

HARANGOZÓ ÁKOS



Nemzeti Tudósképző Akadémia, VI. évf.

Szegedi Tudományegyetem
Szent-Györgyi Albert Orvostudományi Kar, VI. évf.

SZÜLETÉSI ÉV

2000

SZENT-GYÖRGYI DIÁK

volt

KUTATÁSI HELY

Szegedi Tudományegyetem

SZENT-GYÖRGYI MENTORA

Boldogkői Zsolt Endre

JUNIOR MENTORA

Tombácz Dóra

SZAKTERÜLETE

genomika és
géntechnológia

GIMNÁZIUM

Szegedi Radnóti Miklós
Kísérleti Gimnázium

GIMNÁZIUMI TANÁR

Bán Sándor

NYELVTUDÁS

angol/felsőfokú

KUTATÁSÁNAK FONTOSSÁGA, CÉLJA ÉS VÁRHATÓ KIMENETELE

A modern szekvenálási technológiák lehetővé teszik az élőlények és a vírusok genomjának strukturális illetve funkcionális elemzését. Ezzel jobban megismerhetővé téve a gének és nem kódoló szekvenciák szerepét, valamint egymásra való hatásukat. Csoportunk különféle humán és nem-humán patogén vírusok genomikai analízisével foglalkozik, a legmodernebb genom- transzkriptom szekvenálási módszereket alkalmazva (hosszú – és rövid read szekvenátorokkal). Az így kinyert nagy mennyiségű genomikai információt különböző bioinformatikai programokkal elemezzük ki. Emellett CrispR-Cas9/dCas9 - ami egy modern genom szerkesztő technológia, mellyel nagyon pontos módosításokat lehet végrehajtani - technikákkal génmódosított vírusokat és indukálható génexpressziós rendszereket hozunk létre, amelyeknek a transzkriptomra gyakorolt hatását analizáljuk. Célunk egyrészt megismerni e patogén organizmusok működésének genomikai hátterét, leírni az ún. statikus és dinamikus transzkriptom atlaszukat, illetve modellként használjuk őket az általunk javasolt Transzkripció Interferencia Hálózat (TIN) hipotézis vizsgálatához.

CÉLKITŰZÉSE A PÁLYÁJA SORÁN

Orvosként a kutatói és a gyakorló orvosi tevékenységet együtt szeretném végezni, amelyhez a legjobb alapokat a programban való részvétellel tudom megszerezni. Az a célom, hogy a most elkezdett kutatásokkal olyan elméleti tudásra és gyakorlati tapasztalatokra tegyek szert, amelyek a pályám során segítségemre lesznek és amelyek felhasználásával a későbbiekben én is tudok másoknak segíteni.

DÍJAK

2023/2024 Nemzeti Felsőoktatási Ösztöndíj – SZAOK
2023 36. OTDK, ORVOS- ÉS EGÉSZSÉGTUDOMÁNYI SZEKCIÓ Különdíj
2022 SZTE SZAOK TDK konferencia III. helyezés
2021 SZAOK TDK konferencia II. helyezés, Orvosi Biológiai Intézet

PUBLIKÁCIÓK

Kakuk, B., Dörmő, Á., Csabai, Z., Kemenesi, G., Holoubek, J., Růžek, D., Prazsák, I., Dani, V. É., Dénes, B., Torma, G., Jakab, F., Tóth, G. E., Földes, F. V., Zana, B., Lanszki, Z., **Harangozó, Á.**, Fülöp, Á., Gulyás, G., Mizik, M., Kiss, A. A., ... Boldogkői, Z. (2023) In-depth Temporal Transcriptome Profiling of Monkeypox and Host Cells using Nanopore Sequencing. **Scientific Data** **10(1)**: 262.

Torma, G., Tombácz, D., Csabai, Z., Almsarrhad, I. A. A., Nagy, G. Á., Kakuk, B., Gulyás, G., Spires, L. M., Gupta, I., Fülöp, Á., Dörmő, Á., Prazsák, I., Mizik, M., Dani, V. É., Csányi, V., **Harangozó, Á.**, Zádori, Z., Toth, Z., & Boldogkői, Z. (2023) Identification of herpesvirus transcripts from genomic regions around the replication origins **Sci Rep** **13(1)**: 16395.

Tombácz, D., Dörmő, Á., Gulyás, G., Csabai, Z., Prazsák, I., Kakuk, B., **Harangozó, Á.**, Jankovics, I., Dénes, B., & Boldogkői, Z. (2022) High temporal resolution Nanopore sequencing dataset of SARS-CoV-2 and host cell RNAs. **GigaScience** **11**: giac094.