Kérem a Doktori Iskola Tanácsát az alábbi téma befogadására és meghirdetésére

Kérjük értelemszerűen **FELÜLÍRNI, KIEGÉSZÍTENI vagy MEGVÁLASZOLNI**

**a táblázat sorait**

Beküldendő: **csak elektronikusan 2022.11.18.**

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **FELÜLÍRN**I | Kaján Győző | Állatorvostudományi Kutatóintézet |
| az állatorvos-tudományok doktora (PhD) | e-mail: kajan.gyozo@vmri.hu |
| Madarak és rágcsálók metagenomikai szűrése vírusokra | Metagenomic screening of birds and rodents for viruses |
| A globális viromnak még mindig csak egy kis részét ismerjük, metagenomikai módszerekkel vizsgálva több új virális kórokozót is azonosítani tudtak a közelmúltban. A jelölt feladata vadmadár, háziszárnyas és rágcsáló eredetű minták metagenomikai, valamint a génbank archívumainak bioinformatikai szűrése lesz vírusokra. Várható eredmény a madár- és rágcsálóvírusok diverzitásának megismerése, bizonyos vírusok kórképekhez kapcsolása és a taxonómia frissítése. Tervezzük továbbá a megismert aviadenovírusok ORF19 génjének vizsgálatát is, hogy feltérképezzük a fehérje szerepét a vírus életciklusában, feltételezve, hogy immunreguláló szerepe lehet. A kutatás segíthet megismerni a tyúk-adenovírusok virulenciamarkereit, és így prediktálni az újonnan felbukkanó törzsek patogenitását. | The global virome is far from being fully explored, using metagenomics numerous novel viral pathogens have been described in the recent years. The candidate’s research project is going to be the metagenomic screening of wild bird, poultry and rodent samples and also the bioinformatic screening of GenBank-deposited sequence read archives for viruses. The expected results are the exploration of the avian and rodent viral diversity, the linking of specific viruses to pathologies and also the update of viral taxonomy. For the found aviadenoviruses, the research plan also aims to determine the function of the ORF19 gene in the viral life cycle, prioritizing its suggested role as a virulence factor. The results of this study are anticipated to bridge the current gap of knowledge for virulence modulation in FAdVs, facilitating more accurate predictions of the pathogenicity of FAdV strains. |
| KIEGÉ-SZÍTE-NI | Elvárások:  A molekuláris virológia iránt érdeklődő, angolul beszélő és megfelelő számítástechnikai ismeretekkel rendelkező állatorvos vagy biológus. | Requirements:  A computer literate vet or biologist interested in molecular virology and speaking English. |
| MEGVÁLA-SZOLNI | A meghirdetett téma finanszírozására rendelkezésre álló, **már elnyert** forrás: | A témában egy OTKA pályázatot ad le a témavezető, de résztvevő Dr. Harrach Balázs futó OTKA pályázatában (NN 140356) is. |
| A téma meghirdetőjének az elmúlt 5 évben megjelent, a meghirdetni kívánt témával összefüggő 3 publikációja; MTMT azonosítója: 10014081 | 1.) Gellért, … Kaján. Infect Genet Evol, 2022, 103, 105326, |
| 2.) Harrach, ... Kaján. Vet Res Commun, 2022 |
| 3.) Kaján et al. Viruses, 2022, 14, 248. |
| Egyéb közölnivaló: | - |