

VIRÁGH MÁTÉ



Szegedi Biológiai Kutatóközpont
Biokémiai Intézet

Cím: 6726 Szeged, Temervási krt. 62.

BEMUTAKOZÁS

Kutatásaim során a komplex soksejtűség evolúciójának genetikai hátterét vizsgálom termőtestképző gombákban. A gombák országában a komplex soksejtűség 8-11 alkalommal jelent meg egymástól függetlenül. A gombák esetébe a komplex soksejtűséget tekintve a legmagasabb szintű fejlettséget a gombák ivaros szaproítóképletei, a termőtestek képviselik. Egyes termőtestek akár 30-nál is több különféle sejtípust tartalmazhatnak. Ezen sejtípusok differenciálódásának molekuláris háttere javarészt ismeretlen. Munkám középpontjában az egyes sejtípusok kialakulásának hátterében meghúzódó génszabályozási hálózatok és a különféle sejtípusok alakját meghatározó citoskeletális változások állnak. Komparatív genomikai és transzkriptomikai módszerekkel azonosítottunk számos konzervált regulátort, melyeknek expressziós mintázatuk alapján szerepük lehet a termőtestek fejlődésében. Részt veszek ezen regulátorok azonosításában és funkcionális jellemzésében. Mindezen felül molekuláris biológiai, hisztológiai, és fluoreszcens mikroszkópos módszerekkel vizsgálom egyes termőtest sejtípusok alakját és citoskeletonját, különös tekintettel a szeptin citoskeletonra.

ELSAJÁTÍTHATÓ TECHNIKÁK

Molekuláris klónozás (PCR, baktérium transzformáció, restriktációs enzim alapú klónozás, Gibson összeszerelés), gombák genetikai manipulációja, fehérjetermeltetés és tisztítás (SDS-PAGE, Western blot), fluoreszcens mikroszkópia, hisztológiai metszetek készítése termőtestekből, bioinformatikai módszerek (statisztikai analízisek R-ben, funkcionális genomika, transzkriptomikai analízis).

VÁLOGATOTT KÖZLEMÉNYEK

Merényi, Zs., **Virágh, M.**, Gluck-Thaler, E., Slot, JC., Kiss, B., Varga, T., Geösel, A., Hegedüs, B., Bálint, B., Nagy, LG. (2022) *Gene age shapes the transcriptional landscape of sexual morphogenesis in mushroom forming fungi (Agaricomycetes)*. **Elife**. **11**: e71348.

Virágh, M., Merényi, Zs., Csernetics, Á., Földi, Cs., Sahu, N., Liu, XB., Hibbett, DS., Nagy, LG. (2022) *Evolutionary Morphogenesis of Sexual Fruiting Bodies in Basidiomycota: Toward a New Evo-Devo Synthesis*. **Microbiol Mol Boil Rev**. **86**: e00019-21.

Hage, H., Miyauchi, S., **Virágh, M.**, Drula, E., Min, B., Chaduli, D., Navarro, D., Favel, A., Norest, M., Lesage-Meessen, L., Bálint, B., Merényi, Zs., Eugenio de L., Morin, E., Martínez, TA., Baldrian, P., Štursová, M., Martynetz, MJ., Novotny, C., Magnuson, JK., Spatafora, JW., Maurica, S., Pangilinan, J., Andreopoulos W., LaButti, K., Hundley, H., Na, H., Kuo, A., Barry, K., Lipzen, A., Henrissat, B., Riley, R., Ahrendt, S., Nagy, GL., Grigoriev, IV., Martin, F., Rosso, MN. (2021) *Gene family expansions and transcriptome signatures uncover fungal adaptations to wood decay*. **Environ Microbiol**. **23**: 5716-5732.

Nagy, LG., Varga, T., Csernetics, Á., **Virágh, M.** (2020) *Fungi took a unique evolutionary route to multicellularity: Seven key challenges for fungal multicellular life*. **Fungal Biology Reviews** **34**: 151-169.

Kiss, E., Hegedüs, B., **Virágh, M.**, Varga, T., Merényi, Zs., Kószó, T., Bálint, B., Prasanna, AN., Krizsán, K., Kocsubé, S., Riquelme, M., Takeshita, N., Nagy GL. (2019) *Comparative genomics reveals the origin of fungal hyphae and multicellularity*. **Nat Commun**. **10**: 4080.

Krizsán, K., Almási, É., Merényi, Zs., Sahu, N., **Virágh, M.**, Kószó, T., Mondo, S., Kiss, B., Bálint, B., Kües, U., Barry, K., Cseklye, J., Hegedüs, B., Henrissat, B., Johnson, J., Lipzen, A., Ohm, RA., Nagy, I., Pangilinan, J., Yan, J., Xiong, Y., Grigoriev, IV., Hibbett, DS., Nagy, LG. (2019) *Transcriptomic atlas of mushroom development reveals conserved genes behind complex multicellularity in fungi*. **Proc Natl Acad Sci U S A**. **116**: 7409-7418.