

ÁLLATORVOSTUDOMÁNYI EGYETEM
 ÁLLATORVOSTUDOMÁNYI DOKTORI ISKOLA
 F21

Kérem a Doktori Iskola Tanácsát az alábbi téma befogadására és meghirdetésére

Kérjük **értelemszerűen FELÜLÍRNI, KIEGÉSZÍTENI vagy MEGVÁLASZOLNI**
a táblázat sorait

FELÜLÍRNI	Sváb Domonkos	HUN-REN Állatorvostudományi Kutatóintézet		
	tudományos főmunkatárs	e-mail: svab.domonkos@vmri.hun-ren.hu		
	Patogén <i>Escherichia coli</i> és bakteriofágjai	Pathogenic <i>Escherichia coli</i> and its bacteriophages		
	<p>Az <i>Escherichia coli</i> különböző patotípusai közé zoonotikus és állati kórokozók egyaránt tartoznak, melyek rezervoárjai jellemzően élelmiszertermelő haszonállatok, és amelyek nagy közegészségügyi kockázatot jelentenek és minden évben jelentős gazdasági veszteséget okoznak. nagyfokú genetikai variabilitásuk és növekvő antibiotikum-rezisztenciájuk miatt jelentős kihívást jelentenek az állatgyógyászatban, az élelmiszerbiztonságban és az emberi egészségügyben. Az antibiotikum-rezisztenciára adott válaszként világszerte folynak kutatási projektek, amelyek a bakteriofágok alternatív antibakteriális hatóanyagként való lehetséges felhasználását célozzák patogén <i>E. coli</i> ellen is.</p> <p>Munkánk során hazai állatállományokból gyűjtünk mintákat, hogy minél több zoonotikus és állati patogén <i>E. coli</i> törzset izoláljunk, különös tekintettel a Shiga toxin-termelő (STEC), enterotoxikus (ETEC) <i>E. coli</i>, valamint az új vagy hibrid patotípusokat képviselő <i>E. coli</i> törzsekre. Ugyanezen mintákból bakteriofágokat is izolálunk. Mind a baktériumtörzseket, mind a fágokat részletesen jellemezni kívánjuk, lehetőség szerint a teljes genom meghatározásával. A baktériumtörzsek esetében különös hangsúly fektetünk a profágokra és más, gyakran virulencia-géneket hordozó mobil genetikai elemekre, felmérendő patogén vagy zoonotikus potenciáljukat. Célunk a kórokozók genetikai variabilitásának nyomon követése, különös tekintettel a mobilis genetikai elemekre; összehasonlítva őket korábbi</p>	<p>The different pathotypes of <i>Escherichia coli</i> include both zoonotic and animal pathogens, whose reservoirs are typically food-producing farm animals, which pose a major public health risk and cause significant economic losses every year. Their high genetic variability and increasing antibiotic resistance make them a major challenge in veterinary medicine, food safety, and human health. In response to antibiotic resistance, research projects are ongoing worldwide on the potential use of bacteriophages as alternative antibacterial agents, including against pathogenic <i>E. coli</i>.</p> <p>In our current project, we collect samples from domestic livestock in Hungary to isolate as many zoonotic and animal pathogenic <i>E. coli</i> strains as possible, with a focus on Shiga toxin-producing (STEC), enterotoxigenic (ETEC) <i>E. coli</i>, as well as strains representing novel or hybrid pathotypes. Bacteriophages are isolated from the same samples. We intend to characterise both bacterial strains and phages in detail, preferably by whole genome characterisation. In the case of bacterial strains, particular emphasis will be placed on prophages and other mobile genetic elements, often carrying virulence genes, to assess their pathogenic or zoonotic potential. Our aim is to monitor the genetic variability of pathogens, with a particular focus on mobile genetic elements; comparing them with earlier isolates of our own and those available in databases, both of animal and human origin. We also aim to isolate lytic bacteriophages that can be used effectively against them, and</p>		
<i>Készítette:</i>	<i>DI titkárság</i>	<i>F21-DI-TÉMABE</i>	<i>Érvényes: 2022-től</i>	
<i>Jóváhagyta:</i>	<i>Dr. Bartha Tibor iskolavezető</i>	<i>Verzió 3</i>	<i>1. oldal, összesen: 3</i>	

ÁLLATORVOSTUDOMÁNYI EGYETEM
 ÁLLATORVOSTUDOMÁNYI DOKTORI ISKOLA
 F21

	<p>saját és az adatbázisokban elérhető állati és humán eredetű izolátumokkal. Másik célunk enterális kórokozók ellen hatékonyan alkalmazható lítikus bakteriofágok izolálása, fenó- és genotípusos jellemzőinek értékelése. In situ laboratóriumi kísérletekkel továbbá fel kívánjuk mérni a patogén enterobaktériumok élelmiszerekből való eradikálására való alkalmasságukat.</p> <p>Felfedező jellegű kutatásaink célja 1) új genotípusú baktériumtörzsek izolálása és jellemzése, 2) mobil genetikai elemek, köztük profágok és 3) új lítikus bakteriofágok részletes jellemzése, 4) filogenetikai viszonyaik feltárása, ami viszont segítheti a bakteriofágok 5) gyakorlati alkalmazását.</p>	<p>to evaluate their pheno- and genotypic characteristics. We intend to assess their suitability for eradication of pathogenic enterobacteria from food by in situ laboratory experiments. Our explorative research aims to 1) isolate and characterise new genotypic bacterial strains, 2) characterise in detail mobile genetic elements including prophages, 3) identify new lytic bacteriophages, and 4) explore their phylogenetic relationships, which in turn may help to 5) develop practical applications of bacteriophages.</p>		
KIEGÉ- SZÍTENI	<p>Elvárások:</p> <ul style="list-style-type: none"> • szakirányú végzettség (állatorvos, biológus MSc vagy ezekkel egyenértékű élettudományi diploma) • legalább középfokú angol nyelvvizsga, • gyakorlat az alapvető molekuláris biológiai módszerekben, • laboratóriumi kísérleti gyakorlat, • elkötelezettség a kutatómunka iránt. 	<p>Requirements:</p> <ul style="list-style-type: none"> - appropriate degree (veterinary, MSc in Biology or equivalent in Life Sciences) - at least intermediate level knowledge of English - experience in basic molecular biology methods, - laboratory experimental experience, - commitment to research work. 		
MEGVÁLASZOLNI	<p>A meghirdetett téma finanszírozására rendelkezésre álló, már elnyert forrás:</p> <p>A téma meghirdetőjének az elmúlt 5 évben megjelent, a meghirdetni kívánt témával összefüggő 3 publikációja; MTMT azonosítója:</p>	<p>NKFI FK 143174</p> <p>1.) Sváb, D., Falgenhauer, L., Mag, T., Chakraborty, T., & Tóth I. (2022). Genomic Diversity, Virulence Gene, and Prophage Arrays of Bovine and Human Shiga Toxigenic and Enteropathogenic <i>Escherichia coli</i> Strains Isolated in Hungary. <i>Frontiers in Microbiology</i>, 13 Paper: 896296, https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.896296; 32918935.</p> <p>2.) Sváb, D., Falgenhauer, L., Papp, V., Rohde, M., Chakraborty, T., & Tóth, I. (2022). Characterisation of new anti-O157 bacteriophages of bovine origin representing three genera. <i>Archives of Microbiology</i>, 204(4), 231. https://doi.org/10.1007/s00203-022-02839-4; 32766273.</p> <p>3.) Sváb, D., Falgenhauer, L., Rohde, M., Chakraborty, T., & Tóth, I. (2019). Complete genome sequence of C130_2, a novel myovirus infecting pathogenic <i>Escherichia coli</i> and <i>Shigella</i> strains. <i>Archives of</i></p>		
	<i>Készítette:</i>	<i>DI titkárság</i>	<i>F21-DI-TÉMABE</i>	<i>Érvényes: 2022-től</i>
	<i>Jóváhagyta:</i>	<i>Dr. Bartha Tibor iskolavezető</i>	<i>Verzió 3</i>	<i>2. oldal, összesen: 3</i>

ÁLLATORVOSTUDOMÁNYI EGYETEM
ÁLLATORVOSTUDOMÁNYI DOKTORI ISKOLA
F21

		Virology, 164(1), 321–324. https://doi.org/10.1007/s00705-018-4042-0 ; 30366375.
	Egyéb közlőnivaló:	

<i>Készítette:</i>	<i>DI titkárság</i>	<i>F21-DI-TÉMABE</i>	<i>Érvényes: 2022-től</i>
<i>Jóváhagyta:</i>	<i>Dr. Bartha Tibor iskolavezető</i>	<i>Verzió 3</i>	<i>3. oldal, összesen: 3</i>