

SZAKMAI ÖNÉLETRAJZ

BALOGH GERGŐ MIHÁLY

Születési hely és idő

Budapest, 1994. március 5.

Levelezési cím

4400 Nyíregyháza, Óz köz 52.

E-mail

gmbalogh /kukac/ brc.hu



Tanulmányok

- **2006-2012:** Krúdy Gyula Gimnázium, Nyíregyháza, hatosztályos tagozat
- **2012-2015:** SZTE TTIK, biológia BSc szak, molekuláris biológia szakirány
- **2015-2017:** SZTE TTIK, biológia MSc szak, molekuláris-, immun és mikrobiológia szakirány
- **2017-től:** SZTE SZAOK, Klinikai Orvostudományi Doktori Iskola PhD képzése (témavezető: Dr. Manczinger Máté)

Munkahelyek

- **2013. szeptember-2016. január:** MTA SzBK Növénybiológia Intézet, Arabidopsis Molekuláris Genetika Csoport, TDK hallgató és szakdolgozó
- **2016. január-2017. június:** MTA SzBK Biokémia Intézet, Alga- és Mikrobiális Genomika Csoport, szakdolgozó
- **2017. szeptember-2021. július:** SZTE Bőrgyógyászati és Allergológiai Klinika, PhD hallgató
- **2021. augusztus-2021. december:** SZTE Bőrgyógyászati és Allergológiai Klinika, tudományos segédmunkatárs
- **2021 januárjától:** ELKH SzBK Biokémia Intézet, Rendszerimmunológiai Kutatócsoport, ügyvivő-szakértő

Aktuális kutatási tevékenység

Csoportunk az adaptív immunfelismerés bioinformatikai vizsgálatával foglalkozik. Az elmúlt években különösen nagy figyelmet fordítottunk a HLA-I-molekulákra, melyek szerepe a humán sejtekben képződő fehérjék fragmenseinek bemutatása specifikus citotoxikus T sejtek felé. Vírusfertőzés, illetve a sejt genetikai állományában lezajlott változások esetén a HLA-kötött peptidok között idegen szekvenciák is megjelenhetnek, melyek veszélyjelként szolgálhatnak citotoxikus T sejtek számára.

A HLA-I fehérjék a humán populációban rendkívül nagy diverzitást mutatnak. E variánsok peptidkötő specificitása eltérő lehet. Munkánk során egyrészt az eltérő HLA-variánsok hatásait vizsgáljuk az azokat hordozó egyének klinikai kimenetelére fertőző- és tumoros betegségekben, másrészt a HLA-I rendszert megkerülő „evolúciós

stratégiákat" keresünk különböző kórokozók genetikai állományában. Ezen jelenségek felderítésében segítségünkre vannak olyan számítógépes algoritmusok, melyek az évek során felhalmozódó *in vitro* kötési adatok alapján képesek előrejelezni, mely HLA-variánson keresztül „mit lát” az adaptív immunrendszer egy fertőzött, illetve rendellenesen viselkedő mutáns sejtből.

Az elmúlt 2 évben a csoportunkban alkalmazott számítógépes immunológiai eszköztár (R programnyelv, NetMHCpan algoritmus, BLAST és további bioinformatikai szoftverek) segítségével a SARS-CoV-2 mutációinak HLA-I mediált adaptív immunfelismerésre való hatásait vizsgáltam. A vírus genetikai állományában megjelenő változásokat a C→U nukleotidcserék dominálják, melyek jelentős részét a veleszületett immunitás APOBEC3 enzimeinek aktivitása generálhatja. Munkám során azt vizsgálom, vajon szervezetünk e saját mutagén faktora milyen irányba tolja el a kórokozó adaptív immunfelismerését, illetve felfedezhető-e evolúciós kapcsolat az APOBEC3 enzimek működése és különféle HLA-variánsok aminosav-specifitása között.

Díjak, elismerések

- XXXII. OTDK, Biológia szekció, Molekuláris biológia II. tagozat (2. helyezés, 2015)
- Sófi József Ösztöndíj, Kiemelt Kuratóriumi Díj (2015/16)
- Dékáni dicséret (2016)
- Szeged MJV Városi Ösztöndíja (2016)
- ÚNKP, Hallgatói Kutatói Ösztöndíj (2016/17)
- Köztársasági Ösztöndíj (2016/2017)
- SZTE Talent Ösztöndíj (2017)
- ÚNKP, Felsőoktatási Doktori Hallgatói Kutatói Ösztöndíj (2019/20)
- Stephen W. Kuffler PhD Ösztöndíj (2022)

Legfontosabb konferencia-részvételek

- Effect of HLA promiscuity on antitumor immunity. Magyar Immunológiai Társaság 47. Vándorgyűlése, Bükkfürdő (2018; előadás).
- Neoantigen sequence similarity to pathogens and commensals determines immune phenotype of cancer samples and patient survival. AACR Special Conference on Tumor Immunology and Immunotherapy, Boston, USA (2019; poszter).
- Neoantigen sequence similarity to pathogens and commensals determines immune phenotype of cancer samples and patient survival. 4th Annual Symposium on Physical Concepts and Computational Models in Immunology, online (2020; poszter).
- Láthatóvá tenni a láthatatlant: az APOBEC3 mutagenézis hatása a SARS-CoV-2 adaptív immunfelismerésére. Magyar Immunológiai Társaság 50. Vándorgyűlése, Kecskemét (2021; előadás).

Megjelent publikációk

- Manczinger, Máté, et al. "Negative trade-off between neoantigen repertoire breadth and the specificity of HLA-I molecules shapes antitumor immunity." *Nature Cancer* 2.9 (2021): 950-961. (megosztott első szerzőség)
- Koncz, Balázs, et al. "Self-mediated positive selection of T cells sets an obstacle to the recognition of nonself." *Proceedings of the National Academy of Sciences* 118.37 (2021; társszerzőség).

Nyelvismeret

- angol: középfokú (B2) nyelvtudás (C-típusú nyelvvizsga, 2008.)
- orosz: felsőfokú (C1) nyelvtudás (C-típusú nyelvvizsga, 2010.)
- ukrán: alacsonyfokú (B1) nyelvtudás

Oktatási tevékenységek

- R minikurzus a szegedi Radnóti Kísérleti Gimnázium diákjainak (2019)
- Szaúdi diákok felkészítése a 2022-es Nemzetközi Biológia Diákolimpiára bioinformatika témakörben (King Abdullah University of Science and Technology, Thuwal, Szaúd-Arábia)