

továbbiakban e becslések funkcionáltak referenciaként a széleskörben hozzáférhető, de korlátozott pontosságú, alternatív bemeneti adatok felhasználásával végzett (buffer zónák, Urban Atlas lakosságadatok) zöldfelület ellátottság számítások megbízhatóságának tesztelésénél.

A referenciával való összehasonlítás megerősítette a buffer zóna alapú zöldfelület ellátottság számítások szakirodalom által már ismert becslési pontatlanságát, valamint az Urban Atlas lakosságszám adatok potenciális használhatóságát, mint alternatív adatforrás.

Reményeink szerint eredményeink hozzájárulnak a helyi és regionális szintű zöldfelület ellátottság értékelések pontosságához.

Géczi Aliz (SZTE Móra Ferenc Szakkollégium)

Vérsejt transzdifferentiálódás nyomon követése gépi tanulás segítségével *Drosophila melanogaster*ben

A környezetből származó károsító tényezők ellen a szervezetet az immunrendszer védi. Az ecetmuslica (*Drosophila melanogaster*) immunválaszát kialakító tényezők funkcionálisan és molekulárisan erősen konzerváltak. A modellszervezet parazitoid, illetve mikrobiális fertőzése esetén a hemociták (vérsejtek) biztosítják a sejt immunválaszt. Az ecetmuslica lárvájában háromféle vérsejt-típust találunk: fagocitáló plazmatocitákat, tokképző lamellocitákat és melanizáló kristálysejteket.

Korábbi kutatások felfedték, hogy a plazmatociták egy része nem terminálisan differenciált sejt. Immunindukció, illetve tumorok jelenléte mellett egyes fagocitáló plazmatociták transzdifferentiálódás útján képesek tokképző lamellocitákká átalakulni.

Laboratóriumunkban kifejlesztettünk egy módszert, mely lehetővé teszi a hemociták *ex vivo* fenntartását, illetve differenciálódásuk időbeni követését. A differenciálódás folyamatát videó mikroszkópos technikával rögzítjük, a nyert adatokat mélytanulás módszerével elemezzük.

Célunk, hogy részletes képet kapjunk arról, hogy az egyes jelátviteli utak, transzkripció, illetve epigenetikai faktorok milyen szerepet töltenek be a transzdifferentiálódás során.

Schütz Oszkár (SZTE Móra Ferenc Szakkollégium)

A qpAdm módszer optimalizálása népvándorlás kori populációk genomtörténetének rekonstruálásához

A qpAdm egy statisztikai program, amely segítségével meghatározható egy vizsgált populáció genomjában történt, két vagy akár több forrás populációt is magában foglaló keveredési esemény. Az analízis eredményeként több elfogadható keveredési modellt kapunk, sőt még a keveredő komponensek viszonylagos arányáról is információt nyerhetünk. Az archeogenetika területén