

## Kannabimimetikus vegyületek vizsgálata bazsalikom fajtákban

Maklári Dóra<sup>\*</sup>, 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 C<sub>21</sub>H<sub>30</sub>O<sub>2</sub> képletnek, kannabimimetikus vegyületeknek nevezzük. Ezek képesek hatni a CB1 és CB2 receptorokra, és azokon keresztül kifejteni sajátos, széles skálán mozgó hatásaitak fiziológias és patológias 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<sup>1,2\*</sup>; Horváth Flóra<sup>1</sup>; Farkas Rózsa<sup>1</sup>; Abbaszade, Gorkhmaz<sup>1</sup>; Tóth Erika<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>ELTE Department of Microbiology, Budapest, <sup>2</sup>Budapest 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.

During the examination of the aromatic metabolic genes, 14 different metabolic pathways were identified, of which the benzoate degradation pathway as well as the quinate degradation pathway were the most significant.

Cell wall synthesis inhibitors (meropenem, imipenem, cefepime, amoxicillin+calavulanic acid), protein synthesis inhibitors (tetracycline, gentamicin, erythromycin, clindamycin) and bacterial replication inhibitors/cell membrane damage antibiotics (ciprofloxacin, trimethoprim+sulfamethoxazole, polymyxin) were tested. The strains proved to be the most sensitive to antibiotics that inhibit cell wall biosynthesis (for meropenem 86%, and for imipenem 97% of strains were sensitive). Strains showed total resistance to 10 different antibiotics.

All the isolated strains degraded the investigated endocrine disruptors. Among the investigated strains, members of the *Klebsiella* genera (*Klebsiella grimontii*, *Klebsiella michiganensis*, *Klebsiella pneumoniae*, *Klebsiella quasipneumoniae*, *Klebsiella quasivariicola*, *Klebsiella variicola*) were dominant in number and in degrading efficiency.

These microorganisms are presumably able to use the studied endocrine disruptor molecules, however, antibiotic resistance poses a serious risk.

---

### **Dendroklimatológiai kutatások a Soproni Egyetem Erdészeti Tudományos Intézetében**

Móricz Norbert\*, Eötvös Csaba, Horváth Bálint, Bolla Bence, Németh Tamás Márton  
*Soproni Egyetem, Erdészeti Tudományos Intézet, Sopron / Forest Research Institute, University of Sopron*

\*[moricz.norbert@uni-sopron.hu](mailto:moricz.norbert@uni-sopron.hu)

A regionális éghajlati modellek alapján nagymértékű hőmérséklet emelkedés várható a 21. század végére, ami magával vonzza a nyári csapadékmennyiség csökkenését, ami a jövőben egyre gyakoribb extrém aszályperiódus kialakulásához vezethet. Az elmúlt évtizedekben gyakoribbá váló súlyos aszályok komoly kihívások elé állítják a közép-európai erdőgazdálkodást. Az aszályok hosszútávon csökkentik az erdők produkcióját, azok szénmegkötését, illetve közvetlenül akár erdőpusztulásokat is okozhatnak. A fák évgyűrűiből a korábbi növekedést befolyásoló körülményekre következtethetünk, melyeket különböző éghajlati és környezeti tényezők összetett kölcsönhatása alakít. Az évgyűrűelemzés segíthet az éghajlatváltozás és az aszályok fák növekedésére gyakorolt hatásának számszerűsítésére, valamint a fák vitalitásának meghatározásában is. Az Erdészeti Tudományos Intézetben (Soproni Egyetem) 2016 óta végzünk dendroklimatológiai vizsgálatokat különböző statisztikai módszerek segítségével (pl. aszály-növekedési indexek). Példaként említhető a Keszthelyi-hegység feketefenyő állományának mortalitása kapcsán végzett vizsgálat vagy a csertölgy és kocsánytalan tölgy aszályérzékenységeinek összehasonlító kutatása. Aktuális kutatási tevékenységünk középpontjában egyrészt hazai tölgyfafajok jövőbeli növekedésének