

TANTOS ÁGNES



HUN-REN Természettudományi Kutatóközpont
Molekuláris Élettudományi Intézet

Cím: 1117 Budapest, Magyar Tudósok körútja 2.

KUTATÁSI TERÜLET BEMUTATÁSA

Kutatásaim középpontjában a hosszú nem-kódoló RNS-ek (lncRNS-ek) állnak, melyeknek számát nagyjából 58 000-re teszik a humán genomban. Nem-kódoló RNS-eknek azokat a géntermékeket nevezzük, amelyekről fehérje nem íródik át, de RNS-ként is önálló biológiai funkcióval rendelkeznek. A nem-kódoló RNS-ek egyik nagy csoportját a mikroRNS-ek, egy másikat pedig az lncRNS-ek alkotják. Az lncRNS-ek számos sejtéletben játszanak szabályozó szerepet, mely leggyakrabban molekuláris interakciókon keresztül valósul meg. Jelentőségük jól ismert a sejtciklus szabályozásában, a DNS javításban, a stresszreakciókban, a génkifejeződés és az RNS feldolgozás szabályozásában is. Rendellenes expressziójuk számos rákos betegség kialakulásához és progressziójához is köthető, így nem csak gyógyszer-célpontok, hanem biomarker jelöltek is szép számmal találhatók közöttük. Fontos azonban figyelembe venni, hogy ezek az RNS-ek a ritkán működnek önállóan, egyetlen lncRNS szabályozásán keresztül kis eséllyel lehet jelentős terápiás hatást elérni. Kutatócsoportomban ezért hálózat alapú megközelítéssel vizsgáljuk az lncRNS-eket, figyelembe véve mind fehérje-, mind különböző RNS partnereiket.

ELSAJÁTÍTHATÓ TECHNIKÁK

A kutatócsoportban molekuláris biológiai technikákat alkalmazunk, folynak kísérletek emlős sejtes modellrendszerekben és in vitro előállított molekulákkal is.

A fontosabb elsajátítható technikák a következők:

- Emlős sejtenyészetek fenntartása
- Emlős sejtek transzfektálása
- RNS immunprecipitáció
- Kvantitatív PCR
- Immunfluoreszcenciás vizsgálatok
- Agaróz és SDS gélelektroforézis
- Mikroskálás termoforézis (molekuláris interakciók jellemzésére)
- In vitro RNS transzkripció
- Rekombináns fehérje expresszió és tisztítás

VÁLOGATOTT KÖZLEMÉNYEK

Amin, H. M., Abukhairan, R., Szabo, B., Jacksi, M., Varady, G., Lozsa, R., Schäd, E., & **Tantos, A.** (2024). KMT2D preferentially binds mRNAs of the genes it regulates, suggesting a role in RNA processing. *Protein Sci* **33**(1): e4847.

Amin, H. M., Szabo, B., Abukhairan, R., Zeke, A., Kardos, J., Schäd, E., & **Tantos, A.** (2023). In Vivo and In Vitro Characterization of the RNA Binding Capacity of SETD1A (KMT2F). *Int J Mol Sci* **24**(22): 16032.

Szabó, B., Murvai, N., Abukhairan, R., Schäd, É., Kardos, J., Szeder, B., Buday, L., & **Tantos, Á.** (2018). Disordered Regions of Mixed Lineage Leukemia 4 (MLL4) Protein Are Capable of RNA Binding. *Int J Mol Sci* **19**(11): 3478.

Szabó, C. L., Szabó, B., Sebák, F., Bermel, W., **Tantos, A.**, & Bodor, A. (2022). The Disordered EZH2 Loop: Atomic Level Characterization by ¹H^N- and ¹H^α-Detected NMR Approaches, Interaction with the Long Noncoding HOTAIR RNA. *Int J Mol Sci* **23**(11): 6150.

Zeke, A., Schäd, É., Horváth, T., Abukhairan, R., Szabó, B., & **Tantos, A.** (2022). Deep structural insights into RNA-binding disordered protein regions. *Wiley Interdiscip Rev RNA* **13**(5): e1714.