

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