



Válasz Dr. Zimányi László, MTA Doktora bírálataira

Először is nagyon hálás vagyok Dr. Zimányi Lászlónak, az MTA doktorának, hogy vállalta a doktori disszertációm bírálatát, a disszertáció alapos átolvasását. Hálás vagyok a kritikai észrevételekért, amelyekben természetesen igaza van.

Mindemellett nagyon hálás vagyok a hosszú évek alatt nyújtott támogatásáért, biztatásáért, a munkám iránti érdeklődéséért; ez folyamatosan nagy segítség volt a számomra amióta erre a pályára léptem.

Pécs, 2024. 12. 12.

Lukács András



Bírálat Lukács Andrásnak az MTA doktora cím elnyerésére benyújtott, „Fotoaktív flavoproteinek funkcionális fehérjedinamikájának vizsgálata ultragyors spektroszkópiai módszerekkel” című disszertációjáról

Lukács András 168 oldalas, terjedelmes dolgozatban foglalta össze a PhD megszerzése óta elvégzett tudományos munkáját, pontosabban annak egy tematikailag jól körülhatárolt, összefüggő részét. A szerző az ultragyors optikai technikák fejlesztésének és biofizikai alkalmazásának egyik vezető személyisége Magyarországon. A bemutatott munka egy része Franciaországban, illetve Angliában készült, az újabb eredmények pedig már Pécsen, a szerző által felépített femtoszekundumos optikai laboratóriumban születtek. Fontos, hogy Lukács András a külföldi munkahelyein is tevékenyen részt vett a mérőrendszerek tervezésében és megépítésében, és folyamatosan fenntartja és bővíti külföldi együttműködéseit. Ennek szép példái a „Kitekintés” című fejezetben bemutatott, ill. megelőlegezett időfelbontásos röntgen-szórás és röntgenkristallográfiás vizsgálatok.

Ahogy a dolgozat címe is mondja, a szerző különböző fotoaktív flavoproteinek fizikájával, az eltérő funkciók bemutatásával és megértésével foglalkozik. Noha a flavin adenin dinukleotid (FAD) vagy a flavin mononukleotid (FMN) aktív részei gyakorlatilag minden tárgyalt fehérjében azonosak, mégis, a fehérjekörnyezetük különbözősége változatos UV-látható-infravörös spektrális válaszokat eredményez, és az esetek többségében legalább részben magyarázatot ad a nagyon különböző biológiai funkciókra is. Ezek a főbb funkciók a DNS javítás a fotoliázok által, a cirkadián ritmus szabályozása vagy a föld mágneses terének érzékelése kriptokrómokkal, illetve transzkripció szabályozás a fotoszintézisben vagy a fototaxis szabályozása BLUF domén fehérjékkel. A szerző a dolgozatában bemutatja a saját, nemzetközileg nagyra értékelt hozzájárulását ehhez a területhez.

A disszertáció felépítése nem követi teljesen a hagyományos szerkezetet. Ennek az az eredménye, hogy pl. ugyanazon fehérje vagy módszer bemutatásának többször fut neki a szerző. Például a fotoliázok bemutatása szerepel az 1.2 pont alatt (12. oldaltól), aztán a 34. oldalon, majd a 4. fejezetben a 48. oldaltól. Ennek eredményeként nemcsak a kapott információ ismétlődik, hanem az 1.2 ábra, ami a fotoliáz flavin körüli szerkezetét mutatja, azonos a 4.4 ábrával és a 4.5 ábrával, csak az utóbbiak feliratozva is vannak. Megjegyzem, két ábra is megkapta az 1.2 számozást... Másik példa, hogy az 1. fejezetben a szerző először a BLUF domén fehérjéket mutatja be, aztán a fotoliázokat és a kriptokróмокokat, viszont a saját eredmények részletes tárgyalásakor a sorrend fordított. Ez a nem konzekvens szerkesztés megnehezíti az olvasást és a gondolatmenet követését. Ugyancsak feleslegesen nehezíti a megértést az, hogy több jelölést alkalmaz ugyanarra a molekulára: A triptofán hol Trp, hol W, a tirozin pedig Tyr vagy Y. Mivel ezeknek az ionos és a gyökös formáit is feltünteti a szerző, mindkettő ötféle jelölésben szerepel. Ugyanakkor a $\text{TrpOH}^{\bullet+}$ jelölés hibás is, a proton nitrogénhez kapcsolódik. A rövidítések jegyzéke egyébként nem teljes.

A pályázathoz tartozik egy tézises összefoglaló is. Amennyiben a bíráló feladatai közé tartozik ennek ellenőrzése is, akkor meg kell állapítanom, hogy ez a 63 oldalas dokumentum nem egyéb, mint

a teljes pályázatból átmásolt fejezetek, szövegek, ábrák gyűjteménye. Ennek ilyen formában nem látom értelmét, viszont hiányolom a szerző által megfogalmazott, egyes szám első személyben írt tézisek, azaz saját tudományos eredmények ennél jóval rövidebb terjedelmű felsorolását. Más szóval egy rövid bevezető után a teljes terjedelmű dolgozat 149-150. oldalát kellett volna átmásolni.

Sajnos ezek a hibák védhetetlenek, elnézést kérek az olvasóktól.

A szövegszerkesztés sajnos sok hibát hagyott a dolgozatban. Szavak ismétlődnek vagy hiányoznak a mondatokból. Több esetben ez a hiány értelemzavaró is tud lenni. Több esetben baj van az ábrák számozásával, nem konzekvens az ábrák szerkesztése. Hiányos vagy hibás az ábrák aláírása. Néhány példa:

A 18. oldalon hivatkozik a szerző egy ábrára, ami a pumpa-próba rendszer elvét mutatná be, de nincs ilyen ábra. A későbbi, 2.3 ábra részben ezt mutatja, de hiányoznak róla a pumpa és a próba előállítására szolgáló blokkok.

A bírálónak igaza van.

A 20. oldalon egy (5) számú összefüggésre hivatkozik a szerző, de nincs ilyen képlet.

A bírálónak igaza van.

A 2.12 ábra bal oldali sémája nem az infravörös abszorpciót és annak változását demonstrálja, hanem a látható tartománybeli abszorpciót és a fluoreszcenciát.

A bírálónak igaza van.

A 3.5 ábra alsó két paneljéhez nincs ábraaláírás. Az N5-metil FMNH (FADH) hibás jelölés, a hidrogént helyettesíti a metil csoport. Ha jól gondolom, N5-metil FMN (FAD) lenne helyes. Jobb lett volna a 3. panelben ezt a spektrumot kézzel rajzolni, hiszen ugyanaz, mint a 2. panel kék színű spektruma.

A bírálónak igaza van.

A 4.2 ábrán a FAD kofaktor az ábraaláírással ellentétben nem piros, hanem zöld.

A bírálónak igaza van.

Az 5.6 ábra B paneljén az x tengely számozása és a beosztása nem felelnek meg egymásnak. Így nehéz leolvasni a csúcsok helyzetét.

A bírálónak igaza van.

75. oldal utolsó sor: rosszul vannak a frekvenciák azonosítva.

Az észrevétel jogos.

76. oldal, alulról 5. sor: „lecsökkentette a ... hidrogén kötéseket” helyesebben: lecsökkentette a kötések erősségét.

A bírálónak igaza van.

Az 5.7 ábra B paneljén a fordított színezés felel meg az A panelnek. Mind a négy panelen jobb lett volna nyilakkal megjelölni a szövegben tárgyalt csúcsokat. Ugyancsak jó lett volna az 5.14 ábra két paneljén ugyanazt a színkódot használni ugyanazokra a spektrumokra.

Az észrevétel jogos.

Az 5.28 ábra B és C paneljei az ábraalíráshoz képest fel vannak cserélve.

A 108. oldalon és az 5.31 ábrán ellentmondás van A FAD C₂=O oxigénhez kapcsolt triptofán számozásában.

A megjegyzés jogos, nem a 69-es pozícióban levő aszpargin, hanem a 63-as pozícióban levő arginin (R69) alkot H-kötést a C₂=O csoporttal.

Az 5.49 ábra A paneljében az x tengely feliratozása nyilván nem lehet hullámhossz.

A bírálónak igaza van.

A 135. oldal utolsó sorában „a mutáns a várakozásoknak megfelelően fotoaktív” szerintem helyesen „nem fotoaktív”.

Ez valóban így van

A dolgozat olvasása közben felmerült inkább szakmai kérdéseim és megjegyzéseim az alábbiak:

A 14. oldalon olvashatjuk, hogy „fiziológias körülmények között a fotoliázban nagy valószínűséggel nem kerül sor fotoaktivációra”. Máshol viszont azt, hogy a fotoaktiváció, tehát a FADH⁻ kétszeresen redukált, anionos forma megléte feltétele a hibás DNS redukálásának. Ugyanakkor a 13. oldalon, alulról az 5. sorban ezzel szemben az áll, hogy a FADH[•], tehát a semleges gyök a javításhoz szükséges állapot. Ezeket kérem tisztázni.

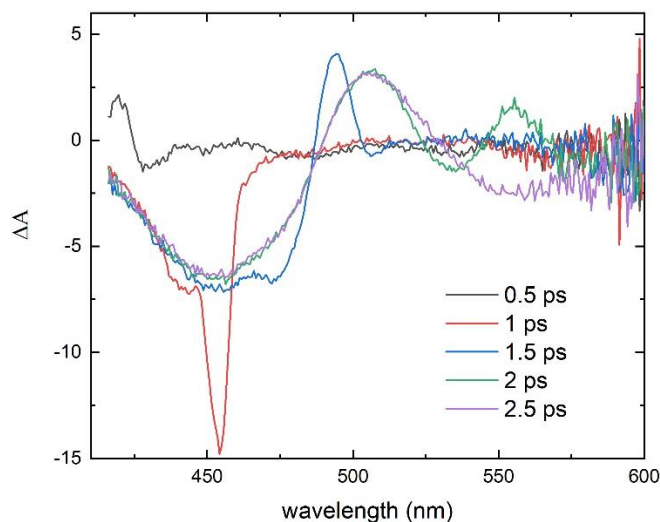
A megjegyzés jogos és tisztában vagyok vele, hogy a 13. és 14. oldalon leírtak konfúznak hatnak. Ennek a legfőbb oka, hogy nincs egyetértés abban, hogy vajon mi a javításhoz szükséges állapot. Aziz Sancar a nyolcvanas években jelentette ki, hogy a javításhoz a fotoliáznak teljesen redukált alakban kell lennie: G. Payne, P.F. Heelis, B.R. Rohrs, & A. Sancar. The active form of *Escherichia coli* DNA photolyase contains a fully reduced flavin and not a flavin radical, both *in vivo* and *in vitro*. *Biochemistry* 1987, 26, 7121–7127. Az ember bátortalanul száll vitába egy Nobel-díjjal, de akkor itt összegezném, amit a saját kísérleteim illetve Pavel Müller kollégám kísérletei igazolnak.

- 1) A cikk címével szemben *in vitro* esetben *E. coli* fotoliázban a FAD semleges gyök FADH[•] állapotban van.
- 2) A javításhoz valóban szükséges, hogy a FAD teljesen redukált (FADH⁻) állapotban legyen.
- 3) Az általunk (Marten Vos és Klaus Brettel által) fotoaktivációnak nevezett folyamat során a FAD a semleges gyök állapotból (FADH[•]) teljesen redukált állapotba (FADH⁻) kerül.
- 4) Pavel Müller néhány évvel ezelőtt két szenzációs felfedezést tett. Az egyik felfedezése, hogy a *Xenopus laevis*-ben található fotoliáz egy negyedik triptofánt tartalmaz, ami szükséges a javításhoz. A másik felfedezés, hogy ebben a fotoliázban a FAD oxidált állapotban van és a javításhoz fotoaktiváció szükséges, ezzel jut ugyanis a teljesen redukált állapotba (FAD → FADH[•] → FADH⁻). Mindezekből az is következett, hogy a *Xenopus* fotoliázban a javításhoz két fotonra volt szükség (Yamamoto et al., *Biochemistry*, 2017, 56, 5356–5364).
- 5) Saját javítási kísérleteink azt mutatták, hogy az oxidált állapotban lévő N378D és N378C mutánsok is alkalmasak a javításra. (Még nem közölt adatok, ezért nincsenek benne a disszertációban).

A 2.7 ábrán a FAD abszorpcióváltozását látjuk 2D idő- és spektrális felbontásban. Kérdésem, hogy a legrövidebb időtartományban 410 és 490 nm között, fokozatosan eltolódva, milyen pozitív csúcsok jelennek meg?

A fokozatosan eltolódó csúcsok azért jelennek meg, mert a 0-hoz közeli időpontban egy úgynevezett cross-talk jelenik meg a pumpa és a próba interakciója miatt. Ez általában olyan nagy, hogy elnyomja magát a jelet. A fokozatos eltolódás a diszperzió miatt van. Ha nem lenne diszperzió, akkor ez csak egy időpontban jelentkezne, és jobban is lehetne korrigálni. Az alábbi ábrán látszik,

ahogy ez a zaj az időben terjed és fokozatosan mozdul el a hosszabb hullámhosszak felé.



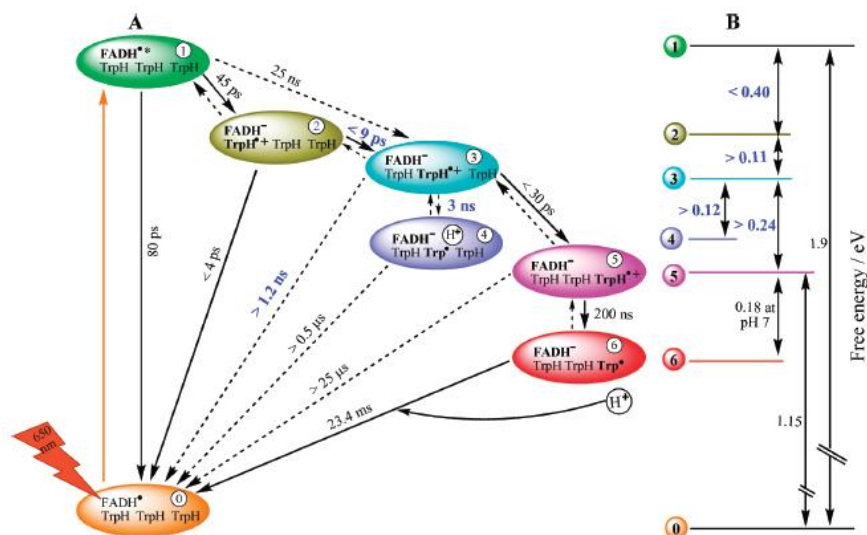
A 2.8 ábra a Kerr-kapuzott fluoreszcencia berendezés elvi rajzát mutatja. Egyrészt nekem úgy tűnik, hogy a leírással ellentétben nem az a helyzet, hogy „a fluoreszcencia egy része áthalad a P2-es polarizátoron, ezt a fényt gyűjtjük be az O3-as Cassegrain objektívvel”, hanem előbb van az O3-as objektív és utána a polarizátor (vagy nem jó a rajz). Kérdésem továbbá, hogy mire való a bal oldali fényút az SP2 detektorral?

A megjegyzés jogos, az ábrán valóban elkelt volna egy részletesebb magyarázat. A fluoreszcens fény útja S-O₁-F₁-P₁-O₂-K-O₃-P₂-F₂-L₂-SP₁. Az SP₂ egy diódasoros Ocean Optics detektor, amit azért alkalmaztunk, hogy korrigálni tudjunk a lézerrendszer fluktuációjára.

Az 50. oldal bekezdésében a fotoliáz katalitikus állapotáról és az MTHF antenna és a flavin extinkciójának relatív nagyságáról van szó. Az ezt demonstráló 4.3 ábrán akkor a katalitikus, teljesen redukált flavint látjuk vagy a nem-katalitikus félig redukáltat (ahogy az ábraaláírás mondja)?

Az ábrán a FAD félig redukált állapotban (FADH[•]) van, de valóban látszik az MTHF abszorpciója is.

Az 52. oldal második bekezdésében olvashatunk a (gerjesztett) flavin triptofán lánc általi redukciójának lépéseiről. Kérem a jelöltet, hogy pontosan mutassa be a kialakuló ionpárokat, gyököket, gyökpárokat, a W_C, azaz a 306-os triptofán protonleadásával, illetve külső redukálószerrel való kölcsönhatásával kialakuló helyzetet, azaz a FAD és a triptofán elektronállapotát, ill. protonáltsági állapotát. Tartok tőle, hogy a jelölésekbe zavaró sajtóhibák csúsztak. A „FADH[•] stabilizálódik és újra elérhető a CPD-k fotojavításához” kitétel ellentmondani látszik annak, hogy a FADH⁻ a katalitikusan aktív forma. Ide tartozik, hogy az 53. oldal alulról 5. sorában is hiányzik a FADH mellől a negatív jel.



Byrdin, Lukacs, Thiagarajan, Eker, Brettel, Vos, J. Phys. Chem. A.2010,114

A bírálát jogos, ez a rész kissé kaotikusra sikerült az elmaradt jelölések miatt (is). Az ábrán látható a fotoredukálódás pontos menete. Az említett mondat alatt azt értettem, hogy ha a flavin visszatért a FADH^{\bullet} állapotba, akkor az újabb foton újra tudja redukálni, és a javításhoz alkalmas állapotba kerül.

A 4.6 ábraszámozás kétszer szerepel. Ebből a második 4.6 ábra a polarizációs mérésekből kapott anizotrópia spektrumokat mutatja, amik ismert okokból - de ezeket a szerző nem említi - nem teljesítik a magyarázatul szolgáló képlet alapján várható $-0,2 < r < 0,4$ követelményt. Jobb lett volna, ha a megfelelő, keverékre érvényes képletet adja meg a szerző, és a 86. referenciára hivatkozik, nem pedig a 83.-ra, ahol nincs polarizációs mérés.

A bírálát sajnos jogos.

Az 5.4 ábra B paneljén a FAD kofaktorra jellemző infravörös spektrumokat ábrázolta a szerző, az AppA fehérjén mérve. Egyrészt az 1650 cm^{-1} -es csúcsot a szöveggel ellentétben a $\text{C}_4=\text{O}$ rezgéshez rendeli. Másrészt én ennek az eltolódását jóval kisebbnek látom, mint ami az ábrán be van jelölve, és egyben jóval kisebbnek, mint a hasonló eltolódást riboflavinban, a C_4 szén izotópos helyettesítésekor. És akkor ez az eltolódás nem nagyobb, mint az 1700 cm^{-1} -es csúcs eltolódása, amit viszont a $\text{C}_4=\text{O}$ rezgésnek tulajdonított.

Az elírásra vonatkozó megjegyzés jogos, az 1650 cm^{-1} csúcs valóban a $\text{C}_2=\text{O}$ rezgésnek felel meg. Az izotópjelölt csúcs azonosítása nem teljesen egyszerű. A DFT számítás alapján ebben az esetben mintegy 30 cm^{-1} -es eltolódást kell látnunk. Véleményem szerint ezt látjuk: az eltolódó 1650 cm^{-1} -es csúcs jelenik meg 1615 cm^{-1} környékén, az $\sim 1610 \text{ cm}^{-1}$ -nél megfigyelt tranziens pedig eltolódik 1580 cm^{-1} környékére.

A 87. oldal alján a szerző azt írja, hogy feltételezésük szerint az összes vizsgált BLUF domén fehérjében megvalósul az elektrontranszfer, csak kinetikai okokból nem mindig mérhető. Tekintve, hogy a vad típusú fehérjékben a kritikus pozícióban tirozin van, nem inkább proton kapcsolt elektrontranszferre gondolt? Elképzelhető-e, hogy a Trp104-ről valósul meg elektrontranszfer, de szintén kinetikai okokból nem mérhető?

A bírálónak igaza van. Valószínűleg minden esetben proton kapcsolt elektron transzferről kell beszélnünk. A Tp104-ről minden bizonnyal történik elektron transzfer, de az OaPAC esetében megfigyeltek alapján ez egy nem produktív alternatív útvonal, amelynek a funkció szempontjából nincs jelentősége.

Az 5.20 ábrán az AppA-BLUF domén aktív centrumának szerkezete látható vad típusú és C20S mutánsban. Mi a mutáció jelentősége, tekintettel arra, hogy pont ez az aminosav nincs ábrázolva a szerkezetben?

A C20S mutációt Ilme Schlichting javasolta, mivel azt tapasztalták, hogy ettől a mutációtól stabilabb volt a szerkezet, könnyebb volt expresszálni majd kristályosítani (Jung et al., *J. Mol. Biol.*, 2006, 362) a fehérjét. Ezt követően gyakorlatilag az összes esetben, ha nincs is külön említve, a C20S mutáció jelen van, akár csak a BLUF régiót, akár a teljes hosszúságú fehérjét expresszáltuk.

Az 5.1.4 fejezetben a szerző a W104 triptofán pozícióját határozza meg a flavinhoz képest az AppA fehérjében, FRET mérések segítségével. Nem világos, hogy a 92. oldalon szereplő képlet alapján, csak a FRET hatásfok ismeretében hogyan kapható meg a két kromofór R távolsága, ha nem tudjuk az R_0 távolságot, ahol a FRET hatásfoka 50 % lenne.

Az R_0 értékét kiszámoltam később, mind a sötét állapot, mind a világos állapot esetén. Az R_0 értéke azért különbözik a két esetben, mert abból indultunk ki, hogy a flavintól távolabbi helyzetben a triptofán szabadon mozog, tehát az $R_0 = 9.78 \cdot 10^3 [J(\lambda)\kappa^2 n^{-4} \phi_D]^{1/6} \text{ \AA}$ képletben a κ^2 értéke az ilyenkor alkalmazott 2/3. Ebben az esetben $R_0 = 17.7 \text{ \AA}$. Azt feltételezve, hogy világos esetben a W104 hidrogén kötésben van a FAD-dal, a κ^2 már nem 2/3. A szerkezet alapján a két dipólus majdnem merőleges szöget zár be, így $\kappa^2 = 0.02$. Ebben az esetben R_0 értéke 8.9 Å-re módosul, miközben a világos állapot esetén a triptofán és a flavin távolsága 9.5 Å-nek adódik.

A DNS-hez kötött fotoliáz szerkezete és a flavin és környezetének viselkedése különbözik-e attól, amit tisztított fehérjében lehet tapasztalni? Van-e valami különbség a fotoaktivációban DNS jelenlétében?

Elképzelhető, hogy van különbség, de azt az esetet nem vizsgáltuk.

A 4.7 ábrán az elektrontranszfer lánc elemei között van-e fehérjemátrix? Ha igen, kiszámolták-e a legvalószínűbb elektrontranszfer útvonalat, illetve a mátrix sűrűségét, az ún. packing density-t? Van-e valahol esetleg vízmolekula ebben a láncban? A mért elektrontranszfer sebességek hogyan viszonyulnak az elméletileg várható (azaz kiszámolt) maximális sebességekhez aktivációmentes esetben?

A mátrix sűrűséget nem számoltuk egyik esetben sem a fotoliázon végzett mérések során. A vízmolekula a lánc legvégén (vagy legelején) a W306-os triptofánhoz közel helyezkedik el, ez segít a deprotonálódásban.

A mért elektron transzfer sebességek minden esetben kisebbek voltak az elméletileg számolt értéknél, a különbség az elsődleges elektron transzfer lépés esetében volt a legnagyobb, ahol a mért érték $(45 \text{ ps})^{-1}$ mintegy 15-ször lassabb volt a távolságból (5.7 Å) számolt elméleti értéknél $(3.2 \text{ ps})^{-1}$. A többi lépés esetében a mért sebesség közelebb volt az elméleti sebességhez.

Mi a hajtóerő (driving force) a három triptofánon és a flavinon végigfutó elektrontranszfer esetében? Tudjuk, hogy a triptofánoknak és a flavinnak mekkora a középponti redoxpotenciálja? Ha a végső protonleadás lenne a hajtóerő a 306-os triptofánról, akkor amíg ez a lassú folyamat be nem következik, mi stabilizálja a töltésszétválasztást?

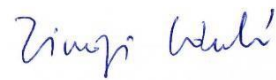
A folyamat szabadenergiáját kiszámoltuk minden egyes lépés esetében (lásd a negyedik oldalon szereplő ábrát), ebből látszik, hogy a legnagyobb hajtóerő az elsődleges elektron transzfer lépéshez ($\text{Trp}_{382}^{\bullet+} - \text{FADH}^-$) köthető, az ezt követő lépések kisebb szabad energiával rendelkeznek. A triptofánok és a flavin középponti redoxpotenciálja ismert: $\text{TrpH}^+/\text{Trp} = 1.1 \text{ V}$, $\text{FADH}^\bullet/\text{FADH}^- = -0.05 \text{ V}$ (Popovic et al., *JACS*, 2002; Balland et al., *JACS*, 2009). Az utolsó két triptofán redoxpotenciálja az elméleti számítások és a mérések alapján is valamelyest eltérnek egymástól. Ennek köszönhető valószínűleg, hogy a deprotonáció 200 ns után következik be, szemben a W306F mutánsal, ahol a Trp_{359} -ről való deprotonáció 1 ns-nál rövidebb idő alatt valósul meg. Ez a különbség valószínűleg annak is köszönhető, hogy a Trp_{306} -os triptofán ki van téve az oldatnak.

Az 5.1, 5.5, 5.32 és 5.50 ábrán ugyanazt a jelenséget látjuk: BLUF domén fehérjékben világos állapotban a flavin 450 nm-es csúcsa pár nm-es vöröseltolódást mutat. A szerző ezt a flavint körülvevő hidrogénkötések átrendeződésével magyarázza. Azt javaslom, hogy ugyanezeket a spektrumokat ábrázolja hullámszám vagy energia függvényében. Lehet, hogy így nemcsak az $S_0 \rightarrow S_1$, de az $S_0 \rightarrow S_2$ átmenet, azaz a 360 nm körüli csúcs is ugyanakkora eltolódást mutatna. Ebben az esetben talán tovább lehetne menni, és elgondolkodni azon, hogy a hidrogénkötések átrendeződése az alapállapot energiáját növeli meg, de a gerjesztett állapotokét nem. Hátha ebből kiderül valami a flavin elektronállapotairól. Ugyanakkor az 5.52 ábrán a Q48E mutáció mintha tényleg csak az $S_0 \rightarrow S_1$ átmenet energiáját tolt volna el.

Nagyon köszönöm az izgalmas javaslatot. Hullámszámban ábrázolva valóban mind az AppA mind az OaPAC esetében nagyon hasonló eltolódást kapunk a 360 nm körüli csúcs eltolódásában is. A Q48E és a Q63E esetében nyilván azért nem, mert a glutaminsav karboxil oldallánca már a gerjesztést megelőzően hidrogén kötésben van a FAD-dal.

Összefoglalásként kijelentem, hogy Lukács András alkotó tevékenységét önállóan és magas szintűnek ismerem el, amivel hozzájárult egy jelentős fehérjecsald több tagja működésének jobb megértéséhez, és iskolateremtő technikai fejlesztést valósított meg az ultragyors biofizikai spektroszkópia területén Pécssett. A doktori mű hiteles adatokat tartalmaz, amiket Lukács András rangos folyóiratokban publikált. A mű összes tézisét elfogadom új tudományos eredményként, és elegendőnek tartom az MTA doktora cím megszerzéséhez. Ennek megfelelően a doktori művet alkalmasnak tartom nyilvános vitára és javaslom a vita kitűzését.

Szeged, 2024. július 22.



Zimányi László
az MTA doktora, tud. tanácsadó
HUN-REN SZBK Biofizikai Intézet