



november 3-november 30

DEBRECENI EGYETEM
TERMÉSZETTUDOMÁNYI ÉS TECHNOLÓGIAI KAR
EVOLÚCIÓS ÁLLATANI ÉS HUMÁNBIOLÓGIAI TANSZÉK

MTA-DAB BIOLÓGIAI ÉS KÖRNYEZETTUDOMÁNYI
BIZOTTSÁGA

EVOLÚCIÓBIOLÓGIAI MUNKABIZOTTSÁGA

MAGYAR TUDOMÁNY ÜNNEPE

A tudomány evolúciója, a valós és virtuális világok



A Debreceni Akadémiai Bizottság Székháza,
Debrecen, 2015. november 16.

A Magyar Tudomány Ünneperől a Magyar Tudományos Akadémia már 1997 óta megemlékezik, hivatalosan azonban 2003 óta ünnepeljük minden év november 3-án, azon a napon, melyen 1825-ben Széchenyi István birtokainak egy évi jövedelmét felajánlotta a Magyar Tudós Társaság megalapítására, és ezzel lehetővé tette a Magyar Tudományos Akadémia megalapítását.

A hivatalos indoklás szerint az Országgyűlés a tudomány társadalomban betöltött szerepét kiemelkedően fontosnak, a tudomány művelése és fejlesztése érdekében végzett tevékenységet elismerésre és kiemelkedő támogatásra méltónak tartja ezért e napot a 2003. évi XCIII. törvény a magyar tudomány ünnepévé nyilvánította.



A Magyar Tudomány Ünnepen Magyarország számos városában, sőt a határokon túl is, többhetes rendezvénysorozaton vehetnek részt az érdeklődők. A különböző előadások, kiállítások, bemutatók, filmvetítések, tudományos fórumok egy-egy vezérgondolat jegyében zajlanak. A Magyar Tudomány Ünnepe 2015. évi rendezvénysorozata november 3-30. között, országosan kerül megrendezésre. Az Akadémia Elnökségének döntése értelmében a 2015. évi Magyar Tudomány Ünnepe témájának főcíme:

A tudomány evolúciója: valós és virtuális világok.

Program

MTA-DAB Biológiai és Környezettudományi Bizottsága, Evolúcióbiológiai Munkabizottsága és a Debreceni Egyetem Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszéke tisztelettel meghívja Önt a Magyar Tudomány Ünnepe alkalmából rendezett

A tudomány evolúciója, az evolúció tudománya

című előadássorozatára.

Előadókink:

Orci Kirill Márk - MTA-ELTE-MTM Ökológiai Kutatócsoport

Bereczki Judit - DE-Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszék

Bán Miklós - DE-Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszék

Sramkó Gábor - DE-Növénytan Tanszék

Lendvai Ádám - DE-Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszék

Helyszín: A Debreceni Akadémiai Bizottság Székháza (4032 Debrecen, Thomas Mann utca 49.), Bognár Rezső terem

Időpont: 2015. november 16. 13:30-17:00

A rendezvény programja:

13:30-14:00 **Orci Kirill Márk** - *Kriptikus fajok detektálása vibrációs szexuális jelzéseik vizsgálata alapján ízeltlábúaknál: fajspecifikus mintázatok az álkérészek dobolási jeleiben*

14:00-14:30 **Bereczki Judit** - *Bakteriális bárkód hamisítók*

14:30-15:00 **Bán Miklós** - *OpenBioMaps - a publikus adatgyűjtés és adatbányászat eszköze a vadon élő állatok elpusztulási adatainak példájának keresztül*

15:00-15:30 **Sramkó Gábor** - *Új szekvenálási módszerek soha nem látott betekintést nyújtanak az élőlények közötti evolúciós viszony rekonstrukciójába*

15:30-16:00 **Lendvai Ádám** - *Mindenható hormonok?*

Előadások absztraktjai

Orci Kirill Márk

*Kriptikus fajok detektálása vibrációs szexuális jelzéseik vizsgálata alapján ízeltlábúaknál:
fajspecifikus mintázatok az álkérészek dobolási jeleiben*

Az állatvilág legkülönbözőbb csoportjaiban találkozhatunk olyan fajokkal, melyek küllemi jellemzőiket tekintve annyira kis mértékben differenciáltak, hogy morfológiai alapon történő felismerésük nagyon nehéz feladat. Az ilyen fajcsoportok fajai könnyen rejtve maradhatnak előttünk addig, amíg vizsgálati módszert nem váltunk. Egyik, sok esetben sikeresen alkalmazott módszer, hogy a hímek és nőstények között zajló, a szaporodási partner megtalálását és kiválasztását szolgáló kommunikációt elemezzük, és ezeknek a szexuális jelzéseknek a mintázataiban keresünk eltéréseket. Mivel az ízeltlábúak vibráció érzékelése a taxonok nagy részénél kifinomult, így a vibrációs szignálok szexuális kommunikációban való alkalmazása is sok csoportnál megfigyelhető. Előadásomban két álkérész (Plecoptera) fajcsoport dobolási mintázatainak vizsgálatával kapcsolatos eredményeinket mutatom be kiemelve a módszer előnyeit és hátrányait.

Bereczki Judit

Bakteriális bárkód hamisítók

Az ízeltlábúak sejtjeiben élő baktériumok közül számos reproduktív manipulátort ismerünk, amelyek különböző módokon befolyásolják gazdaszervezeteik szaporodását. Valamennyi hatás a nőstény utódok számának maximalizálására irányul, hiszen ezek a baktériumok leggyakrabban az anyai leszármazási vonalak útján adódnak tovább egyik generációból a másikba. A legelterjedtebb hatás a citoplazmás inkompatibilitás, amikor a fertőzött hímek nem képesek megtermékenyíteni a nem fertőzött vagy épp egy másik törzzsel fertőzött nőstényeket. A citoplazmás inkompatibilitás a szintén anyai ágon öröklődő genetikai elemek-így a bárkódolás alapjául szolgáló mitokondriális DNS-mintázatát is erőteljesen befolyásolhatja, csökkentve annak a megbízható használatát.

Bán Miklós

OpenBioMaps - a publikus adatgyűjtés és adatbányászat eszköze a vadon élő állatok elpusztulási adatainak példáján keresztül

A tudományos kutatás klasszikus módja megfigyelni valamely jelenséget, majd kérdéseket feltenni, adatokat gyűjteni, azután elemezni a kapott adatokat és végül az eredményeket közzé tenni. Talán ez utóbbi lépés nem annyira tűnhet fontosnak a nem kutatók körében, és a kutatóknak is leginkább csak azért mert a közzé tett eredményeik száma és egyéb jellemzői befolyásolják a fizetésüket. A tudományos eredmények széleskörűen elérhetővé tétele valójában viszont az egész munka értelme és kötelessége minden közpénzzel támogatott kutatónak. A kutatás során gyűjtött alapadatok hasonlóan értékesek lehetnek mint maguk a publikált eredmények és ezen értékes tulajdonságuk csak akkor igazán jól kiaknázható, ha ezek is szabadon hozzáférhetőek bárki számára. Ez a szemlélet szerencsére egyre szélesebb körben terjed a biológiai tudományok körében is, aminek eredményeképpen számos adatbázis elérhető világszerte mindenféle biológiai témában. Az OpenBioMaps biológiai térképi adatbázis keretrendszer fejlesztésével egy olyan eszközt hoztunk létre, ami lehetővé teszi élőlények térbeli előfordulásához kapcsolódó adatainak a szervezett gyűjtését, tárolását és újra felhasználását. A rendszer számos lehetőséget biztosít a klasszikus tudományos adatgyűjtéshez, de ebben az előadásban mégis egy más tudományos megközelítés, az adatbányászat lehetőségét emelem ki. Az OpenBioMaps keretrendszerben lehet teljesen nyílt adatgyűjtést is végezni és közösségi adatbázist építeni. Ilyen projektnek indult az elpusztult vadon élő állatok adatait gyűjtő adatbázis, aminek keretében az elpusztulásokkal kapcsolatos legegyszerűbb információkat gyűjtjük, mint egy fénykép, a térbeli koordinátái, az elpusztulás becsült időpontja, a feltételezett közvetett vagy közvetlen ok és persze az állat faja (ha megállapítható). Ha ezekből az egyszerű adatokból elég sok van, akkor megpróbálunk belőlük nem nyilvánvaló, értelmes és új információkat kinyerni amik a vizsgált állatcsoport és az elpusztulási körülményeik alaposabb megismeréséhez vezethetnek. Ez az állatok viselkedésével kapcsolatos vizsgálatok között egy új megközelítési mód ami remélhetőleg inspiráló lesz eddig közzé nem tett adatok újabb felhasználási lehetőségeinek kereséséhez. Végző soron pedig természetvédelmi és gazdasági szempontból is hasznosítható tudományos eredmények keletkezhetnek.

Sramkó Gábor

Új szekvenálási módszerek soha nem látott betekintést nyújtanak az élőlények közötti evolúciós viszony rekonstruálásába

A kétezres évek második felében jelentek meg az ún. új generációs szekvenálási („next generation sequencing”, NGS) módszerek az evolúciókutatásban. Ezek a módszerek a genom változatos pontjain történő, roppant nagy mennyiségű DNS szekvencia leolvasását teszik lehetővé, ezzel új távlatot nyitva az élőlények közötti evolúciós viszony rekonstruálásához, mindenekelőtt közelmúltban elvált fajok/populációk esetében. Jelen előadásban az NGS módszerek elméleti hátteréről, illetve az OTKA PD109686. számú posztdoktori kutatáshoz kapcsolódó NGS-módszerről (RAD-seq) és annak a bangó (*Ophrys* L.) nemzetség vizsgálatában hozott újdonságai kapcsán formálhatunk képet. Ahogy az várható volt ugyanis, a korábban kis felbontást eredményező *Ophrys* molekuláris genetikai vizsgálatokhoz képest a RAD-seq módszerrel sokkal mélyebb szintjét értük el a fajok közötti evolúciós viszony feltárásának. A jelenlegi eredmények alapján a közeljövőben a molekuláris genetikai módszereket alkalmazó evolúciós és ökológiai kutatásoknak egyértelműen fel kell készülniük a NGS-módszerekkel nyert adatok generálására és feldolgozására.

Lendvai Ádám

Mindenható hormonok?

A hormonok az életünk szinte valamely tevékenységét befolyásolják és szabályozzák. Életünk markáns érzelmi hatásai éppúgy hormonális szabályozás alatt állnak, mint legapróbb élettani folyamataink: a szerelem, a harag, a félelem, az anyai gondoskodás, a bizalom és moralitás hormonrendszerünk kontrollja alatt áll, csakúgy, mint az, ha némi italozás után a mellékhelyiségbe kell sietnünk. A hormonális szabályozás efféle alapvetősége ma már a közbeszédbe is beszivárgott. A viselkedési devianciát gyakran a „túltengő hormonok” rovására írjuk, az ejtőernyősöket és sziklamászókat pedig gyakran „adrenalinfüggőnek” nevezzük. De vajon valóban a hormonok rabjai lennénk? Vajon a hormonok valóban meghatározzák a viselkedésünket vagy talán épp fordítva, a viselkedésünk határozza meg a hormonjaink szintjét? Ezekre a kérdésekre keresve a választ, az előadásban összefoglalom az endokrinológia (siker)történetét, és azt, hogy milyen módszertani áttörések eredményezték azt, hogy ma már egész pontos ismeretekkel rendelkezünk a viselkedés hormonális szabályozásáról.