

Előadásomban azt szeretném bemutatni részletesebben, hogy ezek a kutatók (Gönyey Sándor, Molnár István, K. Kovács László) hogyan alakították ki a magyar intézményi néptánc kutatás alapját.

Nagy Valentina (SZTE Móra Ferenc Szakkollégium)

Extracelluláris vezikulák MMP-9 tartalma, mint lehetséges biomarker a GBM diagnosztizálására és nyomon követésére

A glioblasztóma multiforme (GBM) az egyik leggyakoribb és legagresszívebb központi idegrendszeret érintő rosszindulatú agydaganat. A tumoros szövet behatol az egészséges sejtek közé, ezért nehezen határolható el a környező sejtektől. Sebészeti eltávolítása nehéz, alacsony túlélési prognózissal és nagy proliferációs rátával jellemezhető. A jelenlegi GBM diagnosztikai módszerek drágák (MRI), illetve invazívak (agyszövet biopszia), nagy szakértelmet követelnek. A betegséget sokszor csak a komoly tünetek megjelenése után tudják diagnosztizálni. Egy kellően specifikus és szenzitív biomarker lehetővé tenné a GBM korai felismerését és a betegség lefolyásának nyomon követését. Előadásomban egy ígéretes tumor biomarkerrel, a mátrix metalloproteináz-9 (MMP-9) fehérjével foglalkozom. Kutatásunk során szérumból izolált kisméretű extracelluláris vezikulák (sEV) MMP-9 tartalmát hasonlítottuk össze a különböző betegcsoportok esetében.

Rajki Eszter (SZTE GYTK Kabay János Szakkollégium)

T4 kovalens fúzió, mint a membránfehérjék hatékonyabb kristályosításának lehetősége

A membránfehérjék szerkezetének tanulmányozására a röntgenkristallográfia a leggyakrabban alkalmazott metódus, azonban ezen proteinek kristályosítása sokszor akadályokba ütközik. Célunk, hogy a *Haemophilus influenzae* H⁺/fukóz transzporterét egy kristályosítást elősegítő fehérjével, a T4 lizozimmal összekapcsoljuk, majd a fúziós fehérje szerkezetét tanulmányozzuk klónozást, expresszást, tisztítást és kristályosítást követően.

Rekombináns DNS technológia alkalmazásával a fehérjét pTTQ18 vektorba klónoztuk, mely során kovalens fúzióval kapcsoltuk C-terminálisan a T4 lizozimot. Ennek sikerességéről DNS szekvenálással győződünk meg. A vektort BL21(DE3) sejtekbe transzformáltuk, majd IPTG-vel expressziót indukáltunk. Ezt gélelektroforézissel ellenőriztük. Elvégeztük a fehérjetermelés optimalizációját. A kinyert fehérjét affinitás kromatográfiával tisztítottuk, összehasonlítva a Ni-NTA és a Talon gyanták hatékonyságát. A további tisztítást méretkizárásos folyadékromatográfiával és ioncserélő kromatográfiával végeztük.

Megállapítottuk, hogy a célfehérje-T4 lizozim kovalens fúzió eredményes volt, az összeépített gén megfelelően expresszáldott. A fehérjét affinitás kromatográfia, gélszűrés és ioncserélő kromatográfia alkalmazásával tudtuk megfelelően elválasztani a szennyezőktől. A fehérje expresszió és tisztítás optimalizálása során megállapítottuk, hogy a legnagyobb mennyiségű fehérjét 0,5 mM IPTG koncentráció, 12 órás indukció, 37 °C, LB táptalaj alkalmazása esetén nyertük.

Sánta Ádám (SZTE Móra Ferenc Szakkollégium)

PCNA monoubikvitinációt gátló kismolekula inhibitorok *in vivo* vizsgálata

A genetikai információ dezoxiribonukleinsav (DNS) formájában tárolódik minden élő organizmusban. Genomunk épségét folyamatosan fenyegetik különféle károsító hatások, amelyek rendkívül sokfélék lehetnek. A DNS sérülése elkerülhetetlen, ugyanis egyetlen sejtben akár több tízezer hiba jöhet létre naponta. Ezek kijavítására számos, konzervált hibajavító mechanizmus fejlődött ki, amelyekkel a sejtek megpróbálják kikerülni a folyamatos bázisvesztést vagy módosítást, illetve a különféle mutációk létrejöttét. Ennek ellenére a keletkezett hibák nem mindig kerülnek kijavításra, így a következő sejtgenerációban ezek már mutációként fognak öröklődni. Ha egy hiba a DNS-ben nem javítódik ki a sejtciklus S-fázisáig, a DNS-szintézis során meg fogja akasztani a replikációs villát, mivel a replikatív polimerázok nem képesek továbbhaladni a DNS szerkezetének torziója miatt. Ilyenkor aktiválódnak a DNS hibatolerancia (DTT) útvonalak, melyek feladata a replikáció helyreállítása. A különböző DDT mechanizmusok egyik fő mediátora a replikatív polimeráz processzivitási faktora (PCNA). A PCNA homotrimer fehérje, amely gyűrűt formál a DNS körül, normál replikáció esetén processzivitási faktorként működik, azonban ha megakad a replikációs villa, posztranszlációs módosításokon eshet át, amivel beindítja a DNS hiba tolerancia útvonalakat. Az egyik lehetséges mechanizmus a polimeráz váltás, amely elősegíti a transzlációs szintézist (TLS), ami a replikáció komplex megakadásakor aktiválódik a PCNA monoubikvitinálódás hatására.

Vannak olyan ráktípusok, melyek rezisztensek bizonyos kemoterápiás szerekre, valamint vannak olyanok, melyek a terápia során szereznek rezisztenciát. A két rezisztencia közös pontja a TLS, mely kitűnő célpontja lehet adjuváns terápiáknak. Csoportunk azonosított több specifikus kismolekulát, mely inhibitora a PCNA ubikvitinációnak *in vitro*. Jelen munkánkban ezen molekulák hatását vizsgáljuk humán sejtekben bimolekuláris fluoreszcencia komplementációs assay-vel (BiFC) *in vivo*.

Schütz Oszkár (SZTE Móra Ferenc Szakkollégium)

Honfoglalók teljes genom-szintű vizsgálata

A szegedi Archeogenetikai Kutatócsoport munkája során 112 teljes genom szekvenciát nyertünk ki régészetiileg jellemzett honfoglalás kori leletekből. A szakirodalomban elérhető legmodernebb matematikai és statisztikai genomelemző szoftverek segítségével sikerült azonosítanunk a honfoglalókhöz legjobban hasonlító archaikus populációkat, valamint a honfoglalók legfontosabb genetikai komponenseit is. A vizsgálatok során azonosítottuk a honfoglaló elit európai keveredéstől mentes biztosan bevándorló csoportját, akiről kimutattuk, hogy manysi, szarmata és hun keveredésből származtak. A köznépi temetők népességének többsége helybeli, Kárpát-medencei genommal rendelkezett, más részük a bevándorlók és helybeliek keveréke volt. A bevándorló elit genetikai adatai támogatják a nyelvészeti alapon felállított őstörténeti modellt, de további fontos információkkal is kiegészítik azt, igazolva, hogy a magyar-hun kapcsolatoknak reális alapja van. Emellett a korai szarmatákkal kimutatott keveredés szintén új megvilágításba helyezi a honfoglalók származását. A genomelemzések arra is rámutattak, hogy a honfoglalás kori Kárpát-medence népessége igen heterogén volt, ugyanakkor a különböző összetételű genomok számának összehasonlításával fontos következtetések vonhatók le a bevándorlók és a helyi népesség arányáról.

Bordé Ádám (Szegedi Tudományegyetem)

Egy mikrobiológiai alapú lombkezelő készítmény kifejlesztése édesburgonyában