

BOLDOGKŐI ZSOLT ENDRE



Szegedi Tudományegyetem
Általános Orvostudományi Kar
Orvosi Biológiai Intézet

Cím: 6720 Szeged, Somogyi B. u. 4.

KUTATÁSI TERÜLET BEMUTATÁSA

1. A génexpressziójának szabályozása különféle vírus családokban: E munka keretében egyrészt a vírusok transzkriptom atlaszainak összeállítását végezzük rövid- és hossz-read szekvenálási technológiákkal. Másrészt, azt vizsgáljuk, hogyan függ össze a gének transzkripciója, illetve a transzkripció és a DNS replikáció. Hipotézisünk szerint a transzkripciós és replikációs apparátusok kölcsönhatása szabályozó hatással van mind a DNS, mind az RNS szintézisére.

2. Intelligens vírus vektorok előállítása agykutatásra: Genetikailag manipulált pseudorabies vírus alkalmazása transzneurális nyomjelzésre és egyben idegi aktivitás optikai módszerekkel történő vizsgálatára. Különféle agyrégiók neuronjaiba viszünk be olyan vírusokat, melyek fluoreszcens aktivitás markereket fejeznek ki. E markerek a fluoreszcens energiatranszfer jelenségét aknázzák ki, s emiatt alkalmasak egyidejűleg nagyszámú idegsejt aktivitásáról információkat szolgáltatni.

3. A major depresszió és az öngyilkosság genetikai hátterének vizsgálata. Ebben a témában öngyilkos és kontroll páciensek teljes exomjának vizsgálatát végezzük. A projekt folytatásaként transzkriptom vizsgálatokat végzünk egyedi sejtekből nyert RNS-ek hosszú-read szekvenálással való analizésével.

4. 2019-től különféle mikrobiom kutatási projekteket indítunk.

ELSAJÁTÍTHATÓ TECHNIKÁK

1. Hosszú- és rövid-read szekvenálás: Illumina új-generációs szekvenálás; Oxford Nanopore Technologies és Pacific Biosciences harmadik generációs szekvenálási platformok. Különféle technikákat teszteltünk és fejlesztettünk ki, pl. Capszelekció, direkt RNS szekvenálás, targeted szekvenálás, stb.

2. Molekuláris klónozás: restrikciós endonukleázok és a CRISPR rendszer alkalmazása, rekombináns vírus technológia, stb.

3. PCR és real-time RT PCR: e technikákat a génexpresszió kvantitatív analizésére használjuk.

4. Mikroszkópia: fénymikroszkópia, valamint, konfokális és fluoreszcens mikroszkópia.

VÁLOGATOTT KÖZLEMÉNYEK

Tombác, D., Prazsák, I., Szűcs, A., Dénes, B., Snyder, M., **Boldogkői, Z.** (2018) Analysis of the transcriptome of Vaccinia virus using long-read sequencing techniques. **GigaScience**. Volume 7, Issue 12, 1 December 2018, **gij139**, <https://doi.org/10.1093/gigascience/gij139>

Tombác, D., Prazsák, I., Moldován, N., Szűcs, A., **Boldogkői, Z.** (2018) Lytic Transcriptome Dataset of Varicella Zoster Virus Generated by Long-read Sequencing. **Frontiers in Genetics**. doi: **10.3389/fgene.2018.00460**, <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fgene.2018.00460/full>

Balázs, Z., Tombác, D., Szűcs, A., Snyder, M., **Boldogkői, Z.** (2017) Long-read sequencing of the human cytomegalovirus transcriptome with the Pacific Biosciences RSII platform. **Scientific Data**. **4**, Article number: 170194.

Tombác, 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. **Scientific Reports**, **7**, Article number: 7106. doi: [10.1038/s41598-017-06522-3](https://doi.org/10.1038/s41598-017-06522-3)

Fekete, R., Cserép, C., Orsolits, B., Martinecz, B., Lénárt, N., Tóth, K., Méhes, E., Szabó, B., Németh, V., Gönci, B., Sperlágh, B., **Boldogkői, Z.**, Kittel, Á., Baranyi, M., Ferenczi, S., Kovács, K.J., Szalay, G., Rózsa, B., Webb, C., Hortobágyi, T., West, B.L., Környei, Z., Dénes, Á*. (2018) Microglia control neurotropic virus infection via P2Y12-mediated recruitment and phagocytosis, **Acta Neuropathologica** **136(3)**: 461-482.