

Góra Valér (PTE TTK Szentágotthai János Protestáns Szakkollégium)

## **Antioxidáns tulajdonságú vegyületek napi ritmusának változása a bortermő szőlő (*Vitis vinifera* L.) leveleiben**

A növényvilágban általánosan előforduló fenolos tulajdonságú vegyületek (fenolos savak, flavonoidok) a speciális metabolitok azon csoportjába tartoznak, melyek a sikimisav útvonalon keresztül képződnek a növények különféle szöveteiben. Ezek a vegyületek rendkívüli tulajdonságokkal rendelkeznek, úgymint antioxidánsok, illetve UV szűrők. Ezen képességeiknek köszönhetően nélkülözhetetlen szerepet töltenek be a növények életében, ugyanis egyedfejlődésük közben számos stresszhatás (UV sugárzás, magas fény, szárazság, kedvezőtlen hőmérséklet, stb.) érheti őket, miközben különböző reaktív oxigén származékok (ROS) képződhetnek. A fenolos vegyületek a ROS semlegesítése mellett UV abszorbeáló képességüknek köszönhetően csökkentik a növények szöveteibe jutó káros sugárzást is. Munkánk során modellnövényünk a bortermő szőlő (*Vitis vinifera* L.) volt, mely nemcsak hazánkban, hanem világszerte fontos, nagy területeken termesztett gazdasági haszonnövény. A szőlőnövény leveleit érő UV és látható fény dózissokat jelentős napi változások jellemzik, ezért kísérletünk során a fenti vegyületek cirkadián változásait vizsgáltuk. A bemutatásra kerülő eredmények a teljes antioxidáns kapacitás változásait mutatják be nyári napon keresztül, kiegészítve az azt megelőző és utána lévő fél napokkal. Méréseinkhez három, színreakción alapuló, teljes antioxidáns kapacitást meghatározó spektrofotométeres módszert használtunk (Csepregi és mtsai. 2016), melyekkel a vizsgálatunk tárgyát képező molekulák fent megnevezett tulajdonságai jól jellemezhetőek, azok szignifikáns változást mutatnak már egy nap leforgása alatt is.

Csepregi, K.; Neugart, S.; Schreiner, M.; Hideg, É. Comparative evaluation of total antioxidant capacities of plantpolyphenols. *Molecules*. 2016, 21, 208.

Schütz Oszkár (SZTE Móra Ferenc Szakkollégium)

## **Előzetes genetikai eredmények a Kárpát-medencei szarmatákról**

Az orosz steppe szarmata csoportjairól már több tanulmány is beszámolt. A magyar Alföldre érkező szarmata törzsekről azonban még igen kevés genetikai adat áll rendelkezésünkre, így pontos eredetük és a környező népekkel fennálló kapcsolataik nem tisztázottak. A felmerülő kérdések megválaszolása céljából 62 szarmata és hun kori egyén populáció genetikai vizsgálatát végeztük el. Kutatásunk során 45 archaikus teljes genomot állítottunk elő, melyeket együtt vizsgáltunk 17 már korábban közölt mintával (Gnecchi-Ruscione et al., 2022). Bemutatjuk, hogy a minták többsége a genetikai térképen az orosz steppei szarmaták

közelsége esik, ugyanakkor erős genetikai affinitást mutat a Kárpát-medence helyi lakosságához is. A kis mintaszám ellenére olyan egyéneket is azonosítani tudtunk, akik jelentős kelet-ázsiai genetikai komponenssel rendelkeztek, mely a származék és az ázsiai steppe közötti lehetséges kapcsolatra utalhat.

Nagrand Erika (SZTE Móra Ferenc Szakkollégium)

### **A környezetben előforduló $\beta$ -laktamázok azonosítása funkcionális metagenomikai módszerekkel**

A  $\beta$ -laktám antibiotikumok a világon leggyakrabban javallott antibiotikumok. Ez a népszerűség pedig ezen antibiotikumokra rezisztens,  $\beta$ -laktamázzal rendelkező baktériumok megjelenését és elterjedését okozza. Ennél az oknál fogva kritikus, hogy a  $\beta$ -laktamázok terjedését modellezzük és előre jelezzük. A funkcionális metagenomika egy jó eszköz lehet ezen folyamatok modellezésére, a  $\beta$ -laktamázok és más rezisztencia gének azonosítására és transzmissziós útvonalainak megértésére.

Az antibiotikumoknak,  $\beta$ -laktámoknak erősen kitett területek rezisztencia források lehetnek a környezetben. Ezen területekről származó minták jó alapanyagul szolgálhatnak metagenomikai könyvtárak építéséhez. Munkám célja tehát, rezisztencia forrásokból származó mintákból történő metagenomikai könyvtár építés és ezen könyvtárakban szereplő rezisztencia gének azonosítása. Ezen metagenomikai könyvtárak az *Escherichia coli* laboratóriumi törzsébe és *Klebsiella pneumoniae*-ba kerülnek bejuttatásra, majd a metagenomikai könyvtárat hordozó baktériumok szelekciója zajlik,  $\beta$ -laktám antibiotikumok mellett, és a  $\beta$ -laktamázok szekvenálással történő azonosítása.

A módszer alkalmas lehet klinikai fejlesztés alatt álló antibiotikumok,  $\beta$ -laktamáz inhibitorok tesztelésére is, hiszen segít felmérni egy esetleges új antibiotikum piacra dobása előtt, hogy milyen már a környezetben előforduló rezisztencia gének vannak, amelyek ellenállóvá teszik a baktériumot a szerrel szemben.

Pletikoszity Gábor (Újvidéki Egyetem Európa Kollégium)

### **A DSPP gén proteinkódoló-szekvenciájában fellépő pontmutációk számítógépes elemzése**

A kutatás a fogászatban jelentős DSPP gén standardizált változatának pontmutációit elemzi informatikai környezetben. A gén a dentin mineralizációjában vesz részt, mutációk során a dentindispláziás-rendellenességek lépnek fel, melyek következtében a dentin hipomineralizálttá válik, szerkezete szabálytalan, a dentincsatornák tágak, számuk csökkent és gyakran egymásba csavarodnak. A kutatás lényege, hogy felmérje egy-egy mutációtípus gyakoriságát és helyét a