

TOMBÁ CZ DÓRA



Szegedi Tudományegyetem
Szent-Györgyi Albert Orvostudományi Kar
Orvosi Biológiai Intézet

Cím: 6720 Szeged, Somogyi B. u. 4.

BEMUTATKOZÁS

A genomika a genom szerkezetével és funkciójával foglalkozó tudományterület. Mára számos faj teljes genomja ismertté vált, s tudjuk, hogy az emlős genomok hozzávetőlegesen 22.000 fehérje kódoló gént tartalmaznak, melyek a genom alig több mint 1 %-át teszik ki. A legújabb eredmények azt mutatják, hogy a genom jelentős része – mindkét DNS szálon - transzkripcionálisan aktív. Egyre több eredmény mutatja, hogy a fehérjét nem kódoló RNS-eknek rendkívül fontos szerepe van a transzkripció szabályozásában, s az ún. poszt-transzkripció folyamatokra és a translációra is hatással vannak. Kutatómunkánk során különféle – elsősorban – DNS genomú vírusokat (pl. Herpesz simplex vírus, Varicella Zoster vírus, Vaccinia vírus, stb) vizsgálunk egyrészt, hogy feltérképezzük e vírusok teljes génexpressziós profilját, transzkripció komplexitását, másrészt, modellként alkalmazzuk őket az ún. Transzkripció Interferencia Hálózat (TIN) hipotézis vizsgálatához. A csoportunk által javasolt TIN egy új genetikai szabályozási szintet jelent, mely a konvergens, divergens és parallel génpárok közti transzkripció túlírások (read-through) révén létrejött interakciókon alapul. Ehhez a legkorszerűbb új- és harmadik generációs szekvenátorokat és bioinformatikai megközelítéseket, továbbá CrispR-Cas9/dCas9 technikát alkalmazzuk, mellyel génmódosított vírusokat és indukálható génexpressziós rendszereket hozunk létre. A vírusok mellett baktérium, gomba, továbbá humán (major depresszió és öngyilkosság, Alzheimer-kór) genomikai projektjeink is vannak, melyhez exom-, transzkriptom-, metil- és ChIP-seq technikákat alkalmazunk.

ELSAJÁTÍTHATÓ TECHNIKÁK

A legalapvetőbb molekuláris biológiai megközelítésektől a legmodernebb genomikai módszerekig rengeteg technikát alkalmazunk: DNS és RNS tisztítás, sejt kultúrák fenntartása, vírusok szaporítása, molekuláris klónozás (homológ rekombináció és CrispR technika), PCR, kvantitatív (q)PCR, digitális (d)PCR, Northern- és Western-blot, fluoreszcens és konfokális mikroszkópia. Továbbá új – és harmadik generációs szekvenálás (Illumina MiSeq, Oxford Nanopore

MinION): genom, transzkriptom, kis RNS-ek, szekvenálása, epigenomikai módosulások analízise, ezekhez könyvtárkészítés, szekvenálás, bioinformatika és statisztika. Pacific Biosciences RSII és Sequel bioinformatika és adatelemzés.

VÁLOGATOTT KÖZLEMÉNYEK

Boldogkői, Z., Moldován, N., Balázs, Z., Snyder, M., **Tombácz, D.** (2019) Long-Read Sequencing - A Powerful Tool in Viral Transcriptome Research. **Trends Microbiol** **27**: 578-592.

Tombácz, D., Prazsák, I., Szűcs, A., Dénes, B., Snyder, M., Boldogkői, Z. (2018) Dynamic transcriptome profiling dataset of vaccinia virus obtained from long-read sequencing techniques. **Gigascience** **7**: giy139.

Tombácz, D., Sharon, D., Szűcs, A., Moldován, N., Snyder, M., Boldogkői, Z. (2018) Transcriptome-wide survey of pseudorabies virus using next- and third-generation sequencing platforms. **Sci Data** **5**: 180119.

Tombácz, D., Maróti, Z., Kalmár, T., Csabai, Z., Balázs, Z., Takahashi, S., Palkovits, M., Snyder, M., Boldogkői Z. (2017) High-Coverage Whole-Exome Sequencing Identifies Candidate Genes for Suicide in Victims with Major Depressive Disorder. **Sci Rep** **7**: 7106.

Boldogkői, Z., Balint, K., Awatramani, G.B., Balya, D., Busskamp, V., Viney, T.J., Lagali, P.S., Duebel, J., Pásti, E., **Tombácz, D.**, Tóth, J.S., Takács, I.F., Scherf, B.G., Roska, B. (2009) Genetically timed, activity-sensor and rainbow transsynaptic viral tools. **Nat Methods** **6**(2): 127-30.