

BÁLINT BÁLINT LÁSZLÓ



Debreceni Egyetem
Általános Orvostudományi Kar
Biokémiai- és Molekuláris Biológiai Intézet

Cím: 4032 Debrecen, Egyetem tér 1.

KUTATÁSI TERÜLET BEMUTATÁSA

Az elmúlt évtized során extrém nagy mennyiségű omikai adat vált nyilvánosan elérhetővé. Az adatok feldolgozása folyamatos, az orvosbiológiai felhasználása minimális részben történt meg. Munkacsoportunk célja megoldatlan klinikai problémákra válaszokat találni a rendelkezésre álló adatok felhasználásával. Kiemelt érdeklődési területünk a génkifejeződés szabályozása. Az elmúlt néhány évben több onkológiai szempontból releváns transzlokációról sikerült bizonyítani, hogy egy sejtspecifikus, magas aktivitással rendelkező szuperenhanszer és egy onkogén fúziója által indítják be a daganatsejtek proliferációját. A szuperenhanszerek kromatin szintű markerekkel bioinformatikai módszerekkel azonosíthatók. A szuperenhanszerek működésének kulcsfehérjéit most térképezik, esetenként gátló kismolekulák is elérhetőek. Ilyen kulcsfehérje a BRD4 mely egy bromodómén fehérje, szerepe az acetilált hiszton végek felismerése és ezáltal az enhanszer és promóter régiók összekapcsolása. Jelenleg több klinikai vizsgálat zajlik a BRD4 gátlószerek hatékonyságának tesztelésére malignus betegségekben. Kutatásunk során a szuperenhanszerek működésének további részleteit kívánjuk megismerni. Kiemelt figyelmet szentelünk az emlődaganatoknak mivel esetükben nagy mennyiségű multi-omikai adat érhető el. Jelentős alap kutatások molekuláris szinten térképeztek már több emlődaganat sejtes modellt és ezen adatok szabadon elérhetőek további kutatások számára. Kiegészítve a jelentős számú klinikai genomikai projekttel, jó esély van a szuperenhanszerek szerepének jobb megismerésére a tumorok kialakulásában, sztratifikációjában és új kezelési megközelítések azonosításában.

ELSAJÁTÍTHATÓ TECHNIKÁK

Munkacsoportunkban in vitro és in silico technikák elsajátítására van lehetőség. Fő érdeklődési területünk a génkifejeződés és szabályozásának vizsgálata teljes genomi szinten sejtes rendszerekben. Ezért a hozzánk jövő hallgatók megtanulják az emlődaganat eredetű sejtek tenyésztését, kezelését, manipulálását, DNS és RNS izolálást, minőségellenőrzést PCR és QPCR technikákat. Az adatelemzési technikák belépő szakasza az RNS szekvenálási adatelemzés Galaxy platformon, később R programozási környezetben végez-

zünk a genomikai adatok statisztikai adafeldolgozását és az adatábrázolást. A gépi tanulási módszerek használata az adatelemzés harmadik szakasza. Mindezen technikák célja a tudományos eredmények disszeminációja és a publikáció ezért a hallgatók ezen a téren is szakértői felkészítést kapnak.

VÁLOGATOTT KÖZLEMÉNYEK

Bojcsuk, D., Nagy, G., **Bálint, B.L.** (2017) Inducible superenhancers are organized based on canonical signal-specific transcription factor binding elements. **Nucleic Acids Research** **45**: 3693-3706 Oxford University Press

Ozgyin, L., Horvath, A., Hevessy, Z., **Bálint, B.L.** (2019) Extensive epigenetic and transcriptomic variability between genetically identical human B-lymphoblastoid cells with implications in pharmacogenomics research. **Scientific Reports** **9**: 4889 Nature Publishing Group

Bojcsuk, D., Nagy, G., **Bálint, B.L.** (2020) Alternatively constructed estrogen receptor alpha-driven superenhancers result in similar gene expression in breast and endometrial cell lines. **Int J Mol Sci** **21**: 1630 Multidisciplinary Digital Publishing Institute

Erdős, E., **Bálint, B.L.** (2020) NR2F2 orphan nuclear receptor is involved in estrogen receptor alpha-mediated transcriptional regulation in luminal a breast cancer cells. **Int J Mol Sci** **21**: 1910, Multidisciplinary Digital Publishing Institute

Gargya, P., **Bálint, B.L.** (2021) Histological Grade of Endometrioid Endometrial Cancer and Relapse Risk Can Be Predicted with Machine Learning from Gene Expression Data. **Cancers** **13**: 4348 Multidisciplinary Digital Publishing Institute