

MÁTÉS LAJOS



HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóközpont
Genetikai Intézet

Cím: 6726 Szeged, Temesvári krt. 62.

KUTATÁSI TERÜLET BEMUTATÁSA

A rák a fejlett országok egyik vezető halálozási oka. A Nemzetközi Rákkutató Ügynökség adatai szerint 2012 folyamán világszerte 8,2 millió ember halt meg rákos megbetegedésben. A rák kutatásának kezdetei már a 19. század végére tehetőek, egyértelműen jelezve a társadalmi erőfeszítéseket, amelyek ennek a pusztító betegségnek a megfékezésére irányulnak. Többek között a közelmúltban kifejlesztett, hatalmas mennyiségű DNS szekvencia adat generálására képes, nagy áteresztőképességű szekvenáló platformok adtak újabb lendületet ennek a kutatási területnek, mivel óriási számú tumor minta genetikai vizsgálatát tették lehetővé. Az így összegyűjtött adatok alátámasztják, azt az elképzelést, miszerint a rák genomunk betegsége, mivel a tumorok jelentős részében a vizsgálatok több tíz- vagy akár százezer mutációt is kimutattak. Ezek a számadatok arról is tanúskodnak, hogy a spontán mutációs ráta nem elégséges a rákos sejtekben megfigyelhető nagy számú mutáció előidézéséhez. Genetikai állományuk instabilitása az a különleges tulajdonság, amely a rákos sejteket képessé teszi az újabb és újabb kóros genetikai elváltozások gyors kialakítására. Csoportunk hosszútávú célkitűzése a genom stabilitását aláásó és ezzel a rák kialakulását elősegítő genetikai elváltozások azonosítása és vizsgálata.

ELSAJÁTÍTHATÓ TECHNIKÁK

DNS, RNS és fehérjék izolálására, manipulálására és analizésére irányuló molekuláris biológiai módszerek, emlős szövetkultúra technikák, alapvető a laboratóriumi egér kolóniák fenntartásához és a velük való munkához szükséges technikák, gén kiütési és gén csendesítési eljárások, emlős szövetkultúrában és állatmodellekben alkalmazott modern génbeviteli eljárások.

VÁLOGATOTT KÖZLEMÉNYEK

Kopasz A.G., Pusztai D.Z., Karkas R., Hudoba L., Abdullah K.S.A., Imre G., Pankotai-Bodó G., Migh E., Nagy A., Kriston A., Germán P., Bakné Drubi A., Molnár A., Fekete I., Dani V.É., Ocsovszki I., Puskás L.G., Horváth P., Sükösd F., **Mátés L.** (2022) A versatile transposon-based technology to generate loss- and gain-of-function phenotypes in the mouse liver. **BMC Biology** **20**: 74

Katter, K., Geurts, A.M., Hoffmann, O., **Mátés, L.**, Landa, V., Hiripi, L., Moreno, C., Lazar, J., Bashir, S., Zideke, V., Popova, E., Jerchow, B., Beckerc, K., Devarajc, A., Walterj, I., Grzybowksib, M., Corbettb, M., Filhol, A.R., Hodgesb, M.R., Baderc, M., Ivics, Z., Jacob, H.J., Pravenec, M., Bösze, Z., Rüllicke, T., Izsvák, Z. (2013) Transposon-mediated Transgenesis, Transgenic Rescue, and Tissue-specific Gene Expression in Rodents and Rabbit. **FASEB J** **27**: 930-941.

Imre G, Takács B, Czipa E, Bakné Drubi A, Jaksa G, Latinovics D, Nagy A, Karkas R, Hudoba L, Vásárhelyi BM, Pankotai-Bodó G, Blastyák A, Hegedűs Z, Germán P, Bálint B, Abdullah KSA, Kopasz AG, Kovács A, Nagy LG, Sükösd F, Pintér L, Rüllicke T, Barta E, Nagy I, Haracska L and **Mátés L.** (2023) Prolonged activity of the transposase helper may raise safety concerns during DNA transposon-based gene therapy. **Mol Ther Methods & Clin Dev** **29**: 145-159.

Mátés, L., Chuah, M.K., Belay, E., Jerchow, B., Manoj, N., Acosta-Sanchez, A., Grzela, D.P., Schmitt, A., Becker, K., Matrai, J., Ma, L., Samara-Kuko, E., Gysemans, C., Pryputniewicz, D., Miskey, C., Fletcher, B., VandenDriessche, T., Ivics, Z., Izsvak, Z. (2009) Molecular evolution of a novel hyperactive Sleeping Beauty transposase enables robust stable gene transfer in vertebrates. **Nature Genet** **41**: 753-761.

Ivics, Z., Li, M.A., **Mátés, L.**, Boeke, J.D., Nagy, A., Bradley, A., and Izsvak, Z. (2009) Transposon-mediated genome manipulation in vertebrates. **Nat Methods** **6**: 415-422.