

BIT BIOINFORMATIKA TANSZÉK

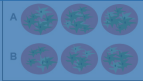
 **Galaxy**
PROJECT



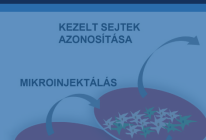
elixir
HUNGARY

**Általános Orvostudományi Kar
Semmelweis Egyetem**

KEZELT SEJTEK
AZONOSÍTÁSA



MIKROINJEKTÁLÁS



BIT

Bioinformatika Tanszék



Általános Orvostudományi Kar
Semmelweis Egyetem

Tartalomjegyzék

Kiknek készítettük ezt a bemutatkozó anyagot? 3

1. Kik vagyunk 7

2. Szolgáltatások 11

2.1 Transzkriptomika és proteomika 11

2.2 Genomika 11

2.3 Mesterséges intelligencia 12

2.4 Online elemző rendszerek 13

Tumor/Normál/Metasztázis összehasonlítás 13

Többszörös hipotézis teszt 13

ROC plotter 14

muTarget 14

Kaplan-Meier plotter 15

2.5 Galaxy 16

2.6 Tudománymetria 17

2.7 Adatbázisok 18

2.8 OnkoBank 19

3. Oktatás 20

3.1 Klinikai bioinformatika 20

3.2 Adatok ábrázolása a bioinformatikában
és a rendszerbiológiában 22

3.3 Posztgraduális oktatás 24

4. Kutatás 25

4.1 Új kutatási témák 25

A terápiás válaszkészség előrejelzése 25

Koronavírus mutációk és a vírusfertőzés lefutása 25

Az immunterápia biomarkerei 26

Driver mutációval rendelkező tumorsejtek túlélése 27

Onkológiai kutatások zebradánió modell rendszerben 27

DNS metiláció vizsgálata 28

4.2 Közleményeink az elmúlt öt évből 29

4.3 Kutatási témák hallgatóknak 34

PhD témák 34

A Bioinformatika Tanszék TDK témái 34

ÖNLAB témák 37

5. ELIXIR Magyarország 38

6. Tanulmányi verseny 39

7. Keresünk 40

Kiknek készítettük ezt a bemutatkozó anyagot?

Tisztelt Olvasó!

A bioinformatika nem más, mint számítógéppel támogatott modellépítés. Tartalmaz genetikát, statisztikát, laboratóriumi diagnosztikát, informatikát és patológiát, de ezeken túlmutatva egy tudásintegráción alapuló döntést tesz lehetővé. Ez a kiadvány azért készült, hogy az egyetem új **Bioinformatika Tanszéke** által végzett tevékenységeket bemutassuk.



Kiknek készítettük ezt a bemutatkozó anyagot?

Klinikusok és PhD hallgatók számára bemutatjuk, hogy milyen általunk kifejlesztett szolgáltatásokat biztosítunk. Ide tartoznak online elemző és diagnosztikai rendszerek, adatbázisok, valamint általunk végzett genomikai, transzkriptomikai és proteomikai elemzések. A nyers mérési adatokból a szignifikáns eltérések meghatározásáig az összes részlépés megvalósításában tudunk közreműködni vagy tanácsot adni. *(Lásd „Szolgáltatások” fejezet.)*

Hallgatók számára bemutatjuk az általunk oktatott tantárgyakat. Ezeken keresztül a hallgató képet kap a rendelkezésre álló bioinformatikai módszerekről és képessé válik ezek alkalmazására. Az egyes módszerek hátrányait és előnyeit ismeri, a kutatási eredmények és a klinikai vizsgálatok értelmezése során a hibákat felismeri. *(Lásd „Oktatás” fejezet.)*

Kutatók és kutatás iránt érdeklődő hallgatók számára bemutatjuk, hogy milyen aktív kutatások folynak a tanszéken, ezek mit tartalmaznak (modellezés, programozás, illetve alapkutatás). Az egyes projektek után külön jelöljük, hogy hol van lehetőség TDK vagy PhD munkára. *(Lásd „Kutatás” fejezet.)*

A bioinformatika önálló tudományágként való elismerését mutatja, hogy az idei évben megalakult az MTA Bioinformatikai Osztályközi Bizottsága, ami azt jelenti, hogy ezentúl nemcsak PhD fokozatot, de MTA doktora fokozatot is lehet szerezni bioinformatikából.

Remélem, hogy Ön is hasznosnak találja kiadványunkat! Kérdés vagy javaslat esetén örömmel állok a rendelkezésére.

2021. július 1.

Prof. Dr. Györfy Balázs
tanszékvezető
egyetemi tanár

„A Semmelweis Egyetem az elmúlt két évtizedben a hazai tudományos élet meghatározó egyetemévé vált. Ugyanezen idő alatt az orvostudományi kutatások struktúrája átalakult, és ma az alap-, valamint a klinikai kutatások 60%-a tartalmaz valamilyen bioinformatikai módszert vagy eszközt. A **Bioinformatika Tanszék** létrehozásával az egyetem célja volt, hogy egy olyan új kutatási infrastruktúra álljon rendelkezésre, amelynek segítségével az egyetemi tudományos munka a világ élvonalába kerülhet. A kutatásban aktív klinikusok és alapkutatók számára kiemelten javaslom, hogy ismerjék meg a tanszék által biztosított lehetőségeket.”



Prof. Dr. Merkely Béla
a Semmelweis Egyetem rektora

„Az orvosképzés kurrikulumának megújításakor fontos szempont volt kimondani, artikulálni és megerősíteni azon célkitűzéseket, hogy a ma képződő orvos képes legyen bizonyos döntésekre, az élethosszig tartó tanulásra és a differenciálódásra, szakosodásra. A hivatását önállóan gyakorló orvosnak ma már nem lesz elegendő az egyetemen elsajátított tudás, hanem a legjobb kezelések kiválasztásához a releváns szakirodalmat is folyamatosan követnie kell. Tudásának kibontása teljeskörűen csak akkor lehetséges, ha ismeri a használt módszereket, mi több, ezeket maga is kreatívan tudja alkalmazni. A **Bioinformatika Tanszék** által oktatott három tantárgy a bioinformatika három területét öleli fel, és olyan gyakorlati tudást ad, amelyet később ténylegesen is tudnak használni. A SE ÁOK ezzel egy olyan új kompetenciát ad a hallgatóknak, amely jelenleg Magyarországon egyedülálló.”



Prof. Dr. Kellermayer Miklós
az Általános Orvostudományi Kar dékánja

„A bioinformatika szó elsősorban a biológia, az orvostudomány adatainak, főleg a szekvenciák adatainak tudományát jelöli, de nemcsak erről van szó. A bioinformatika mindenekelőtt egy újszerű szemléletmód, amely összeköti a molekuláris adatokat a gyakorlati, klinikai kutatásokkal és a diagnosztikai alkalmazásokkal. A bioinformatika tehát nem a biostatisztika vagy az informatika új neve, hanem egy új, izgalmas világ, melynek növekvő súlyát a Magyar Tudományos Akadémia önálló bioinformatikai tudományos bizottság létesítésével ismerte el. Ezt a folyamatot jelzi a **Semmelweis Egyetem Bioinformatikai Tanszékének** megalakulása is. A bioinformatikai kutatási pályázatok többsége ugyanis orvosi témakörökről szól, fontos tehát, hogy az orvosok új generációi már korán elsajátítsák a bioinformatika alapelemeit és szemléletmódját.”



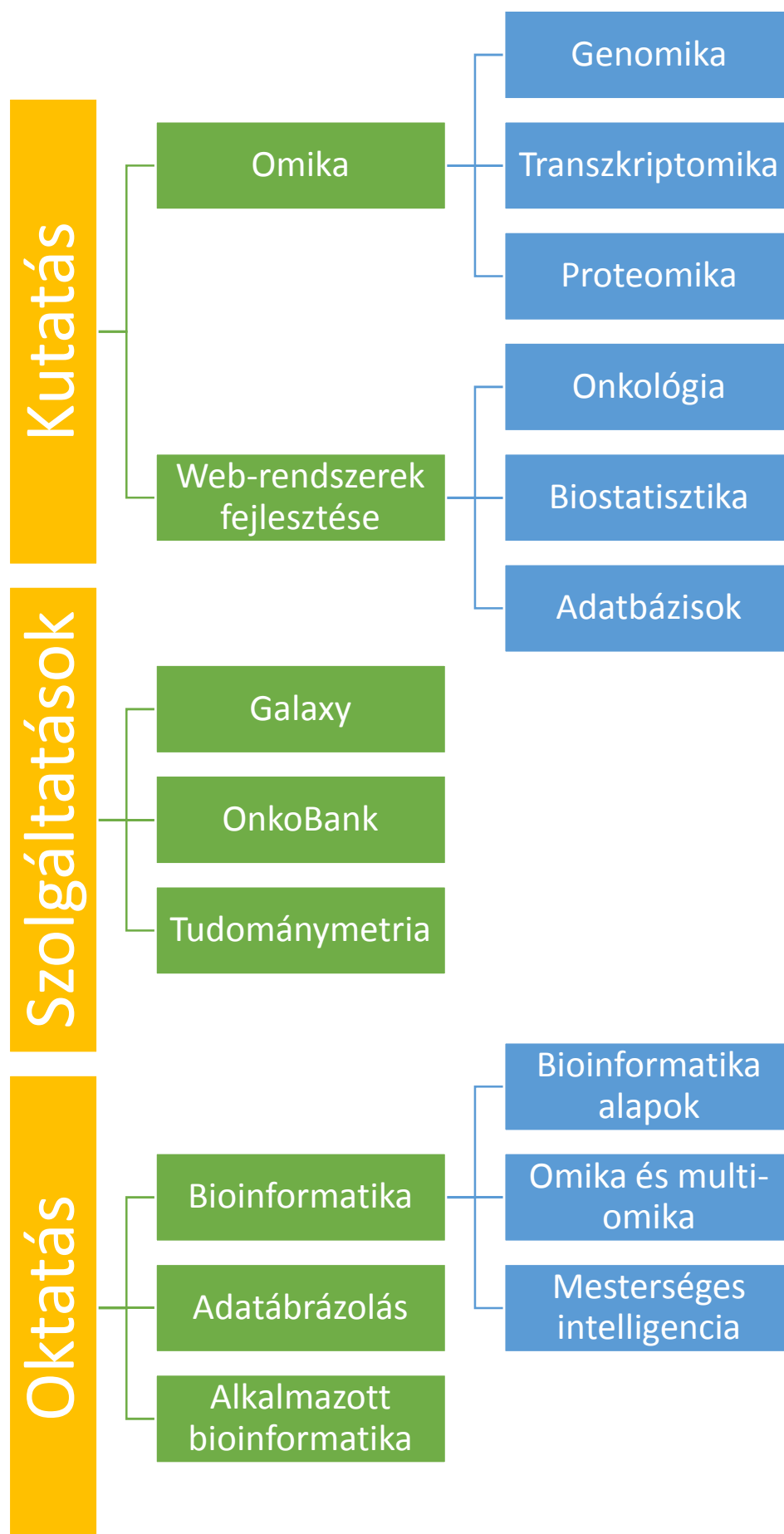
Prof. Dr. Pongor Sándor
az MTA Bioinformatikai Osztályközi Bizottságának elnöke

„Bioinformatics is a complex discipline often requiring the collaboration of scientists with different educational and methodological backgrounds. At ELIXIR we bring together more than 700 researchers and domain experts from all over Europe. We look forward to continue our collaboration with the new **Department of Bioinformatics** of the Semmelweis University via projects like the running commissioned services and the CONVERGE grant. We also look forward to our new collaborations in the field of human medicine including cancer research, the human copy number variation project, and COVID-related studies. I am happy to send the warmest welcome of the European ELIXIR community.”



Prof. Dr. Niklas Blomberg
director of the ELIXIR Europe

Fókuszterületeink – egy pillantásra



1. Kik vagyunk



Dr. Gyórfy Balázs
egyetemi tanár, az MTA doktora

Általános orvosi diplomát 2000-ben, PhD fokozatot 2005-ben szerzett. MTA doktora fokozatot 2015-ben kapott és 2017-ben habilitált. Egyetemi tanulmányait a Semmelweis Egyetemen és a heidelbergi Ruprecht-Karls Egyetemen végezte. Dolgozott a Charité Pathológiai Intézetében (Berlin), valamint a Harvard Egyetem Gyermekklinikáján (Boston). Több mint 250 tudományos cikk szerzője, egészségügyi menedzser (2011). Fő kutatási érdeklődése az omikai adatok felhasználása klinikailag is alkalmazható biomarkerek azonosítására és online elérhető elemző platformok fejlesztése.



Dr. Menyhárt Otília

A Cornell University-n (USA) szerzett doktori fokozatot, ahonnan 8 éves külföldi kutatás után tért haza. Fő érdeklődése a daganatos megbetegedéseket célzó személyre szabott terápiás megközelítések kutatása, melybe beletartozik a már jóváhagyott gyógyszerek off-target hatásának terápiás célra történő kiaknázása, a tumorevolúció gyenge pontjainak bioinformatikai eszközökkel történő feltérképezése, illetve prediktív és prognosztikus biomarkerek azonosítása és *in vitro* validálása.
Kompetenciák: célzott terápia, evolúció, off-target hatások, mesterséges intelligencián alapuló algoritmusok alkalmazása klinikai adatok elemzésére



Fekete János Tibor

Felsőfokú tanulmányai során biológus BSc (Szombathely, 2012), programozó informatikus (Kecskemét, 2014) és klinikai laboratóriumi kutató MSc (Pécs, 2016) diplomákat szerzett. PhD tanulmányát 2016-ban kezdte a Semmelweis Egyetemen.
Kompetenciák: adatbázisok, klinikai biostatistikai analízis (R, SPSS, SAS), gépi tanulás, szoftverfejlesztés (Python, PHP, Django)



Müller Dalma

Az ELTE biológus mesterképzésének Molekuláris Genetika, Sejt- és Fejlődésbiológia specializációján tanult, emellett elvégezte az Informatikai Kar egyéves informatikai kiegészítő képzését. Szakdolgozóként ritka genetikai betegségek zebradánián való modellezésével foglalkozott. Jelenleg metilációs adatok *in silico* elemzésével és sejtvonalakon történő validálásával foglalkozik.
Kompetenciák: adatfeldolgozás, R programkörnyezet, Python, molekuláris genetika, sejtenyésztés, kvantitatív PCR



Dr. Bartha Áron

Graduális képzését 2018-ban fejezte be a Semmelweis Egyetem Általános Orvostudományi Karán, azóta a Bioinformatika Tanszék munkatársa. PhD munkája során gének kifejeződésének mértékét vizsgálja normál, daganatos és metasztatikus szövetekben. Emellett RNS szekvenálási és tömegspektrometriai adatok feldolgozásával és kiértékelésével foglalkozik. Kompetenciák: R és Python nyelvek ismerete, újgenerációs szekvenálás, tömegspektrometria, gén-chip, adatok feldolgozása és elemzése



Dr. Szász Attila Marcell

A Semmelweis Egyetemen szerzett orvosi diplomát (2006), majd PhD(2012) és habilitációs fokozatot (2020). Kutatóorvosként dolgozott a Harvard, a Chang Gung, a Lundi és Chicagói Egyetemeken, gyógyító eljárásokban a Charité, a Johns Hopkins, a Károly és Karolinska egyetemeken. Szakvizsgát patológiából tett (2014), jelenleg klinikai onkológia szakvizsgáján dolgozik. Kompetenciák: digitális morfológia, szövettan, immunhisztokémia, proteomika, klinikai vizsgálatok, adatgyűjtés



Lánczky András

A Pázmány Péter Katolikus Egyetem Információs Technológia Karán végzett 2012-ben. Az egyetemi éve alatt foglalkozott génexpressziós adatok alapján végzett túlélési elemzéssel, diplomamunka keretében ismeretlen eredetű tumorok osztályozásával és neurális hálózat alapú idősorelemzéssel. Számos tanulmányban részt vett a Semmelweis Egyetemen, ugyanakkor nem tudományos területen is szerzett tapasztalatot webalkalmazás fejlesztésben. Kompetenciák: szoftverfejlesztés (R, PHP, Java), grafikus felületek, bioinformatika



Weltz Boglárka

2015-ben végzett a Pázmány Péter Katolikus Egyetem infobionika mesterszakán, már az egyetem alatt bekapcsolódott a Semmelweis-en futó onkológiai bioinformatikai kutatásokba. Az egyetem befejezése óta több helyen is dolgozott honlapfejlesztőként. Érdeklődési területei között van a webrendszerek fejlesztése, adatbáziskezelés, csapatvezetés. Kompetenciák: PHP, Drupal, R-shiny, PostgreSQL, JS



Dr. Vas Nikoletta

A Semmelweis Egyetemen 2014-ben általános orvosi diplomát, majd 2019-ben klinikai szakvizsgát szerzett. Informatikai tanulmányokat folytat az Eötvös Loránd Tudományegyetem programtervező informatikus szakán. A Bioinformatika Tanszék munkatársaként elsősorban túlélés-analízissel foglalkozik; az adatelemzés során statisztikai és mesterséges intelligencia algoritmusokat alkalmaz.

Kompetenciák: mesterséges intelligencia algoritmusok, túlélési modellek validációja (diszkrimináció és kalibráció vizsgálata), R programkörnyezet



Kovács Szonja Anna

2020-ban végzett a Debreceni Egyetemen molekuláris biológusként, biokémia-genomika szakirányon. TDK munkájában különböző peptidek terápiás felhasználhatóságát vizsgálta *in vitro* rendszerekben. Ezt követően kezdte el PhD tanulmányait a Semmelweis Egyetem Patológiai tudományok Doktori Iskolájának Onkológia programjában.

Kompetenciák: sejtenyésztés, qPCR, Western-blot, immunprecipitáció, immunfluoreszcencia, Galaxy, Linux-disztribúció, REDCap szoftver, R



Balajti Máté

2020-ban végzett a Debreceni Egyetem molekuláris biológia mesterképzésén, biokémia-genomika specializáción, ezt követően csatlakozott a kutatócsoporthoz. Főként újgenerációs szekvenálási, genomikai, illetve transzkriptomikai adatok feldolgozásával és minőségellenőrzésével, továbbá adatbázis kezeléssel és adatintegrációval foglalkozik.

Kompetenciák: szekvenálási adatfeldolgozás, adatbázis kezelés, R, Python



Dr. Nagy Ádám

2014-ben szerzett molekuláris biológus diplomát a Debreceni Egyetemen, majd tudományos doktori fokozatot 2021-ben a Semmelweis Egyetemen. Fő érdeklődési területe az újgenerációs szekvenálási adatok feldolgozása és interpretálása, valamint a koronavírus genom mutációi és a betegség lefolyása közötti összefüggés vizsgálata.

Kompetenciák: Galaxy, R programkörnyezet, minőségellenőrzés, szekvencia illesztés, mutáció azonosítás, mutációk következményeinek meghatározása



Dr. Munkácsy Gyöngyi

Az Állatorvostudományi Egyetem alkalmazott zoológus szakán szerezte diplomáját. 2012-ben a SE Patológiai Tudományok DI-ban fejezte be PhD tanulmányait. A Bioinformatika Tanszéken folyó onkológiai kutatások eredményességéhez különféle labordiagnosztikai eljárások alkalmazásával járul hozzá, a klinikai szekvenálás koordinátora. Kompetenciák: fragmens analízis, újgenerációs szekvenálás



Dr. Varga Ágnes

Biológus diplomáját 2009-ben, majd doktori fokozatát 2014-ben szerezte meg az Eötvös Loránd Tudományegyetemen. Kutatómunkáját az Anatómiai, Sejt- és Fejlődésbiológiai Tanszéken végezte, fő kutatási témája az autofágia és az ubiquitin-proteaszóma rendszer kapcsolatának vizsgálata volt *Drosophila melanogaster* modellállatban. Jelenleg a Tanszéken futó laboratóriumi kutatásokban és az OnkoBank felállításában vesz részt. Kompetenciák: sejttenyésztés, fluoreszcens mikroszkópia, molekuláris klónozás, zebradánió, xenograft



Szőnyi János

Eredeti végzettsége szerint ugyan sportmenedzser, de gyermek-kora óta a számítógépek érdeklik, így végül a hivatása is ez lett. 2002-ben került rendszergazdaként a Semmelweis Egyetemre, azóta foglalkozik nyílt forrású szoftverekkel és a Linux operációs rendszerrel. Munkájában nagyon szereti a kihívásokat és a megoldandó problémákat. Szívesen készít kisebb szkript jellegű programokat. Kompetenciák: Linux (Debian, Ubuntu, RedHat), adatbázisok (PostgreSQL, MySQL), docker, konténer kezelés, Ansible és Bashszkriptek, Python, Monitoring (Prometheus, Grafana)



Kocsis-Szalkai Csilla

Vezeti a tanszéki titkárságot, valamint a tudománymetriai rendszerben a kutatók osztályhoz rendelését végzi.

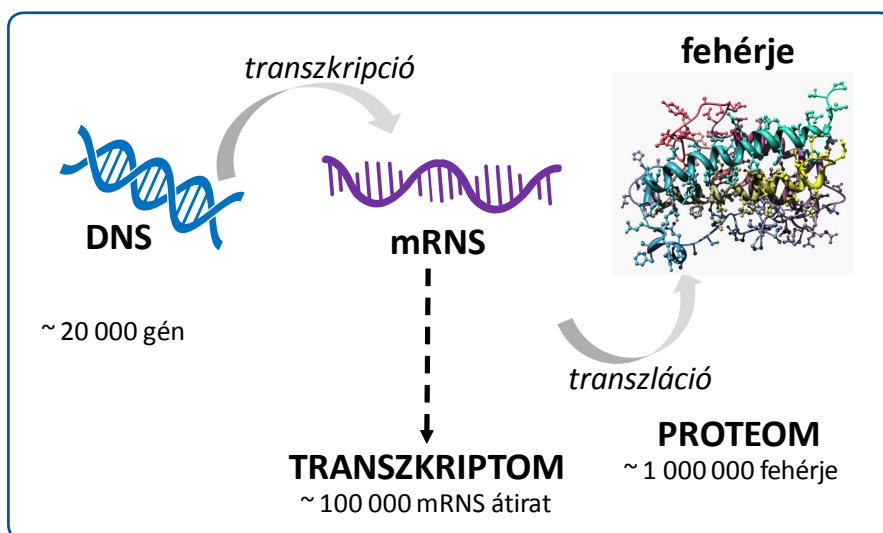
2. Szolgáltatások



2.1 Transzkriptomika és proteomika

Hol használható: kísérletes és klinikai kutatásokban

Leírás: Tanszékünk kiemelt profilját képezi a **transzkriptomikai és a proteomikai elemzések** kivitelezése. Minden elemzési típus esetén az első lépésben minőségellenőrzést végzünk. Ennek során információt kapunk a minta szennyeződéséről, valamint a mérési eljárás pontosságáról. Ezt követően **RNAseq** esetén a szekvencia adatok referencia szekvenciára történő illesztésével a pontos szekvencia koordinátákat határozzuk meg. A szekvencia illesztés után számos további elemzést végzünk: ilyen például a szekvenálási adatokból történő csíravonalas, szomatikus mutációk és a kópiaszám változások azonosítása. Az RNS szekvenálási adatokból génexpressziós profilozást és fúziós gének vizsgálatát végezzük. Az egyes genomikai eltérések klinikai és patológiai vonatkozásait a variánsok annotációja során azonosítjuk. A proteomikai elemzések során **tömegspektrometriai** vizsgálatokon alapuló kvantitatív és kvalitatív elemzéseket végzünk, amely elemzések összehangolásával lehetővé válik az egy adott mintához tartozó adatok multiomikai elemzése is.



2.2 Genomika

Hol használható: következő generációs szekvenálási adatokat alkalmazó kutatásokban

Leírás: A vizsgálat során a cél azt meghatározni, hogy a mintákban milyen **klinikailag is releváns mutáció** van jelen. A betegtől levett mintából (pld. parafinba ágyazott vagy fagyasztott szövet vagy vér) nukleinsavat izolálunk, majd teljes exom szekvenálást, vagy célzottan egy, az adott betegségekre specifikus génlista újgenerációs szekvenálását végezzük el. A szekvenálási adatok alapján meghatározzuk a **mutációk következményeit**, ami tartalmazza a következő célokat:

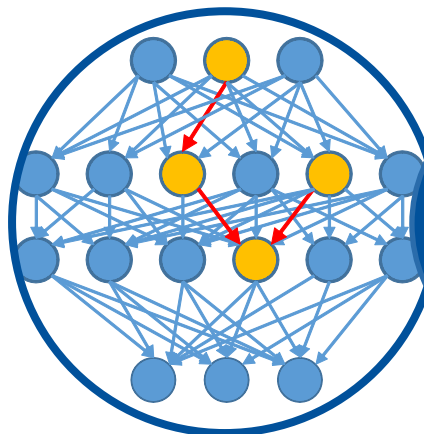


- Milyen hatása van a mutációnak a fehérje működésére?
- Milyen klinikailag releváns variánsok vannak a mintában?
- Milyen betegség kapcsolódik az adott mutációhoz?
- Megfigyelhetőek-e strukturális változások?

2.3 Mesterséges intelligencia

Kiknek használható: nagy adatmennyiséggel rendelkező klinikusok, egészségügyi döntéshozók, gyógyszerfejlesztők számára

Leírás: Sok megbetegedés csak előrehaladott, sokszor már visszafordíthatatlan stádiumban kerül diagnosztizálásra, ezért a korai felismerés és prevenció egyre nagyobb szerepet kap. A rutin klinikai vizsgálatok, illetve diagnosztikai eljárások során sokszor **több ezer/tízezer betegről** kerül értékes, sok területre kiterjedő, heterogén adat begyűjtésre, melyek elemzésével megkönnyíthető a veszélyeztetett betegek azonosítása, a várható kimenet előrejelzése és a terápiás döntés. Azonban ez az „aranybánya” sokszor kiaknázatlan marad, mivel a komplex adatsorok elemzése a megfelelő bioinformatikai eszközök és tréning hiányában a klinikusok, illetve egészségügyi döntéshozók számára ma még nem rutinfeladat. A Bioinformatika Tanszék ebben tud segítséget nyújtani mesterséges intelligencián alapuló módszerek alkalmazásával. A **mélytanulási algoritmusok** alkalmasak heterogén adatsorok integrálására, klinikai adatok elemzésére, diagnosztikai és prognosztikus markerek feltárására, a hatásosság, valamint a hatékonyság elemzésére.



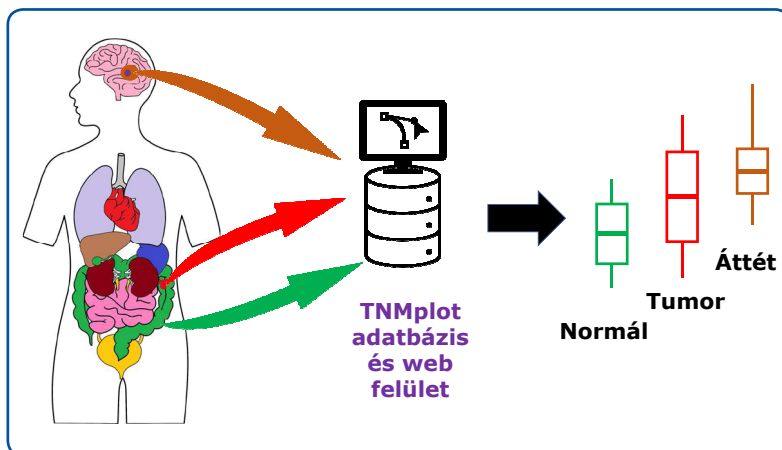


2.4 Online elemző rendszerek

Tumor/Normal/Metasztázis összehasonlítás

Kiknek használható: onkológiai kutatásokban és génszintű vizsgálattal foglalkozó alapkutatók számára

Leírás: A TNMplot webrendszer segítségével lehetővé válik a normál, dagana-
tos és áttétes szövetek génexpresszió szintű összehasonlító elemzése. A webfelület
alapjául szolgáló adatbázisban RNS szekvenálás és gén chip alapú adatok találhatók,
így összesen több mint 55 ezer mintán lehet elemzéseket végezni közel 20 ezer
génre 30 szövet típus esetén. A felület létrehozásával kutató-
csoportunk célja az volt, hogy egy ingyenes, felhasználóbarát
felületet hozzunk létre, amelyen számos tumor típus differenciál expressziós vizsgálatára
van lehetőség. Így komolyabb informatikai ismeretek nélkül is bárkinek van lehetősége nagy
mintaszámon alapuló összehasonlító elemzések elvégzésére.



Elérhetőség: <http://www.tnmplot.com>

Többszörös hipotézis teszt

Kiknek használható: minden orvostudományi, biológiai alapkutató és klinikus számára

Leírás: A nagy áteresztőképességű rendszerek elterjedése több ezer, vagy akár több millió gén vagy termék párhuzamos vizsgálatát teszi lehetővé (transzkriptomika, genomika, proteomika, metabolomika stb.). A keletkezett masszív adatmennyiség a többszörös összehasonlítás következtében nem elhanyagolható mennyiségű fals pozitív találatot eredményezhet, melyek kiszűrésére különféle stratégiák léteznek. Ezek nagy része programozói tudást igényel és a parancssoros rendszerek ismeretét feltételezi. Kutatócsoportunk ezzel szemben egy szabadon elérhető, felhasználóbarát, automatizált online rendszert dolgozott ki, mely a leggyakrabban alkalmazott korrekciós módszerek segítségével (Bonferroni-korrekció, Holm (step-down), Hochberg (step-up) módszerek, False Discovery Rate (FDR, illetve q-érték kiszámolása) nyújt segítséget a tudomány minden területén.

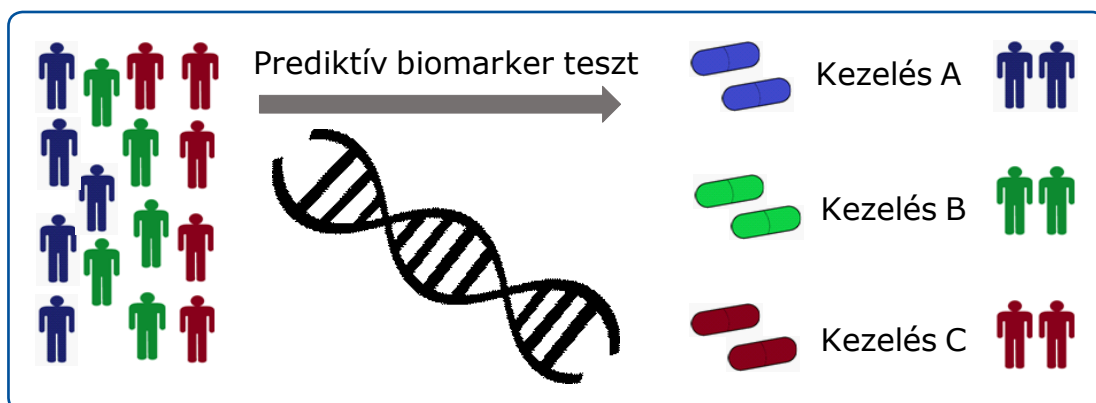


Elérhetőség: <http://www.multipletesting.com>



ROC plotter

Kiknek használható: mindenfajta terápiás válasz kutatásban (saját adatokkal), onkológiai kutatásokban (már feltöltött adatokkal)



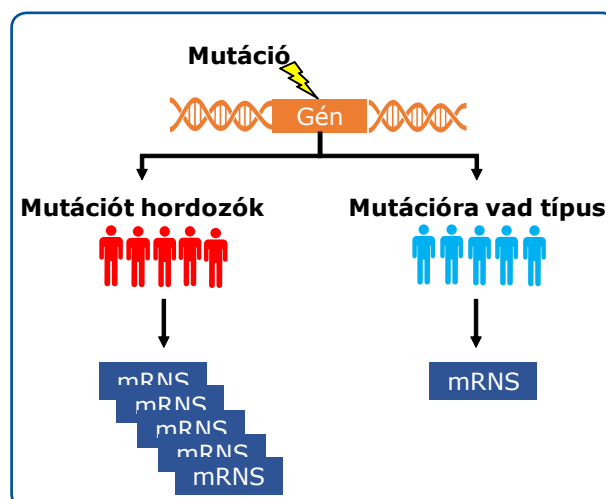
Leírás: A ROC Plotter webalkalmazás célja, hogy összefüggést keressen a gén expressziója és a terápiás válasz között, ezáltal bővítve a biomarkerek kutatásával foglalkozó kutatók eszköztárát. Az alkalmazás emlő-, méhnyak-, kolorektális daganatos, valamint glioblasztomás betegek génchip és újgenerációs RNS méréseken alapuló forrásadatait használja. A génexpresszió és a terápiás válasz közötti összefüggés Mann-Whitney U-teszt, valamint Receiver Operating Characteristics (ROC) analízis alkalmazásával történik. Az alkalmazás segítségével lehetőséget kívántunk biztosítani arra, hogy kísérletes eredmények független, külső validációját biztosítsuk a kutatóközösség számára. A honlap egy további szolgáltatása, hogy saját adatokból is lehetséges ROC analízis elvégzése, így további statisztikai szoftverek felhasználása nélkül is lehetséges kísérletes eredmények gyors kiértékelése.

Elérhetőség: <http://www.rocplot.org>

muTarget

Kiknek használható: onkológiai kutatók számára, génfunkciós kutatásokban

Leírás: A rendszer segítségével lehetőség van a génmutációk és a génkifejeződés közötti összefüggés vizsgálatára az egyes daganattípusokban. Az elemzéshez teljes RNS szekvenálás alapú génkifejeződési adatokat, exom szekvenálási adatokat, valamint exom szekvenálásból azonosított szomatikus mutációkat használtunk fel. Az eredmények alapján az emelkedett kifeje-





zódést mutató gének az onkológiai terápia potenciális célpontjai is lehetnek. Mindemellett, a rendszer egy másik elemző moduljával az egyes génexpressziós eltérések génmutációkkal történő összefüggései vizsgálhatók az egyes daganattípusokban.

Elérhetőség: <https://mutarget.com/>

Kaplan-Meier plotter

Kinek használható: minden túléléssel foglalkozó kutató által

Leírás: A Kaplan-Meier plotter túlélés-elemzés számítását végez vagy előre feltöltött adatokkal (csak onkológiai adatbázisok, 50 ezernél több minta huszon-egy különböző tumortípusból), vagy a felhasználó által feltöltött adattáblával. Onkológiában havi 16 ezer felhasználóval a rendszer világszinten is vezető az automatizált túlélés-elemzés terén.

Elérhetőség: <http://www.kmplot.com>



2.5 Galaxy



Kinek használható: minden biológiai és orvosi kutatás során

Leírás: Az elmúlt évtizedek technológiai fejlődésének köszönhetően egyre nagyobb mennyiségben keletkeznek adatok. Az adatok expanzív növekedésének lehetünk tanúi az élettudományokban is, különösen a genomikai kutatások során alkalmazott újgenerációs szekvenálási technológiák szolgáltatnak új, korábban nem látott mennyiségű adatot.

A 2005-ben indult Galaxy projekt lehetőséget biztosít az élettudományokkal foglalkozó kutatóknak arra, hogy **programozói háttér és jelentősebb informatikai kapacitás nélkül is képesek legyenek a kutatásaik során keletkező adatok kiértékelésére**. Jelenleg három nagy központi szerver található (európai szerver: UseGalaxy.eu; központi szerver: UseGalaxy.org; valamint az ausztráliai szerver: UseGalaxy.org.au), amelyek mindegyike szabadon felhasználható, egy ingyenes regisztrációt követően. Ezeken felül világszerte több egyetem, így a Semmelweis Egyetem is működtet részlegesen vagy teljesen publikus szervereket a kutatóközösségek számára.

A Galaxy platform egy könnyen kezelhető grafikus felhasználói felületet (graphicaluserinterface, GUI) biztosít, amely egyszerűvé teszi az adatok komplex kezelését. A GUI segítségével a **felhasználó feltölti saját adatait, de elérheti más felhasználók vagy adattárházak megosztott adatait is**. Ez az adatmegosztás kiváló lehetőséget biztosít a különböző szakterületeken dolgozó kutatók számára a csapatmunka megvalósítására. A Galaxy szervereken található eszköztár biztosítja a feladatok megoldására használható szoftvercsomagok gyors elérését, paraméterezését, végül az eredményeket, amelyek szintén megoszthatók. Fontos kiemelni, hogy a rendszer használatával biztosíthatjuk, hogy elemzésünk bármikor reprodukálható legyen.

A tanév őszi szemeszterére a bioinformatika kurzus gyakorlati oktatását segítő beállításra került **a tanszék által üzemeltetett Semmelweis Galaxy szerver**. A szerver a publikus rendszerekkel szemben regisztráció után lényegében korlátlan kapacitást és tárhelyet biztosít a hazai kutatók számára. Újdonság, hogy 2021 elején üzembe helyeztük az új, megnövelt számolási és tárhely kapacitást biztosító szerverünket, amely remélhetőleg eredményesen fogja kiszolgálni mind a kutatók, mind pedig a hallgatók igényeit.

Elérhetőség: <http://galaxy.semmelweis.hu>

2.6 Tudománymetria

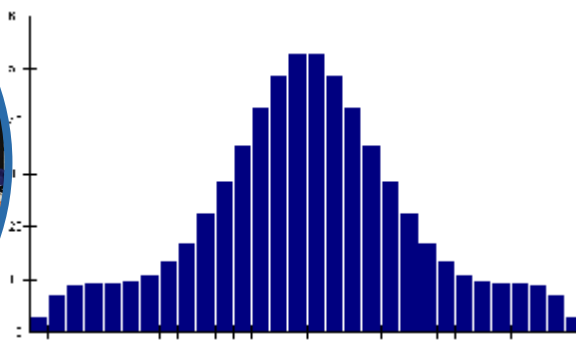
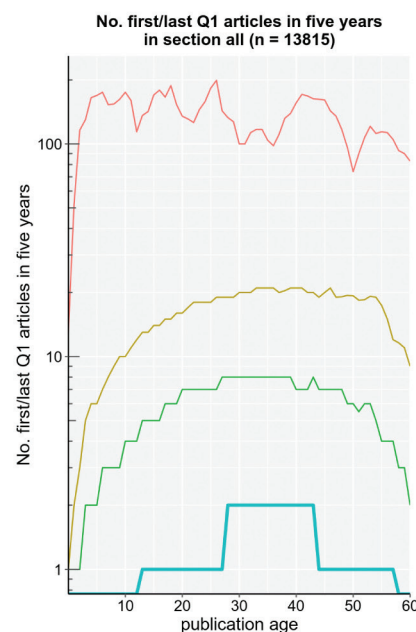
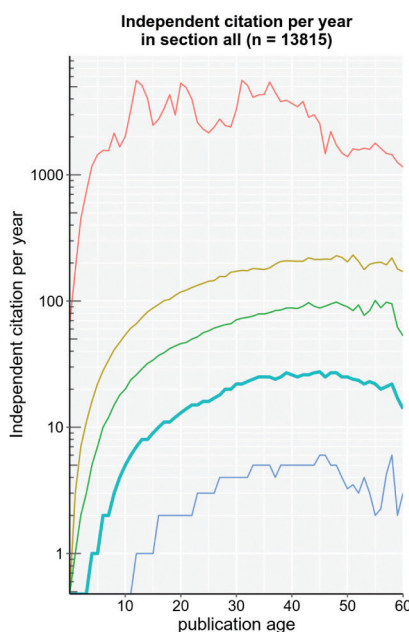
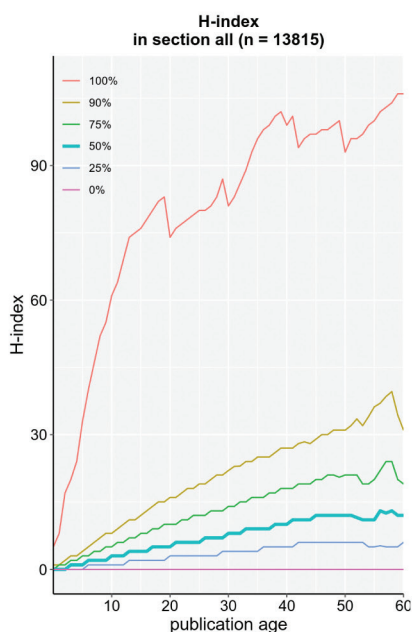


Kinek használható: minden magyarországi kutató által

Leírás: A scientometrics elemző rendszer (korábban tudomanymetria.com) által végzett számítás célja, hogy az egyetemi és akadémiai kutatókat egymással objektív módon hasonlítsa össze azáltal, hogy minden egyes kutatót egy közös referenciaadatbázishoz hasonlít, amely a hasonló korú, és egyező tudományterületen aktív magyar kutatókat tartalmazza. Ezen pályázati döntéstámogató rendszer kifejlesztésének tudományos hátterét az adja, hogy irodalmi referenciák alapján a korábban nagyobb tudományos teljesítményt felmutató kutatók a későbbiekben is nagyobb publikációs teljesítményt fognak elérni. A rendszernek jelenleg naponta átlagosan 100 felhasználója van.

Elérhetőség: <https://www.scientometrics.org/>

Kapcsolat: bioinformatika@med.semmelweis-univ.hu (amennyiben személyre vonatkozó kérdést küld, akkor kérjük adja meg az MTMT azonosítót is)



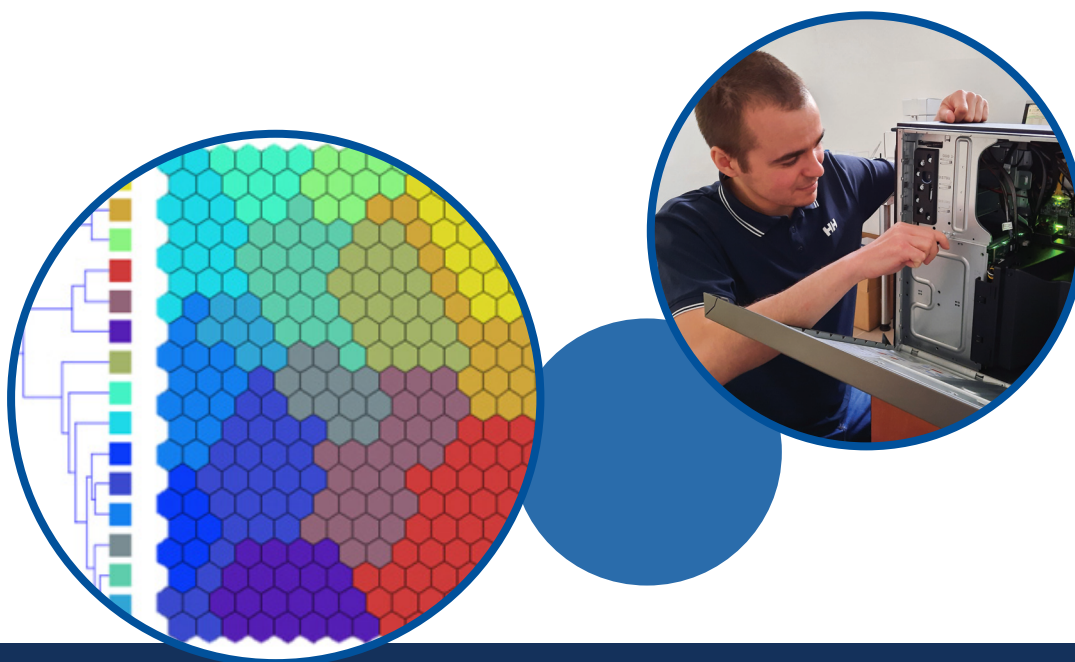


2.7 Adatbázisok

Hol használható: onkológiai kutatások során

Leírás: A tanszék számára nagyszámú genomikai és transzkriptomikai adat érhető el. Ezek között szerepel mintegy 67 daganattípus teljes genom, exom és RNS szekvenálási adata, továbbá több mint 1000 myeloma multiplex minta teljes exom és transzkriptomikai adata is. A teljes genom és exom szekvenálási adatok felhasználásával lehetővé válik elsősorban a mutáció alapú daganat biomarker azonosítás, valamint a különböző exogén és endogén tényezőkkel összefüggő mutációs mintázatok vizsgálata. A transzkriptomikai adatok lehetőséget teremtenek a daganatos minták teljes génkifejeződési profiljának vizsgálatára, valamint alkalmasak a fúziós gének vizsgálatára is. Továbbá, a genomikai és a transzkriptomikai adatok összekapcsolásával olyan génexpressziós biomarkerek azonosíthatóak, amelyek összefüggést mutatnak az egyes génmutációkkal. Így lehetőség van olyan biomarkerek azonosítására, amelyek egy sokkal szűkebb betegcsoportra jellemzőek.

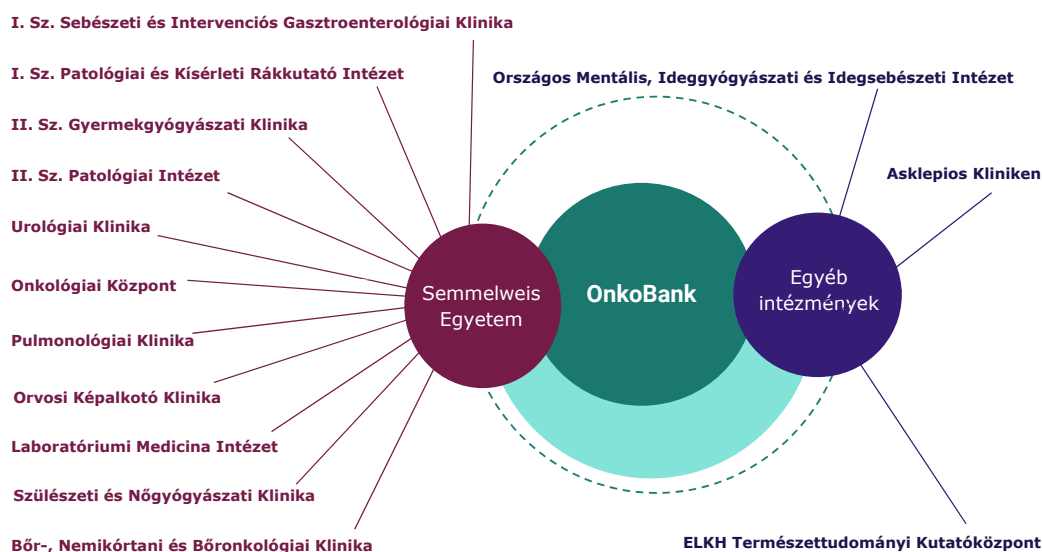
#	Study, Consent	Status	Actions
Project #20707: Identification of molecular features associated with response to checkpoint inhibitors: focus on MHC expression and CNVs			
78491-4	Pan-Tumor Genomic Biomarkers for PD-1 Based Immunotherapy (phs001572.v1.p1) Disease-Specific (Cancer, IRB) (phs001572.v1.p1.c3), NCI DAC	✓ Approved GRANTED	Request Files Processing History Revise project
Project #5991: Establishing an algorithm to predict to outcome by stratifying the patients using simultaneous mutational status of multiple multiple solid tumors			
25309-12	The Cancer Genome Atlas (TCGA) (phs000178.v11.p8) <i>Almost all the TCGA data is hosted at the Genomic Data Commons (GDC) website (https://gdc.cancer.gov/). Approved users of this dataset will be granted access to the TCGA data at the GDC website. Only a small amount of TCGA data (MAF data over 11429 subjects) is hosted by dbGaP.</i> General Research Use (phs000178.v11.p8.c1), NCI DAC	✓ Approved GRANTED	Request Files Processing History Revise project
Project #28237: Analyzing the connection between the gene expression changes and mutations in multiple myeloma			
101469-1	Multiple Myeloma CoMMpass Study (phs000748.v7.p4) Disease-Specific (Myeloma and other cancer-related disorders, MDS) (phs000748.v7.p4.c2), NCI DAC	✓ Approved GRANTED	Request Files Processing History Revise project
101470-1	Multiple Myeloma CoMMpass Study (phs000748.v7.p4) General Research Use (MDS) (phs000748.v7.p4.c1), NCI DAC	✓ Approved GRANTED	Request Files Processing History Revise project



2.8 OnkoBank



Az Onkológiai Szövetbank (OnkoBank) létrehozásával célul tűztük ki a Semmelweis Egyetem klinikáinak ambulanciáin és fekvőbeteg osztályain kezelt, rosszindulatú daganatos megbetegedésben szenvedő (beteg csoport), illetve daganatos megbetegedésben nem érintett (kontroll csoport) egyének biológiai mintáinak gyűjtését, tárolását és a releváns klinikai adatok adatbázisba történő rendszerezését. A betegtoborzásban, mintavételben és gyűjtésben jelenleg 13 partnerintézmény vesz részt. A vér- és a rosszindulatú daganatokból származó DNS-, RNS- és fehérjemintákat az egyes betegségek kialakulását befolyásoló genomikai, transzkriptomikai, proteomikai tényezők vizsgálatára, diagnosztikus, prediktív és prognosztikus biomarkerek azonosítására használjuk fel. Továbbá a vér-, illetve szövetmintákból nyert adatokat az individualizált gyógyszeres terápia kialakításához szükséges kutatásokba vonjuk be. A mutációs, génexpressziós és egyéb vizsgálatokat, valamint a keletkezett adatok bioinformatikai feldolgozását munkatársaink végzik el. Megbízott orvosaink segítségével pedig a betegek releváns személyes- és egészségügyi (klinikai) adatait gyűjtjük és használjuk fel a hatályos jogszabályoknak megfelelően. A betegek túlélését az OnkoBank fennállásának teljes ideje alatt monitorozzuk (utánkövetés).





3. Oktatás

3.1 Klinikai bioinformatika

Kreditértéke: 3

Teljes óraszám: 42 óra

előadás: 19 óra

gyakorlat: 23 óra

Tantárgy típusa: kötelezően választható

A tantárgy oktatásának célkitűzése: A kurzus során a bioinformatika négy fő területét (bioinformatikai alapok, az omika, az integratív tudomány és a mesterséges intelligencia) mutatjuk be előadások formájában. A gyakorlati képzés során a legfontosabb programok használatát sajátítja el a hallgató. A gyakorlatnak része egy következő generációs szekvenálás kiértékelése is. A kurzus során olyan gyakorlati tudást szereznek meg a hallgatók, amelyet későbbi tudományos munka során (pld. TDK, szakdolgozat, PhD, klinikai kutatások) minden nap tudnak hasznosítani.

Előtanulmányi feltétel: sikeres első 4 szemeszter.

A tárgy részletes tematikája: A tematikában megadott témák 15 perces elméleti előadásokat takarnak. A csillaggal megjelölt előadásokhoz tartoznak a gyakorlatok.

I. blokk: Bioinformatikai alapok

1. Bevezetés a bioinformatika tantárgyba (Győrffy Balázs)
2. Tanuló és tesztelmez alkalmazása (Fekete János Tibor)
3. Statisztikai hibák és a dichotómia fogalma (Fekete János Tibor)
4. Túlélés-elemzés: Cox regresszió* (Győrffy Balázs)
5. ROC elemzés* (Fekete János Tibor)

II. blokk: Omika

6. Hasonló gének és fehérjék, blast* (Győrffy Balázs)
7. Genomika: szekvenálás bevezető (Győrffy Balázs)
8. Genomika: adatok minőségellenőrzése* (Nagy Ádám)
9. Genomika: adatok illesztése referencia genomra* (Nagy Ádám)
10. Genomika: mutációk azonosítása (Nagy Ádám)
11. Genomika: mutációk következményei* (Nagy Ádám)
12. Genomika: klinikailag releváns variánsok* (Nagy Ádám)
13. Genomika: mutációs mintázatok (Nagy Ádám)
14. Genomika: strukturális változások azonosítása* (Nagy Ádám)
15. Genomika: melléktermékek azonosítása (Menyhárt Otília)
16. Proteomika: pre-processing: (Győrffy Balázs)
17. Transzkriptomika: RNAseq adatok feldolgozása (Győrffy Balázs)
18. Proteomika: az immunhisztokémia (Munkácsy Gyöngyi)
19. Proteomika: a tömegspektrometria kiértékelése (Bartha Áron)
20. Proteomika: biológiai funkciók (Munkácsy Gyöngyi)
21. Genomika: GeneBank (Szász Attila Marcell)



III. blokk: Integratív tudomány

- 22. Multi-omika (Menyhárt Otília)
- 23. Változók közötti korreláció (Menyhárt Otília)
- 24. Génontológia (Fekete János Tibor)
- 25. Többszörös hipotézis teszt* (Gyórfy Balázs)
- 26. Adatbányászat: Excel, Pubmed, Watson (Munkácsy Gyöngyi)
- 27. A reprodukálhatóság kérdése (Menyhárt Otília)

IV. blokk: Mesterséges intelligencia

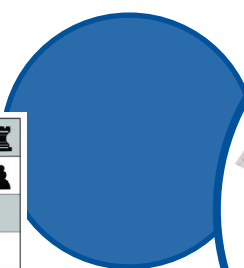
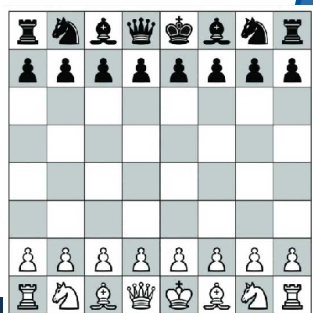
- 28. A mesterséges intelligencia (Gyórfy Balázs)
- 29. Gépi tanulás eszközei* (Fekete János Tibor)
- 30. A Bayes szabály (Fekete János Tibor)
- 31. Döntési fa a klinikai gyakorlatban (Bartha Áron)
- 32. Fürtelemző programok: távolságmérés* (Gyórfy Balázs)
- 33. Fürtelemző programok: clustering* (Gyórfy Balázs)
- 34. Neurális hálók (Gyórfy Balázs)
- 35. Főkomponens elemzés (Bartha Áron)
- 36. Support Vector Machines (Fekete János Tibor)
- 37. Jelátviteli utak, KEGG (Szász Attila Marcell)
- 38. Regresszió (Bartha Áron)

V. blokk: Mindennapos orvosi informatika

- 39. A REDCap felhasználása (Szász Attila Marcell)
- 40. Elektronikus Egészségügyi Szolgáltatási Tér (Bartha Áron)
- 41. Időtorzítás és függőség (Menyhárt Otília)
- 42. Fejlődés, tanulás és munka (Menyhárt Otília)

A gyakorlati oktatáson a hallgatók részletesebben elsajátítják a genomi adatok kiértékelését. Ennek során vagy a saját vagy egy betegből származó DNS mintából készült következő generációs szekvenálás kiértékelésén keresztül megtanulják a genomi adatfeldolgozás valamennyi lépését.

Vizsgakövetelmények: A gyakorlati vizsga során egy meghatározott bioinformatikai feladatot kell megoldani, amely során bármilyen segédeszköz használata lehetséges, beleértve a saját laptop használatát.





3.2 Adatok ábrázolása a bioinformatikában és a rendszerbiológiában

Gesztorintézet: Semmelweis Egyetem ÁOK, Bioinformatika Tanszék

Közreműködő intézmény: PPKE Információs Technológiai és Bionikai Kar

Kreditértéke: 1

Teljes óraszám: 30 óra

előadás: 15 óra

gyakorlat: 15 óra

Szeminárium: 0

Tantárgy típusa: szabadon választható

A tantárgy oktatásának célkitűzése, helye az orvosképzés kurrikulumában:

A mérési adatok és komplex eredmények ábrázolása az orvosi és élettudományi vizsgálatok során egy új típusú problémaként jelent meg. Hogyan készítsünk hatékony képi bemutatást a numerikus vagy szöveges adatokból kiindulva? Hogy sűrítsünk nagymennyiségű adatot vagy egy mintázatot, illetve egy megjelenítendő trendet egyetlen képbe több ezer vagy millió adatpont esetén? A tantárgy keretein belül szekvenciák, genomok, klinikai mérési és utánkövetési adatok, metagenomok, génexpresszió, fehérjék 3D-s szerkezete, DNS, biológiai hálózatok, populációs vizsgálatok és agyi hálózatok területére fókuszálunk. Az oktatás célja, hogy egy olyan tudást adjon a hallgatók kezébe, amellyel egyrészt a rendelkezésre álló eszközök közül tudnak választani, másrészt viszont ismerik ezen eszközök előnyeit és hátrányait is. A oktatás megszervezését a Semmelweis, a PPKE és a BME által közösen elnyert, az EFOP-3.6.2-16 pályázata támogatja.

A tárgy sikeres elvégzése milyen kompetenciák megszerzését eredményezi:

A hallgató képessé válik az alapvető adatábrázolási módszerek pontos alkalmazására. Az egyes módszerek hátrányait és előnyeit ismeri, a kutatási eredmények és a klinikai vizsgálatok értelmezése során a hibákat felismeri.

A tantárgy felvételéhez, illetve elsajátításához szükséges előtanulmányi feltétel(ek): sikeres első 4 szemeszter.

A tárgy részletes tematikája:

I. Blokk: bevezető

1. Bevezető az adatvizualizálásba
2. Emberi érzékelés és az adatok vizualizálása
3. Gyakorlat: általános adatábrázolás

II. Blokk: Klinikai vizsgálatok eredményeinek bemutatása

4. Végpontok alkalmazása orvosbiológiai vizsgálatokban
5. Gyakorlat: orvosbiológiai adatábrázolás



III. Blokk: Genom és metagenom ábrázolás

6. A molekuláktól a genomon át a metagenomhoz
7. Gyakorlat: genom és metagenom ábrázolás

IV. Blokk: Transzkriptom ábrázolás

8. Fürtelemzés (clustering)
9. Gyakorlat: legelterjedtebb távolságmodellező programok

V. Blokk: Adathálózatok

10. Hálózatok felépítése
11. Gyakorlat: hálózatépítő programok

VI. Blokk: 3D modellek proteinek és DNS ábrázolásában

12. Bevezetés a 3D modellezésbe
13. Gyakorlat: molekuláris vizualizáló programok

VII. Blokk: Populáció ábrázolás

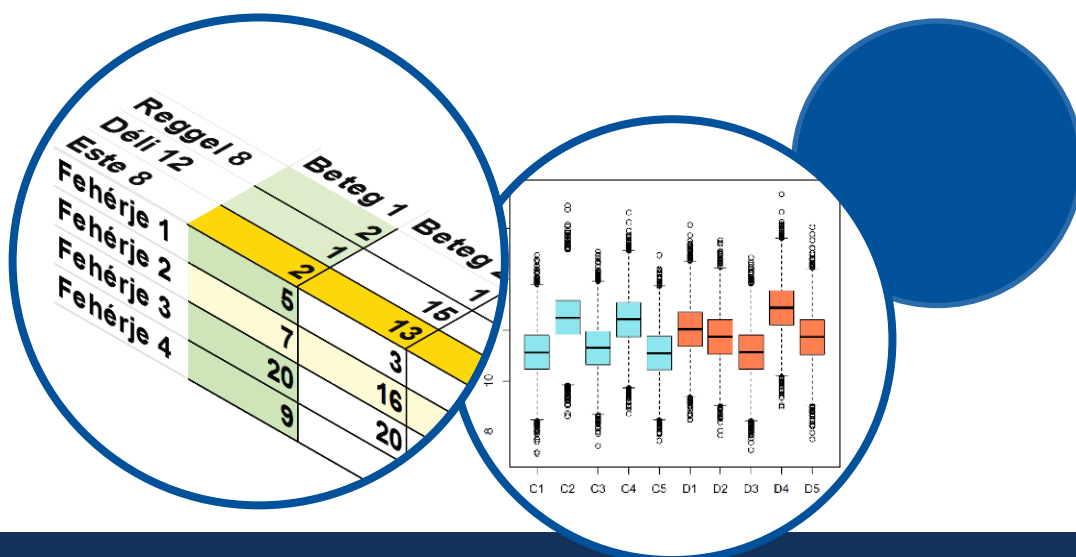
14. Ágens-alapú és különböző egyenletek modellezése
15. Gyakorlat: populáció ábrázolási programok

VIII. Blokk: Agyi modellek

16. Agyi hálózati ábrázolás
17. Agyi vizualizálási példák

Vizsgakövetelmények:

60%-ra teljesített teszt (60% alatt: nem megfelelt, 60-80%: megfelelt, 80% felett: kiválóan megfelelt)





3.3 Posztgraduális oktatás

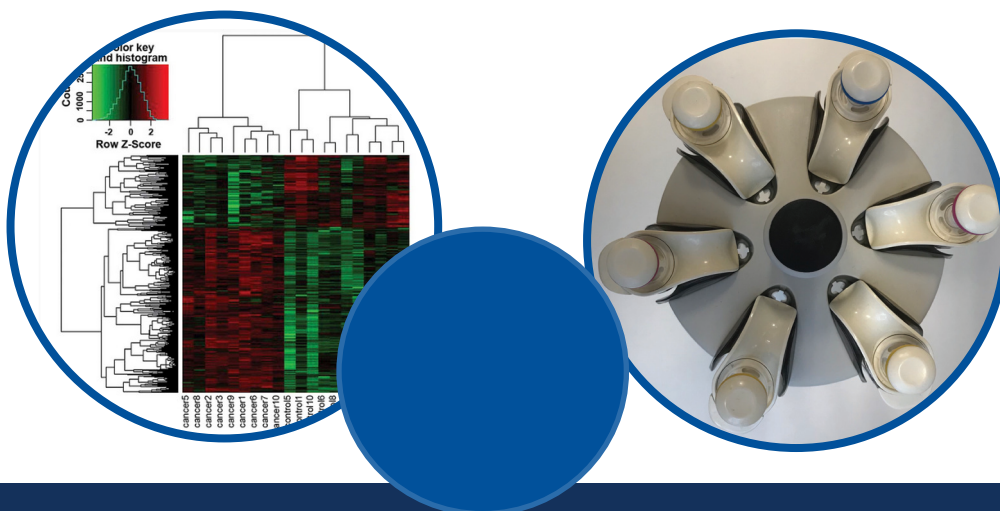
Kurzus címe Alkalmazott bioinformatika az onkológiában
(Applied bioinformatics in oncology)

Program Semmelweis Egyetem, Patológia Doktori Iskola

Oktató Prof. Dr. Gyórfy Balázs

Leírás Az oktatás témája egy kiválasztott bioinformatikai projekt publikációs szintű megoldása. Ennek során közösen elvégzett kutatás történik, amely a következő öt területről választott aktuális onkológiai probléma egyike: 1) prediktív biomarker azonosítása, 2) prognosztikus biomarker azonosítása, 3) tumor heterogenitás vizsgálata, 4) evolúció modellezése, 4) regulációs hálózatok elemzése. Az oktatás hetente egy személyes oktatás mellett (amikor a feladatok meghatározása, illetve megbeszélése történik meg, heti 2 óra) jelentős mennyiségű (legalább heti 6 óra) házi feladatot tartalmaz. A kurzus az adott probléma esetén a szükséges kérdések meghatározásával és az adatok azonosításával kezdődik, és egy elkészült kézirat jelenti a kurzus tökéletes teljesítését. A kurzus elvégzéséhez szükséges minimum az R vagy a Galaxy ismerete. Egy adott projekten a hallgató dolgozhat önállóan vagy párban. A kurzuson csak olyan hallgató vehet részt, aki a „Bionformatika” tárgyat teljesítette és a PhD kutatási témája tartalmaz onkológiát. A kurzusra csak olyan hallgató jelentkezhet, aki rendelkezik már legalább 2 lezárt félévvel a PhD képzés során. Túljelentkezés esetén személyes elbeszélgetés alapján kerülnek a hallgatók kiválasztásra.

Vizsga típusa A félév végére elkészített írásbeli elemzés, amelynek során bármilyen segédeszköz használata megengedett. Elemzés alapján készült magyar nyelvű jegyzőkönyv = megfelelt. Elemzés alapján készült angol nyelvű beküldött kézirat = kiválóan megfelelt.



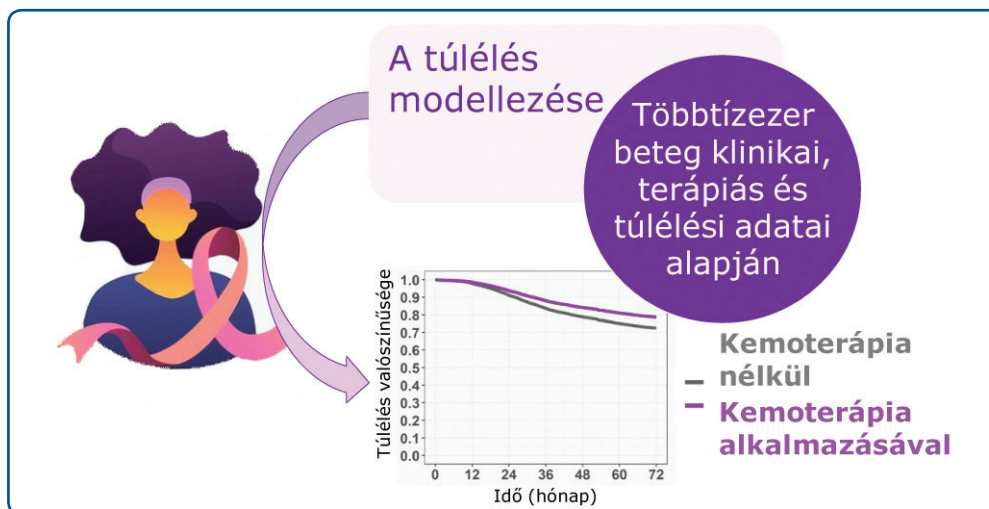


4.1 Új kutatási témák

A terápiás válaszkészség előrejelzése

Leírás: Az egyéni túlélési valószínűség modellezésével klinikai paraméterek alapján a terápiafüggő túlélésben mutatkozó különbségeket mutatjuk ki. A klinikai gyakorlatban a betegtájékoztatót és a terápiás döntést gyakran nehezíti, hogy a kezelési lehetőségek előnye – különösen az egyén szintjén – csak korlátozottan becsülhető előre. A kezeléstől várható haszon ismerete kiváltképp fontos a gyakori és súlyos mellékhatásokkal járó terápiás modalitások esetében, amilyen például az onkológiai ellátásban alkalmazott szisztémás citotoxikus kezelés. A folyamatban résztvevő hallgatók elmélyülhetnek a túléléselemzés, a gépi tanulás módszereinek használatában, valamint megtanulhatják az egyéni túlélés-előrejelzés pontosságának vizsgálatát. Munkánk célja a klinikai gyakorlatban is alkalmazható, validált túlélési modellek létrehozása, amelyek a mesterséges intelligencia eszközeit is felhasználva képesek az egyes betegek szintjén az alkalmazható terápiás lehetőségek várható hasznának előrejelzésére.

Alkalmazott módszerek: mesterséges intelligencia, adatbázis-építés, klinikai adatok, túlélés-elemzés



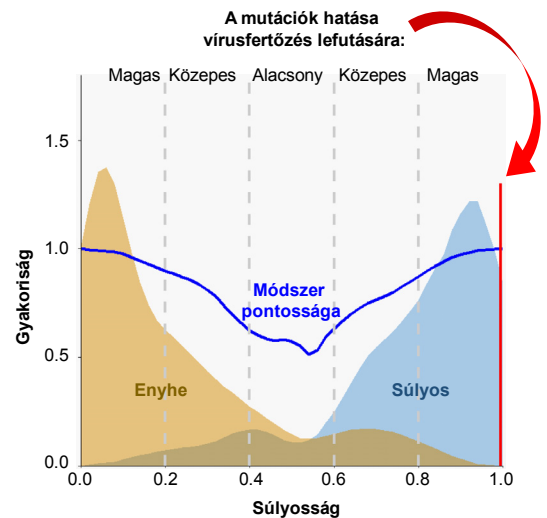
Koronavírus mutációk és a vírushatás lefutása

Leírás: A koronavírusok általában stabil genommal rendelkeznek, amely az idő múlásával nagyon kevésbé változik. A SARS-CoV-2 kutatás alapvető kérdése, hogy a vírus idővel gyengülhet-e vagy sem. A vizsgálatunk során a célunk az volt, hogy olyan vírusmutációkat azonosítsunk, amelyek összefüggésbe hozhatók a vírushatás súlyosságával. Az eredményeink alapján számos mutációt hoztunk összefüggésbe az okozott betegség klinikai súlyosságával. A nukleokapszid és



a tüske fehérje esetében azonosítottuk a legtöbb olyan mutációt, amelyek esetén a betegség lefolyása súlyosabb volt. Eredményeink azt sugallják, hogy vannak olyan mutációk, amelyek alátámasztják a változások lehetőségét, ezért esély van arra, hogy a jövőben a betegség lefolyása elmozduljon az enyhébb vagy a súlyosabb betegkimenetel felé. A vírusmutációk és a betegség lefolyás közötti összefüggés a COVIDOUTCOME rendszer (<https://covidoutcome.com/>) segítségével vizsgálható.

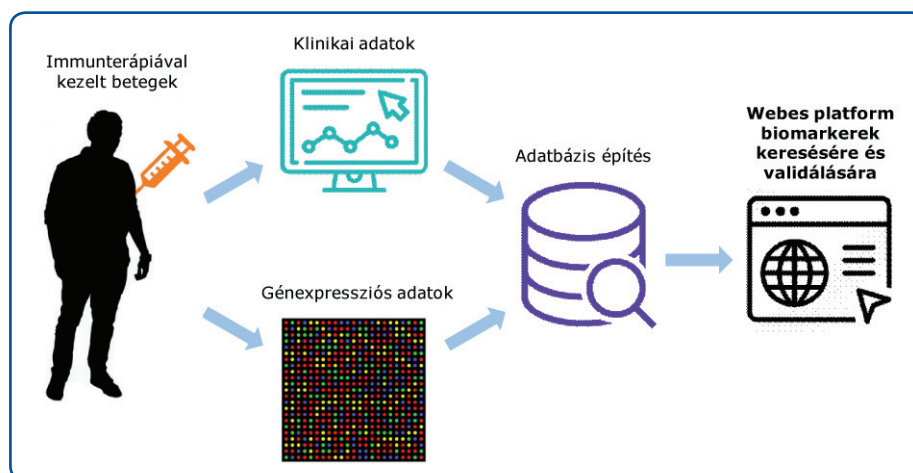
Alkalmazott módszerek: szekvencia-illesztés, mesterséges intelligencia, web-szerver fejlesztés



Az immunterápia biomarkerei

Leírás: Az immunterápiával kezelt betegek csak kis százaléka reagál a kezelésre, így kulcsfontosságúvá vált olyan módszerek megtalálása, amelyek segítségével megjósolható, hogy mely betegek esetében várható a legnagyobb terápiás haszon. Kutatásunk során a génexpresszió, illetve az immunterápiára adott válasz közötti összefüggést vizsgáljuk. Célunk olyan molekuláris biomarkerek azonosítása, amelyek eltérő expressziót mutatnak az immunterápiára fogékony és nem fogékony betegekben, többféle daganattípus esetén. Ehhez publikusan elérhető transzkriptomikai és klinikai adatokat (GEO, TCGA, dbGAP, EGA) használunk fel egy saját adatbázis létrehozásához, ami egy online platform alapjául fog szolgálni. A bárki által hozzáférhető felülettel lehetővé válik több mint 10.000 gén expressziójának az immunterápia klinikai lefolyásával történő összehasonlítása, valamint segítséget nyújthat a megfelelő immuncheckpoint-gátló kiválasztására még a beteg kezelésének megkezdése előtt. A génexpressziós és klinikai adatok feldolgozása, illetve az adatbázis felépítése R-programkörnyezetben történik.

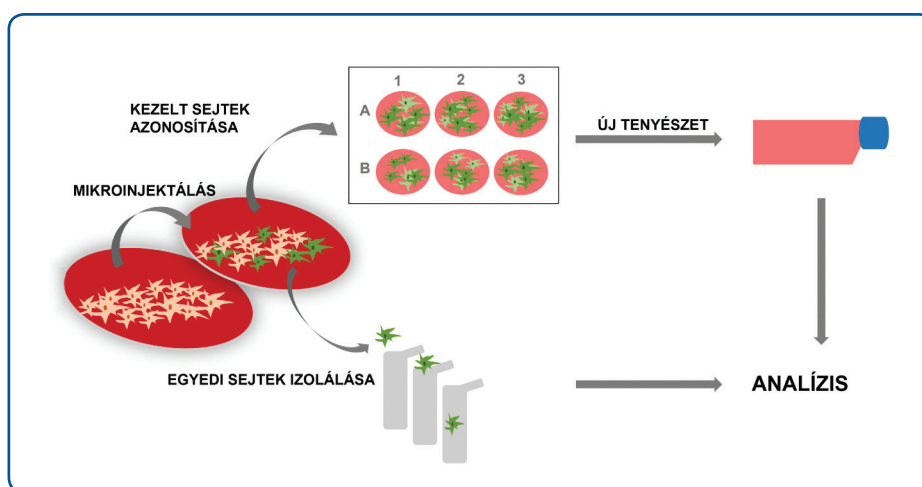
Alkalmazott módszerek: ROC, adatbázis-építés



Driver mutációval rendelkező tumorsejtek túlélése



Leírás: A különböző tumortípusokból létrehozott sejtvonalakból egyedi sejtek izolálhatók és vizsgálhatók. Az általunk kiválasztott sejt kezelése történhet bármilyen, a daganatterápiában használatos szerrel, sőt lehetőségünk van arra is, hogy a daganatok kifejlődéséért felelős ún. driver mutációkat (pl. TP53) „javítsuk ki”, amelyek lényegében hibás géneket jelentenek. Kísérleteinkben az egészséges sejteknek megfelelő, **működő gének közvetlen bevitelét végezzük el** kiválasztott egyedi tumorsejtekbe. A gén kifejeződését a fluoreszcencia monitorozásával tudjuk nyomon követni, aminek segítségével a sejtek könnyedén beazonosíthatók és akár azonnali életképességi, génexpressziós, mutációs analízisnek vethetők alá vagy új sejtenyészet hozható létre a későbbi vizsgálatok elvégzéséhez.



Alkalmazott módszerek: sejtkultúra, mikroinjektálás, génaktiválás, gén-expresszió mérése

Onkológiai kutatások zebradánió modell rendszerben

Leírás: Kutatásunkkal több külső intézettel kooperációban a „Rosszindulatú daganatos betegségek műtét közbeni molekuláris patológiai diagnosztikája mesterséges intelligenciával támogatott lézer mikroszkóp segítségével” című pályázatban veszünk részt. A kifejlesztett fluoreszcen-

sen jelölt, tumoros sejtek specifikus detektálására alkalmas ellenanyagokat humán sejtenyészetben és zebradánió modellen teszteljük.

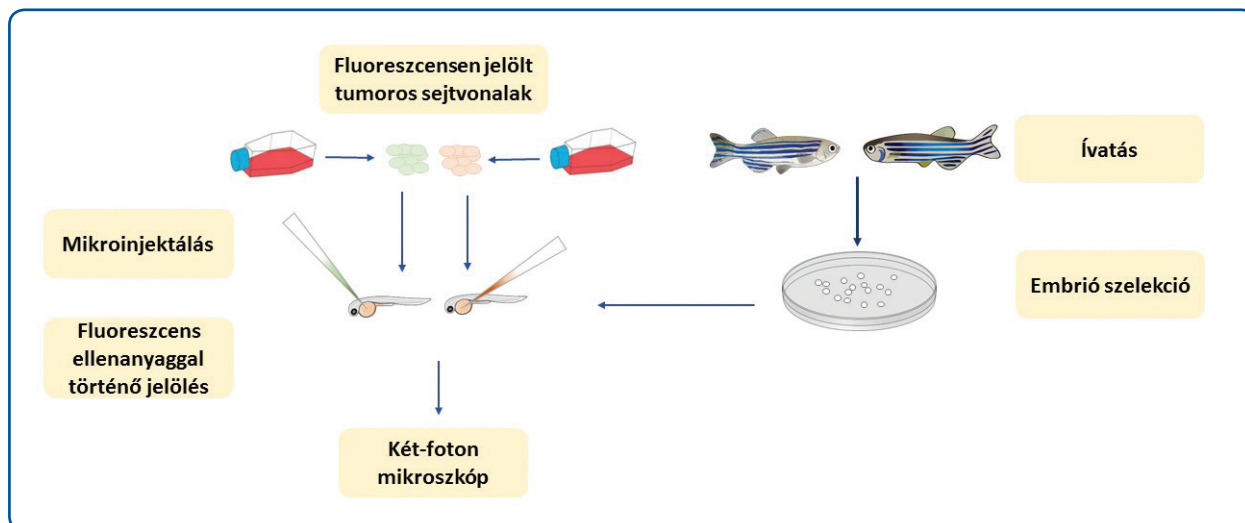
A zebradánió (*Danio rerio*) egyre elterjedtebb gerinces modellállat. Számos előnyös tulajdonsága teszi alkalmassá kutatási célokra, mint a rövid generációs idő, nagy utódszám, kis testméret, könnyű tenyészt-





hetőség. A fejlődő embriók és lárvák teste átlátszó, így mikroszkóppal szabadon vizsgálhatóak és fluoreszcensen jelölt fehérjék követhetők az élő állatokban is. A halakat xenograft modellszervezetként használjuk, amely során az embriókba humán eredetű tumorsejteket juttatunk be automata injektorral, majd ezen sejtek ellenanyag jelölését vizsgáljuk mikroszkóppal. A projekt végső célja egy diagnosztikus termék fejlesztése, amellyel a fluoreszcensen jelölt tumoros sejtek műtét közben lézer mikroszkóppal láthatóvá tehetőek.

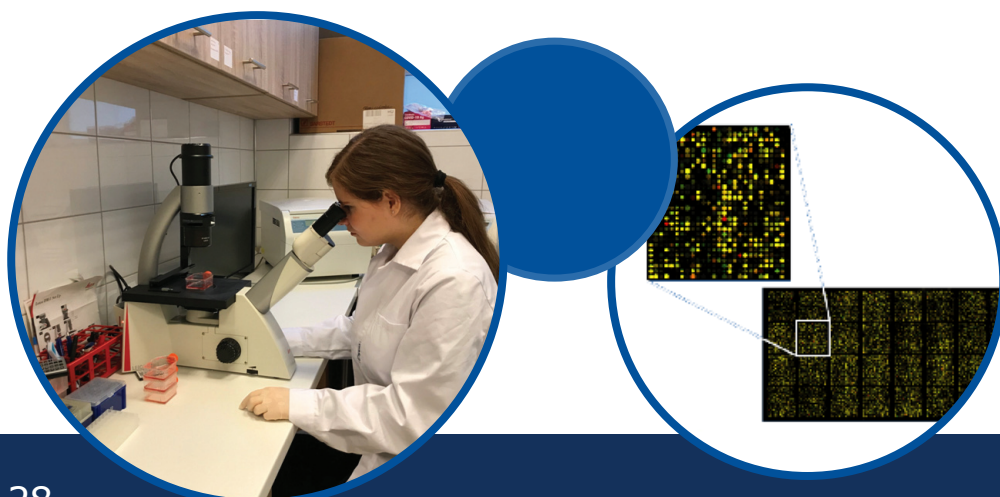
Alkalmazott módszerek: zebradánió, fluoreszcens mikroszkópia, két-foton mikroszkópia



DNS metiláció vizsgálata

Leírás: A DNS metiláció mintázatának tanulmányozása már több tumortípus esetén vezetett a klinikumban is alkalmazható diagnosztikus és prognosztikus biomarkerek azonosításához. Munkánk során a metilációs mintázatot genom szinten vizsgáló eszközökből származó adatokat elemzünk az R programnyelv segítségével. A létrehozott munkafolyamatok segítségével azonosíthatóak a tumor fenotípusát befolyásoló metilációs markerek. A potenciálisan biomarkerként felhasználható jellemzőket tovább tanulmányozzuk. Ehhez specifikusan a biomarker jelöltek vizsgálatát megcélzó kísérleteket tervezünk.

Alkalmazott módszerek: GALAXY, adatbázis-építés, Illumina 450K



4.2 Közleményeink az elmúlt öt évből



**Comp. and Str. Biot. J.,
2021; 19:949–960**



Cancers, 2021; 13:833



Cancers, 2021; 13:63



Carcinogenesis, 2021; bgab024



Int. J. Mol. Sci., 2021; 22 :2622



Int. J. Mol. Sci., 2021; 22:3836



**Scientific Reports,
2021; 11:6047**



**Journal of Cancer Research and
Clinical Oncology, 2021:1-19**



**Cancer Genetics, 2021;
254–255:58–64**



**PLoS ONE, 2021;
16(4):e0249558**



**Int. J. Cancer, 2021;
148:502-511**



**Int. J. of Antimic. A, 2021;
57(106272)**



**Prost. Can. Prost. Dis.,
2021; 24:268–277**



**J Cell Biochem. 2021;
122:577–597**



**Cancer Discov. 2020;
10(3):382-393**



**Theranostics, 2020;
10(18):7974-7992**



**Oncogene, 2020;
39:5068–5081**



**Oncogene, 2020;
40:1077–1090**



eLife, 2020; 9:e60498:1-37



**Can. and Metas. Rev.,
2020; 39:211–233**



Cancers, 2020; 1:2243



Cancers, 2020; 12:3774



JAMA Net. O. 2020, 3(7):e209486



**Int. J. Cancer, 2020;
147(11):3250-3261**



Front. Oncol.; 2020; 9:1486



Front. Oncol., 2020; 10:712



Front. Oncol., 2020; 10:558932



International Journal of
Molecular Sciences

Int. J. Mol. Sci. 2020;
21(16):5841

SCIENTIFIC
REPORTS

Scientific Reports, 2020; 10:14403

EXPERT
REVIEW

OF CLINICAL IMMUNOLOGY

Exp. Rev. C. Imm., 2020;
16(12):1099-1103

IJC

International Journal of Cancer

Int J. Cancer, 2020;
146(5):1369-1382

Journal of
INFORMETRICS
An International Journal

J. of Informetrics, 2020;
14:101050

eLife

eLife, 2019; 8:e47327:1-34

IJC

International Journal of Cancer

Int. J. Cancer, 2019;
145:3376-3388



cancers

an Open Access Journal by MDPI

Cancers, 2019; 11:1725

Briefings in
Bioinformatics

Briefings in Bioinf., 2019;
20(3):1004-1010

ANNALS
of Clinical and Translational Neurology
Open Access

An. C. Transl. Neu., 2019;
6(5):990-1005.

GYNECOLOGIC
ONCOLOGY

Gynecologic Oncology, 2020;
156:654-661

SCIENTIFIC
REPORTS

Scientific Reports, 2020; 10:2262

Scientometrics

Scientometrics, 2020;
124:1081-1097

Breast Cancer Research and Treatment

Breast C. Res. Treat., 2020;
179:585-604

nature
COMMUNICATIONS

Nature Communications, 2019;
10:2115

eLife

eLife, 2019; 8:e47430

Journal of Hematology
& Oncology

J. of Hema. & Onco., 2019;
12(29):1-17



cancers

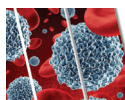
an Open Access Journal by MDPI

Cancers, 2019; 11:1740

Carcinogenesis

Integrative Cancer Research

Carcinogenesis, 2019;
40(9):1110-1120



blood
advances

Blood Adv., 2019;
3(13):1989-2002

Cellular
Oncology

Cellular Oncology, 2020;
43:431-444

CANCER
DISCOVERY

Cancer Discov., 2019; 9:662-679



diagnostics

Diagnostics, 2020; 10(305):1-20

Virchows Archiv
The European Journal
of Pathology

Virchows Archiv, 2020;
476:s855-862



cancers

an Open Access Journal by MDPI

Cancers, 2019; 11:983

IJC

International Journal of Cancer

Int J. Cancer, 2019;
145(11):3140-3151

THE
EMBO
JOURNAL

The EMBO Journal, 2019;
38:e100012

OncoImmunology

Oncoimmunology, 2019;
8(10):e1629780



frontiers
in Immunology

Front. Immunol., 2019; 10:2802

MOLECULAR CANCER
RESEARCH

Mol. C. Res., 2019;
17(8):1-36

Journal of Advanced Research

J Adv. Res., 2019; 20:105–116

SCIENTIFIC
REPORTS

Scientific Reports, 2019; 9:5734

EJSO
EUROPEAN JOURNAL OF
SURGICAL ONCOLOGY
THE JOURNAL OF CANCER SURGERY

EJSO, 2019; 45:1835–1838

CANCER
GENOMICS &
PROTEOMICS

C. Genom. & Proteo., 2019;
16:491–503

AOGS
Acta Obstetrica et Gynecologica
Scandinavica

AOGS, 2019; 98(12):1558–1564

JCI
The Journal
of Clinical Investigation

J. Clin. Invest., 2018;
128(12):5307–5321

Pathology &
Oncology Research

Path. & Oncol. Res., 2018;
24:115–127

MOLECULAR
CANCER

Molecular Cancer, 2018;
17:124

OncoImmunology

OncoImmunology; 2018;
7(12):e1526613

Oncotarget

Oncotarget, 2018;
9(40):25842–25859



International Journal of
Molecular Sciences

Int. J. Mol. Sci., 2019; 20:2750

frontiers
in Pharmacology

Front. Pharmacol., 2019; 9:1522

Cell Biology and Toxicology

Cell Biol. Toxicol., 2019;
35:1–14

BMC
Cancer

BMC Cancer, 2019; 19:1046

International Journal of
Colorectal
Disease
Clinical and Molecular Gastroenterology
and Surgery

Int. J. Col. Disease, 2019;
34:1455–1465

frontiers
in Pharmacology

Front. Pharmacol.,
2019; 9:1581

Cancer
Research

Cancer Res., 2018;
78(11):2978–2989

BJC

British J. of Cancer, 2018;
118:1107–1114

cancers
an Open Access Journal by MDPI

Cancers, 2018; 10:355

SCIENTIFIC
REPORTS

Scientific Reports, 2018;
8:9227

SCIENTIFIC
REPORTS

Scientific Reports, 2019; 9:343

Science
Translational
Medicine

Sci. Transl. Med., 2018;
10:eaao2301

nature
medicine

Nature Medicine, 2018;
24:1469–1480

PLOS | ONE

PLoS ONE, 2019; 14(4):e0209134

PHYSICAL CULTURE
AND
SPORT
STUDIES AND RESEARCH

Physic. Cult. & Sport, 2018;
80(1):27–38

Journal of
Cancer

Journal of Cancer 2019;
10:5191–5211

Clinical
Epidemiology

Clin. Epidemiology, 2018;
10:1093–1108

JCI
insight

JCI Insight, 2018;
3(18):e97506

Molecular
Oncology

Molecular Oncology, 2018;
13(4):725–737

MCE
Molecular and Cellular Endocrinology

Mol Cel. Endocrin., 2018;
471:105–117

Breast Cancer Research and Treatment

Breast C. Res. Treat., 2018;
172:725–732



ROYAL SOCIETY
OPEN SCIENCE

R. Soc. Open Sci., 2018; 5:181006



Path. & Oncol. Res., 2018;
24:641–651



Gut, 2017; 66:666–682



Clin. Cancer Res., 2017;
23(21):6650–6660

CANCER RESEARCH

Cancer Res., 2017;
77(12):3317–3324



J. Pathol., 2017; 242:73–89



Scientific Reports, 2017;
7:7358



Oncotarget, 2017;
8(44):77207–77218



Oncotarget, 2017;
8,(13):21733–21740



Oncotarget; 2017;
8(48): 83673–83683

Cancer Medicine

Cancer Medicine, 2018;
7(5):1896–1907



Scientometrics, 2018;
117:409–426



Transcription, 2018; 9(1):17–29



The EMBO Journal, 2017;
36:3336–3355



EMBO Mol. Med., 2017;
9:181–197

Oncogene

Oncogene, 2017;
36:1745–1752



International Journal of Cancer

Int. J. Cancer, 2017; 140:930–937



Sem. in Cell & Dev. Biol, 2017;
64:132–142



Oncotarget, 2017;
8(41):69520–69526



Oncotarget, 2017;
9(1):453–463



International Journal of
Molecular Sciences

Int. J. Mol. Sci., 2017; 18:194



PLoS ONE, 2018;
13(11):e0207776



Nature Communications, 2018;
9:1983



JCO Precision Oncol., 2018;
2:PO.18.00016



PNAS, 2017;
114(45):E9608–E9617



Autophagy, 2017;
13:1386–1403

Oncogene

Oncogene, 2017;
36:5709–5721



Scientific Reports, 2017; 7:40070



Oncotarget, 2017;
8(46):80278–80285



Oncotarget, 2017;
8(16):26122–26128



Oncotarget, 2017;
8(8):12558–12575



PLoS ONE, 2017;
12(5):e0175128



4.3 Kutatási témák hallgatóknak

PhD témák

1. A terápiás válasz rendszerbiológiai modellezése – Prof. Dr. Gyórfy Balázs
2. Rosszindulatú tumorsejtek genom-szintű vizsgálata – Prof. Dr. Gyórfy Balázs
3. Multi-omika alapú biomarkerek azonosítása szolid tumorokban – Prof. Dr. Gyórfy Balázs
4. Biomarkerek szolid daganatokban – Dr. Szász Attila Marcell

A Bioinformatika Tanszék TDK témái

1. A terápiás válasz biomarkerei

Témavezető: Fekete János Tibor

Leírás: A prediktív biomarkerek a terápiás válasz előrejelzésére szolgálnak a kezelés megkezdése előtt. Az onkológiában jelenleg alkalmazott kezelések esetében kevés prediktív biomarker áll rendelkezésünkre, ezért célunk az, hogy nyilvánosan elérhető génexpressziós adatokon alapuló bioinformatikai elemzés segítségével újabb potenciális biomarker jelölteket azonosítsunk.

Milyen hallgatóknak: orvos/biológus/bionikus/biomérnök hallgató

Elvárások: R programozói környezet ismerete, biostatisztika

Jelentkezési cím: fekete.janos@med.semmelweis-univ.hu

2. Túlélési modellek validitásának vizsgálata és optimalizációja

Témavezető: Dr. Vas Nikoletta

Leírás: Rosszindulatú tumoros megbetegedések kimenetelét előrejelző modellek algoritmusaira, külső validációjukat vizsgáló kutatásokra irányuló irodalomkutatás; az eredmény reprodukálhatóságát negatívan befolyásoló faktorok azonosítása. A munka keretében vizsgáljuk, hogy a mesterséges intelligencia eszközeit is felhasználva hogyan fokozható az előrejelző rendszerek független adatokon mutatott pontossága.

Milyen hallgatóknak: orvostanhallgató, informatika szakos hallgató

Elvárások: tanulmányaiban befejezett két év, bioinformatikai érdeklődés (R vagy Python nyelvek alapszintű ismerete)

Jelentkezési cím: vas.nikoletta@med.semmelweis-univ.hu



3. Tumoros és normál szövetek elkülönítése transzkriptomikai adatok felhasználásával

Témavezető: Dr. Bartha Áron

Leírás: A rosszindulatú daganatos betegségek kezelése során kulcsfontosságú, hogy lehetőleg olyan kezelést alkalmazzunk, amelynek minimális a mellékhatása, viszont a tumorra specifikus hatást fejt ki. Ez legkönnyebben úgy valósítható meg, ha az általunk választott gén nem, vagy alig expresszálódik normál szövetekben. Ezen gének azonosításához nagy mennyiségű adatot elemzünk bioinformatikai eszközökkel.

Milyen hallgatóknak: orvos/biológus/biomérnök/informatikus/bionikus

Elvárások: előny az R-ben való programozási képesség, de nem feltétel

Jelentkezési cím: bartha.aron@med.semmelweis-univ.hu

4. Mutációk transzkriptomikus hatásának vizsgálata szolid tumorokban

Témavezető: Prof. Dr. Györffy Balázs

Leírás: A mutációk génexpresszióra gyakorolt hatásának megértése a rosszindulatú daganatos betegségekben egy meglehetősen összetett feladat. Egyes esetekben a mutációknak nincsen közvetlen hatása a daganatos betegek túlélésére, azonban a mutáció által befolyásolt génexpressziós változások számos daganattípus esetén jelentősen befolyásolják a betegek túlélését. Ezen génkifejeződési változások vizsgálatához teljes exom és RNS szekvenálási, valamint microarray adatokat használunk fel.

Milyen hallgatóknak: orvos/biológus/biomérnök/bioinformatikus

Elvárások: bioinformatikai érdeklődés, az R programnyelv alapszintű ismerete

Jelentkezési cím: gyorffy.balazs@med.semmelweis-univ.hu

5. Célzott terápiás szerekkel szembeni rezisztenciamarkerek igazolása emlőrákos sejtvonalon

Témavezető: Dr. Munkácsy Gyöngyi, Kovács Szonja Anna

Leírás: A rosszindulatú daganatok kezeléséhez használt terápiás szerekkel szembeni rezisztencia markerei bioinformatikai adatbázisokból kinyerhetők. A kiválasztott markereket sejtkultúrák modellen igazoljuk, miközben a hallgató elsajátítja az alap kutatásokhoz nélkülözhetetlen laboratóriumi módszereket.

Milyen hallgatóknak: biológus/biomérnök/bionikus MSC hallgató

Elvárások: Rendszeres, precíz munkavégzés. Irodalmazáshoz az angol nyelv ismerete. Előny, de nem elvárás a sejtkultúrák fenntartásában, qPCR és nukleinsav izolálási technikákban való jártasság.

Jelentkezési cím: munkacsy.gyongyi@med.semmelweis-univ.hu;
kovacs.szonja@phd.semmelweis.hu



6. Tumor-host szervezet kölcsönhatás vizsgálata

Témavezető: Dr. Szász Attila Marcell

Leírás: A daganatok felfoghatóak immunológiai szempontból szervezetidegen sejtek összességének. A bennük felhalmozódó hibák sokrétűsége révén az immunrendszer képes lehet felismerésükre és az ellenük való aktív védekezésre. Ezen kölcsönhatások vizsgálata, prognosztikus és prediktív potenciálja képezi a tárgyat ezen kutatási témának.

Milyen hallgatóknak: orvos/biológus/biomérnök/informatikus/bionikus hallgató

Elvárások: immunológiai, immunbiológiai hallgatott tárgyak

Jelentkezési cím: szasz.attila_marcell@med.semmelweis-univ.hu

7. Tumorsejt evolúciós gyenge pontjainak kiaknázása daganatellenes terápia fejlesztésére

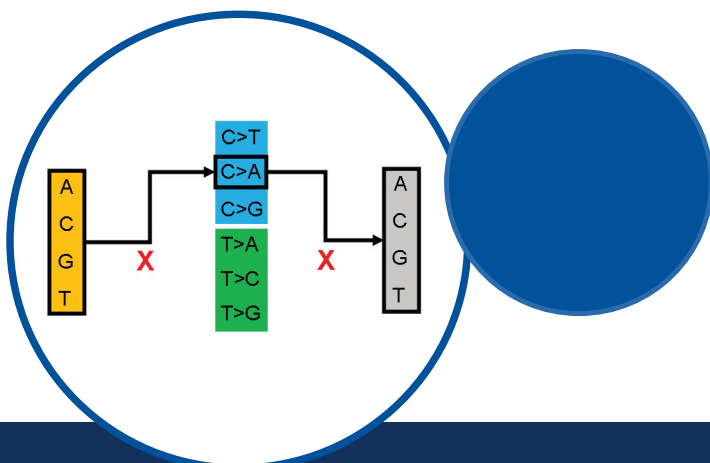
Témavezető: Dr. Menyhárt Otília

Leírás: A modern célzott terápiás szerek nem elég hatékonyak a tumoros megbetegedések kezelésére, ezért új megközelítésekre van szükség. A legnagyobb kihívás olyan terápia fejlesztése, mely hatékonyan pusztítja a daganatos sejteket, de nem károsítja az egészséges szöveteket. A tumorok evolúciójuk során olyan tulajdonságokat halmoztak fel, melyek az adott körülmények között biztosítják sikerüket az egészséges sejtekkel szemben, azonban ezek a tulajdonságok egy megváltozott környezetben a tumor pusztulását okozhatják. Célunk olyan genetikai útvonalak feltárása, melyek támadása kimoszthatja a daganatos sejteket a komfortzónájukból, míg a megváltozott környezet kedvez az egészséges sejtek túlélésének. A gének és genetikai útvonalak vizsgálata egészséges és daganatos sejtek között bioinformatikai eszközökkel történik, míg a potenciális terápiás szereket *in vitro* sejtkultúrás modelleken teszteljük tumoros és kontroll sejtvonalak használatával.

Milyen hallgatóknak: orvos/biológus/biomérnök

Elvárások: motiváltság, önálló munkavégzés

Jelentkezési cím: menyhart.otilia@med.semmelweis-univ.hu





Pázmány Péter Katolikus Egyetem Információs Technológiai és Bionikai Karon meghirdetett ÖNLAB témáink:

1. Tumoros és normál szövetek elkülönítése genomikus adatok felhasználásával

Leírás: A rosszindulatú daganatos betegségek kezelése során kulcsfontosságú, hogy lehetőleg olyan kezelést alkalmazzunk, amelynek minimális a mellékhatása. Ez legkönnyebben úgy valósítható meg, ha az általunk választott gén nem is expresszálódik normál szövetekben. Ezen gén azonosításához nagy adattömegeket elemzünk bioinformatikai algoritmusokkal.

Elérhetőség: bartha.aron@med.semmelweis-univ.hu

Elvárt ismeret: előny az R-ben való programozási képesség, de nem feltétel

Meghirdetés: MB BSc, OB MSc, IB MSc

2. A terápiás válasz biomarkerei az onkológiában

Leírás: A prediktív biomarkerek a terápiás válasz előrejelzésére szolgálnak a kezelés megkezdése előtt. Az onkológiában jelenleg alkalmazott kezelések esetében kevés prediktív biomarker áll rendelkezésünkre, ezért célunk az, hogy nyilvánosan elérhető génexpressziós adatokon alapuló bioinformatikai elemzés segítségével újabb potenciális biomarker jelölteket azonosítsunk.

Elérhetőség: fekete.janos@med.semmelweis-univ.hu

Elvárt ismeret: előny az R-ben való programozási képesség, de nem feltétel

Meghirdetés: MB BSc, IB MSc

3. Mutációk transzkriptomikus hatásának vizsgálata szolid tumorokban

Leírás: A mutációk génexpresszióra gyakorolt hatásának megértése a rosszindulatú daganatos betegségekben egy meglehetősen összetett feladat. Egyes esetekben a mutációknak nincsen közvetlen hatása a daganatos betegek túlélésére, azonban a mutáció által befolyásolt génexpressziós változások számos daganattípus esetén jelentősen befolyásolják a betegek túlélését. Ezen génkifejezési változások vizsgálatához szekvenálási, valamint microarray adatokat használunk fel.

Elérhetőség: gyorffy.balazs@med.semmelweis-univ.hu

Elvárt ismeret: bioinformatika érdeklődés, az R programnyelv alapszintű ismerete

Meghirdetés: MB BSc, OB MSc, IB MSc



5. ELIXIR Magyarország

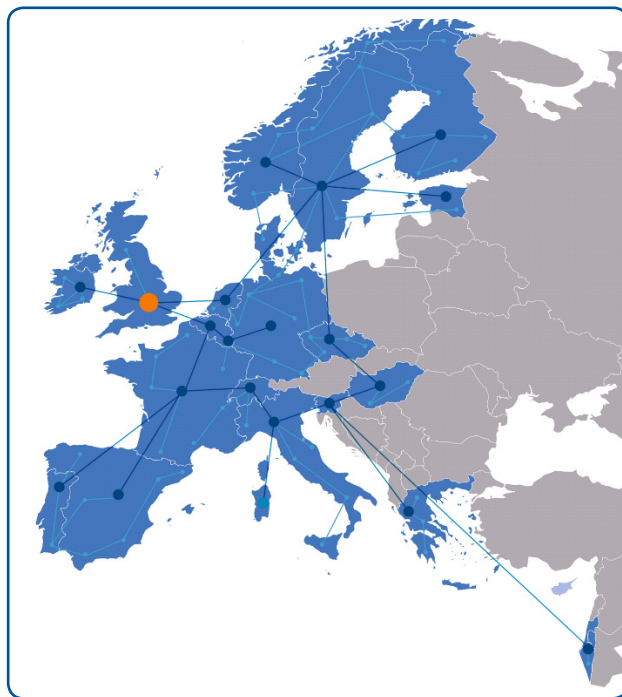
Az ELIXIR-t mint **kutatási infrastruktúrát** 2013-ban hozták létre, területileg szétszított szervezeti struktúrával. A szervezet 2014-ben kezdte el első projektjét. Központja az angliai Hinxtonban található „Hub”, amely a tagok tevékenységeit koordinálja. Az ELIXIR-hálózat 22 tagot és egy megfigyelőt foglal magába, ezáltal több mint 220 kutatószervezetet fog össze. Az ELIXIR célja egy globálisan is meghatározó bioinformatikai infrastruktúra kiépítése.



Többéves folyamat eredményeképpen a **12 egyetemet és kutatóintézetet összefogó magyar ELIXIR Konzorcium** a teljes jogú ELIXIR-tagságot 2019-ben kapta meg.

Az ELIXIR-en belüli tevékenységek három csoportban szerveződnek:

- 1. Platform:** Öt csoportból áll, ezeket az ELIXIR céljaival összhangban hozták létre az ELIXIR által felvállalt feladatok hatékony elvégzése érdekében.
- 2. Közösségek (Communities):** Csoportok, melyeket a tudományos közösség hozott létre. Tevékenységeik elvégzésére az EXCELERATE H2020 pályázaton keresztül jutottak forráshoz. Feladataik között szerepel visszajelzést adni a Platformok által nyújtott szolgáltatások hasznosságáról.
- 3. Humán biológia területén futó projektek:** Federated Human Data, Human Copy Number Variation (hCNV), és Rare Diseases



A magyar ELIXIR Konzorcium kiemelt orvosbiológiai kutatásokat folytat onkológiai, COVID, humán genom, a ritka betegségek vizsgálata és genomika területén.

További információ: <http://elixir-hungary.org/>

6. Tanulmányi verseny



A Bioinformatika Tanszéken folyó oktatási tevékenységünk célja olyan bioinformatikai ismeretek megalapozása, melyek ma már minden gyakorló orvos gyógyító munkájához elengedhetetlen, alapvető készségnek számítanak. A téma iránt érdeklődő hallgatók figyelmébe ajánljuk félévente megrendezett tanulmányi versenyünket. A feladat kevésbé az elméleti ismeretekre irányul, a hangsúly sokkal inkább az önálló feladatmegoldásra helyeződik. A pályamunkát készítő hallgató általa kiválasztott statisztikai módszereket és programcsomagokat, valamint mesterséges intelligencia algoritmusokat alkalmazhat.

A 2020/21 tanév második szemeszterében a kiírt feladatuk az emlőrákos betegek klinikai adatai és terápiás válaszkészsége közötti kapcsolat elemzése volt. A tanulmányi versenyen örömmel fogadtuk 46 hallgató jelentkezését.

BIOINFORMATIKA TANULMÁNYI VERSENY

FELADAT Emlőrák esetek osztályozása a terápiás válasz mértéke szerint

VÁLASZTHATÓ MÓDSZEREK ÉS ESZKÖZÖK

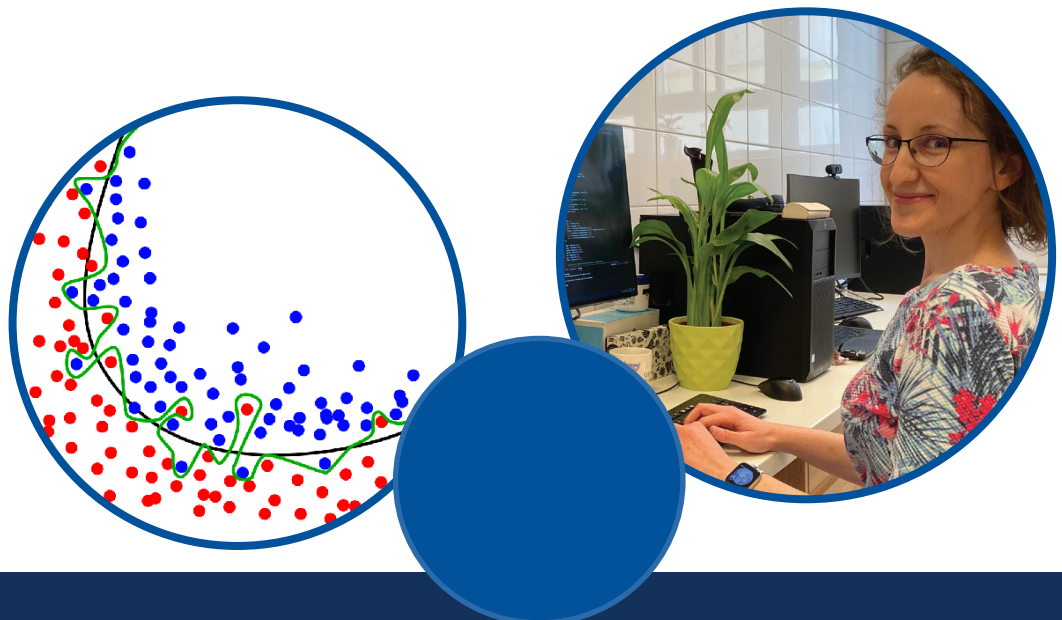
- Statisztikai módszerek
- Mesterséges intelligencia algoritmusok
- Microsoft Excel
- Galaxy platform
- R programcsomagok

DÍJAK

- Nemzetközi továbbképzés
- Hazai továbbképzés
- Megajánlott jeles gyakorlati jegy

A kiemelkedő megoldásokat értékes, a bioinformatikai ismeretek bővítését, elmélyítését célzó nyereménnyel jutalmazzuk: a nyertes munkák készítői nemzetközi, valamint hazai bioinformatikai kurzuson, konferencián vehetnek részt.

A versennyel kapcsolatos aktuális információkat tanszékünk honlapján folyamatosan frissítjük.





7. Keresünk

Folyamatosan keresünk új munkatársakat a tanszékre.

Beosztás (**tanársegéd/adjunktus/docens**) képesítés és kompetenciák alapján.

A jogviszony időtartama: **határozatlan**

A foglalkoztatás jellege: **teljes munkaidő**

A munkakörbe tartozó lényeges feladatok felsorolása:

- **tudományos kutatások végzése bioinformatika területen**
- **részvétel a tanszék által tartott tantárgyak elméleti és gyakorlati oktatásában**
- **munkanaplók és jegyzőkönyvek készítése**
- **eredmények publikálása**
- **graduális és PhD hallgatók munkájának irányítása**
- **saját pályázatok készítése**

A munkakör betöltéséhez elvárt végzettség:

- **MD vagy MSc diploma releváns területen**
- **PhD fokozat** (adjunktus és docens esetén)

A munkakör betöltéséhez előnyt jelentő informatikai rendszerismeret:

- **R, GALAXY vagy más programozási vagy statisztikai környezet ismerete**

Egyéb előnyök a munkakör betöltéséhez:

- **oktatási tapasztalat**
- **D1-es rangú elsőszerzős közlemények**
- **külföldi tapasztalat**
- **scientometrics.org szerinti D1-es rang**

A munkakör betöltőjétől elvárt kompetenciák:

- **megbízhatóság**
- **kutatási projektek célorientált megvalósítása**
- **határidők pontos betartása**
- **érthető és áttekinthető előadások tartása**
- **önálló problémamegoldó képesség**
- **kiváló írott angol**

További információ:

gyorffy.balazs@med.semmelweis-univ.hu



Kapcsolat

Bioinformatika Tanszék

1094 Budapest, Tűzoltó u. 7

<https://semmelweis.hu/bioinformatika/>

Tanszékvezető:

Dr. Györffy Balázs,

gyorffy.balazs@med.semmelweis-univ.hu

Magyar tanulmányi felelős:

Fekete János Tibor,

fekete.janos@med.semmelweis-univ.hu

Angol tanulmányi felelős:

Dr. Menyhárt Otília,

menyhart.otilia@med.semmelweis-univ.hu

Tanulmányi verseny:

Dr. Vas Nikoletta,

vas.nikoletta@med.semmelweis-univ.hu

Tanszéki titkárság:

Kocsis-Szalkai Csilla,

kocsis-szalkai.csilla@med.semmelweis-univ.hu



<https://semmelweis.hu/bioinformatika>

