Szegedi Tudományegyetem
Természettudományi és Informatikai Kar

# Biológia Intézet

# Genetikai Tanszék

## A tanszék története

A Genetikai Tanszék kialakulása 1967 őszére vezethető vissza, amikor Dr. Alföldi Lajos "Öröklés és származástan" címmel genetikát, mint két féléves tárgyat kezdett tanítani a József Attila Tudományegyetem Természettudományi Karán, biológus és biológia tanár szakos hallgatók számára. Az Állatélettani Tanszéken belül 1968-ban jött létre Dr. Alföldi Lajos vezetésével egy Genetikai Csoport, és mint szervezeti egység, ez tekinthető tanszékünk elődjének. Önálló oktatási egységként a Genetikai Tanszék 1974-ben, Dr. Orosz László vezetésével alakult meg az egyetem újszegedi új épületében. Dr. Orosz László 1974 és 1989 között vezette a tanszéken folyó oktató és kutató munkát. A tanszék által oktatott szigorlati tárgy a genetika volt. 1989-től Dr. Maróy Péter vette át a tanszék vezetését, és folytatta a genetika, mint szigorlati tárgy oktatását. 1990-ben a tanszékhez csatlakozott a Biológiai Izotóp Laboratórium is. 2000-ben a Genetika Tanszék a Genetikai és Molekuláris Biológiai Tanszék nevet vette fel. Ettől kezdve a tanszéken két szigorlati tárgy, genetika és molekuláris biológia oktatása folyt biológia tanár és biológus hallgatóknak. 2002-ben a tanszék munkatársa, Dr. Boros Imre Miklós kapott tanszékvezetői kinevezést. Ekkor szűnt meg a Biológiai Izotóp Laboratórium, és helyette egy Molekuláris Biológiai Egység jött létre a genetikai munkacsoportok mellett. 2006-ban ismét Dr. Maróy Pétert nevezték ki tanszékvezetőnek. Kezdeményezésére a tanszék ismét a Genetikai Tanszék nevet vette fel. A tanszéken oktatott szigorlati tárgy a genetika, a molekuláris biológia oktatása átkerül a Biokémiai és Molekuláris Biológiai Tanszékre. 2011 ás 2019 között Dr Deák Péter vezette a Genetikai tanszéket. 2019. július 1-től Dr. Kozma-Bognár László kapott tanszékvezetői kinevezést.

Kozma-Bognár László

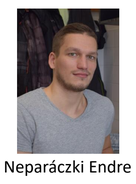
Török Tibor

Sinka Rita

Deák Péter

Gausz János

Maróy Péter


Neparáczki Endre

Vedelek Viktor

Alzyoud Elham

Maár Kitti Anita

Nyári Dóra Vivien

Bogos Orsolya

Balogné Dosztig Monika

Bodroginé Török Anikó

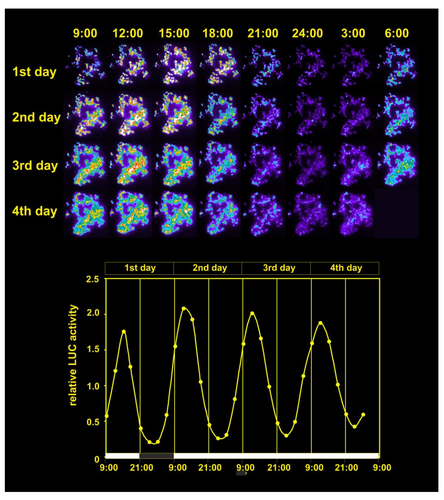
Hajduné Tóth Melinda

Apjok Ibolya

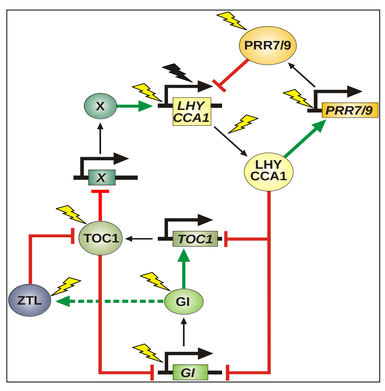
## A cirkadián óra molekuláris szerkezetének és működésének vizsgálata

**Dr. Kozma-Bognár László** kutatócsoportja

Az eukarióta szervezetekben működő biológiai (vagy cirkadián) óra valójában egy olyan genetikai hálózat, amelyet számos egymást szabályozó gén alkot. A gének közti kölcsönhatások eredményeként kifejeződésük kb. 24 órás ritmust mutat. Ez az alap-oszilláció, mint egyfajta karmester, számos életfolyamat megjelenését szabályozza olyan módon, hogy azok az arra legmegfelelőbb napszakban történjenek. Kísérleteink során a növényi (*Arabidopsis thaliana*)cirkadián óra újabb, még ismeretlen komponensei után kutatunk, illetve az óra és a növényekszámára jelentős egyéb jelátviteli rendszerek (fény, (a)biotikus stressz, virágzás) köztikölcsönhatásokat tanulmányozzuk. Ezen belül külön hangsúlyt fektetünk a fény jelátvitel és az óra kapcsolatára, mivel a fény az egyik legfontosabb környezeti tényező, amely nap mint nap a valós időhöz állítja a cirkadián órát. Folyamatosan fejlesztett kutatási eszközeink és módszereink a modern molekuláris biológia számos területét lefedik (génkifejeződés meghatározása, genetikai térképezés, gén izolálás/módosítás, cirkadián-szabályozott lumineszcens riporterek alkalmazása transzgenikus élőlényekben), így az általuk szerzett tudás és tapasztalat nagyon sokféle és egyéb modellszervezeteket célzó kutatási téma művelésekor is kamatoztatható.




***Egy óraszabályozott promoter:luciferáz génkonstrukció ritmikus aktivitása transzgenikus növényekben*** *Az ábra felső részén ugyanazon növénycsoportról készített digitális felvétel-sorozat látható. A felvételek időpontját (óra) a panel felett, a napját pedig bal oldalt jelöltük. Az ábra alsó részén a képek feldolgozása után kapott relatív luciferáz aktivitás értékeket ábrázoltuk az idő függvényében.*




***A növényi cirkadián óra modellje***
*Az óragéneket négyszögek, a fehérjéket ellipszisek jelzik. A pozitív vagy negatív hatásokat zöld vagy piros vonalakkal jelöltük. A villám szimbólumok fényszabályozott lépésekre utalnak. A növényi órát három, egymással összekapcsolt szabályozó hurok építi fel, amelyek együttesen hozák létre a kb. 24 órás alaposzcillációt. A rendszer, bár erősen megváltozott periódussal és amplitúdóval, de képes önfenntartó oszcillációra akkor is, ha az egyik hurok működése megszűnik (pl. az adott óragén mutációja miatt).*

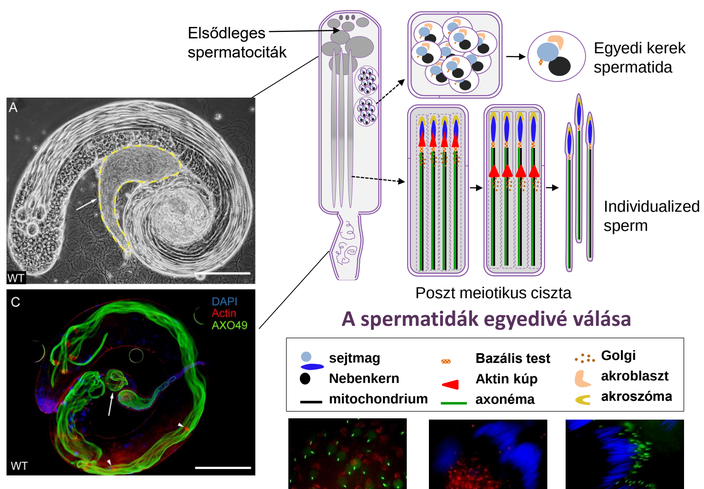
***A cirkadián óra a nappalhosszúság mérésének is alapvető tényezője***
*A képen azonos korú Arabidopsis növények láthatók. A bal oldaliak rövidnappalos (RN), a jobb oldaliak hosszúnappalos (HN) körülmények között nevelkedtek. Az Arabidopsis ún. HN növény, mivel korábban virágzik ilyen körülmények között. A nappalhosszúság mérésének alapja az, hogy az óra az egyik fő virágzást szabályozó gén (CO, CONSTANS) kifejeződését olyan napszakra időzíti, amelyik HN körülmények között még fénybe, de RN körülmények között már sötétbe esik. Mivel a CO fehérje csak fényben stabil, RN körülmények között nem halmozódhat fel, így a virágzás késik. Az RN növényekben is a CO ritmikus kifejeződése „méri" a nappal hosszát, de ott a CO a virágzást gátló funkcióval rendelkezik.*

## A spermatogenezis vizsgálata

**Dr. Sinka Rita** kutatócsoportja

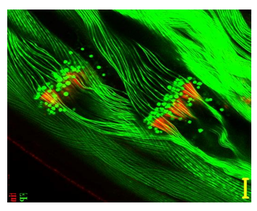
A spermium alakja, szerkezete és struktúrái, mint az akroszóma, a kondenzált sejtmag, a flagellum, általános az állatvilágban. A *Drosophila* hímivarsejt képzése könnyen tanulmányozható, a korai stádiumok esetén az őssejt niche fenntartása, a mitózis és meiózis folyamata, és a késői stádiumok folyamatai, a sejtmag kondenzáció, az elongáció és az individualizáció is megfigyelhető egyetlen tesztiszben. Csoportunk a hímivarsejt képződés késői szakaszának megismerésére fókuszál, ahol a spermatidák megnyúlnak, a sejtek citoplazmája aktív lebontó folyamatok segítségével degradálódik, és kialakul az egyedi spermium. Sikeresen izoláltunk hímsteril mutánsokat különböző transzpozon inszerciós gyűjteményekből. A mutánsok jellemzése a hímivarsejt képződés folyamatának részletesebb megismeréséhez vezet. Klasszikus genetikai és molekuláris biológiai módszerek segítségével próbáljuk megérteni a spermiumokra jellemző mitokondriumok és az akroszóma kialakulását, működését, valamint a lebontó folyamatok részleteit.

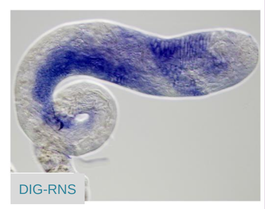
### A spermatogenezis szakaszai



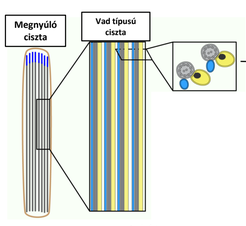

Tesztisz megnyúlt spermatidákkal

Sejtorganellumok követése

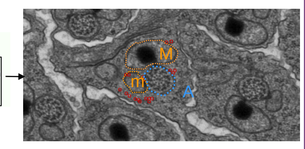

Megnyúlt ciszta aktin kúpokkal és mitokondriumokkal



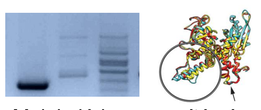
*in situ* hibridizáció tesztiszen a kifejeződési mintázat megállapításához



a spermatidák aszimmetrikus mitokondrium fejlődése



Megnyúlt ciszta EM képe axonémával (A), és mitokondriumokkal (m,M)


Molekuláris azonosítás és jellemzés

A csoport publikációi:

- Reduced expression of CDP-DAG synthase changes lipid composition and leads to male sterility in Drosophila. doi: 10.1098/rsob.150169
- Testis-Specific Bb8 Is Essential in the Development of Spermatid Mitochondria. doi: 10.1371/journal.pone.0161289.
- The role of acroblast formation during Drosophila spermatogenesis. doi: 10.1242/bio.018275..
- Analysis of *Drosophila melanogaster* testis transcriptome. doi: 10.1186/s12864-018-5085-z.
- Sperm-Leucylaminopeptidases are required for male fertility as structural components of mitochondrial paracrystalline material in Drosophila melanogaster sperm doi: 10.1371/journal.pgen.1007987

## Archeogenetikai laboratórium

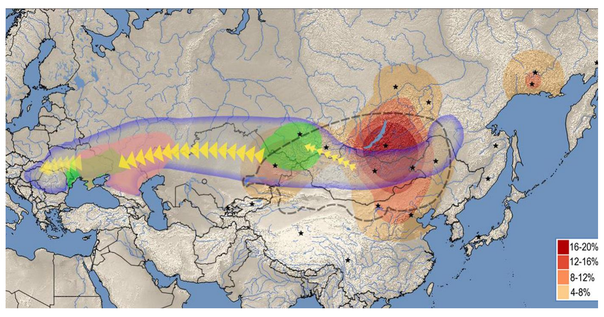
**Dr. Török Tibor** kutatócsoportja

A csoport kutatási témája a Kárpát-medence történeti népességeinek genetikai vizsgálata. Laboratóriumunkban régészetileg feltárt csontokból vagy egyéb maradványokból kivont archaikus DNS (aDNS) szekvenciáinak meghatározásával próbálunk következtetni egykori hordozóik tulajdonságaira, rokonsági viszonyaira. Az ásatag csontokból azonosított DNS szekvenciák segítségével többek között meghatározhatók az egyének és populációk rokonsági viszonyai és a populációk mozgására, keveredésük mértékére is következtethetünk. A módszer alkalmas humán patogén kórokozók örökítő anyagának kimutatására is az elhalt maradványokból. Ily módon a fertőző megbetegedések járványtanával és a kórokozók evolúciójával kapcsolatos kérdések is megválaszolhatók. A három különböző öröklésmenetet mutató DNS vizsgálatából eltérő információ nyerhető, és laborunkban mindegyiket vizsgáljuk. A mitogenomból az anyai vonal, az Y kromoszómából az apai ág leszármazására következtethetünk, de a teljes genom szekvenciából ezek mellett további információ is kinyerhető. A szekvenálást újgenerációs módszerrel Illumina szekvenátoron végezzük, amit a szekvenciák bioinformatikai feldolgozása követ. Mivel a szerves maradványok csak nyomnyi mennyiségű, erősen degradált és szennyezett DNS-t tartalmaznak, ezért az ásatag DNS munka speciális módszereket igényel. Emberi maradványok vizsgálatakor különösen nagy a veszélye annak, hogy a minta modern DNS-sel szennyeződik. A módszertani alapelvek egyik nélkülözhetetlen eleme a steril aDNS laboratórium, melyben elkerülhető, hogy a minta a feldolgozás során szennyeződjön.

Eddigi munkánkból született publikációk:

- *Genetic structure of the early Hungarian conquerors inferred from mtDNA haplotypes and Y-chromosome haplogroups in a small cemetery*. doi: 10.1007/s00438-016-1267-z
- *Revising mtDNA haplotypes of the ancient Hungarian conquerors with next generation sequencing*. doi: 10.1371/journal.pone.0174886
- *Mitogenomic data indicate admixture components of Central-Inner Asian and Srubnaya origin in the conquering Hungarians*. doi: 0.1371/journal.pone.0205920
- *Y-chromosome haplogroups from Hun, Avar and conquering Hungarian period nomadic people of the Carpathian Basin* doi: 10.1038/s41598-019-53105-5

*A csontfelszíni szennyeződések eltávolítása után a tömör csont belsejéből apró darabot vágunk ki, porrá őröljük, és kivonjuk, majd jellemezzük a benne lévő DNS-t.*



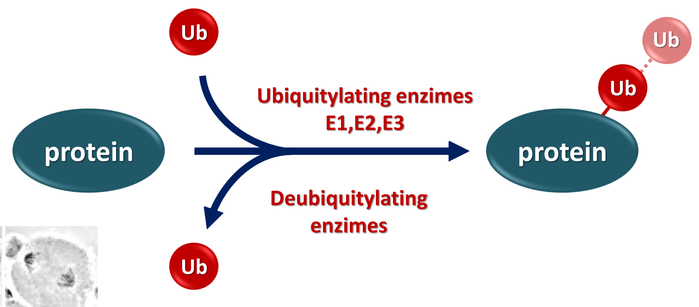
*A magyar honfoglaló népesség genetikai összetétele alapján valószínűsített vándorlási útvonal*

## Sejtgenetikai csoport

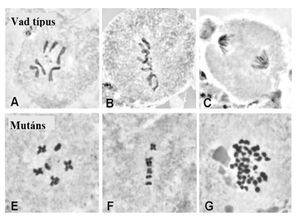
**Dr. Deák Péter** kutatócsoportja

A sejtek homeosztázisának fenntartásában az egyik kulcsszereplő, a sejten belüli folyamatok pontos végbemeneteléhez nélkülözhetetlen, ubikvitin függő fehérjelebontás. Az eukarióta sejtekben a sejten belüli fehérjék nagy része a 26S proteaszómában bomlik le. Ehhez először, az úgynevezett ubikvitilációs fázisban, a fehérjék bizonyos lizin aminosavához egy poliubikvitin lánc kapcsolódik kovalensen egy enzimkaszkád segítségével, majd a következő lépésben a 26S proteaszóma felismeri és lebontja a megjelölt fehérjéket. Hasonlóan a többi poszt-transzlációs módosításhoz, a fehérje ubikvitiláció is reverzibilis folyamat, amelyet a dezubikvitiláz enzimek (DUB) katalizálnak. A fehérjék jelölésére szolgáló poliubikvitin lánc eltávolítása vagy módosítása befolyással van azok 26S proteaszóma általi felismerésére és degradációjára. Az ubikvitin szabad és kötött formában fordul elő a sejtekben. A két állapot közötti kényes egyensúlyt az ubikvitiláló és dezubikvitiláló enzimek közötti kiegyensúlyozott közreműködés biztosítja. Annak ellenére, hogy feltételezhető, hogy ezeknek a folyamtoknak fontos szerepe van számos súlyos betegség (rák, neurodegeneratív elváltozások) kórfejlődésében, a DUB-ok fiziológiai szerepéről még kevés információ áll rendelkezésünkre. Kutatásaink arra irányulnak, hogy null mutánsok előállításán és jellemzésén keresztül azonosítsuk a DUB-ok fiziológiai szerepét az ubikvitin-egyensúly megteremtésében ecetmuslica (*Drosophila melanogaster*) modellszervezetben.

Ecetmuslica



Zölden fluoreszkáló fehérjét termelő ecetmuslica



Orceinnel festett mitótikus kromoszómák.