

ABSZTRAKTKÖTET








BTDK

ELTE Biológus Tudományos Diákkör

Konferencia

2019. november 23., szombat

Tartalom

	Biokémia és molekuláris biológia szekció	3
	Genetika és orvosi biológia szekció	6
	Sejt- és neurobiológia szekció	8
	Növény- és mikrobiológia szekció	10
	Szupraindividuális biológia szekció	12

Az absztraktok címét, szövegét és adatait (pl. témavezető neve, affiliációja, beosztása) változtatás nélkül vettük át a résztvevők által elektronikusan feltöltött adatokból. Nem hoztuk egységes formátumra, és a hibákért nem vállalunk felelősséget.

© BTDK, 2019

Szerkesztette: Molnár Eszter Sarolta, Hegedűs Júlia Erzsébet
Felelős: Müller Viktor

Biokémia és molekuláris biológia szekció

0-803 Szabó József terem

Zsűri: Vértessy Beáta (elnök), Micsonai András, Gráczer Éva

Genomkarbantartó fehérjék szerkezet-funkció kapcsolatának vizsgálata tranzienz enzimkinetikai módszerekkel

Farkas Lili

Témavezető: Dr. Kovács Mihály (egyetemi tanár, ELTE Biokémiai Tanszék)

Az egyszálú DNS-kötő (SSB) fehérje a genomkarbantartás egy kulcsmolekulája, mely minden élőlényben jelen van. Fő funkciója, hogy beborítja a nukleinsav-anyagcsere során keletkező egyszálú (ss) DNS köztitermékeket, megvédvé azokat a nukleolitikus enzimektől. Az SSB emellett központi fehérjeként kölcsönhat és koordinálja a genomkarbantartó partnerfehérjéket. E partnerfehérjék közül kiemelkedő jelentőségűek a RecQ helikázok, mely fehérjék számos DNS-köztitermék átalakítását végzik a genomkarbantartó folyamatok során. Funkciójuk betöltéséhez létszükségletű, hogy hozzáférjenek az SSB-vel borított ssDNS-hez, mely folyamat finom részletei máig nem ismertek. Kutatásom során olyan módosított fehérjéket állítottunk elő, melyekkel a kölcsönhatás az SSB vagy a RecQ részéről gátolt vagy csökkentett. Így tudtuk vizsgálni, hogy a fehérjék perturbált egységei szerepet játszanak-e a két fő DNS-kötésmóddal rendelkező SSB kötésmód-preferenciájának kialakításában és toborzó funkciójában. Főbb méréseimet stopped-flow készülékkel végeztem, mely alkalmas a molekulák kötési és szerkezetváltozási egyensúlyának beálltat megelőző tranzienz szakaszról milliszekundum alatti holtidővel adatok gyűjtésére. Eddigi eredményeim alapján az SSB RecQ-indukált DNS-kötésmódváltása megszűnik mind a RecQ, mind az SSB adott régióit célzó módosításainak hatására. Ezt és a korábbi kutatási eredményeket egybevetve pontosabb képet kapunk az SSB és a RecQ kölcsönhatásában szerepet játszó szerkezeti egységek jelentőségéről.

Az annexin-A2 felhasználása kristályosító segédfehérjeként

Hóf Henrietta

Témavezető: Dr. Nyitray László (egyetemi tanár, ELTE TTK Biokémiai Tanszék)

Napjainkban a fehérjék atomi felbontású szerkezeteinek megoldására használható röntgendifrakciós módszer legnagyobb kihívása, a fehérjekristályok előállítása. A molekulák kristályrácsba rendeződését számos környezeti tényező befolyásolja, melyek teljes megismerése óriási feladat lenne. Emiatt a kristályosítás még manapság is úgy mond „vakon” történik. Számptalan esetben a temérdek, de véletlenszerű próbálkozás sem jár sikerrel. Ilyenkor egy további lehetőség az úgynevezett kristályosító chaperonok (segédfehérjék) alkalmazása. Ezen fehérjék közös tulajdonsága, hogy könnyen kristályba rendeződnek, ami a célfehérjékkel történő mesterséges fúzióval hasznosítható. Az egyik legelterjedtebb és máig szinte egyedülként használt ilyen típusú segédfehérje a maltóz-kötő fehérje (MBP). Ezen felül viszont nem találni igazi alternatívákat. Kutatócsoportunk korábbi

eredményei rámutattak az annexin-A2 (ANXA2), egy nem-EF kéz motívummal bíró Ca^{2+} -kötő fehérje jó kristályosodó tulajdonságára. Az ANXA2-t kristályosító chaperonként felhasználva többek között sikerült meghatározni a magában nem kristályosodó, így eddig megoldatlan p53 – S100A4 fehérjekomplex szerkezetét. A korábban megoldott szerkezetek és az itt bemutatott eredményeim rámutatnak arra, hogy az ANXA2 az MBP mellett egy újabb, eddig erre a célra nem használt széles körben alkalmazható kristályosító segédfehérje lehet.

Mitől válik egy molekula jó nátriumcsatorna gátlóvá?

Tóth Ádám

Témavezető: Mike Árpád (tudományos főmunkatárs, ATK NÖVI)

A feszültségfüggő nátriumcsatornák az ideg- és izomsejtek membránjában elhelyezkedő transzmembrán csatornaféhrjék, melyek az ingerületek továbbításában töltenek be fontos szerepet. Mutációik számos betegségben kimutathatók, így fontos gyógyszer-célpontok. Gyógyszer kötőhelyük azonban speciális, szinte csak apoláros oldalláncok határolják. Ennek következtében ez az egyik legkevésbé válogató ismert kötőhely, rendkívül sok, diverz szerkezetű anyag képes nem-specifikus kölcsönhatást kialakítani és így gátolni a csatornát. A jó terápiás profillal rendelkező hatóanyagokat nem nagy affinitásuk, hanem kedvező hatásmechanizmusuk teszi használhatóvá. A gátlószerek hatásmechanizmusukban jelentősen különböznek és fontos lenne megérteni, hogy milyen kémiai tulajdonságok határozzák meg a különbségeket. Legfontosabb kérdés a nem-specifikus és specifikus kötés elkülönítése; a specifikus kötésben egy fenilalanin oldalláncnak van kulcsszerepe. Vizsgálataink során keminformatikai eszközökkel feltártuk, mely fizikokémiai tulajdonságok meghatározóak a fenilalaninhoz történő specifikus kötődésben. Kutatásunk alapjául egy korábbi publikáció adatait használtuk, melyben a “Library of Pharmacologically Active Compounds” hatásait vizsgálták vad típusú és fenilalanin-mutáns nátriumcsatornákon. Tapasztalataink alapján a nagy affinitással és specifikusan (fenilalanin-függő módon) kötő nátriumcsatorna gátló anyagok a leírók által meghatározott kémiai térben egy jól körülírható területen összpontosulnak.

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

Hammad Hani

Témavezető: Dr. Józsi Mihály Krisztián (Tudományos Főmunkatárs, ELTE Immunológiai Tanszék)

The complement system is an essential humoral arm of innate immunity. It can be activated through three different pathways: the classical, lectin and alternative pathway. To prevent excessive complement activation and cell lysis in the host, complement is tightly regulated by soluble and

membrane-bound proteins. C4b-binding protein (C4BP) is the main soluble regulator of the classical pathway and factor H (FH) inhibits alternative pathway activation. Next to FH, in humans there are five structurally similar proteins, the factor H-related (FHR) proteins, whose function is poorly understood. FHR5 consists of 9 complement control protein (CCP) domains with homology to CCPs 6-7, 10-14 and 19-20 of FH. FHR5 binds to similar ligands as FH and C4BP, such as C3b, C-reactive protein (CRP) and extracellular matrix (ECM) proteins. FHR5 competes with FH on different ligands and surfaces, and enhances alternative pathway activation. Our aim was to study the potential effect of FHR5 on the regulatory activity of C4BP and on classical pathway activation. We performed binding studies by ELISA, and found that FHR5 competed with C1q for binding to CRP and ECM proteins in a dose-dependent manner, and thus reduced classical pathway activation, measured by decreased C4-deposition from serum when FHR5 was added. At higher concentrations, FHR5 inhibited C4BP binding to CRP and ECM. Thus, our results identify a novel role of FHR5 in modulating the activity of the complement classical pathway.

A bakteriális növekedés gátlása az egyszálú DNS-kötő fehérje kölcsönhatási hálóján keresztül

Turóczy Zsófia

Témavezetők: Dr. Harami Gábor (tudományos munkatárs, ELTE Biokémiai Tanszék), Dr. Kovács Mihály (egyetemi tanár, ELTE Biokémiai Tanszék)

Minden élő szervezetben megtalálhatóak az egyszálú DNS-kötő fehérjék (SSB-k), melyek központi szerepet töltenek be azért, hogy a DNS-anyagcsere-folyamatok során keletkező egyszálú DNS-sel komplexet alkotnak és megvédik azt a nem kívánt kémiai átalakulástól. A DNS-kötés mellett a bakteriális SSB fehérjék számos, a genomkarbantartó folyamatokban részt vevő fehérjével hatnak kölcsön C-terminális peptidregiójukon (CTP) keresztül. Az SSB-k egyfajta organizációs központként képesek modulálni a fehérjék működését az anyagcsere-folyamatok során. E kölcsönhatási háló megléte esszenciális a baktériumok számára: az említett fehérje-fehérje kölcsönhatások gátlása a baktériumsejtek pusztulásához vezet. Labormunkám céljával a bakteriális növekedést az SSB fehérje-fehérje kölcsönhatási hálóján keresztül gátló peptidváltozatok azonosítását tűztem ki. Különböző inert hordozófehérjékhez (GST (glutathion-S-transzferáz), MBP (mannózkötő fehérje) és CBD (kitinkötő domén)) fuzionált CTP-variánsokat hoztam létre, majd ezek – mint kompetitív SSB inhibitorok – baktériumsejtekre gyakorolt hatását vizsgáltam növekedéskontroll-tesztek segítségével. A növekedésgátló CTP variánsok kidolgozása nem csupán azért tűnhet ígéretesnek, mert más hatásmechanizmuson alapul, mint a jelenleg forgalomban lévő antimikrobiális szereké, hanem azért is, mert egy olyan molekula ellen, amely a teljes kölcsönhatási hálót blokkolja, sokkal kisebb eséllyel tud rezisztencia kialakulni a jövőben.

A RecQ helikázok szerepe az RNS/DNS-hurok feloldásában

Jóna Kristóf

Témavezetők: Dr. Harami Gábor (tudományos munkatárs, ELTE Biokémiai Tanszék), Dr. Kovács Mihály (egyetemi tanár, ELTE Biokémiai Tanszék)

Az élővilágban széles körben elterjedt RecQ helikáz család tagjai központi szerepet töltenek be a genomkarbantartó folyamatokban. Legfőbb feladatuk a replikáció és a DNS-hibajavító folyamatok során keletkező összetett DNS-struktúrák feldolgozása. Feltételezések szerint emellett a RecQ helikázoknak szerepe van a transzkripció során kialakuló, káros RNS/DNS-hibridek feloldásában is. E struktúrák a sejt számára kerülendők, mivel képesek megakasztani a replikációs villákat vagy transzkripció hurkokat, és véletlenszerű, káros géntrendeződésekhez vezető rekombinációs eseményeket indukálhatnak. Vizsgálataim célja a RecQ-helikázok ezen szerkezetek feloldásában betöltött szerepének mechanisztikus felderítése. Kísérleteimhez a humán BLM és E. coli RecQ fehérjék vad típusú és doménconkolt fehérjeváltozatainak aktivitását vizsgáltam egy általam előállított, többszálú RNS/DNS-hibrid R-hurok struktúráján. Az R-hurok-feloldás mechanisztikus vizsgálatára egy általunk kidolgozott, újszerű, többszenzoros tranzien kinetikai eljárást alkalmaztam, mely lehetővé teszi a folyamat során keletkező többféle közti- és végtermék részletes mennyiségi és minőségi analizisét. Eredményeim alapján az enzimek képesek az R-hurok megkötésére, és azon irányított módon az RNS/DNS-hibrid szétválasztását elvégezni. Azonban jelentős különbség mutatkozik a bakteriális és humán helikázok R-hurok feldolgozó aktivitásában, ami arra utal, hogy az enzimek eltérő szereppel bírhatnak a transzkripció folyamatokban.

A humán Topoizomeráz III α és a Bloom-szindróma helikáz közötti kölcsönhatás szerepe a homológ rekombináció útvonalválasztásában

Pálinkás János

Témavezető: Dr. Harami Gábor (tudományos munkatárs, ELTE Biokémiai Tanszék)

A homológ rekombináció (HR) folyamata felelős a kettős szálú DNS-törések javításáért, illetve a meiózis során a genetikai változatosság kialakításáért. A folyamat központi DNS-szerkezete az ún. D-hurok, amelyben egy DNS-molekula szálvége egy másik DNS-duplexbe „támad”. A HR kimenetét (átkereszteződés-mentes hibajavítás vagy átkereszteződés) alapvetően befolyásolja a D-hurok feldolgozás irányultsága (szétszerelés vagy kiterjesztés). A RecQ helikázok képesek a D-hurok feldolgozására és feltételezhetően egyik fő funkciójuk a HR irányításában rejlik, azonban a mechanizmus részletei nem ismertek. Korábbi TDK munkámban kimutattam, hogy a humán Bloom-szindróma (BLM) helikáz azonos valószínűséggel képes a D-hurok szétszerelésére vagy kiterjesztésére. Elképzelésünk szerint ezen aktivitást jelentősen befolyásolhatják a BLM kölcsönható partnerei, pl. a TOPOIII α -RMI1-RMI2 (TRR) komplex. Jelen munkámban a TRR komplex hatását vizsgáltam a BLM helikáz D-hurok feldolgozó aktivitására, az általunk kidolgozott többszenzoros, tranzien kinetikai eljárás fejlesztése mellett. Eredményeim szerint a TRR a BLM aktivitását gyorsítja és eltolja a D-hurok lebontásának irányába. E hatás specifikus fehérje-fehérje kölcsönhatáson alapszik, ugyanis a humán TRR az E. coli RecQ helikáz (BLM homológ) szálszétválasztását gátolja. Eredményeim támogatják elképzelésünket, miszerint a TRR komplex képes a HR kimenetelét a BLM aktivitásán keresztül befolyásolni.

Genetika és orvosi biológia szekció

0-804 Lóczy Lajos terem

Zsúri: Sebestyén Anna (elnök), Barna János, Uher Ferenc

A peroxiredoxin-2 potenciális szerepe tüdődaganatban

Galambos Klaudia

Témavezetők: Dr. Erdélyi Katalin (biológus, Országos Onkológiai Intézet), Prof. Dr. Nagy Péter (tudományos igazgató, Országos Onkológiai Intézet)

A peroxiredoxin (Prx) enzimes család egyes izoformái, melyekből emlősökben hat fordul elő, a sejtekben magas koncentrációban jelenlévő antioxidáns enzimek, melyek hatékonyan távolítják el az intracelluláris peroxidokat. Védő szerepük mellett fontos funkciót töltenek be a peroxidhoz köthető jelátviteli folyamatokban is. A Prx2 szabályozza a STAT3 transzkripció faktor aktivitását azáltal, hogy egyes tiol oldalláncainak reverzibilis oxidációján keresztül gátolja a fehérje működését. A STAT3 szerepet játszik a sejtosztódás szabályozásában, konstitutív aktivitását számos daganat típus esetén leírták, ami miatt ígéretes célmolekulának tartják. Az A549 sejt vonalban, mely humán tüdődaganat eredetű, a STAT3 konstitutívan aktív. Ez azért érdekes, mert ebben a sejt vonalban a Prx2 szintje kivételesen alacsony, holott tüdősejtekre a Prx2 magas szintje jellemző. Elképzelhetőnek tartjuk, hogy kapcsolat lehet a Prx2 alacsony szintje és a STAT3 túlzott aktivációja között. Ahhoz, hogy ezt igazoljuk stabil transzfekciót hoztunk létre Sleeping Beauty transzpozon rendszer használatával Prx2 túltermelés céljából, hogy vizsgálni tudjuk a sejtek viabilitását, proliferációját és oxidatív stresszre adott válaszát a kontroll sejtekhez képest. Annak érdekében, hogy a Prx2 túltermelésének hatását *in vivo* körülmények között is megvizsgáljuk, xenograft egérmodellt használtunk. Végül a Prx2 túltermelés génexpresszióra gyakorolt hatását RT-qPCR technikával vizsgáltuk a sejtek és a tumorminták esetén egyaránt.

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

Kulin Anna

Témavezetők: Dr. Egyed Balázs (adjunktus, ELTE, Genetikai Tanszék), Dr. Szabó Edit Zsuzsanna (tudományos munkatárs, Természettudományi Kutatóközpont, Enzimológiai Intézet)

A kettes típusú diabétesz (2TDM) korunk egyik leggyakoribb népbetegsége, amely bármelyik korosztályt érintheti. Multifaktoriális jellegű, azaz kialakulásáért számos (környezeti, életmódbeli, genetikai) tényező felelős. A 2TDM-mel asszociált genetikai módosulatok nagy részét már a teljes genomot érintő vizsgálatok során leírták, ugyanakkor a fehérje kifejeződését érintő esetleges változásokról ezek nem adnak információt. Munkám során a glükóz transzporter-1 (GLUT1, SLC2A1) membránfehérje áramlási citométerrel mért expressziós szintjét vizsgáltam kontroll és beteg egyénektől kapott vérminták vörösvérsejtjeiben. Az átlagos fehérjeszinttől eltérő esetekben, annak okát keresve, a vérmintákból DNS izolálást követően exon szekvenálást végeztem. Ezzel párhuzamosan különböző, már leírt polimorfizmusok jelenlétét vizsgáltam a két csoportban, TaqMan próbák segítségével. Jelen tanulmányban

összefüggést keresek a GLUT1 expressziós szintje és olyan genetikai variánsok között, amelyek befolyásolhatják a fehérje kifejeződését és hatással lehetnek a betegség kialakulására, azaz a későbbiekben biomarkerként szolgálhatnak. Az eddigiéknél két olyan polimorfizmust (rs841848, rs1385129) vizsgáltam részletesebben, amelyek korábbi irodalmi adatok alapján asszociáltak a betegséggel vagy annak szövődésével. Mindkét variáns erős kapcsolatot mutat a magasabb fehérje szinttel, kontroll és eset csoportban egyaránt.

A mai székely népesség filogenetikai szempontú elemzése teljes mitogenom szekvenálással

Székely Orsolya

Témavezetők: Dr. Egyed Balázs (egyetemi adjunktus, ELTE TTK Genetikai tanszék), Dr. Szécsényi-Nagy Anna (tudományos munkatárs, Bölcsészettudományi Kutatóközpont Régészeti Intézet)

A humán mitokondriális DNS (mtDNS) anyai öröklődésű és magas mutációs rátával bír, így az idők során genetikai variánsok alakulnak ki a szétágazó anyai vonalak mentén. Az így létrejött mtDNS mutációs fa klasztereket (haplocsoportokat) tartalmaz, amelyek azokat a közeli rokon mtDNS haplotípusokat foglalják magukban, amelyek földrajzilag jól körülhatárolt területeken élő populációkra jellemzők. A mtDNS ilyen módú öröklődése és elterjedése lehetővé tette a különböző népségek vándorlásának filogeográfiai módszerekkel történő rekonstrukcióját. Munkám során Székelyudvarhely térségében elhelyezkedő falvak magyar anyanyelvű lakosságától gyűjtött minták teljes mtDNS alapú genotipizálását végzem el. Alapfeltevésem az, hogy elszigetelt falvakban élő mintaadók megkeresésével és az ő felmenőik körültkintő dokumentálásával rekonstruálhatjuk a 100-150 évvel ezelőtti székely populáció anyai génállományát. A kutatás arra irányul, hogy megtudjuk, felismerhető-e valamilyen regionális, a székelysége jellemző genetikai struktúra? Milyen genetikai kapcsolatban áll a vizsgált populáció a Kárpát-medence történeti korú genetikai adataival? A dolgozatban 23 személyi mintát vizsgálok, munkám a DNS izolálásától egészen a szekvenálási eredmények kiértékeléséig terjed. Az eredmények egy olyan adatbázist gyarapítanak, amely jelentős tudományos értékbeli ugrást képvisel a korábbi, a mitokondriális genomnak csak a kontroll régióját tartalmazó Kárpát-medencei adatsorokhoz képest.

A vastagbél-tumor-asszociált fibroblasztok által kibocsátott extracelluláris vezikulák vizsgálata

Pápai Márton

Témavezetők: Dr. Wiener Zoltán (egyetemi docens, Semmelweis Egyetem, Genetikai, Sejt- és Immunbiológiai Intézet), Szvicsek Zsuzsanna (PhD hallgató, Semmelweis Egyetem, Genetikai, Sejt- és Immunbiológiai Intézet)

A vastag- és végbélrák (CRC) kiemelkedő helyen áll a tumoros megbetegedések halálozási listáján. A betegség

prognózisát negatívan befolyásolja a tumorokban található stromális fibroblasztok mennyisége és aktiváltsága. Az extracelluláris vezikulák (EV-k) membránnal körülvett, sejtek által kibocsátott struktúrák, melyek a sejtek közti kommunikációban fontos szerepet játszanak különböző molekulák szállításával. Munkacsoportunk korábbi eredményei alapján a colon fibroblasztok által kibocsátott EV-k bizonyos körülmények között serkentik a CRC sejtek kolóniaképzését betegekből származó 3D organoidokban. Munkánk célja különféle kezeléseket követően a colon fibroblasztok jellemzése és EV termelésük vizsgálata volt, mely során kereskedelmileg elérhető normál colon fibroblaszt sejteket (NF), valamint CRC betegekből származó tumorhoz közeli peritumorális (PTF) és CRC szövetből izolált (CAF) fibroblasztokat használtunk. Érdekes módon az NF-ok a vizsgálatokban (pl. szeneszcencia, migráció, EV termelés) eltérő jellegeket mutattak, mint a CAF-ok és PTF-ek. A fibroblasztok egyik fő aktivátoraként is ismert TGF β a CAF és PTF kultúrákban fibroblaszt alpopulációk kialakulásához vezetett, mely azonban az EV kibocsátást sem PTF-ekben, sem pedig CAF-okban sem befolyásolta. Eredményeink arra utalnak, hogy valamennyi fibroblaszt típus képes EV szekrécióra, bár a TGF β , valamint az általa létrehozott sejtes heterogenitás szerepét az EV kibocsátás szabályozásában nem tudtuk egyértelműen igazolni.

Csillóbetegség-e minden vesebetegség? A TMEM260 szerepe egy komplex betegség kialakulásában.

Czimer Dávid

Témavezető: Varga Máté (adjunktus, ELTE TTK Genetikai tanszék)

Habár napjainkra, a ritka betegségek kialakulásáért felelős gének egyre nagyobb részét ismerjük, még mindig számos olyan kórkép létezik, melyek genetikai okát nem sikerült megfejteni. Kutatásunkban mi egy komplex tünetegyüttesrel járó betegségben szenvedő kisfiú és a szülei teljes exom-szekvenálását végeztük el, melysorán kiderült, hogy a kisfiú genomjában transzheterozigóta mutációk találhatók az ismeretlen funkciójú transzmembrán fehérjét kódoló TMEM260 génben. A betegséggel járó fenotípus emberben idegrendszeri, szív és érrendszeri, valamint kiválasztószervi elváltozásokkal jár, melyek közül a legnagyobb hangsúlyt a cisztás vese jellegre fektettük. A policisztás vese egy olyan örökletes rendellenesség, melynek kialakulásához, ez idáig kizárólag olyan gének voltak hozzárendelhetők melyek érintették a csillóműködést. Ennek okán mi is azt feltételeztük, hogy a TMEM260 valamilyen módon ennek a sejtstruktúrájának a szerepéhez járul majd hozzá. Ezt a hipotézist tesztelendő CRISPR/Cas9 rendszer segítségével létrehoztunk egy mutáns zebrahal vonalat, mely homozigóta formában hordozza a tmem260 mutációt, majd ezekben az állatokban vizsgáltuk a csilló funkciót. Eddigi eredményeink arra utalnak, hogy az általunk vizsgált fehérje sem szerkezetileg, sem funkcionális szempontból nem szükséges a normális csillóműködéshez.

A Bloom-szindróma helikáz szerepe a zebraadánio (*Danio rerio*) szexdeterminációjában

Müller Dalma

Témavezető: Varga Máté (adjunktus, ELTE TTK Genetikai tanszék)

A genom őreiként is emlegetett RecQ helikázok családja egy evolúciósan konzervatív fehérjecsalád. A humán genom legalább öt RecQ helikázot kódol, melyek közül a BLM, a WRN és a RECQ4 mutációja ritka genetikai betegségekhez köthető. A zebraadánio (*Danio rerio*) egyre népszerűbb modellje monogénes emberi betegségeknek és a mivel a genomjában fellelhető az összes emberi RecQ helikáz ortológja, potenciálisan az ezekhez kapcsolt betegségek modellezésére is alkalmas. Emberben a BLM gén mutációja a Bloom-szindrómához vezethet, melynek jellemző velejárója az alacsony termet, a csökkent fertilitás és a fokozott rákhajlam. Munkánk során CRISPR/Cas9 rendszer felhasználásával létrehoztuk a BLM zebrahal ortológjának funkcióvesztéses allélját. A mutáció egyik jellegzetes következménye a nemek arányának eltolódása, a homozigóta egyedek mindig hímek. Mivel ennek egyik magyarázata az ivari-össejtek (PGC) apoptózisa lehet, a blm mutációt olyan háttérbe vittük be, ahol gátolva van a Tp53-mediált apoptózis. Eddigi eredményeink szerint a a tp53 mutáció nem menekíti a fenotípust, ami a BLM kitüntetett, PGC számtól független szerepére utal a folyamat során.

Uzonyfejlődésben szerepet játszó konzervált nem-kódoló elemek funkcionális tesztelése zebrahalban

Zsombor Varga

Témavezető: Varga Máté (adjunktus, ELTE TTK Genetikai tanszék)

A négy lábú gerincesek (Tetrapoda) képviselői valamikor a késő devonban jelentek meg, melyek a későbbiekben igen nagy hatással voltak a Föld ökoszisztémájára. Ezért is az egyik legkutatottabb témája az evolúciós fejlődésbiológiának a Tetrapoda végtagok megjelenésének mikéntje, valamint különbsége és hasonlósága a nem négy lábú gerincesek végtagjaival szemben. A gerincesek e rendkívül változatos csoportja a szárazföldön kívül meghódította a levegőt és a vizet is, melyet végtagjaik változatos morfológiájának köszönhetnek. Mindezek az evolúció során a halak uszonyaiból alakultak ki, elősegítve a szárazföld meghódítását. Bár a korábbi kutatások elsősorban arra összpontosítottak, hogy leírják azokat az anatómiai képleteket és génexpressziós mintázatokat, melyek konzerváltak maradtak a végtag evolúció során, nyilvánvalóan az is fontos kérdés, hogy milyen változásoknak kellett végbemenniük a morfológiai átmenethez. Munkám során korábban *in silico* módszerekkel azonosított, evolúciósan konzervált nem kódoló szekvenciákat (CNE) vizsgáltam meg, melyek halakban igen, ám négy lábú gerincesekben nem találhatóak meg. Elsődleges céloom az volt, hogy tranziens transzgenikus konstrukciók segítségével felmérjem, van-e ezeknek a szekvenciáknak esetleges génexpresszió-szabályozó szerepe. Ezt követően CRISPR/Cas9 genomszerkesztéssel és *in situ* hibridizációval ezen szekvenciák szabályozó funkcióját, illetve redundanciáját is megvizsgálom.

Növény- és mikrobiológia szekció

0-818 Soó Rezső terem

Zsúri: Márialigeti Károly (elnök), Rudnóy Szabolcs, Dima Bálint

Egy, a tudományra nézve új baktériumtaxon fenotípusos vizsgálata

Buni Dominika

Témavezető: Dr. Tóth Erika (habilitált egyetemi adjunktus, ELTE, TTK, Mikrobiológiai Tanszék)

A prokarióták tenyésztése mind a mai napig hatalmas kihívás elé állítja a kutatókat. Kutatómunkám során egy 16S rRNS génje alapján új, fakultatív fényhasznosító baktériumcsoport fenotípusos vizsgálatát végeztem el. A korábban a Fertő vízből izolált RG-N-1aT, DMA-N7-A, RA-N-9 jelzésű baktériumtörzsekkel, valamint a filogenetikailag hozzájuk legközelebbi rokonságban álló *Cereibacter changlensis* JCM 14338T (96.17% szekvencia hasonlóság) és *Pseudorhodobacter psychrotolerans* JCM 30764T (96,25% szekvencia hasonlóság) baktériumtörzsekkel az alábbi vizsgálatokat végeztem el: tanulmányoztam a baktériumtörzsek morfológiáját (méret, alak), mozgásképességét, meghatároztam ökológiai toleranciájukat (növekedésük hőmérsékleti és pH tartományát, optimumát, és sótoleranciájukat), valamint klasszikus tesztekkel és gyorsdiagnosztikai módszerek (API 50CH és API ZYM) segítségével meghatároztuk biokémiai potenciáljukat. A vizsgált törzseink fekete pigmentet termelnek, rokonaikhoz képest alkalikusabb környezetet kedvelnek, leginkább a 11 és 12-es pH-jú tápközegben növekedtek. Szénforrás hasznosításukban jelentős eltérés mutatkozott, az általunk izolált baktériumok alig bontották a felkínált forrásokat, eltérő sótoleranciát mutattak. Eredményeink megerősítik a genetikai vizsgálatok során kapott eredményeket, a tanulmányozott baktériumcsoport új prokarióta nemzetséghez tartozik, tervezett neve: *Fertobacter nigrum*.

Két városi víztisztító rendszer mikrobiológiai állapotának felmérése

Somodi Csenge

Témavezető: Dr. Tóth Erika (habilitált egyetemi adjunktus, ELTE, TTK, Mikrobiológiai Tanszék)

Napjainkban a közegészségügyi szempontból megfelelő minőségű vezetékes víz biztosítása igen fontos feladat. Munkám során két kistelepülés vízellátó rendszerét vizsgáltam. Mintáinkat a víztisztítás különböző fázisaiban vettük: a kúton, törésponti klórozás után, az aktívszenes szűrő (GAC) után, valamint egy-egy kiszolgálói ponton. A minták kémiai paramétereinek mérését MSZ leírások szerint végezzük. A mikrobák sejtszámának meghatározásához a mintákat leszűrtem, a filtereket DAPI festést követően epifluoreszcens mikroszkóppal (Nikon) néztem. 1,5-1,8 L vizet szűrtünk DNS vizsgálatokhoz, itt a DNS kivonása után taxonspecifikus PCR vizsgálatokat végeztünk. Eredményeink szerint mindkét település rendszere MSZ szerint megfelelően működik, de a jánoshidai minták összes szerves széntartalma kétszerese a szigetvári mintákénak, kémiai oxigénigényük és vezető képességük is magasabb. A klórozási melléktermékek (kloroform, és THM) mennyisége is magasabb a jánoshidai

mintákban. Mindkét rendszernél megfigyelhető, hogy az aktívszenes szűrőt követően a sejtszám jelentősen megemelkedett. Taxonspecifikus PCR reakciók eredménye szerint a jánoshidai rendszer mikrobiológiai szempontból szennyezettebb, csapvizében a sejtszám nagyságrenddel magasabb, mint Szigetváron, minden vízmintában megtalálható volt a *Stenotrophomonas maltophilia*, és három mintában korrózióra utaló baktériumokat találtunk (*SRB*, *Acidithiobacillus ferrooxidans*).

Alacsony hőmérsékletre és kis szervesanyag tartalomhoz adaptálódott extremofil baktériumok egy magashegyi permafroszt olvadéktó üledékéből

Faragó Viktória

Témavezető: Borsodi Andrea (docens, ELTE TTK Mikrobiológiai Tanszék)

Dél-Amerikában, Chile és Argentína határán, az Atacama-sivatag keleti részén található Földünk legmagasabb szunnyadó vulkánja az Ojos del Salado (6893 m). A területre hideg, száraz, sivatagi klíma jellemző, rendkívül kevés évi csapadék mennyiséggel, alacsony átlaghőmérséklettel és nagy napi hőingással. E tényezők együttesen olyan többszörösen szélsőséges környezetet alakítanak ki, ahol szinte kizárólag poliextremofil mikroorganizmusok jelenléte valószínűsíthető. Az Ojos del Saladon permafroszt, örök fagyott talaj jellemző. A permafroszt talajok bolygónk egyik legnagyobb szénraktárát képviselik, melyek rendkívül érzékenyen reagálnak a globális klímaváltozásra. Egy 5900 méter magasságban fekvő permafroszt olvadék tó a felmelegedés következtében kialakult negatív vízháztartás miatt 2019-ben kiszáradt. Jelen kutatás célja extremofil baktériumok kimutatása volt e kiszáradt tó területéről származó üledékmintákból. A tenyésztésen alapuló vizsgálatokhoz különböző szervesanyag koncentrációjú R2A táptalajt alkalmaztuk. Az oligotróf és pszichotróf vagy pszichotróf szervezetek dúsítását 4, 10 és 15 °C-on végeztük. A tenyésztésbe vont baktériumtörzseket a 16S rRNS gén bázissorrend elemzése alapján az *Arthrobacter*, a *Pseudarthrobacter*, a *Cryobacterium* (Actinobacteria) a *Massilia* és az *Acidovorax* (Proteobacteria) nemzetségek tagjaiként azonosítottuk. Az általunk választott táptalaj és hőmérsékleti értékek mindegyik kombinációja alkalmasnak bizonyult extremofil baktériumok tenyésztésére.

A furmint szőlő endofiton gombáinak vizsgálata

Lázár Anna

Témavezetők: Knapp G. Dániel (tudományos munkatárs, ELTE Növény-szervezet-tani Tanszék), Kovács M. Gábor (egyetemi docens, Eötvös Loránd Tudományegyetem)

A szárazföldön élő növények, köztük a szőlő (*Vitis vinifera*) is mikroorganizmusok diverz közösségével élnek együtt, ennek a közösségnek tagjai az endofiton gombák is, melyek életük

legalább egy szakaszát a növényben töltik, látható patológiás elváltozást nem okozva. Ezek a gombák hatással lehetnek a szőlő növekedésére, terméshozamára, de akár a kórokozók elleni védekezésben is szerepet játszhatnak. Mindezek ellenére kevés tanulmány fókuszált ezidáig a különböző szőlőfajták endofiton gomba közösségére. Munkánk célja, hogy in planta detektáljuk a gombák jelenlétét, valamint tenyésztéses és nem-tenyésztéses módszerekkel vizsgáljuk az endofiton gomba közösséget a Magyarországon jelentős mennyiségben termelt szőlőfajtában, a furmintban. Vizsgálatokhoz a Tokaji Borvidékhez tartozó négy mádi termőterületen, különböző évszakokban gyűjtöttünk fiatal és idős leveleket, virágzatot/fürtöt. Munkám során 2017 ősze óta hét mintavétel során összesen 720 mintát gyűjtöttem, ezekből kiindulva több ezer növényrészből 198 gombatorzset izoláltam és azonosítottam az ITS (Internal Transcribed Spacer) régió meghatározásával. A mikroszkópos vizsgálat során sikeresen alkalmaztam fluoreszcens festési eljárást több mint 40 minta esetén, és elmondható, hogy a gombák általánosan kolonizálják a szőlő szöveteit. Az NGS alapú közösségvizsgálat eredményeit az izolálásokkal összevetve vizsgáltam a különböző dűlők és mintavételi időpontok jellegzetes gomba közösségeit.

A GVT jelenlétének vizsgálata hazai szőlőültetvényeken kis RNS HTS-sel

Holczbauer Aliz

Témavezető: Dr. Várallyay Éva (tudományos főmunkatárs, NAIK-MBK)

A nemesített növényeket, így a szőlőt is, a fajtajelleg fenntartásának céljából vegetatívan szaporítjuk. A fertőzések elkerülése érdekében fontos a szaporítóanyag vírusmentessége. A telepítésre szánt szaporítóanyagok vírusdiagnosztikájára használhatunk nagy áteresztőképességű szekvenálási módszereket (high throughput sequencing – HTS) is. A HTS segítségével nemcsak az eddig ismert vírusokat tudjuk detektálni, hanem azokat is, amelyek genomjáról nem rendelkezünk szekvencia információval. Munkám során, egy Magyarországon még le nem írt szőlővírus, a Grapevine virus T (GVT) jelenlétét vizsgáltam. A NAIK-MBK Diagnosztikai csoportja korábban kis RNS HTS-sel mérte fel a hazai ültetvények vírusfertőzöttségét. A GVT leírása később történt, mint a hazai termőültetvényekből készült kis RNS könyvtárak elemzése és a környező országokban igen elterjedt vírus. Első lépésként bioinformatikai módszerekkel vizsgáltam a GVT előfordulását a rendelkezésemre álló könyvtárakban. A GVT jelenlétét vírusspecifikus RT-PCR-rel ellenőriztem, amihez a könyvtárakból származó GVT szekvenciák alapján primereket terveztem. A PCR termékek szekvenciáit az eddig ismert GVT genomokkal összehasonlítva filogenetikai elemzést végeztem. Kísérleteim eredményeképpen először azonosítottam a GVT jelenlétét Magyarországon. Annak megállapítására, hogy a vírus a magyar szőlőfajtákban okoz-e tünetet, további vizsgálatok szükségesek.

Só- és ozmotikus stressz hatásának összehasonlító vizsgálata búza növények zöldülése során

Sóti Adél

Témavezető: Solymosi Katalin (adjunktus, ELTE Növény-szervezettani Tanszék)

A talaj magas sótartalma egyre több problémát okoz a mezőgazdaságban, elsősorban a száraz és félszáraz élőhelyeken. Becslések szerint Földünk művelésre alkalmas szárazföldi területének mintegy 5-7%-át (kb. 77 millió hektárt) érinti ez a probléma. A legtöbb növényfaj nem képes tolerálni a talaj magas sókoncentrációját, mely hiperozmotikus stresszt idéz elő, és gátolja a vízfelvételt, másfelől a szövetekbe és sejtekbe bejutó ionok révén az ionháztartás egyensúlyát is felborítja, és specifikus toxikus hatásokat, többek között oxidatív stresszt okoz. A fentiek befolyásolják a fotoszintetikus aktivitást, és így a növekedésre és terméshozamra is hátrányosan hatnak. Kevésbé ismert, hogy a talajban csírázó növények szintestjeire és azok zöldülésére hogyan hat a sóstressz, és annak ozmotikus illetve specifikus ionos komponensei. Munkám során 8-10 napos sötétben csíráztatott búzanövények (*Triticum aestivum* L. Mv. Béres) levéldarabjait úsztattuk Hoagland oldaton (kontroll), illetve azonos ozmolaritású só (600 mM NaCl:KCl, 1:1) és polietilén-glikol (PEG-6000) oldaton 4 óráig sötétben, illetve 1.5 óra sötét előkezelést követő 16 órás megvilágítás mellett. Egyértelműen megállapítható az ionok specifikus hatása a sóoldattal kezelt mintákon, melyekben teljesen gátolt a klorofill szintézis, a fotoszintetikus apparátus kiépülése, és az etioplasztisz-kloroplasztisz átmenet, míg az ozmotikusan kezelt (PEG) minták esetében a zöldülés csak kismértékben lassult le a kontrollhoz képest.

Sejt - és neurobiológia szekció

0-805 Fejér Lipót terem

Zsúri: Dénes Ádám (elnök), Tárnok Krisztián, Zeöld Anikó, Csikós György

Az Abhd4 okozta sejthalál mechanizmusának vizsgálata

Mógor Fruzsina

Témavezetők: Dr. Lele Zsolt (tudományos főmunkatárs, MTA KOKI Molekuláris Neurobiológia Csoport), László Zsófia (tudományos segédmunkatárs, MTA KOKI Molekuláris Neurobiológia Csoport)

Az endokannabinoid rendszer meghatározó szerepet tölt be számos élettani folyamatban. Az elsőként felfedezett endokannabinoid molekula – az anandamid – projekciós neuronok születését és vándorlását szabályozza. Az anandamid szintézisében részt vevő alfa-béta hidroláz 4 (Abhd4) enzimről csoportunk nemrégiben megmutatta: specifikusan az agykamrák ventrikuláris zónájában fejeződik ki, és elsősorban az apikális radiális glia sejtek abnormális delaminációjakor fellépő sejthalálban vesz részt. Munkám során az Abhd4 által kiváltott sejthalál mechanizmusát karakterizáltam. In vitro kísérleteimhez HEK 293 sejteket használtam. A sejtekbe aktív illetve enzimatikusan inaktív Abhd4-et transzfektáltam. Immuncitokémiával láthatóvá tettem a sejthalál folyamatában jelen lévő fehérjéket. Végül e mintákat korrelált konfokális és szuper-rezolúciós mikroszkópia segítségével elemeztem. Kísérleteim alapján az Abhd4 hatására (a kontrollal szemben) a sejtek zsugorodnak és lekerekednek, a mitokondriális jel csökken, citokróm-C szabadul fel a mitokondriális intermembrán térből a citoplazmába, valamint aktivált kaszpáz-3 immunjel lesz detektálható. Egymással összhangban álló eredményeim arra mutatnak, hogy az Abhd4 sejt-autonóm módon képes sejthalált indukálni, mely citokróm-C felszabadulással és kaszpáz-3 aktivációval jár.

Ugyanazon axon mentén található, de eltérő funkciójú terminálisok ingerelhetősége

Marosi Endre

Témavezető: Szabadics János (csoportvezető, Magyar Tudományos Akadémia, Kísérleti Orvostudományi Kutatóintézet)

Az idegsejtek jeltovábbító struktúrái, az axonok működéséről keveset tudunk, mivel apró méretük miatt technikai nehézségekbe ütközik a közvetlen vizsgálatuk. Az eddigi adatokból kiderült, hogy a különböző idegsejtek eltérő akciós potenciál (AP) alakja fontos azok eltérő funkciójához. Arra a kérdésre viszont, hogy az AP alakja és tulajdonságai egységesek-e ugyanazon típusú axon egyes terminálisában, még nem tudjuk a választ. A hippocampus gyrus dentatus fősejtjei, a szemcsejtek kiemelt szerepet játszanak a memóriafolyamatokban és a viszonylag nagyméretű axonterminálisaik (ún. moharost terminálisok: MFT) eltérő módon serkentik a hilus területen található mohasejteket és a CA3 régióban található piramissejteket. Tehát ezen MFT-ok elektrofiziológiai vizsgálata ideális az ugyanazon axon mentén található, de eltérő funkciójú terminálisok viselkedésének összehasonlítására in vitro agyszelet preparátumban. Kapacitás mérésekkel azt találtam, hogy a hiláris MFT membrán felszíne

kisebb, mint a CA3 MFT-é. Azonban az AP-ok alakjában – amely meghatározó a terminális szinaptikus funkciójához – nem találtam eltérést. Így az AP egységnyi depolarizációt eredményez, mely alatt a terminálisba beáramló kalcium ionok mennyisége szintén megegyezett a két populációban. A MFT AP-okra jellemző aktivitás-függő plaszticitás, alakváltozás is hasonló volt. Tehát annak ellenére, hogy a hilusban és a CA3-ban található MFT-ok morfológiája és funkciója eltérő, a digitális idegi kódot jelentő AP egységes.

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

Várkonyi Dorottya

Témavezető: Sipos Eszter (tudományos munkatárs, Kísérleti Orvostudományi Kutatóintézet)

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

Kolinerg és dopaminerg rendszerek szimultán vizsgálata asszociatív tanulási feladatban

Pillár Vivien

Témavezetők: Hangya Balázs (laborvezető, KOKI, MTA), Király Bálint (PhD hallgató, KOKI)

A neuromodulátorok, mint az acetilkolin és a dopamin nélkülözhetetlen szerepét a tanulásban számos kutatás támasztja alá. A különböző neuromodulátor-rendszerek közti kapcsolat és esetleges szinergista vagy antagonist

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

Egy putatív RasGEF szerepe a cirkadián óra működésében

Sárkány Orsolya

Témavezetők: Dr. Gyöngyösi Norbert (Adjunktus, Semmelweis Egyetem), Dr. Káldi Krisztina (laborvezető, Semmelweis Egyetem)

A cirkadián ritmus a környezethez való alkalmazkodás egyik fontos tényezője, melyet egy sejtszintű endogén oszcillátor hoz létre. A cirkadián óra számos gén expresszióját szabályozza, többek között az anyagcseréért és a sejtosztódásért felelős génekét is. A cirkadián oszcillátor felépítésének nagyfokú konzerváltsága lehetővé teszi a ritmust létrehozó mechanizmusok vizsgálatát a széles körben használt *Neurospora crassa* gombában. A Ras proteinek olyan monomer G-fehérjék amelyek számos eukarióta sejt életfolyamataiban szabályozóként működnek. Az ún. GEF fehérjék (guanin-nukleotid cserélő faktorok) a monomer G fehérjék aktivitását növelik, a GDP-GTP csere elősegítése által. A molekuláris óra metabolikus kompenzációjának eredményeként a cirkadián oszcillátorok állandó sebességgel működnek különböző tápanyag kínálat mellett. Laboratóriumunkban korábban kimutatták, hogy a Ras fehérjék szerepet játszanak a cirkadián ritmus glükóz kompenzációjában. Kutatásunk során egy putatív RasGEF fehérjének a szerepét vizsgáljuk a *Neurospora crassa* cirkadián órájának tápanyagkompenzációjában. Eredményeink szerint, noha az cirkadián óra működése tápanyag-kompenzált, a cirkadián oszcillátor molekuláris komponenseinek aránya megváltozik extrém éhezésben. Az óra pozitív faktorainak mennyisége vad típusú törzsben csökken, míg a RasGEF mutánsban ez a változás elmarad, ami azt sugallja, hogy a cirkadián ritmus éhezésre adott válaszában kitüntetett szerepet játszik az általunk vizsgált Ras útvonal.

Az STL-fehérje hatásának vizsgálata humán daganat sejtvonalakban

Takács Ágnes

Témavezetők: Pálincás Hajnalka Laura (tudományos segédmunkatárs, BME ABÉT), Prof. Vértessy Beáta (egyetemi tanár, csoportvezető, MTA TTK Enzimológiai Intézet)

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

A Rab26 kis GTPáz szerepe a krinofágiában

Varga Luca

Témavezető: Boda Attila (Doktorandusz, ELTE TTK, Anatómiai, Sejt- és Fejlődésbiológiai Tanszék)

A Rab kis GTPázok a Ras kis G-fehérje szupercsalád tagjai és a membránfúziós folyamatokat, valamint a vezikulák sejten belüli szállítását irányítják. A krinofágia egy speciális autofág folyamat, amelyben a mirigysejtek a saját maguk által megtermelt szekréciós granulumok egy részét lebontják a lizoszómákkal való egyesülés révén létrejövő krinoszómákban. Kísérleteim során az ecetmuslica Rab26 fehérjét vizsgáltam a krinofágiában. Fluoreszcens mikroszkóppal kimutattam, hogy a Rab26 csendesítése esetén a nyálmirigy sejteiben a granulumok és lizoszómák fúziója, így a krinofág lebontás gátlódik. Ugyanakkor, makroautofág hibát nem detektáltam sem fluoreszcens riporterekkel, sem western blottal, ami arra engedett következtetni, hogy a Rab26 nem a lizoszomális oldalon szükséges a lebontáshoz. Ezt bizonyítja, hogy míg a granulumokon sikerült a Rab26-ot kimutatnom, addig a krinoszómákon már nem volt jelen. A fehérje konstitutíván aktív formájának túlexpresszállása korai szekréciót és krinofágiát okozott, ami összhangban van a fenti eredményeimmel, miszerint a gén kiesése a folyamat hibásodásához vezet. A Rab26 egy korábban leírt interakciós partnere, a Spatacsin csendesítése szintén krinofág defektust okozott, így a két fehérje valószínűleg közösen vesz részt a folyamat szabályozásában. Összegezve, eredményeink alapján a Rab26 kis GTPáz szükséges a krinofág lebontáshoz, a szekréciós granulum-lizoszóma fúzió szabályozása révén.

Az autofágia és a Wolbachia kapcsolatának vizsgálata ecetmuslicában

Kenéz Lili Anna

Témavezető: Lőrincz Péter (Tanársegéd, ELTE Anatómiai, Sejt- és Fejlődésbiológiai Tanszék)

A *Wolbachia pipientis* az egyik legelterjedtebb intracelluláris endoszimbionta baktérium, mely ízeltlábúakat és más gerincteleneket fertőz. A jelentősége abban rejlik, hogy képes egyes gazdaszervezetek más patogénekkal szembeni ellenállóképességét megnövelni, így napjainkban *Wolbachia* fertőzött szúnyogok szabadonengedésével küzdenek számos veszélyes emberi kórokozó (pl. Zika-vírus, *Plasmodium falciparum*) terjedése ellen. Továbbá kórokozó férégfajokban (filáriák) mindig jelen van a baktérium, így ezekben a *Wolbachia* elpusztításával lehet a betegséget kezelni. Ennek ellenére a *Wolbachia*-gazdasejt interakciók molekuláris hátteréről még nem sokat tudunk. Nem csak az ismeretlen, hogyan kerül el a parazita a sejten belüli lebontást, de az is, hogyan képes a gazdasejt a baktérium mennyiségét, minőségét szabályozni. Ezért munkám során az autofágia szerepét vizsgáltam a *Wolbachia*-gazdasejt interakcióban. Modellként ecetmuslica lárvális nephrocitákat használtam, melyekben nagyon érdekes megfigyelést tettünk: némelyik baktérium pozitív volt autofág markerekre, de nem összes. Továbbá autofág mutáns sejtekben nem növekedett meg a *Wolbachia* sejten belüli mennyisége. Azonban, mikor tetraciklin kezeléssel gátoltam a bakteriális transzlációt, károsítva a *Wolbachia* sejteket, azok száma lecsökkent, és mindegyikük pozitív lett autofág markerekre. Ebből arra lehet következtetni, hogy az autofágia a *Wolbachia* minőség, és nem mennyiség szabályzásában játszik szerepet.

Szupraindividuális biológia szekció

0-817 Dudich Endre terem

Zsúri: Garamszegi László (elnök), Számadó Szabolcs, Kosztolányi András, Török János

Egyenesszárnyúak terepi mintavételezése az Alsó Neretva-völgyben és Dél-Hercegovina mediterrán területein

Borbás Máté

Témavezető: Dr. Szövényi Gergely (adjunktus, ELTE TTK Állattrendszertani és Ökológiai Tanszék)

A Balkán félsziget nyugati részén fekvő Bosznia és Hercegovina kiemelkedő biodiverzitású terület. Sokféleségének feltárása a régióban közelmúltban zajlott háborús események, és ezek következményei miatt azonban csak lassan halad. Az ország egyenesszárnyú rovar (Orthoptera) faunája, bár régóta kutatott, összességében meglepően kevés megbízható és megfelelően dokumentált előfordulási adat ismert innen. 2019-ben témavezetőim segítségével intenzív terepi mintavételeket végeztem az ország egy kevésbé kutatott, ám fajokban várhatóan gazdag részén, az Alsó Neretva-völgyben és az ahhoz kapcsolódó mediterrán térségben Dél-Hercegovinában. A terepi munka során a vizsgálati területen mintegy 40 helyszínen végeztem faunisztikai gyűjtéseket az ott megtalálható jellegzetes élőhely típusokat reprezentálva. A mintavételezés alapvetően fűhálózással és egyeléssel történt akusztikus észlelésekkel kiegészítve, a mintavételezés helyek többségét pedig a nyár két különböző szakában is meglátogattuk (júniusban illetve augusztusban). A gyűjtések során több mint 700 előfordulási adat gyűlt össze, ami alapján a terület egyenesszárnyú faunája jól jellemezhető. Összesen 76. faj, köztük az országra nézve 3 új került elő (*Conocephalus ebneri*, *Pseudomogoplistes squamiger*, *Rhacocleis buchichii*), és egyben több kevésbé ismert, ritka, illetve veszélyeztetett faj populációit is sikerült megtalálni. Ezen új adatok alapján a fajok egy részénél az IUCN veszélyeztetettségi kategória megváltoztatása javasolható.

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

Somogyi Júlia

Témavezető: Dr. Szövényi Gergely (adjunktus, ELTE TTK Állattrendszertani és Ökológiai Tanszék)

A A szép hegyisáska (*Arcyptera fusca*) Magyarországon az utóbbi néhány évtized során több korábbi élőhelyéről kipusztult, és Európa-szerte csökkenő tendenciát mutat főként az extenzív tájhasználat hiánya, a kaszálás vagy legeltetés felhagyása miatt. Hosszútávú megőrzéséhez szükséges ismerni életmódját, élőhelyigényét és jelenlegi elterjedését, állományainak méretét is. Jelen kutatásban a szép hegyisáska Bükk-fennsíkán fennmaradt két populációját vizsgáltam. Transzekt módszerrel felmértem az állományok jelenlegi kiterjedését mindkét ismert élőhelyén, a Lusta-völgyben és a Kecskeláb-réten, valamint megbecsültem a populációk méretét is. A jövőbeni természetvédelmi kezelések megtervezését a faj által preferált élőhelytípusok megállapításával segítettem. A felvett adatokat térinformatikai programmal vizualizáltam, valamint statisztikailag elemeztem.

Hatnapos őserdők – Protiszta kolonizációja és közösségszerkezete a Ráckevei-Dunában (RSD) mesterséges felületen

Becz Álmos

Témavezető: Török Júlia Katalin (adjunktus, ELTE Állattrendszertani és Ökológiai Tanszék)

Az RSD parti zónájában a nádasok a víz alá süllyedt növényi részek révén nagy felületet kínálnak az élőbevonat kialakulásához. Vizsgálataimat 2019. februártól júniusig végeztem mesterséges aljzat alkalmazásával. Célom egy általános mintázatfeltárást követően néhány kiemelt protiszta szereplő közötti kölcsönhatás vizsgálata volt. A betelepítési mintázat feltárása során kiderült, hogy az első protiszta betelepülők a nagyméretű szájkoszorús csillósok, valamint szívókás csillósok, későbbiekben más heterotróf egysejtűek, valamint algák, elsősorban a kovamoszatok. Az 1-3 és 6 napos expozíciókat értékeltem ki. A bevonat szukcessziója során feltűnő volt a korán (1, 2. napokon), tiszta felületeken megjelenő *Heliophrya* ragadozó szívókás csillós, amelynek jellemző táplálékszervezetei csak a későbbi napok során jelentek meg nagyobb számban, amikor már a kovaalgák is megtelepedtek. Ezt a látszólagos ellentmondást egy hipotézis tesztelésével vizsgáltam amelyhez rögzítettem minden *Heliophrya* egyed méretét és tápláltságát, valamint az algaborítást. Hipotézisem szerint a *Heliophrya* korai helyfoglalásával biztosítja sikeres megtelepedését, amellyel időbeli előnyt szerez versenytársaival, a kovaalgákkal szemben. Mire a *Heliophrya* eléri maximális abundanciáját, addigra a többi szívókás, szájkoszorús csillós és kürtállatka térben kiterjedt bevonatot képez, amely sok detrituszt köt meg és további mikrohabitatokat hoz létre, megvetve ezzel egy gazdag protiszta táplálékhálózat alapját.

The evolutionary significance of animal personality: exploration and reproductive success in great tit (*Parus major*)

Sztruhala Sára

Témavezető: Dr. Herczeg Gábor (Tanszékvezető egyetemi tanár, ELTE TTK Állattrendszertani és Ökológiai Tanszék)

In recent years, animal personality (consistent behavioural variation among individuals over time or across contexts, statistically represented by significant repeatability) research have become a central topic of evolutionary behavioural ecology. Among-individual behavioural variation was proven to be heritable in several species. In great tit (*Parus major*), exploration assayed in artificial setups was found to be (i) repeatable, (ii) heritable and (iii) linked to dispersal in nature. Further, exploration personality was shown to covary with habitat choice, mate choice, survival rate and reproduction success in this species. Here, based on a long term dataset (2010-2018) collected in a great tit population in Seewiesen, Germany, I tested whether (i) exploration personality was present over long periods, (ii) exploration personality was under natural selection and (iii) the selection was stabilizing,

disruptive or directional. Using mixed model analyses, I found that exploration behaviour in both male and female great tits was repeatable. Further, number of fledglings was affected by male exploration personality: males with average exploration sired more offspring than males with extreme personalities. I found no linear trend in exploration during the nine years of observation. I conclude that long term exploration personality is present in the studied population and that male exploration personality is under stabilizing selection.

Eltérő tanítási helyzetek hatása kutyák viselkedésére és alvásmintázatára

Kovács Tímea

Témavezetők: Dr. Gácsi Márta (tudományos főmunkatárs, MTA-ELTE Összehasonlító Etológiai Kutatócsoport), Reicher Vivien (doktorandusz, ELTE Etológia Tanszék)

A kutya (*Canis familiaris*) az emberi környezethez adaptálódott faj, így számos neurális és viselkedésszerű fenotípusos hasonlóság teszi az ember lehetséges modelljévé. Ismert, hogy az érzelmi előkezelés hatással van az alvásmintázatra és a tanulásra is. Utóbbi enyhe stresszhelyzetben a legeredményesebb. Kutatásom az érzelmi előkezelést a tanulás kontextusába helyezi: hipotézisünk szerint a támogató és a kontrolláló tanítási stílusok különbségeket indukálnak a kutya tanulás alatti viselkedésében, tanulási sikerességében és alvásmintázatában. Eddig 14 kutyát teszteltünk: egy adaptációs EEG mérést követően a kísérletvezető két alkalommal tanította őket arra, hogy angol nyelvű vezényszavakra hajtsanak végre ismert feladatokat. A tréningeket kétórás, non-invazív polyszomnográfias módszerrel felvett alvás követte, melyek előtt és után is teszteltük a tanulás sikerét. A kontrolláló stílus a megfigyelt viselkedéselemek alapján bizonyos mértékű stresszt okozott (pl. a kutyák több időt töltöttek gazdájuk mellett), ám a tesztekben jobban teljesítettek a kutyák, mint a támogató helyzetben. Ez arra utal, hogy a stressz nem volt olyan nagymértékű, hogy csökkentette volna a tanulási hatékonyságot. Az alvási paraméterekben (pl. alvásfázisok hossza, EEG spektrum jellemzői) egyelőre nem találtunk különbséget a két helyzet között. Az elemszám növelésével olyan további tényezők hatásának vizsgálatára is mód nyílik, mint pl. a kutya személyisége és a gazda jellemző tanítási stílusa.

Younger and shorter-headed dogs establish eye contact sooner

Bognár Zsófia

Témavezetők: Dr. Kubinyi Enikő (Tudományos főmunkatárs, Eötvös Loránd Tudományegyetem - Etológia Tanszék), Szabó Dóra (PhD-hallgató, Eötvös Loránd Tudományegyetem - Etológia Tanszék)

Recognizing a partner's attention is vital for successful communication. Eye contact is the most common tool humans use to establish joint attention. It is the basis of any visual communicative act between dogs and humans, too. However, dogs may differ in their propensity to form eye contact. Breed function, cephalic index (metric of head shape) and age effects on dogs' propensity to form eye contact with humans was examined. Previous results suggested that (1) selective breeding for different works affected dogs' propensity to participate in visual communication (visually cooperative breeds are more prone), (2) selection for different head shapes affected visual

acuity (higher cephalic index - better visual acuity), hence the ability to use human visual gestures, and (3) older dogs are less responsive to their environment in general. 102 dogs (2.6-14.0 years old; various breeds and mongrels) were rewarded for repeatedly making eye contact with a human. The latencies of making eye contact were measured. Results showed that cooperative breeds ($p=0.001$), dogs with higher cephalic index ($p=0.02$) and younger dogs ($p<0.001$) formed eye contact sooner. Selection for working in visual contact with humans and cephalic index value increased the propensity to form eye contact, while aging decreased it. This study showed that selective breeding for different works and head shapes, as well as the dogs' age affects their propensity to participate in visual communication with humans.

Vajon érzékeljük-e a dinamikus változó belső állapotokat és a testméretről szóló információ megváltozását kutyák morgásában?

Zsilák Borbála Anna

Témavezető: Dr. Pongrácz Péter (egyetemi docens, ELTE Etológia Tanszék)

A kutyák morgás közben képesek a magukról közölt testméret-információ módosítására. Feltételezésünk szerint ez összefüggésben áll a kutya belső állapotával, például azáltal, hogy egy-egy helyzetet mennyire érez fenyegetőnek. Ugyanakkor eddig még nem zajlott olyan vizsgálat, ahol a kutya-ember kommunikáció során bebizonyosodott volna, hogy az ember érzékeny lenne a kutya hangjában kódolt testméret-információ módosulására. Kutatásunkban egy internetes felületen megvalósuló hangvisszajátszásos kísérletet terveztünk, amelyben az úgynevezett „fenyegető idegen” helyzetben rögzített kutyamorgásokat kellett a résztvevőknek értékelniük. Vizsgálatunkban arra kerestük a választ, hogy vajon a kutyamorgások potenciális „vevői”, az emberek, érzékelik-e a morgásokban a méretinformációk dinamikus módosulását (erősebb fenyegetés hatására a kutya „nagyobb” morogja magát). A feladatban a résztvevőknek ugyanazon kutyának két különböző helyzetből származó (pl. egy nő, illetve egy férfi fenyegette az állatot) morgása alapján kellett eldönteni, hogy „melyik” kutya volt a nagyobb. Azon túl, hogy e kutatás a kutya-ember interspecifikus kommunikáció új oldalát tárja fel, jelentős előrelépést jelent a manipulatív (a testméretről szóló módosított információt küldő) állati kommunikációs formák vizsgálatában is. Az Információs és Technológiai Minisztérium ÚNKP-19-2 kódszámú Új Nemzeti Kiválóság Programjának szakmai támogatásával készült.



EMBERI ERŐFORRÁSOK
MINISZTERIUMA

A Biológus TDK Konferencia az Emberi Erőforrások Minisztériumának támogatásával
(Emberi Erőforrás Támogatáskezelő, Nemzeti Tehetség Program NTP-HHTDK-19)
valósul meg.