

SZENTÁGOTHAJ JÁNOS KUTATÓKÖZPONT

Mikrobiális biotechnológia kutatócsoport

Kutatási területek

- Az a nézet, miszerint a mikroorganizmusok jók vagy rosszak, igen közkedvelt nézet, jóllehet a valóságban a mikrobák ezen tulajdonságai közel sem ilyen egyértelműek és azok háttérben nagyon összetett jelenségek állnak. Túlzás nélkül kijelenthető, hogy a gazda-mikroba-környezet hármasságának komplex megértése a biológia egyik legnagyobb kihívását jelenti. Napjainkban a genomikai, proteomikai, a nagy áteresztő képességű chip és következő generációs szekvenálási (NGS) technológiáknak köszönhetően minden eddiginél pontosabb képet nyerhetünk az interakciók háttérben meghúzódó molekuláris folyamatok természetéről.

A kórokozók egyre gyakrabban előforduló antibiotikumokkal szembeni rezisztenciája mellett, hogy növekvő aggodalmat váltott ki a gyógyításban közvetlenül résztvevő szakemberek körében, elindította a gyógyszerkutatók és a rugalmasan alkalmazkodó mikrobák közötti versenyfutást. Ezen erőfeszítések részeként az NGS-technológia alkalmazása a mikrobák könnyen megfigyelhető tulajdonságain kívül, lehetővé tette azok genetikai (bioszintetikus) képességeire alapozott osztályozást.

Figyelembe véve a klinikai igényeket, a folyamatban lévő mikrobiális genom szekvenálási programunk keretében olyan stratégiai és munkalépéseket dolgoztunk ki, melyek révén lehetővé vált a bioaktív metabolitokat termelő szervezetek azonosítása és a természetes antimikrobiális hatóanyagok izolálása. Fontos megjegyezni, hogy a nem modellszervezetek esetén gyakran hiányzó genom szekvenálási adatok gyakorta gátját jelentik bizonyos anyagcsere utak módosítását célzó további munkáknak. Így genomszerkezeti kutatásaink eredményei megteremtették az alapját bizonyos hatóanyagok célzott módosításának és hozzájárulhatnak eddig ismeretlen új patogenitási faktorok, valamint célmolekulák azonosításához.

A korszerű genomikai megközelítés forradalmi eszköztárának köszönhetően, a biológia számos területén új típusú kérdésfelvetés vált lehetővé, jóllehet a genomban kódolt információk és azok dinamikus megnyilvánulásának transzkriptomikai és proteomikai megfeleltetése napjainkban is komoly kihívást jelent. Ráadásul az is nyilvánvalóvá vált, hogy a különböző genomikai megközelítések önmagukban alkalmatlanok a biológiai rendszerek komplex folyamatainak leírására. Ezért a drog, toxikus anyag, illetve molekuláris betegség markerek kifejlesztéséhez transzkriptomikai (RNS-szekvenálás microarray) és proteomikai (2D PAGE) módszerek együttes alkalmazása révén kívánunk eljutni.

A Mikrobiális Biotechnológiai Kutatócsoport számos modellrendszert alkalmazva kiterjedt kutatási tapasztalattal bír a hagyományos és a molekuláris mikrobiológia területein.



K+F PROFIL





K+F PROFIL

Termékek és szolgáltatások:

- Mikrobák azonosítása polifázikus taxonómiai módszerekkel
- DNS-alapú diagnosztikai markerek fejlesztése
- Törzsnemesítés és a fermentációs folyamatok optimalizálása ipari termékek túltermeltetése érdekében
- De novo teljes genom szekvenálás
- NGS-technológiára alapozott teljes traskriptoma profilok létrehozása

Speciális műszerek, labor:

- BIOSTAT Q plus új generációs fermentor-bioreaktor rendszer
- Új/következő-generációs és kapilláris szekvenáló rendszerek
- epMotion 5070 automata folyadékkezelő robot
- FluorChem Q képkötő és analizáló rendszer Western blot kvantitatív analízishez
- 2D fehérje-elektroforézis rendszer
- Mikrofluid-technológiára alapozott Agilent 2100 bioanalizáló rendszer DNS, RNS és fehérjék méret, mennyiség és minőségi mutatóinak megállapításához
- Nagy-sebességű végpont, grádiens és valódi-idejű PCR készülékek
- Denaturáló Grádiens Gél Elektroforézis (DDGE) készülék egyszálú DNS konformációs polimurfizmusának (SSCP), heteroduplex (HA), és protein rövidítési vizsgálatához (PTT)

Kontakt:

PTE Inno-Capital Kutatáshasznosító és Fejlesztő Kft.

Pécsi Tudományegyetem

Kutatáshasznosítási és Technológia Transzfer Központ

7633 Pécs, Szántó K. J. u 1/B

Email: innocapital@pte.hu

Telefon: +36 30/ 288 70 39

+36 30/ 334 54 01



PÉCSI
TUDOMÁNYEGYETEM

REFERENCIASZÁM: 114