

Kannabimimetikus vegyületek vizsgálata bazsalikom fajtákban

Maklári Dóra^{*}, Kónigné Péter Anikó
Pécsi Tudományegyetem Bioanalitikai Intézet
**aniko.konig@aok.pte.hu*

Az elmúlt évtizedek egyik jelentős felfedezése, hogy az emberi szervezet rendelkezik egy úgynevezett endokannabinoid rendszerrel (EKR), mely az egész szervezetet behálózza. Ez egy szabályozó rendszer, működése elengedhetetlen a homeosztázishoz, a test belső egyensúlyának fenntartásához. A rendszer ismert és vizsgált receptorai a CB1 és CB2 receptorok, de az endokannabinoidok további receptorokat is aktiválnak, s a jelenség napjainkban a kutatások célkeresztjébe került. Azokat a vegyületek, melyek a cannabinoid receptorokon hatnak, de felépítésük nem felel meg a klasszikus C₂₁H₃₀O₂ képletnek, kannabimimetikus vegyületeknek nevezzük. Ezek képesek hatni a CB1 és CB2 receptorokra, és azokon keresztül kifejteni sajátos, széles skálán mozgó hatásaitak fiziológiás és patológiás körülmények között. Kannabimimetikus vegyületek számos növényfajban megtalálhatóak. Közülük kiemelve vizsgálunk több bazsalikom fajtát (*Ocimum nemzetség*). A hatóanyagtartalomra befolyással vannak a környezeti tényezők változásai, így ezekre is kitérünk.

Isolation and Identification of Endocrine Disruptor-Degrading Bacteria from Wastewater Effluent

Mireisz Tamás^{1,2*}; Horváth Flóra¹; Farkas Rózsa¹; Abbaszade, Gorkhmaz¹; Tóth Erika¹
¹ELTE Department of Microbiology, Budapest, ²Budapest Waterworks Ltd., Budapest
**mireisz.tamas@gmail.com*

Organic micro-pollutants such as endocrine disruptors used in large quantities (e.g. bisphenol A, nonylphenol, and estradiol) often endanger our waters. The aim of the present study was to isolate and identify bacteria isolated from a wastewater effluent and to test their endocrine disruptor degradation capacities and antibiotic resistance. Isolation media contained only the selected molecules as sole source of carbon. 40 bacterial strains were identified based on their 16S rRNA gene sequence and then were classified into 20 different bacterial species. Their sensitivity was tested for 13 different antibiotics and based on literature data, the analysis of the genome of the type species were evaluated. Degradation capacity of endocrine disruptors was also checked.

The identified bacteria belonged to the class of Gammaproteobacteria of the phylum Proteobacteria (*Klebsiella*, *Citrobacter*, *Enterobacter*, *Escherichia* genera), most of them are facultative pathogen, but representatives of the genera *Acinetobacter* and *Pseudomonas* also appeared.