

Kádár Zalán

Prognosztikus biomarkerek vizsgálata amiotrófiás laterálszklerózisban

Az amiotrófiás laterálszklerózis (ALS) a leggyakoribb mozgató idegsejteket érintő neurodegeneratív betegség. Az ALS elsősorban a gerincvelői mozgató idegsejteket és a motoros kéregben található piramissejteket érinti. Ezen sejtek károsodása izomgyengeséghez, izomsorvadáshoz és légzési elégtelenséghez vezet, a tünetek progresszív előrehaladása miatt pedig a betegség halálos kimenetelű. Az ALS klinikai és patofiziológiai aspektusai is nagy mértékű heterogenitást mutatnak, így diagnosztizálása sok esetben elhúzódó folyamat, mely akár egy évet is igénybe vehet. Tovább nehezíti a kórkép pontos felállítását és a kezelés lehetőségeit az, hogy a betegeknek klinikailag észlelt progresszió széles skálán mozog. Ez alapján a különböző klinikai fenotípusok esetén eltérő patofiziológiai folyamatoknak lehet kiemelt szerepe. Ezen betegcsoportok kezelési igényei is eltérhetnek, ebből kifolyólag kiemelt szerepe lehet a prognosztikus biomarkerek azonosításának. Az ALS heterogén patofiziológiai folyamatai közül a gyulladásos folyamatok feltételezhetően jelentős szereppel bírnak. Az immunológiai szempontból jelentős szabályzó T-sejtek diszfunkcióját és mennyiségi elváltozását több kutatásban is megfigyelték, illetve összefüggésbe hozták a betegség progressziójával. Ez alapján a gyulladásos fehérjék ígéretes biomarker-jelöltek lehetnek ALS-ben a betegek csoportosítása és a progresszió meghatározása szempontjából.

Projektünk célja új prognosztikus biomarkerek azonosítása az ALS-ben. Ehhez immunológiai szempontból kulcsfontosságú citokinek, kemokinek, valamint receptorok génexpressziós és fehérje szintű vizsgálatát tervezzük elvégezni eltérő progressziójú ALS-es betegek vérmintáin.

Kakas-Mohai Virág

Női bűnözés és boszorkányság Debrecenben az 1720-as évek második felében

Kutatásom témája a debreceni bűncselekmények megismerése az 1720-as évek második felében, különös tekintettel a boszorkánysággal kapcsolatos eljárásokra, melyek csupán egy részét képezik a korabeli büntetőpereknek. Ezért a jelenséget a bűnözés társadalomtörténetének kontextusában vizsgálom, mely irányzat számos hasonló terület (jogtörténet, kriminológia stb.) eredményeit felhasználva egy adott korszak bűnözését vizsgálja, különböző büntetőbíráskodáshoz kapcsolódó irattípusok felhasználásával. Az általam kutatott korszakban statisztikai források nem állnak rendelkezésre, így célom, hogy létrehozzak egy olyan statisztikai adathalmazt, melynek segítségével feltérképezhető a korszak

és az adott joghatóság bírósági gyakorlata és az esetleges atipikus jelenségek. Bár egyes helyeken a boszorkányság a különleges bűncselekmények közé tartozott, amely lehetőséget nyújtott a jogi eljárásokban alkalmazandó szabályok felrúgására, Magyarországon ez a fajta elkülönítés nem történt meg, így a többi büntetőüggyel együtt a világi bíróságok alá tartoztak. Fontosnak tartom továbbá kiemelni, hogy a boszorkányság a korszakban a tipikus női bűnök közé tartozott, így e két terület kutatását érdemesnek tartom ötvözni.

Előadásomban a módszertanra és a téma historiográfiájára helyezem a fő hangsúlyt. Bemutatom a rendelkezésre álló forrásokat, a debreceni boszorkányperekről jelenleg ismert információkat, végül betekintést nyújtok kutatásom jelenlegi állapotába, valamint ismertetem a további teendőket.

Kámán Regina

Amikor a rezisztencia átírja a virulenciát: a *basR* mutáció fajspecifikus következményei

Az antibiotikum-rezisztencia világszerte egyre súlyosabb egészségügyi problémát jelent. Ugyanaz a mutáció több baktériumfajban is rezisztenciát okozhat adott antibiotikummal szemben, viszont evolúciós következményei fajonként eltérőek lehetnek. Ez befolyásolja a fertőzőképességet (virulenciát) és a rezisztens törzsek terjedését.

A *basR* transzkripció faktor a *basSR* szabályozó rendszer része, amely alapvető szerepet tölt be a bakteriális stresszválaszban. Korábbi eredményeink kimutatták, hogy az új fejlesztésű SPR206 antibiotikumhoz adaptált vonalakban a *basR* mutációja felelős a rezisztencia kialakulásáért. Ez a mutáció a virulenciát is módosította: míg *Klebsiella pneumoniae*-ban fokozódott, *Escherichia coli*-ban nem mutatkozott jelentős változás.

A különbségek okainak feltárásához transzkriptomikai megközelítést alkalmaztunk, mely lehetővé tette a génexpressziós mintázatok globális elemzését mRNS-szintek alapján. Eredményeink szerint *K. pneumoniae*-ban olyan gének túlzott expressziója figyelhető meg, amelyek metabolikus útvonalakban vesznek részt, fokozva a metabolikus flexibilitást és adaptációs képességet, ezáltal a virulenciát. *E. coli*-ban ezzel szemben a változások főként rezisztenciához kapcsolódó génekre korlátozódtak, miközben az adhézióért felelős gének expressziója is csökkent.

Eredményeink hozzájárulhatnak az antibiotikumok célzottabb alkalmazásához, valamint a rezisztencia mellékhatásaként kialakuló, fokozott virulenciájú törzsek terjedésének megelőzéséhez.