

APJOK GÁBOR



HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóközpont
Biokémiai Intézet

Cím: 6726 Szeged, Temesvári krt. 62.

BEMUTATKOZÁS

Posztdoktori kutatóként a fágterápia fejlesztésén dolgozom, szintetikus biológiai és genomérnöki technikák alkalmazásán keresztül, egy tehetséges csoport senioraként. Kutatásom fókuszja a fágok és az emberi test, különösen a bél- és a vér-agy gát közötti kölcsönhatások vizsgálata. Ezenkívül rendszeresen kutatok fel terápiásan alkalmazható fágokat, melynek keretében eddig terápiásan alkalmazható fágokat biztosítottam a Svájci, Portugál és az Egyesült Királyságbeli kórházak számára.

ELSAJÁTÍTHATÓ TECHNIKÁK

- Alapvető és fejlett molekuláris biológiai technikák
- Multidrog rezisztens patogén baktériumok rutinszerű kezelése
- Bioinformatika (Szekvenálási adatok feldolgozása, jellemzése, kódolás stb.)
- Fág izolálás, jellemzés, genetikai elemzés
- Emlős sejttenyészetek kezelése
- Fejlett genomérnöki ismeretek:
- Fágtervezés: megjelenítési technikák, mutagenézis, rekombináció, transzdukáló részecskék felépítése stb.
- CRISPR/Cas9 és származékos módszerek pl. pEvolVR, dCas9
- MAGE alapú alkalmazások: pORTMAGE, DIVERGE

VÁLOGATOTT KÖZLEMÉNYEK

Apjok, G., Számel, M., Christodoulou, C., Seregi, V., Vásárhelyi, BM., Stirling, T., Eszenyi, B., Sári, T., Vidovics, F., Nagrand, E. et al. (2023) Characterization of antibiotic resistomes by reprogrammed bacteriophage-enabled functional metagenomics in clinical strains. **Nat Microbiol** **8**: 410-423.

Visnyovszki, Á., Orosz, L., Kintsés, B., Stirling, T., Vásárhelyi, BM., Ari, E., Kiss, E., Papp, B., **Apjok, G.**, Vidovics, F. et al. (2021) A covid-19 pandémiához társulóan előfordult multirezisztens acinetobacter baumannii törzsek molekuláris jellemzése. **Magyar Infektológiai és Klinikai Mikrobiológiai Társaság 48. Kongresszusa** 2021-09-30 [Debrecen, Magyarország], (előadás)

Apjok, G., Boross, G., Nyerges, A., Fekete, G., Lazar, V., Papp, B., Pal, C., Csörgő, B. (2019) Limited evolutionary conservation of multidrug resistance and collateral sensitivity. **Mol Biol Evol** **38**: 3029-3029.

Dunai, A., Spohn, R., Farkas, Z., Lázár, V., Györkei, Á., **Apjok, G.**, Boross, G., Szappanos, B., Grézal, G., Faragó, A. et al. (2019) Rapid decline of bacterial drug-resistance in an antibiotic-free environment through phenotypic reversion. **ELIFE** **8** Paper: e47088.

Apjok, G., Boross, G., Nyerges, Á., Fekete, G., Lázár, V., Papp, B., Pál, C., Csörgő, B. (2019) Limited evolutionary conservation of the phenotypic effects of antibiotic resistance mutations. **Mol Biol Evol** **36**: 1601-1611.

Nyerges, A., Csörgő, B., Nagy, I., Balint, B., Bihari, P., Lazar, V., **Apjok, G.**, Umenhoffer, K., Bogos, B., Posfai, G. et al. (2016) A highly precise and portable genome engineering method allows comparison of mutational effects across bacterial species. **Proc Natl Acad Sci U S A** **113**: 2502-2507.