

# Szakedolgozati témák

Csoportosítva - SZBK szakdolgozati témák (2019)

## A kompenzáló evolúció hatásai élesztőben

dr. Papp Balázs (SZBK - Biokémiai Intézet, Számítógépes Rendszerbiológiai Csoport)

A hagyományos elmélet szerint a környezet megváltozása okozza a szelekciót az evolúció során. Káros mutációk is indukálhatnak szelekciós nyomást, ami eredményeként kompenzálódik a mutáció negatív hatása. A kompenzáló evolúciónak számos következménye lehet, amit a laboratóriumunkban a sarjadó élesztő (*Saccharomyces cerevisiae*) segítségével vizsgálunk. Csoportunk laboratóriumi evolúciót hajtott végre, majd az evolált vonalak genom szekvenálása után azonosította a bekövetkezett mutációkat. A téma fő kérdése, hogy a kompenzáló mutációk milyen változásokat okoztak az evolúció során. Mikroszkópos mérések bizonyítják, hogy a sejtmorfológia jelentősen megváltozik. További tulajdonságok, pl. párosodási képesség, patogenitás, túlélő képesség vizsgálatához keresünk szakdolgozó munkatársat. A párosodási viselkedés fontos tényező az evolúció során, hiszen a szaporodási elszigetelődés új faj képződéséhez vezethet.

[Saját link](#) [Egész oldal](#) Besorolás: [Sejtbiológiai\\_téma](#)

Hallgatók: **biológus, bionika**

Maximális létszám: **2**

Feltételek/elvárások:

angol nyelvtudás

[n/a: No match]

Kapcsolat

Név: \*  E-mail cím: \*  Üzenet \*

Kérlek oldd meg az alábbi egyenletet, hogy bebizonyítsd, ember vagy.  $33-6 = \square$  Ezt a mezőt

kérlek hagyd üresen:

Küldés

## Az élesztőgombák evolúciójának és házasításának vizsgálata metabolomikai adatok felhasználásával

Dr. Papp Balázs, Dr. Szappanos Balázs (SZBK - Biokémiai Intézet, Számítógépes Rendszerbiológiai Csoport)

Az anyagcsere megváltozásának kulcsszerepe van az élőlények új környezetekhez való alkalmazkodásában. Csoportunk az anyagcsereben részt vevő vegyületek szintjének megváltozását, azaz a metabolomikai változásokat vizsgálja az egyik legfontosabb házasított élőlényben, az élesztőgombában és rokon fajokban. A szakdolgozó munkája során olyan kérdésekre keres majd választ, mint hogy hogyan ment végbe az élesztő házasítása, milyen metabolitok játszottak kulcsszerepet ebben, mely vegyületeknek lehet szerepe különböző stresszhelyzetekben, illetve mely vegyületekre érdemes fókuszálni új élesztő törzsek biotechnológiai fejlesztésekor. A szakdolgozó a projekt keretében megtanulja az élesztő metabolomikai adatok kiértékelését és azok értelmezését az élesztő evolúciójának tükrében. Képzést szerez a genomikai és metabolomikai bioinformatika legmodernebb módszereiben, az adatok és eredmények vizuális ábrázolásában, valamint alapvető statisztikai ismereteket is elsajátít. Ezáltal beletanul a data scientist munkakörbe, mely 21. század egyik legversenyképesebb foglalkozása.

[Saját link Egész oldal](#) Besorolás: [Biokémiai\\_téma](#)

Hallgatók: **Biológus, Biomérnök, Molekuláris bionika, info-bionika**

Maximális létszám: **2**

Feltételek/elvárások:

[n/a: No match]

Kapcsolat

Név: \*  E-mail cím: \*  Üzenet \*

Kérlek oldd meg az alábbi egyenletet, hogy bebizonyítsd, ember vagy.  $76 \square - 4 = \square$  Ezt a mezőt kérlek hagyd üresen:

Küldés

## **A soksejtűség evolúciójának genetikája és biotechnológiai alkalmazhatóságai**

**Dr. Nagy László** (SZBK - Biokémiai Intézet )

Laborunk biotechnológiailag fontos tulajdonságok genetikai hátterét kutatja különböző modellszervezetekben az összehasonlító genomika, genetika, bioinformatika eszközeivel. Célunk új, biotechnológiában (pl. bioüzemanyag gyártás) használható gének és génszabályozási hálózatok feltárása, a soksejtűség evolúciós hátterének rekonstruálása, valamint eukarióta összehasonlító genomikai módszerek fejlesztése.

[Saját link Egész oldal](#) Besorolás: [Genetikai\\_téma](#)

Hallgatók: **biológus**

Maximális létszám: **5**

Feltételek/elvárások:

angol nyelvtudás

[n/a: No match]

Kapcsolat

Név: \*  E-mail cím: \*  Üzenet \*

Kérlek oldd meg az alábbi egyenletet, hogy bebizonyítsd, ember vagy.  $71 + 15 = \square$  Ezt a mezőt kérlek hagyd üresen:

Küldés

## **Neosartorya fischeri antifungális proteinek és peptidszármazékaik kombinált alkalmazása a növény- és termésvédelemben**

**Galgóczi László** (SZTE - Biotechnológiai Tanszék)

Feltételezhetően a klímaváltozás (Plant Pathol 2011;60:150-63), és a növényvédő szerekkel szembeni rezisztencia széleskörű elterjedése miatt (Plant Dis 2016;100:10-24) Európában folyamatosan emelkedik a pre- és postharvest növénypatogén gombák által okozott kártételek esetszáma és az általuk mikotoxinnal szennyezett takarmány és élelmiszer mennyisége milliárdos euro veszteséget okozva évente, továbbá veszélyt jelentve az emberi és állati egészségre. Mindezek következtében szükségessé vált új, az eddigieknél hatékonyabb antifungális stratégiák kifejlesztése. A Neosartorya (Aspergillus) fischeri NRRL 181 által termelt antifungális proteinek (NFAP és NFAP2) és peptidszármazékaik tulajdonságaik alapján megfelelnek ennek a kihívásainak. Kimutattuk, hogy az NFAP hatékonyan gátolja számos növénypatogénként is ismert fonalgomba növekedését (Protein

Expr Purif 2014;94:79-84), míg az NFAP2 elsősorban az élesztőfajokkal szemben mutat antifungális aktivitást (AMB Expr 2016;6:75). Az evolúciósan konzervált, és az antimikrobiális hatásért felelős ún.  $\gamma$ -core motívumuk alapján tervezett peptidszarmazékaik szintén antifungálisan aktívnak bizonyultak. Biztonságos alkalmazhatóságukat alátámasztja az a megfigyelésünk, hogy egyik protein és peptidszarmazék sem mutatott toxikus hatást emlős sejtvonalakon (Antimicrob Agents Chemother 2019;63:e01777-18) és *Medicago truncatula* csíranövényen. Növénypatogén és mikotoxin-termelő gombákkal szemben végzett érzékenységi tesztheink során megfigyeltük, hogy az NFAP2 is képes növekedésgátló hatást kifejteni fonalagombákon, és az antifungális spektruma eltér az NFAP által mutatottól. Ennek hátterében a két protein eltérő hatásmechanizmusa állhat (Protein Cell 2015;6:518-28; Antimicrob Agents Chemother 2019;63:e01777-18). Eltérő hatásmechanizmusú antifungális szerek kombinációban történő alkalmazása hatékonyabbá teheti a kezelést, rövidítheti időtartamát, lehetővé teheti az alkalmazott hatékony dózis csökkentését és mindezek által csökkentheti a rezisztencia és a mellékhatások kialakulásának kockázatát (Future Microbiol 2015;10:1719-26). Ezeket figyelembe véve, munkahipotézisünk szerint az NFAP, NFAP2 és peptidszarmazékaik kombinációban történő alkalmazása hatékonyabb antifungális stratégiát eredményezhet a növény- és termésvédelemben, mint monoterápiás alkalmazásuk. Kutatási programunkban ezt kívánjuk vizsgálni és a következő konkrét célokat fogalmaztuk meg: 1.) Az NFAP és NFAP2, illetve peptidszarmazékaik in vitro antifungális hatékonyságának a vizsgálatát egymással történő kombinációban növénypatogén és mikotoxin-termelő fonalagombákkal szemben.

[Saját link Egész oldal](#) Besorolás: [Biotechnológiai\\_téma](#)

Hallgatók: **biológus MSc, esetleg biológia BSc**

Maximális létszám: **2**

Feltételek/elvárások:

@@Feltétel/elvárás:@@

[n/a: No match]

Kapcsolat

Név: \*  E-mail cím: \*  Üzenet \*

Kérlek oldd meg az alábbi egyenletet, hogy bebizonyítsd, ember vagy.  $196+9 = \square$  Ezt a mezőt

kérlek hagyd üresen:

Küldés

## A sejtmagi aktin biológiai jelentőségének vizsgálata

### Vilmos Péter (SZBK - MTA SZBK Genetikai Intézet)

Az elmúlt évtized egyik fontos, új felfedezése a sejtbiológiában, hogy az aktin a legősibb fehérjék egyike: kialakulása már a prokarióta-eukarióta sejtek közös őséiben megtörtént. Kiderült az is, hogy az eukarióta sejtekben az aktin és az aktinkötő fehérjék a sejtmagban is jelen vannak, nem csak a citoplazmában. Kutatócsoportunk az aktin meglepő sejtmagi lokalizációjának a biológiai jelentőségét vizsgálja, amihez az aktint a sejtmagba szállító importin génjét kiütöttük. A kutatócsoportban folyó munkához csatlakozva a jelölt az így létrehozott sejtmagi aktin hiány élettani jelentőségét vizsgálhatja.

[Saját link Egész oldal](#) Besorolás: [Sejtbiológiai\\_téma](#)

Hallgatók: **biológus - BSc, MSc**

Maximális létszám: **1**

Feltételek/elvárások:

Jó tanulmányi eredmények, a kutatói pálya iránti érdeklődés.

[n/a: No match]

## Kapcsolat

Név: \*  E-mail cím: \*  Üzenet \*

Kérlek oldd meg az alábbi egyenletet, hogy bebizonyítsd, ember vagy.  $190 \square - 14 \square = \square$  Ezt a mezőt kérlek hagyd üresen:

Küldés

## Egy aktinkötő fehérje sejtmagi transzportjának vizsgálata

### Vilmos Péter (SZBK - MTA SZBK Genetikai Intézet)

Csoportunk egy aktinkötő fehérje sejtmagi funkciójának felderítésével foglalkozik. A közelmúltban kiderítettük, hogy a fehérje az mRNS-ek magból való kiszállítását végzi, azonban továbbra sem ismert a sejtmagba való bejutása, onnan kijutása, és hogy pontosan milyen módon, milyen fehérjékkel együttműködve vesz részt az mRNS exportban. A kutatócsoportban folyó munkához csatlakozva a jelölt ezekre a kérdésekre keresheti a választ sejtbiológiai, genetikai és biokémiai eszközök felhasználásával.

[Saját link](#) [Egész oldal](#) Besorolás: [Sejtbiológiai\\_téma](#)

Hallgatók: **biológus - BSc, MSc**

Maximális létszám: **1**

Feltételek/elvárások:

Jó tanulmányi eredmények, a kutatói pálya iránti érdeklődés.

[n/a: No match]

## Kapcsolat

Név: \*  E-mail cím: \*  Üzenet \*

Kérlek oldd meg az alábbi egyenletet, hogy bebizonyítsd, ember vagy.  $67-9 = \square$  Ezt a mezőt kérlek hagyd üresen:

Küldés

## Erő és vibrációs spektroszkópia: egyedi molekuláktól élő sejtekig

### Végh Attila Gergely (SZBK - Biofizikai Intézet)

Sejtek, sejtalkotók strukturális, morfológiai valamint nanomechanikai vizsgálata képezi kutatásaink központi témáját, Raman spektroszkópiával kiegészített atomerő mikroszkópiai módszerekre alapozva. Kísérleteinkhez nagy felbontású morfológiai és rugalmasság térképek, valamint erő spektroszkópiát kiegészítve jelölésmentes kémiai képalkotást és hiperspektrális jellemzést is alkalmazunk. Ezen non-invazív és non-destruktív módszerekkel strukturális és morfológiai összefüggéseket vizsgálunk membánoktól sejtalkotókon át élő sejtekig.

[Saját link](#) [Egész oldal](#) Besorolás: [Biokémiai\\_téma](#)

Hallgatók: **bionika, biológia**

Maximális létszám: **2**

Feltételek/elvárások:

Elvárás a téma iránti érdeklődés, pozitív gondolkodás, kérdésorientált habitus, jó kommunikatív és kooperatív attitűd valamint erős késztetés a saját út megtalálására. Előnyt jelenthet spektroszkópiai valamint programozási nyelvek alapszintű ismerete.

[n/a: No match]

Kapcsolat

Név: \*  E-mail cím: \*  Üzenet \*

Kérlek oldd meg az alábbi egyenletet, hogy bebizonyítsd, ember vagy.  $13 - 9 = \square$  Ezt a mezőt kérlek hagyd üresen:

Küldés

## Metasztázis képződés nanomechanikája

### Végh Attila Gergely (SZBK - Biofizikai Intézet)

A központi idegrendszer érintő daganatok többsége nem helyben kialakult rosszindulatú sejtburjánzás. Gyakoribbak, a szervezet távoli részein létrejött elsődleges tumorokból származó, az agyba jutott rákos sejtekből kifejlődő áttétek. Nyirokkeringés hiányában, az agyba való bejutásban kulcsszerep jut a vér-agy gátnak, melynek első védvonala az ereket bélelő endotélsejtek szoros kapcsolatokkal átszőtt rétege. Ezen a szoros záróvonalon való átjutáshoz, a véráramban sodródó tumorsejteknek először megfelelő tapadást kell kialakítaniuk az endotélsejtekhez, majd keresztülfurakodni. Kutatásunk során többek közt olyan nanomechanikai mechanizmusokat vizsgálunk, melyek kulcsfontosságúak a metastatikus sejtek számára egy olyan szoros barrier áttörésében, mint a vér-agy gát.

[Saját link](#) [Egész oldal](#) *Besorolás:* [Biofizikai\\_téma](#)

*Hallgatók:* **bionika, biológia**

*Maximális létszám:* **2**

*Feltételek/elvárások:*

Elvárás a téma iránti érdeklődés, pozitív gondolkodás, kérdésorientált habitus, jó kommunikatív és kooperatív attitűd valamint erős késztetés a saját út megtalálására. Előnyt jelenthet programozási nyelvek alapszintű ismerete.

[n/a: No match]

Kapcsolat

Név: \*  E-mail cím: \*  Üzenet \*

Kérlek oldd meg az alábbi egyenletet, hogy bebizonyítsd, ember vagy.  $201 - 10 = \square$  Ezt a mezőt kérlek hagyd üresen:

Küldés

## Élő sejtek mechanobiológiája

### Végh Attila Gergely (SZBK - Biofizikai Intézet)

Az élő szervezetek legkisebb önfenntartó egysége a sejt. A fiziológias funkció és mechanikai hatások közötti összefüggések a makro világban tekintélyes múlttal rendelkeznek, míg a mikro- és nano- világ kevésbé feltártak. Intra- (pl. rugalmasság, viszkozitás etc.) és intercelluláris (pl. adhéziós erő, munka etc.) mechanikai paraméterek vizsgálatának széles spektrumára alapozva fontos információkhoz juthatunk az élő sejt-fiziológia mechanikai vonatkozásainak megértéséhez, ami a további in vivo alkalmazás felé is segítséget nyújthat. Kísérleteink központi témája élő sejtek mechanikai tulajdonságainak vizsgálata.

[Saját link](#) [Egész oldal](#) *Besorolás:* [Biofizikai\\_téma](#)

*Hallgatók:* **bionika, biológia**

*Maximális létszám:* **2**

*Feltételek/elvárások:*

Elvárás a téma iránti érdeklődés, pozitív gondolkodás, kérdésorientált habitus, jó kommunikatív és kooperatív attitűd valamint erős késztetés a saját út megtalálására. Előnyt jelenthet programozási nyelvek alapszintű ismerete.

[n/a: No match]

Kapcsolat

Név: \*  E-mail cím: \*  Üzenet \*

Kérlek oldd meg az alábbi egyenletet, hogy bebizonyítsd, ember vagy.  $95 - 2 = \square$  Ezt a mezőt kérlek hagyd üresen:

Küldés

## Replikációs fehérjék biokémiai jellemzése

### Burkovics Péter (SZBK - Genetikai Intézet)

Minden sejtosztódás során szükséges a DNS pontos másolása. A másolás során keletkező hibák az utódsejtek halálát, rákos elváltozást okozhatják. Ezeket a hibákat számos tényező előidézheti, például a replikációt végző polimerázok pontatlansága (minden 10 a 7.-en nt-ot hibásan épít be), illetve a DNS-t érő sérülések vagy a replikáció során egyszálúvá váló DNS templát szál másodlagos konformációja. A replikációs blokkot okozó szakaszok átírásához számos fehérje együttműködésére van szükség. Laborunkban lehetőség nyílik a replikációban részt vevő fehérjék aktivitásának vizsgálatára és a közöttük lévő interakciók feltérképezésére.

[Saját link](#) [Egész oldal](#) *Besorolás:* [Biokémiai\\_téma](#)

*Hallgatók:* **Biológia BSc, Biológia MSc, Biomérnök**

*Maximális létszám:* **1-2**

*Feltételek/elvárások:*

Felvételi elbeszélgetés alapján

[n/a: No match]

Kapcsolat

Név: \*  E-mail cím: \*  Üzenet \*

Kérlek oldd meg az alábbi egyenletet, hogy bebizonyítsd, ember vagy.  $248 - 10 = \square$  Ezt a mezőt kérlek hagyd üresen:

Küldés

## DNS replikáció vizsgálata C. elegans modell rendszerben

### Burkovics Péter (SZBK - Genetikai Intézet)

Minden élőlény számára létfontosságú a genetikai információ pontos lemásolása. Mivel az emberben a hibásan átíródott DNS rákos elváltozás kialakulásához vezethet, ezért fontos megértenünk, hogy a replikáció alatt hogyan őrződik meg a genom integritása. A DNS másolása során számos körülmény lassíthatja a replikációs villa haladását. Ennek okai lehetnek a templát DNS szál különböző sérülései, illetve stabil másodlagos szerkezetei, amelyek a replikáció elakadásához vezethetnek. A Caenorhabditis elegans fonálféreg faj az 1970-es évek közepétől vált a genetikai analízis egyik közkedvelt genetikai modell rendszerévé, amikor is Sydney Brenner kiválasztotta fejlődésgenetikai problémák és az idegrendszer működésének tanulmányozására. Azóta teljes genomjának szekvenálása megtörtént, így ismert, hogy genetikai állománya nagyon kompakt, mindemellett génjei 70%-nak van humán ortológja. A laborunkban rendelkezésre álló mutánsok vizsgálatával

lehetőségünk nyílik a DNS replikáció tanulmányozására, például a nehezen átíródó szekvenciák esetében.

[Saját link Egész oldal](#) Besorolás: [Genetikai\\_téma](#)

Hallgatók: **Biológia BSc, Biológia MSc, Biomérnök**

Maximális létszám: **1-2**

Feltételek/elvárások:

Felvételi elbeszélgetés alapján.

[n/a: No match]

Kapcsolat

Név: \*  E-mail cím: \*  Üzenet \*

Kérlek oldd meg az alábbi egyenletet, hogy bebizonyítsd, ember vagy.  $223 + 7 =$   Ezt a mezőt kérlek hagyd üresen:

Küldés

### DNS replikáció speciális eseteinek vizsgálata élesztő modell rendszerben

#### Burkovics Péter (SZBK - Genetikai Intézet)

A replikáció során egyszálúvá váló DNS - saját szekvenciája miatt - másodlagos szerkezetet formálhat, melynek átírása nehézségeket okozhat. Ezen speciális szekvenciák közül a G4 (G-quadruplex) az, amit a legintenzívebben vizsgálnak. A G4 képes egy tetramer szerkezetet felvenni, amelyet a DNS szálban található guaninok közötti Hoogsteen bázispárosodás tart össze. A legismertebb és legjobban tanulmányozott G4 struktúra a kromoszómák végeit védő telomer. Kevésbé kutatottak azonban az intrakromoszómálisan előforduló G4 szekvenciák, amelyek transzkripciós és translációs szabályozó szerepe nem olyan régről ismert. Laborunkban lehetőség nyílik ezen struktúrák jelentőségének és replikációjának vizsgálatára in vivo rendszerekben.

[Saját link Egész oldal](#) Besorolás: [Genetikai\\_téma](#)

Hallgatók: **Biológia BSc, Biológia MSc, Biomérnök**

Maximális létszám: **1-2**

Feltételek/elvárások:

Felvételi elbeszélgetés alapján.

[n/a: No match]

Kapcsolat

Név: \*  E-mail cím: \*  Üzenet \*

Kérlek oldd meg az alábbi egyenletet, hogy bebizonyítsd, ember vagy.  $233 - 4 =$   Ezt a mezőt kérlek hagyd üresen:

Küldés

### A szarkomer képződés tanulmányozása Drosophilában

#### Mihály József (SZBK - Genetikai Intézet)

A szarkomerikus vékony filamentumok gerince aktin filamentumokból áll. A polarizált aktin filamentumok több mikrométer hosszúságúak, azonban nem ismert sem a pontos képződési mechanizmusuk, sem az, hogy hogyan szabályozódik a hosszuk. Csoportunk aktin nukleációs faktorok vizsgálatával és STORM mikroszkópia alkalmazásával próbálja ezeket az alapvető kérdéseket megválaszolni.

[Saját link](#) [Egész oldal](#) Besorolás: [Genetikai\\_téma](#)

Hallgatók: **Biológus**

Maximális létszám: **2**

Feltételek/elvárások:

[n/a: No match]

Kapcsolat

Név: \*  E-mail cím: \*  Üzenet \*

Kérlek oldd meg az alábbi egyenletet, hogy bebizonyítsd, ember vagy.  $49 - 5 = \square$  Ezt a mezőt kérlek hagyd üresen:

Küldés

## Az aktin és a mikrotubulus sejtvezeték kölcsönhatásának vizsgálata az axon növekedés során

Mihály József (SZTE - Genetikai Intézet)

Az aktin és mikrotubulus sejtvezeték koordinált szabályozása az axon növekedés egyik kritikus lépése. Csoportunk ezt a folyamatot tanulmányozza biokémiai, genetikai és sejtbiológiai eszközök kombinálásával.

[Saját link](#) [Egész oldal](#) Besorolás: [Genetikai\\_téma](#)

Hallgatók: **Biológus**

Maximális létszám: **1**

Feltételek/elvárások:

[n/a: No match]

Kapcsolat

Név: \*  E-mail cím: \*  Üzenet \*

Kérlek oldd meg az alábbi egyenletet, hogy bebizonyítsd, ember vagy.  $124 + 5 = \square$  Ezt a mezőt kérlek hagyd üresen:

Küldés

## Az Frl formin funkcionális jellemzése

Mihály József (SZBK - Genetikai Intézet)

Az aktin összeszerelő faktorként működő Frl formin szerepének megismerése az összetett szem és az ovárium fejlődése során ecetmuslicában.

[Saját link](#) [Egész oldal](#) Besorolás: [Genetikai\\_téma](#)

Hallgatók: **Biológus**

Maximális létszám: **1**

Feltételek/elvárások:

[n/a: No match]

Kapcsolat

Név: \*  E-mail cím: \*  Üzenet \*

Kérlek oldd meg az alábbi egyenletet, hogy bebizonyítsd, ember vagy.  $95 + 5 = \square$  Ezt a mezőt



kérlek hagyd üresen:

Küldés

## Lipidek szabályozó szerepe autofágia során

Laczkó-Dobos Hajnalka (SZBK - SZBK Genetika Intézet, Lendület Drosophila Autofágia Kutatócsoport)

Az autofágia az eukarióta sejtek „önemésztő” folyamata, amelynek során lizoszómáik segítségével lebontják a citoplazmájukban felhalmozódott károsult vagy elavult anyagokat. Az autofágia nem megfelelő szabályozása számos neurodegeneratív betegség, rák, korai öregedéshez stb. vezet. Ez a lebontó folyamat egyedi membránok, membrán-határolt vezikulumok biogenezisének alapszik. A membránok fő alkotó elemei a lipidek és fehérjék, amelyek együttesen biztosítják a membránok szerkezeti épségét és működését. Az autofágia kutatás fő alanyai főként a fehérjék, nagyon keveset tudunk arról, hogy milyen lipidek építik fel az autofág-membránokat, illetve a lipidek autofágiában játszott szerepéről és főként arról, hogy milyen lipid-fehérje kölcsönhatások léteznek az autofágia során. Szerkezeti és funkcionális vizsgálatainkhoz modelszervezetként a Drosophila melanogastert használjuk. Kutatásainkhoz biokémiai, biofizikai, molekuláris és sejtbiológiai módszerek együttesét alkalmazzuk, főként arra fókuszálva, hogy kiderítsük, hogyan befolyásolják a specifikus lipidek a Syntaxin 17 fehérjének az autofagoszómába való beépülését, amely a lizoszómával való fúzióhoz szükséges. Ezzel a multidiszciplináris módszertani megközelítéssel kapott eredmények hozzá járulnak ahhoz, hogy megismerjük az autofág-membránokat felépítő lipideket és azok funkcionális szerepét, valamint lehetséges új terápiás eljárások, gyógyszerek fejlesztéséhez is.

[Saját link](#) [Egész oldal](#) *Besorolás:* [Biokémiai\\_téma](#)

*Hallgatók:* **BSc és MSc biológus**

*Maximális létszám:* **3**

*Feltételek/elvárások:*

[n/a: No match]

Kapcsolat

Név: \*  E-mail cím: \*  Üzenet \*

Kérlek oldd meg az alábbi egyenletet, hogy bebizonyítsd, ember vagy.  $192 + 5 = \square$  Ezt a mezőt

kérlek hagyd üresen:

Küldés

## A sorting nexinek szerepének vizsgálata az ecetmuslica szövetek endoszómális rendszerében és az autofágiában

Maruzs Tamás (SZBK - Genetikai Intézet, Lendület Drosophila Autofágia Kutatócsoport)

A sorting nexin (Snx) családba tartozó fehérjék egy speciális PX (Phox Homology) domain tartalmaznak, mely elsősorban foszfatidil-inozitol-3-foszfátot képes kötni. Ez a lipidmolekula főleg az endoszómális rendszer vezikulumain található meg, de jellemző komponense az autofagoszómák membránjának is. A PX domain mellett egyes sorting nexinek tartalmaznak egy ún. BAR (Bin-Amphiphysin-Rvs) domain is, mely képes a foszfolipid membránokon nagyfokú görbület létrehozására (és/vagy annak érzékelésére és stabilizálására). A BAR-domainnel rendelkező Snx fehérjék dimerizálódva, illetve egyéb fehérjékkel komplexeket alkotva az endoszómális rendszer vezikulumairól tubulusok lefűződését indukálják, mellyel fontos szerepet játszanak például a korai és

késői endoszómákban zajló fehérjeválogatási folyamatokban. A BAR-domainnel nem rendelkező Snx fehérjék ilyen membrángörbület létrehozására önállóan nem képesek ugyan, de adaptorként működve olyan burokfehérjék toborzásában vehetnek részt, melyek rendelkeznek ilyen funkcióval. Emlősökben 33 fehérjét sorolnak a sorting nexinek közé, míg ecetmuslicában nyolc snx gén található, melyek közül három rendelkezik BAR-domain kódoló szekvenciával, a többi viszont nem – ez utóbbiak nagyrészt karakterizálatlanok. A sorting nexinek lipidkötő motívumának és membrántranszportban eddig leírt funkcióik ismeretében valószínűsíthető, hogy az ecetmuslicában eddig még nem jellemzett Snx fehérjék valamilyen szereppel bírnak a sejtek endomembrán rendszerében.

[Saját link](#) [Egész oldal](#) *Besorolás:* [Sejtbiológiai\\_téma](#)

*Hallgatók:* **Biológia**

*Maximális létszám:* **2 fő**

*Feltételek/elvárások:*

-

[n/a: No match]

Kapcsolat

Név: \*  E-mail cím: \*  Üzenet \*

Kérlek oldd meg az alábbi egyenletet, hogy bebizonyítsd, ember vagy.  $203+12\Box = \Box$  Ezt a mezőt

kérlek hagyd üresen:

Küldés

## **Az ultrastrukturális elváltozások morfológiai karakterizálása az amiotrófiás laterálszklerózis SOD1 transzgenikus egérmódeli mozgató idegsejtjeiben**

**Siklós László és Patai Roland** (SZBK - Biofizikai Intézet, Molekuláris Neurobiológia Kutatóegység, Neuronális Plaszticitás Kutatócsoport)

Kísérleteink a mozgató idegrendszer ismeretlen eredetű, gyógyíthatatlan degeneratív betegségének, az amiotrófiás laterálszklerózisnak (ALS) a patobiológiáját meghatározó, még ismeretlen folyamatok feltárására és a komplex patomechanizmus megértésére irányulnak. A hallgatóknak lehetőséget biztosítunk, hogy az ALS leggyakrabban használt, SOD1 transzgenikus modelljén morfológiai és morfometriai módszerekkel vizsgálja a mozgató idegsejtek ultrastrukturális károsodását. Emellett geometriai statisztika eszközeit alkalmazva, a hallgató elsajátíthatja a mikroszkópos fotografikus munka szabályait, hogy a több milliárdnyi idegsejtből parányi minták segítségével hogyan származtathatók torzítatlan adatok sejt típusok mennyiségére, méretére, kapcsolatainak számára, egyfajta specializációval rendelkező sejt felszínének méretére, stb. vonatkozóan. Az elsajátítható technikákat az elektronmikroszkópián és az elektrontomográfián kívül a biológiai szerkezet-kutatási minta-előkészítő eljárások, molekula-kimutatási jelölési technikák, mintavételezési technikák, interaktív és automatikus számítógépes képelemzési módszerek teszik teljessé.

[Saját link](#) [Egész oldal](#) *Besorolás:* [Orvosi\\_diszciplina](#)

*Hallgatók:* **Biológus M.Sc.**

*Maximális létszám:* **1 fő**

*Feltételek/elvárások:*

középfokú angol nyelvtudás biológiai/orvostudományi szakmai angol nyelvtudás mikroszkópos technikák elméleti alapjainak ismerete

[n/a: No match]

Kapcsolat

Név: \*  E-mail cím: \*  Üzenet \*

Kérlek oldd meg az alábbi egyenletet, hogy bebizonyítsd, ember vagy.  $212 + 13 = \square$  Ezt a mezőt kérlek hagyd üresen:

Küldés

### Háromdimenziós morfológiai képalkotás a szerkezetkutató alkalmazásokban

**Patai Roland** (SZBK - Biofizikai Intézet, Molekuláris Neurobiológia Kutatóegység, Neuronális Plaszticitás Kutatócsoport)

A sejtbiológiai kutatások feladata az élő anyag működésének, szerkezetének, valamint ezek összefüggéseinek megértése. Ennek érdekében a szekvenálási módszerek hatalmas mennyiségű adatot generálnak —mely „omikai” adatbázisokkal való kombinálás után— alapvető élettani és kórélettani folyamatok megértéséhez járulnak hozzá. A felhalmozódó molekuláris biológiai adatmennyiség strukturális relevanciájának megismerése az eredmények térbeli rekonstruálását igényli. Ehhez a megfelelő eszközpalletát a strukturális elemek „omikai” leírására kifejlesztett, úgynevezett morfológiai módszerek biztosítják. E módszerek a hagyományos kis felbontóképességű háromdimenziós képalkotó eljárásokon kívül (CT és PET) magukba foglalják az újgenerációs nagy felbontóképességű háromdimenziós képalkotást is, úgymint a fénypenge mikroszkópiát és az elektrontomográfiát. A szakdolgozatban a centiméterestől a nanométeres nagyságrendig tartó háromdimenziós képalkotás szakirodalmi áttekintésére biztosítunk lehetőséget, melyet az elektrontomográfia gyakorlati elsajátításával egészíthet ki a hallgató.

[Saját link](#) [Egész oldal](#) *Besorolás:* [Módszertani\\_téma](#)

*Hallgatók:* **biológia B.Sc.**

*Maximális létszám:* **1 fő**

*Feltételek/elvárások:*

Középfokú angol nyelvtudás

[n/a: No match]

Kapcsolat

Név: \*  E-mail cím: \*  Üzenet \*

Kérlek oldd meg az alábbi egyenletet, hogy bebizonyítsd, ember vagy.  $44 + 11 = \square$  Ezt a mezőt kérlek hagyd üresen:

Küldés

### Az autofágia szerepe az axonok épségének fenntartásában öregedés során

**Szabó Áron** (SZBK - Genetikai Intézet)

Az autofágia szerepe az axonok épségének fenntartásában öregedés során *Drosophilában*

[Saját link](#) [Egész oldal](#) *Besorolás:* [Genetikai\\_téma](#)

*Hallgatók:* **biológia, molekuláris bionika**

*Maximális létszám:* **1**

*Feltételek/elvárások:*

[n/a: No match]

Kapcsolat

Név: \*  E-mail cím: \*  Üzenet \*

Kérlek oldd meg az alábbi egyenletet, hogy bebizonyítsd, ember vagy.  $115 - 3 = \square$  Ezt a mezőt

kérlek hagyd üresen:

Küldés

## Az autofágia szerepe az idegsérülések során keletkező axontörmelék gliális fagocitózisában

Szabó Áron (SZBK - Genetikai Intézet)

Az autofágia szerepe az idegsérülések során keletkező axontörmelék gliális fagocitózisában Drosophilában

[Saját link Egész oldal](#) Besorolás: [Genetikai\\_téma](#)

Hallgatók: **biológia, molekuláris bionika**

Maximális létszám: **1**

Feltételek/elvárások:

[n/a: No match]

Kapcsolat

Név: \*  E-mail cím: \*  Üzenet \*

Kérlek oldd meg az alábbi egyenletet, hogy bebizonyítsd, ember vagy.  $222 + 13 = \square$  Ezt a mezőt

kérlek hagyd üresen:

Küldés

## Az ADP-riboziláció szerepe a daganatképződésben

Timinszky Gyula (SZBK - Genetikai Intézet)

A genom stabilitása minden élőlény számára létfontosságú. Amennyiben a DNS károsodásainak javítása nem történik meg időben, a keletkező mutációk daganatok képződéséhez vezethetnek. Sőt, a DNS javító mechanizmusainak elégtelen működése immundeficiens kórképek, neurodegeneratív betegségek kialakulásában és a korai öregedésben is szerepet játszik. Az ADP-riboziláció a DNS sérülést követően egyik legkorábban megjelenő poszttranszlációs módosítás. Nem megfelelő szabályozása a DNA javítás elégtelen működéséhez vezet szerepet játszva daganatok kialakulásában. Kutatásaink rámutattak az ADP-riboziláció kromatinszerkezetet és sejtmagi transzportot szabályozó szerepére. Emellett egy új, DNS károsodás-indukálta sejtmagi export folyamatot is felfedeztünk, ami az ADP-ribozilációt szabályozza. Kutatásaink célja, hogy megismerjük az ADP-riboziláció által szabályozott fehérjéket, és megértsük azok a DNS javítása során a kromatinszerkezet kialakításában illetve a sejtmagi transzportban betöltött szerepét. Kutatásainkat humán sejteken végezzük, és a forradalmi CRISPR technológián alapuló génmódosításoktól kezdve a GFP-vel fluoreszcensen jelölt fehérjék mikroszkópos vizsgálatáig a molekuláris biológia legújabb módszereit igyekszünk használni. Eredményeink végső soron segítik a DNS elégtelen hibajavítása miatt kialakuló betegségek jobb megértését, azok felismerését és gyógyítását.

[Saját link Egész oldal](#) Besorolás: [Sejtbiológiai\\_téma](#)

Hallgatók: **mester szak**

Maximális létszám: **3**

Feltételek/elvárások:

angol nyelvtudás

[n/a: No match]

Kapcsolat

Név: \*  E-mail cím: \*  Üzenet \*

Kérlek oldd meg az alábbi egyenletet, hogy bebizonyítsd, ember vagy.  $63 + 4 = \square$  Ezt a mezőt kérlek hagyd üresen:

Küldés

## DNS hibajavítási mechanizmusok és szerepük a tumorgenezis folyamatában

**Dr. Pankotai Tibor** (SZTE - Biokémiai és Molekuláris Biológiai Tanszék, Genom Integritás és DNS Hibajavítás Csoport)

A kettős szálú DNS törések kialakulásában szerepet játszanak külső források, mint kémiai ágensek és ionizáló sugárzások vagy belső források, mint a replikációs hibák, amelyek a genom stabilitására hatva transzlokációkat okoznak és rákos folyamatok kialakulásához vezetnek. Az eukarióta sejtekben a DNS-t templátként használó folyamatok kromatin szerkezeti változásokat hoznak létre, ezáltal a kromatin szerkezet maga befolyással van a DNS hibák kijavításának sebességére és az aktivált hibajavító útvonal kiválasztására is. A DNS törés kialakulása után a kromatin szerkezet fellazul, ami lehetővé teszi a javító faktorok gyorsabb kötődését a törés helyén, ezáltal növelve a javítás sebességét. A kromatin szerkezet fellazulásának elmaradása vagy a folyamatban történő bármilyen hibás működés a hibajavítást lassítja, ezáltal megnöveli a mutációk és transzlokációk kialakulását, így nagyobb valószínűséggel alakul ki rákos folyamat és gyorsabb sejtöregedés. Az általunk használni kívánt kísérleti rendszer nagymértékben hozzájárulhat olyan eddig nem ismert kromatin szerkezetet érintő folyamatok megértésében, amelyek nemcsak új rákterápiás célpontok azonosítását teszi lehetővé, hanem rákellenes gyógyszerek tesztelésének lehetőségeit is.

Kísérleti modellünk elsődlegesen immortalizált humán sejtek valamint tumorokból indított primer sejttörzsetek.

[Saját link](#) [Egész oldal](#) *Besorolás:* [Biokémiai\\_téma](#)

*Hallgatók:* **BSc és MSc hallgatók**

*Maximális létszám:* **3**

*Feltételek/elvárások:*

Aktív részvétel a csoport kutatási életében valamint angol nyelvtudás, mivel a csoport munkájában külföldi kollégák is részt vesznek.

[n/a: No match]

Kapcsolat

Név: \*  E-mail cím: \*  Üzenet \*

Kérlek oldd meg az alábbi egyenletet, hogy bebizonyítsd, ember vagy.  $37 + 2 = \square$  Ezt a mezőt kérlek hagyd üresen:

Küldés

## Dezubikvitilázok funkcionális analízise Drosophila melanogasterben.

**Deák Péter** (SZTE - Genetikai Tanszék)

A fehérjék reverzibilis ubikvitilációja olyan alapvető sejt folyamatok szabályozásában játszik szerepet, mint a sejtosztódás, sejtpusztulás, génkifejeződés és jelátvitel. Az ubikvitiláció egy dinamikus folyamat, melynek során ubikvitiláló enzimek kapcsolnak ubikvitin molekulákat célfehérjékhez, amiket aztán dezubikvitiláló enzimek, vagy DUB-ok távolítanak el. Ma már nyilvánvaló a DUB enzimek

jelentősége, és számos tanulmány foglalkozott a DUB-ok enzimatisms tulajdonságaival és hatásmechanizmusával, azonban tudásunk még mindig hiányos az élettani fontosságukat és a szabályozásukat illetően. Abból a célból, hogy kiderítsük élettani fontosságukat és alaposabb ismereteket szerezzünk a sejten belüli feladatokról és szabályozásokról, különböző DUB enzimeket kódoló gének szisztematikus genetikai vizsgálatát végezzük egy genetikailag jól kezelhető kísérleti rendszerben, az ecetmuslicában (*Drosophila melanogaster*). A téma iránt érdeklődő hallgató feladata lesz DUB mutánsok fenotípusos jellemzése, valamint genetikai interakción alapuló szűrések kivitelezése avval a céllal, hogy azonosítsuk azokat a DUB géneket, amelyeknek szerepe lehet a sejtciklus szabályozásában és a fehérjedegradációban. Ezt követően részletes funkcionális analízist végezzon néhány - a fenotípusos adatok alapján kiválasztott - DUB génen. Mivel az ubikvitiláció és dezubikvitiláció is alapvető fontosságú a normál sejtosztódáshoz, e két folyamat nem megfelelő aktivációja, vagy inaktivációja hibás sejtosztódáshoz vezethet, ami akár fejlődési rendellenességek és betegségek kiváltó oka is lehet. Azt reméljük, hogy az általunk elvégzett vizsgálatok nemcsak a DUB-ok szerepével és szabályozásával kapcsolatosan bővítik majd ismereteinket, hanem lehetőséget teremtenek a DUB-ok enzimaktivitásának manipulálására is, amivel akár új terápiás lehetőségek kiindulópontja lehet.

[Saját link](#) [Egész oldal](#) *Besorolás:* [Genetikai\\_téma](#)

*Hallgatók:* Biológus, biomérnök

*Maximális létszám:* **1-2**

*Feltételek/elvárások:*

Angol nyelvtudás. Biztos genetikai és molekuláris biológiai alapismeretek, valamint a genetika iránti érdeklődés.

[n/a: No match]

Kapcsolat

Név: \*  E-mail cím: \*  Üzenet \*

Kérlek oldd meg az alábbi egyenletet, hogy bebizonyítsd, ember vagy.  $218 + 11 =$   Ezt a mezőt kérlek hagyd üresen:

Küldés

From:

<http://www.bio.u-szeged.hu/> - **BI**

Permanent link:

<http://www.bio.u-szeged.hu/doku.php/hu:bint:oktatas:szakdolgozat:start>

Last update: **2019/10/03 20:54**

