

NAGY LÁSZLÓ



Szegedi Biológiai Kutatóközpont
Biokémiai Intézet

Cím: 6726 Szeged, Temesvári krt. 62.

KUTATÁSI TERÜLET BEMUTATÁSA

Érdeklődésünk középpontjában a genom-evolúció általános szabályszerűségei, a komplexitás időbeli változása és a gombák egyedfejlődése, valamint ezek biotechnológiai alkalmazásai állnak. A gombák a modern biotechnológiában legáltalánosabban használt mikrobák, amelyekben az évszázadra visszatekintő kutatás ellenére hatalmas kikapzatatlan potenciál rejlik. Kutatásaink során a gombák morfogenezisét és komplex növényi poliszacharidokat (pl lignocellulóz, cellulóztartalmú növényi sejtfa) bontani képes enzimeiket szabályozó génszabályozási hálózatokat térképezzük. A gombák a növényi sejtfa leghatékonyabb mikrobiális lebontó szervezetei, amelyek extracelluláris enzimrendszereiknek köszönhetően hatalmas potenciállal bírnak a bioüzemanyagok gyártásának területén. A génszabályozási háló bonyolult, szabályozó génekből (pl transzkripció faktorok), struktúr/végrehajtó génekből valamint feedback és feedforward loopokból álló sejtszintű hálózatok. Finoman hangolt működésük elengedhetetlen a gének ki/be kapcsolásának és kifejeződésének precíz tér- és időbeli szabályozásához. Munkánk során modern -omikai, genetikai, filogenetikai és bioinformatikai módszereket ötvözzük. A cél megérteni a gombák soksejtű növekedésének evolúciós eredetét, azonosítani az abban szerepet játszó géneket és nem-génjellegű genomi régiókat, valamint az így kapott tudást lefordítani a bioüzemanyag-gyártásban és a gomba biotechnológiában hasznos újításokra.

ELSAJÁTÍTHATÓ TECHNIKÁK

Kutatócsoportunkban dolgozó hallgatók elsajátíthatnak a bioinformatika, a modern, nagy áteresztőképességű -omikák, a molekuláris és mikrobiológia tágabb területén belül számos technikát és fogást. A molekuláris területen többek között alkalmazzuk a polimeráz láncreakció (PCR), génkiütés, CRISPR/Cas9 rendszer, vektorépítés, fehérje- és génexpresszió vizualizáció és mikroszkópos módszereit. 'Omikák' közül genomika, genom-szekvenálás, transzkriptóm szekvenálás (RNA-Seq), valamint ezekből érkező adatok bioinformatikai elemzése, génexpresszió mérése. Laborunkban elsajátíthatók a legkorszerűbb 'long read' szekvenálási eljárások (pl Oxford NanoPore). A bioinformatika területén különböző adat-analíziseket, filogenetikai rekonstrukciót,

molekuláris óra módszereket, összehasonlító genomikai vizsgálatokat használunk, valamint új algoritmusok és eljárások fejlesztését is végezzük.

VÁLOGATOTT KÖZLEMÉNYEK

Varga, T., et al., **Nagy, G.L.** (2019) Megaphylogeny resolves global patterns of mushroom evolution. *Nat Ecol Evol* **3**: 668-678.

Krizsán, K., et al., **Nagy, G.L.** (2019) A transcriptomic atlas of mushroom development highlights an independent origin of complex multicellularity. *Proc Natl Acad Sci USA* **116**: 7409-7418.

Kiss, E., Hegedus, B., Varga, T., Merenyi, Z., Koszo, T., Balint, B., Prasanna, A.N., Krizsan K., Riquelme, M., Takeshita, N., **Nagy, L.G.** (2019) Comparative genomics reveals the origin of fungal hyphae and multicellularity. *Nat Commun* **10**: 4080.

Nagy, G.L., Kovács, G.M., Krizsán, K. (2018) Complex multicellularity in fungi: evolutionary convergence, single origin, or both? *Biol Rev Camb Philos Soc* **93**: 1778-1794.

Sipos, G., et al., **Nagy, G.L.** (2017) Genome expansion and lineage-specific genetic innovations in the forest pathogenic fungi *Armillaria*. *Nat Ecol Evol* **1**: 1931-1941.