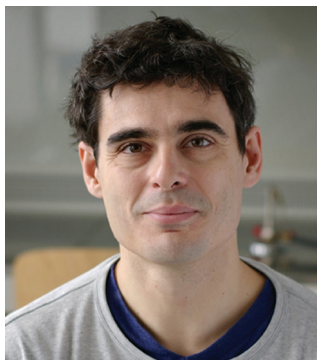


## PÁL CSABA



HUN-REN Szegedi Biológiai Kutatóközpont  
Biokémiai Intézet  
Szintetikus/Rendszerbiológiai Egység

Cím: 6726 Szeged, Temesvári krt. 62.

## KUTATÁSI TERÜLET BEMUTATÁSA

Kutatásaink fókuszában a bakteriális kórokozók és az antibiotikum-rezisztencia vizsgálata áll. Megállapítottuk, hogy a baktériumok multidrog rezisztenciát okozó mutációi egyidejűleg növelik az érzékenységet más antibiotikumokkal szemben (kollaterális szenzitivitás). Ez a megállapítás lehetővé teszi, hogy új antibiotikum-kombókat tervezzünk. Egy bakteriális genommérnöki módszer segítségével olyan új antibiotikumok kifejlesztésére törekszünk, amelyekkel szemben kisebb eséllyel alakul ki a rezisztencia. Mindezek mellett azt is vizsgáljuk, hogy az adaptív immunrendszer evolúciójára hogyan hatnak a kórokozók és a tumor ellenes védekezés.

További részletek: <http://www.brc.hu/sysbiol>

## ELSAJÁTÍTHATÓ TECHNIKÁK

Bakteriális genom tervezés, laboratóriumi evolúció, rendszerbiológia, bioinformatika.

## VÁLOGATOTT KÖZLEMÉNYEK

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

Lázár, V., Martins, A., Spohn, R., Daruka, L., Grézal, G., Fekete, G., Számel, M., Jangir, P.K., Kintsés, B., Csörgő, B., Nyerges, Á., Györkei, Á., Kincses, A., Dér, A., Walter, F.R., Deli, M.A., Urbán, E., Hegedűs, Z., Olajos, G., Méhi, O., Bálint, B., Nagy, I., Martinek, T. A., Papp, B., **Pal C.** (2018) Antibiotic-resistant bacteria show widespread collateral sensitivity to antimicrobial peptides. **Nature Microbiology** 3: 718–731.

**Pal, C.**, Papp, B., Pósfai, G (2014) The dawn of evolutionary genome engineering. **Nature Reviews Genetics** 15: 504–512.

**Pal, C.**, Macia, M., Oliver, A., Schacher, I., Buckling, A. (2007) Coevolution with viruses drives the evolution of bacterial mutation rates. **Nature** 450: 1079–81.

**Pal, C.**, Papp, B., Lercher, M.J., Csermely, P., Oliver, S.G., Laurence, D. Hurst. (2006) Chance and necessity in the evolution of minimal metabolic networks. **Nature** 440: 667–670.