

ABSZTRAKTKÖTET



BTDK

ELTE Biológus Tudományos Diákkör

Konferencia

2023. november 25., szombat

Tartalomjegyzék



Rendszertan, ökológia és természetvédelmi biológia.....3



Etológia és viselkedésökológia.....7



Sejtbiológia és élettan.....10



Genetika.....13



Molekuláris biológia és bioinformatika.....16



Budai Mátyás

MSc III. félév

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

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 élőhelyek azonosítása után herbáriumi, cönológiai és florisztikai adatok felhasználásával létrehoztam egy növény-előfordulási adatbázist ($n=200680$). A múltbeli-jelenlegi flóraeltéréseinek ábrázolásához NMDS-t alkalmaztam, és a különbözőségeiket Raup-Crick disszimilitási indexszel jellemeztem. A disszimilitás hatását a vipera fennmaradására GLM-mel vizsgáltam. A florálisközösségeket 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 disszimilitási 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 különböztek. Az egykori-jelen viperás élőhelyek különbözőségéhez legnagyobb mértékben a homoki árvalányhaj (*Stipa borysthenica*) és a homoki nőszirm (Iris arenaria) járult hozzá. Ezek alapján a vipera érzékeny az élőhelyén található flóra változására és azon élőhelyeken maradt fenn, melyek jobban hasonlítanak egykori flórájukban, eredményeink pedig elősegíthetik az élőhelyrekonstrukciók hatékonyabbá tételét.

Témavezető: Dr. Mizsei Edvárd Kiskunsági Nemzeti Park Igazgatóság, LIFE HUNVIPHAB, projekt koordinátor

Buttyán Bence

BSc V. félév

Az urbanizáció hatása a budapesti városi tavak zooplankton közösségeire

A világszerte növekvő urbanizáció miatt a természetes élőhelyek kiterjedése csökken, minőségük pedig folyamatosan romlik. Ennek köszönhetően egyre több kutatás irányul a városi élőhelyek és azok biodiverzitásának felderítésére, de még mindig kevés figyelmet kapnak a városi tavak, pedig ezek az életterek meglepően fontosak lehetnek a lokális biodiverzitás szempontjából. A jelen vizsgálat során célunk volt egy reprezentatív, 20 tóból álló minta segítségével felmérni a budapesten és környékén található kistavak zooplankton közösségeit, és megvizsgálni, milyen hatással van az urbanizáció mértéke, valamint a tavak helyi jellemzői a közösségek összetételére és fajsámára. A felmérés során zooplankton mintákat gyűjtöttünk, vízkémiai- és egyéb háttéradatokat rögzítettünk a Budapest és környéki városi tavakból. Eredményeim azt mutatják, hogy bár az urbanizációs gradiens mentén csökken a zooplankton fajok száma, a tavak lokális tulajdonságai mégis nagyobb hatást gyakorolnak mind a zooplankton közösségek összetételére, mind a fajsámukra. Tehát az urbanizáció valószínűsíthetően nem regionálisan hat ezekre a közösségekre, hanem a tavak elhelyezkedéséből adódó helyi változók által, mivel a közösségre (vezetőképesség) és a fajsámra (aljazat típusa) ható legfontosabb helyi változó is negatív kapcsolatban áll az urbanizációval. A kutatásommal szeretném felhívni a figyelmet a városi tavak megőrzésének és megóvásának fontosságára és potenciáljára a fenntarthatóbb városok kialakításához.

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



Gergáczy Bence

BSc V. félév

A vízimadarak általi endozoochória szerepe a zooplankton tartóspeték diszperziójában

Az élőlények diszperziójának alapvető szerepe van az egyes területeken található fragmentált élőhelyek közötti, a metaközösségeken belüli, és a nagy régiók közötti, interkontinentális biodiverzitás és génáramlás fenntartásában. Azonban számos ága ennek a tudományterületnek még további kutatást követel meg; ilyen például az édesvízi zooplankton vízimadarak általi passzív terjedése, amelynek kiemelt szerepe lehet a tavi élőhelyek szukcessziója, biodiverzitása és stabilitása szempontjából. Kutatásom céljai, hogy meghatározzam, milyen madárfajok mely zooplankton fajok petéit szállítják endozoochór módon, illetve, hogy a megfigyelt zooplankton fajok közül melyik hajlamosabbak a diszperzióra, és melyik kevésbé. A gyakori *D. magna* esetében megvizsgáltuk azt is, hogy a tartóspeték hány százaléka tartalmazott embriót. A célok eléréséhez egy alföldi szikes tó környékén élő madártársulás ürülékéből származó zooplankton petéket azonosítottam határozókulcs, valamint laboratóriumban való keltetés során. Összesen 151 ürülmintát vizsgáltam meg, amelyek 9 különféle madárfajtól származtak. A kutatás során a leggyakoribb pete *D. magna*-tól származott. A *D. magna* tartóspeték 5,67 százalékában találtam embriókat, amelyeknek jelentős része nem kelt ki, amely a „kockázat-megosztás” (bet-hedging) stratégiájára utalhat.

Témavezetők: Vad Csaba, PhD: csoportvezető, tudományos munkatárs, Magyar Kutatási Hálózat, Ökológiai Kutatóközpont, Vízi Ökológiai Intézet, Plankton-ökológiai Kutatócsoport és Lovas-Kiss Ádám, PhD: tudományos munkatárs, Magyar Kutatási Hálózat, Ökológiai Kutatóközpont, Vízi Ökológiai Intézet, Tiszakutató Osztály, Vizes Élőhelyek Funkcionális Ökológiai Kutatócsoport

Krecsák Hedvig

BSc III. félév

Bioreaktorból izolált új fajjelölt baktériumok taxonómiai jellemzése

Az Alcaligenaceae család tagjai Gram-negatív, jellemzően aerob és heterotróf baktériumok. Az ide tartozó fajok széleskörűen elterjedtek, megtalálhatóak különböző talajokban és vizekben, de kórokozók is vannak köztük. A vizsgált baktériumokat egy erdélyi szemétkerakóból elfolyó csurgalékvizet tisztító bioreaktorból izolálták, saját fejlesztésű táptalajok alkalmazásával. Előzetes vizsgálatok alapján megállapították, hogy az Alcaligenaceae családba tartozó új fajok lehetnek, ezért részletes taxonómiai vizsgálatokat végeztünk, a fajleírás nemzetközileg elfogadott ajánlásait követve. Annak érdekében, hogy feltárjuk, hogy az egyes törzsek miben különböznek, és hogy valóban új fajok vagy nemzetségek, fiziológiai és mikroszkópos vizsgálatokat, illetve a DNS szekvenáláson alapuló elemzéseket végeztünk. A 16S rRNS gén alapján a vizsgált törzsek a *Pusillimonas* és rokon nemzetségekkel mutattak rokonságot, és a hasonlósági értékek alapján új fajoknak bizonyultak. Megállapítottuk továbbá, hogy többségük pálcika alakú, és vannak mozgásképesek is köztük. Nagy részük pH optimuma a semleges kémhatás közelében van, egyeseknél szűkebb, másoknál tágabb tűréshatárral. Összességében a rokon referencia törzsekhez képest számos különbséget találtunk, ami igazolta azt, hogy a vizsgált törzsek új fajokat képviselnek, de a teljeskörű fajleírásokhoz még további kiegészítő vizsgálatokra lesz szükség.

Témavezető: Dr. Felföldi Tamás ELTE TTK egyetemi docens



Lennert Kinga Julianna

MSc III. félév

Differences in the taxonomic composition of different biofilm bacterial communities involved in the self-purification of the river Danube in response to anthropogenic impacts

Freshwaters play important roles in the drinking water supply and ecosystem services. In Hungary, the Danube flows through the capital which has a great impact on the water quality of the river. The water quality is affected by municipal, industrial, and agricultural activities. Preserving, protecting, and restoring rivers are important, even from a human perspective. Bacterial biofilm communities, which can form on submerged surfaces of riparian plants (epiphyton) or on gravels in the riverbed (epilithon), contribute greatly to the natural self-purification processes of freshwaters. The aim of this study was to explore the composition of the microbiota in different Danube riverine bodies in relation to the physical-chemical parameters of the water. Biofilm samples were collected at the beginning of the vegetation period at five sites along the Danube, from the main branch north and south of the capital, from a regulated side arm near the capital, and two oxbow lakes located in a Hungarian National Park. The taxonomic diversity was examined by 16S rRNA gene-based amplicon sequencing. The communities were dominated by the phyla Proteobacteria and Bacteroidota. At the genus level, both epiphyton and epilithon biofilms were characterised by highly diverse communities with significantly different compositions by riverine body types. The results also provided a comprehensive insight into the impact of urbanisation, which was reflected in the composition of the microbiota.

Témavezető: Dr. Borsodi Andrea ELTE Mikrobiológiai Tanszék, habilitált docens

Marcsó Soma

BSc V. félév

A ramet mortalitás növekedésesítő hatása klonális növényekben

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 genetén belül, melyet azonban a halálózás 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 kitérek a klonalitás növénytársulásokban betöltött szerepére, továbbá az evolúciós következményekre is.

Témavezető: Dr. Oborny Beáta ELTE TTK Biológiai Intézet, Növényrendszertani, Ökológiai és Elméleti Biológiai Tanszék, egyetemi docens



Rák Gergő Attila

MSc II. félév

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

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 térképét. 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 kedvelt élőhelytípus a 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.

Témavezető: Dr. Mizsei Edvárd Projektkoordinátor, Kiskunsági Nemzeti Park Igazgatóság

Tisza Ádám Bálint

MSc III. félév

Genetic structure and diversity of Eastern Imperial Eagle populations across Eurasia

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 possesses the largest populations, which are migratory, while the Western populations are mostly sedentary and separate into five geographic populations. In this research, I analysed 204 individuals collected from eight populations across its distribution range (Carpathian Basin, Northern Macedonia, Thrace, Anatolia, Caucasus, Ukraine, Volga-Ural, Altai Mountains). 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. Macedonia, 3. Thrace-Anatolia and 4. the unit of Eastern populations. Out of these, the Carpathian, the Macedonian, and the Thrace-Anatolian are all divergent, which could be the outcome of both historical bottlenecks and strong phylopatric 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.

Témavezetők: Szabó Krisztián Állatorvostudományi Egyetem, Zoológiai Tanszék, tudományos munkatárs, és Pásztor-Kovács Szilvia Állatorvostudományi Egyetem, Zoológiai Tanszék, tudományos munkatárs



Dobos Petra

MSc I. félév

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

A szociális tanulás egyike a kutyák emberrel való együttélését és együttműködését segítő mechanizmusoknak. Feltételezésünk szerint a kooperatív vagy önálló munkára szelektált kutyafajták 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 fajták túlerepresentációját 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 javult. A kutyák teljesítményét a képzettségük és tartási helyük nem befolyásolta. Vizsgálatunk eredménye az első tapasztalati bizonyíték, hogy a funkcionális fajtaszelekció érinthette a kutyák azon tulajdonságait, melyek szerepet játszanak a szociális tanulás során, így a fajták viselkedési eltéréseinek biológiailag releváns keretét is szolgálhat.

Témavezető: Pongrácz Péter ELTE Eötvös Loránd Tudományegyetem Etológia Tanszék, habilitált egyetemi docens

Simon Barbara

MSc III. félév

Exploring the owner interaction styles on canine coping mechanisms during separation

The owner-dog relationship was previously found to be analogous to the parent-child relationship. From human literature, we know that parenting style can have an influence on children's anxiety problems. In the case of dogs, one of the most common behaviour problems are is separation-related disorders (SRDs). However, we still don't know whether the owner's interaction style with the dog affects the dog-owner relationship and the dog's behaviour during the separation. We hypothesised that the way the owners interact with their dogs in general influences the dogs' reaction to the owners' absence. We tested 51 dogs (*Canis familiaris*) in a 3 minute long separation test and a few weeks later in an Owner-Interaction-Style test which contained eight different test situations, including both negative and positive interactions, and resulted in three interaction style factors: 'Social Support', 'Warmth' and 'Control'. The owners were also asked to fill in a questionnaire assessing the dog's possible separation-related problems. The results showed that the owner's supportiveness and warmth increased the dog's separation-related signs during the test. These owners might have a different attitude towards their dogs or they identify their behaviour differently, because they provided a better understanding of them and they were more attentive to their needs and communications. Those dogs who have more controlling but less warm owners spent more time in a sitting position during the test.

Témavezető: Dr. Kubinyi Enikő ELTE Etológia tanszék, habilitált egyetemi főmunkatárs



Szigeti Balázs

MSc III. félév

Investigating the context dependency of dogs' separation behaviour

During domestication and breed selection, dogs became very dependent on humans. These companion animals can experience severe separation-related issues, causing poor welfare conditions and negatively affecting the dog-owner relationship. Separation behaviours have been studied before in lab or home settings, but to our knowledge, it has not been studied yet whether it differs between contexts within individuals. Thus, I compared family dogs' indoor and outdoor separation behaviour, assuming that despite contextual differences, dogs show similar behaviours in both situations due to the same underlying emotions. In the indoor setting, the owner left the dog in an unfamiliar room for 3 minutes. In the outdoor setting, the owner tied the dog to a tree, walked away and hide for 3 minutes, then walked back. I recorded the dogs' behaviours, and from their time percentages, I calculated PCA scores and compared these between the two settings. In a preliminary analysis, I found that dogs that indoors sat at the door whining, outside also oriented towards the owner's path and whined longer. Dogs that indoors tried to escape and barked longer, outdoors barked, whined more, and showed more proximity-seeking. Finally, dogs that indoors sat longer sat more outdoors too. In summary, the behaviours shown indoors somewhat predict outdoor behaviours despite the contextual differences, especially in the case of the inner state indicating vocalisations, which appeared similarly in both contexts.

Témavezető: Dr. Faragó Tamás tudományos munkatárs

Tarcsa Virág

BSc V. félév

Digitális atlasz létrehozása kínai paradicsomhal (Macropodus opercularis) agyműködésének vizsgálatára

A paradicsomhal (*Macropodus opercularis*) egy Kelet-Ázsiában őshonos csontoshal faj, amely a hipoxikus környezethez való alkalmazkodást segítő, speciális anatómiai adaptációkkal, illetve komplex viselkedésmintázattal rendelkezik. Utóbbinak köszönhetően az Eötvös Loránd Tudományegyetem Etológiai Tanszékén több évtizeden keresztül foglalkoztak ezzel a fajjal viselkedésbiológiai tanulmányok keretében. A paradicsomhal kutatási szempontból számos előnyös tulajdonsággal rendelkezik, hiszen a genetika tudományterületén alkalmazott zebradánióhoz (*Danio rerio*) hasonlóan egyszerű a tartása és viszonylag rövid generációs idővel rendelkezik, ugyanakkor – utóbbival ellentétben – rendkívül fejlett társas viselkedésmintázatokat is mutat. Munkám fókuszában a paradicsomhalak agyához köthető génexpressziós mintázatok feltárása áll. Erre a célra szeretnék létrehozni egy háromdimenziós agyi atlaszt, melynek segítségével nem csak az agy működésébe és evolúciójába nyerhetünk betekintést, de kutathatjuk a faj komplex viselkedésmintázatainak genetikai hátterét is. Egy ilyen jellegű digitális atlasz az idegrendszer működésének és összefüggéseinek mélyebb megértését szolgálja. Az agyi atlasz létrehozásához zebradánión már kipróbált és működő protokollokat optimalizáltam paradicsomhalakra. Az atlasz készítése során azt is dokumentáltam, hogy miképp különbözik az egyedül, illetve közösségben nevelt paradicsomhalak agyi működése.

Témavezető: Dr. Varga Máté ELTE, TTK, Genetika Tanszék, Halgenetikai Kutatócsoport, docens



Várhelyi Lili

MSc I. félév

Az emberi mohóság és a fenntarthatóság kapcsolatának vizsgálata kérdőíves felmérés alapján

A klímaváltozás - amelyet az emberi tevékenységek következtében, a növekvő koncentrációban jelen lévő üvegházhatású gázok okoznak a légkörben - az emberiség egyik legnagyobb kihívása. A folyamatosan növekvő globális GDP-vel párhuzamosan az üvegházhatású gázok szintje is tartósan emelkedik a légkörben. A közgazdaságtan egyik alapfeltevése, hogy az embereknek végtelen gazdasági vágyaik vannak. Emiatt a GDP növekedést is nehéz megállítani, így a klímaválság is megoldhatatlannak tűnik. Egy nemrég megjelent cikk azonban kimutatta, hogy az emberek egy jelentős részének nincsenek végtelen nagy vágyai (Bain & Bongiorno, 2022). Mi az idézett cikkhez hasonlóan kérdőíves felmérés keretében megvizsgáltuk, hogy egy képzeletbeli lottósorsoláson mennyi pénzt választanának a résztvevők 3,6 millió Ft és 36 000 milliárd Ft között. Vizsgáltuk többek között az egyes nyeremény választások és a klímatudatosság, az altruizmus, valamint a demográfiai jellemzők kapcsolatát. Az eredeti cikkhez hasonlóan a kitöltők többsége 360 millió és 3,6 milliárd Ft közötti összeget választott, a maximum összeget (végtelen vágy) csak egy kisebbség jelölte meg. Kimutattuk továbbá, hogy a fiatalabbak inkább választottak nagyobb, a nők pedig kisebb összeget, míg a fenntarthatósági elhivatottság és az adományozási hajlandóság nem volt kapcsolatban a nyereményválasztással.

Témavezető: Scheuring István ELTE Növényrendszertani, Ökológiai és Elméleti Biológiai Tanszék, tudományos tanácsadó

Vig Eszter Aletta

MSc I. félév

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

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.

Témavezető: Dr. Pipoly Ivett ELKH-PE, Evolutionary Ecology Research Group, University of Pannonia, research fellow



Bodor Iván

BSc V. félév

Korai endoszómától a reciklizációig: a SNARE-fehérjék szerepének tisztázása

Az endocitózis során a sejt a környezetéből és a plazmamembránból anyagokat vesz fel. Ezek először az endoszómákba jutnak, majd vagy a lizoszómák által lebomlanak, vagy reciklizáció révén visszakerülnek. Mindkét útvonalon membránfúziós lépések zajlanak, melyeket a SNARE-fehérjék hajtanak végre. Azonban az egyes lépésekben részt vevő SNARE-ek a mai napig tisztázatlanok. Kutatásom során az összes ismert ecetmuslica SNARE szerepét vizsgáltam a korai endoszómális fúziókban. Ehhez kiváló modell a lárvális garland nefrocita, amely felépítését tekintve nagyon hasonló az emlős podocitához. A garland nefrocita a hemolimfából képez szűrletet, miközben intenzív endocitózist végez. SNARE RNSi-t kifejező nefrocitákban immuncitokémiai és egyéb módszerekkel (felvételi próbákkal) vizsgáltam a korai endoszómális kompartmentet, valamint az endocitózis és reciklizációs folyamatok dinamikáját. Azt tapasztaltam, hogy a Syx7, a SNAP29 és az Ykt6 hiányában elmarad a korai endoszómák homotipikus fúziója, így a lebontás sérül. Feltételezhető, hogy e három SNARE egymással kölcsönhatva működik, egy korábban ismeretlen SNARE-komplex részeként. További kísérleteim alapján valószínű, hogy az Ykt6 a korai endoszómális fúzió mellett a reciklizációban is szerepet játszik, így a két útvonal közös elemeként működhet. Kutatásunk révén közelebb kerültünk az endolizoszómális lebontás és a reciklizáció közötti kapcsolat, valamint az itt szerepet játszó SNARE-fehérjék mélyebb megértéséhez.

Témavezetők: Dr. Lőrincz Péter ELTE TTK Anatómiai, Sejt- és Fejlődésbiológiai Tanszék, adjunktus, és Hargitai Dávid ELTE TTK Anatómiai, Sejt- és Fejlődésbiológiai Tanszék, doktorandusz

Farkas Erika

MSc I. félév

A szekréción granulumok membránfehérjéinek dinamikája ecetmuslica lárvális nyálmirigyében

Az ecetmuslica fejlődése során a lárvális nyálmirigy sejtekben felhalmozódó szekréción granulumok beltartalma a bábozódáskor kiürül. A szekréción után a sejtben maradt váladékszemszék lizoszómákkal fuzionálva bontódnak le (krinofágia), ennek molekuláris háttere kevésbé ismert. Izgalmas kérdés, hogy mi lesz a sorsa a citoplazmában maradó váladékszemszék exocitózishoz szükséges membránfehérjéinek. Kutatásom során megvizsgáltam egy, a szekréción granulumok membránját kijelölő, és abban állandóan jelen lévő (referencia) transzmembrán fehérje, a GFP-vel jelölt humán mCD8 lokalizációját a fejlődés során, összehasonlítva azt az exocitózishoz szereplő transzmembrán, illetve membrán asszociált fehérjékével (Szinaptotagmin, Snap24). Sikerült kimutatnom egyrészt, hogy a szekréciónhoz szükséges membránfehérjék már nem mutathatók 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 szekréción 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.

Témavezető: Dr. Csizmadia Tamás egyetemi adjunktus, ELTE TTK Anatómiai, Sejt- és Fejlődésbiológiai Tanszék



Gál Zsuzsanna Tamara

BSc V. félév

A purinerg P2Y receptorcsalád szerepe a perifériás kemoreceptor működésben

A nyaki verőér elágazásánál található kemoreceptorok felelősek a vér oxigén-tartalmának 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 oxigén-igényét. 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 végeztük egerekben. A receptor expressziójának megerősítése elengedhetetlen az oxigénszegény környezet hatására kompenzatórikusan megjelenő kardiorespiratorikus változások elindításához. Következtetéseink arra irányultak, hogy a kemoreflex kiváltásában részt vevő sejteken megtalálható a P2Y₁₂R, melyek a jelátviteli folyamatokban is szerepet játszanak izolált sejteken történő vizsgálat alapján. A klinikumban használt irreverzibilis P2Y₁₂R-gátló gyógyszer thromboprolifaxis céljából alkalmazzák, hatását a vérlemezke-aggregáció gátlásával fejtik ki. Eredményeink alapján ezek a gyógyszerek befolyásolhatják a glomus sejtek funkcióját, gátolva az oxigén-szegény környezet hatására megjelenő légzésválasz kialakulását, tehát alkalmazásuk akut és krónikus légzőszervi betegségekben szenvedő betegeknél ellenjavallatot képezhet.

Témavezetők: Dr. Iring András tudományos főmunkatárs, HUN-REN Magyar Kutatási Hálózat, Kísérleti Orvostudományi Kutatóintézet, Molekuláris Farmakológia Kutatócsoport, és Dr. Vitéz-Cservenák Melinda tudományos munkatárs, ELTE TTK Élettani és Neurobiológia Tanszék

Károlyi Dorottya

MSc III. félév

A lipid anyagcsere összetett szerepe a tumornövekedés során

A lipidszintézis egy erősen szabályozott és összetett folyamat, mely alapvetően fontos a különböző sejtfunkciók normál működéséhez. Ugyanakkor a megfelelő lipid ellátottság számos rosszindulatú daganat progressziójához is nélkülözhetetlen. Ennek ellenére a lipidszintézis egyes lépéseinek szerepe a tumorok növekedésében még mindig kevésbé tisztázott. Kutatásunk során egy *Drosophila* tumormodellt használva egy kisléptékű genetikai szűrést végeztünk el, mely során a lipidszintézis egyes komponenseit a tumorokban RNS-interferenciával csendesítettük és azt találtuk, hogy számos, a neutrális lipidek szintézisében résztvevő enzim hiánya gátolja a tumorok növekedését. A lipidszintézis folyamatának legkorábbi lépésében résztvevő enzim, az acetilkoenzim-A-karboxiláz (ACC) szerepét vizsgálva azt is megállapítottuk, hogy ezen enzim hiányában a késői stádiumú daganat növekedése nagymértékben gátolt, ugyanakkor a tumor korai fejlődését nem befolyásolta. Ez összefügghet azon megfigyelésünkkel, hogy zsírsav szintézis hiányában a TOR növekedési jelátviteli út vonal aktivitása csökkent. Végül azt is megfigyeltük, hogy a neutrális lipideket szintetizáló út vonal enzimeit mellett az egyik fő membránlipid, a foszfatidiletanolamin keletkezésének egy alternatív, mitokondrium-specifikus út vonalának is kiemelkedő szerepe van a rosszindulatú tumorok növekedésében. Összességében kutatásunk segít megérteni, hogy a lipidszintézis folyamatának mely lépései meghatározóak a tumor növekedése során.

Témavezető: Dr. Takáts Szabolcs ELTE Anatómiai, Sejt-és Fejlődésbiológiai Tanszék, egyetemi adjunktus



Kelemen István

MSc II. félév

Perifériás $\gamma\delta$ T-sejtek vizsgálata tripla negatív emlőkarcinómában

Dolgozatom fókuszában a tripla negatív emlőkarcinómával (triple-negative breast cancer – TNBC) diagnosztizált személyek perifériás véréből származó CD3+ $\gamma\delta$ T-sejtek analízise áll. A TNBC-k az emlődaganatok 10-15%-át teszik ki, a daganatsejtek a magas proliferációs aktivitás mellett nem fejeznek ki ösztrogén- és progeszteron-receptorokat, illetve a HER2 fehérjét. Prognózisuk rossz, kezelésükre a kemoterapiás kezelés mellett kevés célzott terápia áll rendelkezésre. Szövettanilag a TNBC-k esetében a legmagasabb a tumort infiltráló limfociták aránya az emlődaganatok körében, a primer szisztémás terápia során immunellenőrzőpont-gátló terápiák (ICI-k) is választhatóak. Korábbi eredmények igazolták egy T-sejt alpopuláció, a $\gamma\delta$ T-sejtek jelentőségét az ICI-k hatásosságában más daganattípusok esetében. Ennek alapján célunk a perifériás vér $\gamma\delta$ T-sejtjeinek karakterizálása volt TNBC-ben egészséges kontrollokhoz viszonyítva. A felfedező kohorszban történt tömegcitometriás jellemzés a $\gamma\delta$ T-sejtek magasabb arányát jelezte; ezt követően kutatásom célja a $\gamma\delta$ T-sejt fenotípus finomabb vizsgálata volt spektrális áramlási citometriás mérések segítségével egy független, validáló kohorszban. Ezen utóbbi eredmények nem igazolták a $\gamma\delta$ T-sejtek emelkedett arányát TNBC-ben, viszont elősegítették precízebb karakterizálásukat, mellyel teljesebb képet kaphatunk ezen sejtpopuláció szerepéről a TNBC-ben.

Témavezető: Dr. Kövesdi Dorottya ELTE Immunológiai Tanszék, és Dr. Grolmusz Vince Kornél Országos Onkológiai Intézet Molekuláris Genetikai Osztály

Parragh Bence

BSc V. félév

A Plazmamembrán Kalcium ATPáz 4b (PMCA4b) fehérje autofágiában betöltött szerepének vizsgálata

Az autofágia egy evolúciósan konzervált, eukarióta sejtekre jellemző folyamat, amely során a sejt a feleslegessé vált, vagy hibásan működő makromolekulákat vagy sejtorganelumokat membránba csomagolja, és lebontás céljából lizoszómákba juttatja. A lizoszómák lumenjében található szervesetlen ionok mennyisége és aránya fontos szabályozója a lizoszomális funkcióknak. A lizoszómákban mérhető Ca^{2+} koncentráció a citoplazmában mérhető mennyiség 5000-szerese, viszont olyan pumpa fehérjét még nem azonosítottak, amely a lizoszóma Ca^{2+} ionokkal való feltöltődéséért felel. A PMCA (Plazmamembrane Calcium ATPase) fehérjék a sejt Ca^{2+} -függő folyamatait szabályozzák úgy, hogy ATP felhasználásával Ca^{2+} ionokat pumpálnak a citoplazmából az extracelluláris térbe. Munkám során a PMCA4 fehérje „b” splice variánsát vizsgáltam. Humán - HEK293 és MCF-7 - sejtvonalakon kimutattam, hogy a PMCA4b autofág indukció hatására internalizálódik, autofág markerekre pozitív vezikulákon jelenik meg, és pozitívan befolyásolja az autofág struktúrák mennyiségét is. Továbbá, a PMCA4b éheztetés hatására kötőpartnerével (CD147) együtt internalizálódik, felvetve azt a lehetőséget, hogy a sejtbe bejutva aktív marad. Eredményeim alapján megállapíthatom, hogy a PMCA4b egy olyan pumpa fehérje, amely szerepet játszhat az autolizoszómák és más lizoszomális struktúrák Ca^{2+} -mal való feltöltődésében, ezen keresztül pedig a lizoszómákból történő Ca^{2+} felszabadulást igénylő folyamatok szabályozásában.

Témavezető: Dr. Tóth Sarolta Tudományos munkatárs, Semmelweis Egyetem Transzfúziológiai Tanszék



Burján Tímea

MSc III. félév

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

Az 1-es típusú spinocerebelláris ataxia (SCA1) egy recesszív, autoszomális, neurodegeneratív betegség, melyet az ataxin1 fehérje poliglutamin régiójának mutációja okoz. Az autofágia egy sejten belüli lizoszomális lebontó folyamat, amely segít a káros sejtalkotók lebontásában, biztosítva ezáltal a homeosztázis 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. SCA1 betegségmodellben azonban csak az A67 növeli szignifikánsan 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 célfehérjeje megegyezik, közöttük idegsejt specifikus eltérések tapasztalhatóak, amely adódhat a neuronok eltérő érzékenységéből vagy a sejtek hatóanyag affinitásából.

Témavezető: Kovács Tibor ELTE TTK egyetemi adjunktus

Csoma Balázs

BSc V. félév

Hosszú szekvenciák inszertálásra alkalmas prime-editing módszer fejlesztése

A prime editing (PE), egy négy éve kifejlesztett CRISPR alapú génszerkesztési módszer, mely lehetővé teszi a DNS pontos módosítását. Ehhez a templátot maga a guide-, az úgynevezett pegRNS biztosítja, melyről a szekvenciainformáció, egy reverz-transzkriptáz segítségével íródik át DNS-sé, így illetve be azt közvetlenül a genomba. A hagyományos CRISPR-Cas9 alapú technikákhoz képest sokkal precízebb és biztonságosabb is, mivel a folyamat során nincsen szükség DNS kettősszáltörés létrehozására. Ezzel a tulajdonsággal ugyan rendelkezett már a korábban létrehozott base editing módszer is, de ennek felhasználhatóságát erősen limitálja, hogy csak bázisszubsztitúciós mutációkat képes létrehozni. A prime editing ezzel szemben képes továbbá rövid inszerciók és deléciók kialakítására is. A technika jelentőségét az is alátámasztja, hogy fiatal volta ellenére rengeteg fejlesztés történt, és folyik jelenleg is a területen, melyek közül az egyik fontos cél a hosszabb szekvenciák inszerciós-hatékonyságának növelése. Az erre alkalmas technikák a twin-PE (2021), GRAND (2022), és a Templát-jumping PE (2023 június). Munkám során ez utóbbi alapjain kiindulva, az általam tervezett alternatív felépítésű pegRNS-ek segítségével igyekeztem az inszerciós hatékonyság szekvenciahossz-függésén javítani. Az új módszer segítségével ugyan lehetséges a hosszú szekvenciák inszertálása (400 nt-ig tesztelve), de hatékonysága egyelőre jelentősen alulmarad a korábbi technikákhoz képest.

*Témavezető: Dr. Welker Ervin HUN-REN
Természettudományi Kutatóközpont, tudományos
tanácsadó*



Kómár Vince

BSc V. félév

DNM2 gén intracelluláris funkciójának vizsgálata siRNS modell segítségével

A DNM2 részt vesz a klatrin mediálta endocitózisban, valamint a a mitokondrium osztódásában. A DNM2 mutációi a sejtorganizáció zavarát eredményezik, valamint az autoszómális dominánsan öröklődő centronukleáris myopátia és neuropathia hátterében állnak. A DNM2 pontos intracelluláris szerepe jelenleg nem ismert, így jelen kísérletünkben siRNS géncsendesítést követően vizsgáltuk a DNM2 depléció hatására bekövetkező transzkripciós változókat, ezzel a DNM2 lehetséges intaraktációs partnereit. A géncsendesítés HeLa sejteken, 3 különböző targeten ható DNM2 specifikus siRNS-sel végeztük. Az RNS szekvenálást követően a bioinformatikai analízis során az mRNS-expresszió változásokra fókuszáltunk. A magas szignifikanciát mutató gének esetében a kapott eredményeket real-time PCR-rel validáltuk. Eredmények alapján 12 gén szignifikáns változása volt megfigyelhető, amelyek főként a citoskeletonális működésben és szteroid biogenezisben részt vevő, feltételezhetően mitokondriális dinamikát közvetetten módosító gén expressziójában játszanak szerepet. A citoskeleton 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 bíró betegek esetében található endokrinológiai eltéréseket. Az eredményeink protein szinten történő validálása és a kolokalizációs vizsgálatok jelenleg folyamatban vannak.

Témavezetők: Gál Anikó PhD Semmelweis Egyetem Genomi Medicina és Ritka Betegségek Intézete, adjunktus, és Dr. Vellainé Takács Krisztina ELTE TTK Biológia Intézet Embertani Tanszék, docens

Szász Regina

MSc III. félév

Intra-tumorális sejtes heterogenitás vizsgálata pancreas duktális adenokarcinómában organoid modellel

A pancreas duktális adenokarcinóma (PDAC) a legveszélyesebb daganatok közé tartozik, 5 éves túlélési rátája régóta 8-9%. A betegség vizsgálatához organoid tenyészeteket használtunk, melyek heterogenitásuk megtartásával a legjobb in vitro humán tumormodellek tekinthetők. Kutatásunk során egy specifikus markerre, a CD142 (F3) szöveti faktorra összpontosítottunk, melyről munkacsoportunk korábban kimutatta, hogy expressziója heterogén tumor-asszociált fibroblasztokban. Online adatbázis elemzése alapján az F3 a PDAC tumorsejtekben is heterogén módon expresszálódik, és a magasabb szintje rosszabb beteg túléléssel korrelál. Mindezek alapján PDAC organoidok segítségével vizsgáltuk, hogy a CD142 jelenléte milyen sejtes funkcióval korrelálható. Kimutattuk a fehérje organoidokon belüli heterogén expresszióját, sikeresen elkülönítettük a CD142-t magasan és alacsonyan expresszáló sejtpopulációkat, és vizsgáltuk közöttük a génextpressziós különbségeket. Immuncitokémiai festéssel néztük egyes fehérjék CD142-vel történő sejten belüli kolokalizációját. Eredményeink azt mutatják, hogy a CD142-t magas szinten kifejező sejtekben a SOX9 transzkripciós faktor is magasan expresszálódik, mely egy dedifferenciált állapotra utal. A CD142 magas expressziója mellett a sejtek részben elveszítik epitheliális jellegüket, azonban magasan jelen van bennük a KRT19 duktális marker, mely egy kevert fenotípusra utal. Vizsgáltuk, hogy ezen változások jelenthetnek-e egy intenzívebben proliferáló sejtcsoportot.

Témavezető: Dr. Zeöld Anikó Semmelweis Egyetem egyetemi adjunktus, Dr. Kovács Tibor ELTE TTK egyetemi adjunktus



Zsófia Brandl

MSc 3rd semester

Identification of factors that influence the activity of the transcriptional activation domain-deficient heat shock factor HSF-1 in the intestinal cells of the nematode *Caenorhabditis elegans*.

The evolutionarily conserved heat shock transcription factor HSF-1 plays a central role in controlling the heat shock response (HSR), a critical process for maintaining proteostasis. Two mutant alleles of *hsf-1* have been described in *Caenorhabditis elegans*: the larval lethal *ok600* and the hypomorphic *sy441*. The *hsf-1(sy441)* mutant expresses a protein lacking the TAD (transcription activation domain), but the nematodes develop normally at 20°C. Previously, our research group made a remarkable discovery. In contrast to what had been previously documented, we observed that upon heat shock, the expression of the *hsp-16.2p::gfp* reporter was induced exclusively in the intestine of *hsf-1(sy441)* mutants. This suggests that the heat shock-induced activity of TAD-deficient HSF-1 is preserved in the intestine. To validate this phenomenon, we are testing the heat shock induced expression of other reporter strains in wild type and *hsf-1(sy441)* mutant background. To explore factors that may mediate TAD-deficient HSF-1 activity, we performed a bioinformatic analysis. We identified several stress-related transcription factors that are mainly expressed in the intestine and are currently testing whether silencing the activity of these genes suppresses the activity of TAD-deficient HSF-1 in the intestine.

Témavezetők: János Barna: MTA-ELTE Genetics Researchgroup, research fellow; Márton Kovács: ELTE-TTK Department of Genetics, Phd student



Dobolyi Zsófia

MSc I. félév

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

Renal cell carcinoma (RCC) causes the death of 180,000 people globally on average. It is the most common type of kidney cancers. The treatment of RCC is difficult, as therapeutic resistance frequently emerges. We hypothesize that this is due to the moderate expression of targeted genes in cancer cells. During my research, I investigated the expression profiles of 174,611 cells by integrating freely accessible single-cell RNA sequencing databases. I designed a bioinformatic workflow in Python to filter, normalize, cluster, and visualize the gene expression profiles of these cells. I used the marker genes of the CellMarker2.0 database to annotate the different cell types of the integrated dataset. With the help of the Drugbank database, I collected the drugs against RCC that are currently available or being tested in clinical trials, and I identified 187 target genes of these drugs. Most regularly targeted genes were only expressed in a small ratio of annotated tumor cells (ATCs): PARP – 4,95% and mTOR – 2,51%. While VEGFA, the target of the currently most effective drugs is expressed in 77,31% of the ATCs. Thus, single-cell gene expression profiles correlate with targeted therapy effectiveness. I also identified additional genes which are expressed in more than half of the ATCs. These new potential therapeutic target genes include PPIA; UGT2B7; CA9; TUBB; ATOX1 and VEGFB. Drug development on these targets should be initiated to test their effectiveness to treat RCC.

Témavezetők: Prof. Dr. Gyórfy Balázs - Magyar Kutatási Hálózat, Természettudományi Kutatóközpont, Enzimológiai Intézet, Onkológiai Biomarker Kutatócsoport, Tudományos tanácsadó, MTA doktora; és Dr. Menyhart Otília - Magyar Kutatási Hálózat, Természettudományi Kutatóközpont, Enzimológiai Intézet, Onkológiai Biomarker Kutatócsoport, Adjunktus

Érfalvy Dávid

MSc I. félév

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

It is now known that various membraneless cellular structures in eukaryotes (nucleolus, postsynaptic density, heterochromatin etc.) are liquid-liquid phase-separated (LLPS) condensates of proteins and nucleic acids. Such structures enable molecules to accumulate and function in special microenvironments, which could be especially advantageous for bacterial cells lacking inner membrane systems. Despite this, only a small number of proteins with LLPS propensity are known in prokaryotes. 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 is to unravel the importance of SSB-driven LLPS in bacterial physiology and stress response. As a first objective, I bioengineered EcSSB to retain its ssDNA- and protein-binding functions but abolish its LLPS propensity. I created and purified an array of protein variants affecting SSB's intrinsically disordered linker (IDL) region, which is thought to be the main driver of LLPS. Many of these SSB variants showed selective reduction or loss of LLPS propensity, while retaining nucleic acid and protein binding capacities. We plan to use these engineered variants to inspect if LLPS formation gives adaptive advantage to live bacterial cells under normal and stress conditions. Elucidation of the cellular mechanisms of SSB-driven LLPS is also advantageous in the development of new LLPS-inhibiting antimicrobial substances.

Témavezetők: Dr Ecsédi Péter ELTE Biokémia Tanszék oktató; Dr Kovács Mihály ELTE Biokémia Tanszék tanszékvezető



Kereszty Réka

MSc III. félév

Az IL-2R összeszerelődésének vizsgálatához a gamma alegység bioortogonális reakción alapuló szelektív fluoreszcens jelölése

Az IL-2 az immunrendszer számos folyamatában szerepet játszó citokin, ami a T sejtek túlélésének, illetve apoptózisának szabályozásán keresztül fejti ki hatását. Sejtmembránban megtalálható receptora heterotrimer, alfa, béta és gamma alegységekből áll össze. Az utóbbi két alegysége közös egy másik fontos citokin, az IL-15 szintén heterotrimer receptorával. A két citokin sejtproliferációt elősegítő hatása miatt fontos terápiás célpont. A Debreceni Egyetem, Általános Orvostudományi Kar, Biofizikai és Sejtbiológiai Intézetével együttműködésben vizsgáljuk az IL-2 receptor összeszerelődés folyamatát. A fehérje-fehérje kölcsönhatások vizsgálatában az egyik leghatékonyabb módszer a FRET jelenségén alapul. Ezért az IL-2R-gamma alegység különböző pozícióiba (genetikai kód kiterjesztésével) nem-természetes aminosavat építünk be. A hely-specifikus jelölést szintetikus kismolekulás fluorofór alkalmazásával bioortogonális klick reakción keresztül tudjuk biztosítani. A másik lehetőség, hogy fúziós fehérjeként önjelölő enzimet kapcsolunk a receptor alegységhez, melynek módosított szubsztrátja viseli a bioortogonális funkciós csoportot. Munkám során előállítottam 5 mutáns fehérjét, melyek különböző pozíciókban viselik a nem-természetes aminosav beépítésére alkalmas módosítást, valamint egy vad típusú IL2Ryc-HaloTag fúziós konstrukciót. Emlős sejtekben kifejeztettem a különböző variációkat, vizsgáltam és optimalizáltam a transzfekció és a fluoreszcens festés hatékonyságát.

Témavezető: Dr. Németh Krisztina HUN-REN Természettudományi Kutatóközpont Lendület Kémiai Biológia Kutatócsoport, tudományos főmunkatárs

Kóródi Lőrinc

BSc V. félév

A rekombináció hatása funkcionális RNS populációk evolúciójára

Az élet keletkezésének RNS-világnak nevezett időszakában RNS-enzimek biztosították a sejtek változatos funkcióit. A sejt számára előnyös szerkezetek hatékony és gyors evolúciós felfedezése elengedhetetlen. A változatosságot különböző mutációs folyamatok eredményezik, de ezek egyben működésképtelen, káros szekvenciákat is létrehozhatnak. A rekombináció drasztikusan megváltoztathatja az egyes mutációk hatásának mértékét, ezzel befolyásolva a populáció evolúciójának dinamikáját. A bemutatandó kutatásban megvizsgálom, hogy a rekombináció lehetősége gyorsíthatja-e az evolúciós keresést RNS szerkezetek között. Ehhez az RNS-vírusoknál ismert "copy-choice" rekombinációt alkalmazom, amely során egyik szárlól kezdődik, de egy másik szárlól fejeződik be a szekvencia másolása. Kezdetben véletlenszerű RNS populációk előre megadott másodlagos szerkezet felé való *in silico* evolúcióját követem. Két különböző rekombinációs mechanizmust és az azokat befolyásoló paraméterek hatását vizsgáltam az evolúció sebességére (a célszerkezet megtalálásának idejére). A rekombináció folyamata választ adhat arra, hogy alacsony másolási hűség mellett hogyan maradhat meg a rendszer információ tartalma, sőt fejlődhet egy kívánatos irányba. Az eredmények alapján a rekombináció általánosan nem képes a populáció evolúciójának sebességét növelni. A rekombináció gyakorisága és rekombinánsok hasonlósága befolyásolja az evolúció sebességét.

Témavezető: Dr. Kun Ádám ELTE TTK Növényrendszertani, Ökológiai és Elméleti Biológiai Tanszék, egyetemi docens

Molekuláris biológia és bioinformatika

Helyszín: 0-817 Dudich Endre terem

Zsűri és bírálók: Asbóth András (ELTE), Békési Angéla (HUN-REN TTK),
Molnár Tamás (ELTE)



Zsichla Levente

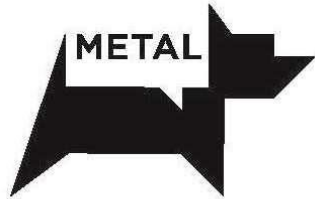
MSc III. félév

Comparative Evaluation of Bioinformatic Pipelines for Full-Length Viral Genome Assembly

The increasing adoption of next-generation sequencing (NGS) technologies in both clinical diagnostics and epidemiological research has created a demand for user-friendly bioinformatic workflows. These workflows enable public health professionals and molecular epidemiologists to independently conduct complex and computationally intensive analyses without specialized bioinformatics expertise. In this work, I assessed the performance of four widely adopted bioinformatic pipelines (shiver, SmaltAlign, viral-ngs, and V-pipe) used for assembling full-length viral genomes from NGS datasets. These pipelines integrate de novo genome assembly with reference-based methods, resulting in more comprehensive and less biased genome assembly compared to previous methods. In our benchmarking analysis we evaluated runtime and memory usage, the quality of assembled consensus genomes, and its effect on the accuracy of minority variant calls. We utilized both simulated datasets and real-world HIV-1 paired-end short-read sequences for a comprehensive evaluation. By providing a detailed assessment of these bioinformatic pipelines and their performance metrics, this work contributes to the development of efficient and reliable workflows.

Témavezető: Dr. Müller Viktor ELTE TTK, Biológiai Intézet, Növényrendszertani, Ökológiai és Elméleti Biológiai tanszék; habilitált egyetemi docens

Támogatóink



Magyar Etológia Alapítvány



MAGE

Magyar Genetikusok Egyesülete



Magyar Élettani Társaság

**HUN
REN**



**ÖKOLÓGIAI
KUTATÓKÖZPONT**

Qubit.

**tt
TYPOTEX**

UNICAM
Magyarország Kft.



**KULTURÁLIS ÉS INNOVÁCIÓS
MINISZTERIUM**



**Nemzeti
Tehetség Program**

Az esemény a Nemzeti Tehetség Program NTP-HHTDK-23-0079 számú, "Az ELTE TTK Tudományos Diákköri programjai a 2023/24-es tanévben" című pályázata keretében a Kulturális és Innovációs Minisztérium támogatásával valósult meg.