



Igazságügyi genetikus szakértőként az egészségtudomány világában

Habilitációs előadás

Dr. Lászik András Ph.D.
egyetemi docens

Semmelweis Egyetem Budapest
Igazságügyi és Biztosítás-orvostani Intézet



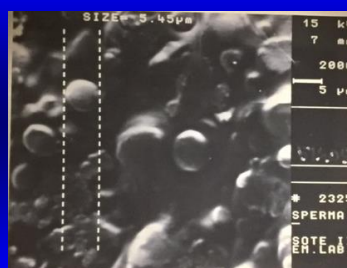
Prof. Dr. Sötönyi Péter



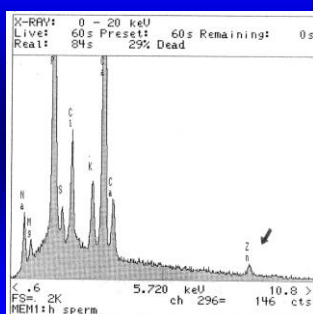
DSM OPTON 940



Spermiumok



Scanning EM + EDAX



Berlin



Prof. Dr. V. Scheider



Freiburg

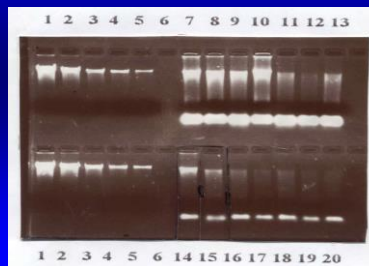


Prof. Dr. Stefan Pollak

Biológia - Fizika

- A mintákat JEOL JEE 4B vákuum gőzölőben 6×10^{-4} -Hgmm-es vákuumban ≈ 50 Å vastag szénréteggel - 10 cm távolságból 30 másodpercen át 45 amperrel és 220 V-al izzított 5mm átmérőjű spektrál grafit katóddal - fedtem.
- Ezt követően mindkét személy egy-egy mintáját EDAX detektorral felszerelt DSM OPTON 940 digitális szkennelési elektronmikroszkóp vákuum terébe helyeztem és 1, 5, 10, 15, 20 és 25 percig 20.000 Volttal gyorsított elektronsugárral bombáztam 10^{-5} Hgmm vákuumban, 64 μ A áramerősség mellett

Két személy etidium bromiddal festett - ondókból nyert - DNS mintáinak mennyiségi és minőségi vizsgálata 0.8 %-os agaróz testgélben UV fény alatt, egy (8 és 15), öt (9 és 16), tíz (10 és 17), tizenöt (11 és 18), húsz (12 és 19) valamint huszonöt perces (13 és 20) elektronbesugárzást követően, besugárzásnak ki nem tett kontroll mintákkal (7 és 14). 1-5: nagy molekulásúlyú bovin DNS marker (200, 100, 50, 25, 12,5 ng). A hatos mező üres.

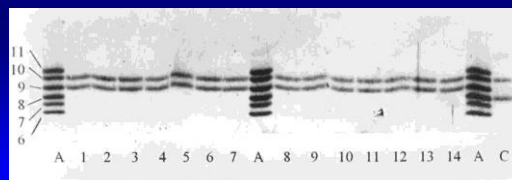


A vizsgált lokuszok amplifikációs paraméterei.

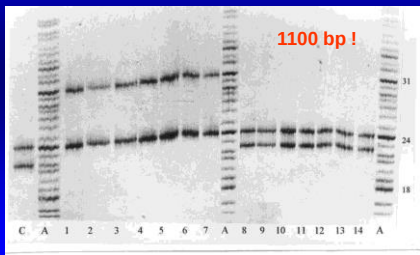
	PCR rendszerek					
	CD4	F13B	TH01	VWA	D1S80	HLADQA1
Denaturáció	94°C 60 s	96°C 30 s	90°C 30 s	94°C 60 s	95°C 60 s	94°C 60 s
Annealing	63°C 60 s	59°C 30 s	64°C 30 s	50°C 30 s	66°C 60 s	60°C 60 s
Extension	72°C 90 s	72°C 60 s	72°C 60 s	72°C 30 s	72°C 90 s	72°C 90 s
Végterfogó	25 μ l	25 μ l	25 μ l	25 μ l	50 μ l	50 μ l
Ciklusszám	30	30	30	30	30	32
Hot start	+	+	+	+	-	-

Két személy sperma mintájának tipizálása az **F13B** mikroszatellita STR lokuszhoz megfelelően.
 Egy (1 és 8), öt (2 és 9), tíz (3 és 10), tizenöt (4 és 11), húsz (5 és 12) valamint huszonöt perces (6 és 13) elektronbesugárzást követően. Az 7 és 14 szám alatti minták a sugárral nem kezelt kontrollak. C: A belső laborkontroll,

A: allélkódtól. Mindkét személy genotípusa: 9/10, a kontrollé: 8/10.

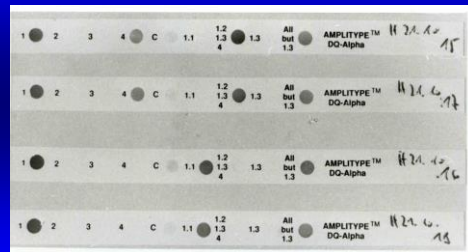


Két személy sperma mintájának tipizálása az **D1S80 (MCT118)** amplifikálható hossz polimer lokusznak megfelelően. Egy (1 és 8), öt (2 és 9), tíz (3 és 10), tizenöt (4 és 11), húsz (5 és 12) valamint huszonegy perces (6 és 13) elektronbesugárzást követően. Az 7 és 14 szám alatti minták a sugárral nem kezelt kontrollak. C: A belső laborkontroll, A: allélok-tétel. Az első személy genotípusa: 24/31, a másodiké: 23m/24, a kontrollé: 22/24.



Két személy sperma mintájának tipizálása a **HLADQα** szekvencia-polimorf lokusznak megfelelően. Az 1. és 3. minta 25-25 perces elektron besugárzást követően. A 2. és 4. minták a besugárzás nélküli kontrollak.

Az első személy genotípusa: 1/4, a másodiké 1.1/1.1.



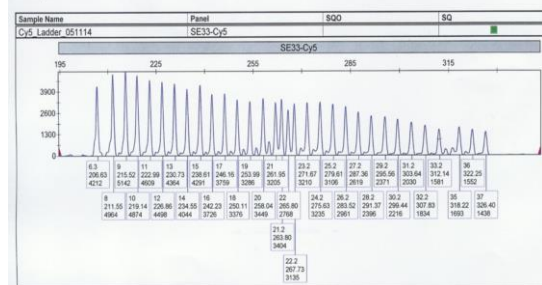
Münster



Prof. Dr. B. Brinkmann

6. kromoszóma SE33 STR locus

GeneMapper ID v3.1

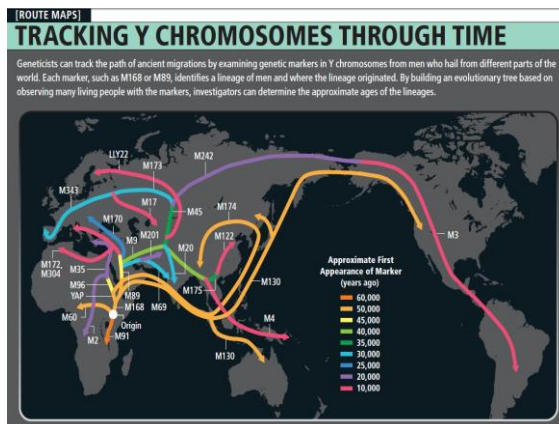
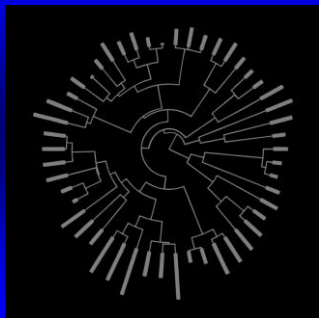


Négy kontinens nyolc populációjára a az SE33 STR lokuszon

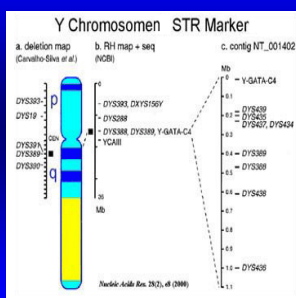


Allel	Magyar	Kínai	Japán	Marokkói	Török	Ovambo	Pápua	Aborigin
1	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
2	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
3	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
4	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
5	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
6	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
7	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
8	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
9	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
10	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
11	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
12	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
13	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
14	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
15	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
16	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
17	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
18	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
19	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
20	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
21	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
22	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
23	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
24	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
25	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
26	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
27	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
28	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
29	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
30	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
31	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
32	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
33	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
34	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
35	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
36	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
37	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
38	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
39	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
40	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
41	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
42	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
43	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
44	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
45	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
46	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
47	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
48	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
49	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
50	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
51	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
52	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
53	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
54	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
55	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
56	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
57	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
58	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
59	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
60	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
61	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
62	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
63	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
64	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
65	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
66	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
67	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
68	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
69	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
70	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
71	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
72	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
73	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
74	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
75	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
76	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
77	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
78	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
79	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
80	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
81	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
82	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
83	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
84	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
85	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
86	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
87	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
88	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
89	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
90	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
91	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
92	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
93	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
94	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
95	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
96	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
97	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
98	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
99	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
100	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
101	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
102	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
103	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
104	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
105	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
106	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
107	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
108	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
109	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
110	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
111	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
112	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
113	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
114	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
115	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
116	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
117	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
118	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
119	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
120	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
121	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
122	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
123	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
124	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
125	0.0000							

Filogenetikai analízis – népek rokonsága



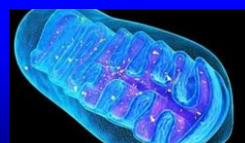
A DYS19, DYS 390 ÉS A DYS 389 LOKUSZOK MUTÁCIÓ ANALÍZISE



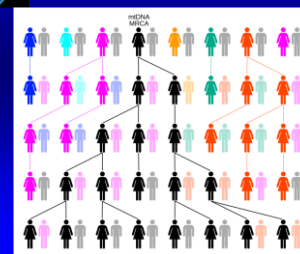
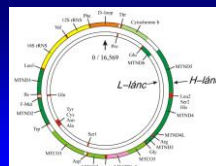
1260 meiózis

4 mutáció

$\mu = 0,00317$

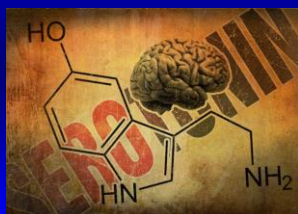


2002.

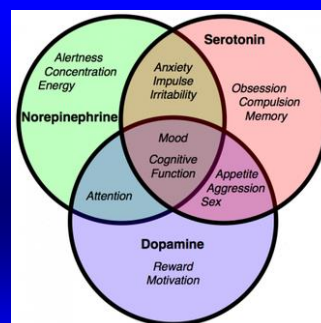


Kapcsolat a klinikummal....

1999.

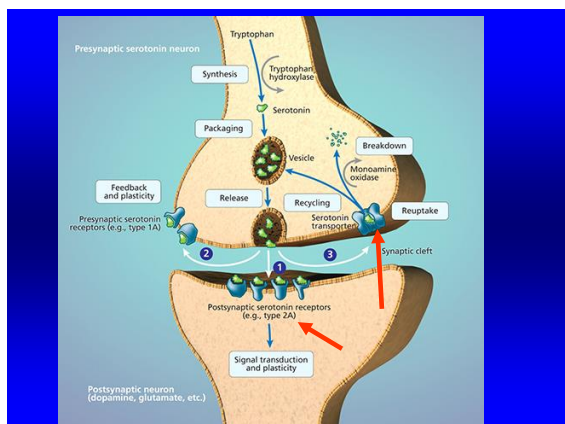


Prof. Dr. Bagdy György



Kényszer
Memória
Étvág
Sex
Agresszió
Hangulat
Szorongás
Ösztönzés
Kognitív funkció
Irritabilitás
Impulzivitás

Multifaktoros, poligénis öröklődés!



Aura nélküli migrénes betegek genetikai vizsgálata a szerotonerg rendszerben mérhető neurokémiai eltérések tükrében. Kezdeti eredmények.

Juhász Gabriella*, Zsombok Terézia*, Lászik András*,
Faludi Gábor*, Bagdy György*
*OPNI, Kísérletes Neurokémiai és Izotóp Laboratórium
* SE, Igazságügyi Orvostani Intézet
* SE, Kútvölgyi Klinikai Tomb

A Magyar Fejfájás Társaság IX. Kongresszusa.
Balatonalmádi, 2002. május 3-4.

A vizsgálat célja, várható eredmények

- a betegek genotipizálása új, genetikai paramétereket szolgáltat a már meglévő klinikai és biokémiai adatokhoz
- a vizsgált genetikai mutatók esetleges összefüggése a betegséggel:
 - komoly előrelépést jelentene a migrén kialakulásának megértésében, a rizikófaktorok azonosításában
 - pontosabb diagnózis és hatékonyabb kezelés kifejlesztését eredményezhetné

Vizsgálati terv

- Neurokémiai paraméterek mérése thrombocyteken:
 - ^3H -LSD kötéssel az 5-HT_{2A} receptorok számának meghatározása
 - ^3H -paroxetin kötéssel a transzporter fehérje mennyiségének mérése
- Az adott fehérje termeléséért felelős gén vizsgálata:
 - az 5-HT_{2A} -receptor-gén 102 T/C polymorfizmusának vizsgálata
 - az 5-HT -transzporter-gén 5' széli részén található szabályozó régió polymorfizmusának vizsgálata

Az 5-HT_{2A} -receptor-gén

- 5-HT_{2A} receptort kódoló gén: 13q14-q22
- 3 exonja és 2 intronja van
- 4 fontosabb polymorfizmusa ismert
- általunk vizsgált polymorfizmus: az első exont kódoló génszakasz 102. helyén **timin (T)** vagy **citozin (C)** állhat
- lehetséges hatásmechanizmus:
 - megváltoztatja a gén másodlagos szerkezetét
 - befolyásolja az mRNS stabilitását
 - kapcsolatban öröklődik egy funkcionális molekuláris variánsal

Chen K et al. Mol Brain Res, 1992;14:20-26.
Peroutka SJ. Ann NY Acad Sci, 1998;861:18-25.

Az 5-HT_{2A} -receptor-gén 102 T/C polymorfizmusának vizsgálata I.

- génszokszorozás (amplifikáció)
 - templát (minta) 10 ng genomai DNS (fehérvérsejtek sejtmagjából)
 - reakció elegy: puffer, primer 1, primer 2, dNTP, Taq (Thermus aquaticus) polimeráz enzim 95 °C^{optimalis}



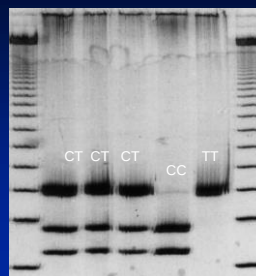
Az 5-HT_{2A}-receptor-gén 102 T/C polimorfizmusának vizsgálata II.

- *Msp* I restrikciós endonukleáz enzim emésztés: C↓Cgg



- kiértékelés horizontális poliakrilamidgél-elektroforézissel

Az 5-HT_{2A}-receptor-gén 102 T/C polimorfizmusának vizsgálata



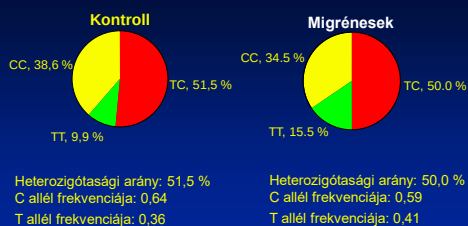
Msp I. emésztés után

← 342 bp nem hasadt allél

← 216 bp

← 126 bp hasadt allél

Az 5-HT_{2A}-receptor-gén 102 T/C polimorfizmusának vizsgálata során nyert eredményeink



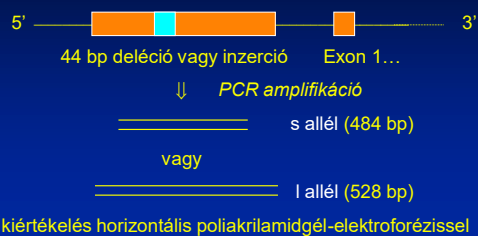
Chi-square (df=1): 1,09
p= 0,2974

Az 5-HT-transzporter-gén

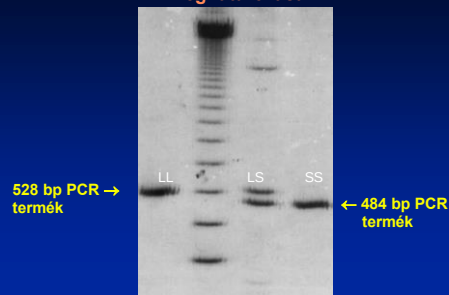
- 5-HT transzportert kódoló gén: 17q11.2
- a 3'-széli részén összesen 14 exon kódolja magát a transzportert
- az 5'-széli részén regulátor régió található
- számos polimorfizmusa ismert
- általunk vizsgált polimorfizmus: az 5'-széli promotor régió inzerció/deléción polimorfizmusa
- hatásmechanizmus: szabályozza a gén átíródását

Lesch KP et al. J Mol Med. 1996;74:365-78.

Az 5-HT-transzporter-gén polimorfizmusának vizsgálata



Az 5-HT-transzporter-gén polimorfizmusának meghatározása



528 bp PCR →
termék

← 484 bp PCR
termék



Betegségek genomikai hátterének vizsgálati módszerei

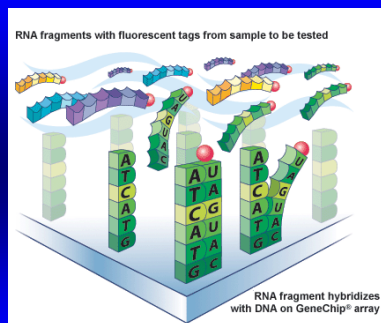
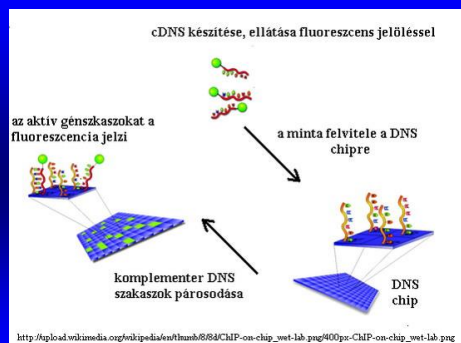
Génasszociációs vizsgálatok. Olyan gének vizsgálata, amelyekről tudható, hogy szerepet játszanak a betegség kialakulásában, bennük genetikai variációk kereshetők, és összehasonlíthatók azok gyakorisága a beteg és egészséges populációban.

Olcsók, egyszerűek, könnyű értelmezhetők és jól magyarázható eredményeket adnak.

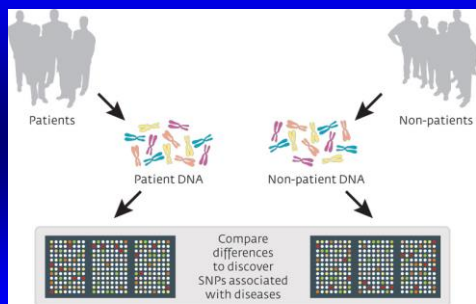
Ismerni kell a betegség patomechanizmusát. Egyszerre egy, vagy csak néhány variációt lehet vizsgálni.

GWAS-vizsgálatok Genome-wide association study

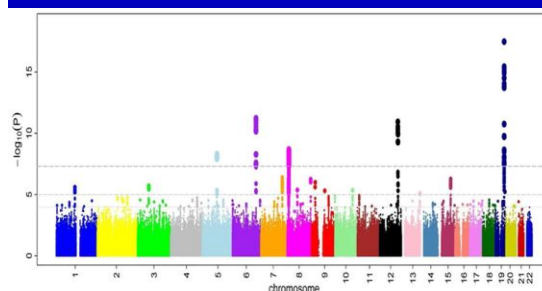
- Az SNP-k kimutatása automatizálható, és igen nagy mennyiségben lehet őket egyszerre meghatározni. Egyetlen chippel több 100 ezer SNP-t!!!
- A fenotípusos jellel rendelkező, illetve a kontrollpopulációt kell genotipizálni, azaz >100 ezer SNP-t meghatározni, majd megkeresni, hogy melyik marker gyakorisága különbözött a két populáció között.
- A GWAS lehetőségeket nyújt a multifaktoriális jellegek genomikai hátterének tisztázására. A módszer a hipotézismentes módszerek közé tartozik, azaz végrehajtása nem igényel előzetes genetikai tudást a jellegről.



GWAS



GWAS - SNP



MANCHESTERI EGYETEM



Győr - 2011. szeptember 22 - 25.

A Szent Korona és a Szent Jobb után Magyarország harmadik legfontosabb, kiemelt nemzeti ereklyéje Szent László herméja, amelyet a török kiűzése óta őriznek a győri székesegyházban.



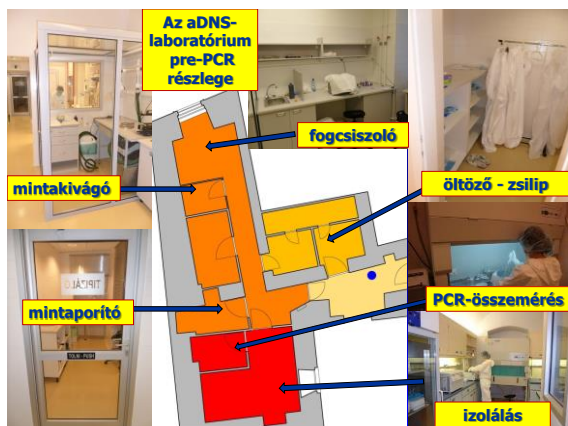
MTA RÉGÉSZETI INTÉZET
ARCHEOGENETIKAI LABORATÓRIUM



SEMMELWEIS EGYETEM BUDAPEST
IGAZSÁGÜGYI ÉS BIZTOSÍTÁS-ORVOSTANI INTÉZET
DNS LABORATÓRIUM

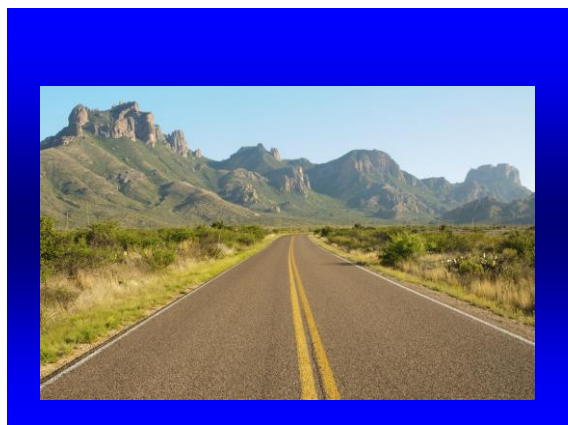
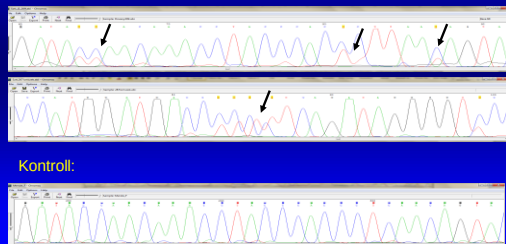
AZ ARCHEOGENETIKA LEHETŐSÉGEI ÉS
KORLÁTAI A SZENT LÁSZLÓ KOPONYAEREKLYE
KUTATÁSÁBAN





Eredmények

Szent László király



Főemlősök korai anyai
szeparáció – depresszió
genetikai vizsgálata



Befejezett öngyilkosságot
elkövetők genetikai vizsgálata

Köszönetnyilvánítás

- Prof. Dr. Sótónyi Péter
- Prof. Dr. Keller Éva
- Prof. Dr. Schneider Volkmar
- Prof. Dr. Pollak Stefan
- Prof. Dr. Brinkmann Bernd
- Prof. Dr. Bódis József
- Habilitációs Bizottság tagjai:
Prof. Dr. Gáti István, Dr. habil. Kereszti Éva, Prof. Dr. Matolcsy András
- Családom

