

## KINTSES BÁLINT



Szegedi Biológiai Kutatóközpont  
Biokémiai Intézet  
Szintetikus és Rendszerbiológiai Egység

Cím: 6726 Szeged, Temesvári krt. 62.

### KUTATÁSI TERÜLET BEMUTATÁSA

Az emberi szervezet komplex ökoszisztémát alkot a vele szorosan együtt élő baktériumok közösségével (vagyis a mikrobiommal) amely hasznos kommenzalista, valamint fertőző és opportunista kórokozó baktériumokból áll. Modern életvitelünknek köszönhetően a mikrobióta ökológiai környezete elképesztő sebességgel változik, amelyre a baktériumok állandó alkalmazkodással válaszolnak. Ennek a folyamatnak egy jól ismert következménye az egész világot érintő és folyamatosan terjedő antibiotikum-rezisztencia válság, amely évente 700 000 emberéletet követel, elsősorban a multidrog-rezisztens baktériumok megjelenésének következtében. Ennek okán, kutatócsoportunk új szintetikus biológiai technológiákat fejleszt a genomika és genommérnökség területén. A fejlesztés célja kettős. Egyrészt, e technikák segítségével arra törekszünk, hogy jobban megértsük az antibiotikum-rezisztencia kialakulásának evolúciós dinamikáját, és így megtaláljuk azokat a trükköket, amikkel lassítható a folyamat. Másrésztől, olyan új terápiás megközelítéseket fejlesztünk, amelyek célja a multidrog-rezisztens kórokozók célzott elpusztítása, miközben a hasznos baktériumokat nem bántjuk. Az alapvető tudományos kérdések feltevésén túl céljaink között szerepel még a fejlesztéseink hasznosítása és értékesítése is, amely egy modern kutatási irányzat elengedhetetlen eleme kell legyen.

### ELSAJÁTÍTHATÓ TECHNIKÁK

Funkcionális genomika és funkcionális metagenomika, bakteriális genommérnöki technikák, fágbiológia és fágmérnöki technikák, irányított evolúciós technikák, molekuláris biológia és DNS klónozási technikák, klasszikus és a legkorszerűbb mikrobiológiai technikák, a biológiai biztonság második szintjét képviselő (BSL-2) kórokozó baktériumok vizsgálata, a bél mikrobiom 16S rRNS szekvenálása, új generációs szekvenálási technikák, adatelemzés és bioinformatika.

### VÁLOGATOTT KÖZLEMÉNYEK

**Kintses, B.,** Kumar, P., Jangir, PK., Fekete, G., Számel, M., Méhi, O., Spohn, R., Daruka, L., Martins, A., Hosseinnia, A., Gagarinova, A., Kim, S., Phanse, S., Csörgő, B., Györkei, A., Ari, E., Lázár, V., Faragó, A., Bodai, L., Nagy, I., Babu, M., Pál, C., Papp, B. (2019) Chemical-genetic profiling reveals cross-resistance and collateral sensitivity between antimicrobial peptides. **Nat Commun** 10: 5731.

**Kintses, B.,** Méhi, O., Ari, E., Számel, M., Györkei, Á., Jangir, PK., Nagy, I., Pál, F., Fekete, G., Tengölics, R., Nyerges, Á., Likó, I., Bálint, A., Molnár, T., Bálint, B., Vásárhelyi, BM., Bustamante, M., Papp, B., Pál, C. (2019) Phylogenetic barriers to horizontal transfer of antimicrobial peptide resistance genes in the human gut microbiota. **Nature Microbiology** 4: 447-458.

Nyerges, Á., Csörgő, B., Draskovits, G., **Kintses, B.,** Szili, P., Ferenc, G., Révész, T., Ari, E., Nagy, I., Bálint, B., Vásárhelyi, BM., Bihari, P., Számel, M., Balogh, D., Papp, H., Kalapis, D., Papp, B., Pál, C. (2018) Directed evolution of multiple genomic loci allows the prediction of antibiotic resistance. **Proc Natl Acad Sci U S A** 115: E5726-E5735.

Colin, PY., **Kintses, B.,** Gielen, F., Miton, C., Fischer, G., Mahomed, M., Hyvonen, M., Morgavi, DP., Janssen, DB., Hollfelder, F. (2015) Ultrahigh-throughput Discovery of Promiscuous Enzymes by Picodroplet Functional Metagenomics. **Nature Communications** 6: 10008.

Notebaart, RA., Szappanos, B., **Kintses, B.\***, Pál, F., Györkei, Á., Bogos, B., Lázár, V., Spohn, R., Csörgő, B., Wagner, A., Ruppín, E., Pál, C., Papp, B. (2014) Network-level architecture and the evolutionary potential of underground metabolism. **Proc Natl Acad Sci U S A** 111: 11762-7.