

LANSZKI ZSÓFIA



Pécsi Tudományegyetem
Természettudományi Kar
Biológiai Intézet

Cím: 7624 Pécs, Ifjúság útja 6.

BEMUTAKOZÁS

A természetben megtalálható felbukkanó fertőző betegségek felderítése és vizsgálata kiemelt fontosságú megelőzés és kezelés szempontjából. A kutatási területünk a biológia, a virológia és a betegség ökológia szorosan összefonódó területein helyezkedik el. Ezen belül a vadon élő állatok virológiai vizsgálata és molekuláris szintű jellemzése áll a figyelem középpontjában. A munka során a betegségek és az érintett fajok feltárása és megismerése a OneHealth koncepció alapján történik. Ezáltal célunk az ember, állat és környezet egészsége közötti összefüggések megértése, az eredmények gyakorlati hasznosítása.

ELSAJÁTÍTHATÓ TECHNIKÁK

A modern molekuláris biológiai technikák széles skáláját alkalmazzuk a vírusok azonosításához, genomvizsgálathoz és evolúciójuk nyomon követéséhez. A molekuláris biológiai diagnosztikai eljárások és az új generációs szekvenálási technológiák segítségével lehetőségünk van a vírus genom szekvenálására. Ezeket a technikákat bioinformatikai adatelemzések és filogenetikai elemzések követik, amelyek segítenek azonosítani a kórokozók eredetét, terjedését és evolúcióját. A módszerek kombinációja lehetővé teszi számunkra a betegségek jobb megértését és hatékonyabb kezelési stratégiák kidolgozását.

VÁLOGATOTT KÖZLEMÉNYEK

Lanszki, Z., Islam, Md. S., Shikder, Md. F., Sarder, Md. J. U., Khan S. A., Chowdhury, S., Islam, Md. N., Tauber, Z., Tóth, G.E., Jakab, F., Kemenesi, G., Akter, S. (2024) Snapshot study of Canine distemper virus in Bangladesh with on-site PCR detection and Nanopore sequencing. **Sci Rep 14:** 9250.

Lanszki, Z., Lanszki, J., Tóth, G. E., Cserkés, T., Csorba, G., Görföl, T., Csathó, A.I., Jakab, F., Kemenesi, G. (2022) Detection and sequence analysis of Canine morbillivirus in multiple species of the *Mustelidae* family. **BMC Vet Res 18:** 450.

Lanszki, Z., Tóth, G.E., Schütz, É., Zeghibib, S., Rusvai, M., Jakab, F., Kemenesi, G. (2022) Complete genomic sequencing of canine distemper virus with nanopore technology during an epizootic event. **Sci Rep 12:** 4116.

Kemenesi, G, Tóth, G.E., Neto, M.M., Scott, S., Temperton, N., Wright, E., Mühlberger, E., Hume, A.J., Suder, E.L., Zana, B., Boldogh, S.A., Görföl, T., Estók, P., **Lanszki, Z.,** Somogyi, B.A., Nagy, Á., Pereszlényi, C., Dudás, G., Földes, F., Kurucz, K., Madai, M., Zeghibib, S., Maes, P., Vanmechelen, B., Jakab F. (2022) Isolation of infectious Lloviu virus from Schreiber's bats in Hungary. **Nat Commun, 13:** 1-11.

Lanszki, Z., Lanszki, J., Tóth, G.E., Zeghibib, S., Jakab, F., Kemenesi, G. (2022) Retrospective Detection and Complete Genomic Sequencing of Canine morbillivirus in Eurasian Otter (*Lutra lutra*) Using Nanopore Technology. **Viruses 14:** 1433.