

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 β -laktamázok azonosítása funkcionális metagenomikai módszerekkel

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

Az antibiotikumoknak, β -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, β -laktám antibiotikumok mellett, és a β -laktamázok szekvenálással történő azonosítása.

A módszer alkalmas lehet klinikai fejlesztés alatt álló antibiotikumok, β -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.

Pletikoszty 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

génszekvencián, könnyebbé téve a rendellenesség öröklődésének és kórképének követését.

Lebonyolításához egy saját fejlesztésű program lett alkalmazva, amely az adott gén bázisrendjét elemzi, és ez alapján állapítja meg, hogy mekkora eséllyel és hol keletkeznek nonsense mutációk, melyek következtében a fehérjeszintézis idő leáll, vagy el sem kezdődik, missense mutációk, amelyek a keletkező fehérje szerkezetét megváltoztatják, és mutációk, amelyek rejtettek maradnak.

Az eredmények a következők: a génnek 1.5026×10^{2730} pontmutációja van, amelyből 7.2409×10^{714} polimorf. A mutáció leggyakrabban adenint érint, legkisebb valószínűséggel pedig timint. Tripletek közül a legnagyobb valószínűség szerint kódoló triplet mutálódik, valamint nála jelentkezhethet a legtöbb szinonim mutáció. Legkevésbé valószínű a stop kodon mutációja, a legkevesebb szinonim mutációkkal pedig a triptofánt és a metionint kódoló tripletek rendelkeznek. Emellett összesen 210 nitrogén alapú bázis és 202 olyan triplet van, amelynél egy mutáció elég a nonsense mutáció kialakításához, ebből egy a stop kodon, egy a start kodon, a maradék 200 ilyen triplet pedig elszórtan található a szekvencián.

Gombkötő Bence (SZTE Móra Ferenc Szakkollégium)

Az öt alapvető jószághoz tartozó szókincs eredetének kérdései a mongol nyelvben

A mongolok, a többi eurázsiai steppezónában élő néphez hasonlóan évszázadokon át nagyállattartó életmódot folytattak. A mongol hagyományos kultúrában a legfontosabb jószágok a ló, teve, szarvasmarha, juh és a kecske, amelyeket az öt alapvető jószágnak is szoktak nevezni. A mongolok a jószágaikkal szoros kapcsolatot ápolnak, a kultúrájuk szerves részét képezik. A nomád állattartó népek között több hasonlóság figyelhető meg, nemcsak kulturális, de nyelvi szinten is. A háziasított állatok szókincsében az altaji (török, mongol, tunguz) nyelvek között számos egyezés található. Míg az altajisztikai kutatások elején a szókészletbeli egyezéseket a közös alapnyelv szavainak gondolták, mára bizonyítottan a mongol állattartás számos speciális szava török jövevényszó a legkorábbi török-mongol érintkezések idejéből. A téma további érdekessége, hogy sok esetben ugyanaz a terminus a törökből a magyarba is kölcsönöződött (pl. bika, borjú, ünő szavaink), így párhuzamosan megtalálhatóak ugyanazok a török jövevényszavak a magyarban és a mongolban is.

Az előadásom célja az öt alapvető jószág terminológiájának ismertetését követően a török jövevényszavak elemzése és a török-mongol nyelvi és kulturális érintkezések hátterére vonatkozó nézetek bemutatása. A vizsgálatom az Új Nemzeti Kiválóság Program keretein belül valósult meg.