrinek hatásainak vizsgálata az EV-k felszabadulására és dokkolására humán tumor- és nem tumoros sejtekben *in vitro* körülmények között. Megfigyeléseinket négy melanoma sejtvonalon végeztük. Továbbá kutatásainkat két nem tumoros sejtvonalra is kiterjeztettük a CD-kezelés átfogóbb tanulmányozásának érdekében.

A CD kezelés szenzitivitását SRB assay-vel határoztuk meg. Az általunk vizsgált CD-k jellemzően jól tolerálhatónak bizonyultak a vizsgált sejtvonalakon (HaCaT, HEK293, WM983A, WM983B és A2058). Az EV karakterizálás során összfehérje mennyiséget, összlipid mennyiséget, medián részecske méretet és részecske mennyiséget vizsgáltunk. A CD-kezelések nem befolyásolták jelentősen az EV-k méretét és mennyiségét, de az EV frakció fehérjetartalma CD-enként eltérően változott, míg a CD kezelt EV-k lipid-részecske méretaránya a kontrollhoz képest csökkent. Tömegspektrometriával vizsgáltuk a CD-k eloszlását a WM983A és WM983B sejtvonalak által termelt EV-kben. A molekulák jelenléte hasonló eloszlást mutatott a sejtvonalakban, de eltérő mintázatot adott a különböző ciklodextrinek (DIMEB95, RAMEB és α CD) esetében. Videomikroszkópos kísérlettel elemeztük a tumoros környezetből származó, kezeletlen és CD (RAMEB és CRYSMEB) jelenlétében termelt EV-k migrációra gyakorolt hatását Mel Pt4 és HaCaT sejtvonalakon. Az EV-k nem befolyásolták a sejtek életképességét, és csak csekély hatással voltak a migrációra. Összességében eredményeink arra engednek következtetni, hogy a CD-k jótékony szerepet játszhatnak az EV-közvetített sejtközi kommunikációt célzó onkológiai terápiákban.

LÁNG LEVENTE*llevente05@gmail.com*

Biotechnológia

BSc, 3. félév

Pécsi Tudományegyetem

Gyógyszerésztudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Kemenesi Gábor**egyetemi docens, PTE TTK**Dr. Lanszki Zsófia**egyetemi adjunktus, PTE TTK*

A filovírusok molekuláris evolúciójának vizsgálata a Lloviu vírus új szekvencia adatainak fényében

Kulcsszavak: Cuevavirus lloviuense, Filoviridae, molecular evolution, phylogenetic analysis, sequencing

Cuevavirus lloviuense (LLOV) is a member of the Filoviridae family, which was discovered in 2002 in Spain during a bat die-off event. Since the first detection the presence of the virus had been confirmed in many other European countries including Hungary in 2016 at a similar bat die-off event. Its host animal is the Schreiber's long-fingered bat present with a wide distribution range over Central and Southern Europe. The virus might have spillover potential based on its ability to infect human cell lines; however, its pathogenicity spectrum is unknown yet. Phylogenetic analyses and different mutation patterns were examined to obtain a better understanding of the virus's evolution. Phylogenetic trees established during the work strengthens the hypothesis of the virus's enzootic property. Moreover, by studying the genetic structure of the virus carried by the bats also gives us information about its host mammals, their movement in the area, being the only viable reason for the sequences of the viral genomes to be so similar even though collected from different sampling locations. LLOV's evolutionary relationship with other filoviruses was examined also in details. Comparison between the well-known filoviruses like Marburg and Ebola's and LLOV's evolutionary pattern was found to be slightly different. The reason behind this is the smaller sampling interval of LLOV compared to Marburg and Ebola which had been sampled and studied for several decades more than LLOV. A similarity plot analysis was carried out which compares the same nucleotide positions in the compared genomes and visualizes which region of the virus's genome accumulates the most mutations. For these examinations to be carried out we had to prepare the samples which at the end by means of the consensus sequence is not only useful for our work on evolutionary studies but also serves as great data for other areas of virology such like synthetic virology.

My own contributions to the research were helping in sample collection, processing of 376 samples, including the nucleic acid extraction and qRT-PCR reaction. I also took part in the library preparation and NGS sequencing process and the subsequent bioinformatic processing of the raw data. This was then followed by the different phylogenetic and mutation pattern analysis, which I also took part in.

LARIONOV TÜNDE AIDA

vaszitunde2002@gmail.com

Biológia

BSc, 5. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Kubinyi Enikő**egyetemi tanár, ELTE TTK**Dr. Faragó Tamás**tudományos főmunkatárs, ELTE TTK*

Kutyavonyítással asszociálható gének feltárása

Kulcsszavak: domesztikációs szindróma, házasítás, vokalizáció, egy pontos nukleotid polimorfizmus

A domesztikáció jelentős változásokat eredményezett a fajok morfológiájában, fiziológiájában és viselkedésében. Ezek, az összefoglaló néven domesztikációs szindrómának nevezett változások a vokális viselkedésre is hatással voltak. Például a házasított japáni sirálykapintyeknél megfigyelték, hogy az énekük változatosabb lett a vadon élő rokonaikhoz képest. A kutyafélék ősi hangadása a vonyítás, viszont a kutya esetében fokozottabb varianciát mutat, mint a farkasokban. Korábbi eredmények arra utalnak, hogy a közös őstől való filogenetikai távolsággal degradálódik ez a viselkedés az egyes kutyafajták közt, viszont ennek a mechanizmusáról még keveset tudunk. Teljes genom asszociáció vizsgálatok (GWAS) több genomi régióban találtak a vonyítással társítható egy pontos nukleotid polimorfizmusokat (SNP). A keletkezett mutációk a vonyítás eltűnését eredményezhetik, ezért feltételezzük, hogy a vad kutyafélék és a vonyításra hajlamos kutyák allélfrekvenciája eltér az erre a hangadásra nem hajlamos kutyákétól.

Munkám során - a korábban említett GWAS vizsgálatra alapozva - 10 vonyításra és 10, erre nem hajlamos kutya, 12 farkas és 3 sakál DNS-ét izoláltam, majd a releváns lókuszek közül négyet Sanger szekvenálással vizsgáltam, hogy validáljam az SNP-k jelenlétét. Mivel az egyik, a kutyában vonyítással társított régió az emberben is kapcsolatba hozható a beszédfejlődéssel, így a vokális repertoár változásainak mechanizmusait megértve közelebb kerülhetünk az emberi beszéd evolúciójának feltárásához.

A kutatásom során 100 mintát küldtem el Sanger szekvenálásra, amelyeket PCR (Polimeráz láncreakció) segítségével ampifikáltam fel. Eleinte 20 egyedet 4 lókuszt vizsgáltam, de az EML1 és SERINC2 illetően nem találtam polimorfizmust sem kutyák, sem farkasok esetében. Növelve a mintaszámot 15 másik egyedet vizsgáltam meg arany sakálakat is bevonva az ORAOV1 és SLC38A11 lókuszt. Az ORAOV1-nél az „AA” allélfrekvencia a vad kutyafélékre mutatkozott gyakoribb, míg a „GG” a kutyákra. A jelölt annotáció (G>A) három egyedben mutatta a báziscserét, vonyításra nem hajlamos kutyáknál és farkasoknál volt megtalálható. A farkasoknál megfigyelhető volt delécio is, amely gélképen is jellegzetesen megfigyelhető. Az SLC38A11 lókuszon a „CC” allélfrekvencia ritkának bizonyult mind kutyákban, mind vad kutyafélékben.

LÁSZLÓ SZILVIA

laszloszilvia@uni.sapientia.ro

Génsebészet

BSc, 8. félév

Sapientia Erdélyi Magyar Tudományegyetem

Csíkszeredai Kar

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

SARS-CoV-2 indukált sejthalál vizsgálata felső légutak hámsejtjeiben

Kulcsszavak: SARS-CoV-2, PANoptózis, PANoptoszóma

2019. decemberében megjelent SARS-CoV-2 koronavírus felelős a súlyos akut légzőszervi szindróma betegségért, amely egy világszintű járványt okozott. A legtöbb kóros folyamat, valamint a normális szövetek szabályozásának lényeges részében is a sejthalál játszik szerepet. A SARS-CoV-2 fertőzés következtében jellemző a PANoptózis, egy újonnan leírt, gyulladásos programozott sejthalál aktivációja, amelyet a PANoptoszóma irányít. A PANoptoszóma képes párhuzamosan működtetni az apoptózist, nekroptózist és a piroptózist, amelyek három, eddig autonómnak tekintett útvonal volt.

Kutatásunk célja SARS-CoV-2 vírussal fertőzött páciensek transzkriptomjának profilemzése, a PANoptoszómát képező gének aktivitásának tekintetében. Ezen célkitűzésnek megfelelően a vizsgálandó minták előkészítését, feldolgozását, a qPCR reakciók optimalizálását, kivitelezését, a különböző mellékbetegségek, főbb laboratóriumi paraméterek elemzését, kiértékelését és az adatok statisztikai feldolgozását témavezetőim segítségével, önállóan végeztem. Vizsgáltuk a RIPK3 és MLKL (nekroptotikus fehérjék), a CASP3 (apoptotikus fehérje) génexpressziós mintázatát RT-qPCR-el a SARS-CoV-2 vírussal történt fertőzést követően felső légutak hámsejtjeiben. Kutatásunk során vizsgáltuk a mintákhoz tartozó személyek életkorát, nemét, elhalálozási arányát, társbetegségeit, illetve a főbb laboratóriumi paraméterek (CRP, kreatinin, urea, limfociták) változását.

Kutatásunk során kapott eredményeink alapján arra a következtetésre jutottunk, hogy az általunk feldolgozott mintákhoz tartozó SARS-CoV-2 vírussal fertőzött betegek (súlyos kimenetelű, aneszteziológia és intenzív terápiás osztályon fekvő betegek) nagyobb arányban haláloztak el, mint a SARS-CoV-2 vírust tekintve negatívak. Pozitív betegeknél a CRP, a kreatinin és az urea esetében mennyiségi növekedést figyeltünk meg a mintavételek között, míg a limfociták esetében nagyobb mértékű csökkenés volt a jellemző. A nekroptoszóma génjeinek expresszióját tekintve, a legmagasabb expressziót az MLKL esetében, míg a legalacsonyabbat a RIPK-3 esetében figyeltünk meg.

LEPÁR DÁVID*lepar.david99@gmail.com*

Biológia-kémia osztatlan tanári

Osztatlan, 10. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

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

A tesztisz-specifikus proteaszóma genetikai és molekuláris jellemzése *Drosophila melanogaster*ben*Kulcsszavak: proteaszóma; spermatogenezis; Drosophila; tesztisz; sejtmag*

Ismert, hogy a spermatogenezis késői stádiumaiban az irányított fehérjelebontás kulcsfontosságú az érett spermiumok létrejöttéhez. A tesztisz-specifikus proteaszóma összetétele, lokalizációja és az általa lebontott szubsztrátok viszont pontosan nem ismertek.

Célunk a tesztisz-specifikus proteaszómális fehérjelebontás jobb megértése a genetikailag jól jellemzett *Drosophila melanogaster* modellrendszer használatával.

A proteaszóma központi részében a katalitikus $\beta 5$ alegységnek két tesztisz-specifikus paralógja van, a $\beta 5R1$ és $\beta 5R2$, melyek feladata, lokalizációja nem volt ismert. Kísérleteink során a CRISPR technológiát felhasználva a *Pros $\beta 5R2$* gén kódoló régiójában deléciót indukáltunk és a létrehozott deléciós vonalat molekulárisan jellemeztük. A homozigóta *Pros $\beta 5R2^{\Delta 25}$* null mutánsok bár életképesek, de sterilnek, míg a homozigóta *Pros $\beta 5R1^{\Delta 26}$* mutánsok életképesnek és fertilisnek bizonyultak. A homozigóta *Pros $\beta 5R1^{\Delta 26}$* , *Pros $\beta 5R2^{\Delta 25}$* kettős mutánsok fenotípusa megegyezett a *Pros $\beta 5R2^{\Delta 25}$* mutánsával, így megállapítottuk, hogy a *Pros $\beta 5R1$* redundáns funkciót tölt be a spermatogenezisben. Megvizsgáltuk a homozigóta *Pros $\beta 5R2^{\Delta 25}$* mutáns tesztiszek részletes morfológiáját, az egyes fejlődési stádiumokat, illetve a sejtoranellumokat immunhisztokémiai módszerekkel. A spermatidák egyedivé válását szabályozó individualizációs komplex fő alkotórészének az aktin kúpoknak a kialakulása és vándorlása hibát szenved a *Pros $\beta 5R2^{\Delta 25}$* mutáns tesztiszekben. Megállapítottuk, hogy a *Pros $\beta 5R2^{\Delta 25}$* mutánsban a sejtmagok megnyúlása hibás, a lekerekedett magok sokszor jellegzetes kör morfológiát mutatnak. A Protamin-GFP riporter transzgént használva a hiszton-protamin átmenet megtörténtét detektáltuk a poszt-meiotikus sejtmagokban, így megállapítottuk, hogy a *Pros $\beta 5R2$* gén terméke ehhez a folyamathoz nem esszenciális. *Pros $\beta 5R2$ -GFP* riportergén segítségével megállapítottuk, hogy a *Pros $\beta 5R2$* csak a poszt-meiotikus stádiumokban fejeződik ki, ahol a sejtmagban és az individualizációs komplexek körül mutat felhalmozódást. Munkám során a proteaszóma regulátor alegységének *Rpn12R* tagját is jellemeztük, amelynek mutánsa szintén hímsteril, érett spermiumokat nem tartalmaz a mutánsok szeminális vezikuluma. Bár a sejtmagok megnyúlása normálisan megtörténik, a spermatidák egyedivé válása az *Rpn12R* mutánsban is hibás.

Megállapítottuk, hogy a tesztisz-specifikus proteaszómák katalitikus és regulátor alegységei egyaránt szükségesek a fertilitáshoz, a poszt-meiotikus magmegnyúláshoz és a spermatidák egyedivé válásához.

LESTYÁN BOLDIZSÁR BOTOND*lestyanboldi@gmail.com*

Biológus

MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Kelemen András**egyetemi adjunktus, SZTE TTIK**Dr. Mizsei Edvárd**tudományos segédmunkatárs, DE ETK*

Kétéltű szaporodóhelyek biztosítása vizes élőhely-rekonstrukciókkal

Kulcsszavak: élőhelyfoglaltság; Kiskunság; csatorna; palackcsapda; kotrás

A kétéltűek napjainkban a legveszélyeztetettebb gerinces osztály, fajaik több, mint harmadát a kihalás fenyegeti. Visszaszorulásukért számos tényező felel melyek közül a legfontosabbak a klímaváltozás és az élőhelyvesztés. A Kiskunságban jelenleg ennek legfőbb oka a megfelelő vizes élőhelyek eltűnése, korai kiszáradása. 2021-ben és 2022-ben a Rákosi Vipera Védelmi Program keretén belül (LIFE18 NAT/HU/000799) a Felső-kiskunsági Turjánvidéken 23 lápmedence lett kialakítva, mely beavatkozásoknak fő célja a lápi élőhelyek kiterjedésének növelése volt, ezzel együtt pedig a helyi kétéltű populációk helyzetének javítása. A lápi életközösség regenerációjának elősegítése érdekében a kikotort medrek egy részében növénytelepítés, szénaterítés, illetve iszapáthordás történt más, egészséges vizes élőhelyekről. 2024 tavaszán ezen láptó- rekonstrukciókban, emellett csatornában és természetes turjánfoltokban gyűjtöttünk előfordulási adatokat a kétéltűek jelenlétéről hálózással, palackcsapdázással, illetve vizuális és akusztikus kereséssel. A kétéltűek élőhely-foglaltságát az egyes víztestekben, valamint a vízinnövényzet borításának és fajgazdagságának és a vízmélységnek, illetve a kezelési módszereknek hatását az élőhely-foglaltságra multispecies occupancy modellekkel becsültük. A terület egyéb vizes élőhelyeivel összevetve elmondható, hogy a becsült élőhelyfoglaltság majdnem minden faj esetében nagyobb volt a rekonstrukciókban, mint a természetes típusban és a fajok többségénél nagyobb volt, mint a csatornában. A nagyobb vízmélység szinte minden faj esetében pozitív hatással volt az élőhely-foglaltságra. A legtöbb faj, így a közösségi jelentőségű vöröshasú unka (*Bombina orientalis*) élőhely-foglaltsága is nagyobb volt azokban a rekonstrukciókban, ahol történt szénaterítés. Az iszapáthordás minden faj élőhely-foglaltságára nézve pozitív hatással volt. A vízfelszín alatti növényborítás szintén pozitívan hatott a vöröshasú unka élőhelyfoglaltságára. A növényi fajgazdagság mind a vöröshasú unka, mind a dunai tarajosgőte (*Triturus cristatus*) esetében pozitív hatást mutatott. Eredményeink alapján a vizes élőhely rekonstrukciók fontos szaporodóhelyei a kétéltűeknek a területen.

LI LUCA KAMILLA*lilucakamilla17@gmail.com*

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Czimer Dávid**PhD-hallgató, ELTE TTK**Dr. Varga Máté**egyetemi docens, ELTE TTK*

Humanizált ABCC6 mutáns zebrahalvonal létrehozása a pseudoxanthoma elasticum betegség modellezésére

Kulcsszavak: pseudoxanthoma elasticum (PXE); ABCC6; humanizálás; transzgenikus platform; betegségmodellezés

A pseudoxanthoma elasticum (PXE) egy ritka, monogenikus betegség, melynek hátterében az ABCC6 gén biallélikus mutációi állnak. Az ABCC6 egy sejtmembrán transzporter fehérjét kódol, melynek fő funkciója az ATP sejten kívüli térbe való szállítása. Ez elengedhetetlen a megfelelő foszfát anyagszempontjából, és a fehérje funkcióvesztése következtében a vérben felborul az inorganikus foszfát-pirofoszfát arány, mely az eredetileg nem-meszesedő szövetekben hidroxipatit kristályok lerakódását okozza. A betegségre jellemző az elasztikus rostokat tartalmazó szövetek elmeszesedése, amely főként dermatológiai, szemészeti, kardiovaszkuláris területeket érintő elváltozásokhoz vezet. Az ABCC6 gén egyes mutációi egy másik, súlyosabb elmeszesedéssel járó betegség, a kettes típusú újszülöttkori generalizált artériás kalcifikáció (GACI) kialakulásában is szerepet játszhatnak. Az ABCC6 funkcióvesztése tehát egy spektrumbetegség, melynek két végpontja a PXE és a GACI. Laborunkban a betegség modellezésére zebraadániót (*Danio rerio*) használunk. Az *abcc6a* mutáns állatok jól felismerhető meszesedési fenotípust mutatnak már az egyedfejlődés korai szakaszában is. A TDK keretében végzett munkám célja egy olyan humanizált transzgenikus platform létrehozása, melynek segítségével a patogén ABCC6 variánsok szekvenciáját a halgenomba illeszthetjük és így vizsgálhatjuk az egyes polimorfizmusok hatását. Az eddigi eredmények alapján létrehoztunk egy olyan PhiC31 rekombináció-alapú *in vivo* rendszert, melyben a zebraadánió *abcc6a* funkcionális ortológ szekvenciáját részlegesen helyettesítettük a humán vad típusú ABCC6 szekvenciával. A transzgén által kódolt fehérje funkcionális kiértékelése, illetve a platform működésének validálása még jelenleg folyamatban van. A rendszer várhatóan a későbbiekben lehetőséget nyújthat különböző gyógyszer hatóanyagok célzott, költséghatékony tesztelésére.

LUGOSI CSENGE ANNA*lugosipolly@gmail.com*

Biológia

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Pongrácz Péter**habil. egyetemi docens, ELTE TTK*

Dependens Együtműködők: A megoldhatatlan feladat esete a munkakutya fajtákkal*Kulcsszavak: ember; kutya; funkcionális fajtaszelekció; visszanezés; dependencia*

A kutyák embertől való függőségét jól mutatja, hogy hányszor néznek vissza a gazdára, amikor egy nehéz feladattal szembesülnek. Korábban kevés ismeretanyag állt rendelkezésünkre arról, hogy kutya-ös tulajdonságai, a háziasítás vagy a funkcionális fajtaszelekció milyen mértékben felelősek a kutyák közötti viselkedésbeli különbségekért ilyen helyzetben. Jelenlegi kutatásunk során azt vizsgáltuk, hogy az emberrel együttműködő, illetve önálló munkavégzésre szelektált fajták eltérő mértékben támaszkodnak-e az emberre. Összesen 71 kutyát teszteltünk 18 együttműködő és 18 független fajtából. Az alanyok egy ötpróbas bemelegítési fázisban megtanulták, hogy egyszerű mancs-, vagy orrérítéssel könnyen megszerezhetik a jutalmat egy átlátszó műanyagdobozból. A hatodik próba során azonban a dobozt lezártuk, így a feladat megoldhatatlanná vált. A bemelegítési fázisban nem találtunk különbséget a két fajtacsoport viselkedéselei között, a megoldhatatlan próbában viszont az együttműködő fajták szignifikánsan többször néztek vissza az emberre, és több tekintetváltást is mutattak a független fajtákhoz képest. A kutyák kitartásával, motivációjával kapcsolatos viselkedések, mint a feladatfókusz vagy a dobozzal való interakciók, nem tértek el a fajtacsoportok között. Ezek az első eredmények, amelyek azt sugallják, hogy a munkakutyák emberfüggő viselkedését egy általános problémamegoldó helyzetben is befolyásolhatja a különböző szintű kooperativitásra irányuló szelekció.

LÜVI ADÉL

luvi.adel@gmail.com

Biológia

BSc, 6. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Wilhelm Imola

tudományos főmunkatárs, HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóközpont

Az asztrociták által aktivált NLRP3 inflammaszóma fokozza a metasztatikus sejtek szaporodását az agyban

Kulcsszavak: agyi metasztázis; IL-1 β ; gyulladásos mikrokörnyezet; NLRP3 inflammaszóma; peritumorális asztrociták

Az agyi daganatok jelentős része nem primer tumor, hanem áttétes daganat, melyek közül az emlőkarcinóma eredetű az egyik leggyakrabban előforduló típus. A vér-agy gát miatt a kemoterapiás gyógyszerek bejuttatása az agyba jelentősen korlátozott, emiatt a betegség rendkívül rossz prognózissal jár. Az agyba bejutott tumorsejtek környezetében lezajló gyulladásos folyamatok tovább súlyosbítják a betegség lefolyását, megkönnyítve a metasztázisok növekedését, kifejlődését. Ezekért a gyulladásos folyamatokért többek között az egyik legpotensebb citokin, az IL-1 β tehető felelőssé, mely első sorban inflammaszóma függő módon termelődik. Az inflammaszómák olyan, több fehérjéből álló platformok, amelyek gyulladásos kaszpázokat aktiválva segítik elő az IL-1 β érését.

Kísérleteink során *in vivo* agyi metasztázis modellt alkalmaztunk. Az NLRP3 és IL-1 β gyulladásos faktorokat immunfluoreszcens festéssel detektáltuk az egerek agyában. Western blot technikával azt is meghatároztuk, hogy a rágsálókba injektált tumorsejtek hatására aktiválódik-e az IL-1 β . Annak kiderítésére, hogy milyen hatással van ez a folyamat az áttétes tumorsejtekre, egy specifikus NLRP3 inflammaszóma inhibitor, MCC950-et alkalmaztunk. A kísérleti állatokat a tumorsejtek érből való kilépésének időpontjában kezeltük az inflammaszóma gátlószerrel.

Megfigyeltük, hogy a metasztatikus léziók környezetében keletkező és aktiválódó gyulladásos citokinek az asztrocitákba lokalizálódnak. Kimutattuk, hogy az MCC950 inflammaszóma inhibitor kezelés hatására csökkent az asztrocitákban az inflammaszóma komponensek mennyisége, és kevesebb IL-1 β szabadult fel. Ráadásul a tumorsejtekkel injektált kísérleti állatok agyában szignifikánsan kevesebb és kisebb daganat fejlődött.

Kutatási eredményeink igazolják, hogy a peritumorális asztrocitákban aktiválódó inflammaszómák részt vesznek a metasztatikus niche megteremtésében és segítik a tumor növekedését az agyban. Eredményeink felvetik a lehetőségét annak, hogy az inflammaszómák hatásos terápiás célpontok lehetnek agyi áttétes daganatokban.

MAGYARY ISTVÁN*magistak@gmail.com*

Biológia

BSc, 6. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Papp Balázs**tudományos főmunkatárs, Szegedi Biológiai Kutatóközpont**Dr. Szappanos Balázs**tudományos munkatárs, Szegedi Biológiai Kutatóközpont*

Az emberi metabolom és betegségek kapcsolatának vizsgálata a UK Biobank adatsor segítségével

Kulcsszavak: biomarker;epidemiológia;betegség-kockázat;metabolomika

Az orvostudomány fontos eszközei a biomarkerek, amelyeket betegségek diagnosztizálására és előrejelzésére használnak. Az emberekben könnyen mérhető biomarker a vérben lévő számos molekula, mint például metabolitok, lipidek, lipoproteinek és fehérjék. A nagy volumenű prospektív epidemiológiai tanulmányok lehetővé teszik a potenciális molekuláris biomarkerek és betegségek kapcsolatának szisztematikus vizsgálatát. Az elmúlt évek során a nagyszabású epidemiológiai tanulmányok és a nagy áteresztőképességű genetikai és omikai technikák hozzáférhetőbbé és megfizethetőbbé váltak, elősegítve nagy biobankok, például a UK Biobank létrehozását, amelyen kutatásunk alapul.

Az epidemiológiai kutatásokban széles körben elterjedt megközelítés, hogy az egyes betegségek kockázata és a biomarkerek szintje között lineáris kapcsolatot feltételeznek. Azonban a lineáris modellek használata nem helytálló, ha a kapcsolat alakja nem lineáris, például a magas és alacsony biomarker szintek egyaránt károsak.

Számos nem lineáris biomarker – betegség kapcsolat korábban leírásra került, amelyek esetében mind az alacsony mind a magas biomarker szint magasabb betegség incidenciával vagy betegség prevalenciával van összefüggésben. Ilyen esetekben U-alakú összefüggésről beszélhetünk. U-alakú összefüggést mutattak ki például a nem-HDL koleszterin szint és kardiovaszkuláris halálozás között, a triglicerid szint és a diabétesz kockázat között egy krónikus beteg férfi kohortban, valamint a triglicerid-glükóz index és incidens pitvarfibrilláció között.

Ebben a dolgozatban szisztematikusan, 75 metabolit és 30 betegség bevonásával összehasonlítottam a lineáris és nem lineáris modellezési módszereket a biomarker – betegség kapcsolatok leírásában. A biomarker szintekből jövőbeli betegség diagnózist, azaz incidenciát prediktálunk. Eredményeink azt mutatták, hogy az esetek jelentős részében (50.5%) a biomarker szintek és a betegségkockázat közötti összefüggés nem lineáris. Ezen felül 2,49%-ban találtunk U-alakú összefüggést a biomarker-betegség párok között. Eredményeink alapján tehát biomarker – betegség kapcsolat leírásakor olyan modellt érdemes használni, amely képes kezelni a nem lineáris összefüggéseket.

MALOSCHIK EMMA ILONA*maemmail@gmail.com*

Biológia

BSc, 5. félév

Állatorvostudományi Egyetem

*Témavezetők:**Dr. Görföl Tamás**tudományos munkatárs, PTE TTK**Dr. Szabó Krisztián**tudományos munkatárs, ATE*

Új vírusok metagenomikai kimutatása vietnami denevérekől

Kulcsszavak: denevér koronavírusok, hepatitis E vírusok, metagenomika, filogenetika

A denevérek fontos szerepet játszanak a különféle vírussaládok természetes rezervoárjaiként, amelyek közül sok más emlőst, így az embert is megfertőzheti, mely járványok kialakulásához vezethet. A WHO betegség prioritási listáján is több denevér eredetű vírus által okozott megbetegedés található (pl. COVID-19, Nipah, Ebola), de szerepel rajta az „X betegség” is, mely a természetben előforduló, de még nem ismert, potenciálisan humán járványokat okozni képes betegségeket jelöli. Célunk olyan új vírusok felfedezése és genetikai jellemzése volt vietnami denevérmintákból, melyek közelebb vihetnek a virális diverzitás megismeréséhez, esetleg az ellenük való hatékony védekezés kidolgozásához.

A metagenomika módszertára hatékony eszköz az új vírusok felfedezésére, különösen mivel kedvező esetben az Illumina szekvenálásból származó rövid olvasatokból gyakran összeállítható a teljes vírusgenom is. Vizsgálatunkban 2017-ben, Vietnámban gyűjtött denevér guanó mintákból származó szekvenciákat elemeztünk. Denevér példányonként történt a minták szekvenálása, ami lehetővé tette az eredmények egyedekhez kötését. Összesen 55 egyedtől származó mintát vontunk a vizsgálatokba és számos vírussaládból mutattunk ki új vírusokat. A mintákban koronavírusokat, adenovírusokat, circovírusokat, hepatitis B vírust, hepatitis E vírusokat, herpeszvírusokat, picornavírusokat, genomvírusokat és parvovírusokat találtunk.

Két víruscsoportot vizsgáltunk meg alaposabban. Hét alfakoronavírus genomját vagy közel teljes genomját sikerült meghatároznunk, melyek közül az egyik a sertések között járványos hasmenést és pusztulást okozó vírus rokona. Két hepatitis E vírust is találtunk, melyek közül az egyiknek a teljes, a másiknak közel teljes genomját sikerült meghatároznunk. A hepatitis E vírusok évente több mint 20 millió embert fertőznek meg világszerte, több tízezer halálesetért felelősek. Csak kevés denevér eredetű hepevírus ismert, valószínűleg zoonotikus potenciállal bírnak. Eredményeink valószínűsítik, hogy a hepevírusok elterjedtebbek a denevérekben, mint azt eddig gondoltuk és viszonylag fajspecifikusak is lehetnek. Eredményeink hozzájárulnak a koronavírusok és hepevírusok diverzitásának jobb megértéséhez és újabb példái annak, hogy még rengeteg felfedezni való vírus kering a denevérekben.

MÁNDI MIHÁLY GÁBOR*mandi.mihaly21@gmail.com*

Biológus

MSc, 1. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

*Témavezető:**Dr. Vági Balázs**tudományos munkatárs, DE TTK*

VerteBrainData: Több mint 6000 gerinces faj átfogó agyméret-adatbázisa és annak használata*Kulcsszavak: adatbázis; komparatív biológia; gerincesek; agyméret; utódgondozás*

A gerinceseknél az agy mérete igen változatos, és gyakran feltételezik, hogy ez a változatosság összefügg egy rendszertani csoport evolúciós sikerével. Az agy méretének változatosságát számtalan tulajdonsággal hozták összefüggésbe, mint például az energetikai korlátok, a párási rendszerek, a táplálkozás vagy a kognitív képességek. Az átfogó adatbázisokba ritkán konszolidáltak olyan átfogó adatokat, amelyek konzisztens metrikákat használnak, és megkönnyítik a részletes filogenetikai összehasonlító elemzéseket. Itt bemutatjuk a VerteBrainData adatbázist, amely több mint 6500 gerinces faj agyméretét és kapcsolódó méréseit tartalmazza, ami példátlanul nagyszámú, minden fontosabb kládot lefedő gerinces adathalmaz. Az adatbázis számos agyméret-mérőszám, például tömeg, térfogat, hossz, valamint az agyrészek méretére vonatkozó mérési és becslési adatokat tartalmaz összesen 1440 hal, 295 kételtű, 265 hüllő, 2576 madár és 1977 emlős esetében. Elemzéseink megerősítik és kiterjesztik az ismert allometrikus összefüggéseket, és bemutatják, hogyan változik az agyméret a kládokon belül és a kládok között. Ez az adatbázis, amelyet folyamatosan frissíteni fogunk, elősegíti az agyméret evolúciójának összehasonlító vizsgálatát eddig nem látott léptékben. Az adatbázis használatához, példaként egy éppen folyó kutatásunkat szeretnénk bemutatni, amelyben a gerincesek agyméretének és utódgondozásának a kapcsolatát vizsgáljuk, komparatív filogenetikai módszerek segítségével. Eredményeink, azt mutatják, hogy az utódgondozás összetettsége és mértéke összefügg a relatív agyméret növekedésével minden gerinces csoportban.

MARCSÓ SOMA*soma.marcso@gmail.com*

Biológia

BSc, 5. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Oborny Beáta**egyetemi docens, ELTE TTK*

A ramet mortalitás növekedéssegítő hatása klonális növényekben*Kulcsszavak: klonális növény; ramet; genet; mortalitás; sejtautomata modell*

A klonális növényekben a genetikai egyed (genet) több fiziológiai egyedből (rametből) is állhat. A genet növekedését a rametek populációdinamikája írja le. Kutatásunkban a rametek mortalitásának hatását vizsgáltuk a genet túlélési esélyére és méretére (rametszámára). Egy naiv hipotézis szerint azt várhatnánk, hogy mindkét performanciát jellemző változó monoton csökken a növekvő mortalitással. Azonban azt találtuk, hogy a kapcsolat nem monoton: létezik a genet számára egy optimális ramet mortalitás. A természetben megfigyelhető, hogy a rametek mortalitása függ a kortól, ezért a vizsgálatunkban két ramet típust különböztettünk meg: a növekedést biztosító terminális és a növekedésre nem ható internális rameteket. Vizsgálatunkhoz egy sztochasztikus sejtautomata modellt alkalmaztunk. A szimulációs kísérletek rámutattak, hogy a nem monoton kapcsolat magyarázata az, hogy olyan térbeli struktúrák alakulhatnak ki, melyek csökkentik a rekolonizáció esélyét, így önakadályozás lép fel a geneten belül, melyet azonban a halálozás képes részben feloldani. A növekvő internális mortalitás a rametszámra, míg a növekvő terminális mortalitás a túlélésre hatott kedvezően a paraméterter egy részén, azaz mindkét performancia változónak volt maximuma a mortalitások függvényében. Az alacsony internális mortalitás okozta önakadályozást képes volt kompenzálni egy közepes terminális mortalitás. Végül kitértem a klonalitás növénytársulásokban betöltött szerepére, továbbá az evolúciós következményekre is.

MARÓTHY RÓBERT DÁNIEL

marothy.robert@koki.hun-ren.hu

Biológus

MSc, 9. félév

Állatorvostudományi Egyetem

*Témavezetők:**Tóth Máté**tudományos főmunkatárs, HUN-REN Kísérleti Orvostudományi Kutatóintézet**Balla Gyula**tudományos segédmunkatárs, HUN-REN Kísérleti Orvostudományi Kutatóintézet*

Stressz iránti sérülékenység agyi hálózati jellemzőinek feltérképezése poszttraumás stressz zavar modellben

Kulcsszavak: PTSD; félelmi generalizáció; stressz sérülékenység; agyi aktiváció; agyi térképezés

A poszttraumás stressz zavar (PTSD) a traumát átélők 10-20 %-ánál kialakuló pszichiátriai kórkép, melyet tartós félelmi generalizáció jellemez (biztonságos környezetben is markáns szorongásos reakciók). Habár bizonyos agyterületek (PFC, amigdala és hippocampus) térfogati és/vagy aktivitásbeli eltérése ismert PTSD esetén, a specifikus tünetekhez, így a maladaptív félelmi generalizációhoz társuló hálózat szintű elváltozások nem tisztáztak.

Dolgozatomban egy rágcsláló PTSD modellben megjelenő félelmi generalizáció teljes agyi hálózati aktivitásának sejtszintű felbontással történő feltérképezését mutatom be. Modellünkben hím Long-Evans patkányokat tettünk ki kontrollálatlan lábsokknak (trauma), amit 4 héttel később a félelmi válasz mérése követett mind a trauma kontextusában (tanulás mérése), mind biztonságos környezetben (generalizáció mérése). Utóbbi teszt alapján sérülékeny és ellenálló csoportokat azonosítottunk (felső és alsó 25% dermedési válasz arányában), melyeket a félelmi generalizáció időpontjában perfundáltunk és koronális agyi metszetein immunhisztokémiával jelöltük az akut neuronális aktivitás marker c-Fos fehérjét. Automatizált mikroszkópia segítségével láthatóvá tettük és digitalizáltuk a metszeteket, amiket a Waxholm Space Atlas volumetrikus atlaszterébe helyeztünk el a régiók azonosítása céljából. A c-Fos pozitív immunjeleket neurális hálók segítségével szegmentáltuk, binarizáltuk és hozzárendeltük az atlasz régiókhoz, így kvantifikálva az agyi régiók neuronális aktivitását. Eredményeink részben megerősítik a szakirodalom által PTSD-ben kulcsfontosságúnak tartott agyi területek aktivitásbeli eltérését (cinguláris kéreg, hippocampus CA1), másrészt új régiók esetében is találtunk markáns aktivitásbeli különbségeket (például retrosplenialis kéreg, inzularis kéreg). Továbbá kimutattuk, hogy teljes hálózati működés tekintetében is markáns különbségek láthatók az ellenálló és sérülékeny csoportok között, nevezetesen az ellenálló egyedeknél szignifikánsan erősebb funkcionális kapcsoltságot figyeltünk meg modulokon belüli aktivitás-korrelációknál, mint a sérülékeny populációnál. Eredményeink egyrészt új régiók funkcionális szerepére hívhatják fel a figyelmet a félelmi generalizáció mechanizmusát illetően, másrészt szélesebb hálózati eltérésekre is rámutathatnak ezen maladaptív elváltozások mögött.

MAYER ÁDÁM SÁNDOR

mayera18@gmail.com

biológus

MSc, 7. félév

Állatorvostudományi Egyetem

Témavezetők:

Dr. Szűts Tamás

tudományos főmunkatárs, ATE

Dr. Szabó Krisztián

tudományos munkatárs, ATE

Indonéz ugrópók (Araneae: Salticidae) integratív taxonómiája

Kulcsszavak: filogenetika, integratív taxonómia, Omoedus, Új-Guinea, Zenodorus

Földünket 1650 óta földrajzilag felfedezettnek tekintjük, viszont az ismert földrészek élővilágáról még mindig keveset tudunk. Kiemelkedik az ismeretlen fehér foltok közül Új-Guinea, mely földünk második legnagyobb szigete és egyik utolsó érintetlen vadonja. Indonéz oldala elmarad ugrópók taxonómiai kutatások terén Pápua Új-Guineától, így Batanta szigetéről sincs emmilyen adatunk. Dolgozatomban 7 Batanta szigetéről gyűjtött fajt írok le, melyek közül 4 a tudományra új faj (*Cosmophasis batanta* sp. nov., *Cytaea spicupes* sp. nov., *Myrmarachne flangeless* sp. nov., *Zenodorus lucernus* sp. nov.) és 3 faunára új faj (*Coccorchestes rufipes* Thorell, 1881, *Diolenius phrynoides* (Walckenaer, 1837), *Pristobaeus beccarii* (Thorell, 1881)). Mindemellett korábban Új-Guinea területéről gyűjtött múzeumi példányok alapján 2 fajhoz készítettem új leírásokat (*Zenodorus arcipluvii* (Peckham & Peckham, 1901), *Z. durvillei* (Walckenaer, 1837)) és írtam le egy új fajt (*Zenodorus dannielae* sp. nov.).

MILÓ MÁRK*milomark12@gmail.com*

Angol Nyel és Kultúra Tanára,

Természetismeret - Környezettan Osztatlan

Tanár Szak

Osztatlan, 9. félév

Nyíregyházi Egyetem

*Témavezető:**Dr. Habil Fekete István**egyetemi docens, NYE*

Széntartalom változások a különböző korú rekultivált és beerdősített bányameddő területeken*Kulcsszavak: avartermelés, szerves szén, rekultivált területek*

Kutatásunk során azt vizsgáltuk, hogy a Bükkábrányi bányaterület meddő anyagának fásítását követően a fák avartermelése, illetve gyökér anyagai révén a talajba kerülő szerves szén (C) és nitrogén (N) milyen gyorsan épül be a képződő talajokba a különböző korú rekultivált területeken ültetett akácerdők esetében. A vizsgálatok igazolják az erdősítés talaj C és N növelő hatását. A felszíni rétegekben az első 20 évben tapasztaltunk jelentősebb növekedést, az 5-15 cm-es rétegben a 3 évtizedben volt a legjelentősebb, míg a 15-25 cm-es rétegben csak lassú emelkedés tapasztalható.

MOLNÁR SZONJA SZILVIA

molnar.szonja.18b@gmail.com

Biológia

BSc, 5. félév

Állatorvostudományi Egyetem

Témavezetők:

Dr. Mészáros Boglárka

tudományos munkatárs, HUN-REN Balatoni Limnológiai Kutatóintézet

Dr. Szűts Tamás

tudományos főmunkatárs, ATE

Genotoxikus hatások vizsgálata mikronukleusz teszttel városi környezetben élő kockás siklókon (*Natrix tessellata*)

Kulcsszavak: urbanizáció; genetikai károsodás; sejtmagdeformitás; környezetszennyezés; Colubridae

Az emberi populáció rohamos növekedése a városiasodás folyamatának fokozódását, ezen keresztül pedig a természetes élőhelyek nagymértékű átalakulását és degradációját eredményezi. A városi élőhelyekre az emberi tevékenységekből származó, genotoxikus hatású szennyező anyagok magas koncentrációja jellemző, melyek károsíthatják az élő szervezetek genetikai anyagát. A folyamat során kialakuló deformált sejtmagok és mikronukleuszok fontos biomarkerek a genotoxikus anyagok hatásainak kimutatásában és jól alkalmazhatók különböző szennyező anyagok DNS károsító hatásának felmérésére.

Kutatásunk célja az intenzív városiasodással és emberi tevékenységgel jellemezhető Balaton partján előforduló kockás sikló (*Natrix tessellata*) populációkat érő genotoxikus hatás mértékének, illetve az ezt befolyásoló tájhasználati-, lokális- és lineáris struktúrákkal kapcsolatos hatások vizsgálata volt.

Felmérésünk során, 25 mintavételi helyszínen 3-3 egyedtől vettünk vérmintát. A vérmintákból vérkeneteket készítettünk, melyeket metanolos fixálás után Giemsa-oldattal festettük meg. A genotoxikus hatás becsléséhez minden vérkenetben fénymikroszkóp segítségével meghatároztuk az 1000 vörösvérsejtben előforduló normális sejtmagot, deformált sejtmagot és mikronukleuszt tartalmazó sejtek arányát. Végül QGIS segítségével minden mintavételi helyszínen egy 1000 méter hosszú és 200 méter széles pufferzónán belül felmértük a környezetet leíró változókat.

Eredményeink szerint tájhasználati skálán az emergens vízi növényzet borítottságának mérete pozitív összefüggést mutatott mind a deformált sejtmagok, mind a mikronukleuszok számával. Emellett lokális szinten a vegetáció borítottság aránya szintén pozitív összefüggésbe hozható a vérsejtekben található mikronukleuszok számával. Tehát a több és nagyobb kiterjedésű vegetációval borított élőhelyeken a siklók vérében több deformált sejtmagot és mikronukleuszt tartalmazó vörösvérsejtet találtunk.

Feltételezéseink szerint a vízi növényzet képes kiszűrni és felhalmozni a tóba bemosódó szennyező anyagokat, melyek a táplálékláncon keresztül bejutnak a siklók szervezetébe, így a több nádassal borított területen élő siklókban nagyobb mértékben akkumulálódnak a genotoxikus hatású vegyületek.

Összességében elmondható, hogy az emberi tevékenységből eredő, genotoxikus hatású szennyező anyagok a kockás siklók szervezetében felhalmozódnak, melyek így megfelelő bioindikátor fajként szolgálhatnak a természetes élőhelyeket érő genotoxikus szennyeződések jelzésére.

MORAVCSIK ANNA ÁGNES*morav.anna@gmail.com*

Biológia

BSc, 5. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Gácsi Márta**tudományos főmunkatárs, HUN-REN-ELTE Összehasonlító Etológiai Kutatócsoport*

A kutyák a gyerekekéhez hasonló proszociális viselkedést mutatnak, a macskák nem

Kulcsszavak: proszocialitás; összehasonlító vizsgálat;

A proszociális (más javát szolgáló) viselkedést gyakran kizárólag emberi sajátosságnak tekintik, bár ma már tudjuk, hogy kimutatható más fajok esetében is (pl. farkasok, patkányok, hangyák). Kutatásunk célja e viselkedés evolúciós eredetének vizsgálata volt, két háziasított faj, kutyák (N=40) és macskák (N=27), illetve 16-24 hónapos gyermekek (N=19) összehasonlításával. Az idejük legalább felét a házban töltő, képzetlen családi kutyákat és macskákat teszteltünk, amelyek bár hasonló környezetben élnek az ember környezetében, de ökológiai és evolúciós hátterük különbözik.

A vizsgálat során egy olyan helyzetben figyeltük meg az alanyok viselkedését, melyben egy ismerős gondozó (szülő/gazda) látványosan keresgéli a távollétében a kísérletvezető által elrejtett tárgyat, anélkül hogy közvetlenül segítséget kérne az alanytól, aki látta a rejtést. Háromszor rejtettünk el egy az alany számára irreleváns tárgyat (szivacs). Mértük, hogy az alanyok mennyi ideig figyelték a gondozót/tárgyat, valamint a tárggyal kapcsolatos viselkedésüket, megkülönböztetve azokat, amelyek ingerkiemeléssel is magyarázhatók (megközelítés és tárgymanipluláció), és azokat, amelyek feltehetően spontán proszociális viselkedések (mutatás/tekintetváltás, a tárgy odaadása). Motivációs kontrollként végeztünk még egy próbát, amelyben a rejtett tárgy az alany számára fontos tárgy volt (kedvenc étel/játék).

A gondozóra/tárgyra irányuló figyelem tekintetében nem volt különbség a fajok között. A három tesztpróbában a gyerekek és a kutyák hasonló arányban mutattak spontán tárggyal kapcsolatos viselkedéseket: ez mind az ingerkiemeléssel is magyarázható (megközelítés, tárgymanipluláció), mind a feltételezhetően proszociális (mutatás, odaadás) viselkedések esetében igaz volt. A macskáknál ezen viselkedések közül csak a mutatás (tekintetváltás) fordult elő, az is szignifikánsan kisebb valószínűséggel. A motivációs próba során fajhatást nem találtunk, itt macskák esetében előfordult a mutatás (tekintetváltás) mellett a megközelítés is, a tárgymanipluláció és odaadás a kísérleti elrendezésből fakadóan egyik faj esetében sem volt lehetséges.

Eredményeink arra utalnak, hogy az emberekkel való együttélés és a domesztikáció önmagában nem elegendő a spontán proszociális viselkedés általános megjelenéséhez. Kutyák esetében további specifikus (kooperatív interakciókra irányuló) evolúciós szelekciós nyomás vezethetett a gyerekekhez hasonló spontán proszociális viselkedés megjelenéséhez még képzetlen egyedek esetében is.

MOSER TÍMEA*mosertimea08@gmail.com*

Biológia

BSc, 3. félév

Pécsi Tudományegyetem

Gyógyszerésztudományi Kar

*Témavezetők:**Prof. Dr. Reuter Gábor
egyetemi tanár, PTE ÁOK**Dr. Boros Ákos
klinikai mikrobiológus, PTE ÁOK*

**A humán parvovírus B19 szeroepidemiológiája (2018-2024) és a 2023/2024-ben
járványosan terjedő variánsának meghatározása hazánkban***Kulcsszavak: humán parvovírus B19*

A humán parvovírus B19 (B19V) a Parvoviridae családba tartozó emberi kórokozó. Egyszálú, ~5,6 kb. hosszúságú DNS genomja egy nem strukturális fehérjét (NS1), illetve kapszid fehérjét (VP1 és VP2) kódol. Jelenleg 3 genotípusa – gt1/gt2/gt3 – ismert. A B19V légúti váladékkal, transzfúzióval, vagy transzplacentálisan terjedhet. A fertőzés leggyakoribb formája a főként kisgyerekeknél előforduló erythema infectiosum. A B19V fertőzéseknek tavaszi szezonaritása, és 3-6 évenkénti járványos előfordulása van. A fertőzés diagnózisa leggyakrabban a klinikai kép alapján történik. 2023/2024-ben Európában – és hazánkban is - kiugróan megnövekedett a B19V fertőzések száma, de a vírus(ok) genotípusa és szekvencia jellemzői sem ismertek.

Összesen 1441db diagnosztikus célból küldött szérummintát vizsgáltunk B19V IgM/IgG ellenanyagok kimutatására ELISA módszerrel a Dél-Dunántúlon, 2018. január 1 és 2024. július 31-e között. A B19V IgM-pozitív mintákat nested PCR módszerrel vizsgáltuk tovább, majd 10 PCR-pozitív mintából meghatároztuk a B19V teljes kódoló régióját lefedő ~4550 nukleotid hosszú genomszakaszt.

A vizsgált időszak alatt a B19V IgG szeropozitivitása 41,4% (legalacsonyabb 2022-ben) és 53,4% (a legmagasabb 2024-ben) között változott (átlag: 48,4%). B19V IgM-pozitív mintákat csak 2021-ben (N=5), 2023-ban (N=8), és nagy számban (N=59) 2024-ben találtunk. A B19V IgM-pozitív mintával rendelkező betegek átlagéletkora 29,96 év (2 hét-85 év) volt, 73,5%-a nő volt. A 2018-2023-as évek kumulált IgG szeropozitivitási adatai összehasonlítva a 2024. évi adatokkal, az utóbbinál a 6 és 25 év közötti korcsoportoknál 1,2-3X magasabb értékeket kaptunk. Összesen 72 B19V IgM-pozitív mintát találtunk, amelyből 68 (94,4%) állt rendelkezésre a PCR-vizsgálatokhoz. Ebből összesen 51-ből (75%) lehetett a B19V vírus DNS-t nested-PCR módszerrel kimutatni. A megszekvenált 10 virális genom mindegyike a B19V gt1a2 típusba tartozott. Ezek közül 9 (PQ155930-PQ155938) csak 0,3%-os nt különbséget mutatott egymással, amelyek összesen 4 szinonim (3 aa az NS1 és 1 aa VP1-ben) és további 9 nem-szinonim közös, és egyedi pontmutációval jellemezhetőek, amelyek egy 2019-es francia (OR138122) és egy 2024-es szlovák (OZ031174) B19V vírusgenomban is jelen vannak.

Vizsgálatunkban a B19V első hazai szeroepidemiológiai eredményeiről és az azonosított vírusok genotípusáról számolunk be. Ez alapján a 2023/2024. évi epidémiát a B19V gt1a2 típusa okozhatta, amely egyedi genommutációkkal jellemezhető.

NAGY ÉVA ZSUZSANNA*evizsuzsi1108@gmail.com*

Biológia

BSc, 6. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

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

MiR-137 és miR-219 túltermelés hatásának vizsgálata Drosophila Alzheimer kór modellben

Kulcsszavak: Alzheimer kór; miR-137; miR-219; neurodegeneráció

Az Alzheimer kór a demencia leggyakoribb okaként ismert gyógyíthatatlan neurodegeneratív betegség. A betegség napjainkban a páciensek folyamatosan növekvő száma miatt egyre nagyobb problémát jelent gazdaságilag és társadalmilag is. A betegség előrehaladtával az agyban neuropatológiás elváltozások jelentkeznek, így hippokampális atrófia, valamint extracelluláris amiloid plakkok és intracelluláris neurofibrilláris kötegek figyelhetők meg. Emellett az Alzheimer kór patogenezise során egyéb molekuláris változások is bekövetkeznek, ilyenek például a nem kódoló, rövid, konzervált szekvenciájú mikroRNS-ek génexpressziójában beálló változások. Egyes miRNS-ek kifejeződésének megváltozásával mennyiségük is megváltozik az idegszövetben. Mivel a miRNS-ek posztranszkripciós szinteken befolyásolják a génkifejeződést, ezért mennyiségbeli változásaik az adott sejtekben zajló fehérjeszintézisre is jelentős hatást gyakorolhatnak. A miR-137 és miR-219 olyan mikroRNS-ek, amelyek expressziós változásai több kutatás során is összefüggésbe kerültek neurodegeneratív betegségekkel is. Ezen miRNS-ek funkciói között az idegi metabolikus folyamatok befolyásolása is szerepel, ezért a megváltozott kifejeződésük az idegrendszerben is változásokat idéz elő. Vizsgálataink során éppen ezért ez a két mikroRNS és az általuk okozott változások kerültek fókuszba. A kísérletek során a miRNS-ek túltermelésének hatását Drosophila Alzheimer kór modellben, valamint vad típusú (egészséges) muslicákban is vizsgáltuk. Az Alzheimer kór általunk használt transzgenikus modelljében a neurodegenerációt az amiloid béta1-42 peptid neuronális expressziója indukálta. Vizsgálataink során egyszerre figyelhettük meg a miRNS-ek hatását önmagukban, valamint az amiloid béta kiváltotta tünetekre nézve. A miRNS túltermelés hatásának vizsgálata három módon történt, a toxicitást a kikelési arányokkal határoztuk meg, az idegsejteket ért károsodásokat funkcionális és morfológiai teszttel is vizsgáltuk: a mászási tesztek az idegi aktivitás változást mutatják ki, míg a pseudopupul analízissel az ép idegsejtek számát vizsgáltuk, amiből az idegsejt elhalás mértékére lehet következtetni. A miRNS-ek hatásának vizsgálatait követően RT-qPCR módszerrel meghatároztuk az amiloid béta túltermeléséért felelős transzgén kifejeződésének mértékét. Az eredmények nagyobb rálátást tesznek lehetővé a kór patológiás folyamatainak megértéséhez, mind pedig betekintést engednek a mikroRNS-ek széleskörű hatásmechanizmusába.

NAGY MÁTÉ*nagy.mate.biol@gmail.com*

Biológus

MSc, 9. félév

Állatorvostudományi Egyetem

*Témavezetők:**Dr. Szabó Krisztián**tudományos munkatárs, ATE**Balogh Emese**PhD hallgató, ATE*

Molekuláris ivar-meghatározási módszer fejlesztése afrikai ökörbékában (*Pyxicephalus adspersus*)

Kulcsszavak: ivarmeghatározás; molekuláris; in silico; kételtű; ökörbéka

Az afrikai ökörbéka (*Pyxicephalus adspersus*) rendelkezik heteromorf ivari kromoszómákkal, de molekuláris ivarmeghatározására még nincs kifejlesztve módszer. A faj hím egyedei jóval nagyobbra nőnek, mint a nőtények, de a fenotípusos ivar csak az ivaréret követően állapítható meg, viszont egy genetikai marker segítségével akár már a juvenilis egyedek genetikai ivara is azonosítható volna. A molekuláris szexmarkerek a hobbiállat-tenyésztők számára is felhasználhatóak lehetnek a korai ivarmeghatározásra. A poikilotherm gerincesek ivardetermináns régiói kevésbé konzerváltak, mint a melegvérűeké, ezért ezeknél az állatoknál gyakran előfordulhat, hogy eltérő lókuszt felelős az ivardeterminációért, és még a közeli rokon fajok esetében is különbözhet az ivarmeghatározási rendszer. Emiatt a molekuláris szexálásra fejlesztett markerek általában csak egy-egy fajon belül működnek. Kutatásunk célja olyan olcsó és egyszerűen használható PCR-alapú markerkészlet fejlesztése volt, amely lehetővé teszi az afrikai ökörbéka molekuláris ivarmeghatározását. A genetikai ivarmarkerek fejlesztéséhez az NCBI adatbázisba feltöltött afrikai ökörbéka genomot használtuk, amely mindkét heteromorf ivari kromoszómát tartalmazza. Az adatbázisból letöltött ivari kromoszómák illesztése során a Mauve eszköz segítségével 168 potenciálisan ivarhoz kötött szakaszt azonosítottunk, amelyek a markerek alapjául szolgáltak. A 168 szakaszból előzetesen 25 lókuszt terveztünk primerpárokat, amelyek tartalmaztak megfelelő méretű inszerciós/deléciós különbségeket, ezzel lehetővé téve az egyszerű méret szerinti elkülönítést. Ezek közül a tesztelés során négy markert ítéltünk ivarmeghatározásra alkalmasnak. A PCR-termékeket Sanger-módszerrel megszekvenáltuk az adatbázisba feltöltött szekvenciákkal való egyezés validálása érdekében. A markereket 26 ismert ivarú (14 hím, 12 nőtény) egyeden teszteltük le, izomszövetből és vérből kivont DNS minták felhasználásával. Az izomszöveteket juvenilis békákból nyertük, amelyek ivarát az ivarmirigyek morfológiája és szövettan alapján határoztuk meg, a vérmintákat pedig ivarérett egyedektől vettük, amelyek fenotípusos ivarát morfológiai bélyegek segítségével állapítottuk meg. A PCR-tesztek által meghatározott ivar mind a négy marker esetében egyezett a korábban megállapított fenotípusos ivarral, és a megszekvenált amplikonok illesztése során sem találtunk eltérést a referenciagenomhoz képest, így kijelenthetjük, hogy a fejlesztett markerek ivari kötődése 100%-os.

NAGY NOÉMI

nocikaa2003@gmail.com

biológia

BSc, 5. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Bakacsy László

egyetemi adjunktus, SZTE TTIK

**Két inváziós növényfaj allelopátiás hatásának vizsgálata az őshonos fedélrozsokra
(*Bromus tectorum*) rhizotron rendszerben***Kulcsszavak: allelopátia; növényi invázió; rhizotron; gyökérmorfológia; hajtásmorfológia*

A zavart homokgyepek természetes regenerációját gyakran akadályozzák inváziós növényfajok, amelyek az őshonos növények kiszorításával tartósan befolyásolhatják a helyi ökoszisztéma egyensúlyát. Az inváziós növények a zavart élőhelyeket könnyen kolonizálják, különösen a Pannon nyílt homokgyepek esetében, ahol a talajbolygatás másodlagos gyepek kialakulásához vezet, elősegítve ezzel a közönséges selyemkóró (*Asclepias syriaca*) és a kétszínű kokárdavirág (*Gaillardia pulchella*) megtelepedését és elterjedését. Az ilyen élőhelyek egyik domináns őshonos fűfaja a fedélrozsнок (*Bromus tectorum*), amely az északi féltekén őshonos, szárazságtűrő egyéves növény, és többek között Európa, Ázsia és Észak-Amerika száraz gyepeiben gyakori. Gyors növekedése és korai csírázása révén jelentős szerepet játszik a talajerózió mérséklésében és a talajban található tápanyagok kihasználásában, de érzékeny az inváziós fajokkal való interakciókra, így az allelopátiás hatásokra is. Kutatásunk célja az volt, hogy feltárjuk, hogyan befolyásolja a közönséges selyemkóró és a kétszínű kokárdavirág allelopátiás hatása a fedélrozsнок növekedését, ha külön-külön és kombinációban vannak jelen. A kísérlet során mindkét inváziós növény levélörleményét különböző koncentrációban (0,5%, 5%) adtuk általános virágföldhöz: külön-külön, valamint egyenlő arányban (1:1) keverve is. A talajkeveréket rhizotronokba töltöttük, melyekbe egy-egy fedélrozsнок tesztnövényt ültettünk. A két hétig tartó vizsgálat után megmértük a tesztnövény hajtás- és gyökérhosszát, hajtástömegét, hajtásszámát és mellékgyökereit is megszámláltuk. Az eredmények azt mutatták, hogy az *A. syriaca* közvetlenebb, erősebb hatást gyakorolt a fedélrozsнокra, míg a *G. pulchella* inkább közvetett módon és koncentráció függően befolyásolta a növekedést. Ezek az eredmények arra utalnak, hogy mindkét inváziós faj hatással lehet a zavart homokgyepek regenerációs folyamataira és a tápanyag-elérhetőségre, így ezen fajok kezelése és ökológiai hatásai további vizsgálata elengedhetetlen a természetes élőhelyek zavartalan regenerációjához.

NAGY VIVIEN

zizisvivi@gmail.com

Biológia

BSc, 5. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Bódi Nikolett**egyetemi docens, SZTE TTIK**Dr. Bagyánszki Mária**egyetemi docens, SZTE TTIK*

Az NFκB p65 transzkripciós faktor expressziójának bélszakasz-specifikus változása 1-es típusú diabéteszes patkánymodellben

Kulcsszavak: NFκB; 1-es típusú diabétesz; állatmodell; hiperglikémia; enterális idegrendszer

Az 1-es típusú diabétesz egy autoimmun betegség, amely olyan emésztőrendszeri tünetekkel társul, mint például a bél motilitásának megváltozása, a puffadás vagy a hasmenés. Az NFκB transzkripciós faktor mind a proapoptotikus, mind a sejt túlélését elősegítő génexpresszióért felelős, így hozzájárulhat 1-es típusú diabéteszben az enterális neuropátia kialakulásához. Célunk ezért az volt, hogy megvizsgáljuk a krónikus hiperglikémia és az azonnali inzulinkezelés NFκB p65 fehérje expressziójára gyakorolt hatását patkányok vékonybelében a myentericus plexusban és a simaizomszövetben.

Az állatokat kontroll, diabéteszes és inzulin-kezelt diabéteszes csoportokba osztottuk. A diabéteszt intraperitoneális streptozotocin injekcióval váltottuk ki. A tíz hetes kísérleti periódus után az állatokat feláldoztuk és mintát vettünk a duodenum proximális és az ileum disztális végéből. A mintákat posztembedding immunhisztokémiai festéshez készítettük elő, mely során az NFκB p65 fehérjét 18 nm-es aranyzemcsékkel jelöltük. Ezt követően a mintákat transzmissziós elektronmikroszkóppal vizsgáltuk, és meghatároztuk az aranyzemcsék területegységre eső számát.

Az NFκB p65 denzitása a diabéteszes állatok ileumának myentericus ganglionjaiban szignifikánsan magasabb volt a kontrollhoz képest, míg az inzulin-kezelt csoportban a diabéteszes csoporthoz képest szignifikánsan alacsonyabb volt. Ugyanakkor a duodenum myentericus ganglionjaiban az NFκB p65 denzitása nem mutatott eltérést a diabéteszes csoportban a kontroll állatokhoz képest.

A simaizomszövet esetében az NFκB p65 denzitása a diabéteszes duodenumban szignifikánsan magasabb volt a kontrollhoz képest, míg az ileumban nem mutatott szignifikáns változást.

Az NFκB p65 fehérje denzitása inzulinkezelés hatására sem a duodenum, sem az ileum simaizomzatában nem mutatott szignifikáns különbséget a kontroll csoporthoz képest.

Eredményeink azt mutatják, hogy az NFκB p65 fehérje expressziójának megváltozása a bélszakasz egyes szakaszaiban és szöveteiben eltérő: a myentericus ganglionok esetében az ileumban növekedett meg az NFκB p65 denzitása a hiperglikémia hatására, míg a simaizomszövetben a duodenumban. Az NFκB p65 denzitásának hiperglikémia okozta elváltozásaival szemben az azonnali inzulinkezelés protektívnek bizonyult. Az NFκB p65 fehérje kifejeződését tehát jelentősen befolyásolja a krónikus hiperglikémia a myentericus plexusban és a simaizomszövetben is, így hozzájárulhat a 1-es típusú diabétesszel együtt járó emésztőrendszeri tünetekhez.

NEMES NÓRA PANNA

panna.nora.nemes@gmail.com

Biológia

BSc, 3. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

Témavezetők:

Dr. Zákány Róza

egyetemi tanár, DE ÁOK

Somogyi Csilla

tudományos segédmunkatárs, DE ÁOK

A Vanilloid Receptor 4 (TRPV4) szerepe egér porcosodó kultúrákban

Kulcsszavak: TRPV4; micromass; chondrogenesis; immunhisztokémia

A Tranziens Receptor Potenciál Vanilloid 4 (TRPV4) ioncsatorna hiánya minimális eltéréseket okoz, míg túlműködése súlyos vázrendszeri deformitásokat idézhet elő, mely hibás kondrogenikus folyamatokra vezethető vissza. Ezen defektusok mögött rejlő folyamatok jelenleg is a kutatás tárgyát képezik.

A TRPV4 receptor alul-és túlműködés okozta morfológiai eltérések vizsgálatához nagy sejtsűrűségű, egér micromass kultúrát alkalmaztunk, ahol a chondrogenesis stádiumait jól nyomon lehet követni. A TRPV4 ioncsatorna jelenlétét immunhisztokémiai módszerrel mutattuk ki a kultúrákon belül. A fehérje expressziós változását farmakonokkal befolyásoltuk a teljes tenyésztés idő során. Natív fáziskontraszt felvételekkel és klasszikus festési eljárásokkal (hematoxilin-eozin, savas dimetil-metilénkék festés (sDMMK)) is elemeztük a kezeletlen és a kezelt kultúrákat.

A TRPV4 receptor az internoduláris terekben sejtmembránhoz kötött, míg a noduláris területeken citoplazmatikusan is megjelenik a kontroll kultúrákban. A csatorna aktiváció (10 μ M 4 alfa-PDD) következtében a citoplazmatikus jelölések mennyisége megemelkedik mind a noduláris/internoduláris térben, míg a gátlást (10 μ M HC067047) követően a sejtmembrán jelölés jellemző a noduláris területekre. Mind fáziskontraszt felvételek elemzését követően, mind a hematoxilin-eozin és a sDMMK festést követően elmondható, hogy vastagabb kultúrát, kifejezettebb nodulusokat, keskenyebb internoduláris tereket láttunk az aktivátorral kezelt kultúrákban. Csatorna gátlást követően azonban a nodulusok kisebbek, prominens szegéllyel bírtak és széles internoduláris térrel jellemezhetőek. Gátlás során jellegzetes kristályszerű struktúrák jelentek meg a kultúrákban.

TRPV4 ioncsatorna modulációt követően az egér micromass modell jelentős morfológiai eltéréseket mutat TRPV4 ioncsatorna aktiválás és gátlás során. Eredményeinket képelemző software-rel (ImageJ) és további statisztikai módszerek alkalmazásával tervezzük alátámasztani. Úgy gondoljuk, hogy a TRPV4 okozta vázrendszeri defektusok megértéséhez az általunk alkalmazott módszerek közelebb visznek.

Rövidítések: Tranziens Receptor Potenciál Vanilloid 4: TRPV4 ioncsatorna; savas dimetil-metilénkék festés: sDMMK.

Munkánkat a DETEP és az ÚNKP-18-3 programok támogatták.

NÉMET-DEÁK BENCE

nemetdbence@gmail.com

Középiskolai hallgató

Benedek Elek Pedagógiai Líceum

VASS HUNOR

vasshuni2005@gmail.com

Középiskolai hallgató

Benedek Elek Pedagógiai Líceum

*Témavezetők:**Gergely Katalin**felkészítő tanár, mentor, Benedek Elek Pedagógiai Líceum**Kovács Csilla Éva**felkészítő tanár, mentor, Benedek Elek Pedagógiai Líceum*

Életet adó vizeink

Kulcsszavak: forrásvizsgálat; mikrobiológia; parazitológia; fizikokémia; környezetvédelem

A mai városlakónak fogalma sincs, hogy 100 évvel ezelőtt hány közkútja volt szerény kisvárosunknak, Székelyudvarhelynek, és melyiknek volt iható a vize. Szerencsénkre akkor is volt nyilvántartás. Az előttünk járók sokat keseregtek azon a múlt század végén, hogy városunk szerencsétlen fekvésű ivóvíznek dolgában, alig van pár olyan kútja, melynek vizét az emberek élvezhetik. 1878-ban dr. Solymossy Lajos az akkori királyi főreáliskola tanára elvégezte Székelyudvarhely forrásvizeinek vegyi vizsgálatát, kíváncsi volt arra, milyen állapotban vannak. Mint írja, "a vizet nem lehet nélkülözni, víz nélkül nincs élet".

Most, közel 150 évvel később, újra górcső alá vettük a vizsgálati eredményeket és eldöntöttük, hogy a modern technika vívmányaival megismételjük az egyes analíziseket és megnézzük az idő vasfoga mennyire fogott ki ezeken a forrásokon. Sajnos nem sok adat állt a rendelkezésünkre, viszont pár értéket sikerült összehasonlítani és érdekes következtetésekre jutottunk. Ezt követően nem tudtunk egyszerűen lemondani az egésztől. Eldöntöttük, hogy tüzetes vizsgálatoknak vetjük alá az összes forrást és megnézzük alkalmasak-e bármilyen jellegű fogyasztásra. Városunk lakossága nem jut sok információhoz ilyen téren, viszont aktívak használják őket. Célunkká vált, hogy segítsünk közösségünkön és felhívjuk a figyelmet az esetleges veszélyekre. A megfelelő pénz- és időbefektetéssel összesen 5 forrás vizét tudtuk megvizsgálni egyénileg, laborban. Három fő szempont alapján osztályoztuk az eredményeket.

I. Mikrobiológia (Telepszám 22 C° -on, *Pseudomonas aeruginosa*, *Clostridium prefrigans*, *E. coli*, *Entelococcus*, Coliform baktériumok)

II. Fiziko-kémia (pH érték, Keménység, Szín, Zavarosság, Elektromos vezetőképesség, Permanganát index, Ammónium, Nitrit, Nitrát, Klorid, Alumínium, Vas)

III. Parazitológia (*Giardia Lamblia*)

Vizsgálatainkból megállapítottuk, hogy közel 150 év alatt nagymértékben növekedett az anionok, kationok mennyisége, nagy valószínűséggel a túlzott műtrágyázás és állattartás következtében a környéken. Emellett egyértelműen kitűnt, hogy ezen források nem alkalmasak bármilyen jellegű fogyasztásra, legalábbis ha a szigorú határértékeken belül viszonyítunk.

A jövőben tervezzük kibővíteni vizsgálati körünket, illetve az önkormányzat beleegyezésével táblákat kiállítani a forrásokhoz.

NÉMETH RITA MÓNICA*nemeth.rita2001@gmail.com*

Biológia

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. JezsóBálint**tudományos munkatárs, ELTE TTK*

Establishing knockout cell lines to examine the cellular function of human single-stranded DNA binding proteins/ Knockout sejtvonalak létrehozása a humán egyszálú DNS-kötő fehérjék sejtfunkciójának vizsgálatához

Kulcsszavak: DNA-repair; SSB; CRISPR; stress granules

Single-stranded DNA-binding proteins (SSBs) are essential for maintaining genome integrity by protecting single-stranded DNA (ssDNA) during critical cellular processes such as replication, repair, and transcription. In humans, hSSB1 and hSSB2 function in nuclear DNA repair and stress responses, while mitochondrial SSB (mtSSB) is responsible for safeguarding mitochondrial DNA (mtDNA). Dysfunction of these proteins can increase genomic instability, lead to impaired cellular function, and development of diseases such as cancer and mitochondrial disorders. A recent study of our research group also indicates that hSSB1 is involved in cytoplasmic stress granule (SG) formation, revealing novel roles in cellular stress regulation.

Our research aims to explore the roles of the mentioned SSBs in genome maintenance and stress response, with a primary focus on their involvement in stress granules. Using CRISPR-Cas9 gene editing technique, we successfully generated knockout (KO) cell lines for hSSB1, and hSSB2, and are in the process of KO generation for mtSSB. Additionally, to assess the regulatory function of hSSB1/2 in SG formation, we targeted G3BP1, a core component of stress granule organisation, and established a G3BP1 KO cell line as a reference model. We rigorously validated these cell lines, providing a robust platform to investigate the functional roles of SSBs in DNA repair, stress response, and cellular regulation.

NEUHAUSER NATALI

neuhauser739@gmail.com

biológus

MSc, 1. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Takáts Szabolcs**egyetemi adjunktus, ELTE TTK**Dr. Szenci Győző**tudományos segédmunkatárs, ELTE TTK*

Az autofágia különböző lépéseinek hatása tumorfejlődésre

Kulcsszavak: autofágia; endocitózis; lizoszómális lebontó folyamatok; daganat

Az autofágia során a sejt felesleges anyagai kelős membránnal határolt vezikulákba, autofagoszómákba csomagolódnak, ezek lizoszómákkal fuzionálva autolizoszómákat hoznak létre, melyekben a felvett anyag lebomlik és újrahasznosul. Korábban már ismert volt, hogy az autofagoszóma képződést segítő gének, például az Atg13 elvesztése gátolja a tumornövekedést, ugyanakkor az autofágia későbbi lépéseinek, valamint a másik lizoszómális lebontó útvonallal, az endocitózissal való kapcsolatának hatása a tumorképződésre még kevésbé esztázol. Kutatásunk során *Drosophila* tumormodellben megvizsgáltuk, hogy az autofagoszóma-lizoszóma fúziót segítő HOPS pányvázó komplex egyes alegységeinek hiánya milyen hatással lehet a tumorok méretére. Azt tapasztaltuk, hogy a Vps39 alegység hiánya, bár meggátolta az autofág lebontást, mégsem zavarta meg a tumor növekedését, ami valószínűsíti, hogy az autofágiának nem a lebontó funkciója szükséges a tumorok növekedéséhez. Ezzel szemben egy másik HOPS alegység a – korai endocitózist szabályozó CORVET komplexben is résztvevő – Vps16A hiánya ismét a tumorok kis méretét eredményezte, amely összefüggésben állhat azon megfigyelésünkkel, hogy a HOPS és a CORVET kelősen hiányos tumorsejtekben az apoptózis fokozódik. Emellett megállapítottuk, hogy a HOPS és a CORVET együles hiányának következtében kóros korai endoszómák halmozódtak fel, amely – a TNF α -JNK fokozol működésén keresztül – kiváltó oka lehet a megnövekedel apoptózisnak.

NGUYEN ESZTER

nguyen.eszter@hallgato.ppke.hu

Molekuláris Bionika Mérnök

BSc, 7. félév

Pázmány Péter Katolikus Egyetem

Információs Technológiai és Bionikai Kar

Témavezető:

Fiáth Richárd Balázs

*Tudományos főmunkatárs, HUN-REN Természettudományi Kutatóközpont, Kognitív
Idegtudományi és Pszichológiai Intézet*

**Altatott egerek látókérgéből rögzített, elektromos microstimulációval kiváltott *in vivo*
kalcium jelek feldolgozása és elemzése**

Kulcsszavak: neuroprosthetics; intracortical microstimulation; calcium imaging

Vision is an incredible sense that allows us to appreciate the beauty of the world we live in, acquire essential knowledge, and connect with others. Vision impairment and blindness can result from various eye diseases, significantly impacting the quality of life for those affected. According to the WHO's 2019 "World Report on Vision," at least 2.2 billion people worldwide live with some form of vision impairment. All of this highlights the growing demand for innovative solutions, as the treatment and management of vision-related diseases are of critical social and economic importance. The main objective of this research is to investigate the effects of intracortical microstimulation on neuronal activity in the visual cortex, with a particular focus on the development of neuroprosthetics aimed at vision restoration. The research employs flexible, multi-shank electrodes in the primary visual cortex to examine the effects of various electrical stimulation patterns using *in vivo* imaging methods. This study contributes to neurotechnological advancements in visual prostheses, enabling more precise control of neuronal activity and thereby improving the effectiveness of vision restoration. Additionally, the project aims to explore the relationships between inter-neuronal distances and stimulation parameters. This may open new perspectives in neuroprosthetics research, contributing to revolutionary solutions for vision restoration.

OLÁH BARBARA

barbara.olah0418@gmail.com

Állatorvos

Osztatlan, 9. félév

Állatorvostudományi Egyetem

*Témavezetők:**Zádori Zoltán**tudományos főmunkatárs, témavezető, HUN-REN ÁTKI**Mészáros István**tudományos főmunkatárs, HUN-REN ÁTKI*

A virális kvázi-speciesben bekövetkező változások nyomon követése víziszárnyasokból izolált Influenza A *in vitro* adaptálódása során*Kulcsszavak: Madárinfluenza, Szerotípusok, Zoonózis, Vírusadaptáció, NEG8 fehérje*

Az influenza A vírus Európában endémiás, elsősorban baromfi fajokat, vadon élő madarakat és egzotikus díszmadarakat fertőz meg. A betegség széles klinikai spektrummal rendelkezik, a tünetmentes állapottól a súlyos lázas, légúti, idegrendszeri, vérzéssel és hasmenéssel járó állapotokig. A fertőzött állományok leölése évente jelentős gazdasági károkat okoz, és a zoonózist előidéző szerotípusok közegészségügyi kockázatot is jelentenek. A vírus magas mutációs rátája és gazdagaspecifikussága lehetővé teszi, hogy madarak és emlősök széles spektrumát fertőzze meg és alkalmazkodjon azokhoz. Kutatásaink célja az influenza A vírus *in vitro* adaptációjának és a korábban nem vizsgált, ismeretlen funkciójú NEG8 fehérjének a szerepének feltárása. A vizsgálataink során hét különböző szerotípusú madárinfluenza törzset teszteltünk DuO kacsá eredetű sejtvonalon, és két szerotípusú törzset (H3N8, H5N9) választottunk ki a részletes biológiai jellemzésükre. A passzálások során a biológiai tulajdonságok (fertőző titer, növekedési görbe, citopatogén hatás) jelentős változásait figyeltük meg. A H5N9 vírus végső titere a harmadik passzázs után 10^5 FFU/ml-ra csökkent, majd a 9. passzázs után 10^5 – 10^6 FFU/ml között ingadozott. A titer a 15. passzázsra 10^8 FFU/ml-ra nőtt. Hasonló eredményeket kaptunk a H3N8 esetében is, ahol 10^7 – 10^5 FFU/ml közötti ingadozásokat figyeltünk meg. Az apoptotikus sejtek száma is jelentősen csökkent (73%-ról 2,3%-ra). Az Illumina szekvenálási eredmények alapján mindkét szerotípusban csökkent a szinglé nukleotid polimorfizmusok (SNP) frekvenciája a passzálások során, ami a kvázispecies homogenizálódására utal, és valószínűsíthetően a kevésbé adaptálódott változatok szelekciós eltűnésének következménye. A kvázispecies heterogenitása több esetben is megfigyelhető volt az aminosav tripletekben, amelyek a virulenciát és gazda specifikitást befolyásolhatják. A NEG8 fehérje szerepe a vírus fertőzési ciklusában jelenleg ismeretlen, eddig csak humán vonatkozásban vizsgálták. *In silico* elemzéseink transzmembrán domént azonosítottak a fehérjében, és a transzfekciós vizsgálatok igazolták annak endoplazmás retikulumban való lokalizációját, amely nem változott más vírusfehérjével való koexpresszió esetén. Eredményeink arra utalnak, hogy a NEG8 fehérje expressziója sejthalált indukálhat a transzfektált sejtekben, amit további kísérletekkel kell megerősíteni.

ÖRKÉNYI ZOLTÁN*orkenyiz13@gmail.com*

Biológia

MSc, 9. félév

Állatorvostudományi Egyetem

*Témavezetők:**Dr. Bókony Veronika**tudományos tanácsadó, HUN-REN ATK, NÖVI, Evolúciós Ökológiai Osztály**Balogh Emese**PhD hallgató, ATE*

Hőstressz által indukált ivarváltásra való hajlam összehasonlítása erdei és antropogén területeken élő populációk között erdei békánál (*Rana dalmatina*)*Kulcsszavak: kétéltűek; hőstressz; ivarváltás; mikroevolúció*

Az emberi tevékenység számos változást indukál a környezetben, melyek egyike az életterek hőmérsékletének emelkedése, például a városi hősziget hatás és az árnyékoló vegetáció hiánya miatt. E mikroklimatikus változások különösen érzékenyen érintik a kétéltűeket, mivel egyedfejlődésük korai szakaszában tapasztalt szélsőséges hőmérséklet hatására ivart válhatnak, a fenotípusos és genotípusos ivar eltérését okozva ezzel, mely folyamat akár fitneszüket is befolyásolhatja. Mivel az antropogén környezet gyakrabban okozhat ivarváltást, szelekciós nyomást gyakorolhat az ivarváltási hajlamra, így az megváltozhat mikroevolúció vagy fenotípusos plaszticitás által. Vizsgálatunkban arra a kérdésre kerestük a választ, hogy eltér-e az antropogén és erdei élőhelyek között az ivarváltási hajlam mikroevolúciós adaptáció eredményeként erdei békák (*Rana dalmatina*) populációiban. Ebben az XX/XY ivari kromoszóma rendszerű fajban a lárvakori hőstressz hatására az XX nőtényekből fenotípusos hímek fejlődnek ki. Ilyen ivarváltott egyedek előfordulnak vadon élő populációkban, de főleg a városi és mezőgazdasági területeken. Kísérletünk során azonos körülmények között neveltünk fel három erdei és három antropogén élőhelyről származó egyedeket pete koruktól az átalakulás utáni két hónapos korig. Az állatok felét a lárvafejlődés 3. hetében hatnapos hőstressznek tettük ki, majd összehasonlítottuk az ivarváltási arányokat. Ahogy vártuk, magasabb volt az ivarváltási arány a hőkezelt, mint a kontroll csoportban, azonban a hőkezelésnek ez a hatása hasonló mértékű volt mindkét élőhelytípusból származó egyedeknél (a kezelés és a származási élőhelytípus interakciójának nem volt szignifikáns hatása). Az antropogén populációk esetében mind a hőkezelt, mind a kontroll csoportban gyakoribb volt az ivarváltás, mint az erdei populációk megegyező csoportjaiban, bár ez a különbség csak marginálisan volt szignifikáns. Az egyes testvércsoportok között viszont jelentős variabilitást tapasztaltunk az ivarváltási rátában. Eredményeinkből arra következtethetünk, hogy az erdei békánál az ivarváltásra való hajlam mértéke örökölhető és az antropogén populációkban magasabb. Az, hogy az antropogén területekről származó egyedek kontroll és hőkezelt körülmények között is magasabb ivarváltási rátát produkáltak, mint az erdeiek, mikroevolúciós elkülönülésre utal a két élőhelytípus között, azonban további vizsgálatok szükségesek annak kiderítésére, hogy ez a fokozott ivarváltási hajlam adaptív-e.

PALLOS RÉKA*pallosreka5@gmail.com*

Biológus

MSc, 9. félév

Állatorvostudományi Egyetem

*Témavezetők:**Takács Péter**tudományos főmunkatárs, HUN-REN Balatoni Limnológiai Kutatóintézet**Szűts Tamás**tudományos főmunkatárs, ATE*

Morfometriai vizsgálatok balatoni sügereken (*Perca fluviatilis*)*Kulcsszavak: morfometria; Perca fluviatilis; tapasztalat hatása; szubjektivitás*

A nehezen definiálható testalakot matematikai módszerekkel leíró morfometriai eljárásokat széles körben használják a biológia területén is. Egyebek között a morfometriát a halbiológiában is alkalmazzák, például egyes fajok jellemzésére, illetve halállományok elkülönítésére is. Felmérésünk kapcsolódik egy nagyobb léptékű feltáró vizsgálatsorozathoz, aminek eredeti célja a Balatonban élő európai sügér állomány (*Perca fluviatilis*) genetikai, morfológiai és morfometriai jellegei alapján a faj populációs szerkezetének feltárása. Az előzetes elemzések eredményei azt mutatják, hogy a mérő személye, gyakorlottsága, szakmai tapasztalata jelentős hatással lehet a morfometriai elemzések eredményeire. Így a felmérés első fókuszja ezen metodológiai probléma feltérképezése lett. Jelen vizsgálatunkban annak igyekszünk utánajárni, hogy a különböző tapasztalattal rendelkező személyek által elvégzett morfometriai mérések eredményei mennyire lesznek eltérőek. A mérések többszöri ismétlésével az egyes mérők tanulási folyamatát, tapasztalatszerzését is vizsgáltuk. Az adatokat hat, a morfometriai mérések terén különböző mértékű tapasztalattal rendelkező mérő személy szolgáltatta. A vizsgálatokat három állományból származó 80 halegyedről készült fényképeken végeztük el hagyományos, távolság-alapú morfometriai módszerrel. A mérők összesen 21 morfometriai változót rögzítettek minden fotón, háromszori ismétléssel. A vizsgálatban résztvevők eredményei egymástól szignifikánsan eltérnek és a mérések megbízhatóságát (az adatsorok szórását) is jelentősen befolyásolja a mérést végző személy gyakorlottsága, tapasztalata. Ugyanakkor a különböző mérők adatsorainak elemzése, a legtöbb esetben a vizsgált három populáció hasonló elkülönülés-mintázatát mutatta. Tehát az alkalmazott módszert még a kevésbé tapasztalt mérők is használhatják állományok elkülönítésére. Azonban a különböző mérők adatsorainak összevetésekor mindenképpen figyelembe kell venni, hogy a hagyományos morfometriai vizsgálatok eredményeire a mérő személye alapvető befolyással van.

PAPP KRISZTIÁN SZABOLCS

kriszpapp02@gmail.com

Biológia

BSc, 6. félév

Eszterházy Károly Katolikus Egyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Murányi Dávid

tanszékvezető egyetemi docens, EKKE TTK

Az invazív *Mnemiopsis leidyi* bordásmedúza (*Ctenophora*) faj szaporodása és korai egyedfejlődése az Észak-Adriai-tengerben

Kulcsszavak: invazív, hermafrodita, bordásmedúza, inkubáció, ontogenezis,

Az Észak-Adriai-tenger magas antropogén nyomásnak van kitéve, sőt kevesebb, mint tíz éve egy kimagaslóan invazív bordásmedúzafaj is elkezdte meghódítani. Az IUCN világ 100 legkárosabb invazív fajai listáján szereplő *Mnemiopsis leidyi* A. Agassiz, 1865, egy kiválóan adaptáló, generalista faj, amely képes az önmegtermékenyítésre.

A faj populációdinamikájának feltérképezése érdekében természetes körülményeket imitáló inkubációs kísérletekkel vizsgáltam a hermafrodita reprodukciós képességüket, illetve a kezdetleges ontogenezisüket. Első szempontként a testméret hatását figyeltem meg a kontrollcsoporton, majd a hőmérsékletet vettem változóként. Ezt követően, statisztikai eljárásokat alkalmaztam az eredmények elemzéséhez. Továbbá, az inkubációkból származó utódok fejlődését is nyomon követtem.

Nem meglepően, a testméret nagy mértékben számít a faj szaporodóképességének tekintetében. A számadatok egyértelműen kimutatják, hogy ezen az élőhelyen a hat cm teljes testhosszt (TTH) meghaladó medúzák számottevően több utódot hoznak világra. Ezen felül az ivadékok szembetűnően gyorsabban fejlődnek magasabb hőmérsékleten, viszont 25°C már meghaladja a faj hőmérsékleti optimumát. Egyes petékből akár 13 óra alatt fejlődhet ki lárva, ezzel megnövelve az utódok túlélési esélyeit, amit önmagában a globális felmelegedés is fokoz.

PÁRDI KOPPÁNY*koppanyardi@gmail.com*

Biológia

BSc, 6. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Veszélka Szilvia**tudományos főmunkatárs, HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóközpont*

A vér-agy gát védelme, mint terápiás célpont az iszkémiás sztrók sejttenyészetes modelljében

Kulcsszavak: vér-agy gát; iszkémiás sztrók; oxigén-glükóz depriváció – reoxigenáció; agyi endotélsejt

Iszkémiás sztrók során az agyi véráramlás megszűnése és a bekövetkező oxigén-glükóz depriváció (OGD) a vér-agy gát integritásának sérülését és az idegsejtek pusztulását okozza, amely életveszélyes állapotot idézhet elő. A sztrók káros hatásainak kivédésében új megközelítés a vér-agy gát integritásának fenntartását célzó kezelési módszerek alkalmazása. Kísérleteinkben arra kerestük a választ, hogy egy, a kutatócsoportunk által fejlesztett új molekulakombináció segítségével javítható-e a vér-agy gát sejteinek gátfunkciója iszkémiás-reperfúziós sérülést követően, valamint, hogy ez a kombináció mely fehérjék működésén keresztül fejtheti ki protektív hatását.

Megvizsgáltuk az OGD-t követő reoxigenáció (OGD/R) hatását humán agyi endotélsejtekből és borjú pericitákból álló vér-agy gát ko-kultúra modellen a normoxiás körülményekhez viszonyítva, majd teszteltük a molekulakombináció hatását a kialakult vér-agy gát károsodásra. Megállapítottuk, hogy 6 órás OGD hatására a sejtek életképessége jelentősen csökkent a normoxiás állapothoz képest, míg a 24 órás reperfúzió alatt alkalmazott kezelésünk hatására a sejtek életképessége szignifikánsan megemelkedett az OGD és a normoxiás csoporthoz viszonyítva. OGD/R hatására az agyi endotélsejtek rétegének transzendoteliális elektromos ellenállása (TEER) jelentősen csökkent, ami a szoros sejtkapcsoló fehérjék diszfunkciójára utal, azonban a kezelés hatására a TEER értékek szignifikánsan megnövekedtek. A vér-agy gát modell áteresztőképessége mind paracelluláris (fluorescein), mind transzcelluláris (Evans kék–albumin) permeabilitási marker molekulákra megemelkedett OGD/R hatására, mely káros hatás a kezelés eredményeképpen szignifikánsan lecsökkent. Immuncitokémiai vizsgálataink igazolták, hogy a véráramlás szabályozásában fontos transzkripciós regulátor, a Krüppel-like faktor 2 (KLF2) mennyisége normoxiában megnő, míg károsodás esetén a kezelés hatására lecsökken. A vér-agy gát szoros kapcsolatait alkotó fehérje, a klaudin-5 expressziója pedig a kezelés hatására jelentősen megemelkedett, ami a molekulakombináció protektív hatásmechanizmusára utal.

Eredményeink azt igazolják, hogy a kutatócsoportunk által kifejlesztett új molekulakombináció képes a vér-agy gát integritásának erősítésén keresztül az agyi endotélsejtek károsodását kivédeni sejttenyészetes modellben és további vizsgálatokat követően ígéretes terápiás szer lehet az iszkémiás sztrók kezelésében.

PEÁGICS ENIKŐ ENID*eniko.peagics@gmail.com*

Molekuláris bionika mérnöki BSc

BSc, 7. félév

Pázmány Péter Katolikus Egyetem

Információs Technológiai és Bionikai Kar

*Témavezetők:**Varga Soma**PhD Hallgató, PPKE ITK**Dr. Péterfia Bálint Ferenc**Tudományos főmunkatárs, PPKE ITK*

A posztoszínaptikus Shank3 fehérje pontmutációk kóroki szerepének kísérletes és bioinformatikai vizsgálata*Kulcsszavak: Neuronok; szinapszisok; Shank3; Homer; Pontmutáció*

A kutatásom célja a Shank3 fehérje és mutációinak neurológiai kórképekkel kapcsolatos funkcionális és strukturális megértése, különös figyelmet fordítva az Homer fehérje kötőmotívum környékén megfigyelhető pontmutációkra.

Első lépésként áttekintem a Shank3 fehérjével és mutációival kapcsolatos szakirodalmat. Ezt követően a megfelelő mutációkat tartalmazó fehérjekonstrukciók tervezésével foglalkozom, amelynek kiemelten fontos eleme a klónozáshoz szükséges primerek megtervezése. A következő lépés a fehérjék termelése és tisztítása, hogy funkcionálisan aktív fehérjéket állítsak elő a további kísérletekhez.

A biolayer interferometriás módszer segítségével a vad típusú és a megtermelt mutáns Shank3 fehérjék közötti kölcsönhatások vizsgálata következik, amely lehetővé teszi a fehérje-fehérje interakciók valós idejű nyomon követését. Emellett bioinformatikai elemzéseket is végzek, amelyek magukban foglalják a Shank3 fehérje szekvenciájának konzerváltságának vizsgálatát, a rendezetlenség predikciók alkalmazását, a lineáris kötő motívumok azonosítását, az aggregációs hajlam predikcióját.

PÉCSY FANNI

pecsyfanni@gmail.com

Biológus

MSc, 4. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Maák István Elek

egyetemi adjunktus, SZTE TTIK

Előnyös-e mindig agresszívnak lenni? Szociálpazsiták elleni agresszivitás szezonális dinamikája egy rabszolga hangyafajnál

Kulcsszavak: agresszivitás; hangyák; parazita elleni védekezés; szezonális; szociálpazsitizmus

A szociálpazsiták olyan szociális rovarok, amelyek más szociális rovarokat használnak gazdaszervezetként kiaknázva azok viselkedését és erőforrásait. Ez a kapcsolat lehet ideiglenes vagy tartós, attól függően, hogy a gazda egyedek csak a kolóniaalapítási időszakban vannak-e jelen a fészekben, vagy a parazitakolónia teljes élete során. Ettől függően a parazitákkal szembeni védekezés költsége is változhat, így valószínűleg kialakulnak olyan adaptációk, amelyek optimalizálják a védekezés költség-hatékonyság arányát. A fentiek fényében megvizsgáltam egy gyakori hangyagazda faj (*Formica fusca*) agresszivitásának évszakos mintázatát egy ideiglenes (*Formica polyctena*) és egy tartós, ún. rabszolgatartó szociálpazsitával (*Formica sanguinea*) szemben. A tesztet három évszakban (tavasz, nyár, ősz) végeztem, évszakonként négy ideiglenes parazita fészkek mellől, négy rabszolgatartó fészkek mellől és négy parazitamentes kontroll területről gyűjtött gazdakolóniával. Az ideiglenes parazita fészkei mellől származó kolóniák gazdadolgozóinak agresszivitásában egyik parazitával szemben sem találtam különbséget az évszakok között, de minden évszakban agresszívbabak voltak a rabszolgatartókkal (*F. sanguinea*), mint az ideiglenes parazitákkal (*F. polyctena*) szemben. A rabszolgatartók közeléből származó gazdák tavasszal és nyáron az ideiglenes parazitákkal, nyáron a rabszolgatartókkal szemben voltak a legagresszívbabak. Ezek a gazdakolóniák tavasszal agresszívbabak voltak az ideiglenes parazitákkal, mint a rabszolgatartókkal szemben, a másik két évszakban pedig mindkét szociálpazsitára hasonlóan reagáltak. A kontroll területekről származó kolóniák nyáron reagáltak a legagresszívbabban a két szociálpazsitával szemben, illetve a reakciójuk mértéke mindkét esetben hasonló volt, míg tavasszal az ideiglenes parazitákhoz képest csak marginálisan mutattak nagyobb agresszivitást a rabszolgatartókkal szemben. A gazdakolóniák e két szociálpazsitával szembeni agresszivitásának eltérő szezonális mintázata valószínűleg a két vizsgált szociálpazsitafaj eltérő stratégiáit és kártételük mértékét tükrözi. A válaszreakció rugalmassága csökkentheti a parazita elleni védekezés költségeit, mivel a fokozott agresszivitás és annak költségei csak akkor figyelhetők meg, amikor a szociálpazsiták fertőzésveszélye a legnagyobb, így például tavasz-nyár határán az ideiglenes parazita kolónia alapításakor, és nyáron a rabszolgatartók hadjáratai idején.

PÉTER ÁRON*peter.aron.aszod@gmail.com*

Molekuláris biológia

MSc, 1. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Prof. Dr. Papp Tamás**tanszékvezető egyetemi tanár, SZTE TTIK**Dr. Nagy Gábor**tudományos munkatárs, SZTE TTIK*

Transzkripciós faktorok szerepének tisztázása a *Mucor lusitanicus* azolokkal szembeni rezisztenciájában

Kulcsszavak: opportunista humán patogén gomba; cink ujj transzkripciós faktor; ergoszterin bioszintézis; pdr hálózat; CRISPR-Cas9

A mukormikózisos megbetegedések évente több, mint egymillió embert érintenek. A betegség hátterében a Mucorales rendbe tartozó járomspórás gombák állnak. A rend tagjai nagy mértékben rezisztensek a leggyakrabban használt antifungális szerekkel szemben (azolokra). E rezisztencia kialakulása mögött leggyakrabban az ergoszterin bioszintézis útvonal enzimeinek (Erg11, Erg6) egyes mutációi, illetve különböző efflux pumpák működési mechanizmusai állnak (PDR és MFS transzporterek). Azonban opportunista humán patogén gombákban azonosítottak egy úgynevezett „pdr hálózatot”, mely magába foglalja az ergoszterin bioszintézisben szerepet játszó enzimeket, az aktív transzportereket, valamint az ezeket az enzimeket kódoló gének szabályozásában résztvevő transzkripciós faktorokat. Ezen transzkripciós faktorok szerepét a járomspórás gombák antifungális rezisztenciájában még nem vizsgálták.

Munkánk során célul tűztük ki az azol-rezisztencia kialakulásában résztvevő transzkripciós faktorok azonosítását és jellemzését. RNAseq illetve in silico analízist követően 9 ilyen transzkripciós faktor gént azonosítottunk. Ezek közül kettővel (tf106, tf821) folytattunk további vizsgálatokat. CRISPR-Cas9 rendszer segítségével deléciós mutánsokat hoztunk létre. Kísérleteink során megfigyeltük, hogy a tf106 mutáns növekedése megváltozik, illetve érzékenyebbé vált több azollra is. Továbbá a gén hiánya befolyásolja mind a pdr és erg gének kifejeződését. A tf821 gén deléciója hasonló, de kisebb mértékű változásokhoz vezetett.

PETIK ÁBEL*petik.abel@hallgato.ppke.hu*

Info-bionika mérnöki

MSc, 5. félév

Pázmány Péter Katolikus Egyetem

Információs Technológiai és Bionikai Kar

*Témavezető:**Hillier Dániel**Egyetemi adjunktus, PPKE ITK*

Rapidly mapping the brain of large animals using functional imaging*Kulcsszavak: funkcionális képalkotás; funkcionális ultrahang; optikai képalkotás; látókéreg*

Amblyopia, a prevalent condition, serves as an invaluable model for understanding neurodevelopmental disorders. This thesis provides an overview of amblyopia and highlights its potential as a gateway to unravelling the complexities of various related conditions. Building upon this foundation, a long-term research plan is outlined, aiming to map the functional organisation of both healthy and perturbed brains and subsequently compare them. The overarching objective is to enhance our understanding of developmental disorders and translate this knowledge into more effective diagnostic and treatment methods.

To accomplish these goals, the thesis discusses the prominent functional mapping techniques employed in neuroscience and proposes the integration of two specific methods to gain a comprehensive understanding of brain function. Notably, the experiments are conducted in large animals – cats –, a species much closer to the human in the organisation of its visual system, than the much more widely used rodent models.

The thesis then continues to describe the planning and development of the software environments required for conducting functional mapping experiments and analysing the acquired data. Detailed descriptions of the functional ultrasound imaging and wide field optical imaging software environments are provided, encompassing their feature sets, visual stimuli, and analysis protocols.

Lastly, the thesis presents the results obtained using the developed software, serving as validation for the methodological advancements achieved.

The primary contribution of the author in this project is the creation and maintenance of software necessary for conducting functional mapping experiments and analysing the acquired data. Additionally, throughout the project, the author has been actively engaged in continuous testing, planned and participated in experiments, data collection, and analysis.

In conclusion, this thesis implements neuroimaging techniques in the quest to unravel the functional organisation of the healthy and perturbed brain. By leveraging the potential of amblyopia as a model, the work contributes to a better understanding of developmental disorders and paves the way for improved diagnostic and therapeutic strategies. The integration of functional ultrasound imaging and wide field optical imaging, combined with the developed software environments, demonstrates promising results, and sets the stage for further investigations in this field.

PETRUS JÚLIA*julcsi.petrus@gmail.com*

Biológia

BSc, 5. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Kozma-Bognár László**egyetemi docens, SZTE TTIK*

FLX-LIKE fehérjék kölcsönhatásának vizsgálata a TOC1 órafehérjével *Arabidopsis thaliana* modellszervezetben

Kulcsszavak: cirkadián ritmus; növény; fehérje kölcsönhatás

A Föld 24 órás tengely körüli forgása miatt számos környezeti tényező mutat napi ingadozást. Ehhez alkalmazkodva sok biokémiai és fiziológiai folyamat ciklikusan zajlik a legtöbb eukariótában. Az életfolyamatokban megfigyelhető napi ritmusokat cirkadián ritmusoknak, az őket létrehozó és fenntartó genetikai oszcillátort pedig cirkadián órának nevezzük. Növényekben a cirkadián óra befolyással van a növekedésre és a virágzásra, így pontos megértése mezőgazdasági szempontból is fontos lehet.

Az *Arabidopsis thaliana* egyik kiemelt jelentőségű órafehérjéje a TOC1 (TIMING OF CAB EXPRESSION 1), amelynek jelenléte elengedhetetlen a cirkadián óra megfelelő működéséhez. Ennek a fehérjének a kifejeződését és működését sok másik fehérje befolyásolja, amelyek egy része még nem ismert. Egy korábbi nagy léptékű fehérje-fehérje kölcsönhatás analízisből kiderült, hogy a TOC1 kölcsönhat egy FLL2 (FLX-LIKE 2) nevű fehérjével, ami szerepet játszik olyan membrán nélküli testek kialakulásában a sejtmagban, amelyekben egyes virágzást szabályozó gének mRNS molekuláinak érése történik. Az FLL2 misszensz mutációja esetén jelentősen csökkent ezen sejtmagi testek száma, míg nullmutációja nem okozott fenotípust. Ennek oka valószínűleg az, hogy az FLX-LIKE családba tartozó egyéb fehérjék (FLL1, FLL3 és FLL4) valamelyike pótolni tudta az FLL2 funkcióját. Ismert továbbá, hogy a TOC1 membrán nélküli testekben található a sejtmagban.

Így felmerül a kérdés, hogy vajon az FLL fehérjék szerepet játszanak-e a TOC1 sejtmagi testeknek a létrehozásában, és ezáltal a cirkadián óra szabályozásában is. Ennek a kérdésnek a megválaszolásához első lépésként a vizsgálandó fehérjéket kódoló géneket élesztő expressziós vektorokba építettük. Ezután speciális, luciferáz riportergént tartalmazó élesztő kettős hibrid rendszer segítségével vizsgáltuk az FLL1, FLL2 és FLL3 fehérjék kölcsönhatását a TOC1 órafehérjével. Eredményeinkkel igazoltuk az FLL2 és a TOC1 fehérjék interakcióját; ehhez viszonyítva az FLL1 és a TOC1 kölcsönhatása, habár szignifikáns eredménynek mondható, gyengébb. Ellenben az FLL3 és a TOC1 fehérjét is kifejező élesztő esetén a kölcsönhatás erősségét jelző lumineszcencia intenzitása mintegy tízszer nagyobb volt az FLL2-TOC1 mintájához képest. A fehérje kölcsönhatásokra kapott pozitív eredmények alapján érdemes többszörös flt mutánsokat létrehozni, és segítségükkel tovább vizsgálni az FLX-LIKE fehérjék és a TOC1 órafehérje kapcsolatát, és ennek a cirkadián órára való hatását.

PISCH HENRIETT*hepi020203@gmail.com*

Biológia BSc

MSc, 3. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

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

Kisemlősök közösségi szintű változása magassásos élőhelyen

Kulcsszavak: északi pocok; természetvédelem; Kis-Balaton

Jelen tanulmány a Kis-Balaton Tájvédelmi Körzet védett lápterületén élő kisemlősök emberi zavarásra adott válaszát vizsgálja. A vizsgált területet sűrű magassásos növényborítás jellemzi, amely változatos kisemlős közösségeket tart fenn, és élőhelyet biztosít az északi pocok pannon alfaja (*Alexandromys oeconomicus mehelyi*) számára. Munkánk során a kisemlősök kaszálásra adott rövid távú közösségi szintű reakcióját vizsgáltuk, mely antropogén zavarás a fokozottan védett északi pocok élőhelyváltását eredményezte. Továbbá arra a kérdésre kerestük a választ, hogy a kaszálást követő évben (2024) a regenerálódott növényzet alapján a kisemlős közösségek formálódása milyen mértékben tér el az előző évtől.

Két, a faj által használt élőhelyfoltot vizsgáltunk. Az első élőhelyről a nagymértékű beavatkozás hatására a faj a megfigyelési időszak alatt lokálisan eltűnt. Ennek következtében új területet kerestünk, amely hasonló sás borítottsággal rendelkezett, mint az első. Ezen a területen sikeresen kimutatásra került az északi pocok.

Az összehasonlító elemzések mérsékelt bizonyítékot mutattak a két vizsgált terület (Area1 és Area2) közösségének szezonális változására, a nyári és az őszi időszakok között jelentős fajösszetételbeli különbségeket mutattunk ki. A 2024-es évben a két terület diverzitása szinte azonos volt. A regenerálódott területek fajösszetétele eltért a 2023-ban detektálttól. A csalitjáró pocok korábban domináns faja volt a területnek, most azonban igen alacsony gyakorisággal volt jelen. Az északi pocok jelenlétét 2024-ben egyik területen sem tudtuk kimutatni.

POÓR HANKA*poor.hanka1@gmail.com*

Biológia

BSc, 3. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

SZABÓ JÚLIA*szabojuli24@gmail.com*

Biológia

BSc, 3. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Horváth Győző**egyetemi docens, PTE TTK**Takács-Soós Anna**PhD hallgató, PTE TTK*

Erdősávval határolt mezőgazdasági parcella kisémlős közösségének változása az őszi búza és az aratást követő visszazöldítés időszakában*Kulcsszavak: mezei pocok, erdősáv, őszi búza, visszazöldítés, kisémlős közösségek*

Kutatásunk során az erdősávval határolt mezőgazdasági parcella kisémlős közösségeit vizsgáltuk. A parcellán történő aratás alapján elkülönítettünk két időszakot, a nyári időszakban őszi búzában, míg az őszi időszakban a már kialakult visszazöldítésben végeztük vizsgálatainkat. Elsődleges célunk az erdősáv és az aratást követő visszazöldítés kisémlős közösségeinek összetételére gyakorolt hatása volt. A főkoordináta analízis szórás diagramján a vizsgált területek (őszi búza, erdősáv nyár, visszazöldítés, erdősáv őszi) között nem tapasztaltunk szignifikáns különbséget. A területeken mindenesetben nagyon hasonló fajszámot tudtunk kimutatni, diverzitás tekintetében a visszazöldített parcella bizonyult a legdiverzebb élőhelynek. A fajgyakorisági görbék eredményei azt mutatták, hogy a parcellákban a mezei pocok rendelkezett a legnagyobb abundanciával, míg a fajrangsor következő elemei a fás vegetációt kedvelő, tehát az erdősávban legnagyobb tömegességgel előforduló *Apodemus* fajok voltak. További vizsgálataink során GLMM modelleket futattunk le, mely során nyomon követtük a mintavételi időszak, a területek borításának és ezen két változó interakciójának hatását. Az erdősávnak szignifikáns pozitív hatása volt a pirok erdeiegér előfordulási valószínűségére mind a két vizsgálati időszakban. A sárganyakú erdeiegér az őszi búza parcellához képest nagyobb valószínűséggel fordult elő az erdősávban, míg a zöldítés kialakulása után szignifikáns csökkenést tapasztalunk az előfordulási valószínűségben a mintavételi időszak függvényében. Ha csak a parcellákat, mint élőhelyeket vizsgáltuk, mindkét erdeiegér a zöldített területet részesítette előnyben, míg a mezei pocok aratás előtti fokozott előfordulási valószínűsége az aratást követően lecsökken, azonban a mintavételi időszak előrehaladtával szignifikáns pozitív növekedést mutat. Megállapítható, hogy a visszazöldítés és a közepén elhelyezkedő erdősáv hatással van a parcellán kialakuló kisémlős közösségek összetételére, hiszen a zöldítésben az erdeiegerek sokkal nagyobb valószínűséggel fordulnak elő, mint az őszi búza borítású parcellában.

POSCHER ANNA ZSÓFIA

annaposcher02@gmail.com

Biológus

MSc, 4. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Czimmerer Zsolt

tudományos főmunkatárs, HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Genetikai Intézet

Az IL-4 és a hipoxiás mikrokörnyezet együttes hatása a makrofágok transzkripció és epigenetikai programjára

Kulcsszavak: makrofág; IL-4; hipoxia; szinergisztikus génaktiváció; epigenetikai szabályozás

A makrofágok a veleszületett immunitás sejtjes elemeinek egy rendkívül diverz, heterogén csoportját alkotják. Különböző mikrokörnyezeti szignálok hatására eltérő fenotípusos állapotokat mutatnak, amelynek két végpontja az interferon gamma (IFN- γ)/ lipopoliszacharid (LPS) által indukált klasszikus, és az interleukin-4 (IL-4) által indukált alternatív makrofág polarizáció. Az alternatív polarizáció számos hipoxiás mikrokörnyezettel együtt járó kórképben megfigyelhető (például daganatokban, fibrotikus folyamatokban, és allergiás légúti gyulladásban). Ennek ellenére a hipoxia alternatív makrofág polarizációra gyakorolt hatása és ennek funkcionális következményei kevésbé ismertek.

Munkánk során új generációs szekvenálás (NGS) alapú módszerekkel vizsgáltuk, hogy a hipoxiás környezet és az IL-4 egyidejű jelenléte hogyan befolyásolja a makrofágok polarizációs programját transzkripció és epigenetikai szinten egér csontvelőből származó makrofágokban (BMDM).

RNS-szekvenálási adatok alapján azonosítottunk 377 gént, amelyek kifejeződését a hipoxiás mikrokörnyezet és az IL-4 szinergisztikusan indukálta. Ezen gének többnyire az alternatív makrofág polarizációra jellemző metabolikus útvonalakban, illetve az immunválasz negatív szabályozásában vesznek részt.

Ezen génkifejeződési mintázat hátterében álló lehetséges epigenetikai változásokat ATAC-, illetve ChIP-szekvenálási adatok alapján vizsgáltuk. 6685 olyan kromatin régiót azonosítottunk, amelyek hipoxiás mikrokörnyezetben, IL-4 jelenlétében nyitott állapotban vannak és a szinergisztikusan indukált génekhez annotálhatók. Ezeken a helyeken megvizsgáltuk az RNS polimeráz II kötődésének változását, amely alapján a szinergisztikusan indukált génekhez annotálható nyitott kromatin régiók négy csoportja különíthető el.

Eredményeink arra engednek következtetni, hogy az IL-4-aktivált alternatív makrofág polarizációs program hipoxiás mikrokörnyezetben is végbemegy és ezen környezeti szignálok együttesen olyan gének kifejeződését fokozzák, amelyeknek szerepe lehet a makrofágok funkciójának módosulásában. Továbbá ennek a folyamatnak a hátterében részben szinergisztikus kromatin nyitás és fokozódó enhanszer aktiváció állhat.

RÁCZ DOROTTYA SZILVIA*dorottyaszilviaracz@gmail.com*

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**dr. Andics Attila**tudományos főmunkatárs, ELTE TTK**dr. Morvai Boglárka**tudományos munkatárs, ELTE TTK*

Hangok egyedi szinten történő elkülönítésének vizsgálata a kutyaagyan gyors periodikus auditoros ingerlés segítségével

Kulcsszavak: összehasonlító kognitív idegtudomány; hangadó-elkülönítés; FPAS

A fajtársak – szociálisan tipikusan a leginkább releváns partnerek – hangja számos faj agyában megkülönböztetett módon kerül feldolgozásra. Keveset tudunk azonban arról, mi hajtja ezt a preferenciát. Azért részesít előnyben az agy egy hangot, mert fajtárstól származik (ősi evolúciós relevancia), vagy az adott faj mindennapokban betöltött relevanciája a fő tényező (tapasztalati relevancia)? A kutya-ember kapcsolat ideális modell lehet a két tényező hatásának vizsgálatára: azon kutyák számára, akik nemcsak arra lettek szelektálva, hogy hatékonyan kommunikáljanak az emberrel, hanem a mindennapjaikat is emberek között töltik, az emberi hangok szociálisan relevánsabbak lehetnek, mint fajtársaiké, míg emberek esetén a kutyahangok relevánsabbak lehetnek a kutyagazdák, mint a kutya nélkül élők számára. Egy gyors periodikus auditoros ingerlést elektroencefalográfiával kombináló kísérletben kutyák (N=16) és emberek (N=21) számára olyan kizárólag kutya- vagy kizárólag emberi vokalizációkból álló ritmikus hangfolyamokat mutattunk be, ahol két, ugyanattól az egyedtől származó hangot mindig egy eltérő egyed hangja követett. Feltételeztük, hogy a ritmikus hangadó-változtatás észlelése neurális hangolódást (neural entrainment) vált ki. Azt vártuk, hogy ha a tapasztalati relevanciának nagyobb befolyása van a feldolgozási preferenciák kialakulására, mint az ősi evolúciós relevanciának, akkor mindkét faj agya az emberi hangfolyamban fogja könnyebben észlelni a hangadó-változást, vagyis arra mutat majd erősebb neurális hangolódást. Azt találtuk, hogy mindkét faj agya az emberi hangfolyamra hangolódott rá jobban, annak ellenére is, hogy akusztikailag a kutya és ember hangadók hasonló mértékben voltak elkülöníthetőek. Az emberek összességében képesek voltak kutyahangokat egyedi szinten elkülöníteni, azonban a kutyagazdák nem mutattak erősebb hangolódást, mint a kutya nélküliek. A tapasztalati relevancia tehát felülírhatja az ősi preferenciákat a hangfeldolgozás során, viszont a hangadó fajjal való egyéni tapasztalat nem feltétlenül javítja a hangadó-elkülönítési képességeket.

A pályamű alapjául szolgáló kísérlet valamennyi lépését magam végeztem. Témavezetői segítséggel dolgoztuk ki a kísérleti protokollt. Magam végeztem a hangingerek felvételét, előkészítését, szerkesztését, akusztikai elemzését. Én folytattam le az adatgyűjtést mindkét faj esetén. Témavezetői konzultációt követően elvégeztem az adatok tisztítását, a frekvencia- és statisztikai elemzéseket, a pályamű megírását.

RÁK GERGŐ ATTILA*rakgeri99@gmail.com*

Biológus

MSc, 2. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Mizsei Edvárd**projektkoordinátor, Kiskunsági Nemzeti Park Igazgatóság*

**A rákosi vipera (*Vipera ursinii rakosiensis*) élőhelyválasztása a Kiskunságban:
preferencia az élőhelyfoltok határa felé**

Kulcsszavak: élőhelyválasztás; herpetológia; hüllő; gyepökológia; növénytársulás

A füvesélőhely-specialista rákosi viperának (*Vipera ursinii rakosiensis*) mára három populációja maradt fenn Magyarországon. Kettő ezek közül a Kiskunságban található, ahol a füvesélőhelyi növénytársulások (élőhelytípusok) mozaikos élőhelykomplexet képeznek. A veszélyeztetett taxon élőhelyválasztásának megismeréséhez arra kerestem a választ, hogy (i) milyen élőhelytípusokat preferál, (ii) összefügg-e az élőhelyválasztása az élőhelytípus-határokkal, és ha igen, (iii) melyik élőhelytípusok határát preferálja? Ehhez az utóbbi harminc év kiskunsági viperaészleléseit vettem alapul, és felhasználtam a terület legfrissebb növényzeti térképeit. Általános lineáris modelleket illesztettem, amiben a viperaészlelések adják a függő változót, míg az élőhelytípusok, az élőhelytípus-határoktól való távolság és az egyes élőhelytípus-határ párok magyarázó változókként szolgálnak. Eredményeim szerint a vizsgált élőhelyeken előforduló 18 élőhelytípusból 7 szignifikánsan pozitívan hatott a vipera jelenlét valószínűségére. A jelenlétpontok gyakorisága alapján leginkább preferált élőhelytípus az alföldi homoki sztyeppré. Az élőhelytípus-határoktól való távolság szignifikánsan negatívan hatott a vipera jelenlét valószínűségére. Az élőhelytípus-határok közül a mocsárrét-homoki sztyeppré határán a legnagyobb a jelenlét valószínűségére. Ezek az eredmények segítenek megérteni a fokozottan védett rákosi vipera speciális élőhelyigényeit, és felhívják a figyelmet a sérülékeny mozaikos élőhelyszerkezet fontosságára.

REZNYÁK BRIGITTA

reznyak.brigitta@gmail.com

Biológus

MSc, 1. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:

Dr. Nagy Gábor

tudományos munkatárs, SZTE TTIK

Dr. Takó Miklós

egyetemi adjunktus, SZTE TTIK

Egy *Lichtheimia ramosa* glikozid hidroláz 31 fehérje termeltetése heterológ rendszerben

Kulcsszavak: járomspórás gomba; α -glükózidáz; génkifejeződés; *Komagataella phaffii*; affinitás kromatográfia

A járomspórás gombák talajban, lebomló szerves anyagokon előforduló szaprotróf fonalas gombák. A gombacsoportból számos fajt alkalmaznak ipari és biotechnológiai jelentőségű extracelluláris enzimek termeltetésére. A gyakorlati szempontból fontos enzimek közül kiemelkedőek a glikozid hidroláz 31 (GH31) fehérjecsaldba tartozó enzimek, melyek oligoszacharidok hidrolizálására és szintetizálására egyaránt képesek. Nagy jelentőséggel bírnak a glükóz-anyagcserében, bakteriális és vírusos fertőzésekben, áttétképződésben és sejtfal átalakításban. A GH31 enzimcsaldba rendkívül változatos hidrolitikus aktivitással rendelkező enzimek tartoznak, többek között α -glükózidázok, α -mannozidázok, α -galaktozidázok és α -xilozidázok. Közülük az α -glükózidázt keményítő glükózszirupká történő átalakítására, valamint a transzglükózidáz aktivitása miatt élelmiszer-oligoszacharidok előállítására használják az élelmiszeriparban.

Laborunkban korábban vizsgálták a járomspórás gombák extracelluláris enzimtermelését. Az eredmények azt mutatták, hogy a vizsgálatba bevont *Lichtheimia ramosa* SZMC 11360 törzs igen magas α -glükózidáz aktivitással rendelkezik. Natív-poliakrilamid gélelektroforézisen történő elválasztást követő tömegspektrometriai elemzés során GH31 családba tartozó α -glükózidáz fehérjét azonosítottak. Az előzetes vizsgálatok az *L. ramosa* genomadatbázisát megvizsgálva kettő feltételezett GH31 α -glükózidáz kódoló gént azonosítottak (gh31a és gh31b). Jelen kutatás célja a *L. ramosa* SZMC 11360 GH31 α -glükózidáz enzimjét kódoló gének kifejeződésének vizsgálata, az enzim heterológ rendszerben történő termeltetése, valamint az enzim gyakorlati felhasználás szempontjából jelentős biokémiai tulajdonságainak vizsgálata volt.

Valós-idejű kvantitatív PCR segítségével megvizsgáltuk a gének kifejeződését búzakorpa-alapú induktív környezetben való tenyésztési időszak alatt. Megállapítottuk, hogy gh31a kifejeződése a 2. napon a legmagasabb, mely az idő előrehaladtával csökken, még a gh31b kifejeződése állandó szintet mutat. A GH31a rekombináns fehérjét sikeresen termeltettük *Komagataella phaffii* élesztőben. A tisztított enzim működésének hőmérséklet és pH optimumát 50 °C és pH 6,6 körül azonosítottuk.

RÓDE LEA

rodelea123@gmail.com

Kémia

BSc, 6. félév

Eszterházy Károly Katolikus Egyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. B. Tóth Szabolcs**főiskolai docens, EKKE TTK*

Ehető növényi csírák és mikrozöldek antioxidáns kapacitásának és összetételének vizsgálata különböző biomagokból

Kulcsszavak: mikrozöld; csíra; antioxidáns kapacitás; bioaktív komponensek; GCMS

A kutatásom során optimalizáltam és kidolgoztam egy újabb és költséghatékonyabb csíra és mikrozöld termesztési módszert, amelyet a további kutatásom során a vizsgálati alapanyagok termesztésében alkalmaztam. Optimalizáltam a szakirodalmi cikkekben található DPPH és FRAP mérési paramétereket, oldatkonzentrációikat. A vizsgálatok során kimutattam, hogy a csírák és a mikrozöldek antioxidáns kapacitásának összehasonlításakor a mikrozöldek nagyobb antioxidáns kapacitással bírnak. Az antioxidáns kapacitás mérés mellett az összes polifenol tartalom meghatározást is elvégeztem (Folin-Chiocalteus) a csírákon és a mikrozöldeken, galluszsavra vonatkoztatott egyenértéküket meghatároztam.

Kutatásomban az optimalizált antioxidáns kapacitás mérésekkel is vizsgáltam az otthon is könnyedén termesztendő, ehető növényi csírák és mikrozöldek közül a brokkoli, retek, hagyma, mángold cékla, búza, zsázsa, mungóbab rukkola és lucerna antioxidáns kapacitását, valamint GCMS módszerrel is vizsgáltam az összetételüket.

A gyök megkötésén alapuló két módszer, a (DPPH) illetve a vasredukálóképességen alapuló (FRAP) módszerek arányaiban közel azonos értékeket adtak az antioxidáns kapacitásról a vizsgált mintákból. Összeségében elmondható, hogy mind a csíra, mind a mikrozöld esetén a mángold és cékla antioxidáns kapacitása szignifikánsan nagyobb a többi vizsgált bionövényvel szemben.

Kimutattam, hogy közkereskedelemben általában kapható hagyma, retek, illetve brokkoli csírák és mikrozöldek közül a reteknek a legnagyobb az antioxidáns kapacitása, ezzel szemben a hagyma legkisebb az antioxidáns kapacitással bír.

A GCMS vizsgálatokkal kimutattam a csírákból és a mikrozöldekből is több antioxidáns vegyületet, köztük 3 különböző, szakcikkekben említett rákellenes anyagot is.

A minőségi analízis során, GCMS módszerrel számos antioxidáns vegyületet azonosítottunk. A csírákat és mikrozöldeket összehasonlítva intenzitás szempontjából azt az eredményt kaptuk, hogy a mikrozöldek általánosan 1 vagy 2 nagyságrenddel nagyobb intenzitással rendelkeznek, mint ahogyan ezt a korábbi antioxidáns kapacitás mérésnél is tapasztalhattuk. Mind csírák, mind mikrozöldek hasznos cukrokat, aminosavakat tartalmaznak. Csírákban kimutattunk többféle antioxidáns vegyületet is. Amit különösen kiemelnék, hogy különböző rákellenes vegyületet (9,15-OCTADECADIENOIC ACID, METHYL ESTER, (Z,Z)-, illetve 9,12-OCTADECADIENOIC ACID (Z,Z)-) is azonosítottunk, melyek az emlőrák legküzdésében hasznos antioxidánsok.

ROSZIK SÁRA*rosziks@student.elte.hu*

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Miklósi Ádám**egyetemi tanár, ELTE TTK*

Mitől borzonganak a kutyák? – Fajfelismerés vizsgálata kutya-robot interakciók tanulmányozásával

Kulcsszavak: fajfelismerés; kutya-robot interakciók; etológia; etorobotika

A fajtársak és más élőlények felismerése különböző szociális kontextusokban alapvető fontosságú, adaptív viselkedés. A fajfelismerési mechanizmusok összetettsége miatt azonban vitatott, mit tekintenek az állatok élőlénynek, fajtárssnak. Kutatásunkban családi kutyák spontán viselkedését vizsgáltuk ismeretlen, semleges viselkedő ágensekkel való találkozásokkor. A családi kutyák meglévő szociális tapasztalataira alapozva azt vártuk, hogy az alanyok gyakrabban mutatnak félelemre, agresszióra utaló viselkedést, amikor egy négylábú, állatszerű robottal vagy egy segédpincér robottal találkoznak, mint amikor egy fajtárssal vagy egy emberrel. A két robottal való találkozásokkor a négylábú robot esetén vártunk gyakoribb félelmi, agresszív reakciót, tekintve, hogy az állatszerűbb robot egyértelmű kategorizációja nehezebb a kutyák számára. Minden alany két ágenssel találkozott külön-külön, amelyek kétszer 1 perces mozgássort mutattak be. Eredményeink alapján több kutya mutatott agresszív viselkedést a négylábú robottal szemben, ami megegyezett a predikciónkkal. Félelmi viselkedésben viszont nem találtunk különbséget a két robottal szemben. A segédpincér robottal és az emberrel való találkozásokkor nem adódott különbség sem félelem, sem agresszió tekintetében. A négylábú robot jelenlétében való félelmet részben a robot kutyaszerűsége, részben az általa keltett zaj okozhatta.

Kutatásunk elsőként tett kísérletet, hogy kutya-robot interakciók tanulmányozásával vizsgáljunk fajfelismerést. A felismerési mechanizmusok mélyebb megértéséhez további kísérletek szükségesek, melyekben az ágens kutyához való hasonlóságát célzottan változtatjuk.

SALA DÓRA*sala.dori33@gmail.com*

Molekuláris Biológia

MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Apjok Gábor**posztdoktor kutató, Szegedi Biológia Kutatóközpont**Dr. Kintses Bálint**tudományos főmunkatárs, Szegedi Biológia Kutatóközpont*

A bakteriofágok vér- agy gáton való átjutását elősegítő genetikai determinánsok azonosítása az antibiotikum-rezisztens patogének okozta agyi fertőzések kezelésére

Kulcsszavak: bakteriofág; antibiotikum-rezisztencia; vér-agy gát; immunglobulin-szerű domén; idegrendszeri betegségek

A világszerte rohamosan terjedő antibiotikum-rezisztens kórokozók napjaink egyik legnagyobb egészségügyi kihívását jelentik. A központi idegrendszert érintő fertőzések kezelése ezen felül is különösen nehéz az idegrendszert védelmező vér-agy gát (Blood-Brain Barrier, BBB) nagymértékű szelektivitása miatt, amely a legtöbb gyógyszer átjutását gátolja. A bakteriális vírusok (bakteriofágok v. fágok) terápiás alkalmazása ígéretes alternatívát jelent az antibiotikum-rezisztens patogének elleni küzdelemben. Mindemellett, bizonyos fágok képesek áthatolni a BBB-en, így akár idegrendszeri bakteriális fertőzések kezelésére is alkalmasak lehetnek. Az átjutás mechanizmusa azonban nem ismert, így kutatásunk célja e képességért felelős genetikai determinánsok azonosítása. Vizsgálataink azt igazolták, hogy a BBB-en átjutó fágok körében kiemelkedően magas az immunglobulin (Ig)-szerű domének prevalenciája. Ezek feltételezhetően a humán sejtek és fágok közötti interakciók mediálásában vesznek részt. Annak alátámasztására, hogy az azonosított domének valóban szerepet játszanak az átjutás folyamatában, rekombináns DNS technológiával olyan fágokra helyeztük őket, amelyek nem képesek áthatolni a BBB-en. Kutatásunk alapul szolgálhat olyan genetikailag módosított fágok létrehozásához, amelyek terápiás felhasználása alkalmas lehet az agyat érintő fertőzések- vagy akár egyéb típusú betegségek kezelésére.

SALAMON BETTINA KITTI*salamon.bettina05@gmail.com*

Biológus

MSc, 3. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Czéh Árpád**tudományos főmunkatárs, PTE TTK*

Minimális gátlókoncentráció meghatározására alkalmas módszerek összehasonlító vizsgálata *Aspergillus* fajok esetében

Kulcsszavak: mikotoxin; CLSI; agar hígítás; fonalas gomba; aflatoxin

A mikotoxin termelő gombák komoly veszélyt jelentenek az emberekre, az állatokra és a növényekre egyaránt, valamint súlyos globális problémákat okoznak a mezőgazdaságban, az élelmiszeriparban és az egészségügyben is. Az *Aspergillus* nemzetség több mint 340 hivatalosan elfogadott fonalas gombafajt foglal magában, amelyek a Földön a leggyakoribb és legelterjedtebb gombák közé tartoznak. A vizsgálataink középpontjában két faj, az *Aspergillus flavus* és az *Aspergillus parasiticus* állt. Mindkét csoport jelentős szerepet játszik az egyik legveszélyesebb mikotoxin, a karcinogén aflatoxin termelésében. A klímaváltozás következtében Európa több országában megjelentek aflatoxinogén *Aspergillus* fajok, többek között Magyarországon is, emiatt különösen fontos a fertőzések detektálása és a mielőbbi válaszlépés. Az infekció elleni védelem és kezelés során fontos megállapítani milyen dózisban alkalmazzunk egy adott fungicid vegyületet, minimálisra csökkentve a rezisztencia vagy a súlyos mellékhatások kialakulását. A megfelelő gombaellenes szer alkalmazási mennyiség megtalálásával a végső cél a toxintermelés gátlása, ezen keresztül a komplett toxinszint csökkentése. Ennek okán a céloom kettő a gyakorlatban is alkalmazott minimális gátló koncentráció meghatározására alkalmazott módszer összehasonlító vizsgálata (agar hígításos és CLSI mikrodilúciós technika) volt, két olyan gombaellenes szer esetében, amelyek közül az egyik a mezőgazdasági (metkonazol), a másik a klinikai (vorikonazol) gyakorlatban kerül alkalmazásra. A két protokoll összehasonlításából eredő előnyök és hátrányok figyelembevételével a későbbiekben egy egységes, jól reprezentálható hibrid eljárás kidolgozását tervezzük, amely beépíthető a kutatási, valamint a mezőgazdasági gyakorlatba is. Egy szabványosított módszer kidolgozása érdekében bevonásra kerülnének a későbbiekben további *Aspergillus* fajok is.

A CLSI mikrodilúciós technika egy alacsonyabb koncentráció értékeket mutató eljárás, könnyen reprodukálható eredményekkel, azonban a keverék heterogenitása miatt a műszer gyakran detektál kiugró értékeket, ha egy denzebb micéliumhálózatnál mér. Az agar hígításos módszer egy durvább technika, amelyben nagyobb eséllyel történik emberi hiba, azonban összességében egységesebb gátló koncentráció értékeket mutatott. Ez utóbbi előnye, hogy egy nem szakképzett személy is egyszerűen végre tudja hajtani.

SCHWARTZ BALÁZS*sbalazs1999@gmail.com*

Kémia

BSc, 8. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Varga Mónika**tudományos munkatárs, SZTE TTIK*

Baktérium-gomba kölcsönhatás metabolomikai hátterének vizsgálata

Kulcsszavak: Aspergillus flavus; Pseudomonas paracarnis; konfrontáció; HPLC-ESI-HRMS

A gombák és baktériumok közötti kölcsönhatásokra számtalan példát találunk a természetben, melyek mikrobiális ökológiai jelenségek mozgatórugói és többek között hozzájárulnak a magasabb rendű növények és állatok egészséges fejlődéséhez is. Az interakciók során változó információtartalmú, kémiai alapú kommunikációs folyamat alakul ki, mely metabolomikai eszközökkel vizsgálható.

Célunk a mezőgazdaságban jelentős károkat okozó *Aspergillus flavus* fajba tartozó törzs és egy, korábbi kísérleteink szerint vele szemben antagonista hatást mutató *Pseudomonas paracarnis* izolátum között létrejövő kölcsönhatás metabolomikai hátterének feltárása volt HPLC-ESI-HRMS módszerrel. Vizsgáltuk a konfrontációs kísérlet metabolit összetételét, a két mikroorganizmus metabolit mintázatát külön-külön, a partner sejtmentes felülszójában, valamint a partner elölt micélium/sejt maradékainak jelenlétében. A metabolomikai vizsgálatok igazolták a vizsgált törzsek közötti antagonista kölcsönhatást, mivel a baktériumra jellemző metabolitok jelentős részét, és csak néhány gombára jellemző metabolitot tudtunk kimutatni a konfrontációs kísérletben. Detektáltunk és részben azonosítottunk nyolc, kizárólag a konfrontációban megjelenő metabolitot, melyek feltételezésünk szerint gomba eredetűek. A partner sejtmentes felülszójában és az elölt micéliumok/sejtek jelenlétében történő tenyésztések során is új, a többi kísérleti elrendezésben nem detektált metabolit jelenlétét mutattuk ki.

Eredményeink szerint a vizsgált mikroorganizmusok érzékelték és megváltozott metabolit termeléssel reagáltak az interakciós partner jelenlére. Az újonnan megjelenő, illetve koncentráció változást szenvedő metabolitok azonosítása hozzájárulhat a támadási/védekezési mechanizmusok megértéséhez.

SEBE ZSOLTNÉ

sebezsoltn@gmail.com

Biológia

BSc, 5. félév

Nyíregyházi Egyetem

Témavezető:

Dr. Halász Judit

főiskolai docens, NYE

A Borsod-Abaúj-Zemplén Vármegyei Kórház és Egyetemi Oktatókórházban a Központi Aneszteziológiai és Intenzív Terápiás Osztályon kimutatott multirezisztens baktériumok eloszlása 2022-ben

Kulcsszavak: nosocomiális infekció; kapcsolt fertőzések; intenzív osztály; multirezisztens kórokozók; MRSA

A nosocomiális infekciók, és ezzel egy időben a bakteriális rezisztencia kialakulása napjainkban egyre nagyobb figyelmet kap. Biológus hallgatóként szeretném bemutatni, hogy a felmért osztályon a kimutatott multirezisztens fertőzések során milyen összefüggésekre derült fény a kórokozók közti interakciók, és a halálozási adatok között a mikrobiológiai mintavételezés eredményeinek elemzésével.

Az összegyűjtött adatok alapján a betegek 29,05%-ban volt kimutatható a multirezisztens kórokozóval való fertőzöttség, ami 36,16%-kal emelte a halálozás kockázatát. A vizsgálatok során az ESBL baktériumok között a KPN (*Klebsiella pneumoniae*), és az ECO (*Escherichia coli*) kórokozók együtt okozta a legtöbb fertőzést. Ezt követte a MACI (Multirezisztens *Acinetobacter baumannii*), a CDI (*Clostridium difficile*), a VRE (Vancomycin rezisztens *Enterococcus*), az MPAE (Multirezisztens *Pseudomonas aeruginosa*), az MRSA (Meticillin rezisztens *Staphylococcus aureus*), és végül az MSTM (Multirezisztens *Stenotrophomonas maltophilia*). Az eredmények alapján az MPAE fertőzés halálozási rátája volt a második legmagasabb a multirezisztens kórokozók között (75%), e tekintetben csak az MSTM előzte meg, (100%). Bár az MRSA előfordulási gyakorisága a vizsgálatban nem vezeti a listát, de kimutatott MRSA fertőzéssel a halálozási ráta 65,21% volt. A gombafertőzésekkel való kombinált előfordulás bizonyos esetekben növelte, de többségében csökkentette a halálozás kockázatát. A multirezisztens kórokozók jelentős mértékű jelenléte, és a kapcsolt fertőzések során kimutatható mintázat lehetőséget adhat egy új megközelítéshez a terápiás lehetőségekben.

Eredményeink alapján elmondható, hogy a hatékony infekciókontroll elvén szükség van cselekvési tervek kidolgozására. Ezek magukban foglalják a megfelelő antibiotikum politikát, diagnosztikai eljárásokat, gyors tesztek, illetve az ismeretek továbbadását, oktatás, továbbképzések, tudományos konferenciák során.

SELMECI MÁTYÁS*selmatyi@gmail.com*

Molekuláris biológia

MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

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

A *Candida parapsilosis* CPAR2_702260 deléciós mutáns jellemzése a hőmérséklet tolerancia vonatkozásában*Kulcsszavak: Candida, Candida parapsilosis, humán patogén, hőstressz, hőszenszitivitás*

A gombák kozmopolita, szaprofita élőlények, és bizonyos fajaik humán patogén kórokozókként ismertek. Egyesek életveszélyes szisztémás megbetegedések kiváltására is képesek, amelyek leggyakoribb okozói a *Candida* fajok. Közülük az alacsony születési súllyal világraajött csecsemők körében problémát jelentő *C. parapsilosis* kiemelt jelentőséggel bír. Laboratóriumunk ezen opportunistá humán patogén faj fiziológiai és virulencia sajátosságainak vizsgálatával foglalkozik. Géndeléciós mutánskönyvtárunk jellemzése során azonosításra került egy törzs, amely 37 °C-on erőteljes növekedési defektust mutat. Megállapítottuk, hogy a kérdéses gén, a CPAR2_702260, a péklesztő MET28 génjével ortológ, amely a szervetlen kén felvételében és továbbalakításában szerepet játszó enzimek génjeinek transzkripciójának regulátora, de hiánya nem eredményez hőszenszitiv fenotípust. Munkám során célunk a CPAR2_702260 deléciós mutáns részletes fenotipizálása volt különös tekintettel a kén anyagsere és a hőmérséklet érzékenység közötti összefüggésre. Eredményeink szerint a vizsgált gén hiányában a sejtek életképessége csökkent minimál táptalajon szerves kénforrás nélkül 30 °C-on. A hőérzékeny fenotípus szorbitollal és metioninnal részlegesen menekíthető, de a cisztein toxikusnak bizonyult. Megfigyeléseink példát szolgáltatnak arra, hogyan egy fehérje új funkcióra tesz szert az evolúció során, amely által egy mikroba alkalmassá válhat a fiziológiás humán testhőmérséklet elviselésére, és sikeres humán patogénné fejlődhet.

SIMON HELGA*simonhelga2002@gmail.com*

Biológus

MSc, 1. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Torma Attila**egyetemi docens, SZTE TTIK**Magyar Botond**PhD hallgató, SZTE TTIK*

„Méhlegelők” nem csak méheknek*Kulcsszavak: méhlegelő, poloska, kabóca, faj- és egyedszám, jellegek*

Földünk biológiai sokfélesége elengedhetetlen szükséglet, nagy mértékben függ tőle az emberiség. A biodiverzitást globálisan veszélyeztető tényezők közül az egyik leghangúlyosabb a túlnépesedés által megerősödő urbanizáció. A városok nagymértékű beépítettsége több következménnyel jár: a városi hősziget hatás, zaj- és fényszennyezés mellett kevés az olyan élőhely-foltok száma, melyek kielégítő forrásokat nyújthatnak a városi faunának; illetve ezen foltok összeköttetése akadályozott, korlátozott a közöttük való mozgás az állatok számára. Ezen negatív hatások mérséklésére megoldást nyújthat a zöld infrastruktúra tervezés – például a beporzók számára kialakított virágsávok, az ún. „méhlegelők”. A virágos területek azonban, a beporzók mellett, többféle módon segíthetik a városi ízeltlábúak túlélését és fennmaradását is. Egyrészt táplálékbázist, búvóhelyet, továbbá árnyékoló tevékenységük révén kedvező mikroklimatikus körülményeket biztosíthatnak. Jelen kutatásunkban Szegeden városszerte húsz, standard magkeverékkel bevetett virágsávon, és a hozzájuk tartozó kontrollként használt zöldterületen vizsgáltuk az ízeltlábúak diverzitását és jellegeiket. Az ízeltlábúak faj- és egyedszáma, valamint funkcionális diverzitása szignifikánsan magasabb volt a méhlegelőkön, mint a kontroll területeken, kivéve a kabócák egyedszámát. A vizsgált fajok jellegeinek közösségi átlagait (CWM) tekintve, a méhlegelőken szignifikánsan több, nagyobb méretű és nedvesebb élőhelyeket kedvelő poloska és kabóca fordult elő a kontroll gyepekhez képest. A kabócák esetében a mobilis fajok felé, a poloskák esetében a magasabb trófikus szintek felé tolódtak el ezen jellegek közösségi átlagai a méhlegelőken. Nem találtunk szignifikáns különbséget sem a poloskák sem a kabócák tápnövény specializációja terén a méhlegelő és a kontroll gyepek között. A méhlegelő faj- és egyedszámát a lokális tényezők (vegetáció paraméterei és talajnedvesség) kevésbé befolyásolták, mint a beépítettség mértéke. Eredményeink alapján ezen kisméretű élőhelyek nagy mértékben képesek támogatni a városi ízeltlábú-együtteseket.

SINKÓ ZALÁN*sinkozalan@gmail.com*

Biológia

BSc, 5. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Pozsgai Gábor**egyetemi docens, PTE GYTK**Göntér Kitti**PhD hallgató, PTE ÁOK*

A dimetil triszulfid endokannabinoid rendszeren keresztül kifejtett anxiolitikus és antidepresszáns hatásának vizsgálata

Kulcsszavak: dimetil-triszulfid; depresszió; szorongás; endokannabinoid-rendszer; viselkedéstervezet

A depresszió és a szorongás modern korunk leggyakoribb mentális betegségeihez tartoznak, komoly társadalmi és gazdasági terhet róva az emberi közösségre. A dimetil-triszulfid (DMTS) egy kedvező farmakokinetikai tulajdonságokkal bíró, a vér-agy gáton is áthatolni képes, szerves poliszulfid, amely előzetes kutatásaink alapján részt vehet a stresszhez kapcsolódó agyi mechanizmusokban. E dolgozat célja a DMTS antidepresszáns-szerű és anxiolitikus hatásának vizsgálata volt, különös tekintettel az endokannabinoid rendszer szerepére, valamint az endokannabinoid rendszer közreműködésének igazolása a krónikus megújíthatatlan enyhe stressz okozta depresszió-szerű viselkedés egérmódelijében. C57Bl/6 törzsbe tartozó egerek csoportjait DMTS kezelésnek, illetve az endokannabinoid rendszerre való hatást igazolandó, a CB1 receptor antagonistá AM251 kezelésnek vetettünk alá, az egerek egy csoportja mindkettőn átesett. A 4 nappali és 3 éjszakai stresszorból álló, 21 napos stresszparadigma során az állatokat a depresszió-szerű viselkedés (farokfelfüggesztési teszt -TST; erőltetett úszás teszt -FST) és szorongásszint meghatározására szolgáló teszteken (nyílt terep teszt -OFT; üveggolyó eltemetési teszt -MBT) vezettük át, a modell validitását szukrózpreferencia teszt segítségével igazolva (SPT). Az egerek testtömegének változása is dokumentálásra került. A krónikus stressznek kitett állatok testsúlycsökkenést és megemelkedett szorongási szintet, valamint depresszió-szerű viselkedést mutattak, amely az alkalmazott tesztekben megnyilvánult. A DMTS kezelés mind a depresszió-szerű viselkedést, mind a szorongási szintet, valamint a testtömeg növekedését is csökkentette, antidepresszáns hatásában az endokannabinoid rendszer szerepe beigazolódott, szorongásoldó hatásában ugyanakkor nem bizonyult szignifikáns tényezőnek. A DMTS potenciális jelölt lehet a depresszió és szorongás kiegészítő kezelésében mint gyógyszer, vagy mint táplálékkiegészítő.

Személyesen a stresszorok alkalmazása során; a szorongásra és depresszióra utaló vizsgálatok kivitelezésében és videós, szoftveres kiértékelésében; az állatok kémiai anyagokkal való kezelésében; terminálásában és a jelenleg zajló vizsgálatokhoz felhasznált szövetmintáik begyűjtésében; illetve a kapott adatok bevitelében és kiértékelésében is közreműködtem.

SIPOS ATTILA

attilasipos2002@gmail.com

Biológia

MSc, 1. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Csiky János**egyetemi docens, PTE TTK*

Mennyiben javítja a mohaflóra feltártságát a harasztflóra lokális maximumainak keresése a mecseki völgyekben?

Kulcsszavak: pozitív asszociáltság, harasztok, mohák, térképezés, Mecsek

Dolgozatomban egy, a mohatérképezés sikerének javítását segítő módszer lehetőségeit vizsgáltuk. Lényegében arra a kérdésre kerestük a választ, hogy a páfrányok felkutatása mennyiben könnyíti meg a mohaflóra jobb feltárását. Ezt a megközelítést, ritka virágos növények lelőhelyeinek felkutatásával, már Boros Ádám és Vajda László, a hazai bryológia atyjai is alkalmazták.

Megközelítésünk azon a feltételezésen alapul, hogy a mohák és harasztok gametofitonjai hasonló környezeti tényezőkre érzékenyek. Ennek megfelelően mikroléptékben is hasonló helyeken fordulnak elő. Mivel a harasztok méretükben nagyobbak, detektálásuk egyszerűbb, mint a hasonló élőhelyeket kedvelő, de nehezen észlelhető moháké. Ha a két taxon képviselői valóban hasonló élőhelyeket preferálnak, akkor várható, hogy a harasztok jó indikátorai a moha lelőhelyeknek. A módszer kipróbálása céljából 113 db 1 m²-es cönológiai felvételt készítettünk a Mecsek völgyeinek páfrányfajokban legfajgazdagabb részein.

A mintavétel eredményeként számos új, védett és veszélyeztetett mohafajt mutattunk ki a Mecsek korábban már térképezett Közép-európai Flóratérképezési (KEF) kvadrátjaiban, melyek mohászati szempontból az ország egyik legkutatottabb régiójának számítottak.

A módszer segítségével KEF negyedkvadrátonként átlagosan több, mint 9%-os fajsám növekedést értünk el, csupán néhány négyzetméternyi terület felmérésével. A felmérés során a Mecsek hegységre új fajokat is felfedeztünk, sőt országos és európai ritkaságok újabb állományait mutattuk ki. Vizsgáltuk továbbá, hogy az egyes harasztok, illetve ezek kombinációi milyen mohákkal mutatnak pozitív asszociáltságot. Erdeményeink alapján, mintavételünkéből is következően, csak kevés faj és valamivel több fajkombináció esetén mutatható ki ilyen kapcsolat. Ezeknek fajkombinációknak és magának a módszernek a finomítása és szélesebb körű tesztelése a hazai középhegységben még a jövő feladata.

SIPOS LEVENTE

dfgsiplev@gmail.com

Molekuláris biológia

MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Csörgő Bálint**tudományos főmunkatárs, HUN-REN SZBK*

Profág régiók szisztematikus vizsgálata genomszerkesztési módszerekkel

Kulcsszavak: antibiotikum rezisztencia; genomszerkesztés; fágterápia; CRISPR-Cas3; patogén baktériumok

Az antibiotikum-rezisztens baktériumok egyre nagyobb gondot jelentenek világszerte: évente több mint 1,2 millió beteg halálát okozzák, miközben egyre kevesebb rezisztencia-mentes, hatásos antibiotikum kerül piacra. Új módszerekre és alternatív megközelítésekre van szükség, hogy hatásos gyógymódot nyújthassunk a betegeknek. Ehhez előbb meg kell értenünk, hogyan alakul ki az antibiotikum-rezisztencia és hogyan kerülhetjük meg ezt a problémát.

Így például a patogén baktériumok genomjába épült profág régiók pontos szerepe sem teljesen tisztázott. Ezek a genomi szigetekbe szerveződött, fág eredetű szekvenciák hordozhatnak antibiotikum rezisztencia géneket, virulencia faktorokat vagy olyan egyéb géneket, amelyek segítik az alkalmazkodást új környezethez. Ahhoz, hogy erről meggyőződhesünk, nagy precizitással és hatékonysággal kell eltávolítani őket. A CRISPR-Cas9 enzimrendszer felfedezése az elmúlt évtizedek egyik legnagyobb tudományos áttörésének bizonyult. Több hasonló rendszert is felfedeztek, köztük a Cas3 rendszert is, mely alkalmas akár több száz kb-os DNS szakaszok, így profágok eltávolítására is. Segítségével hatékonyan hozhatunk létre tetszőleges, nagyméretű deléciókat a genomban. Ezzel az új molekuláris eszközzel klinikailag izolált multidrog-rezisztens baktériumok genomjai is szerkeszthetővé válnak.

A profág-mentes baktériumok révén jobban megérthetjük a baktériumok evolúcióját és adaptációját, illetve új utakat nyithatunk meg az antibiotikum rezisztencia leküzdésére.

A bakteriofág-terápia a jövő ígéretes gyógymódja lehet, amellyel milliók életét menthetjük meg.

SÍPOS LILLA*lillasipos98@gmail.com*

Biológus (Növénybiológia specializáció)

MSc, 4. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Viczián András**tudományos főmunkatárs, HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóközpont*

Az UVR8 fotoreceptor foszforilációjának élettani hatásai *Arabidopsis thaliana* csíranövényben

Kulcsszavak: UV RESISTANCE LOCUS 8 (UVR8); foszforiláció; fotomorfogenezis

Az ultraibolya B (UV-B) sugárzás (280-315 nm) a napfény nagy energiájú összetevője, és mivel sok, az élőlényeket felépítő makromolekula elnyeli, ezért károsíthatja azokat és befolyásolhatja növekedésüket, fejlődésüket. Mivel a növények helyhez kötött életmódot folytatnak, az UV-B hatásának kivédése kihívást jelent számukra. Az UV RESISTANCE LOCUS 8 (UVR8) fotoreceptor az UV-B sugárzást érzékeli és jelátviteli utak szabályozása révén a növények válaszait szabályozza. Az UVR8 és az általa irányított jelátviteli utak működésének megértése lehetővé teszi számunkra, hogy mélyebb betekintést nyerjünk a növények UV-B sugárzásra adott válaszába. Csoportunk előzetes eredményei megmutatták, hogy az UVR8 képes foszforilálódni növényekben és azt feltételezzük, hogy ennek a poszttranszlációs módosítás hatással van az UVR8 funkciójára, mert befolyásolja az UVR8 kölcsönhatásait más fehérjékkel és szabályozza a növények adaptív válaszait az UV-B sugárzásra. Olyan módosított UVR8 fehérjét fejeztünk ki UVR8 hiányos növényekben, melyek az adott foszforilált aminosavak helyett nem foszforilálódó vagy folyamatosan foszforilációt utánozó aminosavakat tartalmaznak. Ezeket a transzgenikus növényeket fotobiológiai és biokémiai módszerek segítségével vizsgáltunk azért, hogy az UVR8 foszforilációjának élettani hatásait felderítsük. Azt találtuk, hogy az UVR8 foszforilációja csökkenti az UVR8 aktivitását, ezáltal hatással van az általa szabályozott UV-B specifikus növekedési válaszokra. Eredményeink összefüggéseket tárhatnak fel az UVR8-függő jelátviteli útvonalak és a növények UV-B válaszai között, bemutatva az UVR8 jelátviteli útvonalainak egy lehetséges finom hangolását, mely potenciálisan alkalmazható lehet a mezőgazdaságban és a környezetvédelemben. Az UVR8-függő jelátviteli útvonalak befolyásolása javíthatja a növények stressztűrő képességét és termés hozamát, ezáltal hozzájárulva a fenntartható mezőgazdaság fejlesztéséhez.

SÓLYOMVÁRI CSENGE

solyomvaaricsenge@gmail.com

biológia

MSc, 3. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Prof. Dr. Zelena**egyetemi tanár, PTE ÁOK**Dr. Farkas Szidónia**tudományos segédmunkatárs, PTE ÁOK*

A dehidroepiandroszteron protektív hatásainak vizsgálata neurotoxikus Alzheimer kóros egérmodellben*Kulcsszavak: Alzheimer-kór; kolinerg rendszer; mikroglia; asztrocita; neurotoxikus modell*

Bevezetés: Az Alzheimer kór (AD) egy progresszív neurodegeneratív betegség. Patológiájában kiemelkedő szerepet játszik a kolinerg idegrendszer zavara. Legfőképp a kolin-acetiltranszferáz (ChAT) pozitív sejtek pusztulása, valamint az acetilkolin-észteráz (AChE) rostok csökkenése figyelhető meg. Emellett az AD során megjelenő kóros fehérjék (amiloid plakkok, Tau hiperfoszforilátumok) aktiválják a glia sejteket, ami ideggyulladás, ezáltal az AD romlásához vezet. A dehidroepiandroszteron (DHEA) és aktív, jobban oldódó metabolitja, a dehidroepiandroszteron-szulfát (DHEAS) neuroszteroidok, melyek feltételezhetően neuroprotektív és anti-inflamatorikus hatással bírnak.

Célkitűzés: Megvizsgálni a DHEAS hatásait az asztrocita és mikroglia funkcióira, valamint a kolinerg idegrendszerre egy neurotoxikus AD egérmodellben.

Módszerek: Egy unilaterális amiloid- β (A β) mikroinjekció segítségével C57BL/6/J egerek nucleus basalis magnocelluláris (NBM) területén léziót okoztunk. A sztereotaxiás műtétet követően egy órával DHEAS-val vagy vivőanyaggal (fiziológiás sóoldat) kezeltük az egereket és eltérő időpontokban (3, 12, 30 nap) perfundáltuk. Mintáinkon immunhisztokémiai festéseket végeztünk (ChAT, AChE, GFAP és Iba-1).

Eredmények: Eddigi eredményeink azt mutatják, hogy a 12 napos csoport esetében az A β injektálás csökkentette a ChAT pozitív neuronok számát az NBM régióban, valamint ezen neuronok kérgi projekcióit. Illetve szignifikánsan növelte a mikroglia által lefedett területet a lézió oldalán. A DHEAS kezelés javította a rostpusztulás mértékét, befolyásolta a glia sejtek aktivációját, azonban nem változtatta a ChAT sejtszámot.

Következtetés: Eredményeink alátámasztják a neuroszteroidok AD-ben betöltött szerepét. Úgy gondoljuk továbbá, hogy a DHEAS vagy ehhez hasonló vegyületek ígéretes terápiás lehetőséget nyújthatnak.

SOMOGYI FANNI*vereslfanni@gmail.com*

Orvosi Biotechnológus

MSc, 5. félév

Pázmány Péter Katolikus Egyetem

Információs Technológiai és Bionikai Kar

*Témavezető:**Hillier Dániel**Egyetemi adjunktus, PPKE ITK*

Long-term, stable, functional and non-invasive labeling across the brain of a preclinical animal model*Kulcsszavak: Neurobiológia, génterápia, preklinikai állatmodell, AAV*

Brain disorders remain difficult targets for pharmacological compounds that rarely can provide a therapeutic effect without considerable off-target effects. To provide a more specific therapeutic effect, adeno-associated viral (AAV) vectors are increasingly used to target an exogene to the central nervous system. In mice, the most widely adopted model species, AAV-based gene delivery is used extensively. In stark contrast, in large-animal preclinical models, we still largely lack efficient and long-term safe AAV-based gene delivery methods. Synthetic capsid variants derived from the wild-type AAV9 have been shown to cross the blood-brain barrier and achieve widespread and homogeneous labeling of the brain upon minimally-invasive administration in mice. In my work, I ask whether new synthetic AAV variants can achieve efficiency and safety of delivery in large-animal preclinical species that are similar to that observed in mice. I define it as “successful and functional delivery” in the context of optogenetic activation of the visual cortex. I leveraged recent breakthroughs in optogenetic protein optimization and demonstrated that a minimally-invasive gene delivery combined with minimally-invasive optogenetic brain stimulation is ready to serve as the core technology foundation for a completely new mode of brain stimulation. I target the therapeutic optogenetic protein to specific cell types in the brain of a large-animal preclinical species at unprecedented efficiency. The development of safe and efficient gene delivery combined with high-density optogenetic stimulation may open a new era of brain therapy.

STELCZ REBEKA*stelcz.rebeka@hallgato.ppke.hu*

Orvosi biotechnológia

MSc, 4. félév

Pázmány Péter Katolikus Egyetem

Információs Technológiai és Bionikai Kar

*Témavezető:**Tóth Estilla Zsófia**Tudományos munkatárs, HUN-REN TTK, Kognitív Idegtudományi és Pszichológiai Intézet*

Exploring Human Organotypic Neuronal Tissue Cultures for Investigating Central Nervous System Changes*Kulcsszavak: human agykéreg; szövettenyésztés; immunfestés; fluoreszcencia;*

Several animal and computational models help studying the central nervous system's properties, advancing our understanding of neuronal behaviour, neurodegenerative diseases, and potential treatments. Despite their value, translating findings from animal models to humans is limited by the human brain's unique cellular, molecular, and network features. Human organotypic brain tissue cultures offer an excellent opportunity to explore the characteristics of the human brain on the cellular and molecular level and assess novel pharmaceutical compounds in a more realistic environment. This method enables the preservation of cell populations together with their connections. Furthermore, this *ex vivo* approach facilitates long-lasting experiments, such as viral vector applications for gene delivery, which are not feasible with acute tissue samples.

Our research aims to establish stable human organotypic tissue cultures for extracellular or intracellular recordings and optogenetics, which provide rapid optical control and insights into neuronal activity. Tissues were maintained in six-well plates under sterile conditions, testing two culture media and antibiotics for infection prevention. We conducted electrophysiological measurements, anatomical assessments and immunostaining to investigate cellular-level changes. Current work involves anatomical characterization based on anti-NeuN antibody and Fluoro-Jade C staining. These methods enabled us to examine alterations in the number of the neurons in the neocortex and cell death, respectively. I did comparative analyses regarding pyramidal cell number and the preservation of the tissue focusing on various factors, including the influence of culture medium composition, viral vector application, and staining protocols. Our central objective is to assess the extent to which the cytoarchitecture of the neocortical tissue culture can be preserved in comparison to its acute state.

According to my research, the cell density decreases most prominently during the first week which is followed by a stabilisation. Although there was a visible difference in the preservation of the tissue, neither the antibiotics nor the culture medium had a significant impact on cell density. Histogram analysis based on the fluorescent staining showed significant differences in profiles between cultures, time points and staining methodology. Although human organotypic cultures preserve their structure, they show remarkable reorganization with time.

STIER ALMA BEATRIX*stier.alma.beatrix@hallgato.ppke.hu*

Molekuláris Bionika mérnöki

BSc, 7. félév

Pázmány Péter Katolikus Egyetem

Információs Technológiai és Bionikai Kar

*Témavezető:**Andrea Ciliberto**Egyetemi tanár, PPKE ITK*

Stochastic microtubule-kinetochore attachment drives the metaphase to anaphase transition in mitotic arrested cells

Kulcsszavak: adaptáció; mitotikus ellenőrzőpont; mikrotubulus-célzó gyógyszerek; matematikai modell; szimuláció

Cells are arrested during the cell cycle by drugs that disrupt essential functions and/or structures such as the mitotic spindle. When this happens, cells arrest cell cycle progression to minimize the risks of undergoing faulty divisions. The arrest is driven by specialized pathways known as checkpoints. In particular, the spindle assembly checkpoint (or mitotic checkpoint) oversees chromosome segregation and thus the integrity of the mitotic spindle. By destabilizing the attachment between microtubules and chromosomes, microtubule targeting drugs activate the mitotic checkpoint which arrests cell cycle progression and favors cell death. Such drugs (e.g., taxanes or vinca alkaloids) are commonly used to treat cancer patients.

Checkpoint activation arrests cells in mitosis. However, some cells manage to escape from the mitotic arrest (they adapt) and resume proliferation. The process of adaptation is stochastic, with some cells escaping the arrest very soon after entry into mitosis and others hours later. In the context of cancer treatments, all escaping cells are dangerous since they do not respond to drugs and may become resistant to treatment. Hence, understanding how cells escape from the arrest is important to improve the efficacy of drugs widely used in cancer treatment.

The overarching objective of my work was to build a model of adaptation to the mitotic checkpoint. I proposed to understand how cells escape the arrest induced by microtubule targeting drugs, testing the hypothesis that the transition from arrest to mitotic exit is driven by noise in protein numbers and microtubule-kinetochore attachment. First, I developed a deterministic model of the molecular network describing the mitotic checkpoint. Secondly, I translated it into a stochastic framework. Finally, I used a software for parameter estimation to reproduce experimental data. With a working model in my hands, I tested its predictive nature by formulating new experiments and reproducing experimental results not used for model definition.

Based on the model's results, I propose ways to avoid adaptation. Some of these have been already tested experimentally and results support model simulations and vice versa. Hence, my results may be relevant to optimize the effect of anti-cancer drugs. As such, the research carried out has an obvious potential social impact for the treatment of cancer patients.

STROMÁJER ZILLE AJSA

zillestromajer@gmail.com

Középiskolai hallgató

Kaposvári Munkácsy Mihály Gimnázium

*Témavezetők:**József Tibor**tanársegéd, PTE ETK**Dr. Stromájer-Rácz Tímea**adjunktus, PTE ETK*

Koffeinfogyasztási szokások felmérése középiskolások körében, és az energiaiitalok koffeintartalmának mérése

Kulcsszavak: energiaiital; koffein; HPLC; vékonyréteg kromatográfia

Célkitűzés:

A KSH 2018-as adatai szerint minden ötödik 10-14 év közötti gyermek reggelire energiaiitalt fogyaszt. A magyar kamaszok kétharmada issza azokat és sokan rendszeres fogyasztók. 2022. augusztus és 2023. július között 64 millió liter energiaiital fogyott Magyarországon és több mint 100 esetben kerültek kiskorúak koffeintúladagolás miatt kórházi ellátásra. Arra a kérdésre kerestük a választ, hogy középiskolában mennyi energiaiitalt fogyasztanak a diákok, és ezekben az italokban mennyi a tényleges koffeintartalom.

Anyag és módszer:

A kérdőívek felvétele 2023 december-2024. január között történt anonim módon Google Form segítségével a Kaposvári Munkácsy Mihály Gimnázium diákjai között (n=57). A laboratóriumi mérések 2024. januárjában voltak a Pécsi Tudományegyetem Egészségtudományi Kar Kaposvári Képzési Központjában. Az energiaiitalokat kényelmi mintavétellel választottuk ki (n=10) ügyelve arra, hogy minden kategóriából (olcsóbb, saját márkás és drágább termék) legyen mintánk. A koffeintartalmat HPLC segítségével határoztuk meg, és vékonyréteg kromatográfiával is kimutattuk.

Eredmények:

Leíró statisztikát és T-próbát alkalmaztunk a kutatási kérdéseink igazolására. A megkérdezett középiskolások több mint a fele, legalább alkalmanként fogyaszt energiaiitalokat. Összességében többféle koffeintartalmú italt fogyasztanak rendszeresen (pl. kávé vagy kóla). Az általam vizsgált energiaiitalok koffeintartalma csak egy esetben felelt meg a dobozon található értéknek (32 mg/100ml), 9 esetben magasabb értéket mértünk. Az energiaiitalokban meghatározott koffeintartalom (mg/l) szignifikánsan magasabb, mint a dobozokon feltüntetett értékek ($t=3,165$, $p=0,006$).

Következtetések:

A laboratóriumi mérések alapján akár egy fogyasztóvédelmi eljárás is kezdeményezhető lenne, hiszen így nem lehet valós koffeinbevitelt számolni. A megengedett napi koffein bevétele a korosztályom számára 100 mg. A nem megfelelő adatok feltüntetése a csomagoláson veszélyeztetheti a fiatalok egészségét.

SZABADOS LARINA*larina124@gmail.com*

Biomérnök

MSc, 1. félév

Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi

Egyetem

Vegyészmérnöki és Biomérnöki Kar

*Témavezetők:**Makk-Merczel Kinga**Tudományos segédmunkatárs, BME VBK**Dr. Hajdinák Péter**Egyetemi adjunktus, BME VBK*

A farmakológiai aszkorbát és a klorokin együttes hatásának vizsgálata*Kulcsszavak: farmakológiai aszkorbát, klorokin, oxidatív stressz, tumor terápia, KRAS,*

A 20. század elején a Nobel-díjas Ottó Heinrich Warburg megállapította, hogy a különböző eredetű rákos sejteknek más a glükóz-anyagcseréjük, sokkal nagyobb glükózfogyasztással bírnak, mint a normális sejtek. A rákos sejtek hibrid metabolikus állapotuk miatt számos stressztényezőhöz képesek alkalmazkodni, ez a Warburg-effektus, mely lényege, hogy az oxidatív foszforiláció és glikolízis egy időben játszódik le. A humán tumorok jelentős részében megfigyelhető a RAS fehérjecsalád tagjait aktiváló mutáció, mely következtében megváltozik a sejtek túlélésének, proliferációjának, differenciációjának folyamata. Többek között a KRAS izoforma mutációja is kimutatható számos daganatos megbetegedésnél, például a hasnyálmirigy ductalis adenokarcinómánál (PDAC), a vastagbél- és tüdődaganatoknál. Ez utóbbi jelentős szerepet játszik az imént említett Warburg-effektus kialakulásában. Kutatócsoportunk a közelmúltban felállított egy matematikai modellt, mellyel leírhatók a KRAS mutáns rákos sejtek metabolizmusát szabályozó főbb elemek. Dolgozatom célja egy kombinált antitumor terápiás lehetőség hatásmechanizmusának vizsgálata volt. Megvizsgáltuk, hogy a KRAS mutáns PDAC sejtekben a Warburg-anyagcserére jellemző fokozott GLUT1 expressziót csökkenteni lehet-e a farmakológiai aszkorbát és a klorokin együttes alkalmazásával. Majd ezen kezelőszerek hatásmechanizmusát vizsgáltuk a KRAS jelátviteli útvonalra. Kimutattuk, hogy a két szer kombinált kezelésével kiváltott szinergia nem függ a KRAS útvonaltól, így vizsgálatainkat KRAS mutációra nézve vad típusú rákos sejtek vizsgálatával folytattuk. Utóbbiakon életképesség-méréseket végeztünk, kombináltan kezelve a sejteket szinergikus életképesség-csökkenést figyeltünk meg, a sejtek elpusztultak. Továbbá a kezelőszerek hatását külön-külön is megvizsgáltuk. Igazoltuk, hogy a klorokin valóban gátolja az autofágiát, de úgy tűnik, hogy MIA PaCa-2 sejtekben citotoxicitását valamilyen egyéb, autofágia-független mechanizmuson keresztül fejt ki. Valamint bebizonyítottuk, hogy a farmakológiai aszkorbát MIA PaCa-2 sejtekben is a H₂O₂ termelődését keresztül éri el sejtölő hatását.

SZABÓ ANNA*nushikaa.1999@gmail.com*

Molekuláris biológia

MSc, 3. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Görföl Tamás**tudományos munkatárs, Virologiai Nemzeti Laboratórium, Szentágothai János**Kutatóközpont, Pécsi Tudományegyetem**Dr. Lanszki Zsófia**egyetemi adjunktus, Virologiai Nemzeti Laboratórium, Szentágothai János Kutatóközpont,**Pécsi Tudományegyetem*

Magyarországon elpusztult denevérek veszettség vírusainak vizsgálata, Lyssavírus passzív monitoring

Kulcsszavak: Denevér; Monitoring; Lyssavírus; Betegségökológia; One-Health,

A denevérek számos olyan vírus hordozói, amelyek bennük nem okoznak betegséget, de más állatokra és emberekre is átterjedhetnek, ahol súlyos – esetenként halálos – fertőzéseket idézhetnek elő. A legismertebb denevérekkel kapcsolatos vírusok közé tartoznak a koronavírusok, a paramyxovírusok, a filovírusok és veszettségvírusok is. A veszettségvírus, amely a Lyssavírus nemzetség legismertebb képviselője, világszerte jelentős közegészségügyi fenyegetést jelent, hiszen az emberi fertőzések közel 100%-os halálozási aránnyal járnak. Európában, így Magyarországon is, a denevérek körében leggyakrabban előforduló Lyssavírus a European Bat Lyssavirus-1 (EBLV-1).

Kutatásunk célja egy passzív monitoring rendszer kiépítése volt a denevérekben előforduló vírusok vizsgálatára Magyarországon, különös tekintettel a Lyssavírusokra. Emellett igyekeztünk szorosabb együttműködést kialakítani más kutatóhelyekkel és állatorvosi klinikákkal, hogy támogassuk a „One Health” megközelítést, amely az emberi, állati és környezeti egészséget együttesen vizsgálja.

Programunk keretében 2018 és 2023 között 11 denevérfaj, összesen 85 egyedét vizsgáltuk meg. A kutatásba elhullott vagy sérült/beteg denevérek kerültek, amelyek a gondos ápolás ellenére elpusztultak. A boncolást követően, a virális RNS kivonása az agymintából történt, majd egy speciális PCR technikával (pan-Lyssa nested-RT-PCR) szaporítottuk fel a vírus örökítőanyagát. A vizsgálatok során két pozitív mintát azonosítottunk, amelyek közönséges késeidenevérektől (*Eptesicus serotinus*) származtak. A pozitív minták teljes genomját virális dúsitást követően Illumina platformon szekvenáltuk. A filogenetikai elemzés alapján mindkét minta az EBLV-1a filogenetikai klaszterbe tartozik.

Eredményeink igazolták, hogy az EBLV-1 továbbra is jelen van Magyarországon a közönséges késeidenevérek körében. Kutatásunk kiemeli a passzív monitorozás előnyeit a vírusos zoonózisok és veszélyeztetett denevérfajok vizsgálatában. Mivel nincs szervezett vakcinázási program denevérek számára, kiemeltük az állatokkal való érintkezés esetén az elővigyázatosságot, valamint a védőeszközök és a szaktudás alkalmazását. Hangsúlyozni kívántuk a kutatóintézetek és közösségi hálózatok együttműködésének fontosságát az értékes adatok gyűjtésében, amely kulcsfontosságú a jövőbeni járványkitörések megelőzése és kezelése érdekében.

SZABÓ DÓRA

szabodorci.26@gmail.com

Biológus

MSc, 4. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

Témavezetők:

Dr. Szemán-Nagy Gábor
egyetemi docens, DE TTKDr. Karácsony Zoltán
tudományos munkatárs, EKKE TTK

A szőlő Esca betegségét okozó *Phaeomoniella chlamydospora* gomba és az endofita *Erwinia billingiae* baktérium kölcsönhatásának *in vitro* és *in planta* vizsgálata**Kulcsszavak:** *Phaeomoniella chlamydospora*, *Erwinia billingiae*, tőkebetegség, szinergizmus

A szőlő korai tőkeelhalás betegségcsoport olyan gombák által kiváltott tünetegyütteseket foglal magába, melyek jelenleg megoldatlan problémát jelentenek a szőlő növényvédelmében. Hatékony védekezési eljárások nem állnak rendelkezésre velük szemben és súlyos esetben a fertőzött tőke pusztulásához vezethetnek.

Kutatásunk célja, hogy a tőkebetegségek közé tartozó Esca kialakulásáért elsősorban felelős *Phaeomoniella chlamydospora* (Pch) által okozott tünetek erősségét összefüggésbe hozzuk a szőlő mikrobiotájában természetes körülmények között jelen lévő mikroorganizmusokkal.

Jelen dolgozatban a szőlő szállítószöveiből izolált *Erwinia billingiae* (Ebi) baktérium hatására, a Pch virulenciájában bekövetkező változásokat, valamint a két mikroorganizmus közötti kölcsönhatásokat vizsgáltuk.

Kísérleteink során a mikroorganizmusok szaporodási rátájának, a fenolvegyületek degradációjának és a tenyészetek poliszacharid szekréciójának mérése, továbbá *in planta* vizsgálat valósult meg, három Pch és egy Ebi izolátumot külön-külön, illetve a gombákat a baktériummal együtt leoltva.

Eredményeink alapján *in vitro* körülmények közt az Ebi vizsgált izolátuma szinergista kölcsönhatást mutatott a Pch három vizsgált törzsével. A két mikroba kölcsönösen fokozni volt képes egymás szaporodási rátáját, a gombák esetében pedig megfigyelhető volt az ivartalan spóráképzés alacsonyabb mértéke a baktérium jelenlétében, ami a micéliális növekedés fokozott mértékével van összhangban.

A gombatelepek intenzívebb pigmentációja volt megfigyelhető a baktériummal kivizelezet kevert kultúrákban. Az Ebi jelenlétében megvalósuló fokozott melanizáció vélhetőleg a melanin bioszintézis egyik közttermékének, a szkitalonnak a koncentrációját is megnövelte, mely molekula szerepet játszik a Pch patogenezisében.

Két vizsgált Pch törzs esetében a fenolvegyületek degradációjának mértékét és a poliszacharidot szekréciójának növekedését, továbbá a fertőzött növények fotoszintetikus pigmenttartalmának szignifikánsan nagyobb mértékű csökkenését okozta az Ebi jelenléte.

Összességében eredményeink azt sugallják, hogy az Ebi és a Pch mikrobák között megvalósuló kölcsönhatás fokozni képes a Pch által kialakított Esca kórkép levéltüneteinek erősségét a kölcsönhatásban résztvevő Pch törzs függvényében.

SZABÓ MÁRTON ZOLTÁN*bsmarci14@gmail.com*

Biológus

MSc, 4. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Kelemen András**egyetemi adjunktus, SZTE TTIK*

Orchideák előfordulási mintázatai felhagyott homokbányákban

Kulcsszavak: orchideák; homokbányák; Duna-Tisza köze; szárazodás; talajvízszint

A Duna-Tisza közén nagy számban találunk felhagyott homokbányákat, amelyek időszakos vizeik és nedves talajuk révén menedékhelyül szolgálhatnak a vizes élőhelyek fajai számára a szárazodó tájban. Kutatásunk során ezen tájelemek orchidea populációit vizsgáltuk. Kérdéseink közé tartozott, hogy (i) mely orchidea fajok mekkora populációi fordulnak elő bennük; (ii) mely funkcionális jellegeikben, ökológiai igényeikben térnek el a bányákban előforduló fajok a bányákban nem előfordulóktól; (iii) milyen jellemzőikben térnek el a bányák a környezetüktől; (iv) a bányák mely tulajdonságai befolyásolják az orchideák fajszerkezetét és tömegességét; (v) milyen távolságra találhatóak a fajok potenciális forrás-populációi a bányáktól? Kutatásunk során 38 bánya orchidea populációit mértünk fel. Vizsgáltuk a bányák és környezetük talajparamétereit, rögzítettük a bányák jellemzőit (terület, relatív mélység, talajvíz mélység, a vegetációtípusok borítása). Az elemzések során a bányákban előforduló és nem előforduló orchidea fajok funkcionális jellegeinek, ökológiai igényeinek, illetve a bányák és környezetük talajadottságainak összehasonlítását végeztük el, valamint a bányák tulajdonságainak az orchideák előfordulására gyakorolt hatását vizsgáltuk. Eredményeink szerint (i) a bányák 71%-ában fordultak elő orchidea fajok (összesen 13 faj), gyakran ezres nagyságrendű egyedszámmal; (ii) a bányákban előforduló és nem előforduló orchideák között nincs különbség funkcionális jellegeik és ökológiai igények tekintetében; (iii) a bányák talajának nedvességtartalma szignifikánsan magasabb, tápanyagtartalma pedig alacsonyabb a környezetüknél; (iv) az orchideák egyedszámát a bányák mérete és kora pozitívan, a talajvíz mélység negatívan befolyásolta, fajszerkezetükre a méret és a talajvíz mélység volt pozitív, illetve negatív hatással; (v) a fajok táji gyakorisága pozitív hatással volt a bányákban való megjelenésük gyakoriságára, a potenciális forráspopulációk legfeljebb 15 km-re voltak a bányáktól, kétharmaduk pedig 5 km-en belül volt. Vizsgálatunk alapján a felhagyott bányák az orchideafajok nagy hányadának őrzik jelentős méretű populációit, így menedékhely szerepük táji szinten is számottevő lehet. Annak kimutatásával, hogy a nedvesebb talajú, nagyobb területű, idősebb bányák a legjelentősebb orchidea-élőhelyek fontos lépést tettünk afelé, hogy a bizonyíték-alapú ökológiai tervezés is segítse a homokbányák alkalmassá tételét arra, hogy felhagyásuk után természetvédelmi funkciót is elláthassanak.

SZABÓ SÁMUEL

szabo.samuel@koki.hun-ren.hu

Biológia

BSc, 5. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Prokop Susanne**posztdoktor munkatárs, HUN-REN Kísérleti Orvostudományi Kutatóintézet*

Conserved molecular and cellular features of the Islands of Calleja

Kulcsszavak: Islands of Calleja; brain; affective disorders; translational

The Islands of Calleja (IoC) is an understudied brain structure located in the basal forebrain. Although recent rodent studies suggest a potential role for the IoC in affective disorders, it is unclear whether the presence or organization of this structure is evolutionarily conserved across species. Our research group and other previous studies revealed that the IoC "islands" are formed by densely packed small granule cells (GCs), but their exact cellular architecture remains elusive. Our precise aim was to investigate the molecular and cellular features of the IoC across species. By performing a comprehensive fluorescent labeling analysis, I found that the IoC is an evolutionarily conserved anatomical structure, present in brain sections of mice, dogs, monkeys, and humans. I discovered that the cellular composition of the IoC is more complex than previously thought, with various cell types embedded within the GC clusters. By using key neurochemical markers for striatal medium spiny neurons (MSNs) and interneurons, I identified multiple MSN- and interneuron-like cells in the mouse IoC, and their presence in the islands is an evolutionarily conserved feature. These findings provide a foundational framework for future IoC studies and may help to uncover the exact pathophysiological role of this enigmatic brain region.

SZAFIÁN DOROTTYA ANNA

szafian.dorka@gmail.com

Biológia

BSc, 5. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Virágh Máté**tudományos munkatárs, HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóközpont**Dr. Nagy László**tudományos főmunkatárs, HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóközpont*

A Velvet regulátorok szerepének vizsgálata bazídiumos gombák termőtestképzésében

Kulcsszavak: gomba; fény szabályozás; termőtestképzés; transzkripció faktor; velvet

A velvet fehérjecsaládba tartozó transzkripciós faktorok szinte minden gombataxonban jelen vannak, számuk tág határok között változhat, más élőlényekből azonban teljesen hiányoznak. Aminosav-szekvencia tekintetében erősen konzervált DNS-kötő motívummal rendelkeznek és térbeli szerkezetük alapján nagyfokú hasonlóságot mutatnak az emlősökre jellemző, immunválaszokban szerepet játszó NF- κ B transzkripciós faktor Rel doménjével.

Már több mint ötven éve, hogy az első velvet doménnel rendelkező fehérjét felfedezték, jelenlegi információink nagy része Ascomycota gombákból származik, e fajokban a velvet fehérjék főként fényfüggő folyamatok irányításában játszanak szerepet, mint a szexuális és aszexuális szaporodás, illetve a másodlagos metabolitok termelésének szabályozása. Gyakran nem egyedül, hanem homo- és heterodimerek, vagy több tagból felépülő komplexek formájában, esetenként nem csak velvet doménnel rendelkező fehérjékkel összekapcsolódva fejtik ki hatásukat.

A Basidiomycota gombákban ismert velvet fehérjék nagy része az Ascomycota gombák velvet fehérjéitől egyértelműen elkülönülő kládokba térképeződik, azonban szerepüket komplex termőtestképző bazídiumos gombákban eddig kevés tanulmány vizsgálta, így célul tűztük ki szerepük megismerését ebben a gombacsoportban. Modellünkben, a trágyatintagombában (*Coprinopsis cinerea*) hat velvet doménnel rendelkező fehérjét azonosítottunk. CRISPR-Cas9 technikát használva elsőként deléciós törzsek létrehozásával és fenotipizálásával kezdtük meg a transzkripciós faktorok szerepének vizsgálatát. Sikeresen létrehoztunk egy, a Ccvel3A génre nézve deléciós törzset, amely a termőtestképzés során szinte minden stádiumban a legmagasabb expressziót mutató velvet gén. A Δ Cc.vel3A törzs vegetatív növekedésében nem tapasztaltunk szignifikáns változást a vad típushoz képest, azonban a termőtestek még termőtestképzést indukáló körülmények között is a vad típusra csak fény hiányában jellemző megnyúlt, úgynevezett etiolált tönkű fenotípust mutatnak, ami arra enged következtetni, hogy a Cc.vel3A fényfüggő folyamatok szabályozásában játszik szerepet. Azonban ezek a struktúrák a vad típusútól jelentősen eltérnek.

A szabályozás teljes megértéséhez az összes velvet fehérje feladatának feltárása szükséges.

SZALMÁSI KATINKA

szkatinka0299@gmail.com

Molekuláris Biológia

MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Mátés Lajos

tudományos főmunkatárs, csoportvezető, HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóközpont

Szomatikus LINE-1 aktivitás vizsgálata másodgenerációs LINE-1 retrotranszpozon riporterekkel*Kulcsszavak: LINE-1, rákkutatás, retrotranszpozíció, mutáció, genotoxicitás*

A rákkutatás fontos területét képezi a szomatikus LINE-1 aktivitás vizsgálata. Az emberi genom 17%-át LINE-1 elemek alkotják, melyek az egyetlen aktív, autonóm transzpozonok a DNS-ben. Önálló replikációra képesek retrotranszpozícióval, amely az új LINE-1 kópia véletlenszerű insercióját eredményezi új genomi pozícióba. A szomatikus sejtek rendelkeznek védekező mechanizmusokkal, melyek megakadályozzák a LINE-1 elemek replikációját, azonban patológias körülmények között aktívvá válhatnak, ami különböző genomi mutációkat okoz. Ezek a genetikai változások tumorok kialakulásához vezethetnek.

Az ORFeus típusú riporterek lehetővé teszik a LINE-1 retrotranszpozíció nyomon követését az őket kifejező sejtekben. Az ORFeus riporteren a LINE-1 elembe a zöld fluoreszcens fehérje (GFP) kódoló szekvenciáját építették be és arról csak akkor képződik működőképes GFP fehérje, ha lejátszódik a retrotranszpozíció. Ideális esetben az ORFeus riportert kifejező szomatikus sejtekben a GFP pozitivitás immunhisztokémiával (IHC) vizsgálható. Azonban a GFP szekvenciáról nem fluoreszcens csontolt GFP polipeptidek is képződnek anélkül, hogy lejátszódna a retrotranszpozíció. Ezen fragmentumokhoz képesek kötődni a GFP antitestek, fals pozitívítást eredményezve IHC során.

Kutatásunk célja volt létrehozni egy olyan másodgenerációs ORFeus reporter konstrukciót, melyről képződő fehérje fragmentumok nem tartalmazzák a GFP antitestek kötődéséhez szükséges epitópokat. Konstrukciónk működőképességét *in vitro* és *in vivo* modellben is sikerült igazolni.

Humán hepatocelluláris karcinóma sejteket transzfektálva, áramlási citometriával méréseket végezve, nem találtunk szignifikáns különbséget a GFP pozitív sejtek arányában az eredeti reporter konstrukcióval transzfektált kontrollhoz képest. Így a GFP szekvenciában végzett módosítások nem befolyásolták számottevően az ORFeus reporter retrotranszpozíciós aktivitását.

In vivo, szomatikus, májat célzó génbevitel segítségével állatmodellben is nyomon követtük az ORFeus reporter működését. A konstrukció hidrodinamikai injektálását követően IHC segítségével monitoroztuk az egerek májában a GFP expressziót, amely szintén az elvárásoknak megfelelő eredménnyel járt.

A jövőben másodgenerációs ORFeus reporterünk felhasználható egy olyan toxikológiai eljárás kialakítására, amellyel a szomatikus LINE-1 aktivitást befolyásoló anyagok kiszűrhetőek lesznek. A LINE-1 retrotranszpozíció igazolt genotoxikus hatása miatt különösen fontos feltérképezni ezen anyagokat.

SZÁNTÓ MILÁN

szantomilan1@gmail.com

Molekuláris Biológia

MSc, 1. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Deli Mária**kutatóprofeszor, HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóközpont**Dr. Gróf Ilona**tudományos munkatárs, HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóközpont*

Dexametazon tartalmú polimer micellák vizsgálata az orron keresztüli agyi gyógyszerbejuttatás fokozására

Kulcsszavak: vér-agy gát; nazális; dexametazon; polimer-micella

Az agyi megbetegedések teljeskörű kezelése a mai napig egy megoldandó feladat az orvostudomány számára. A vér agy gát magasfokú szelektivitásából kifolyólag nagyban megnehezíti az agyi megbetegedések kezelését, mivel fizikai és kémiai védőmechanizmusával csökkenti az átjutni képes hatóanyagok mennyiségét. Az alternatív gyógyszerbeviteli útvonalak vizsgálata és működésüknek megértése azért fontos a kutatások szempontjából, mivel innovatív megoldásokat jelentenek az agyi megbetegedések kezelésére. Egyik útvonal ezek közül, az orrból való hatóanyag eljuttatás az agy szövetébe. Ennek is számos útvonala lehet, viszont az eddigi kutatások és szakirodalom alapján a legígéretesebb a szaglóideg mentén való, közvetlen transzport lehet. Előnye, hogy nem invazív, teljesen fájdalommentesen és könnyedén adagolható gyógyszerbevitelt tesz lehetővé. Kísérleteink során a vér-agy gát és az orrnyálkahártya tenyészetes ko-kultúra modelljén vizsgáltuk a dexametazon és a polimer micellába csomagolt dexametazon (formuláció) hatását a sejtréteg integritására. Célunk az volt, hogy bebizonyítsuk, hogy a formuláció növeli a sejtrétegen átjutni képes dexametazon mennyiségét, illetve hogy nem fejt ki negatív hatást a sejtréteg szorosságára. Eredményeink alapján megállapíthatjuk, hogy a nanoformuláció fokozta a dexametazon átjutását az önálló hatóanyaghoz képest a vér-agy gát és az orrnyálkahártya tenyészetes modelljein. A kísérlet során a dexametazon nem fokozta a sejtek közötti kapcsolatoknak a szorosságát a vizsgált modelleken. Ezzel szemben a nanoformuláció enyhén megnyitotta a nazális epitelsejtek rétegét, ahogy azt a csökkent sejtréteg elektromos ellenállás értékek, valamint a jelzőmolekulák magasabb átjutása tükrözt. Ezeket az eredményeket megerősítette a sejtközi kapcsoló fehérje, β -katenin diffúzabb festődési mintázata is. Az impedancia mérésen alapuló sejtleletképeség vizsgálat alapján a formulációban található egyik komponens, a tokoferszolan polimer (TPGS) lehet felelős ezért a hatásért. A vér-agy gát modellen nem tapasztaltuk ezt a barrier megnyitó hatást, a dexametazon magasabb átjutása mögött a sejtmembránban bekövetkező változásokat feltételezünk. Ezek alapján a vizsgált polimer micellák ígéretes jelöltek lehetnek a dexametazon orrnyálkahártyán keresztüli, közvetlen bejuttatására az agyszövetbe.

SZATHMÁRI BENEDEK*benedek.szathmari@gmail.com*

molekuláris biológia MSc

MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Nagy László**tudományos főmunkatárs, HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóközpont**Dr. Csernetics Árpád**tudományos munkatárs, HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóközpont*

Termőtestképzésben potenciálisan szerepet játszó, RNS-kötő fehérjét kódoló gének funkcionális jellemzése *Coprinopsis cinerea* modellszervezetben*Kulcsszavak: komplex soksejtűség; termőtestképzés; evo-devo; RNS-kötő fehérje*

A komplex soksejtűség a legösszetettebb biológiai szerveződési szint. Olyan háromdimenziós struktúrákat értünk alatta, melyeket fejlődési program hoz létre. Ilyen struktúrák a gombák körében a termőtestek. A komplex soksejtűség a gombák országában konvergens jelleg, ami egyedülálló az élővilágban; eredetéről azonban keveset tudunk.

Az ősi bazídiumos gombák nem rendelkeztek komplex termőtesttel, hasonlóan ma élő egyszerűbb felépítésű leszármazottaikhoz, mint a *Cryptococcus neoformans*. Ezen gomba életmenetének ivaros részében fontos szerepet játszanak a *Pum1* és *Csa2* RNS-kötő fehérjék. A két gén igen konzervált, a termőtestképző gombákban lévő ortológokat viszont eddig még nem jellemezték. A *Coprinopsis cinerea* (termőtestképző modellszervezetünk) *PUM1*- és *CSA2*-ortológjainak expressziós mintázata alapján fogalmaztuk meg azt az evo-devo hipotézist, mely szerint a Basidiomycota kládban a különböző termőtestsejtprogramok a bazídium fejlődési programjából jöttek létre. A hipotézis tesztelésének első lépése a *Cc.pum1* és *Cc.csa2* gének funkcionális jellemzése.

A CRISPR-Cas9 rendszer segítségével modellszervezetünkben kiűtöttük az említett géneket. A szerkesztési eseményeket genomszekvenálással igazoltuk. Megfigyeléseink szerint az egyik mutánsban be sem indul, a másokban pedig a legkorábbi, ún. hifacsomó stádiumban leáll a termőtestképzés. Hősokk-promóterrel meghajtott extra kópiák ektopikus integrációjával a tárgyalt RNS-kötő fehérjéket túltermelő törzseket állítottunk elő. Ezek vizsgálatából kiderült, hogy a túltermeltetés önmagában nem elégséges a termőtestképzés beindításához, viszont optimális tenyésztési körülmények mellett, sőtétben nevelve a mutánsok szignifikánsan több termőtestet hoznak, mint a vad típusú törzs. Emellett érdekes termőtest-morfológiákat is megfigyeltünk az overexpressziós törzsekben. A *Cc.pum1* deléciós törzs transzkriptomanalíziséből kiderült, hogy többek között a hidrofobingének és a glükánmetabolizmusban szerepet játszó gének alulszabályozódnak, míg az aminosav- és kofaktor-bioszintéziséért felelős gének túlműködnek.

Bizonyítottuk a *Cc.pum1* és *Cc.csa2* gének szerepét a termőtestképzésben; ezzel az eredménnyel kísérletesen megtámogattuk az eddig csak expressziós megfigyelésekre épülő evo-devo hipotézisünket. Reményeink szerint kutatásaink hozzájárulhatnak ahhoz, hogy jobban megértsük az eredetét ennek a megkerülhetetlen evolúciós újításnak, a termőtestképzésnek.

SZÉKELY ÁRON

aronszekely2@gmail.com

biológia

BSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Jana Růžicková**tudományos munkatárs, ELTE TTK**Dr. Elek Zoltán**egyetemi docens, ATE*

Futóbogarak (Coleoptera: Carabidae) táplálkozási deficitjének vizsgálata különböző erdészeti kezelések alatt álló fás élőhelyeken*Kulcsszavak: erdőökológia; futóbogarak; tarvágás; forráslimitáltság; entomológia*

Az erdőökológiai kutatások jelentős hányada foglalkozik a különféle erdészeti kezelések hatásaival az erdei életközösségekre. A kisebb-nagyobb mértékű emberi beavatkozások az erdőszerkezetet jelentős mértékben változtatják meg, kihatva a terület mikroklimájára, az ott élő életközösségek fajösszetételére, és így a populációs kapcsolatokra is. Jelen munka a futóbogarak, mint modellszervezetek táplálkozási deficitjének kísérletes vizsgálatával foglalkozik, különböző erdészeti kezelések alatt álló hazai gyertyános-tölgyes állományokban. Az etetési kísérletekhez olyan egyedeket gyűjtöttünk, amik tarvágásos kezelés alatt álló erdőrészekből származnak, illetve olyan kontrol állományokból, ahol nem történt erdészeti kezelés az elmúlt 20 évben. Adatelemzéseim eredményei azt mutatták, hogy az eltérő kezelésből származó egyedek táplálkozási aktivitásában jelentős különbség mutatkozik. A tarvágás bogarai a hátrányukra megváltozott élőhelyviszonyok miatti táplálékhiány következtében könnyebbek; illetve alultápláltságuk miatt gyorsabban és nagyobb mértékben gyarapodik a tömegük, mint a zárt erdőből származó egyedek esetében. A megváltozott mikroklimatikus és egyéb viszonyok így alapjaiban írják át a fajon belüli predációs és egyéb kapcsolatok szerkezetét, ami által egy újabb síkon fogható meg a tarvágás negatív hatása, és az alternatív kezelési módszerek kidolgozásának és használatának lehetősége.

SZÉLES LILLA

szlilla99@gmail.com

info-bionika mérnök

MSc, 4. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Papp Balázs

tudományos főmunkatárs, Szegedi Biológia Kutatóközpont, Evolúciós Rendszerbiológia

Evolúciósan konzervált metabolitárányok szisztematikus feltérképezése emlősökben

Kulcsszavak: Anyagcsere; Metabolomika; Molekuláris evolúció;

Az anyagcsere megfelelő működését a metabolomot alkotó metabolit koncentrációk összessége biztosítja. A metabolitok kis molekulatömegű molekulák, amelyek a sejt anyagcsere folyamatainak köztitermékeiként működnek, így befolyásolva a sejt enzimatikus működését és a reakciók sebességét. Bizonyos metabolitárányok kitüntetett élettani szereppel bírnak, de ezeknek csak egy részét ismerjük. Ez alapján felmerül a kérdés, hogy az evolúció során a keveset vagy alig változó arányok milyen jelentőséggel bírnak? Ebben a munkában a fenti kérdés megválaszolására használtam egy, több fajra elérhető, metabolom profilokat tartalmazó publikált adatsort, amiben 26 emlősfaj 262 metabolitjának koncentrációi találhatók. Az evolúciós korreláció elvét alapul véve szisztematikus módon azonosítottam az evolúciósan konzervált metabolitárányokat, majd ezeknek a metabolitpároknak a funkcionális kapcsolatait.

Először az evolúciós korrelációk feltárásával azonosítottam a konzervált metabolitárányokat, összesen 1346 evolúciósan konzervált metabolitárányt találtam.

Ezt követően a funkcionális tulajdonságokat vizsgáltam többféle adatsort ötvözve. Az eredmények azt mutatják, hogy az evolúciósan konzervált metabolitok aránya feldúsul azonos kémiai osztályokba tartozó csoportokon belül, illetve az anyagcsereútvonalakban, az allosztérikus enzimszabályozásban és a membrántranszport folyamatokban együttesen részt vevő metabolitpárok esetében. Ez arra utal, hogy a hasonló tulajdonságokkal rendelkező és azonos funkciót betöltő metabolitok aránya az evolúció során stabilizálódik. Eredményeim rávilágítanak arra, hogy a kimutatott evolúciós kapcsolatok nem csak véletlenszerű, elszórt események, hanem biológiai mintázat áll mögöttük. Fontos szerepük van az anyagcsere-reakciók fluxusának szabályozásában, amely kulcsfontosságú a sejtek homeosztázisának fenntartásában.

Továbbá az evolúciósan konzervált arányú metabolitpárok a humán betegségek biomarkerei között is feldúsulást mutatnak, jelezvén, hogy ezeknek az arányoknak felborulása károsabb az emberi egészségre, mint a metabolom más részeinek változása. Fenti eredményeink alapján az evolúciósan konzervált metabolitárányok fontos célpontjai lehetnek jövőbeli biomarker kutatásoknak.

SZELLÁR VIKTÓRIA

szellarviki2000@gmail.com

Biológus

MSc, 3. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Garaminé Pákai Eszter
tudományos munkatárs, PTE ÁOK**Dr. Garami András
egyetemi docens, PTE ÁOK*

**Testhőmérsékleti eltérések vizsgálata cerulein által kiváltott akut pancreatitis
állatmodellben***Kulcsszavak: szisztémás gyulladás; akut pancreatitis; láz; hipotermia; cerulein állatmodell*

Az akut pancreatitis (AP) gyakori, jelentős halálozással járó gyomor-bélrendszeri betegség. Annak ellenére, hogy a hasnyálmirigy anatómiájáról és élettanáról szerzett ismereteink az évek során jelentősen bővültek, még mindig sok a megválaszolatlan kérdés, különösen a betegség részeként kialakuló szisztémás gyulladás mechanizmusaival és jelentőségével kapcsolatban. Előzetes ismereteink alapján tudjuk, hogy a bakteriális fertőzések (mint például a szepszis) során fellépő szisztémás gyulladással járó testhőmérsékleti változások előjelezhetik a betegség kimenetelét. Tekintve, hogy az AP-ben is teljes testre kiterjedő gyulladás alakul ki, feltételezzük, hogy az abban fellépő testhőmérsékleti változásoknak is jelentősége van a kimenetel szempontjából.

A szakirodalomban az AP kiváltására számos módszert dolgoztak ki, amelyből jelen kutatásunkhoz a leggyakrabban használtolecisztokinin (CCK) analóg, a cerulein által kiváltott modellt választottuk, hogy megfigyeljük egerekben és patkányokban a testhőmérsékleti változásokat. Emellett figyelmet fordítottunk a CCK1-es receptorokkal kapcsolatos mechanizmusokra, ugyanis feltételeztük, hogy szerepük lehet a hőmérsékleti eltérésekben. Ezekhez a megfigyelésekhez CCK1 receptor specifikus antagonistát (devazepide) alkalmaztunk.

Eredményeink alapján elmondhatjuk, hogy a cerulein kezelés hatására a patkányok és az egerek maghőmérséklete csökkent. A cerulein modellben az AP kialakulását a szövettan, a vérszérum amiláz szint és a pancreas víztartalom értékei is bizonyították. A patkányok esetében alkalmazott devazepide előkezelés sikeresen kivédte a hipotermiát és az AP-t is, amiből következtethetünk a CCK1-es receptorok részvételére.

SZIEBER DOMINIK

domches0817@gmail.com

Biológia

BSc, 3. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Lanszki Zsófia

egyetemi adjunktus, PTE TTK

A canine distemper vírus kimutatása és genomikai vizsgálata vadászható ragadozóemlős-fajokban, Magyarországon

Kulcsszavak: Canine distemper virus; Paramyxoviridae; teljes genom szekvenálás; vörös róka; betegség monitoring

A Canine Distemper Virus (CDV, szopornyica) egy negatív egyszálú RNS vírus, amely mind a házi-, mind pedig a vadon élő állatok körében világszinten elterjedt. A CDV Hemagglutinin génjének szekvenciája alapján számos törzset különböztetünk meg. A Hemagglutinin génjének szekvencia mellett a teljes genom szekvenciák segítségével több információt tudhatunk meg a CDV felépítéséről, működéséről és rendkívüli fajok közti fertőzőképességéről.

Munkánk során a Nemzeti Élelmiszerlánc-biztonsági Hivattal (NÉBIH) együttműködve Magyarországon élő n=197 vörös rókatól (*Vulpes vulpes*) és n=14 aranysakáltól (*Canis aureus*) származó nyál és rektum-váladék mintát vizsgáltunk meg a CDV hazánkban történő jelenlétének felmérése érdekében. Elsőként Real-Time RT-PCR segítségével vizsgáltuk a vírus jelenlétét, majd ezt követően a pozitív mintából amplikon alapú teljes genom szekvenálási MinION (Oxford Nanopore Technologies, Egyesült Királyság) módszerrel meghatároztuk a vírus genomját, majd filogenetikai analízist végeztünk.

Összesen n=1/197 példányban, egy vörös róka esetében igazoltuk a vírus jelenlétét, amelyet 2024 május 29-én, Szabolcs-Szatmár-Bereg vármegyében ejtettek el. Az érintett példány esetében mindkét mintatípusból kimutatható volt a vírus RNS. Mind a teljes genom, mind pedig a Hemagglutinin gén szekvenciájának filogenetikai analízise alapján az általunk vizsgált, vörös rókából származó CDV a Europe törzsbe tartozott, amely Európában általánosan elterjedt törzsnek számít.

A teljes genom szekvenálás során kapott genom adatok segítségével további információkat kaphatunk a vírus fajspecifikitásáról, vakcina kikerüléséről, fertőzőképességéről és genomjának módosulásairól. Ezek az adatok a jövőben fontos adatokat jelenthetnek a CDV elleni védekezésben, legyen szó háziállataink immunizálásáról, vagy akár vadon élő, a CDV-vel szemben alacsony túlélési rátával rendelkező védett és fokozottan védett fajokról.

A munka során a nukleinsav extrakciót, a Real-Time RT-PCR-t a betanulást követően önállóan végeztem, a könyvtárkészítésben és a teljes genom szekvenálásban részt vettem, a szükséges eszközök és reagensok előkészítésében segédkeztem. Az adatok bioinformatikai elemzését a kutatócsoportban dolgozó bioinformatikus kolléga végezte, miközben tanultam az aktuális eljárásokat. A filogenetikai elemzésben, ábrakészítésben szintén segítséggel részt vettem.

SZIGETI BALÁZS

szigbali2500@gmail.com

biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

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

A kutyák szeparációs viselkedésének kontextusfüggésének vizsgálata

Kulcsszavak: kutya; szeparációs viselkedés; kontextusfüggés; belső állapot;

A házasítás és a fajtaszelekció során a kutyák nagy mértékben függővé váltak az embertől. Ezek a társállatok súlyos szeparációs problémákat élhetnek át, ami rossz jóléti körülményeket eredményezhet, és negatívan befolyásolhatja a kutya- gazda kapcsolatot is. A szeparációs viselkedést már korábban is vizsgálták laboratóriumban, otthon vagy szabadtéri környezetben, de tudásunk szerint azt még nem vizsgálták, hogy az adott kontextusok között különbözik-e az egyedeken belül. Ezért összehasonlítottam a családi kutyák beltéri és kültéri szeparációs viselkedését, feltételezve, hogy a kontextuális különbségek ellenére a kutyák mindkét helyzetben hasonló viselkedést mutatnak, az ugyanazon mögöttes érzelmek következtében. A beltéri szituációban a gazdi 3 percre egy ismeretlen helyiségben hagyta a kutyát. A kültéri helyzetben először a tulajdonos egy fához kötötte a kutyát, majd a 3 perces időtartam alatt a tulajdonos elsétált és egy épület mögé bújt, majd a 3 perc elteltével a tulajdonos visszasétált. Rögzítettem a kutyák viselkedését, és az időszázalékokból PCA pontszámokat kalkuláltam, amelyeket összehasonlítottam a két helyzet között. Az eredményekben, bár a predikciók nem nyertek támogatást, bizonyos eredmények összhangban voltak a korábbi vizsgálatokkal, és a kutyák szeparációs viselkedésének hátterében álló belső állapotokat még jobban feltártam. A levont következtetés az, hogy a különböző kontextusok hasonló szociális környezetben (itt a szeparáció) különbözőképpen aktiválhatják az érzelmeket ugyanabban a kutyában, amelyek a kontextustól függően a viselkedésben nyilvánulhatnak meg. Emellett a tanulmány rávilágít arra is, hogy mennyire fontos az egyes viselkedések vagy jelenségek kontextus-specifikusságának vizsgálata. Összefoglalva, a kültéri szeparáció tanulmányozása a beltéri laboratóriumi tesztek mellett fontos betekintést nyújthat a kutyák szeparációs viselkedése mögötti belső állapotokba, ami új utakhoz vezethet a kutyák jóléti állapotának javításához. Továbbá ez a megközelítés szélesebb körű áttekintést nyújthat a kutyák viselkedéséről, ami a kóros szeparációs viselkedés biztosabb és megfelelőbb diagnózisához vezethet.

SZILÁGYI SAROLTA*charlotteszilagyi@gmail.com*

Biológia

BSc, 3. félév

Állatorvostudományi Egyetem

*Témavezetők:**Elek Zoltán**egyetemi adjunktus, ATE**Tinya Flóra**tudományos munkatárs, HUN-REN Ökológiai Kutatóközpont, Ökológiai és Botanikai
Intézet*

Természetvédelmi célú léknyitások hatásai cseres-tölgyes erdő újulatára

Kulcsszavak: újulati szint; lék; természetvédelmi erdőkezelés

Magyarország erdeinek faállománya a vágásos üzem mód hatására jelentősen homogenizálódott szerkezetileg és összetételileg az elmúlt évszázadokban. A heterogenitás növekedése a vágásos gazdálkodás fokozatos felhagyásával, spontán módon lassan megy végbe, de célzott természetvédelmi beavatkozásokkal felgyorsítható. Kutatásomban az állományalkotó kocsánytalan tölgy (*Quercus petraea*) és két elegyfaj, a mezei juhar (*Acer campestre*) és a házi berkenye (*Sorbus domestica*) csemetéinek növekedését vizsgáltam különböző mintaterületeken eltérő záródásviszonyok mellett: természetvédelmi céllal mesterségesen kialakított lékekben és kontroll zárt állományban. A mintaterületek a Bükki Nemzeti Park Igazgatóság vagyonkezelésében lévő erdőrészekben voltak, ahol cseres-kocsánytalan tölgyes állomány jellemző. A bekerített mintaterületeken a vizsgált fajok csemetéi azonos számban lettek beültetve (fajonként 120 db), valamint a 120 tölgy és 87 juhar spontán jelen lévő csemete is ki lett jelölve. A csemeték magassága és töltméréje volt mérve 2018 és 2023 között. A fényviszonyokat szférikus denziométerrel becsült záródáshiány-értékekkel jellemeztük.

Az eredmények alapján megállapítható, hogy a csemeték növekménye jelentősen eltér a lék és kontroll területeken. A lék területeken a legnagyobb növekedés a berkenyénél volt megfigyelhető, a juhar közepes növekményt mutatott, a tölgy pedig gyengébbet. A csemeték növekménye alapján elmondható, hogy a záródáshiány hatással van a fejlődésükre, de nem a legmagasabb fényértékek mellett volt a legintenzívebb a növekedés. Nagy záródáshiány mellett, a nagyobb fény miatt az aljnövényzettel való feltételezhető kompetíció miatt kisebb a csemeték növekménye.

Ezek az eredmények megmutatták, hogy lékek létrehozásával megindítható a felújulás homogén, zárt szerkezetű erdőben, de az aljnövényzettel való kompetíció kérdésére nagy figyelemmel kell lenni a léknyitás során. A megnövekedett fényből az elegyfajok jobban profitálnak, mint a kocsánytalan tölgy csemeték, ezért ezekkel a beavatkozásokkal a faállomány jövőbeli diverzitása is fokozható.

SZILÁGYI SAROLTA*charlotteszilagyi@gmail.com*

Biológia

BSc, 5. félév

Állatorvostudományi Egyetem

*Témavezetők:**Dr. Ódor Péter**tudományos tanácsadó, HUN-REN Ökológiai Kutatóközpont Ökológiai és Botanikai Intézet**Horváth Csenge Veronika**tudományos segédmunkatárs, HUN-REN Ökológiai Kutatóközpont Ökológiai és Botanikai Intézet**Dr. Kövér Szilvia**tudományos munkatárs, ATE*

Örökerdő és vágásos üzem mód aljnövényzeti szintre gyakorolt hatásainak összehasonlítása mecseki őshonos fafajú erdőkben

Kulcsszavak: újulati szint; örökerdő üzem mód; vágásos üzem mód, terepi vizsgálat, fény

Közép-Európában az elmúlt két évszázadban a vágásos üzem mód (VÜ) dominálta az erdőgazdálkodást, amely homogén, egykorú erdőállományokat hoz létre nagy intenzitású zavarást jelentve az erdei életközösségek számára. Ezzel szemben az örökerdő üzem mód (ÖÜ) fenntartja a folyamatos erdőborítást és többkorú, heterogén szerkezetű erdőket eredményez. Magyarországon a VÜ aránya az erdőterületek 90%-át, míg az ÖÜ alig 5%-át teszi ki (ide sorolva az átmeneti üzem módot is), de összhangban a nemzetközi törekvésekkel az ÖÜ arányának növekedése várható a közeljövőben. Emiatt különösen fontos feltárni a két üzem mód közötti ökológiai különbségeket.

A kutatás célja a VÜ és az ÖÜ aljnövényzeti diverzitásának és fajösszetételének összehasonlítása a Mecsek két erdőtömbjében. Két mintaterületen (egy VÜ-ban és egy ÖÜ-ban) összesen 40 mintaponton vizsgáltuk az aljnövényzet összetételét és diverzitását. Ennek során az összes lágyszárú és az 50 cm magasság alatti fásszárú egyedeket vettük figyelembe. Az adatelemzéshez általános lineáris modelleket, ordinációs módszereket és PERMANOVA tesztet alkalmaztunk.

Több szempont szerint is eltér az ÖÜ és a VÜ aljnövényzeti szintje. A VÜ-ban magasabb a fajszám és a borítás, valamint magasabb a lombkorona záródási hiány mértéke (amely a diffúz fény mennyiségére ad egy közelítő értéket). Zárterdei fajok nagyobb relatív frekvenciával fordultak elő az ÖÜ-ban, míg a VÜ-ban a generalista és nyílt vegetációban előforduló fajok jelentek meg magasabb arányban. Összességében elmondható, hogy az ÖÜ-ben nagyobb arányban fordultak elő erdei fajok. Az egyéves, illetve évelő lágyszárúak aránya a VÜ-ban volt magasabb. Az ÖÜ-ban nagyobb relatív frekvenciával fordultak elő graminoid és fásszárú fajok (fák, cserjék, félcserjék a szeder (*Rubus fruticosus agg.*) kivételével). A szeder jelenlét aránya nagyobb volt a VÜ-ban. Az ordináció alapján a két gazdálkodási mód aljnövényzeti összetétele részben átfed, viszont a PERMANOVA elemzés szignifikáns eltérést ($p=0,003$) mutat ki közöttük.

Az eredmények fényében elmondhatjuk, hogy az ÖÜ hatékonyabban tartja fent a természetes erdők szerkezeti jellemzőit, mint a VÜ. Az ÖÜ-ban nagyobb arányban fordulnak elő erdei fajok, míg a VÜ-ban a bolygatástűrő és generalista fajok gyakoribbak. Az ÖÜ jobban megőrzi a vegetáció faji- és funkcionális összetételének erdei jellegét, ezáltal hatékonyabb lehet a biodiverzitás megőrzésében.

SZITTYAI JÚLIA

jszittyai@student.elte.hu

Biotechnológia

MSc, 4. félév

Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi

Egyetem

Vegyészmérnöki és Biomérnöki Kar

*Témavezetők:**Dr. Kovács Mihály**full professor, ELTE TTK**Dr. Ecsédi Péter**research fellow, ELTE TTK*

A bakteriális egyszálú DNS-kötő (SSB) fehérjekondenzátumok szubcelluláris lokalizációja és átrendeződése a stresszválaszban és a sejtproliferációban

Kulcsszavak: Escherichia coli; folyadék-folyadék fázisszeparáció; egyszálú DNS-kötő fehérje; genom karbantartás; structured illumination microscopy

The importance of liquid-liquid phase separation (LLPS) is becoming increasingly evident, with numerous eukaryotic and prokaryotic proteins reported to be capable of undergoing LLPS. Single-stranded DNA binding proteins (SSBs) are universal and essential elements of genome maintenance. In 2020, our group demonstrated that the *E. coli* SSB (EcSSB) exhibits LLPS propensity and undergoes phase separation *in vitro* but the behavior of these condensates within bacterial cells remains unexplored. In this study, we aimed to investigate the subcellular localization of SSB condensates under various conditions. To achieve this, we used an *E. coli* strain expressing GFP-fused SSB from a genomic locus. Our results from structured illumination microscopy (SIM) reveal that SSB condensates do rearrange when cells are exposed to stress. The data also indicate that SSB condensate dynamics are linked to metabolic readjustments associated with cell proliferation phases and changes in nutrient conditions. These findings demonstrate that SSB-driven condensates play a role in the storage/sequestration of genome metabolic proteins under normal conditions and can be rapidly mobilized upon stress-induced exposure of genomic ssDNA segments. These results pave the way for genetic and pharmacological engineering of SSB-driven condensation, allowing for the dissection of its cellular roles and the exploration of new opportunities for developing antibacterials targeting this mechanism. The author of this OTDK thesis carried out the optimization experiments using epifluorescence microscopy for the *in vivo* imaging; performed sample preparation for super-resolution microscopy imaging of cells; conducted the *in vitro* experiments, including turbidity measurements and epifluorescent imaging with isolated EcSSB protein; and participated in the analysis and evaluation of the experimental data.

SZOLNOKI ANNA

annaszolnoki2@gmail.com

Biológus

MSc, 9. félév

Állatorvostudományi Egyetem

*Témavezetők:**Erős Tibor**tudományos tanácsadó, HUN-REN Balatoni Limnológiai Kutatóintézet**Kövér Szilvia**tudományos munkatárs, ATE*

A Balaton halállományának jellemzése környezeti DNS mintavételek alapján

Kulcsszavak: környezeti DNS; mintavételi reprezentativitás; diverzitás; közösség szerkezet

Ökológiai vizsgálatok során az élőlényközösségek szerkezetét jól tükröző minta szükséges a közösségi diverzitás nyomon követéséhez, valamint környezetminősítési rendszerek megfelelő működtetéséhez és környezetgazdálkodási tervek kidolgozásához. A reprezentatív mintavétel megvalósítása azonban nem egyszerű feladat, mert a mintavételek megbízhatóságát számos tényező befolyásolja. Édesvízi halközösségek monitorozásakor az eredmény jelentősen függhet az abiotikus és biotikus jellemzőkön túl az alkalmazott mintavételi eszközök szelektivitásától. A hagyományos eszközök ígéretes kiegészítője, illetve a jövőben akár alternatívája lehet a környezeti DNS mintavételeken alapuló felmérés. Felhasználhatóságát illetően azonban egyelőre hiányos a rendelkezésre álló ismeretanyag, így például hatékonysága nincs meghatározva különböző élőhelytípusok és élőlénycsoportok esetén. Munkánk során összehasonlítottuk a Balaton halállományának közösség szerkezetéről informáló hagyományos és környezeti DNS mintavételeken alapuló felmérések eredményeit. Összevetettük az egyes módszerek által kimutatható diverzitásértékeket és a közösségek összetételét (jelenlét/hiány és relatív abundancia adatok alapján) a teljes tó szintjén és élőhelytípusonként. A környezeti DNS mintavételi módszer minden hagyományos módszerrel szemben és minden élőhelytípusban jobban teljesített. Alkalmazása kevesebb mintavételi szám esetén is nagyobb lefedettségű mintát és összességében több kimutatott taxont eredményezett, mint a hagyományos eszközök. Eredményeink szerint a környezeti DNS mintavételén alapuló felmérés igen hatékony, mivel kis mintavételi számok mellett is lehetővé teszi a közösség reprezentatív jellemzését. A módszer tehát kifejezetten javasolt a Balaton és más tavak halállományának monitorozásához, a közösségösszetétel tér, -és időbeli változásainak leírásához.

SZŐCS ÁGNES

agnesszocs2@gmail.com

Ökológia és természetvédelem

BSc, 5. félév

Babeş-Bolyai Tudományegyetem

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

A növényzet szerkezetének hatása legelőgyomok fejlődésére

Kulcsszavak: legelőgyomok; gyepterületek; kompetíciós nyomás

A legelőgyomok sikeresen elszaporodhatnak az intenzíven legelt gyepterületeken. Köztudomású, hogy sikerüket a legelés elkerülésének mechanizmusai által biztosítják. Egy másik magyarázat azonban a legelő növényzetének a szerkezetében keresendő, amely a legelési nyomás következtében kisebb kompetíciós képességgel bír, eképp a legelőgyomok sikeresebben növekedhetnek a legelt vegetációban. Terepi kísérletünk során négy Erdélyben fellelhető, ugyanakkor rövidéletű fészkes virágzatú legelőgyom (*Xeranthemum cylindraceum*, *Xeranthemum annum*, *Centaurea solstitialis* és *Carthamus lanatus*) fejlődését vizsgáltuk három kezeléstípus függvényében: nem vágott, egyszer vágott, háromszor vágott, a célfajok érintetlenül hagyása mellett. Azt feltételeztük, hogy a biomassza-eltávolítás, mely a környező növényzet szerkezetét nyílttá és alacsonnyá teszi, serkenti a kísérleti fajok növekedését, virágzását, valamint túlélésükre is pozitív hatással lesz. Eredményeinkben azt találtuk, hogy a környező növényzet megnyitása, valószínűleg a kompetíciós nyomás csökkentése és a fényellátottság növelése által, valóban serkenti a legelőgyomok növekedését, így nagyobb száraz biomassza tömeget eredményeztek az egyszer, illetve háromszor vágott területeken fejlődő egyedek, a kezelés nélküli kvadrátokhoz képest. Továbbá, nagyobb túlélést mutattak azon kvadrátokban, ahol a vegetáció általi kompetíciót visszaszorítottuk. Már a kisebb mértékű beavatkozás (egyszeri vágás) is szignifikáns különbséget mutatott a kontrollhoz képest, ahol az egyedek nem léptek át a fejlődés további stádiumába, nagyon alacsony arányban virágoztak és gyakoriak voltak a kihalási események is. Következésképpen, ha a legelőgyomok túlzott mértékben elszaporodnak intenzíven legeltetett gyepterületeken, a legelők pihentetése (ami a vegetáció regenerálódásához vezet) segít megfékezni őket, mivel a kompetíció csökkenti állományméretüket és fennmaradásukat.

TAKÁCS BEATRIX

takacsbea02@gmail.com

Biológia

BSc, 6. félév

Eszterházy Károly Katolikus Egyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Kiss Csaba

tanársegéd, EKE TTK

Morfológiai különbségek eredeti és áthelyezett fészkekből kikelt közönséges levesteknős (*Chelonia mydas*) fiókák között*Kulcsszavak: Chelonia mydas; veszélyeztetett; digitális tolómérő; morfológia*

A globális felmelegedés, a tengerszint emelkedése és az etikátlan halászat miatt napjainkban elengedhetetlen a veszélyeztetett tengeri fajok védelme. A közönséges tengeri teknősök (*Chelonia mydas*) is szenvednek az antropogén hatások következményeitől. A fészkek áthelyezését a természetvédelmi biológiában gyakran alkalmazzák, ez akkor fordul elő, ha a fészkek túl közel vannak az árapály vonalához, és fennáll az áradás potenciális veszélye. Még ha az új fészkek paraméterei hasonlóak is az eredetiekhez, a folyamat során és a környezeti háttérváltozók hatására a kikelt fiókák morfológiai jellemzői megváltozhatnak. Három hónapot szenteltem az észak-ciprusi közönséges tengeri teknősök fészekáthelyezésének hatásait vizsgáló átfogó kutatásnak. Összesen 12 fészekből 380 egyedet mértem meg TRESNA 300 mm-es digitális tolómérővel. Az R statisztikai környezetben az ANOSIM és az NMDS módszerek mind a morfológiai jellemzők, mind a környezeti háttérváltozók tekintetében szignifikáns különbségeket mutattak ki az eredeti és az áthelyezett fiókák között. Sajnos nincs más publikáció, amely az NMDS módszert alkalmazná erre a fajra, ezért fontosnak tartom az eredményeim bemutatását. Ez a kutatás információkat szolgáltat a jövőbeli morfológiai vizsgálatokhoz, és döntő fontosságú betekintést nyújthat a közönséges tengeri teknősök fészekáthelyezésével kapcsolatban. Emellett kulcsfontosságú szerepet játszik a veszélyeztetett fajok védelmére való figyelemfelhívásban.

TAKÁCS PANNA TAMARA*takipannitama@gmail.com*

Biológus

BSc, 6. félév

Eszterházy Károly Katolikus Egyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Murányi Dávid**tszv. egyetemi docens, EKKE TTK*

Összehasonlító talaj és fitofág faunisztikai vizsgálatok budapesti szigetek

Kulcsszavak: diverzitás; ízeltlábúak, tájhasználat

Kutatásom során a Margit-sziget és az Óbudai-sziget talaj- és fitofág faunájának összetételét vizsgáltam, majd erre alapozva következtettem a szigetek élőhelyeinek természetességére. A munkám célja főként a két sziget összehasonlítása volt, mivel közel esnek egymáshoz, ugyanakkor a tájhasználatuk részben eltérnek, így jó összevetési alapot biztosítanak. Hipotézisem az volt, hogy eredményeim reflektálni fogják az emberi beavatkozás hatásainak mértékét a biotópokra. A vizsgált egyedeket egyelő gyűjtéssel, talajcsapdázással és talajminta futtatással gyűjtöttem fél éves távlatban. A kapott adatokra alfa- és béta-diverzitást számoltam, illetve ökológiai szempontból vizsgáltam az egyes taxonokat különös tekintettel azokra, amelyek csak egy szigetről kerültek ki. Eredményeim alapján arra a következtetésre jutottam, hogy a szigetek között van kimutatható természetességbeli különbség és ezt nagy valószínűséggel a Margit-szigeten zajló intenzív parkosítás valamint a nem őshonos fajok szándékos vagy akaratlan behurcolása okozza.

TAKÁCS PÉTER*takacspeter0822@gmail.com*

biológia-angol szakos középiskolai tanár

Osztatlan, 12. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Berzsenyi Dániel Pedagógusképző Központ

*Témavezetők:**Dr. habil. Gyurácz József**főiskolai tanár, ELTE BDPK**Dr. Erdélyi Károly**tudományos főmunkatárs, HUN-REN Állatorvostudományi Kutatóintézet*

Két parazita atkafaj vizsgálata hazai énekesmadarakon*Kulcsszavak: paraziták; atka*

Dolgozatom két, Magyarországon kevésbé ismert madárparazita atka, a *Harpirhynchus dusbabeki* és a *Blankaartia acuscutellaris* interdiszciplináris vizsgálatát mutatja be. A kutatás célja az élősködők gazdaspektrumának és prevalenciájának feltérképezése volt a hazai madárfaunában. A terepi adatgyűjtésünk 2022 és 2024 között zajlott a Fertő-Hansági Nemzeti Parkban, valamint országszerte önkéntes madárgyűrűzők által. A vizsgálati időszakunk alatt 32 madárfaj 1949 egyedét sikerült befognunk.

A *Harpirhynchus dusbabekit* először észleltük Magyarországon, elsősorban barkóscinegén, de három új gazdafajjal (fülemülesítke, széncinege, csíz) bővítettük az ismert gazdaspektrumot. Az atka jelenléte a madarak bőrén cisztaszerű elváltozásokat okozott, amelyekben mind felnőtt, mind lárvastádiumban lévő egyedeket azonosítottunk. Ez utóbbi különösen jelentős, mivel a nemzetközi szakirodalomban a *H. dusbabeki* lárváinak morfológiai leírása eddig nem történt meg. A vizsgálati időszak alatt ezen atkafajt sporadikus előfordulás jellemezte.

A *Blankaartia acuscutellaris* gazdaspektruma szélesebb, kutatásunk során 15 hazai madárfaj bizonyult fogékornak a fertőzésre, ebből nyolc fajt e vizsgálat azonosított először gazdafajként. Ezen ízeltlábú legmagasabb prevalenciáját a barkóscinegék körében tapasztaltuk, különösen fiatal egyedek körében (63%). Ez a fokozott expozíció az élősködővel szoros összefüggésben állhat a juvenilis madarak viselkedési és ökológiai jellemzőikkel, például csoportos táplálkozásukkal és vizes élőhelyekhez való kötődésükkel.

A filogenetikai elemzés során a *Blankaartia acuscutellaris* magyar és szlovák populációinak COX1 génszekvenciái közötti nagyfokú hasonlóságot mutattunk ki, míg az ázsiai minták jól elkülönülő klasztert alkottak. Ez a földrajzi elkülönülés az allopatrikus fajképződés lehetőségére utalhat.

Összességében a dolgozat új tudományos eredményeket szolgáltatott a vizsgált atkafajok hazai elterjedéséről és gazdaspektrumáról. E vizsgálat alapján számos új kutatási irány is körvonalazódott, például a *B. acuscutellaris* vektorszerepének és a paraziták szezonális dinamikájának további feltérképezése.

TAKÁCS PÉTER*takacspeter0822@gmail.com*

biológia-angol szakos középiskolai tanár

Osztatlan, 12. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Berzsenyi Dániel Pedagógusképző Központ

*Témavezetők:**Dr. habil. Gyurácz József**főiskolai tanár, ELTE BDPK**Dr. Erdélyi Károly**tudományos főmunkatárs, HUN-REN Állatorvostudományi Kutatóintézet Betegség ökológia és vadegészségügy munkacsoport*

Kerecsensólymok vérparazita fertőzöttségének felmérése és egy új valós idejű PCR módszer tesztelése*Kulcsszavak: kerecsensólyom; vérparaziták; malária*

Dolgozatomban magyarországi kerecsensólymok vérparazita-fertőzöttségét vizsgáltam. Az említett élősködők közül kiemelendők a Plasmodiumok, Haemoproteusok és Leucocytozoonok, melyek jelentősen befolyásolhatják gazdaszervezeteik egészségi állapotát és szaporodási sikerét, hiszen a fentebb tárgyalt egysejtű fajok felelősek a madár maláriáért.

A betegség nyomon követése érdekében elengedhetetlen a megbízható, pontos és időtakarékos molekuláris biológiai módszerek használata a paraziták detektálására. Éppen ezért kutatásom része egy frissen publikált valós idejű PCR (qPCR) protokoll specifitásának és szenzitivitásának felmérése egy már jól bevált nested-PCR-eljárás referenciamintákon, vérélősködők kimutatásában tapasztalt eredményeivel.

A vizsgálat során 2024-ben kelt 58 kerecsensólyom fiókából vett vérmintában igyekeztünk kimutatni a tárgyalt vérparaziták jelenlétét hagyományos nested-PCR segítségével. A vizsgálataink negatívnak bizonyultak minden egyes minta esetében. A hazai kerecsensólymok és a vérparaziták kapcsolatának feltárásához további kutatások szükségesek, mert bár a fiókák vérében ezúttal nem találtunk élősködőket, a felnőtt egyedek fertőzöttségének felmérésére indokolt lehet.

A qPCR módszer specifitása és érzékenysége a referenciamintákon tapasztaltak alapján 100%-osnak bizonyult. Joggal feltételezhető, hogy amennyiben a jövőben kerecsensólymok (vagy egyéb madárfajok) körében vérparazitákra visszavezethető járványszerű megbetegedést, vagy elhullást érzékelünk, ezen diagnosztikailag pontos eljárás segítségével megbízhatóan eredhetünk az élősködők nyomába.

A kutatás jövőbeli irányai között szerepel a fészekelhelyezés (magasfeszültségű oszlop vagy fák lombkoronája) és a parazitáltság közötti kapcsolat vizsgálata, valamint a vérparaziták és egyéb kórokozók, például arbovírusok koinfekcióinak tanulmányozása. A dolgozat hozzájárul a magyarországi kerecsensólyom populáció hosszútávú védelmi stratégiáinak megalapozásához.

TARCSA VIRÁG

tarcsa.virg@gmail.com

Biológia Alapszak

BSc, 5. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Varga Máté**egyetemi docens, ELTE TTK**Szabó Nóra**PhD-hallgató, ELTE TTK*

**Digitális atlasz létrehozása kínai paradicsomhal (*Macropodus opercularis*)
agyműködésének vizsgálatára**

Kulcsszavak: viselkedésgenetika; agy-atlasz; immunfluoreszcens festés; paradicsomhal; kiegészítő modellszervezet

A *Macropodus opercularis*, azaz a kínai paradicsomhal egy Délkelet-Ázsiából származó csontoshal faj, amely az oxigénszegény vizekhez való alkalmazkodás során speciális anatómiai változásokon ment keresztül, emellett pedig, komplex viselkedésmintázatokkal is rendelkezik. Ez utóbbinak köszönhetően kezdett el velük foglalkozni a közismert etológus, Dr. Csányi Vilmos is. Ennek eredményeként az 1970-es évektől kezdve számos, viselkedéssel kapcsolatos publikáció látott napvilágot, azonban a paradicsomhalak genetikája, molekuláris és fejlődésbiológiája mindezidáig feltáratlan maradt.

Napjainkban, a technológia fejlődésének köszönhetően, lehetőség nyílt számos faj esetében a genetikai és viselkedésbiológia tudományterületeinek szorosabb összekapcsolására. Ennek a kapcsolódásnak fontos eszközei lettek az idegrendszeri expressziót mutató gének részletesebb tanulmányozását is lehetővé tevő, háromdimenziós (3D) agyi-atlaszok. A viselkedés-függő génexpressziót láthatóvá tevő agyi atlasz mélyebb betekintést nyújt a vizsgált élőlény idegrendszerének működésébe, és lehetővé teszi a rokonfajok közti génexpressziós mintázatok összehasonlítását is, betekintést adva egyes viselkedési mintázatok evolúciójába is.

Munkám célja, hogy létrehozzam az elő paradicsomhal agyi atlaszt, amelynek segítségével a későbbiekben vizsgálhatjuk az állatok idegrendszerének evolúciós, neurobiológiai és viselkedésgenetikai vonatkozásait.

Munkám során sikeresen optimalizáltam a tERK és pERK immunfluoreszcens festést 5 napos paradicsomhal lárvákra. Az ennek köszönhetően készített képek alapján, bioinformatikai módszereket felhasználva sikeresen létrehoztuk az agy-atlasz alapjául szolgáló agy-templátot. Az agy-templát segítségével kimutattuk, hogy az izoláltan nevelt paradicsomhal lárvák agyi aktivitása megnő. Továbbá sikeresen optimalizáltam több, agy specifikus in situ hibridizációs próba protokollját paradicsomhal lárvákra.

TARI KITTI

kittitari2000@gmail.com

Biológus

MSc, 2. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Varga Mónika

tudományos munkatárs, SZTE TTIK

Pseudomonas izolátumok metabolomikai vizsgálata

Kulcsszavak: Pseudomonas, metabolomika, antagonista

A fitopatogén gombák szántóföldi kártétele jelentős termésvesztést eredményezhet, valamint az általuk termelt másodlagos metabolitok révén egészségügyi kockázatot is jelenthetnek a mezőgazdasági termékekben. A védekezésben a vetésforgó, a rezisztens növényfajták nemesítése és a szintetikus vegyszerek mellett biokontroll mikroorganizmusokat, például *Bacillus*, *Streptomyces* és *Pseudomonas* törzseket is alkalmazhatnak, de változó hatékonyságuk, alacsony piaci jelenlétük és a termelők bizalmatlansága miatt használatuk egyelőre korlátozott.

Vizsgálataink során célunk az volt, hogy a korábbi kísérleteinkben egy kiválasztott *Aspergillus flavus* gombával szemben antagonista hatást mutató *Pseudomonas* izolátumokban azonosítsuk a tapasztalt biokontroll hatásáért felelős metabolitokat. Ennek érdekében létrehoztunk egy tömegspektrometriás adatbázist az irodalomban eddig leírt, *Pseudomonas* fajok által termelt bioaktív vegyületek alapján, majd HPLC-ESI-HRMS módszerrel feltérképeztük 50 izolátum metabolitprofilját, melyek közül a korábbi kísérletekben 6 törzs mutatott antagonista hatást.

Az adatbázisok és a metabolitprofil elemzésével azonosítottuk az izolátumok által termelt, már ismert bioaktív hatású vegyületeket: különböző biokontroll metabolitokat, sziderofórokat, ciklikus lipopeptideket, quorum sensing és azokkal rokon szerkezetű molekulákat. Az összehasonlító elemzéseink alapján ezek jelenléte nem lehetett felelős az antagonista hatás kialakulásáért. Találtunk azonban hét, az adatbázis alapján nem azonosítható komponenst, melyeket kizárólag az antagonista hatást mutató izolátumok termeltek. Ezen vegyületeket tömegspektrometriásan jellemeztük és az egyik metabolit szerkezetére a meglévő kísérleti adatok alapján javaslatot tettünk.

TASKOVITY BALÁZS*btaskovity@gmail.com*

természetvédelmi mérnök

BSc, 6. félév

Soproni Egyetem

Erdőmérnöki Kar

*Témavezető:**Dr. Kalicz Péter**egyetemi docens, SOE EMK*

Körös-éri Tájvédelmi Körzet vizes élőhelyeinek átalakulása

Kulcsszavak: vizes élőhely; vízhiány; talajvízszint süllyedés; Madarász-tó; vízpótlás

Dolgozatomban a Körös-éri Tájvédelmi Körzet vizes élőhelyeinek átalakulására szeretném felhívni a figyelmet a vízhiány szempontjából vizsgálva. A dolgozathoz szakirodalmakat és szakemberek kutatásait használtam fel, talajvízszintmérő kutak és meteorológiai állomások adatait értékeltem ki, saját vízkémiai méréseket - mint vezetőképesség vizsgálat és fehérmustármag (*Sinapis alba*) hajtását - végeztem, egyéb információkat pedig a helyi természetvédelmi őrről – Krnács György – együtt végzett terepi bejárás és saját tapasztaltok során szereztem a területről. A dolgozatban röviden bemutatom a vizes élőhelyeket és a tájvédelmi körzetet, ezt követően ismertetem egy tájtörténeti elemzés során terület múltját és átalakulását, a tájvédelmi körzet vizes élőhelyeit és jelenlegi állapotukat, majd feltárom terület szárazodásának okait és hatásait a vizes élőhelyekre. A vízhiány mellett kitérek egy területegység vizének állapotának leromlására és annak okaira. Végül pedig javaslatot teszek a tájvédelmi körzet vizes élőhelyeinek vízpótlására, kutatására és egy terület védetté nyilvánítására.

TAVASZI TAMARA

tavaszitami22@gmail.com

Biológia

BSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Török Bibiána**tudományos munkatárs, HUN-REN Kísérleti Orvostudományi Kutatóintézet*

Humán cinguláris kérgi neuronok gátló innervációja szkizofréniában

Kulcsszavak: szkizofrénia; humán; vGAT; Brodmann 23, gátló beidegzés

A szkizofrénia (SKIZ) a populáció 1%-át érintő mentális betegség. Pozitív (hallucináció, téveszmék, rendezetlen gondolatok), negatív (zárkózottság, motiváció hiány, érzelmek eltompulása), valamint kognitív (memóriazavar, figyelemzavar) tüneteket mutathatnak a betegek. A poszterior cinguláris kéreg egy jelentős területe, Brodmann área 23 (BA23) a nyugalmi állapot fenntartásáért felelős "alapműködési hálózat" (default mode network-DMN) része. Korábbi tanulmányok összefüggésbe hozták a DMN diszfunkcióját a SKIZ negatív tüneteivel.

Célunk megvizsgálni, hogy a BA23 neuronjainak gátló bemenetei megváltoznak-e SKIZ-ben. Rövid posztmortem idejű (2-5h) humán jobb oldali BA23 III. és V. kérgi rétegében az idegsejtek szomatikus gátló bemenetét vizsgáltuk kontroll és SKIZ alanyokban. A 60 µm vastag metszeteken neuronális marker (NeuN), vezikuláris GABA transzporter (vGAT), valamint sejtmagjelölő (DAPI) fluoreszcens immunhisztokémiát alkalmaztunk. Az analízist konfokális fluoreszcens mikroszkóppal, 60x-os objektívvel készült képeken végeztük.

Az V. kérgi rétegben szignifikánsan kevesebb periszomatikus gátló terminális található idegsejteken SKIZ alanyokban a kontrollokhoz képest. Ez befolyásolhatja a BA23 kéreg alatti régiókkal való kommunikációját, továbbá a gyengébb szomatikus gátlás a BA23-ban hatással lehet a DMN működésére, mely a SKIZ negatív tüneteinek megjelenéséhez vezethet. A továbbiakban sejttípus-specifikusan is feltárjuk a vGAT terminálisok végződését SKIZ-ben, illetve a féltekék közti esetleges különbséget is vizsgáljuk.

TEMPLE RAMÓNA*ramonatemple@gmail.com*

Molekuláris biológia

MSc, 1. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Tihanyi Balázs**tudományos munkatárs, SZTE TTIK*

Antropológiai nemmeghatározási módszerek összehasonlító vizsgálata avar kori humán csontleleteken*Kulcsszavak: történeti embertan; nemmeghatározás; módszerek; medencecsont; Baja–Jankó-dűlő*

A történeti embertani vizsgálatok egyik alapvető lépése a vizsgált egyén biológiai nemének meghatározása. A téma jelentősége miatt sok kutató foglalkozott a nemmeghatározási módszerekkel, és napjainkra sokféle eljárás áll rendelkezésre, azonban ezek hatékonysága eltérő lehet, különösen történeti embertani anyagok esetében. Ezért elengedhetetlen a módszerek vizsgálata. Jelen kutatásomban a medenceöv csontjainak antropológiai nemmeghatározási módszereire összpontosítottam, különböző eljárások gyűjtésével és összehasonlításával.

Kettős megközelítést alkalmaztam: először irodalmi áttekintést végeztem a hazai és nemzetközi gyakorlatban elfogadott nemmeghatározási eljárásokról, majd gyakorlati vizsgálatokat folytattam egy avar kori temetőből származó humán csontanyagban. A vizsgálati anyag 40 egyén csontvázát tartalmazta, beleértve a jól és rosszul megőrződött eseteket is. A gyakorlati tesztek során összehasonlítottam a magyarországi antropológiai gyakorlatban elterjedt Éry és munkatársainak 1963-as módszerét két nemzetközileg elismert eljárással (Bruzek 2002-es morfológiai módszere és a DSP2 metrikus módszer). Az eredményeket három szempont szerint értékeltem: vizsgálhatóság, használhatóság és eredményesség. Vizsgálhatóság terén Éry módszere bizonyult a leghatékonyabbnak, mivel ezzel a módszerrel a legtöbb egyénnemi meghatározás sikerült. Ugyanakkor a két másik módszer nem maradt el lényegesen. A használhatóság szempontjából a DSP2 mutatkozott a legjobbnak, hiszen objektív mérésekre épül, míg a másik két módszer kvalitatív osztályozáson alapul. Eredményesség szempontjából Bruzek morfológiai módszere volt a legmegbízhatóbb a férfiak, nők és indifferens kategóriákba való besorolás során.

Vizsgálataim alapján úgy látom, hogy mindhárom tesztelt módszer alkalmas a Kárpát-medencei történeti embertani anyagok neme meghatározására. Ugyanakkor felhívtam a figyelmet a hazai módszer hiányosságaira, amelyek további kutatásokat és fejlesztéseket igényelnek. Javaslom, hogy Bruzek morfológiai módszerét és/vagy a DSP2 metrikus módszert integráljuk a vizsgálati protokollba, hogy párhuzamos alkalmazásukkal növelhessük a nemmeghatározási eljárások hatékonyságát és megbízhatóságát.

TFIRST DÓRA*tfirst.dora@gmail.com*

Biológus

MSc, 1. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Jónás Dávid**egyetemi adjunktus, ELTE TTK*

Az extrém hosszú élettartam genetikai vizsgálata teljes genom szekvencia alapján kutyákban*Kulcsszavak: variáns; SNP; indel; öregedés; élettartam*

Idős korban megnő egyes betegségek kockázata, melyek jelentősen rontják az egyén életminőségét. A világunkban megfigyelhető társadalmi előregedés miatt egyre nagyobb hangsúlyt kap az időskori betegségek megelőzése, gyógyítása és az egészséges öregedés elősegítése. Az öregedést környezeti és genetikai faktorok egyaránt befolyásolják, így szükséges az öregedés genetikai hátterének tanulmányozása. Az extrém idős egyedek feltehetően több olyan genetikai faktorral rendelkeznek, melyek lehetővé teszik számukra a kivételesen magas életkor elérését és védelmet nyújtanak a betegségekkel szemben. A kutatásban tizenegy extrém idős (19-31 éves), krónikus betegséggel nem diagnosztizált kutya (*Canis familiaris*) teljes genom szekvenciájának bioinformatikai elemzését végeztük el, hogy feltárjuk az egészséges öregedéssel kapcsolatba hozható SNP és inzerció-delécio (indel) variánsokat. Összesen 11.185.341 SNP és 5.921.131 indel mutációt találtunk, melyekből 744.445 SNP és 491.104 indel minden extrém idős kutyában jelen volt, valamint 2.747.639 SNP és 1.558.625 indel a vizsgált kutyák legalább 70%-ában megtalálható volt. Az átlagos korú kutyákban is jelenlévő variánsok kiszűrése után 129.167 SNP és 51.431 indel maradt minden extrém idős kutyában, valamint 388.918 SNP és 120.665 indel legalább 70%-ukban. A variánsok többsége introni vagy intragénikus régiókban helyezkedett el, a vártak megfelelően. A nem kódoló régiókat érintő variánsok nem változtatják meg közvetlenül a fehérjék aminosav sorrendjét. Az exoni szekvenciákat érintő variánsokat tekintve az indel mutációk az esetek 84%-ában frameshift mutációt okoztak, illetve a vizsgált SNP-k eredményeztek missense mutációt, míg az indelek nem. Meghatároztuk a variánsok által érintett gének számát, valamint a gének génontológiai elemzését is elvégeztük: erős feldúsulást találtunk a DNS-javítás pozitív szabályozásában, a sejtvázzal, a vezikuláris transzporttal és az idegrendszerrel kapcsolatos celluláris komponensekben és folyamatokban. Az idegrendszert érintő génontológiák feldúsulása kapcsolatban lehet a neurodegeneratív betegségek kialakulásának megelőzésével. Továbbá a génontológiai elemzésben alulreprezentált immunológiai folyamatok alátámasztják, hogy az egészséges öregedésben fontos szerepet játszanak az immunrendszeri mechanizmusok, melyek kulcsfontosságúak a betegségek hatékony megelőzésében és leküzdésében.

TISZA ÁDÁM BÁLINT*tiszapontadam@gmail.com*

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Szabó Krisztián**tudományos munkatárs, ATE**Dr. Pásztory-Kovács Szilvia**tudományos munkatárs, ATE*

Költő parlagisas-populációk genetikai diverzitása és struktúrája Euráziában*Kulcsszavak: ornitológia; genetikai sodródás; filopátia; mikroszatellita, palacknyak-hatás*

The eastern imperial eagle (*Aquila heliaca*) is a long-lived raptor species with a wide distribution that follows the forest-steppe belt in Eurasia. The global breeding population is estimated to be 8,100-11,900 pairs and the species is deemed 'Vulnerable'. Russia and Kazakhstan possess the largest populations, which are migratory, while the western populations are mostly sedentary and separate into five geographic localities. In this research, I analysed 204 individuals collected from nine geographical populations across its distribution range (Western and Eastern Carpathian Basin, Northern Macedonia, Thrace, Anatolia, South Caucasus, Crimea-Ukraine, Volga-Ural, Altai). I amplified eight nuclear microsatellite loci for all samples, then I determined their genotypes. In the analyses, this dataset was supplemented with previously genotyped other seven loci. My results suggest a population structure with four distinct clades: 1. Carpathian Basin, 2. Northern Macedonia, 3. Thrace-Anatolia and 4. the unit of eastern populations. Out of these, the first three are all divergent, which could be the outcome of both historical bottlenecks and strong philopatric behaviour, although there is no sign of inbreeding. They all bear some resemblance to the eastern clade, which possesses the highest genetic diversity, indicating long-time stable extensive populations in the Caucasus and in the Altai Mountains.

TÓTH ANNA HENRIETTA*tothanncz@gmail.com*

Biomérnök

BSc, 6. félév

Debreceni Egyetem

Természettudományi és Technológiai Kar

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

PACAP hatásai mesenchymalis eredetű őssejtek differenciációjára

Kulcsszavak: PACAP; chondrogenesis; CPC; jelátviteli kaszkád

Bevezetés: A hypophysis adenilát cikláz aktiváló polipeptid (PACAP) elsőnek a központi idegrendszerből lett izolálva, azonban mára tudjuk, hogy ez a 38 aminosavból álló polipeptid számos jelátviteli kaszkádban játszik szerepet, ezáltal több fejlődéstani folyamatban is fontos szabályozó funkciót tölt be. Három receptora ismert, a VPAC1, a VPAC2 és a PAC1, mely utóbbi köti a legnagyobb affinitással a PACAP 1-38-at. Korábbi kísérletek alapján tudjuk, hogy az osteogenesis és chondrogenesis, továbbá az öregedési folyamatokban is fontos szereppel bír a PACAP 1-38.

Célkitűzés: Kísérleteink célja volt, hogy megvizsgáljuk a PACAP 1-38 chondrogenikus differenciációra gyakorolt hatásait chondroprogenitor (CPC) őssejtkultúrán.

Anyagok és módszerek: Humán eredetű osteoarthritisben szenvedő betegekből izolált CPC sejtvonalakat monolayer kultúraként tenyésztettünk, majd szintetikus PACAP 1-38 kezeléseket alkalmaztunk. Ezt követően MTT életképességi teszttel vizsgáltuk a sejtek életképességére gyakorolt hatásait a kezeléseknél. A sejtek proliferációját triciált timidin beépülésével vizsgáltuk 2 napon keresztül. Különböző szövettani festésekkel a sejtek morfológiai változásait ítéltük meg, továbbá a sejtek mátrixtermelését vizsgáltuk. A kollagéntermelés nyomonkövetéséhez triciált prolin beépülését használtuk, valamint picosirius vörös festéssel vizsgáltuk a kollagénrostok orientációját. Western blottal monitoroztuk a Sox9 és CREB transzkripciós faktorok expresszióját és foszforilációját, a P-Sox9 és P-CREB intracelluláris lokalizációját immuncitokémiával határoztuk meg.

Eredmények: A PACAP 1-38 kezelés nem okozott citotoxikus változásokat kultúránkban. A sejtek proliferációja nem változott szignifikáns mértékben. A morfológiai elemzésből szignifikáns változásokat állapítottunk meg, a sejtek longitudinális irányú csökkenést mutattak. Az extracelluláris matrix termelése fokozódott a sejtekben, mely a chondrogenikus differenciációt feltételezi, viszont a kollagéntermelés nem mutatott szignifikáns változást a kezelések hatására. Western blottal kimutattuk a P-Sox9 és P-CREB transzkripciós faktorok emelkedett expresszióját, melyek jelentős magi transzlokációt mutattak.

Diszkusszió: Eredményeink felvetik a PACAP 1-38 gyógyászati alkalmazásának lehetőségeit osteoarthritisben szenvedő betegek esetében.

TÓTH GÁBOR ÁBRIS

tothabris@gmail.com

Biológia

BSc, 5. félév

Állatorvostudományi Egyetem

*Témavezetők:**Dr. Ujszegi János**tudományos munkatárs, HUN-REN ATK NÖVI Evolúciós Ökológiai Osztály**Balogh Emese**PhD hallgató, ATE*

A Batrachochytrium dendrobatidis kételtűkórokozó varangymérgekkel szembeni érzékenységének vizsgálata

Kulcsszavak: kémiai védekezés; bufadienolid; kitridiomikózis; kételtű-ökológia; betegségökológia

A *Batrachochytrium dendrobatidis* (röviden Bd) rajzospórás gomba által okozott kitridiomikózis egy rendkívül nagy hatású kételtűbetegség, mely már legalább 90 faj kihalásában játszott szerepet az elmúlt évszázadban. A betegség különböző régiókban eltérő súlyossággal jelentkezik, aminek okai a helyi elterjedésű Bd-vonalak eltérő fertőzőképességében és a kételtűpopulációk eltérő hatékonyságú védekezésében keresendők. Kételtűeknél a kémiai védekezés az elsődleges védelmi vonal a kórokozókkal szemben. A Bufonidae családba tartozó varangyok körében elterjedt védekezési mód a szteránvázas bufadienolid vegyületek termelése. A méregtermelésben jelentős különbségeket találtak nemcsak a családba tartozó fajok között, hanem a fajokon belül, a különböző populációk között is. A bufadienolidok a Bd elleni védekezésben is hatékonyak lehetnek, ezt azonban eddig kevés tanulmány vizsgálta, és az sem ismert, hogy hatékonyabb-e a Bd-vel együtt élő varangypopulációk mérge a lokális elterjedésű Bd-vonal ellen, mint a más régiókban előforduló Bd-vonalak ellen.

Hogy megválaszoljuk ezt a kérdést, és megvizsgáljuk, mennyire érzékeny a Bd a varangyok által termelt méregre, 5 európai ország barnavarangy-populációiból (*Bufo bufo* s.l.) gyűjtött méregminták ugyanezen élőhelyekről származó Bd-izolátumokra gyakorolt növekedésgátló hatását vizsgáltuk teljes faktoriális elrendezésű *in vitro* kísérletben. A méregminták bufadienolid komponenseinek számát és mennyiségét HPLC-MS segítségével meghatároztuk, majd különböző hígításokban kezeltük a méregmintákkal a folyadékban nevelt Bd kultúrákat és meghatároztuk a növekedésre gyakorolt gátló hatás mértékét a folyadék-kultúrák optikai denzitásának mérésével.

Eredményeink egyértelműen alátámasztják, hogy a bufadienolid szekréciók gátolják a Bd növekedését, továbbá azt mutatják, hogy a gátlás hatékonysága függ a méregminta és a Bd-izolátum származási helyétől is. Kimutattuk, hogy a gátlás hatékonysága átlagosan valamelyest kisebb az azonos származású méreg-Bd párosítások esetén, mint a nem ugyanonnan származó párosításoknál. Ennek hátterében a Bd-vonalak adaptációja állhat a lokális varangypopulációk mérgeinek jobb eltűrésére. A továbbiakban az egyes bufadienolid komponensek hatékonyságában rejlő változatosság feltérképezésével tervezzük kideríteni, hogy mi okozza a varangymérgek gátlóképességében tapasztalt különbségeket.

TÓTH GABRIELLA LAURA*toth.gabriella.laura@gmail.com*

Biológia

BSc, 5. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Molnár László**tudományos főmunkatárs, HUN-REN BLKI Tihany*

Ugyanaz, vagy mégsem? A szelvényregeneráció új megközelítésben

Kulcsszavak: regeneráció; morfallaxis; epimorfózis; vaskofaktorok; sejtproliferáció

A szelvényregeneráció folyamatát vizsgáltuk sztenderdizált műtéti csonkolások után az *Eisenia andrei* (Annelida, Oligochaeta, Lumbricidae) modellállat alkalmazásával. Hisztológiai és hisztokémiai módszerek alkalmazásával megállapítottuk, hogy az eltávolított szelvényekkel azonos szerkezetűnek tudott regenerált szelvények a látszólagos hasonlóság ellenére más szerveződésűek és összetételűek. A csonkolás után kialakuló regenerációs blasztéma és a belőle kialakuló új szelvények a 3. posztoperatív hétig nem, vagy csak minimális mértékben tartalmaznak kollagén rostokat. A kollagén rostok érzékelhető mértékű lerakódását a 4. posztoperatív héttől lehetett megfigyelni. Eredményeink arra utalnak, hogy a regenerálódó szövetek kialakulása során a sejtváندorlás irányításában a kollagén rostok nem vesznek részt. Bár a regenerációhoz vas kofaktorok jelenlétét igénylő intenzív sejtproliferáció és sejt differenciálódás szükséges, megállapítottuk, hogy a regenerálódó szövetekben a nem hem-vas vegyületek mennyisége a kimutathatósági határ alá csökken, míg az eredeti szövetekben jelentős mennyiségben fordulnak elő. A regenerálódó szövetekben a hem-vas mindig kimutatható mennyiségű volt. Feltehetően a szövetek vasforgalmának szabályozása biztosíthatja a regeneráció során a szabályos, a genetikailag meghatározott testtervnek megfelelő, szöveti struktúrák kialakulását. Kimutattuk, hogy a modellállatunk immunsejtjei (cölómasejtek) szükségesek a regeneráció folyamatához. A cölómasejtek GABA-t és szerotonint is tartalmaznak, amelyeknek a sérült szövetekben történő felszabadításával szabályozhatják a sejtproliferációt és a sejt differenciálódást is. Igazoltuk, hogy a sérült szövetek HSP70 expressziója szignifikáns mértékben megnő, ami arra utal, hogy ez a vegyület a regeneráció általánosan előforduló markere lehet.

TÓTH-NYÁRI ZALÁN GELLÉRT

tothnyariz@gmail.com

Biológus

MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezetők:

Dr. Szabó Milán

tudományos főmunkatárs, HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Növénybiológiai
Intézet

Dr. Vass Imre

tudományos tanácsadó, HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Növénybiológiai
Intézet

**Mikroalgák és cianobaktériumok vizsgálata egy kompakt hiperspektrális fenotipizáló
állomás segítségével***Kulcsszavak: hiperspektrális, mikroalga, fenotipizálás, reflektancia, pigment*

A növényi- és mikroalga-biotechnológia gyors fejlődése szükségessé teszi új, nagy áteresztőképességű, nem invazív diagnosztikai eljárások kifejlesztését. A hiperspektrális képalkotás megfelel ezeknek az igényeknek, és egyre növekvő mértékben alkalmazott a növényi biotechnológia és agrártudomány területén. Bár a hiperspektrális képalkotó rendszerrel felszerelt fenotipizáló állomások egyre népszerűbbek a magasabb rendű növények diagnosztikájában, a mikroalgák esetében ezek alkalmazása kevésbé elterjedt.

Kutatásunk során megvizsgáltuk, hogy milyen információkkal szolgál a *Chlorella sorokiniana*, *Synechocystis* sp. PCC6803 és *Haematococcus pluvialis* modellfajok hiperspektrális reflektancia alapú elemzése, egy erre a célra kifejlesztett nagy áteresztőképességű kompakt fenotipizáló rendszer alkalmazása során. Kísérleteinkben kombináltuk a hiperspektrális reflektancia méréseket spektrofotometriás pigmenttartalom meghatározással, mind egyedi, mind meghatározott arányú kevert kultúrák esetében.

Céljaink voltak i) a hiperspektrális profil és fotoszintetikus pigmentarányok közötti kapcsolat feltárása egyedi és kevert *Chlorella sorokiniana* és *Synechocystis* sp. kultúrák vizsgálata során ii) a képalkotó rendszer alkalmazása a *Synechocystis* sp. nitrát éheztetés által indukált klorózisának, továbbá a *Haematococcus pluvialis* modellfaj nitrát megvonás által kiváltott asztaxantin felhalmozásának követése.

Kísérleteink alapján elmondható, hogy mind az egyedi fajokat, mind pedig a kevert kultúrákat jellemző spektrális profilok jó összefüggést mutatnak a minták fotoszintetikus pigment tartalmával és azok arányaival. A fenotipizáló rendszer mikroalgák vizsgálatában való alkalmazhatóságának érzékenységről is fontos információkat kaptunk. Sikeresen vizsgáltuk két kiválasztott modellorganizmus fenotípus változásait nitrát megvonás hatására, és hatékonyan alkalmaztunk több szakirodalomban elterjedt vegetációs indexet az adatok elemzéséhez.

Az általunk kinyert adatok közvetlen módon megalapozhatják szelektív és specifikus, mikroalga fenotipizálásban felhasználható hiperspektrális indexek, kvalitatív és kvantitatív módszerek kifejlesztését és optimalizálását. Ezzel eredményeink hozzájárulnak új, nem invazív vizsgálati módszerek térnyeréséhez mind a terepi megfigyelés, mind pedig a laboratóriumi, illetve ipari léptékű mikroalga fenotipizálás területein, potenciálisan elősegítve nagyobb áteresztőképességű és kisebb környezeti lábnyomú diagnosztikai eljárások szélesebb körű adaptációját.

TÖRÖK ANDRÁS*torok.andras55@gmail.com*

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezetők:**Dr. Bencsik Norbert**egyetemi adjunktus, ELTE TTK**Dr. Schlett Katalin**habilitált egyetemi docens, ELTE TTK*

A Caskin neuronális állványfehérjék izoforma specifikus viselkedés szabályozó szerepe*Kulcsszavak: Caskin; állványfehérje; AMPA; GluA1; üveggolyó elásás teszt*

Caskin proteins are present in two isoforms, Caskin1 and 2, which show high amount of homology, but have different distribution and possibly functions. Currently there is no data available regarding the isoform specific effects of these proteins. However, according to our previous results, lack of both Caskin proteins significantly impairs learning and memory, without greatly affecting motor coordination. Caskin double knockdown (dKO) also resulted in modified phosphorylation patterns and altered activity dependent trafficking of GluA1 subunits of AMPA receptor in hippocampal neuronal cultures. Based on this knowledge, we examined the effects of the two isoforms in marble burying test. We assessed knockout transgenic mouse strains (Caskin1 KO, Caskin2 KO and Caskin dKO) alongside wild-type (C57Bl6J) and double heterozygous mice (dHz) as controls at 2, 4, and 6 months.

In our experiments, we employed a marble burying assay and managed to show that the two isoforms of the Caskin protein have different behavioural effects. The results taken from the Caskin double heterozygote animals shows a dose dependent effect of these proteins as well. The knockdown of Caskin2 seems to not increase the burying behaviour of the animals when comparing them to the heterozygotes. Caskin double knockdown largely increases this type of behaviour. Caskin1 knockdown animals show a similar increase in their interest to the marbles as the dKO animals. We also performed immunohistochemistry to analyse the subcellular localization of GluA1-containing AMPA receptors in the medial prefrontal cortex (mPFC). Our immunohistochemistry experiments show a change in the GluA1 immunoreactivity in the mPFC. GluA1 subunits of AMPA receptor seem to accumulate in the basal dendrites of the knockout neurons in 2nd/3rd layer in prefrontal cortex.

While the knockout of Caskin1 isoform seems to induce severe repetitive behaviours, deletion of Caskin2 isoform seems to have little - or indeed, opposite - effect, based on the decreased marble burying activity of the animals. Our preliminary results also indicate that upon the deletion of both Caskin isoforms, the intracellular localisation of AMPA receptor subunit GluA1 seems to change, indicating impaired delivery to the postsynaptic membrane. There is a need for additional experiments however to further confirm our findings, and we are looking to expand immunostaining for other genotypes such as Caskin double heterozygotes and Caskin1 and 2 KO animals.

TÖRÖK VIRÁG ANNA*torok.virag.anna@gmail.com*

Biológus

MSc, 1. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Török Tibor**egyetemi docens, SZTE TTIK*

Hódmezővásárhely, Kenyere-ér: Egy szarmata kori temető teljes archeogenetikai feldolgoása

Kulcsszavak: archaikus DNS; aDNS; szarmata; Hódmezővásárhely Kenyere-ér; DNS kivonás

Az időszámításunk szerinti I-IV. századok között a Kárpát-medence Dunától keletre eső területein a nyugati sztyeppéről származtatható, nomád szarmaták telepedtek le. Az Alföld területén feltárt régészeti hagyatékaik tanúsága szerint igen jelentős populációval rendelkezettek. A 47. számú főút, Hódmezővásárhely északi elkerülő szakaszának építése során a szegedi Móra Ferenc Múzeum régészei egy szarmata kori település nyomait tárták fel (Varga 2020). A különböző épületek és mezőgazdasági objektumok maradványai mellett három, jól elkülöníthető temető nyomai is előkerültek. Ezen humán leletanyag teljeskörű archeogenetikai feldolgoása a szakirodalomban megtalálható legfrissebb genom elemző módszerek segítségével valósult meg, amely egy egyedülálló lehetőséget kínált arra, hogy bepillanthassunk a korszak népességének mindennapi életébe, továbbá megismerhessük a település lakóinak rokoni és makroregionális kapcsolatrendszerét. A genetikai vizsgálatok során az én feladatom volt a kiválasztott csontok előkészítése, emésztése és belőlük DNS kivonása, de részt vettem az ezeket követő munkafolyamatokban is, mint például a génkönyvtárkészítés, szekvenálás és a kapott eredmények ábrázolása.

URBÁN ANNA*urban.anna98@gmail.com*

Biológia

BSc, 5. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr. Nagy Krisztina**tudományos munkatárs, HUN-REN SZBK, Biofizikai Intézet**Ábrahám Ágnes**tudományos segédmunkatárs, HUN-REN SZBK, Biofizikai Intézet*

Mikrofluidikai eszköz tervezése baktérium mikrokolóniák vizsgálatához

Kulcsszavak: Escherichia coli; mikrofabrikáció; antibiotikum rezisztencia; egysejtanalízis; fenotípusos heterogenitás

A mikrofluidika és mikrotechnológia egyre elterjedtebb a mikrobiológiai kutatásokban. Segítségével olyan miniaturizált rendszerek alakíthatók ki, amelyekben akár egyedi sejteket is tanulmányozhatunk, manipulálhatunk, mindeközben mikrokörnyezetüket tetszés szerint változtathatjuk. Mikrofluidikai eszközök segítségével a mikrobák természetes élőhelyeinek specifikus tulajdonságait modellezhetjük, ezáltal fontos információkat nyerhetünk például növekedésükről, kommunikációjukról vagy akár evolúciójukról.

A munkám során egy olyan eszközt terveztem és készítettem el, mely kisméretű (pár száz sejtből álló) baktériumpopulációk hosszútávú mikroszkópos vizsgálatát teszi lehetővé. Az eszköz egy szélesebb és magasabb főcsatornából áll, amelyből kisebb tenyésztőkamrák nyílnak. A kamrák magassága összemérhető a baktériumsejtek méretével. A főcsatornában áramoltatott tápoldatból diffúzió útján jut be a tápanyag az oldalkamrákban lévő sejtekhez. A baktériumok nincsenek kitéve erős áramlásnak, a kamrákban folyamatosan osztódnak, a főcsatornába kerülő sejteket az áramlás kimossa.

Az eszközt megterveztem, majd modelleztem az áramlási teret és a koncentráció változását különböző méretű kamrák esetében. A szimulációk alapján kiválasztottuk az optimális kamraméretet (60 μm $\times$ 60 μm), és elkészítettem magát a mikrofluidikai csipet. Az eszköz dimetil-polisziloxánból készült. Ez egy biokompatibilis, átlátszó elasztomer, amely kiválóan alkalmas élő sejtek mikroszkópos vizsgálatához is.

Az elkészített mikrofluidikai eszközt fluoreszcensen jelölt *Escherichia coli* baktériumokkal teszteltem. Két törzset használtam, egy vad típusút és annak egy ciprofloxacinra rezisztenciát mutató mutánsát. Vizsgáltam a sejtek morfológiáját és osztódását tápanyagdús médiumban antibiotikum jelenlétében és anélkül. Ennek követéséhez fluoreszcens time-lapse mikroszkópiát használtam. A képkészítés öt percenként történt. A felvételek analízisének is a feladataim közé tartozott.

A kezdeti eredményeim azt mutatják, hogy az eszköz alkalmas kisebb baktériumkolóniák egysejt szinten történő mikroszkópos vizsgálatára: a sejtek morfológiája, osztódása és a leszármazási viszonyok jól követhetők.

VÁGVÖLGYI LILI*lili.vagvolgyi@gmail.com*

Biológia

MSc, 4. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

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

A Mohácsi III. számú tömegsírbeli előkerült mandibulák fejlődési rendellenességeinek elemzése

Kulcsszavak: Mohácsi III. számú tömegsír; 1526-os Mohácsi csata; történeti embertan; non-metrikus jellegek

A mandibula fejlődése egy rendkívül összetett folyamat, amelyet számos genetikai és környezeti faktor befolyásol. Éppen ezért időnként előfordul, hogy a kialakulása eltér a megszokott menettől, és ennek következtében fejlődési rendellenességek vagy anatómiai variációk alakulhatnak ki. Ezek tipizálhatók, kategóriákba oszthatók, és további jellemzőjük, hogy a megjelenési gyakoriságuk sok esetben nemi és rasszbeli eltéréseket mutat. Ez az oka annak, hogy vizsgálatuk az orvostudomány és az antropológia számára is nagy jelentőséggel bír.

Kutatásunk célja, hogy egy adott csontanyagon összegyűjtsük, és leírjuk az adott populációra jellemző mandibula fejlődési rendellenességeket. Vizsgálati anyagnak a mohácsi III. tömegsírt választottuk, ugyanis az elmúlt fél évszázadban az 1526-ban lezajló Mohácsi csata több tömegsírja is részleges feltárássra került. Ezek közül a III. tömegsír kiegészítő, és mostmár teljesnek mondható régészeti és antropológiai vizsgálata kezdődött meg 2020-ban. Az ásatási munkálatok 2022-ben fejeződtek be. Az antropológia vizsgálatok azóta folyamatban vannak, és ezeket szeretnénk kiegészíteni a mandibulák fejlődési rendellenességeire vonatkozó adatokkal. A tömegsír embertani anyagát az eddigi vizsgálatok alapján többségében 20-40 év közötti férfiak alkották, de meglepően nagy arányban előfordultak fiatalabb egyének is.

A vizsgálatokhoz saját sírlapot készítettünk, melyen az irodalmi háttér feltárása után 16 fő kategóriát jelöltünk meg. A vizsgálatokat makroszkópos morfológiai úton végeztük, képalkotó eljárások kiegészítésére nem volt szükség. Az anyag töredékessége miatt 267 darab mandibulát vizsgáltunk meg.

Eddigi eredményeinket táblázatos és grafikus úton is rögzítettük, az esetek fényképeivel egészítettük ki. A 16 fő kategóriát képviselő vizsgált rendellenességek és anatómiai variációk közül 12-re találtunk példát. Ezek között nagyon sok volt a minor elváltozás, ilyen például a legtöbb esetszámmal rendelkező bifid foramen mentale vagy a coronoid nyúlvány hyperplasiája. Megfigyeltünk ritkának mondható rendellenességeket is, mint például a foramen mentale trifid osztozottságát és a foramen hiányát is.

VAN NIEKERK, ASHLEY ANZET

ashleyanzet96@gmail.com

Állatorvos

Osztatlan, 9. félév

Állatorvostudományi Egyetem

Témavezető:

*Dr. Pásztiné Gere Erzsébet
tudományos főmunkatárs, ATE*

Repositioning of matriptase inhibitors against *Streptococcus suis* infection.

Kulcsszavak: IPEC-J2 cell; Piglets; Oxidative stress; Cytotoxicity

Piglets from industrial pig farming are most susceptible to environmental pathogens during the post weaning period as a result of their weakened immune system. *Streptococcus (S.) suis* serves as one of these pathogens which is often treated with antimicrobial agents. The increasing occurrence of antimicrobial resistance against zoonotic bacteria such as *S. suis* proves the need for new therapeutical strategies, including the repositioning of drugs. In this study, susceptibilities of bacterial isolates were tested toward ten different 3-amidinophenylalanine (Phe(3-Am)) derivatives via the determination of minimum inhibitory concentration values. The protease inhibitors, such as the compounds MI-432, MI-471, and MI-476, showed remarkable antibacterial effects against *S. suis*. Their drug interaction potential was evaluated by using human liver microsomal cytochrome P450 (CYP450) measurements. In our work, non-tumorigenic IPEC-J2 cells and primary porcine hepatocytes were infected with *S. suis* for 24 h in the presence or absence of inhibitors and the putative beneficial impact of these inhibitors was investigated on cell viability (Neutral red assay), on interleukin (IL)-6 levels (ELISA technique), and on IC and EC redox status (DCFH-DA and Amplex red method). All the protease inhibitors (except MI-432) prevented *S. suis*-induced cell death and reduced proinflammatory IL-6 levels. It was also found that MI-432 and MI-476 had extracellular antioxidant effects in an intestinal cell model upon *S. suis* infection. Whereas all three inhibitors had intracellular antioxidant effects in the same model upon *S. suis* infection. Concentration-dependent suppression of CYP3A4 function was proven via application of all three inhibitors at concentrations 10, 25 and 50 μ M to human microsomal preparations. In conclusion, our study indicates that the potential antiviral Phe(3-Am) derivatives with 2',4' dichlorobiphenyl moieties exert beneficial effects on IC and EC ROS status as well as IL-6 cytokine production *in vitro*. This suggests that these drugs are effective candidates against *S. suis* infection due to their antibacterial effects.

VARGA FLÓRA JUDIT

varga.flora84@gmail.com

Vegyész

MSc, 2. félév

Pannon Egyetem

Mérnöki Kar

*Témavezető:**Kakasi Balázs**Tudományos munkatárs, PE MK*

Zárt terű hulladékégetésből származó füstgázok és aeroszolok toxicitásának vizsgálata

Kulcsszavak: aeroszolok; hulladékégetés; citotoxicitás; genotoxicitás

Napjaink egyik legsúlyosabb környezeti problémája a levegőszennyezés, melyhez jelentősen hozzájárulnak a lakosság által fűtés céljából elégetett tüzelőanyagokból, illetve a tüzelőanyagokkal együtt illegálisan elégetett hulladékokból származó szennyezők is. A probléma kifejezetten aktuális, hiszen a növekvő energiaárak miatt, illetve gondatlanságból adódóan a lakosság egy része hulladékok elégetéséhez folyamodik, ami miatt a toxikus, mutagén és karcinogén anyagok, mint pl. nehézfémek, dioxinok, PAH-ok és PAH-származékok légköri koncentrációja jelentősen megnőhet. A rossz levegőminőség humán egészségügyi hatásának ismeretéhez vizsgálni kell a fentebb említett szennyezők karakterisztikus biológiai hatásait.

Munkám során kontrollált körülmények között egyénileg és együttesen elégetett hagyományos szilárd tüzelőanyag- és hulladékmintákból származó füstgázok egyes frakcióinak lehetséges cito- és genotoxikus hatásait vizsgáltam humán tüdő sejtvonalon.

A sejtparaméterek vizsgálatát különböző fluoreszcens festékekkel és azok kombinációinak alkalmazásával valósítottam meg. Az élő és elpusztult sejtek arányát Hoechst 33342 és Propidium-jodid festékek segítségével határoztam meg, a reaktív oxigéngyökök (ROS) sejtekre kifejtett hatását CellROX Green-nel elemeztem.

A sejtek DNS károsodásának vizsgálatát pedig Comet teszttel végeztem. A viabilitás vizsgálat eredményei alapján a hagyományos tüzelőanyagok égetéséből származó aeroszolok egy vizsgált koncentrációban sem, míg a PP már 25 mg/l, a PE, PET és PS minták 50 mg/l-es koncentrációban citotoxikus hatásúak az A549 sejtekre. Ezzel a genotoxicitás mértéke néhány kivétellel korrelációban van. Párhuzamos mérési eredmények tükrében az 50 mg/l koncentrációjú tölgy, feketeszén, barnaszén minták kis mértékben, továbbá a PS, PE, PET, PP mintákból származó aeroszolok fokozzák a sejtekben az oxidatív stresszt, ami hozzájárulhat a A549 tesztsejtekben tapasztalt genotoxicitáshoz.

VARGA GRÉTA*varga.greta@pte.hu*

Biológus

MSc, 3. félév

Pécsi Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Madai Mónika**tudományos munkatárs, PTE TTK*

Hantavírusok izolálásának módszertani fejlesztése

Kulcsszavak: Hantavírus, Dobrava-Belgrade, Tula, fertőzés, Puumala

Szerte a világban, Eurázsia és Amerika területén különböző hantavírusok fajok vannak jelen, melyek két súlyos betegség, a haemorrhagiás láz veseszindrómával (HFRS) és a hantavírus kardiopulmonális szindróma (HCPS) kialakulásáért felelősek. Európában a HFRS-es megbetegedésekért a Dobrava-Belgrade vírus (DOBV), míg az enyhébb formájáért, a nephropathia epidemica (NE) kialakulásáért a Puumala vírus (PUUV) felelős. A Tula vírus (TULV) humánpatogenitása sokáig kérdéses volt, de ennek tényét egyre több tanulmány erősíti meg. Bár az esetszámok országonként különbözőek, a HFRS-t előidéző hantavírusok Európa-szerte, így Magyarországon is jelen vannak.

Tekintve, hogy a hantavírus fertőzések ellen nincs az Egészségügyi Világszervezet (World Health Organization, WHO) által elfogadott, engedélyezett vakcina forgalomban, és egyúttal nincs olyan antivirális szer sem, mely alkalmas lenne a hantavírus fertőzések teljeskörű kezelésére, ezért kiemelt jelentőségű a hantavírusok kutatása.

A virológiai vizsgálatok jelentős részéhez vírus izolátumok előállítására van szükség. A tapasztalat azt mutatja, hogy a hantavírusokat nehéz sejt kultúrában szaporítani, de nem lehetetlen, így elsődleges célom a rácsáló gazdaszervezetek különböző szervmintáiból történő Puumala és Tula vírusok izolálása, citopátiás hatásuk összehasonlítása Vero E6 és HEK 293 sejtvonalon különböző fertőzési módszerekkel (hagyományos és sejtszuspenziós), továbbá a vírusok jelenlétének kimutatása volt. Mindezek által a meglévő módszerek tökéletesítésén és fejlesztésén keresztül egy megbízható metodika kialakítása tűztem ki célul, mely a jövőbeni hantavírus kutatások biztos alapjául szolgálhat.

Az elvégzett módszerfejlesztési vizsgálatok alapján elmondhatjuk, hogy hantavírus fertőzéshez a HEK 293 sejtvonal a legmegfelelőbb. A legjobb eredményeket a sejtszuspenzió fertőzésével értük el, így izolátum készítéséhez ez a módszer a legalkalmasabb. A két hantavírus fajt összehasonlítva a Tula vírus esetén látható citopátiás hatás minden esetben megjelent, melyet a PCR eredmények is megerősítettek, szemben a Puumala vírussal, melynek mikroszkópos felvételeit nem magyarázza a kapott negatív PCR eredmény.

VÁSÁRHELYI REBEKA*rebeka.vasarhelyi@gmail.com*

Molekuláris biológia

MSc, 4. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Czibula Ágnes**egyetemi adjunktus, SZTE TTIK*

CHRAC1-túltermelő tumorok lehetséges terápiás támadáspontjának azonosítása*Kulcsszavak: daganatterápia, CHRAC1, POLE3, POLE4, replikációs stressz*

Több tanulmány és klinikai adat is kapcsolta hozzá a CHRAC1 (Chromatin Accessibility Complex Subunit 1) amplifikációját a daganatképződés végbél-, tüdő- és mellrák esetén. Az adatok alapján a tüdőrákos betegeknél a tumorban a CHRAC1 magas expressziója rossz prognózist jelent, ezért a CHRAC1 ígéretes daganatterápiás célpont lehet a jövőben. A CHRAC1 a kromatinszerkezet szabályozásában résztvevő fehérje, ami a POLE3-hoz köt. A POLE3 ugyanakkor a DNS polimeráz epsilon komplex-ben is megtalálható, ahol a POLE4-gyel együtt alkot dimert. A POLE3 és POLE4 knockout sejtek fokozott érzékenységet mutatnak a replikációs stresszre, ami rámutat azok fontos szerepére a replikációs folyamatok szabályozásában. Miután mind a CHRAC1, mind a POLE4 a POLE3 fehérjével alkot dimert, a CHRAC1 fehérje mennyiségének változása hatással lehet a POLE3-POLE4 dimer mennyiségére, és ezáltal a replikációs stresszválásra. A CHRAC1 túltermelés hatásait az általunk ismert szakirodalom szerint mások még nem vizsgálták. Kutatásunk célja egy CHRAC1 fehérjét túltermelő sejtvonal létrehozása volt, amely segítségével tanulmányozható, hogy a CHRAC1 expressziója hogyan befolyásolja a POLE3-POLE4 dimer mennyiségét és ezen keresztül a replikációs stressz toleranciát. A kísérletek során CHRAC1-et indukálható módon túltermelő stabil sejtvonalat hoztunk létre. A stabil transzfektáns sejtvonal létrehozásához szükséges CHRAC1 cDNS-t tartalmazó plazmidkonstrukciót a SLIC klónozási technikával állítottuk elő, majd a pozitív klónokat kolónia-PCR-rel választottuk ki, és szekvenálással ellenőriztük. A létrehozott sejtvonalakban a CHRAC1 indukálható túltermelését kvantitatív valós idejű PCR-rel és Western blottal validáltuk. Kimutattuk, hogy a CHRAC1-túltermelő sejtekben a POLE4 expressziója szignifikánsan lecsökken, míg a POLE3-é növekszik, ami a különböző komplexek kompetitív módon történő összeszerelődését jelzi. Majd megvizsgáltuk a replikációs stresszt indukáló ATR gátlószer hatását a CHRAC1-túltermelő sejtek életképességére. A túlélési kísérlet azt mutatják, hogy a CHRAC1 túltermelő sejtek fokozottan érzékenyek az ATR inhibitorokkal szemben. Az eredményeink alapján arra következtethetünk, hogy az ATR gátlószer alkalmazásának akár terápiás jelentősége is lehet a CHRAC1-túltermelő tumorok kezelésében.

VECSERNYÉS KITTI

kittitorocsik@gmail.com

Molekuláris biológia

MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

Témavezető:

Dr. Mátés Lajos

*csoportvezető, tudományos főmunkatárs, HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóközpont,
Tumor Genom Kutatócsoport*

L1 retrotranszpozonok szerepének vizsgálata karcinogenezisben *in vivo* modellrendszer segítségével*Kulcsszavak: L1 retrotranszpozonok, Tumorgenezis, Genotoxicitás, mRNS-LNP, In vivo*

A genotoxikus vegyi anyagok DNS-károsodást idéznek elő, ami mutációkat eredményez a szomatikus sejtekben, ezek felhalmozódása pedig rosszindulatú átalakuláshoz vezethet. Az utóbbi években bebizonyosodott, hogy a genotoxikus hatások akár az endogén L1 (LINE1) retrotranszpozonok aktiválásán keresztül is közvetíthetők. Az L1 elemek aktivitása által kiváltott genotoxikus károsodások pontmutációk helyett több ezer bázispár hosszúságú inszerciók és genomi átrendeződések.

Jelen kutatás célja az L1 retrotranszpozonok szerepének mélyebb megértése a daganatos folyamatokban, és egyes szerek, mint potenciális L1 aktivátorok tumorgenezisre gyakorolt hatásának feltárása *in vivo* rendszerben. Kutatócsoportunk egy általunk kidolgozott szomatikusan transzgenikus egérmodellt és az ORFeus L1 riporter rendszer kombinációját használja a szomatikus L1 aktivitás méréséhez *in vivo* körülmények között. Rendszerünkben több kemikália vizsgálatát elvégeztük. Eredményeink arra utalnak, hogy számos vegyi anyag képes lehet a szomatikus L1 retrotranszpozíciós aktivitás kiváltására/növelésére, ezáltal a rák kialakulási kockázatának növelésére. Fejlesztés alatt álló eljárásunkkal nyert adatok mérési szórásának csökkentése érdekében egyebek mellett szomatikus transzgenézis rendszerünk további optimalizálásán is dolgozunk. Ennek célja egy olyan szomatikus transzgenézis platform létrehozása, melyben a rendszer egyes komponensei az innovatív, nukleozid módosított mRNS-LNP technológia segítségével kerülnének bevitelre. Ennek érdekében C57BL/6 egerekbe mCherry-ALC-0315 mRNS-LNP-t injektáltunk, és megvizsgáltuk az mCherry fluoreszcenciáját különböző szövetekben immunhisztokémiai festés segítségével. Az eredmények azt mutatták, hogy az mCherry expressziója a májra restriktív. Mindezen eredmények arra világítanak rá, hogy érdemes folytatnunk kísérleteinket, mely során majd a transzgenézist elősegítő transzpozáz helper mRNS-t szeretnénk LNP-be burkolva a májba juttatni.

Eljárásunk segíthet feltárni a genotoxinok egy feltehetően igen jelentős új csoportját a szomatikus L1 retrotranszpozíció indukálása révén ható közvetetten genotoxikus anyagokat.

VERES BLANKA

xvblankax@gmail.com

Biológus

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Pongrácz Péter**habil. egyetemi docens, ELTE TTK*

„Együtt egyenesbe jövünk!”- kutyák szociális tanulásának vizsgálata egyenes és V-alakú akadály megkerülésekor*Kulcsszavak: kerülő feladat, kutyák, szociális tanulás, térbeli problémamegoldás*

Az elmúlt évtizedben több olyan kutatás is született, mely a kutyák szociális tanulását vizsgálja. Egy átlátszó akadály megkerülése önállóan, a kutyák számára kihívást jelent, azonban a feladatot megkönnyítheti a szociális tanulás egy emberi demonstrátor segítségével. Ennél a paradigmánál a szociális tanulást befolyásoló tényezők közül az akadály elrendezésének hatását eddig még nem vizsgálták. Azt feltételeztük, hogy ha egy 6 méter hosszú kerítést egyenesen, vagy középen derékszögben megtörve állítunk fel, a kutyák könnyebben kerülnek meg az egyenes akadályt. Négy csoportban 84 kutyát teszteltünk: egyenes és V alakú kerítéssel, demonstrációval és anélkül. Minden kutyának 3 egymást követő próbát kellett végrehajtania. A 2. és 3. próba előtt a demonstrációs csoportokban a kísérletvezető megmutatta a megoldást. Eredményeink szerint a kutyák teljesítménye mindkét körülmény esetén csak akkor javult szignifikánsan, ha látták a demonstrációt, valamint az egyenes kerítés megkerülése könnyebb feladatnak bizonyult a számukra. Feltételezhetjük, hogy a kutyák inkább a válasz facilitációra támaszkodnak, mintsem az inger kiemelésére, amikor látva a demonstrátort megtanulják megkerülni az akadályt, mivel a két akadálykonfiguráció esetében nem mutattak különbséget szociális tanulási sikerükben. Eredményeink elsőként nyújtanak betekintést abba, hogyan használható az akadály térbeli elrendezése a kutyák szociális tanulási mechanizmusainak megértéséhez egy kerülési feladat során.

VIG ESZTER ALETTA*eszter.aletta.vig@gmail.com*

Biológus

MSc, 1. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Pipoly Ivett**tudományos munkatárs, PE MK*

A széncinege (*Parus major*) emberrel szembeni kockázatvállaló viselkedésének genetikai háttere

Kulcsszavak: széncinege; DRD4; kockázatvállalás; urbanizáció

Az emberi zavaráshoz való adaptáció egy összetett mechanizmus, amiben fontos szerepet játszhat a genetikai alkalmazkodás, ami kutatások szerint megjelenik az urbanizált állat-populációkban. Ha ezeket a változásokat szabályozó génszakaszokat azonosítjuk, teljesebb képet kaphatunk a hatásmechanizmusokról is. Vizsgálatunk során a D4-es típusú dopamin receptort kódoló gén (DRD4), a kockázatvállalással összefüggésbe hozott agyi receptor gén kapcsolatát néztük széncinegék (*Parus major*) ember jelenlétében mutatott viselkedésével fiókanevelés során, két urbanizációs grádiens mentén. A DRD4 öt szakaszán lévő genotípusokat hasonlítottuk össze 159 széncinege szülő emberrel szemben mutatott kockázat-vállalásával. Eredményeinkben a szülő madarak zavarás utáni figyelő viselkedése több vizsgált markerrel is kapcsolatot mutatott. A legerősebb összefüggéseket az ID15, az ID1213 markereken és az SNP830 urbanizációval való kapcsolata között kaptuk. Eredményeink megmutatják, hogy egyes markerek akár önmagukban is hatással lehetnek a kockázatvállalásra, de több marker együttes hatása is alakíthatja a viselkedést. A bemutatott emberrel szembeni kockázatvállaló viselkedés-elemek jól indikálják a kockázatvállalás mértékét, a vizsgált markerek közül több ígéretesnek tűnik az emberi zavaráshoz való genetikai változások vizsgálatához. Pontosabb eredmények érdekében azonban érdemes a vizsgálat folytatása nagyobb minta-elemszámmal, hogy a ritka genotípusok hatásáról is erősebb képet kaphassunk

VINCZE VÁZSONY VIKTOR

vincze.vazsony@gmail.com

Biológia

BSc, 5. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Témavezető:

Dr. Barna János

tudományos munkatárs, ELTE TTK

A hősokk transzkripció faktor HSF-1 szerepe a fonálféreg *Caenorhabditis elegans* intracelluláris patogén válaszában

Kulcsszavak: proteotoxikus stressz, intracelluláris patogén válasz, hősokk faktor, immunitás, C. elegans

A HSF1 egy evolúciósan konzervált transzkripció faktor, mely a sejtes stresszválaszban betöltött funkcióján túl jelentős szerepet játszik alapvető biológiai folyamatokban (egyedfejlődés, anyagcsere, öregedés), továbbá egyes betegségekből (neurodegeneratív rendellenességek, rák). A HSF1 ezeken túl gerinces és gerinctelen élőlények veleszületett immunválaszát is befolyásolja.

Csoportunk RNS szekvenálási eredményei azt mutatták, hogy *C. elegans*-ban a HSF-1 aktiválása és inaktiválása paradox módon egyaránt a veleszületett immunitásban szerepet játszó gének indukciójához vezet. Az, hogy a HSF-1 megnövekedett aktivitása hozzájárul a fonálférgek immunitásához ismert, azonban a HSF-1 hiányában aktiválódó immunválaszt korábban még nem írtak le.

Kutatásunk célja az volt, összehasonlító transzkriptomikai módszerekkel megvizsgáljuk, hogy pontosan milyen folyamatokban játszanak szerepet a HSF-1 hiányában aktiválódó immungének. Ehhez a kutatócsoport saját, illetve más publikált RNS szekvenálási eredményeit használtuk fel. Célunk volt továbbá, hogy az RNS szekvenálásunk eredményeit kvantitatív real-time PCR és GFP riportter rendszerek segítségével validáljuk. Eredményeink szerint a HSF-1 hiányában a vírusok és más sejten belüli élősködők hatására aktiválódó intracelluláris patogén válasz (IPV) aktiválódik. Vizsgálataink alapján a HSF-1 nem közvetlenül gátolja ezt a folyamatot, hanem a csökkent HSF-1 aktivitás következtében kialakuló fehérjetoxikus stressz vezet az IPV indukciójához.

VINGA KRISZTIÁN

vingakriszto@gmail.com

Biológus

MSc, 2. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Prof. Dr. Farkas Eszter**tanszékvezető egyetemi tanár, SZTE TTIK**Pesti István**egyetemi tanársegéd, SZTE TTIK*

A DMT hatásának vizsgálata kortikális mikroglia tenyészeteken

Kulcsszavak: mikroglia; neuroinflammáció; N,N-dimetiltriptamin; primer sejt kultúra; proteomika

Bevezetés: Agyi iszkémiás sérülések során a mikroglia aktiváció egy korai válaszreakció, amely neuroinflammációs folyamatokat indít el. A mikrogliaiban expresszált szigma-1 receptor (Sig-1R) ezen gyulladásos folyamatok szabályozásában vesz részt. Kísérleteink során arra kerestük a választ, hogy a neuroprotektív hatású Sig-1R agonista N,N-dimetil-triptamin (DMT), hogyan módosítja a mikroglia sejtek aktivációját.

Anyagok és módszerek: Kísérleteinket újszülött patkányok cortexéből készített tiszta mikroglia-kultúrákon végeztük. A sejttenyészetekben a mikrogliaikat lipopoliszachariddal (LPS) aktiváltuk. A tenyészet 5, 10, 20 és 50 µM-os DMT-vel kezeltük. 24 órával később az Iba1 pozitív sejtek arborizációját transzformációs index-szel (TI) jellemeztük. Western blot analízissel az Iba1 denzitását határoztuk meg. A mikroglia sejtek fagocitotikus aktivitás vizsgálatára fluoreszcens mikrogyöngy jelölést alkalmaztunk. Proteomikai vizsgálatokat végeztünk 3 kezelés esetében (kontroll, LPS, LPS + 20 µM DMT) szemikvantitatív LC-MS/MS (Liquid chromatography–mass spectrometry) jellemzéssel. ELISA módszert alkalmazva a tenyészetekről nyert médiumban az IL-10 és a TNF-α koncentráció szintjét vizsgáljuk.

Eredmények: A kontroll, nyugalmi állapotban ramifikált morfológiájú sejtek LPS hatására aktiválódtak, amöboid alakot öltöttek. A DMT csökkentette a mikroglia aktivációt. Az LPS hatására az Iba1 jelintenzitása Western blot analízissel jellemezve erősödött, melyet a DMT tovább fokozott. A fagocitáló mikroglia sejtek arányát növelte az LPS hozzáadása a tenyészethez, amit ellensúlyozott a DMT kezelés. Proteomikai vizsgálat során összesen 2793 fehérjét azonosítottunk. Az azonosított fehérjék közül 20 mennyisége minden páros csoport-összehasonlításban szignifikáns változást mutatott. Az iNOS (indukálható nitrogén-monoxid szintáz) és a PLA2 (foszfolipáz) kiemelkedett azzal, hogy LPS hatására upregulálódtak, amit a DMT kivédett. Ugyanakkor az PLD3 5'-3' exonukleáz és az NMB transzmembrán glikoprotein LPS hatására downregulálódott, amit a DMT visszafordított.

Megbeszélés: A mikroglia-aktivációt a DMT hatékonyan csökkentette. Feltételezzük, hogy a DMT protektív hatását vagy az endoplazmás retikulum (ER) stresszválaszt, vagy a mikroglia Ca^{2+} homeosztázisát módosítva váltotta ki. A Sig-1R az ER mitokondriummal asszociált membránszakaszán fejeződik ki és az ER és a mitokondrium közti Ca^{2+} transzportot szabályozza. A DMT alkalmas lehet idegszöveti gyulladás mérséklésére.

VIRÁG NIKOLETT

vir53078@gmail.com

Biológus

MSc, 3. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezető:**Dr. Bozó Renáta**tudományos munkatárs, SZTE SZAOK Bőrgyógyászati és Allergológiai Klinika*

Különböző pikkelysömörös tünetmentes bőrtípusokból tenyésztett keratinociták eltérő proteomikai összetétellel rendelkeznek

Kulcsszavak: pikkelysömör; keratinocita; proteomika

Bevezetés:

Pikkelysömörben a plakkok megjelenésében kulcsszerepe van a keratinociták hiperproliferációjának. Kutatócsoportunk korábbi vizsgálatai alapján a betegség súlyossága szerinti elváltozások megfigyelhetők a kezeletlen betegek tünetmentes bőrterületei között, valamint megfigyelték, a korábban tünetes, és a kezelés hatására tünetmentessé vált, úgynevezett resolved bőrterületek keratinocitáinak eltéréseit. Hipotézisünk szerint a különböző pikkelysömörös tünetmentes (PS-TM) bőrterületek keratinocitáinak eltérhetnek a sejtbiológiai tulajdonságai, ezért célunk volt ezen eltérések feltárása.

Módszerek:

Elvégeztük az egészséges, kezeletlen enyhe- és súlyos- betegek PS-TM, és a resolved (RES) PS-TM bőrterületek primer keratinocita tenyészteteinek teljes proteomikai analizését. A differenciálisan expresszálódó fehérjékkel (DEP-ek, kétszeres változók) Reactome over-reprezentációs tesztet végeztünk. A sejtek morfológiai különbségeit téremissziós pásztázó elektronmikroszkóppal (TPEM), viselkedéssel különbségeit pedig sebgyógyulás modellben CytoSmart mikroszkóppal, valamint MTT esszével vizsgáltuk.

Eredmények:

Az összfehérje kifejeződési mintázat és a DEP-ek száma alapján a legnagyobb különbséget az egészséges és a RES-PS-TM keratinociták mutatták. Mindhárom tünetmentes csoportban növekvő DEP-ek az onkogén-indukált szenescenciát, míg ugyanebben a csoportban csökkenők a mitotikus sejtciklust érintették leginkább. A DEP-ek az enyhe- és súlyos-PS-TM csoportok között mutatták a legkevesebb egyezést. Megfigyeltük, hogy az egészséges sejtekhez képest a RES-PS-TM bőr keratinocitáinak lassabb a sebzáródása, a sebgyógyulás fehérjéinek az egészséges bőrtől leginkább különböző a kifejeződése, és az MTT esszé értékének csökkenő a tendenciája. A TPEM elemzés feltárta az enyhe-PS-TM és RES-PS-TM keratinocitákra leginkább jellemző filopódiumok és lamellipódiumok jelenlétét.

Megbeszélés:

Eredményeink alapján pikkelysömörben a tünetmentes bőr látszólag egészséges megjelenéséhez a keratinociták képesek lehetnek eltérő mechanizmusokkal hozzájárulni, melyben ezidáig a legnagyobb különbséget a tünetmentes keratinociták közül a RES-PS-TM mutatta eltérő sebgyógyuláshoz köthető elváltozásokkal.

VONYÓ ANDRÁS ZOLTÁN

vonyo13andris@gmail.com

Biológia

BSc, 5. félév

Szegedi Tudományegyetem

Természettudományi és Informatikai Kar

*Témavezetők:**Dr Juhász Szilvia**Csoportvezető, Magyar Molekuláris Medicina Kiválósági Központ**Dr Szili Petra Éva**Tudományos munkatárs, HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóközpont*

Változott virulenciájú baktériumvonalak érzékenységének vizsgálata az immunrendszer nem-sejtes komponenseivel szemben

Kulcsszavak: antibiotikum, antibiotikumrezisztencia, antimikrobiális peptid, vérszérum, komplement rendszer

Az antibiotikumok helytelen szedése, felelőtlen használata miatt egyre súlyosabb gondot jelentenek a rezisztens és multidrog-rezisztens baktériumtörzsek. A növekvő rezisztencia hatására a bakteriális fertőzések kezelése komoly kihívás elé állítja az orvostudományt. A több évtizede használt antibiotikumok egyre kevésbé hatásosak, ezért folyamatos a nyomás az új antibiotikumok piacra bocsátására. A még fejlesztés alatt álló új generációs membráncélzó antibiotikumok azonban ígéretes hatóanyagoknak tűnnek.

Témavezetőim korábbi munkájukban *Galleria mellonella* (nagy viaszmolylepke) modellszervezetben kimutatták, hogy egyes antibiotikumrezisztenciát okozó mutációval rendelkező baktériumok emelkedett virulenciát mutatnak. Ez azt jelenti, hogy fertőzőképességük növekedett az antibiotikumokra érzékeny társaikhoz képest antibiotikum mentes környezetben. A legmagasabb virulencia növekedés az új generációs membráncélzó hatóanyagok ellen adaptált baktériumvonalaknál jelentkezett. Munkám során arra voltam kíváncsi, okozhatja-e ezt a növekedett virulenciát az adaptált vonalak csökkent érzékenysége az immunrendszer egyes komponenseire. Ehhez fejlesztés alatt álló antibiotikumokra rezisztens, változott virulenciájú (növekedett vagy csökkent) baktériumvonalak érzékenységét vizsgáltam meg humán antimikrobiális peptidekkel (AMP) és humán vérszérummal szemben. A növekedett virulenciájú vonalak több AMP-re is keresztrezisztenciát mutattak, míg a csökkent virulenciájú baktériumok érzékenyebbek váltak. Egyes csökkent virulenciájú vonalak a vérszérummal szemben is érzékenyebbek lettek.

Összefoglalva elmondható, hogy az antibiotikum-rezisztens vonalak növekedett virulenciája összefüggésbe hozható az immunrendszer bizonyos komponenseivel szemben mutatott csökkent érzékenységgel.

ZÁM IZABELLA

izadm013@gmail.com

erdőmérnök

Osztatlan, 9. félév

Soproni Egyetem

Erdőmérnöki Kar

*Témavezetők:**Nagy Eszter**tanársegéd, SOE EMK**Dr. Nagy Gábor**tudományos munkatárs, MATE ÉTI*

Echinococcus multilocularis* terjedésében résztvevő fajok vizsgálata urbánus élőhelyen**Kulcsszavak: róka galandféreg, uránus élőhely, rágsálók, vektorfajok***

Dolgozatomban az *Echinococcus multilocularis* vektorait vizsgáltam városi környezetben, róka és sakál hulladék felhasználásával. A kutatás során megfigyeltem a kontaktok előfordulási gyakoriságát, amelyek április hónapban mutatták a legmagasabb értékeket. A kutatás során az eredmények alapján a sakálók hullatékán általában több vektor, azaz rágsáló és egyéb állatfaj jelenléte volt észlelhető, mint a rókák hullatékán.

A leggyakoribb észlelt fajok között a rágsálók domináltak, különösen az egérfélék (Muridae), ahol a vándorpatkány (*Rattus norvegicus*) 42,15%-os előfordulásával kiemelkedett. A kontaktusok szempontjából a házi macska (*Felis catus*) mutatta a legmagasabb arányt 75,00%-kal, míg a rókák esetében ez az arány 50,00% volt. A rágsálók közül alacsony jelenlét mellett a házi egér (*Mus musculus*) kontaktja volt magas, és az erdei egér valamint a vándorpatkány ürülékkel történő interakcióját kell még megemlíteni. Ezek az eredmények világosan tükrözik a városi ökoszisztémákban megfigyelhető fajok közötti komplex interakciókat és a táplálkozási láncban betöltött szerepüket, kiemelve az *Echinococcus multilocularis* terjedésének potenciális epidemiológiai kockázatát.

Ezek a megfigyelések nemcsak a parazita terjedésének megértését segítik, hanem hozzájárulnak a közegészségügyi stratégiák fejlesztéséhez is, figyelembe véve az urbanizáció és az emberi tevékenységek hatásait. A kutatás eredményei fontos alapot nyújtanak a további vizsgálatokhoz, amelyek célja a zoonózisok terjedésének megakadályozása és a városi környezetek ökológiai egyensúlyának fenntartása.

ZOLLER KATA ZSÓFIA

zollerkata4@gmail.com

Biológia

MSc, 3. félév

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

*Témavezető:**Dr. Kubinyi Enikő**egyetemi tanár, ELTE TTK*

Who is man's best friend and why? Comparing social competence across companion animal species and non-traditional pets/ Ki az ember legjobb barátja? Társállatok és nem tradicionális házikedvencek szociális kompetenciájának összehasonlítása

Kulcsszavak: szociális kompetencia; társállatok

Social competence is the ability of individuals to optimise their social behaviour based on the available social information. This skill has mostly been studied in children and dogs. We aimed to compare the social competence of several companion animal species, hypothesising that those species which are most common in human households (dogs and cats), would demonstrate higher social competence than other species kept as pets (such as reptiles). We developed a social competence test battery consisting of 11 sub-tests designed for online administration to ensure animals remained in familiar environments and, therefore, minimise stress. We tested 62 individuals across 20 species (dogs N=10, cats N=7, parrots N=6, small mammals N=27 and reptiles N=12). In a preliminary analysis, we coded seven behavioural variables in three sub-tests: separation, greeting, and affiliation. With factor analysis, I identified three main factors: 'door', 'greet', and 'contact'. Our results indicate that dogs and cats spend more time near the door during separation than small mammals, and dogs greet their owners more enthusiastically than reptiles. However, no significant differences were found in the time spent in physical contact with the owner across groups. These findings suggest that dogs and cats exhibit higher levels of interest in the owner than small mammals and reptiles, yet most pets, independently of species, tolerate physical contact well, which seems to be a fundamental requirement from companion animals. The analysis of the remaining 8 subtests will provide a more comprehensive understanding of species-specific social competence.

TÁMOGATÓINK

AZ OTDK FŐVÉDNÖKEI:

A Magyar Tudományos Akadémia elnöke

A Kulturális és Innovációs Miniszter

AZ OTDK VÉDNÖKE:

A Nemzeti Média- és Hírközlési Hatóság elnöke

AZ OTDK FŐTÁMOGATÓJA:

Kulturális és Innovációs Minisztérium, Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Alap

AZ OTDK TÁMOGATÓJA:

Nemzeti Média- és Hírközlési Hatóság

MÁV Személyszállítási Zrt.

GYSEV Zrt.



AZ NKFI ALAPBÓL
MEGVALÓSULÓ
PROJEKT



TOVÁBBI TÁMOGATÓINK

GYÉMÁNT FOKOZATÚ TÁMOGATÓINK



EZÜST FOKOZATÚ TÁMOGATÓINK

