

rolni. Az eredmények bemutatják, hogy az elektrofiziológiai tulajdonságok önmagukban is elegendő információt hordozhatnak a neuronok transzkriptomikai azonosításához, és ezzel hozzájárulhatnak az emberi agykéreg idegsejtjeinek egységesebb osztályozásához.

Sapataru Márk Alek

Az erősz teloszáról Platón és Plótinosz vágymetafizikájában

Előadásomban a platonista hagyomány két kiemelkedő gondolkodójának, Platónnak és Plótinosznak az erősz-felfogását vizsgálom. A vágy mindkét filozófiában központi szerepet tölt be, hiszen ennek révén ismerjük fel, és vonzódunk a széphez és a jóhoz. E belső erő – és ennek helyes működése – nélkül nem lehetséges a felemelkedés a valódi létezőkig, amelyek felülmúlják az érzéki világban tapasztalható szépséget. Felmerül azonban a kérdés: mi a vágy végső célja, hol teljesedik be ez a törekvés? Egyáltalán elérheti-e a vágyakozás a nyugalmat? Míg Plótinosznál az erősz az Eggyel való egyesülésig vezet, Platónnál csupán az ideák szemléléséig juthat el. E különbség megértéséhez a két gondolkodó ideákról alkotott felfogását szükséges feltárni, hiszen ez világít rá leginkább az eltérés mélyebb okaira. Plótinosz szerint az ideák jelen vannak a lélekben (ἐν ψυχῇ), míg Platón úgy véli, hogy azok nem a lélekben lakoznak, hanem a lélek csupán részesedik bennük (μέθεξις).

A Kulturális és Innovációs Minisztérium EKÖP-25-2-I-ELTE-556 kódszámú Egyetemi Kutatói Ösztöndíj Programjának a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Alapból finanszírozott szakmai támogatásával készült.

Sásdi Bálint Bendegúz

NOIR-1M nullmutáns PRV herpeszvírus létrehozása

A pseudorabies vírus (PRV) a *Herpesviridae* családba, az *Alphaherpesvirinae* alcsaládba, és a *Varicellovirus* nemzetségbe tartozó vírus. A PRV sertésekben álveszettséget, más állatokban halálos agyvelőgyulladást okoz. Emberre nem veszélyes, de világszerte gazdasági károkat okoz. A NOIR-1 transzkriptumcsalád a PRV genomjának Unique Short (US) régiójában található átfedő, nem kódoló gének csoportja, melyek az antiszensz transzkript (AST) és a long latency transcript (LLT) génekkel koterminálisak. A NOIR-1 transzkriptumcsaládba több RNS izoforma tartozik: a NOIR-1L, NOIR-1L3, NOIR-1M, NOIR-1S, NOIR-1S2, NOIR-1S3, és a NOIR-1S4. Ezek közül a NOIR-1M a legabundánabb.

A PRV Unique Short régiója tartalmazza a kritikus fontosságú ie180 gént, mely a PRV egyetlen „immediate early” génje, amely a litikus ciklus kezdetekor

játszik fontos szerepet a virális gének expressziójának regulátoraként. Az ie180-nal átfedve, de azon túlnyúlva és azzal ellentétes irányban íródnak át a vírusfertőzés látencia fázisában az AST (antisense transcript) gén és a LLT (long latency transcript) gén. Az ie180 promóterével a szintén átfedő, de ellentétes irányban (a 3' végtől az 5' vég felé) íródnak át a NOIR-1 transzkriptumcsaládba tartozó RNS-ek. Kutatócsoportunk előzetes munkáiban a NOIR-géncsaládról átíródó RNS-eket az *Alphaherpesvirinae*-be tartozó más vírusból is kimutatta. A NOIR-1 transzkriptumcsaládba nyílt leolvasási keretet (ORF-et) nem tartalmazó, fehérjét nem kódoló gének tartoznak, melyekről a litikus ciklus során különböző mértékben ncRNS transzkriptumok fejeződnek ki.

A NOIR-1M gén eltávolításával a PRV genomjából a későbbiekben vizsgálni tudjuk a szerepét. Feltételezésünk szerint ezeknek az ncRNS-eknek a vírus replikációjának szabályozásában lehet szerepe. A NOIR-1M gént homológ rekombinációval távolítottuk el a PRV genomból, e folyamat során pedig riporter-génnel helyettesítettük. Ennek segítségével követhetjük nyomon a mutáns vírust a szelekció során. A CMV promóter–EGFP inszert mint riporter-gén segítségével a rekombináció sikeressége ellenőrizhetővé válik, hiszen a rekombináns vírussal fertőzött sejtek fluoreszcens mikroszkóppal vizsgálva zöld fluoreszcens jelet bocsátanak ki. Amennyiben a NOIR-1M esszenciális a vírus replikációjához, a rekombináns vírusok csak a NOIR-1M gén kifejezésére módosított, komplementáló emlős sejtvonalon tudnak sokszorozódni, és ezáltal zöld fluoreszcenciát mutatni.

A PRV transzkriptomjának vizsgálata elvezethet újabb, még nem ismert nem kódoló gének felfedezéséhez, és végső soron az alphaherpeszvírusok replikációjának általános mechanizmusainak pontosabb megértéséhez. A NOIR-1 géncsalád ncRNS-einek vizsgálata segíthet felderíteni a PRV replikációjának szabályozásában játszott szerepüket, és ezzel az *Alphaherpesvirinae* alcsalád más képviselőiben felfedezett analógjaik funkciójáról is információt nyerhetünk.

Schmél Boglárka Luca

Osztálytermen túl: a teljesítmény földrajzi mintázatai

A kutatás azt vizsgálja, hogy a magyarországi lakóhely (Budapest, a megyeszékhelyek, illetve az egyéb települések) miként befolyásolja a tanulók olvasási és matematikai eredményeit az Országos kompetenciamérés adatai alapján. Az elemzéshez lineáris OLS regressziót, valamint Blinder–Oaxaca és Juhn–Murphy–Pierce dekompozíciót alkalmazunk annak feltárására, hogy a különbségek milyen mértékben magyarázhatók a társadalmi-gazdasági háttérrel és a tanulási motivációval, illetve mi tulajdonítható önállóan a lakóhelynek. Az elemzés két részből áll: (1) Budapestet hasonlítjuk az ország többi részéhez; (2) megyén belül