



ELIXIR MAGYARORSZÁG



4

Tisztelt Olvasó!



A bioinformatika az élettudományi kutatási adatok számítógéppel támogatott feldolgozása. Bioinformatikai algoritmusok, programok és adatbázisok használata nemcsak folyamatosan terjed, de bizonyos nagy adattömeget létrehozó kutatások esetén ma már meghatározó fontossággal bír. Ez egy olyan új tudományterület, amelyben **Magyarország nemzetközi szinten is jól teljesít**: a föld legjobb 40 országa között vagyunk 350 közleménnyel és 52-es H-indexszel (Bioinformatics, 2020, 36(9):2963-2965).

Az ELIXIR egy európai szintű kutatási infrastruktúra, amelynek célja, hogy a résztvevő szervezetek bioinformatikai erőforrásait hálózatba szervezze. Többéves folyamat eredményeképpen a 12 egyetemet és kutatóintézetet összefogó magyar ELIXIR Konzorcium a teljes jogú ELIXIR tagságot 2019-ben kapta meg. Ezúton is szeretnénk köszönetet mondani azoknak, akik ebben a folyamatban részt vettek, külön köszönjük az NKFIH-nak, hogy az ELIXIR tagdíj fedezetével a magyar részvétel lehetővé tette. Jelen kiadványban igyekeztünk összefoglalni az ELIXIR által megvalósított projekteket és az ELIXIR-en keresztül elérhető erőforrásokat.

Az ELIXIR három lehetőséget biztosít az egyes résztvevő kutatók szintjén:

1. A bioinformatikai kutatások megvalósításához az ELIXIR célzott projekteken (commissioned services) keresztül biztosít **anyag fedezetet**. Ezek alulról szerveződő kezdeményezések, amelyekbe valamennyi, az ELIXIR kutatóintézeteiben dolgozó kutató bekapcsolódhat.
2. A bioinformatikai oktatás és tudásközvetítés terén az ELIXIR **hazai és nemzetközi kurzusokat és szemináriumokat** szervez. Az ezeken való részvétel valamennyi résztvevő kutató számára biztosított.
3. A kutatások megvalósításához szükséges kapacitásokat az összes résztvevő kutató számára biztosítja. Ilyen például a **GALAXY és az EGA**, amelyekből saját magyar szerver felállítása is folyamatban van.

Vezető kutatókat és PhD hallgatókat arra biztatok, hogy a számukra releváns **levelezési listákra** iratkozzanak fel, az ELIXIR-es közösségekben (**Communities**) vegyenek részt és látogassanak el az évente megrendezésre kerülő **All Hands** konferenciára.

Végezetül szeretném felhívni a figyelmet az **ELIXIR Magyarország Konzorcium honlapjára** (<http://www.elixir-hungary.org/>) ahol a bioinformatikai kutatásokkal kapcsolatos valamennyi információ és hír egy helyen elérhető.

Budapest, 2020. Június 2.

Dr. Gyórfy Balázs
egyetemi tanár, az MTA doktora
ELIXIR Magyarország

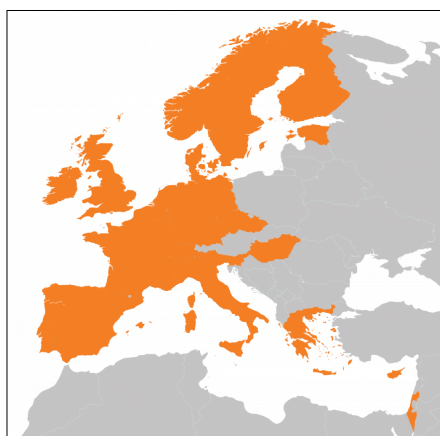
TARTALOMJEGYZÉK

- 6.**
oldal
ELIXIR EUROPE
- 9.**
oldal
**ELIXIR MAGYARORSZÁG KONZORCIUM
TÖRTÉNETE**
- 12.**
oldal
**ELIXIR MAGYARORSZÁG KONZORCIUM
VEZETŐSÉGE**
- 13.**
oldal
VEZETŐ KUTATÓK
- 19.**
oldal
KONZORCIUMI TANÁCS KAPCSOLATTARTÓI
- 23.**
oldal
PHD HALLGATÓK
- 27.**
oldal
NYITOTT PHD TÉMÁK
- 29.**
oldal
ELIXIR CONVERGE
- 31.**
oldal
**ONKOLÓGIA KUTATÁSOK AZ ELIXIR MAGYARORSZÁG
KONZORCIUM KUTATÓCSOPORTJAIBAN**
- 33.**
oldal
**COVID-19 KUTATÁSOK AZ ELIXIR MAGYARORSZÁG
KONZORCIUM KUTATÓCSOPORTJAIBAN**
- 35.**
oldal
SZOLGÁLTATÁS: GALAXY SZERVER
- 36.**
oldal
SZERVER: EGA
- 37.**
oldal
EURÓPAI LEVELEZŐ LISTÁK
- 38.**
oldal
MAGYAR ELIXIR ESEMÉNYEK (2015-2019)
- 40.**
oldal
**MEGRENDEZÉSRE KERÜLT BIOINFORMATIKAI
KURZUSOK**

ELIXIR EUROPE

Az ELIXIR koordinálja, fejleszti az élettudományi kutatási adatok számítógéppel támogatott elemzéséhez szükséges erőforrásokat egész Európában, ezáltal a kutatók könnyebben hozzájuthatnak, elemezhetik és megoszthatják a kutatási adatokat. Az ELIXIR tudományos és műszaki tevékenységeit öt platform és számos közösség látja el. A platformok szakértőket hoznak össze a stratégia meghatározására és szolgáltatások nyújtására egy adott területen mint például a képzés vagy az adatok feldolgozása. A közösségek összekapcsolják az egy adott területen dolgozó kutatókat, illetve ezek a kutatók saját vizsgálatukhoz kapcsolódó területen további szolgáltatásokat fejlesztenek és osztanak meg egymással.

Az ELIXIR-t, mint kutatási infrastruktúrát, 2013-ban hozták létre; területileg szétszert szervezeti struktúrával. A szervezet 2014-ben kezdte el első projektjét. Központja az angliai Hinxtonban található központ „Hub”, amely a tagok tevékenységeit koordinálja. Az ELIXIR hálózat 22 tagot és egy megfigyelőt foglal magában, ezáltal több mint 220 kutatószervezetet fog össze.



Az ELIXIR által lehetőség nyílik az élettudományi adatok óriási növekedésének kezelése. A DNS és RNS szekvenciák árának esése miatt az elmúlt tíz évben az élettudomány hatalmas mennyiségű adatot termelt. A legtöbb kutatóközpont nem rendelkezik ilyen nagy mennyiségű adat tárolására, továbbítására, valamint az elemzéséhez szükséges erőforrásokkal. Az ELIXIR Számítási Platform egy szuper-számítógép-szolgáltatási hálózatot kíván létrehozni, amely megkönnyítheti majd a kutatók számára az esetleges „adatvesztésnek” a megelőzését. Ezáltal lehetővé válik a kutatók számára Európa-szerte a hatalmas adatkészletek tárolása, biztonságos megosztása és szabványosított elemzése. Az Adat Platform (Data Platform) elősegíti, hogy az adatok a minőségi kritériumoknak megfeleljenek és a megfelelő metadatok segítségével az adatok megtalálhatóak és megoszthatóak, újra felhasználhatóak legyenek. Az ELIXIR az adatok növekvő komplexitásának kezelésére kíván megoldást nyújtani. Az élettudományi adatok sokféle formátum-

ban léteznek, illetve különféle módon vannak közzételve. Ez megnehezíti az adatkészletek egyesítését és elemzését. Az ELIXIR Interoperabilitási Platformja módszereket fejleszt az adatformátumok és annotációk egységesítésére.

Az adatrobbanás során előállított adatok elemzéséhez meg kell találni a megfelelő adatelemző szoftvert, illetve a szoftver elsajátítását is meg kell oldani. Az ELIXIR eszköz-nyilvántartást épített fel, hogy megkönnyítse a megfelelő kutatási eszközök megtalálását. Az Eszközök Platform (Tools Platform) összehasonlítja a legjobb bioinformatikai eszközöket, hogy ezáltal segítse a kutatókat a megalapozott döntések meghozatalában. A Képzési Platform (Training Platform) célja az adatelemzési készségek elsajátításának elősegítése a felnövekvő kutatógeneráció tagjai számára. A Képzési Platform (Training Platform) megkönnyíti a kutatók számára, hogy megtanulják a kifejlesztett eszközök használatát, és általában a nagy adatkészletek kezelését. A „Képzők képzése” („Train the trainer”) program révén a kutatók magas szintű és hatékony képzéseket tartsanak a felhasználók számára.

Az ELIXIR célja egy globálisan is meghatározó bioinformatikai infrastruktúra kiépítése. A bioinformatika olyan tudományág, amely különböző számítógépes programokat használ, hogy átfogó képet nyerjen a nagy adatkészletekből. Európa néhány országában már kiemelkedett szintű bioinformatikai szolgáltatások állnak rendelkezésre, itt a kutatók nagy adatkészletekhez férhetnek könnyedén hozzá. Más országok azonban még fejlesztik informatikai infrastruktúrájukat és a hálózaton belül tudásmegosztás által profitálnának a fejlettebb szolgáltatásokkal rendelkezők szakértelméből. Az ELIXIR kiváló terepe a tudásmegosztásnak Európa-szerte, ezáltal a kisebb bioinformatikai erőforrások megerősödve csatlakozhatnak a páneurópai infrastruktúrához.

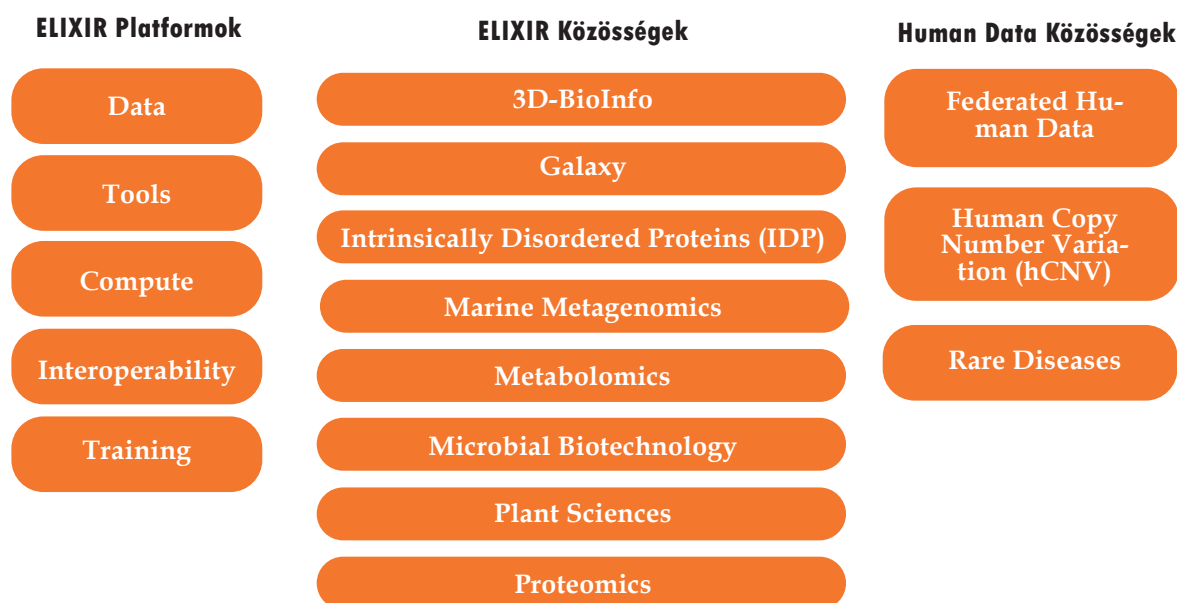
A felhalmozott tudás felhasználásának elősegítése az innovációs szereplők és az ipar által az ELIXIR egyik fontos célkitűzése. Az élettudományban jelenleg előállított nagy mennyiségű adat kezelésére és elemzésére gyakran nagyobb az erőforrásigény, mint ami az agrár-üzleti és a biotechnológiai cégek számára elérhető. Az ELIXIR olyan ipari programot működtet, amely nemcsak Európán belül, hanem az egész világon előmozdítja ezeket az együttműködéseket. Az adatok hatékonyabb feldolgozása elősegítheti az innovációt a biotechnológiában és a gyógyszeriparban, valamint a mezőgazdasági és környezetvédelmi kutatásokban. Az innováció javítja a gazdaság versenyképességét, elősegítve a munkahelyteremtést, és megoldást nyújthatnak a globális problémákra, például az öregedő népességre, a környezeti károokra, valamint az étel- és üzemanyag-ellátási kihívásokra.

Az ELIXIR-en belüli tevékenységek három csoportban szerveződnek:

Platform: 5 csoportból áll, ezeket az ELIXIR céljaival összhangban hozták létre, az ELIXIR által felvállalt feladatok hatékony elvégzése érdekében.

Közösségek (Communities): Csoportok, melyek a tudományos közösség hozott létre. Feladataik elvégzésére az EXCELERATE H2020 pályázaton keresztül jutottak forráshoz. Feladataik között szerepel visszajelzést adni a Platformok által nyújtott szolgáltatások hasznosságáról.

Humán biológia területén működő közösségek: Federated Human Data, Human Copy Number Variation (hCNV), Rare Diseases



Az ELIXIR szervezeti egységei

ELIXIR Konzorcium: Az ELIXIR minden tagállama létrehoz egy konzorciumot. A konzorcium olyan kutatói szervezetek, intézetek hálózata, amelyek egy tagállamon belül működnek. Minden konzorciumnak van egy vezető tagszervezete, amely koordinálja a helyi ELIXIR tevékenységeket, például Magyarországon ez az intézmény a Természettudományi Kutatóközpont.

Nodes (Csomópontok): A konzorciumok szerződést kötnek az Európai Molekuláris Biológiai Laboratóriummal (EMBL, amely az ELIXIR Europe-t jogilag képviseli) és ennek révén létrejön egy, az ELIXIR hálózatába kapcsolódó nemzeti „Csomópont”. Az egyes Csomópontok egy vezetőt jelölnek ki, aki felügyeli nemzeti szinten a tevékenységeket. A Csomópontok az ország tudományos közösségeinek erősségeire épülnek.

Csomópont Vezető Testület (Heads of Nodes Committee Csomópont Vezető Testület): Az ELIXIR Csomópontok vezetőiből álló testület, mely a tudományos és technológiai stratégiát dolgozza ki. A Magyar Csomópont vezetője Dr. Gyórfy Balázs.

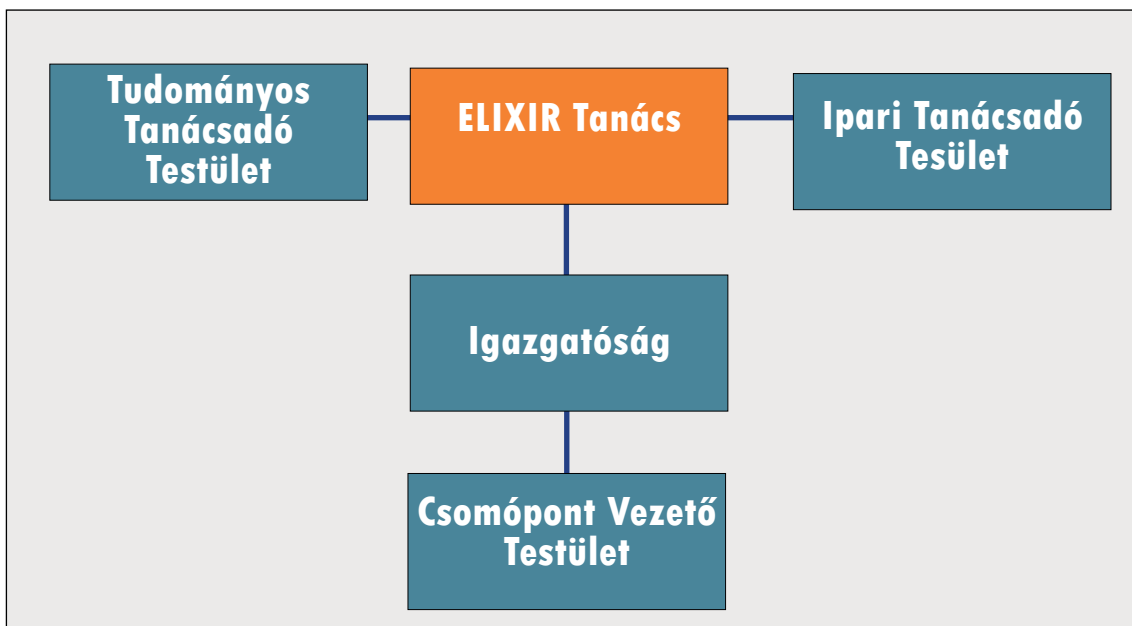
ELIXIR Tanács (ELIXIR Board): Az ELIXIR legfelsőbb rangú döntéshozó testülete, a tagállamok képviselőiből áll. Az ELIXIR tanácsban Magyarországot xxxx képviseli.

Tudományos Tanácsadó Testület Scientific Advisory Board (SAB, Scientific Advisory Board): Az ELIXIR tudományos stratégiáját és az új Node jelentkezéseket véleményező tanácsadó testület.

Ipari Tanácsadó Testület (Industry Advisory Committee): Az ELIXIR ipari együttműködési tevékenységében tanácsadó és támogató testület.

Igazgató (Director): Felelős az ELIXIR tudományos munkájának végrehajtásáért, a Csomópont Vezető Testület (Heads of Nodes Committee) vezetője. Az ELIXIR Igazgatója Niklas Blomberg.

Központ (Hub): Az ELIXIR központja, a Cambridge melletti Hixtonban lévő Wellcome Genome Campus található az Európai Bioinformatikai Intézet (EMBL-EBI: European Bioinformatics Institute), a Sanger Institute és több egyéb bioinformatikai egység közvetlen közelében.



Az ELIXIR gazdálkodása

Az ELIXIR Központ (Hub) bevételét a tagállamok nemzeti nettó jövedelmével (Net National Income) arányos befizetések adják, melyből a személyi és működési kiadásokat, továbbá az Európai Molekuláris Biológiai Laboratórium (EMBL - European Molecular Biology Laboratory) által elvégzett adminisztratív feladatokat finanszírozzák. A Csomópontok költségvetése független a Központtól, bevételeiket saját maguk teremtik elő, a mindennapi működést biztosító hazai kutatási támogatások, továbbá hazai és nemzetközi pályázatok révén. A Központ bizonyos szolgáltatások nyújtását a Csomópontokra bízhatja pénzügyi támogatás mellett: a Központtól a Csomópontok csak ilyen úton keresztül részesülhetnek pénzügyi támogatásban. Magyarország jelenleg nem részesül ilyen jellegű támogatásban. A kihelyezett szolgáltatásokat Meghatalmazott szolgáltatásoknak (Commissioned Services) hívják, melynek két változata van:

Végrehajthatósági Tanulmány (Implementation Studies): Rövidtávú (~1-2 éves) projektek. Céljuk a szolgáltatások fejlesztése, szabványok elfogadtatása, a Csomópontok kapcsolatainak erősítése, amely magába foglalja az új Csomópontok bekapcsolását az ELIXIR közösségbe.

Infrastruktúra Szolgáltatások (Infrastructure Services): Hosszútávú fejlesztésekhez kapcsolódó feladatok.

Az ELIXIR működési felépítése

A Csomópontok működését a Csomópont Vezető fogja össze, két segítőtől:

Technikai koordinátor (Technical Coordinator): A Csomópont tevékenységeihez szükséges infrastruktúra területén nyújt segítséget.

Training Coordinator (Oktatási koordinátor): A Csomópont által biztosított képzések területén felelős a koordinációért.

Az egyes Csomópontok koordinátorainak feladatait fogják össze a Technikai és Oktatási Koordinátor csoportok, melyek rendszeres találkozók és telekonferenciák keretében segítik egymás munkáját és mozdítják előrébb a közös európai célokat.

ELIXIR MAGYARORSZÁG KONZORCIUM TÖRTÉNETE

2017. JANUÁR 13.

ELIXIR Konzorcium aláírása
Dr. Pálinkás József (NKFIH) által. Ma-
gyarország az ELIXIR tagja lett.

2017. MÁJUS 31.

Első Csomópont megbeszélés
az MTA Természettudományi
Kutatóközpontban.

Meghatározták a feladatokat
és megválasztották a vezetőség
tagjait.

2017. SZEPTEMBER 18.

Első ELIXIR Csomópont Vezetői
konferencia részvétel, Bázelen.

2017. NOVEMBER 13.

Az ELIXIR Board konferencián
Párizsban a Csomópont megszer-
vezésének folyamatáról tartottak
rövid áttekintést.

2018. JANUÁR 10.

A magyar Csomópont jelentkezé-
sének a benyújtása, amely a csat-
lakozni vágyó magyar kutatóin-
tézeteket és azok szolgáltatásait
tartalmazza.

2018. FEBRUÁR 2.

Dr. Győrffy Balázs ismerteti
a Csomópont jelentkezési
szándékát a SAB Konferencián,
Hinntonban.

2018. ÁPRILIS 24.

Az ELIXIR Tanács konferencián, Tel-
Aviv-ban elfogadták a magyarCso-
mópont jelentkezését.

2018. MÁJUS 22.

ELIXIR Csomópont és Oktatás
megbeszélés a Magyar Tudomá-
nyos Akadémia Természettudo-
mányi Kutatóközpontjában.

2019. SZEPTEMBER 16.

Az ELIXIR Hungary vezető kutatóinak találkozója, megbeszélése.

2019. NOVEMBER 23.

Az ELIXIR Tanácsa jóváhagyta az Együttműködési Szerződést, ezzel létrejött több éves szervezés után a Magyar Csomópont.

2020. JANUÁR 6.

Az első Magyar Csomópont részvétellel indult projektek kezdete.

HU-2019-PLATFORMS

HU-2019-hCNV

HU-2020-BIOSCHEMAS

HU-2018-IDP

2017. őszől megkezdődött a konzorciumi megállapodások összeállítása, a Csomópont jelentkezési dokumentum (**NODE Application**) elkészítésével párhuzamosan. A belső konzorciumi megállapodás 12 intézmény között jött létre, így ezen megállapodás értelmében ők alkotják a magyar Csomópontot. A konzorcium alapját képezi a külső együttműködési megállapodások (**Collaboration Agreement**) megkötésének. Ez a külső együttműködési megállapodás a Csomópont és a Központ közötti szolgáltatások nyújtását szabályozó jogi dokumentum.

A dokumentum mellékletként tartalmazza:

Szolgáltatási Terv (Service Delivery Plan): a Csomópont által biztosított szolgáltatások listája, a Csomópont saját maga finanszírozza.

Szolgáltatásokról szóló megbízási szerződés (Commissioned Services Contract): a Központ által a Csomópont részére kiszervezett projektek felsorolását tartalmazza, részletezi a Központ pénzügyi támogatását és a Csomópont feladatait a projektekben.

Központi Együttműködési Terv (Hub Collaboration Plan): a Központ által a Csomópontnak biztosított szolgáltatások listája.



ELIXIR MAGYARORSZÁG KONZORCIUM VEZETŐSÉG



Dr. Győrffy Balázs
Csomópont Vezető
Természettudományi Kutatóközpont



Dr. Barta Endre
Technikai Koordinátor
Nemzeti Agrárkutatási és Innovációs Központ



Dr. Gyenesei Attila
Technikai Koordinátor
Pécsi Tudományegyetem



Dr. Bálint Bálint László
Oktatási Koordinátor
Debreceni Egyetem



Dr. Dosztányi Zsuzsanna
Oktatási Koordinátor
Eötvös Lóránd Tudományegyetem



Dr. Patthy László
ELIXIR Kapcsolattartó



Vajda Réka
Adminisztrátor
Természettudományi Kutatóközpont



Némethy Viktória
Adminisztrátor
Debreceni Egyetem

VEZETŐ KUTATÓK

Dr. Abari Kálmán

Debreceni Egyetem
BTK Pszichológia Intézet
Debrecen



Kutatási területek: *Matematikai statisztika pszichológiai alkalmazásai, a tudásterek elmélete, a statisztikai géptanulás, mesterséges intelligencia.*

15 éve vesz részt az R statisztikai programcsomag hazai oktatásában. Különös figyelmet fordítunk arra, hogy az R lehetőségei ne csak az informatikai szakemberek számára legyenek hozzáférhetőek, hanem a bioinformatika és a pszichológia területéről érkezők is gördülékenyen tudják használni azt a saját munkájukban. Jelenleg egy gamifikált nyelvoktató tananyag fejlesztési munkálataiban vesznek részt, kiemelt fontosságúnak tartjuk, hogy az osztálytermi munka a tanuló és a tanár számára is örömteli tevékenység legyen.

Dr. Bagdy György

Semmelweis Egyetem
Gyógyszerhatástani Intézet
Budapest



Kutatási területek: *Pszichiátriai és neurológiai gyakori betegségek genomikája, transzkriptomikája.*

A gyakori, komplex pszichiátriai és neurológiai betegségek kialakulásában résztvevő örökletes és környezeti faktorokat, azok összefüggéseit vizsgáljuk. A betegségek közül azokra koncentrálnak, ahol mind az örökletes, mind a környezeti faktorok jelentősek. Ezekben a betegségekben a hagyományos (pl. GWAS) megközelítések kevésbé alkalmazhatóak, így részletes adatokra, komplex modellek felállítására és tesztelésére, hagyományos módszerekre és a mesterséges intelligencia alkalmazására egyaránt szükség van.

Dr. Bálint Bálint László

Debreceni Egyetem
ÁOk Biokémiai és Molekuláris Biológia Intézet
Debrecen



Kutatási területek: *Epigenetika, Genomika, Transzkripció, Biomarkerek*

Munkacsoportunk kutatási területe a sejtek azonosságának, identitásának a változása. Mennyire meghatározottak a sejtek és a genetikai programok, mekkora a véletlenszerű események hatása és következménye a sejtazonosság meghatározására. Modell rendszereink daganatos sejt vonalak. Daganatokban a genom olyan mértékben átalakul, hogy a daganat ellenőrizetlen osztódása és növekedése elpusztítja magát a szervezetet. A genom aktivitását a kromatin szintjén különféle mechanizmusok vezérlik az aktív és inaktív régiók határainak meghatározásával. Ezeknek a szabályozási folyamatoknak a komponensei a szuper-enhanszerek melyek transzkripció faktorok csoportosulásával vezérlik a génkifejeződést nagyobb genomi régiókban. Kutatásaink során a szuper-enhanszerek működését vizsgáljuk a sejtazonosság meghatározás kontextusában.

ELIXIR Platform részvétel: *Training, Data*

Dr. Barta Endre

Nemzeti Agrárkutatási és Innovációs Központ
Mezőgazdasági Biotechnológiai Kutatóintézet
Gödöllő



Kutatási területek: *Mezőgazdasági genomika, génszabályozás, funkcionális genomika, bioinformatika*

Gödöllői munkacsoportomban elsősorban a háziállatok genomikájával foglalkozunk. Korábban meghatároztuk, elemeztük a hazai mangalica fajták genomjait. Elsőként Magyarországon, denovo összeraktuk egy emlősállat, a gímszarvas teljes referencia genomszekvenciáját. Legújabb kutatási területünk a házinyúl tenyészetek termelőképességének növelése genomikai módszerekkel egy konzorcium keretében. Az MBK-n kívül a konzorcium tagja még az Állatorvostudományi Egyetem és az S&K-LAP nyúltenyésztő Kft is. Munkánk során Big Data genomikai módszerekkel (GWAS) vizsgáljuk az ERE betegség genetikai hátterét. Debreceni egyetemi csoportommal a génszabályozást vizsgáljuk genomszinten, Big Data bioinformatikai módszerekkel. Nagy mennyiségben dolgozunk fel publikus ChIP-seq adatokat. Eredményeinket a ChIPSummitDB adatbázisban gyűjtjük. Az adatokból próbáljuk megállapítani, hogy az egyes fehérjék hol, milyen sorrendben, miért helyezkednek el a DNS-en.

ELIXIR Platform részvétel: *Training, Data, Tools*

Dr. Barta Zoltán

Debreceni Egyetem
TTK Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszék
Debrecen



Kutatási területek: (1) *utódgondozás genetikai hátterének vizsgálata bogarakban;*
(2) *természetvédelmi adatok ökoinformaticai elemzése.*

(1) A korai, idilli nézetrel szemben az utódgondozás során a szülők között jelentős érdekelletétek feszülnek, melyek feloldása nem triviális. Kutatásaink során, korábbi elméleti vizsgálatainkra támaszkodva, genomikai, transzkriptomikai módszerekkel próbáljuk feltárni ezen ellentét megoldását segítő mechanizmusokat, egy új bogár modell-rendszerben, a nagyfejű csajkóban.
(2) A természetvédelem működése során hatalmas mennyiségű térben referált biotikai adat keletkezik, mely feldolgozása, nem beszélve annak értelmezéséről, nem megoldott. Vizsgálataink során modern adatbányász módszereket alkalmazva próbáljuk felmérni ezen adathalmaz prediktív alkalmazásának lehetőségét.

Dr. Bödör Csaba

Semmelweis Egyetem
I.sz. Patológiai és Kísérleti Rákkutató Intézet
Budapest



Kutatási területek: *Onkohematológia, klonális evolúció.*

Genomikai és epigenomika kutatásokat végzünk különböző onkohematológiai kórképek esetében a legkorszerűbb új-generációs szekvenálási és bioinformatikai eljárások alkalmazásával. Célunk a lymphomák és leukémiák lefolyásával és különböző célzott terápiákra adott válaszkészséggel kapcsolatba hozható biomarkerek azonosítása, valamint a terápiák szelekciós nyomásának hatására kialakuló klonális evolúció időbeli és térbeli aspektusainak feltérképezése.

ELIXIR Platform részvétel: *Data*
<https://scholar.semmelweis.hu/bodorc/>

Dr. Csabai István

Ötvös Lóránd Tudomány Egyetem
TTK Fizika Intézet
Budapest



Kutatási területek: *Genomika, BigData, Mesterséges Intelligencia.*

Csoportunk kutatásainak középpontjában az adatintenzív bioinformatikai kutatások állnak. Számos hazai és európai projekt keretében részt veszünk rák-genetikai vizsgálatokban, környezeti minták metagenomikai elemzésekben, molekuláris öregedés kutatásban, járvány-genetikai vizsgálatokban. Munkánk során az élenjáró bioinformatikai elemző szoftverek mellett nagy mértékben használjuk a modern gépi tanulás eredményeit is és arra törekszünk, hogy az alapkutatási eredmények minél hamarabb hasznosuljanak az egészségügyi gyakorlatban is.

ELIXIR Platform részvétel: *Data, Tools*
<http://csabaibio.elte.hu/>

Dr. Csósz Éva

Debreceni Egyetem
ÁOK Biokémiai és Molekuláris Biológiai Intézet
Debrecen



Kutatási területek: *Biomarker kutatás, proteomikai és metabolomikai technikák fejlesztése, komplex adatelemzés.*

Kutatócsoportjának fő célja a nem invazív módon gyűjthető testfolyadékok (könnny, nyál, verejték) proteomikai és metabolomikai tanulmányozása és potenciális biomarkerek azonosítása. Ehhez proteomikai és metabolomikai módszereket fejlesztünk, optimalizálunk, és ezeket alkalmazzuk biológiai rendszerekre. Számomra fontos a kapott adatok komplex, hálózat-alapú és rendszerbiológia szemléletű értelmezése, ezáltal minél több releváns biológiai információ kinyerése a begyűjtött adathalmazból, valamint a megszerzett tudás továbbadása az érdeklődők számára.

ELIXIR Community részvétel: *Proteomics*

Dr. Dosztányi Zsuzanna

Eötvös Lóránd Tudományegyetem

Biokémia Tanszék

Budapest



Kutatási területek: *Bioinformatikai, rendezetlen fehérjék, szerkezeti predikciók.*

Fő kutatási területünk az erendően rendezetlen fehérjék bioinformatikai vizsgálata. Ehhez kapcsolódan fejlesztünk különböző predikciós módszereket, végezzük számítógépes biológiai vizsgálatokat, illetve közreműködünk különböző adatbázisok kifejlesztésében is. Aktívan részt vesznek az ELIXIR Intrinsically Disordered Proteins közösségében, annak érdekében, hogy az ELIXIR céljaival összhangban sztandardizálják és jobban láthatóvá, elérhetővé, átjárhatóvá tegyék a különböző, fehérje rendezetlenséghez kapcsolódó eszközöket.

ELIXIR Community részvétel: *Intrinsically Disordered Proteins*

Dr. Emri Tamás

Debreceni Egyetem

Molekuláris Biotechnológiai és Mikrobiológiai Tanszék

Debrecen



Kutatási területek: *Fonális gombák stresszválaszainak vizsgálata, kombinatorikus stresszválaszok, szekunder metabolit termelés.*

Célunk annak megértése, hogyan képesek alkalmazkodni a patogén gombák a gazdaszervezetben őket érő komplex stresszhatásokhoz. Nagy hangsúlyt fektetünk a transzkriptomban bekövetkezett változások detektálására és értelmezésre, valamint a levonható következtetések élettani vizsgálatokkal történő tesztelésére. Fontos számunkra a transzkriptom adatok hálózatalapú értelmezése és olyan új megközelítési módok kidolgozása melyek lehetővé teszik minél több hasznos információ kinyerését a létrehozott adathalmazokból.

Dr. Garamszegi László Zsolt

Ökológiai Kutatóközpont

Ökológiai és Botanikai Intézet

Vácrátót



Kutatási területek: *(1) Klímaváltozás és (újjonnan) felbukkanó betegségek-citizen science; (2) akusztikus kommunikáció és a kulturális evolúció.*

(1) A társadalom széleskörű bevonásával és innovatív technológiák (pl. mobil applikációk) segítségével gyűjtünk nagy mennyiségű adatot az ország minden pontjáról, majd kifinomult bioinformatikai, gépi tanulási módszereket alkalmazva nyerünk folyamatos információt az újonnan megjelenő kórokozók aktuális elterjedéséről.

(2) Az örvös légykapó modellfajon gyűjtünk hosszútávú adatokat annak érdekében, hogy megértsük a madárénekek ivari kiválasztódásban betöltött szerepét és a populáció szintjén térben és időben megmutatózó dinamikusságukat.

Dr. Gyenesei Attila

Pécsi Tudományegyetem

Szentágotthai János Kutatóközpont

Pécs



Vezetésem alatt álló Bioinformatikai kutatócsoport és a korszerű műszerezettséggel és szakember gárdával működő Genomika és Bioinformatika Core Facility kutatásainak középpontjában egyrészt a biotechnológia területén végbemenő fejlődés nyújtotta lehetőségek kiaknázása, másrészt ennek egyik fő következménye, az eddig soha nem látott mennyiségben és részletességben rendelkezésre álló biológiai és orvosi adatmennyiség elemzése áll. A két terület gyakorlati összekapcsolása és korszerű bioinformatikai módszerek alkalmazása lehetőséget nyújt a molekuláris szintű biológiai folyamatok jobb megértésében és ezen biológiai ismeretek alkalmazásában az orvoslásban, az iparban és a mezőgazdaságban. Mindezek mellett kiemelt célunk kezdettől a bioinformatika és biostatistika előmozdítása a Pécsi Tudományegyetemen, az itt dolgozó kutatócsoportok segítése, valamint kutatói és infrastrukturális pályázatokban való aktív részvétel. Reményeink szerint ezzel lehetővé válik a kutatásokból származó, nagy tömegű adatok, információk feldolgozása, elemzése, továbbá növekedhet a kutatási aktivitás, a kollaborációk száma, nő a pályázatokban való részvételi lehetőség. Mindezek mellett a különböző genetikai és klinikai multifaktoriális betegségek jellemzésével és biomarker elemzéssel foglalkozunk, elsősorban hipotézis független, adatbányászat és mesterséges intelligencián alapuló eljárások alkalmazásával és fejlesztésével.

Dr. Gyórfy Balázs

Természettudományi Kutatóközpont
Enzimológiai Intézet
Budapest



Az Onkológiai Biomarker kutatócsoport fő profilja az onkológiai betegségekben a várható klinikai lefolyást előre jelző új molekuláris markerek azonosítása, valamint terápiával szembeni rezisztencia biomarkereinek vizsgálata. Az onkológiai bioinformatika terén a kutatócsoportunk több, mint tíz külföldi egyetemen folytat együttműködést, köztük a Yale, Stanford, Johns Hopkins Egyetemekkel (USA), valamint az Imperial College, Pekingi, Berlini, Lyoni, Calabriai, Barcelonai egyetemek kutatóival, aminek eredményeként számos közlemény jelent már meg nívós tudományoslapokban (Nature Medicine, Cancer Discovery, Nature Communications, PNAS, EMBO, Cancer Research, stb.) A csoport innovatív szemléletének köszönhetően számos szabadon elérhető online adatelemző rendszer került publikálásra (pl. KM-plotter, Recurrence Online, ROC-plotter).

Dr. Harrach Balázs

Agrártudományi Kutatóközpont
Állatorvos-tudományi Intézet
Budapest



Kutatási területek: *Házi és vadállatok vírusai, vírus taxonómia, filogenetikai számítások.*

Kutatócsoportunkkal vizsgáljuk a gazdasági, kedvenc- és vadállatok vírusainak diverzitását, genomját, biológiáját, törzsejlődését és kimutatási lehetőségüket. Következtetünk a gazdák és vírusaik koevolúciójára, a korábbi gazdaváltásokra, kutatjuk a vadon élő állatok (pl. denevérek) potenciálisan embert és háziállatokat fertőző vírusait. A vadállat mintákat Dél-Amerikától Új-Zélandig terjedően küldik, és diákjaink Floridától Japánig dolgoznak. Eredményeinket a Nemzetközi Vírusrendszertani Bizottság vezetőségében végzett munkában fordítjuk hivatalos taxonómiává.

Dr. Kenessey István

Országos Onkológiai Intézet
Budapest



A Nemzeti Rákregiszter és Biostatistikai Központ a hazai daganatos betegek adatait gyűjti és dolgozza fel. Célunk mellett, hogy adatokat szolgáltassunk az onkológiai betegségek epidemiológiai helyzetéről, visszajelzést adjunk az egészségügyi ellátóknak és a Nemzeti Egészségbiztosítási Alapkezelőnek és az Emberi Erőforrások Minisztériumának, hozzájárulva az ellátás minőségbiztosításához, illetve az onkológiai hálózat fejlesztéséhez. Szorosabb kutatási területünket képezi a daganatos epidemiológiai helyzet változása és a trendek leírása, illetve az egyes betegségek túlélésében történő változás, és ennek hátterében lévő okok feltárása.

Dr. Miklós Dezső

Rényi Alfréd Matematikai Kutató Intézet
Budapest



Kutatási területei: *extremiális kombinatorikai módszerek a bioinformatikában.*

A Magyar Bioinformatikai Társaság egyik alapítója, sok éven át az alelnöke. Aktívan részt vett a hazai ELIXIR program létrejöttében. Fő kutatási területe bioinformatikai problémákban előforduló extremiális mintázatok keresése. Foglalkozik hálózatelemzésekkel, periódikus mintázatok keresésével.

Dr. Miklós István

Rényi Alfréd Matematikai Kutató Intézet
Budapest



Kutatási területei: *Sztochasztikus modellek,*

Markov lánc Monte Carlo metódusok, Genomátrendeződési modellek

Fő kutatási területük a hatékony Markov lánc Monte Carlo metódusok és a molekuláris evolúció sztochasztikus modellezése. A ClcBio (pár éve felvásárolta a Quiagen) vezetésével egy FP7-es project keretében evolúciós rejtett Markov modellek segítségével transzkripció faktor kötőhelyeket prediktáló szoftvert fejlesztett. Társszervezője a 2009-es RECOMB Comparative Genomics konferenciának valamint két, bioinformatikai témákkal is foglalkozó Dagstuhl szemináriumnak.

Dr. Monostory Katalin

Természettudományi Kutatóközpont
Enzimológiai Intézet
Budapest



Kutatási területek: *Gyógyszermetabolizáló enzimek genetikai polimorfizmusa ('single nucleotide polymorphisms' és kópiaszám változások) és fenotípusos megjelenése, SNP és CNV meghatározási technikák fejlesztése, kópiaszám változás daganatos sejtekben.*

A gyógyszermetabolizmusban résztvevő enzimek genetikai polimorfizmusa megváltoztatja a hatóanyagok eliminációs sebességét, amely hatás-elmaradáshoz vagy fokozott mellékhatás kialakuláshoz vezethet. SNP és CNV meghatározásra alkalmas PCR alapú módszereket fejlesztünk a betegek megváltozott gyógyszermetabolizáló képességének azonosítására. Feltárjuk a tumorsejtekben kialakuló terápia-rezisztencia kópiaszám változásokra visszavezethető okait. A genetikai eltérések fenotípusos megjelenésre gyakorolt hatásának megértésével hozzájárulunk a személyre szabott terápia finomításához.

ELIXIR Platform részvétel: *Tools*

ELIXIR Community részvétel: *Human Copy Number Variation*

Dr. Solymosi Norbert

Állatorvostudományi Egyetem
Bioinformatikai Központ
Budapest



Kutatási területek: *Epidemiológia, Genomika*

A Bioinformatikai Központ az Állatorvostudományi Egyetemen elsősorban a mikrobiális genomika oktatása céljából jött létre. Ehhez kapcsolódóan több fertőző állatbetegség (pl. afrikai sertéspestis, PRRS) országos mentesítési programjában végzünk genomikai elemzéseket, valós idejű kockázatbecslést. Saját vizsgálatainkban központi témakör a klinikai metagenomika, ezen belül a mikrobiommal és rezisztómmal kapcsolatos kutatások. Hazai és külföldi együttműködésekben transzkriptomikai, epigenetikai adatelemzésekkel veszünk részt.

Dr. Sramkó Gábor

Debreceni Egyetem
MTA-DE „Lendület” Evolúciós Filogenomikai Kutatócsoport
Debrecen



Kutatási területek: *Molekuláris filogenetika és filogenomika, populációgenetika és populációgenomika.*

Kutatócsoportunk fő érdeklődési területe egyes, biogeográfiai szempontból jelentős nem-modell élőlények (mindenekelőtt növények és állatok) filogenetikai és filogeográfiai viszonyainkat feltárása, természetvédelmi jelentőségű nem-modell fajok populációgenetikai és -genomikai tulajdonságainak kutatása. A fajon belüli kutatásaink súlypontja a genomi megközelítésen, a csökkentett reprezentativitású genomi módszereken (pl. RAD-seq) alapul. Emellett dolgozunk nem-modell szervezetek genomjának de novo összeszerelésén is. Külön hangsúlyt kap a sztyeppe élőlények evolúciós történetének rekonstruálása molekuláris genetikai és genomikai módszerekkel.

ELIXIR Platform részvétel: *Tools, Training*

<https://www.researchgate.net/lab/MTA-DE-Lendulet-Evolutionary-Phylogenomics-Research-Group-Gabor-Sramko>

Dr. Patthy László

Természettudományi Kutatóközpont
Enzimológiai Intézet
Budapest



Kutatási területek: *Genom evolúció, fehérje evolúció, funkcionális genomika, bioinformatika*

Az általam vezetett csoport elsősorban genom evolúcióval, genom annotációval, a fehérjekódoló gének szerkezetének és a fehérjék funkciójának predikciójával foglalkozik. A bioinformatikai munkák mellett néhány általunk azonosított, orvos biológiai szempontból fontos fehérje (pl. az izomfejlődés szabályozásában szerepet játszó WFIKKN1 és WFIKKN2 fehérjék) szerkezetét és funkcióját is vizsgáljuk kísérletes módszerekkel.

Dr. Szász Attila Marcell

Semmelweis Egyetem
Bioinformatikai Tanszék
Budapest



Kutatási területek: *Szolid tumorok, biomarkerek.*

Transzlációs projektek, különös tekintettel a patobiológiai folyamatok és biomarkerek azonosítására emlődaganatos betegségekben és más szolid tumorokban. A szöveti morfológia és a molekuláris vizsgálatok integrált elemzésével, mesterséges intelligencia támogatásával, bioinformatikai megoldásokkal keresünk támpontokat a betegek előnyére.

ELIXIR Community részvétel: *Proteomics*

Dr. Than Nándor Gábor

Természettudományi Kutatóközpont
Enzimológiai Intézet
Budapest



Kutatási területek:

Perinatológia, reprodukció biológia, immunológia, rendszerbiológia.

Kutatócsoportjával a vetélések és terhességi kórképek kialakulásában szerepet játszó kórfolyamatok rendszerbiológiai vizsgálatát végzi. A téma kiemelt jelentőségű, mert a terhességek 70%-a, a klinikailag felismert terhességek 15%-a végződik vetéléssel, és a várandósok 25%-ánál lép fel az anya és/vagy magzata életét és egészségét veszélyeztető terhességi kórkép. Céljuk a kórfolyamatok molekuláris útvonalainak, szabályozási hálózatainak leírására, biomarkerek és gyógyszer-hatáspontok azonosítása.

Dr. Tusnády Gábor

Természettudományi Kutatóközpont
Enzimológiai Intézet
Budapest



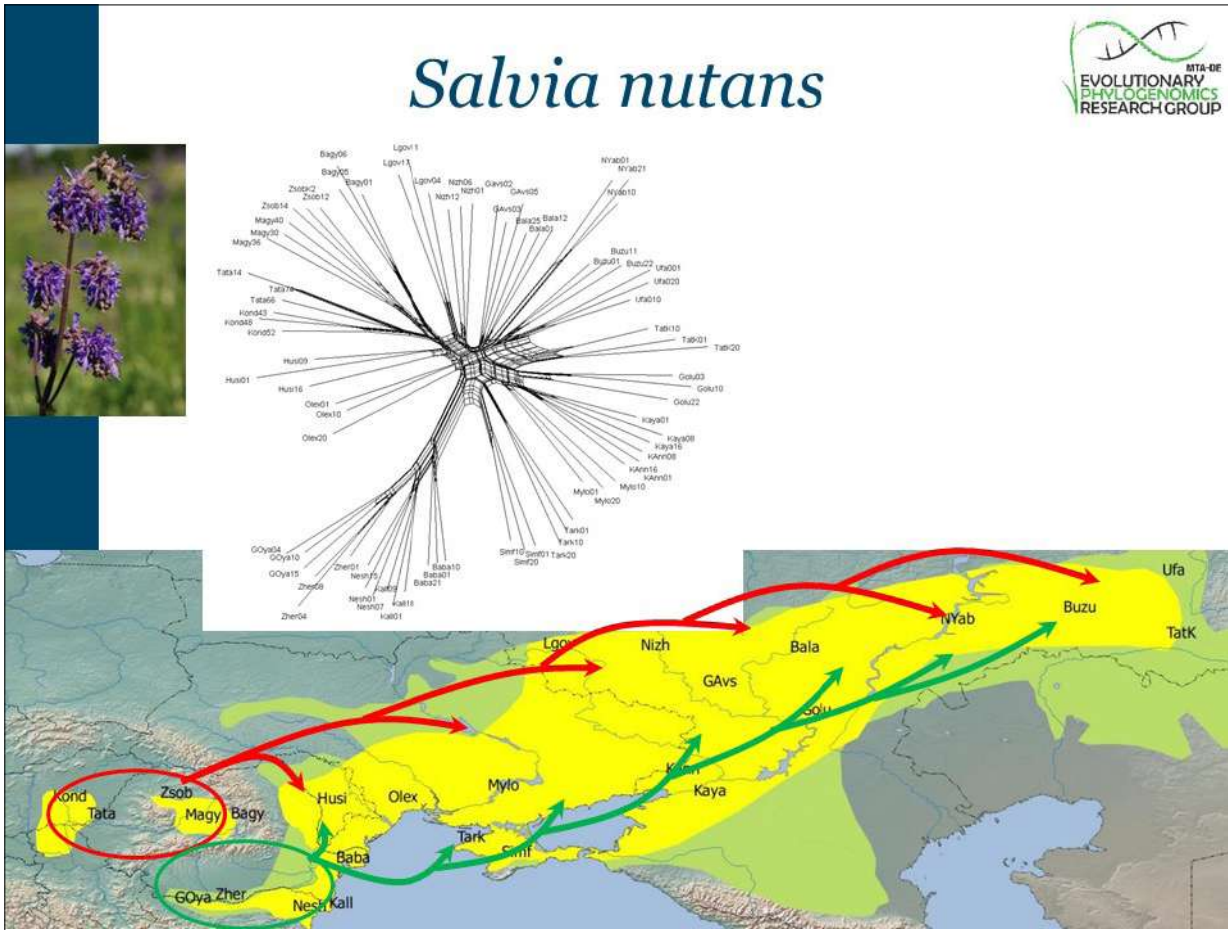
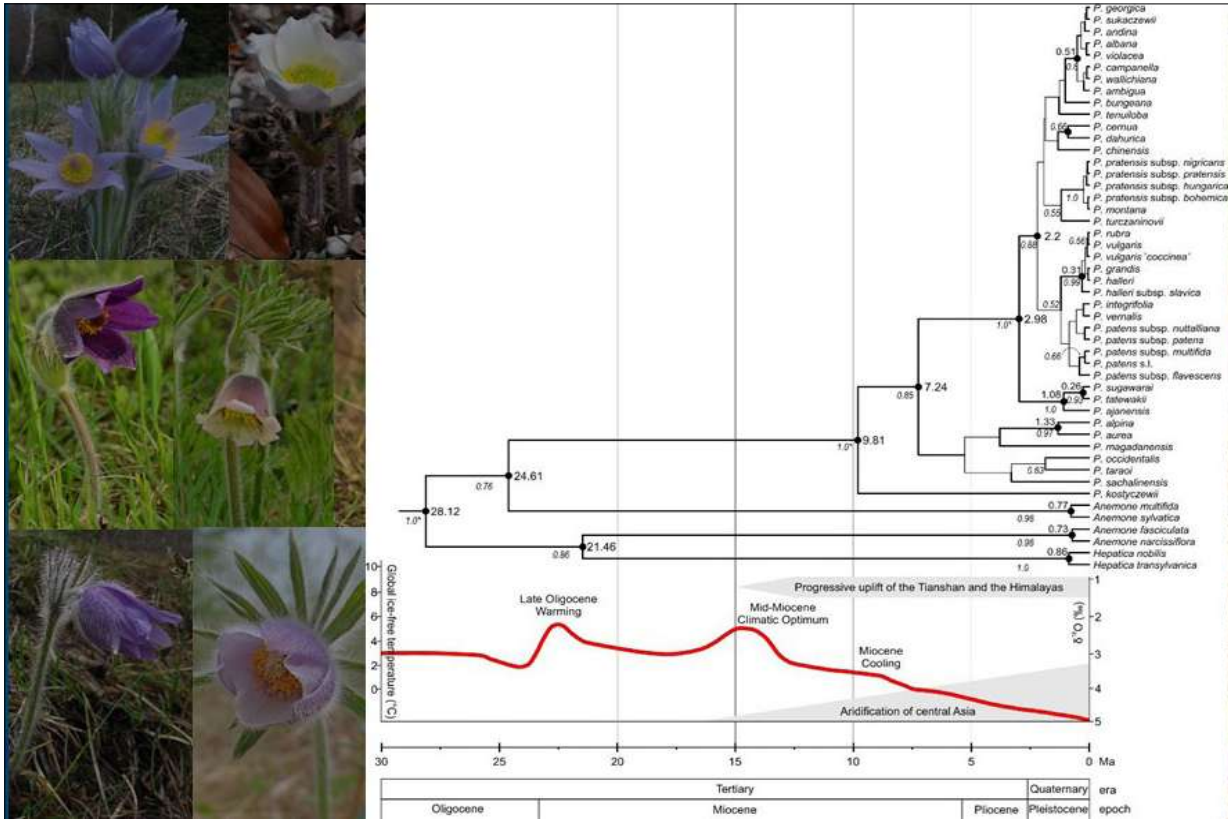
Kutatási területek: *Bioinformatika, transzmembrán fehérjék, adatbázisok.*

Kutatási területünk a membrán fehérjék topológiájának és 3D-s szerkezetének vizsgálata, modern bioinformatika eljárások kifejlesztésén keresztül (CCTOP, TMFoldRec), valamint adatbázisok létrehozása, amelyek a transzmembrán fehérjék topológiájával és szerkezetével kapcsolatosak (HTP, PDBTM, TOPDB, TOPDOM), valamint olyan nagy áteresztőképességű kísérleti módszerek fejlesztése, amelyek transzmembrán fehérjék topológiai becslését és szerkezet modellezését segítik.

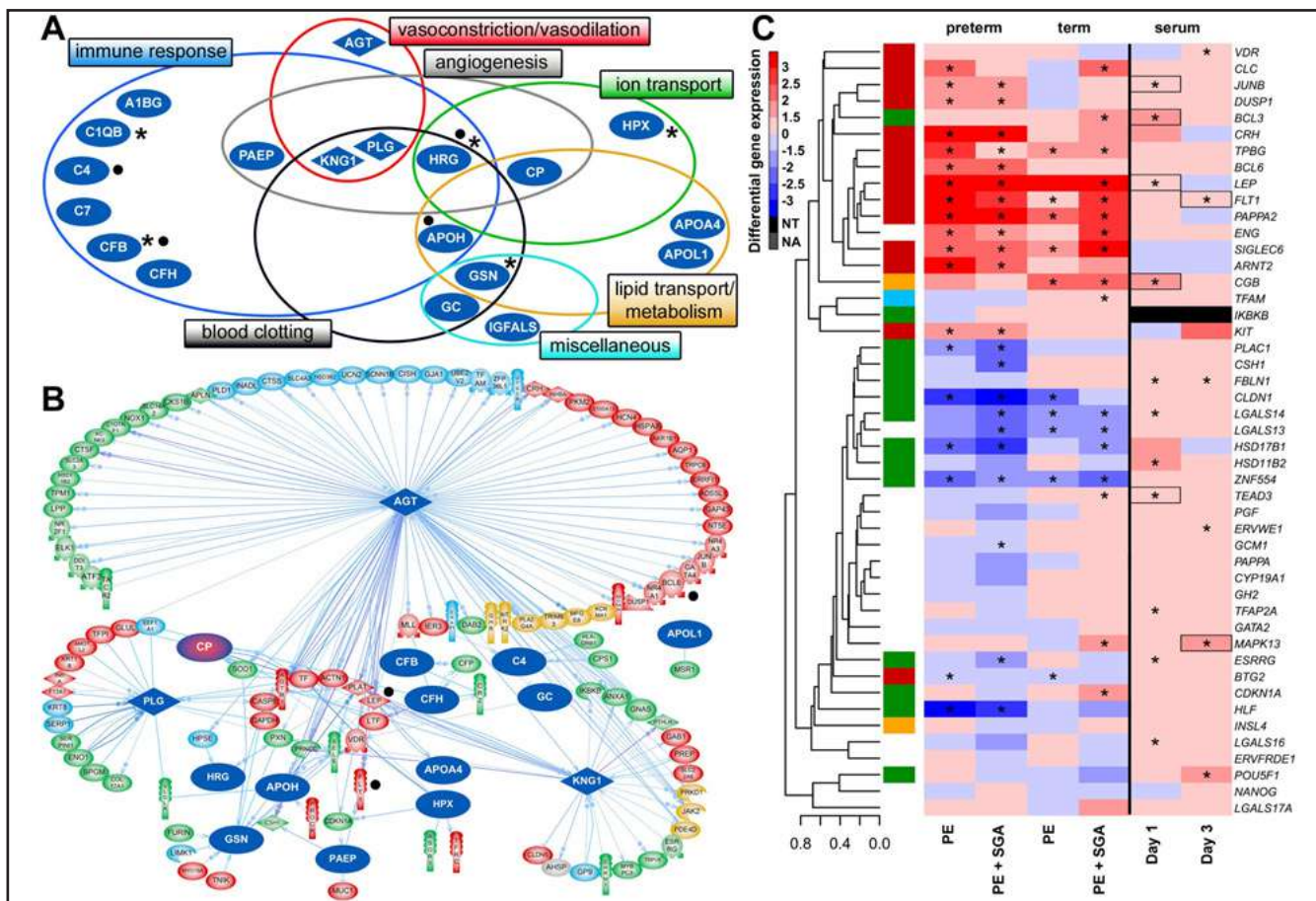
ELIXIR Community részvétel: *3D BioInfo*

KONZORCIUMI TANÁCS KAPCSOLATTARTÓI

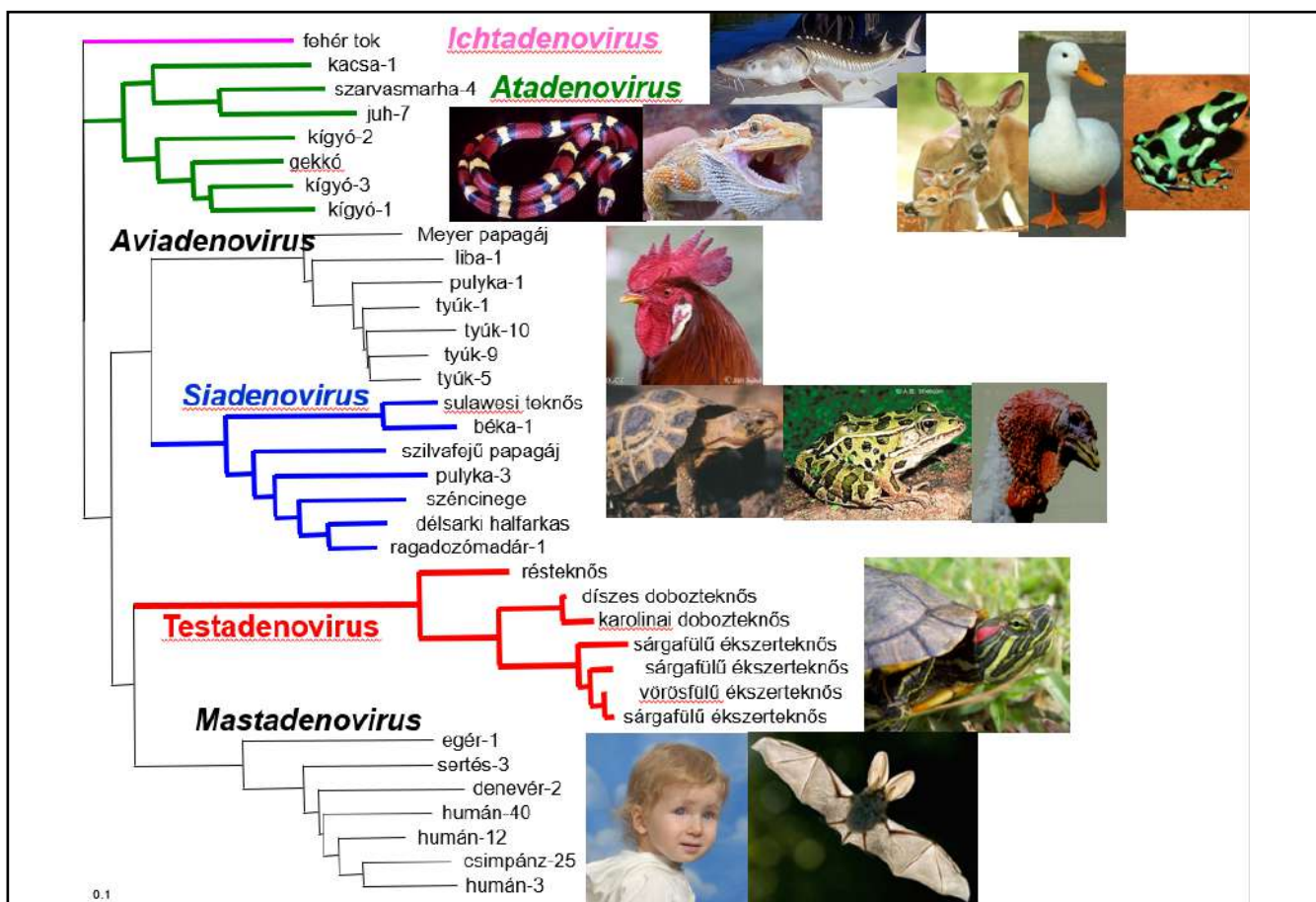
Kapcsolattartó neve:	Képviselet intézménye:
Dr. Barta Endre	Nemzeti Agrárkutatási és Innovációs Központ
Dr. Bödör Csaba	Semmelweis Egyetem
Dr. Csabai István	Eötvös Loránd Tudományegyetem
Dr. Gáspári Zoltán	Pázmány Péter Katolikus Egyetem
Dr. Gyenesei Attila	Pécsi Tudományegyetem
Dr. Györfly Balázs	Természettudományi Kutatóközpont
Dr. Harrach Balázs	Agrártudományi Kutatóközpont Állatorvostudományi Intézet
Dr. Horváth Péter	Szegedi Biológiai Kutatóközpont
Dr. Jordán Ferenc	Magyar Tudományos Akadémia Ökológiai Kutatóközpont
Dr. Kenessey István	Országos Onkológiai Intézet
Dr. Miklós Dezső	Rényi Alfréd Matematikai Kutatóintézet
Dr. Solymosi Norbert	Állatorvostudományi Egyetem
Dr. Tózsér József	Debreceni Egyetem



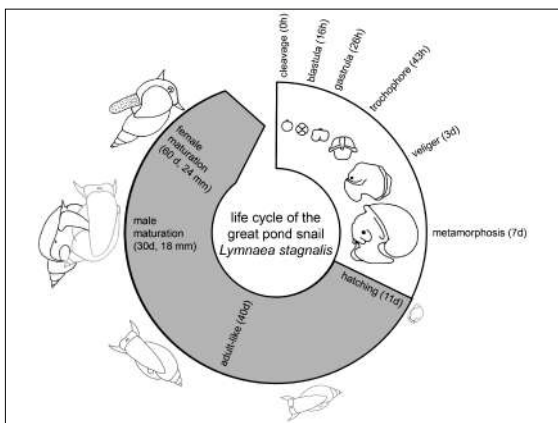
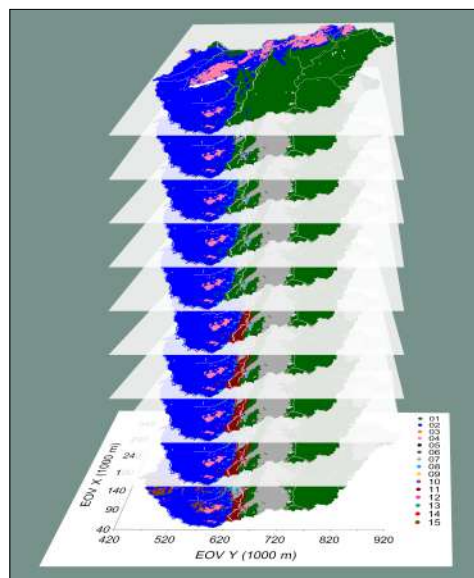
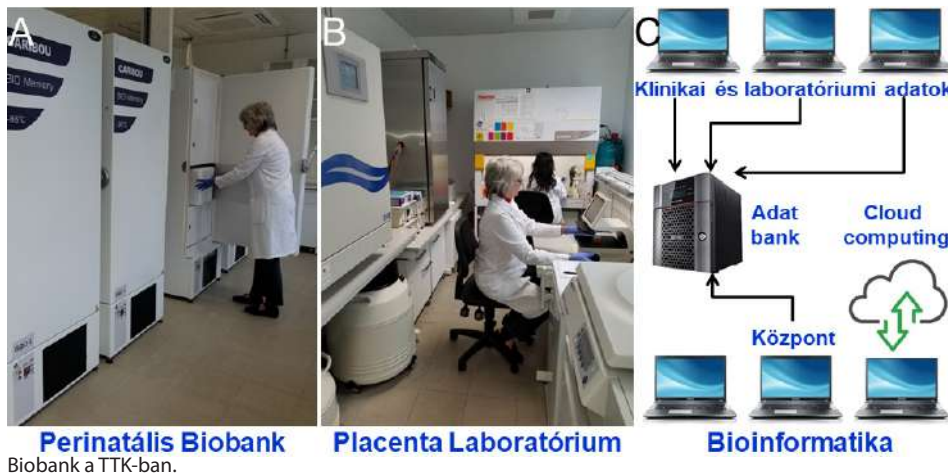
Kökörcsinek filogenetikai fája, Dr. Sramkó Gábor kutatócsoportjának munkái.



Méhlepények transzkriptomikai vizsgálata, Dr. Than Nándor Gábor vezette kutatócsoport munkája.



Dr. Harrach Balázs vezette kutatócsoport munkája.



Dr. Garamszegi László Zsolt ezette kutatócsoport munkái.

PHD HALLGATÓK

Dr. Bartha Áron
Semmelweis Egyetem
Bioinformatika Tanszék
Budapest



Kutatási terület:

Transzkriptom alapú adatok elemzése tumoros, normál és metasztatikus szövetszövetminták alapján.

Témavezető: Dr. Györfly Balázs

Kutatásaim során főképp tumoros, normál és metasztatikus szövetek transzkriptom szintű elemzésével foglalkozom. Munkánk során létrehoztunk egy adatbázist RNS szekvenálás és gén chip vizsgálatok felhasználásával, mely alapjául szolgál egy webes felületnek. A tnmplot.com oldal segítségével lehetővé válik a daganatos, normál és áttétes szövet minták expressziós szintű összehasonlítása több mint 30 tumor típusban mintegy

20.000 génre.

Erdős Edina
Debreceni Egyetem
ÁOK Biokémiai és Molekuláris
Biológia Intézet
Debrecen



Kutatási terület: Magreceptorok általi kötőesemények genom szintű vizsgálata különböző eredetű daganatsejtekben

Témavezető: Dr. Bálint Bálint László

A magreceptorok, mint ligand-aktivált transzkripciós faktorok közvetlen hatást gyakorolnak a gének kifejeződésére. Kutatásom során egy kevésbé karakterizált magreceptor, az NR2F2 szerepének vizsgálatát tűztük ki célul funkcionális genomikai módszerekkel különböző eredetű daganatsejtekben, ezek közül is elsősorban az emlődaganatra fókuszálva. Vizsgálataink során biológiai és bioinformatikai eszközökkel határozzuk meg az NR2F2 cisztrómját és transzkriptómját hozzájárulva az NR2F2 általi szabályozások megértéséhez.

Gálik Bence
Pécsi Tudományegyetem
Szentágotthai János Kutatóközpont
Pécs



Kutatási terület: Nem kissejtes

tüdőrák (NSCLC) miRNS NGS alapú expressziós profilozása bioinformatikai elemzéssel és biomarker kutatás a pontosabb diagnosztika és prognózis segítése.

Témavezető: Dr. Jacek Nikliński, Dr. Gyenesei Attila

Fő kutatási témám mikro RNS (miRNS) expressziós profilok készítése nem kissejtes tüdőrákban (NSCLC) szenvedő betegek véréből, tumor biopsziából és a tumor melletti egészséges szövetszövetmintákból. Célunk a diagnosztikát, rizikóbecslést és a terápiás stratégia meghatározását támogató biomarkerek azonosítása. Saját bioinformatikai adatelemző munkafolyamatot alakítottunk ki, a kutatási területhez optimalizálva. Az adatok elemzése standard Docker és Nextflow környezetben fut, a megismételhetőség és a konzekvens eredmények érdekében. Ez a jövőben többféle platformra és környezetre (HPC, szerver, Linux/MacOS) is adaptálhatóvá válik. A biomarker kutatásban az eredmények további biostatistikai elemzése során a Python és az R szoftvert használom.

Dr. Bedics Gábor
Semmelweis Egyetem
I.sz. Patológiai és Kísérleti
Rákkutató Intézet
Budapest



Kutatási terület: Gyermekkori ALL genomikai és transzkriptomikai profiljának meghatározása NGS vizsgálatok bioinformatikai elemzésével.

Témavezetők: Dr. Alpár Donát, Dr. Sebestyén Endre

Fő kutatási témám a gyermekkori akut lymphoid leukémia genom- és transzkriptom- szintű új-generációs szekvenálási adatainak elemzése korszerű bioinformatikai módszerekkel. Célunk a diagnosztikát, rizikóbecslést és a terápiás stratégia meghatározását támogató biomarkerek, genomi variánsok és fúziós transzkriptumok azonosítása. A kapott eredmények biostatistikai elemzése is része a munkámnak, melyet főképp az R szoftver segítségével végzek.

Fodor István
Ökológiai Kutatóközpont
Balatoni Limnológiai Intézet
Tihany



Kutatási terület:

Gerinctelen neurobiológia, neuroendokrinológia.

Témavezető neve: Dr. Pirger Zsolt

A nagy mocsári csiga (*Lymnaea stagnalis*) reprodukciós folyamatainak és neuroendokrin rendszerének vizsgálata az emberi eredetű környezeti kémiai faktorokhoz való adaptáció során a molekuláris szinttől a viselkedési mintázatok kialakításáig. Munkánk során molekuláris biológiai és bioinformatikai módszerek segítségével azonosítunk és vizsgálunk potenciális reprodukciót irányító kulcsmolekulákat (pl. *ly-GnRH/CRZ*, bioRxiv, doi: <https://doi.org/10.1101/2020.03.01.971697>). Továbbá vizsgáljuk a molekuláris szinten kiváltott változások hatását egyed- és populáció szinteken.

Konrád Krisztina Dóra
Ökológiai Kutatóközpont
Balatoni Limnológiai Intézet
Tihany



Kutatási terület:

Magyarország potenciális természetes vegetációjának mintázatelemzése.

Témavezető neve: Dr. Somodi Imelda, Dr. Bede-Fazekas Ákos

Kutatásom alapját a Magyarország területére készített, többretegű potenciális természetes vegetáció becslés jelenti. Ezt felhasználva célom (1) vegetációs tájbeosztás létrehozása, (2) a potenciális vegetáció szempontjából legtöbb információt hordozó térlépték meghatározása. Érdeklődési körömbbe tartozik az R nyelven való programozás is, jelen vizsgálataimat is ennek segítségével végzem.

Dr. Krizsán Szilvia
Simmelweis Egyetem
I.sz. Patológiai és Kísérleti
Rákkutató Intézet
Budapest



Kutatási terület: *Gyermekkori akut myeloid és lymphoblasztos leukémiák molekuláris genetikai hátterének vizsgálata.*

Témavezetők: *Dr. Bödör Csaba, Dr. Alpár Donát*

Fő kutatási területem a gyermekkori akut myeloid és lymphoblasztos leukémiák molekuláris genetikai hátterének vizsgálata. Munkánk során célunk a gyermekkori leukémiák patogenezisében szerepet játszó mutációk és kópiaszám eltérések azonosítása új-generációs szekvenálással, amelyek a célzott terápiák potenciális célpontjai lehetnek. Emellett célunk olyan prognosztikus és prediktív biomarkerek azonosítása, amelyek segítségével lehetőség nyílna a páciensek pontosabb rizikóbesorolására, valamint a személyre szabott kezelésükre.

Kumar Ajneesh
Debreceni Egyetem
ÁOK Biokémiai és
Molekuláris Biológia Intézet
Debrecen



Kutatási terület: *Antimikrobiális és immunmodulátor peptidok, proteomikai bioinformatika.*

Témavezető: *Dr. Csósz Éva*

Munkám során célok a proteomikai adatelemzéshez szükséges bioinformatikai háttér fejlesztése, továbbá adatbázisba rendezzük a humán szervezetben leírt antimikrobiális és immunmodulátor tulajdonsággal rendelkező peptidokat és fehérjéket. Ezen adatokat nyilvánosan elérhetővé és kereshetővé kívánjuk tenni. A szabadon hozzáférhető proteomikai adatbázisokból letöltött adatsorok újraelmésével, az ismert antimikrobiális és immunmodulátor hatású peptidok jelenlétét és mennyiségi változásait vizsgáljuk meg különböző betegségekben. Érdeklődési területem a neurodegeneratív betegségek, és azok közül is az Alzheimer kór.

Laczkó Levente
Debreceni Egyetem
TTK Biológiai és Ökológiai Intézet
Debrecen



Kutatási terület: *Növény- és állatfajok filogeográfiai vizsgálata genomi megközelítéssel*

Témavezető: *Dr. Sramkó Gábor*

Munkám során több nem-modell faj teljes elterjedési területének filogeográfiai vizsgálatát végzem. Hasonló kérdések megválaszolására elterjedt módszer a RAD szekvenálás (Restriction Site Associated DNA Sequencing), amely a genomot körülbelül egyenletesen mintázva akár több tízezer független lókuszt szekvenálhat fel. Az adatok feldolgozásának része a bioinformatikai elemzés, a feltárt lókusztok összeszerelésén túl a filogenetikai és populációgenetikai kapcsolatok feltárása is. Ehhez elengedhetetlen a bash és az R környezetek használata. A fajok ilyen jellegű vizsgálata betekintést nyújthat abba, hogyan formálhatták földtörténeti negyedidőszak klimatikus változásai a populációk genetikai diverzitását, segítve az evolúció történetük minél pontosabb megértését.

Maher Alnajjar
Szent István Egyetem
NAIK Mezőgazdasági és
Biotechnológiai Kutatóintézet
Gödöllő



Kutatási terület: *Humán és egér transzkripció faktor kötőhelyek*

Témavezető neve: *Dr. Barta Endre*

Munkánk során távolabbi rokon nyúlfajtákat keresztezünk, majd mind a szülőknél, mind az utódoknál RNA-seq szekvenálást végzünk hús mintákból. Az RNA-seq kiértékelésnél olyan géneket keresünk, amelynél más az anyai és az apai szekvencia, így meg tudjuk állapítani az allélspecifikus expresszió mértékét. A kísérletbe bevont egyedeknek a genomszekvenciáját is meghatározzuk. A genomszekvenciában bioinformatikai módszerekkel megpróbáljuk megkeresni az eltérő expressziót okozó variációkat.

Nagy Ádám
Simmelweis Egyetem
I. Sz. Patológiai és Kísérleti
Rákkutató Intézet
Budapest



Kutatási terület:

Témavezető: *Dr. Györfly Balázs*

A munkám során elsősorban prognosztikus biomarkerek azonosításával foglalkozom különböző daganattípusok esetén. A vizsgálataimban célunk az adatbázisépítés, amely újgenerációs szekvenálási adatokból (többek között RNS szekvenálási), valamint microarray-génchip adatokból tevődik össze. A túlélés elemzések során vizsgálom, egyénmutáció által befolyásolt transzkriptomikus változások túlélésre kifejtettségét, valamint közvetlenül a génmutáció vagy a génexpresszió prognosztikus hatását. Mindezek mellett részt veszek a MuTarget rendszer (<http://mutarget.com>) fejlesztésében, amely segítségével lehetővé válik a génmutációk transzkripció- vagy gyakorolt hatásának, valamint az egyes génexpressziós eltérések génmutációs változásokkal való összefüggésének a vizsgálata különböző daganattípusok esetén.

Dr. Nagy Ákos
Simmelweis Egyetem
I. Sz. Patológiai és Kísérleti
Rákkutató Intézet
Budapest



Kutatási terület: *B-sejtes limfómák minimál invazív detektálása és nyomon követése folyadék-biopsziával.*

Témavezető: *Dr. Bödör Csaba*

PhD munkám során B-sejtes non-Hodgkin limfómában szenvedő betegektől gyűjtött vérplazma mintákból izolált keringő sejtmentes DNS-t vizsgáljuk újgenerációs szekvenálás segítségével. Célunk a folyadék-biopsziás eljárás rejtette lehetőségek demonstrálása a szelektív terápiás nyomás hatására létrejövő klonális evolúció minimál invazív detektálása szempontjából. Vizsgáljuk továbbá a különböző anatómiai régiókban elhelyezkedő limfómás klónok egyidejű minimál invazív detektálási lehetőségét is folyadék-biopsziás eljárás segítségével.

Nagy Nikoletta Andrea
 Debreceni Egyetem
 TTK Biológiai és Ökológiai Intézet
 Debrecen



Kutatási terület: *A nagyfejű csajkó utódgondozó viselkedésének genetikai háttere*
Témavezetők: *Dr. Barta Zoltán, Dr. Németh Zoltán*

Fő kutatási területem egy kétszülős utódgondozással rendelkező bogárfaj, a nagyfejű csajkó (*Lethrus apterus*) szaporodási viselkedésének vizsgálata genom és transzkriptom szinten. Munkám során főleg újgenerációs szekvenálásból származó adatokat dolgozok fel bioinformatikai módszerekkel. Célom az utódgondozó viselkedéssel összefüggő gének, illetve transzkriptumok azonosítása, szezonális expressziójának vizsgálata és funkcionális annotációja.

Erdenetseteg Nokhoijav
 Debreceni Egyetem
 ÁOK Biokémiai és
 Molekuláris Biológia Intézet
 Debrecen



Kutatási terület: *Proteomikai és metabolomikai analízisek nagy populációkat érintő betegségekben.*
Témavezető: *Dr. Csósz Éva*

Kutatásom célja a nagy populációkat érintő betegségek, elsősorban a cukorbetegség, és komplikációinak vizsgálata. Metabolomikai és proteomikai módszerekkel kívánom vizsgálni a cukorbetegségekre és komplikációira jellemző metabolit és fehérje mintázatokat. Célom a szemet érintő komplikációk szérumban megjelenő változásainak vizsgálata, és olyan potenciális biomarkerek azonosítása, amelyek a diabéteszes retinopátia megjelenését és súlyosbodását előre jelezhetik.

Pálné Szén Orsolya
 Debreceni Egyetem
 ÁOK Biokémiai és Molekuláris
 Biológia Intézet
 Debrecen



Kutatási terület: *Házinyúl allélspecifikus RNS expresszió vizsgálata.*

Témavezető neve: *Dr. Barta Endre*

Korábban létrehoztuk a humán ChIPsummitDB (<http://summit.med.uni-deb.hu/summitdb/>) adatbázist. Az adatbázis átfogó képet ad az egyes humán transzkripció faktorok cisztrómjairól és arról, hogy az egyes kötőhelyekhez milyen más fehérjék és milyen pozíciókban kötődnek. Célunk, hogy az adatbázist a jóval nagyobb számú ChIP-seq kísérlettel rendelkező egérre is elkészítsük. A két adatbázis összehasonlításával pontosabb képet kaphatunk az egyes transzkripció faktor kötőhelyek szerepéről és működéséről.

Pipek Orsolya
 Eötvös Lóránd Tudomány Egyetem
 TTK Fizika Intézet
 Budapest



Kutatási terület: *Bioinformatika, NGS adatok elemzése, mutációdetektálás.*
Témavezető neve: *Dr. Csabai István*

Kutatásaim során az új-generációs DNS-szekvenálási (NGS) adatok bioinformatikai elemzésével és interpretációjával foglalkozom. A minták mutációs profiljának elemzését különböző kutatási projektek és az orvosokkal, illetve biológusokkal való kollaborációk keretein belül arra használjuk, hogy a DNS-javító mechanizmusokban előforduló hibák genetikai lenyomatát feltérképezzük, daganatos betegségekben és sejt kultúrákban. Ezek mellett részt vesznek orvosi kutatások eredményeinek statisztikai kiértékelésében és környezeti minták genomikai elemzésében is.

Udvarnoki Zoltán András
 Eötvös Lóránd Tudomány Egyetem
 TTK Fizika Intézet
 Budapest



Kutatási terület:
Gépi tanulás alkalmazása a bioinformatikában.
Témavezető: *Dr. Csabai István*

Csabai István bioinformatikai kutatócsoportjában biológiai adatok, köztük új generációs szekvenálási adatok feldolgozásával, kiértékelésével foglalkozom, különös tekintettel a gépi tanulás, deep learning alkalmazására. Eddigi főbb munkáim az MHC-peptid kötődés becsléséhez, valamint genetikai mutációk, illetve műtermékek deep learning segítségével történő meghatározásához kapcsolódtak.

Vraukó Veronika
 Semmelweis Egyetem
 I. Sz. Patológiai és Kísérleti
 Rákkutató Intézet
 Budapest



Kutatási terület: *Daganatos megbetegedésekben előforduló mutációk biológiai funkciójának vizsgálata rendszerbiológiai módszerekkel.*
Témavezető: *Dr. Sebestyén Endre*

PhD kutatásaim során a genetikai redundancia és esszencialitás hatását vizsgálom daganatos megbetegedést okozó mutációknál, genom és transzkriptom adatokat felhasználva. Az egyik projekt célja myelodiszplasztikus szindrómás betegek konzisztens transzkripció változásainak karakterizálása. A másik projektben humán paralóg géncsoportok funkcióját, génszabályozó hálózatát és kapcsolatát vizsgálom daganatos megbetegedések esetén.

További PhD hallgatók az ELIXIR kutatócsoportokban:

Hallgató neve	Intézmény	Témavezető	Végzés éve
Ács Balázs	Semmelweis Egyetem	Dr. Szász Attila Marcell	2020/21
Balassa Tamás	Eötvös Lóránd Tudományegyetem	Dr. Horváth Péter	2020/21
Becsei Ágnes	Eötvös Lóránd Tudományegyetem	Dr. Csabai István	2023/24
Biricz András Mátyás	Eötvös Lóránd Tudományegyetem	Dr. Csabai István	2023/24
Börcsök Judit	Eötvös Lóránd Tudományegyetem	Dr. Csabai István	2022/23
Déri Máté	Semmelweis Egyetem	Dr. Monostory Katalin	2020/21
Diósdai Ákos	Szegedi Tudományegyetem	Dr. Horváth Péter	2023/24
Erdős Gábor	Eötvös Lóránd Tudományegyetem	Dr. Dosztányi Zsuzsanna	2020/21
Fekete Ferenc	Eötvös Lóránd Tudományegyetem	Dr. Monostory Katalin	2022/23
Fekete Judit	Pannon Egyetem	Dr. Várbíró Gábor	2021/22
Fekete Tibor János	Semmelweis Egyetem	Dr. Györfly Balázs	2020/21
Fűtő Rózsa	Eötvös Lóránd Tudományegyetem	Dr. Simon István	2020/21
Gabri Evelyn	Semmelweis Egyetem	Dr. Monostory Katalin	2022/23
Dr. Gángó Ambrus Péter	Semmelweis Egyetem	Dr. Bödör Csaba	2020/21
Grexa István	Szegedi Tudományegyetem	Dr. Horváth Péter	2023/24
Hirling Dominik	Szegedi Tudományegyetem	Dr. Horváth Péter	2024/25
Juliana Pereira	Central European University	Dr. Jordán Ferenc	2020/21
Kalács Krisztina	Pécsi Tudományegyetem	Dr. Kovács L. Gábor	2022/23
Dr. Kiss Richárd	Semmelweis Egyetem	Dr. Bödör Csaba	2020/21
Koncz Szabolcs	Semmelweis Egyetem	Dr. Bagdy György	2022/23
Kovács Bálint	Eötvös Lóránd Tudományegyetem	Dr. Jordán Ferenc	2022/23
Dr. Krikó Eszter Andrea	Állatorvostudományi Egyetem	Dr. Solymosi Norbert	2021/22
Mangó Katalin	Semmelweis Egyetem	Dr. Monostory Katalin	2022/23
Dr. Marosvári Dóra	Semmelweis Egyetem	Dr. Bödör Csaba	2020/21
Mezei Zoltán	Eötvös Lóránd Tudományegyetem	Dr. Dosztányi Zsuzsanna	2020/21
Mohácsi Réka	Semmelweis Egyetem	Dr. Szász Attila Marcell	2020/21
Molnár Csaba	Szegedi Tudományegyetem	Dr. Horváth Péter	2021/22
Dr. Nagy Sára Ágnes	Állatorvostudományi Egyetem	Dr. Solymosi Norbert	2022/23
Nagy-Köteles Csaba Alfréd	Debreceni Egyetem	Dr. Barta Endre	2022/23
Nikita Moshkov	Szegedi Tudományegyetem	Dr. Horváth Péter	2022/23
Papp Csaba	Debreceni Egyetem	Dr. Barta Endre	2021/22
Papp Noémi	Semmelweis Egyetem	Dr. Bagdy György	2020/21
Pataki Bálint Ármin	Eötvös Lóránd Tudományegyetem	Dr. Csabai István	2022/23
Patonai Katalin	Eötvös Lóránd Tudományegyetem	Dr. Jordán Ferenc	2020/21
Radványi Ádám	Eötvös Lóránd Tudományegyetem	Dr. Kun Ádám	2020/21
Ribli Dezső	Eötvös Lóránd Tudományegyetem	Dr. Csabai István	2020/21
Szeitz Beáta	Semmelweis Egyetem	Dr. Szász Attila Marcell	2020/21
Tarján Zoltán	Állatorvostudományi Egyetem	Dr. Benkő Mária	2020/21
Tasnádi Áron Ervin	Szegedi Tudományegyetem	Dr. Horváth Péter	2021/22
Tóth Tímea	Szegedi Tudományegyetem	Dr. Horváth Péter	2021/22
Dr. Tözsér Dóra	Állatorvostudományi Egyetem	Dr. Solymosi Norbert	2022/23
Varga Júlia Kornélia	Eötvös Lóránd Tudományegyetem	Dr. Tusnády Gábor	2020/21
Witold Bauer	Pécsi Tudományegyetem	Dr. Gyenesei Attila	2020/21
Zabolai Edit	Semmelweis Egyetem	Dr. Than Nándor Gábor	2020/21

NYITOTT PHD TÉMÁK

Név	Téma	Intézet, Doktori Iskola	E-mail
Dr. Bagdy György	Az alvás-ébrenlét és a biológiai ritmusok fiziológiás szabályozása és gyógyszeres befolyásolása	Semmelweis Egyetem Gyógyszerésztudományok Doktori Iskola	bag13638@iif.hu
Dr. Bagdy György	A betegségek, a farmakoterápia, és a biológia összefüggéseinek vizsgálata nagy humán adatbázisok alapján	Semmelweis Egyetem Gyógyszerésztudományok Doktori Iskola	bag13638@iif.hu
Dr. Bagdy György	Genetikai faktorok és gén-környezet interakciók a pszichiátriai zavarok kialakulásának hátterében	Semmelweis Egyetem Mentális Egészségtudományok Doktori Iskola	bag13638@iif.hu
Dr. Bagdy György	Pszichoszociális faktorok és örökletes tényezők szerepe depresszióban és addikcióban	Semmelweis Egyetem Mentális Egészségtudományok Doktori Iskola	bag13638@iif.hu
Dr. Bálint Bálint László	Chromatin level determinants of cellular identity in the context of breast cancer progression	Debreceni Egyetem Molekuláris Sejt- és Immunbiológia Doktori Iskola	lbalint@med.unideb.hu
Dr. Benkő Mária	Denevérek és rágszálók új adenovírusainak vizsgálata	Állatorvostudományi Egyetem	benko.maria@agrar.mta.hu
Dr. Bödör Csaba	Lymphomák és leukaemiák genetikai és epigenetikai hátterének vizsgálata	Semmelweis Egyetem Patológiai tudományo Doktori Iskola	bodor.csaba1@med.semmelweis-univ.hu
Dr. Csabai István	Kooperáció és csalás élesztőben	Eötvös Lóránd Tudományegyetem	csabai@complex.elte.hu
Dr. Csabai István	Gépi tanulás a természettudományokban - gépi látás az orvosi biológiai képalkotásban	Eötvös Lóránd Tudományegyetem	csabai@complex.elte.hu
Dr. Csikász-Nagy Attila	Biológiai szabályozó hálózatok dinamikai modellezése	Pázmány Péter Katolikus Egyetem	csikasz-nagy.attila@itk.ppke.hu
Dr. Csósz Éva	Proteomikai bioinformatika	Debreceni Egyetem Molekuláris Sejt- és Immunbiológia Doktori Iskola	cseva@med.unideb.hu
Dr. Csósz Éva	Onkoproteomika és daganatos megbetegedések rendszerbiológiai szemléletű vizsgálata	Debreceni Egyetem Molekuláris Sejt- és Immunbiológia Doktori Iskola	cseva@med.unideb.hu
Dr. Doszpoly Andor	Gazdaságilag jelentős hal-vírusok azonosítása/jellemzése és újgenerációs prototípus vakcinák fejlesztése	Állatorvostudományi Egyetem	doszpoly.andor@agrar.mta.hu
Dr. Dosztányi Zsuzsanna	Fehérje degradációs szignálok feltérképezése	Eötvös Lóránd Tudományegyetem Biológia Doktori Iskola	dosztanyi@caesar.elte.hu
Dr. Garamszegi László Zsolt	Inváziós és nem inváziós csípőszúnyogok ökológiai vizsgálata és járványügyi jelentősége	Eötvös Lóránd Tudományegyetem Biológia Doktori Iskola	garamszegi.laszlo@okologia.mta.hu
Dr. Gáspári Zoltán	Fehérmolekulák belső dinamikájának modellezése kísérletes adatok alapján: módszerfejlesztés és alkalmazások	Pázmány Péter Katolikus Egyetem	gaspari.zoltan@itk.ppke.hu
Dr. Gáspári Zoltán	Komplex megközelítések a molekuláris evolúció területén	Pázmány Péter Katolikus Egyetem	gaspari.zoltan@itk.ppke.hu
Dr. Gáspári Zoltán	Szerkezeti bioinformatikai algoritmusok gyorsítása újraprogramozható áramkörökön	Pázmány Péter Katolikus Egyetem	gaspari.zoltan@itk.ppke.hu
Dr. Györffy Balázs	Kemorezisztencia rendszerbiológiai modellezése	Semmelweis Egyetem	gyorffy.balazs@med.semmelweis-univ.hu

Név	Téma	Intézet, Doktori Iskola	E-mail
Dr. Gyórfy Balázs	Rosszindulatú daganatok heterogenitásának klinikai hatásai	Semmelweis Egyetem	gyorffy.balazs@med.sem-melweis-univ.hu
Dr. Gyórfy Balázs	Multi-omika alapú biomarkerek azonosítása szolid tumorokban	Semmelweis Egyetem	gyorffy.balazs@med.sem-melweis-univ.hu
Dr. Harrach Balázs	Állati adenovírusok diverzitása és filogenetikája	Állatorvostudományi Egyetem ÁOT Doktori Iskola	harrach.balazs@agrar.mta.hu
Dr. Horváth Péter	3D képanalitikai és gépi tanulási módszerek fejlesztése idegsejtek közötti kommunikáció megértésére	Szegedi Tudományegyetem	horvath.peter@brc.mta.hu
Dr. Horváth Péter	Intelligens mikroszkop rendszerek fejlesztése	Interdiszciplináris Orvostudományok Doktori Iskola	horvath.peter@brc.mta.hu
Dr. Monostory Katalin	Metabolikus gyógyszer-kölcsönhatások vizsgálata	Semmelweis Egyetem Gyógyszerésztudományok Doktori Iskola	monostory.katalin@ttk.mta.hu
Dr. Pongor Sándor	Bioinformatika, proteomika	Pázmány Péter Katolikus Egyetem	pongor.sandor@itk.ppke.hu
Dr. Szász Attila Marcell	Biomarkerek szolid daganatokban	Semmelweis Egyetem	szaszam@gmail.com
Dr. Solymosi Norbert	Antimikrobiális rezisztencia mesterségesintelligencia-alapú genomikai vizsgálata	Állatorvostudományi Egyetem ÁOT Doktori Iskola	solymosi.norbert@univet.hu
Dr. Sramkó Gábor	Molekuláris filogenetikai vizsgálatok növény- és állatfajok körében	Debreceni Egyetem Juhász-Nagy Pál Doktori Iskola	sramko.gabor@science.unideb.hu
Dr. Than Nándor Gábor	A nagy születési kórképek patomechanizmusai korai predikciója és diagnózia	Semmelweis Egyetem	than.gabor@ttk.mta.hu
Dr. Than Nándor Gábor	Az anyai-magzati kapcsolat sejtes és molekuláris szintű immun szabályozása	Eötvös Lóránd Tudományegyetem Biológia Doktori Iskola	than.gabor@ttk.mta.hu
Dr. Tusnady Gábor	Transzmembrán fehérjék bioinformatikai vizsgálata	Eötvös Lóránd Tudományegyetem	tusnady.gabort@tk.mta.hu
Dr. Tusnady Gábor	A transzmembránfehérjék postai címzése	Eötvös Lóránd Tudományegyetem	tusnady.gabor@ttk.mta.hu
Dr. Tózsér József	HIV-1/HIV-2 kettős fertőzés: a virális interferencia és a celluláris proteóm változásának analízise	Debreceni Egyetem Molekuláris Sejt- és Immunbiológia Doktori Iskola	tozser@med.unideb.hu
Dr. Tózsér József	Retrovirális Gag fehérjékkel homológ eukarióta fehérjék jellemzése és a részvételükkel képződő vírus-szerű részecskék vizsgálata	Debreceni Egyetem Molekuláris Sejt- és Immunbiológia Doktori Iskola	tozser@med.unideb.hu
Dr. Tusnady Gábor	A transzmembránfehérjék postai címzése	Eötvös Lóránd Tudományegyetem Biológia Doktori Iskola	tusnady.gabor@ttk.mta.hu
Dr. Tusnady Gábor	Transzmembrán fehérjék bioinformatikai vizsgálata	Eötvös Lóránd Tudományegyetem Biológia Doktori Iskola	tusnady.gabor@ttk.mta.hu

Az ELIXIR-CONVERGE az Európai Bizottság által finanszírozott projekt, melynek célja az élettudományi adatkezelés egységesítése egész Európában. A szabványosítás elérése érdekében a projekt adatkezelési eszközkészletet fog kidolgozni az élettudományban dolgozók számára. Az eszközkészlet hozzájárul annak biztosításához, hogy több kutatási adat legyen a nyilvánosság számára hozzáférhető, ezáltal biztosít több adatot a kutatók számára. Így új betekintést nyerhetnek a társadalom előtt álló kihívásokba, olyan problémákba, mint például az élelmezésbiztonság és az időskori egészségügy, és elősegíték az innováció ösztönzését a gyógyászatban és a biotechnológiában. Az ELIXIR kezdeti működési szakasza, amelyet a H2020 ELIXIR-EXCELERATE projekt (2015-2019) támogatott, a bioinformatikai szolgáltatások koordinálására és a nemzeti csomópontokból történő átadására összpontosított. Ez megalapozta az összehangolt európai élettudományi infrastruktúrát.

Az ELIXIR-CONVERGE ezekre az eredményekre épít egy másik kritikus elem biztosításával: az adatkezelés elosztott helyi támogatásának szolgáltatásával Európában. Ez egy olyan kutatói eszközkészletre fog épülni, amely lehetővé teszi a kutatás adatainak életciklus-kezelését, és összhangban áll a nemzetközi szabványokkal.

Az ELIXIR-CONVERGE pályázat fejleszti a kutatási infrastruktúra nemzeti fázisainak megvalósítását, a megfelelő adatkezelés, a reprodukálhatóság és az újrafelhasználás előmozdítása érdekében. 36 hónap alatt és a 23 NODE partnerrel az ELIXIR-CONVERGE megteszi a következő lépést, egy európai adatszövetség létrehozására, amelyben az egyes országok összekapcsoltan lehetővé teszik a felhasználók

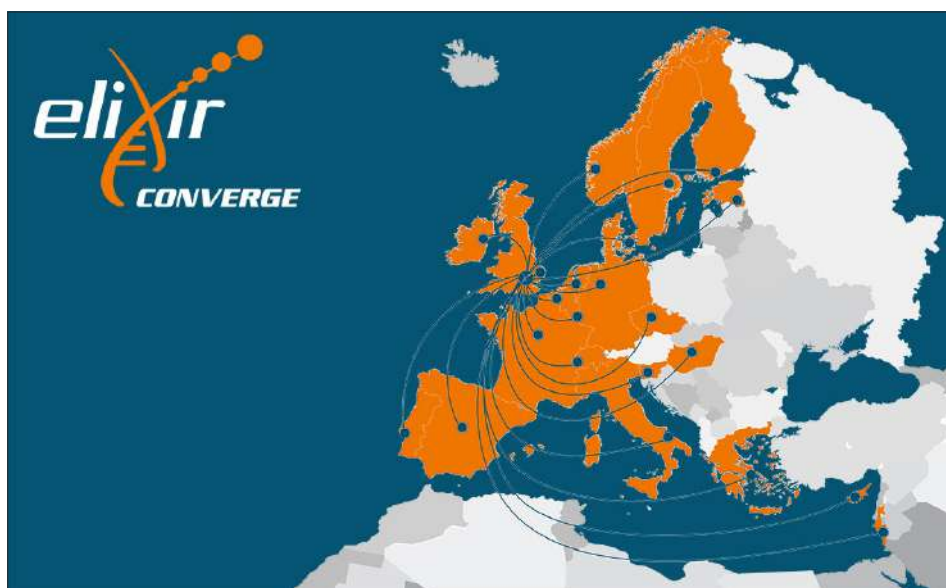
számára, hogy az ismereteikből nyerjék ki az élettudomány nagy, változatos és elosztott adatkészleteit.

Az ELIXIR Csomópontok a FAIR adatkezelési szolgáltatási protokollal (FAIR: Findable=Megtalálható, Accessable=Hozzáférhető, Interoperable=Feldolgozható, Reuseable=Újrahasznosítható) történő összekapcsolásával az ELIXIR-CONVERGE célja kiépíteni egy nemzeti szintű kapacitást, és megtervezni a fenntartható Csomópontok működtetésének tervét az elosztott kutatási infrastruktúrákban.

A projektet Niklas Blomberg, az ELIXIR igazgatója koordinálja (az ELIXIR Központban). Az igazgatót az irányító testület felügyeli, amely testület a CONVERGE munkacsoport vezetőiből és az ELIXIR igazgatóból áll. Az igazgatótanács véleményét az ELIXIR Csomópont Vezető Testület (Heads of Nodes Committee) kapja meg, illetve az ELIXIR Tudományos Tanácsadó Testület (Scientific Advisory Board SAB) és az ELIXIR Ipari Tanácsadó Testület (Industry Advisory Committee) véleményezi.

Az ELIXIR CONVERGE-ben a magyar részvételt koordinálják:

- *Természettudományi Kutatóközpont*
- *Debreceni Egyetem*
- *Pécsi Tudományegyetem*
- *Nemzeti Agrárkutatási és Innovációs Központ*



Az ELIXIR-CONVERGE célkitűzései:

1. *A transznacionális élettudományi adatkezelési támogatás modelljének kidolgozása.*
2. *Az európai adatkezelési kapacitás erősítése átfogó képzési program révén.*
3. *A nemzeti adatkezelési szabványok és szolgáltatások összehangolása egy adatkezelési eszközkészlet segítségével.*
4. *A nemzeti beruházások összehangolása az ELIXIR helyi hatásainak és globális befolyásának növelése érdekében.*

Munkacsomagok (Work Packages/WPs) és vezetőik:

WP1: Szakértői hálózat (Expert network)

(Bengt Persson /Uppsala University/, Jiri Vondrasek /ÚOCHB/, Silvio Tosatto /CNR/)

WP2: Készségek és képzések fejlesztése (Training and Capacity Building)

(Celia van Gelder /DTL Projects/, Alexia Cardona /University of Cambridge/, Patricia Palagi /SIB/, Brane Leskosek /University of Ljubljana/)

WP3: Közös adatmenedzsment eszköztár (Common Data Management Toolkit)

(Frederik Coppens /VIB/, Inge Jonassen /University of Bergen/, Carole Goble /University of Manchester/)

WP4: Fenntarthatóság, kommunikáció, nemzetközi és ipari kapcsolatok (Communications, Industry, International, Impact and Sustainability)

(Andrew Smith /ELIXIR Hub/, Corinne Martin /ELIXIR Hub/)

WP5: Hasznosítási projektek (Demonstrator Projects)

(Anne-Françoise Adam-Blondon /INRAE/, Salvador Capella-Gutierrez /BSC/, Alfonso Valencia /BSC/)

WP6: Projektmenedzsment és tudományos koordináció (Project Management and Scientific Coordination)

(Juan Arenas Marquez /ELIXIR Hub/, Hannah Hurst /ELIXIR Hub/)



ONKOLÓGIAI KUTATÁSOK AZ ELIXIR MAGYARORSZÁG KONZORCIUM KUTATÓCSOPORTJAIBAN

Onkológiai Biomarker Kutatócsoport, Természettudományi Kutatóközpont

Csoportvezető: Györfly Balázs

A kutatócsoport a terápiás választ előrejelző prediktív és a túlélést előrejelző prognosztikus onkológiai biomarkerek azonosításán dolgozik. Ezen a területen elsősorban multi-omikai (genomika, transzkriptomika, proteomika) adatok kombinálásával, valamint az ezek automatizált feldolgozására készített programok fejlesztésén dolgoznak.

Metabolikus Gyógyszer-kölcsönhatások Kutatócsoport, Természettudományi Kutatóközpont

Csoportvezető: Monostory Katalin

Célunk a daganat-terápia során kialakuló rezisztencia farmakokinetikai okainak feltárása, amelyek a daganatsejtekben bekövetkező gyógyszer-elimináció megváltozására, az egyes fehérje komponensek (gyógyszer-metabolizáló enzimek és transzporter fehérjék) és szabályzó elemek fokozott (vagy csökkent) expressziójára és aktivitására vezethetők vissza. A folyamatban résztvevő fehérjék funkció-vesztő mutációi, valamint a kariotípus változás okozta gén-deleció/multiplikáció (hCNV) miatt bekövetkező megváltozott gyógyszer-eliminációt vizsgáljuk 1) nem rezisztens, illetve mesterségesen rezisztenssé tett daganatos sejtvonalakon, 2) és betegekből származó daganatos mintákon.

Személyreszabott Orvoslás Kutatócsoport, Debreceni Egyetem

Csoportvezető: Bálint Bálint László

A csoport kutatási területe a transzkripció szabályozás, azon belül is, annak a vizsgálata, hogy a kromatin szintű szabályozási folyamatok hogyan befolyásolják a génkifejeződést. Vizsgálati modellje az emlődaganat mely a rendelkezésre álló nagy volumenű genomikai adatok által lehetővé teszi ezen szabályozási folyamatok in silico térképezését és célzott kísérletekkel új hipotézisek tesztelését. Ezzel a megközelítéssel sikerült először bemutatniuk, a szuperenhanszerek ösztrogén függő megszületését emlődaganatos sejtekben. Legújabb kutatásaikban az NR2F2 magreceptor szerepét térképezték kromatin szinten több daganatos sejttrendszerben, bemutattva a specifikus genetikai programokban és a túlélésben betöltött szerepét.

Molekuláris Onkohematológia Kutatócsoport, Semmelweis Egyetem

Csoportvezető: Bödör Csaba

A Molekuláris Onkohematológia Kutatócsoport (Semmelweis Egyetem, I.sz. Patológiai és Kísérleti Rákkutató Intézet) különböző lymphomák és leukémiák esetében végez genomikai és epigenomika kutatásokat, valamint diagnosztikus fejlesztéseket a legkorszerűbb új-generációs szekvenálási és bioinformatikai eljárások alkalmazásával. A kutatások és célja a betegség lefolyásával és különböző célzott terápiákra adott válaszkészséggel kapcsolatba hozható biomarkerek azonosítása, valamint a terápiák szelekciós nyomásának hatására kialakuló klonális evolúció időbeli és térbeli aspektusainak feltérképezése.

Bioinformatika Tanszék, Semmelweis Egyetem

Csoportvezető: Szász Attila Marcell

Munkánk során olyan vizsgálatokat végzünk, amelyek segítenek abban, hogy a tumoros folyamatokat térben és időben jobban megértsük. Ezáltal diagnosztikus és terápiás lehetőségeinket fejlesztjük, a daganatos megbetegedések ellen hatékonyabb fellépést lehetővé téve.

Bioinformatikai Kutatócsoport, Pécsi Tudományegyetem, Szentágotthai János Kutatóközpont

Csoportvezető: Gyenesei Attila

Kiemelkedő halálozási kockázattal járó betegségek gyógyításának eredményességét elősegítő DLBCL, AML és ALL betegségekben szenvedő, legalább 5 éves követéssel rendelkező betegek diagnosztikus elemzése újgenerációs szekvenálási eljárásokkal és modern bioinformatikai elemzési módszerekkel.

Nemzeti Rákregiszter, Országos Onkológiai Intézet

Csoportvezető: Kenessey István

A hazai daganatos populációban leíró statisztikai vizsgálata különböző szempontok szerinti megoszlást illetően, illetve a különböző betegségek retrospektív túlélési analízise. Emellett a daganatos kezelési módszerek potenciális prediktív faktorainak feltárása különböző preklinikai és klinikai modellek segítségével.

További információk:

<http://www.elixir-hungary.org/daganatok>



Molekuláris Onkohematológia Kutatócsoport, Semmelweis Egyetem



Metabolikus Gyógyszer-kölcsönhatások Kutatócsoport, Természettudományi Kutatóközpont



Onkológiai Biomarker Kutatócsoport, Természettudományi Kutatóközpont

COVID-19 KUTATÁSOK AZ ELIXIR MAGYARORSZÁG KONZORCIUM KUTATÓCSOPORTJAIBAN

Páratlanul sok tudományos erőfeszítésre kerül sor világszerte az új koronavírus járvány (COVID-19) leküzdése érdekében. Az egyik legnagyobb kihívás ebben a gyorsan változó helyzetben, az adatok és az eredmények összehangolt megosztása a betegség megértésére, valamint a kezelések és oltások kidolgozása érdekében.

Ennek a kihívásnak a kezelésére az EMBL-EBI és partnerei létrehozták a COVID-19 adatportált, amely összefogja az EMBL-EBI-hez és más, nagyobb orvosbiológiai adatközpontokhoz beérkezett adatkészleteket. A cél az adatok megosztásának és elemzésének megkönnyítése, valamint a koronavírus-kutatás felgyorsítása.

A COVID-19 adatportál lehetővé teszi a kutatók számára, hogy feltöltsék, hozzáférjenek és elemezzék a COVID-19-re vonatkozó referenciaadatokat és speciális adatkészleteket.

Az adatok gyors és nyílt megosztása jelentősen felgyorsítja a kutatást és a felfedezéseket, amelyek elengedhetetlenek a COVID-19 világjárvány kezelésére. Az Európai Bizottság és az EMBL Európai Bioinformatikai Intézete (EMBL-EBI) az EU-tagállamokkal és olyan kutatási partnerekkel, mint például az ELIXIR, egy külön európai COVID-19 adatplatformot hoz létre, amely lehetővé teszi a rendelkezésre álló kutatási adatok gyors összegyűjtését és azok átfogó megosztását, a különböző európai és globális kutatóközösségek számára. Ez az együttes összefogás prioritást élvez a European Open Science Cloud (EOSC) céljainak megvalósításában.

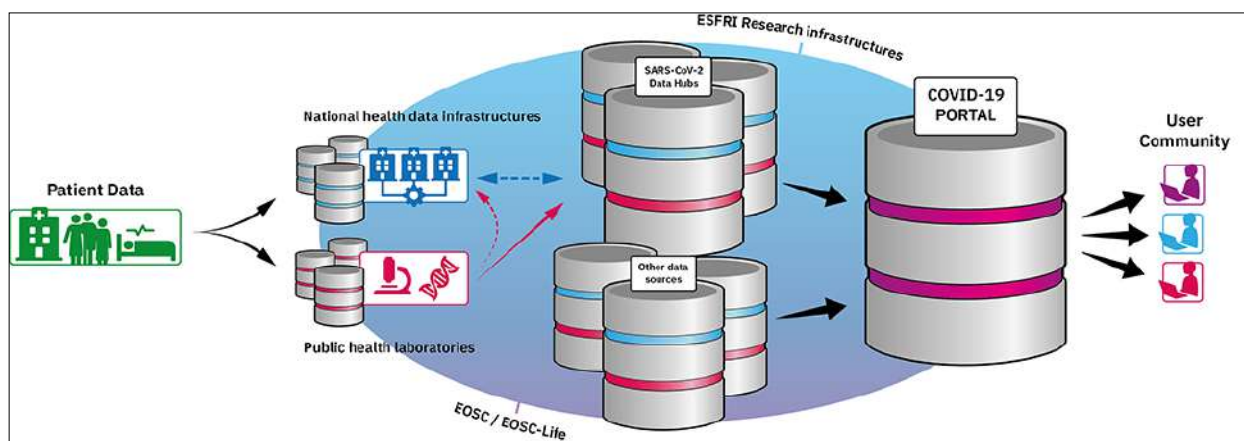
Az európai COVID-19 adatplatform két összekapcsolt összetevőből áll:

SARS-CoV-2 Data Hub-ok, amelyek megszervezik a SARS-CoV-2 adatok áramlását és átfogó nyílt adatmegosztást biztosítanak az európai és a globális kutatóközösségek számára.

A **COVID-19 adatportál**, amely egyesíti és folyamatosan frissíti a vonatkozó COVID-19 adatkészleteket és eszközöket, fogadja a szekvenenciaadatok megosztását és megkönnyíti a hozzáférést más SARS-CoV-2 erőforrásokhoz.

A 2020. április 20-án indult EU COVID-19 Data Platform fejlesztésében az ELIXIR-Magyarország vezető kutatója, Csabai István és csoportja (ELTE) is részt vesz.

Ennek az új összefogásnak a vezetője az EMBL-EBI és holland, dán valamint német kutatóintézetek mellett az Eötvös Loránd Tudományegyetem is tagja. Az együttműködés célja, hogy a vírus kutatásából eredő nagy mennyiségű adatot összegyűjtse, rendszerezze és ingyenesen hozzáférhetővé tegye a kutatók számára, ezzel is segítve a járvány terjedésének nyomkövetését, illetve lehetséges gyógymódok ki-fejlesztését.



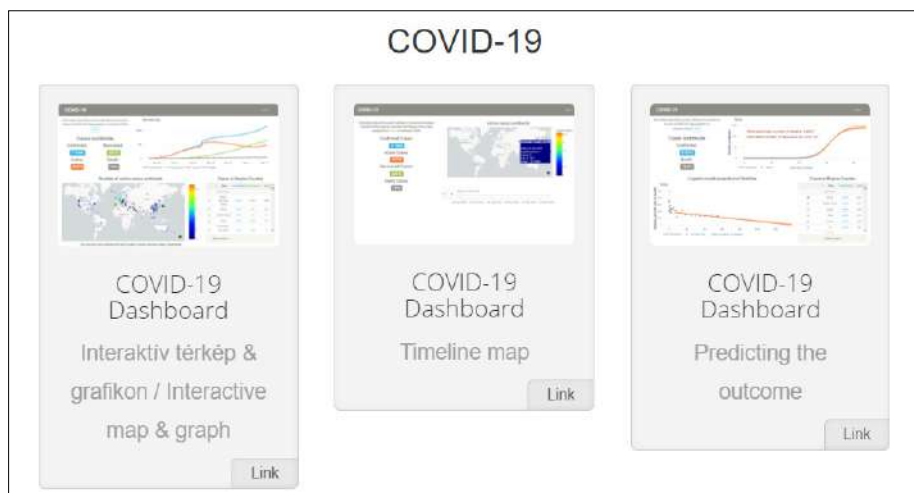
Forrás: <https://www.covid19dataportal.org/partners>

A COVID-19 járvánnyal kapcsolatos kutatást végző csoportok az ELIXIR Magyarországon belül:

Csabai István és csoportja (Eötvös Loránd Tudományegyetem)

Csabai István ELIXIR vezető kutató és csapata fejlesztett egy honlapot, amely a koronavírus járvány (COVID-19) helyzetéről nyújt információt. A weboldalon megjelenített regionális és globális szintű adatok naponta frissülnek. A csoport ezen kívül még két, COVID-19 járvánnyal foglalkozó honlapot hozott létre, melyek közül az egyik a járvány országokénti kimenetelét prediktálja, a másik pedig a járvány időbeni terjedését mutatja be.

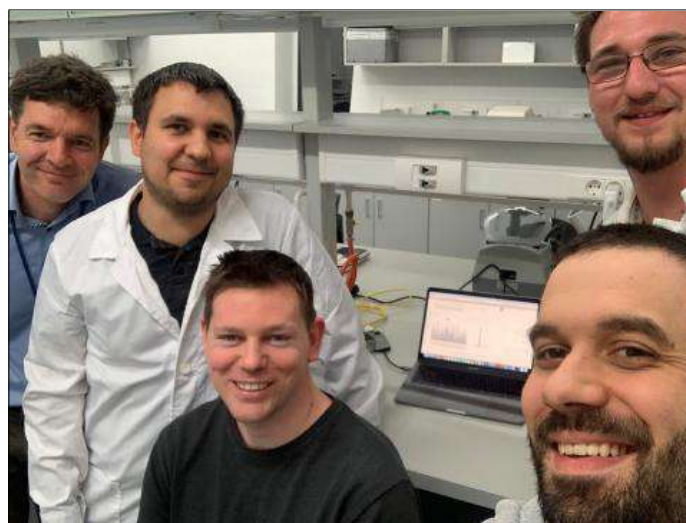
<http://csabaibio.elte.hu/tools/veo/covid19.html>



Bioinformatikai Kutatócsoport (Pécsi Tudományegyetem, Szentgothárd Kutatóközpont)

A Dr. Gyenesei Attila, az ELIXIR technológiai koordinátora által vezetett Bioinformatikai Kutatócsoportnak sikerült Magyarországon először meghatározni a koronavírus genomját. A csoportból Urbán Péter és Tóth Gábor Endre a szekvenálási (NGS), míg Dr. Herczeg Róbert az adatfeldolgozási és kiértékelési folyamatokban vett részt. A csoport szorosan együttműködött az Szentgothárd Kutatóközpont Virologiai Kutatócsoportjának munkatársaival, Prof. Dr. Jakab Ferencsel és Dr. Kemenesi Gáborral, akik egy páciens mintájából izolálták a vírust.

https://szkk.pte.hu/hu/hirek/megvan_az_első_magyar_koronavirus_genom



SZOLGÁLTATÁS: GALAXY SZERVER

A genomikai adatgenerálás robbanásszerűen megnövelte a biológiai rendszerek jellemzésére rendelkezésre álló adatmennyiséget. Az óriási adatmennyiség feldolgozása lassúbb, mint az adatgenerálás sebessége, és a sebességet meghatározó lépés a rendelkezésre álló humán erőforrás.

A bioinformatikai szakemberek döntően informatikai-matematikai alapképzettséggel vagy biológiai alapképzettséggel rendelkeznek, és a két területen használt nomenklatúrák, gondolkodási sémák akadályai a sikeres együttműködések kialakításának.

Az elmúlt évtizedben alakult ki, és mára érett adatelemzési környezetté vált a Galaxy platform, mely sikeresen tudja ötvözni a parancssoros és grafikus felületen megvalósuló genomikai adatelemzést. A Galaxy platform bevezetése a bioinformatikai oktatásba sikeresen járulhat hozzá a bioinformatikai szakemberképzés sikeréhez, és ezáltal felgyorsíthatja ezen határterület fejlődését.

A Galaxy projekt 2005-ben hozták létre, melynek központi eleme egy ingyenesen használható, grafikus kezelői felületen keresztül elérhető és elemzési funkciókkal rendelkező adatfeldolgozó rendszer, a Galaxy platform (Giardine et al., 2005; Afgan et al., 2018). A grafikus felület miatt a Galaxy platform használata nem igényel programozói tudást, így valósítja meg a projekt egyik fő célkitűzését, az általános hozzáférhetőséget. Ugyanakkor viszont a rendszer bioinformatikai eszközei, programjai a bioinformatikusok számára a központi tárhelyen keresztül szabadon elérhetőek, ami biztosítja az elemzések átláthatóságát, és megkönnyíti a fejlesztéseket is. A Galaxy platform jelenleg több mint nyolcvan ingyenes szerveren és ennél is több nem publikus szerveren működik, és több száz akadémiai kutató közösen fejleszti – ez a több lábbon álló, sokszínű, eleven fejlesztői és oktatói közösség egyfajta biztosíték is a rendszer fennmaradására. A Galaxy platform elérhetősége és sikeressége alapjaiban kérdőjelezi meg a bioinformatikai szoftverek üzleti modelljét. Mivel azonban a Galaxy egy olyan integráló rendszer, amelybe elvileg bármilyen adatfeldolgozó program beilleszthető, ezzel a háttérrel ma már szinte minden típusú big data analízis kivitelezhető.

2019-ben a központi Galaxy szervert egy európai hálózatba kapcsolták mely lehetővé teszi, hogy a forrás elosztás révén a felhasználók kihasználása gördülékenyebb legyen. A hálózatba kapcsolt szerverek különböző helyszíneken vannak, de a programcsomagok a Github platformon keresztül szinkronizálásra kerülnek. Friss fejlemény, hogy kidolgozásra került egy olyan munkafelület is melybe parancssoros programok kódjai tetszés szerint importálhatóak és összekapcsolhatóak a grafikus felhasználói felülettel.

(Forrás: Bálint Bálint L. - Scholtz Beáta: Teaching Bioinformatics for Students of Life Science on the GALAXY Platform, Magyar Tudomány, 181 (2020) 1, 116–120)

Az ELIXIR Galaxy Közösség a Galaxy Munkacsoportból alakult ki, amelyet 2015-ben hoztak létre, hogy figyelemmel kísérjék és előmozdítsák a Galaxy használatát az ELIXIR-ben.

Az Elixir Galaxy Közösséget 2018-ban hozták létre. Az ELIXIR Galaxy Munkacsoport (2015-18) által végzett munkára épül, és célja:

- *A Galaxy közösségek európai hálózatának felépítése.*
- *A Galaxy tréningek kibővítése.*
- *Galaxy felhőinfrastruktúra létrehozása egész Európában.*
- *Az adatok hozzáférhetőségének és továbbításának megkönnyítése.*
- *Az eszközök és az adatok integrációjának fejlesztése.*
- *A FAIR alapelveinek népszerűsítése a Galaxy-val.*

<https://training.galaxyproject.org/>
<https://usegalaxy.eu/>

SZERVER: EGA

Az európai genomfenom-archívum (EGA) célja a humán genetikai és fenotípus-adatok megosztásának felgyorsítása, összhangban a helyi etikai szabályokkal és a nemzetközi szabványokkal, így lehetővé téve a molekuláris orvostudomány fejlődését.

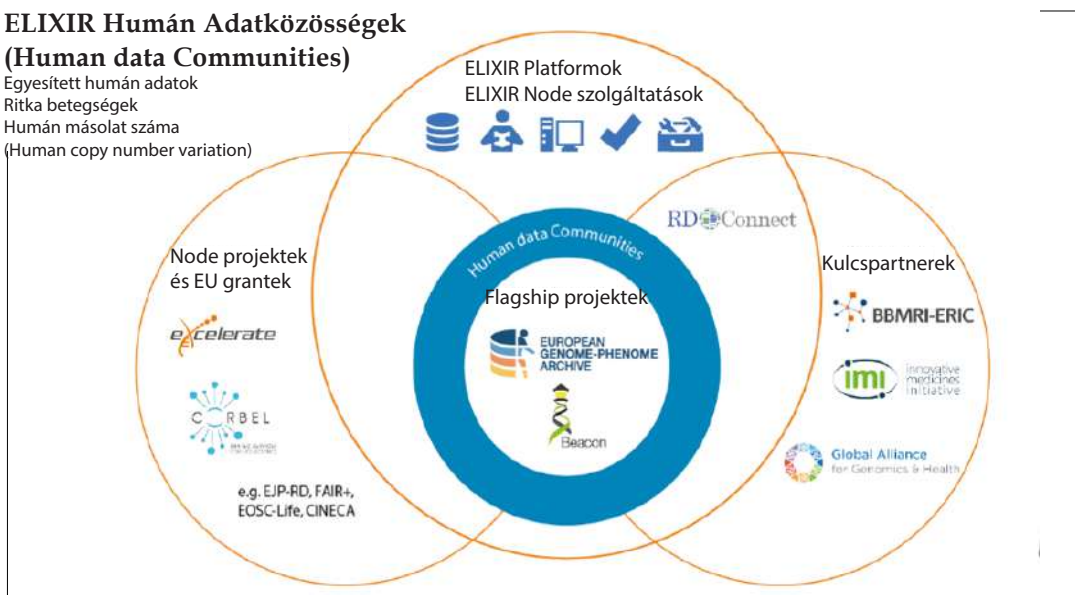
Az EGA erőforrás az orvosbiológiai kutatási projektekből származó, potenciálisan azonosítható, biomolekuláris és fenotípusos adatok bármilyen fajtájának állandó, biztonságos archiválására és megosztására. Az ehhez szükséges adatokat a kutatóközpontok és egészségügyi intézmények szolgáltatják. Az EGA által partnerség jöhet létre a regionális és nemzeti kezdeményezések között, illetve hozzáférést biztosít további erőforrásokhoz és szakértelemhez.

Az EGA-t az EBI (European Bioinformatics Institute) hozta létre 2008-ban, jelenlegi céljuk egy közös együttműködés létrehozása (ELIXIR Europe-al összefüggésben), a személyreszabott orvoslás fejlesztésére.

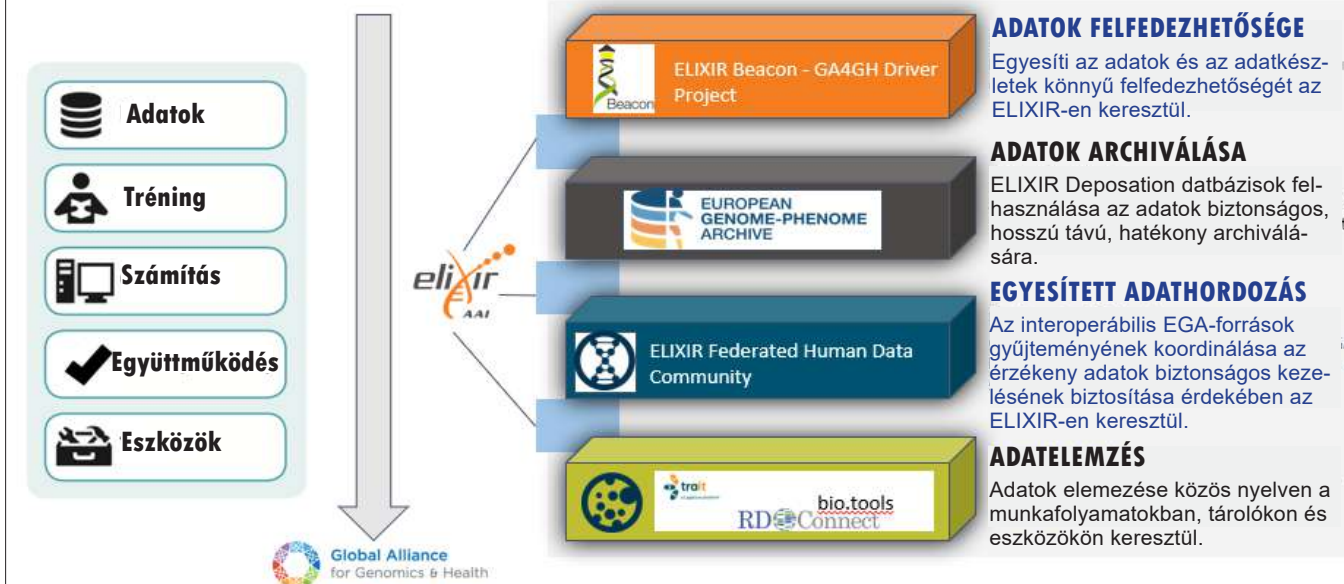
<https://ega-archive.org/>

ELIXIR Humán Adatközösségek (Human data Communities)

Egyesített humán adatok
Ritka betegségek
Humán másolat száma
(Human copy number variation)



ELIXIR HUMÁN GENOMIKAI & TRANZLÁCIÓS ADATOK



EURÓPAI LEVELEZŐ LISTÁK

Az ELIXIR nagy hangsúlyt fektet a közös munkára az egyes Csomópontok között, így ezért létrehoztak egy kiterjedt levelező lista rendszert. Az egyes ELIXIR tagországok kutatói az Intranet-en keresztül csatlakozhatnak a különböző, számukra érdekes levelező listákra, miután regisztráltak az ELIXIR oldalán. Ezen levelező listák a Platform és Közösségek rendszerére épülnek. Minden egyes témának az ELIXIR közösség felelősöket jelöl meg, akik irányítják a munkát. A témákon belül találhatóak munkacsomagok (Work packages - WP), amelyek még inkább konkretizálják az egyes célokhoz szükséges lépéseket. A közös célok megállapítása kulcsfontosságú a munka előrehaladása szempontjából, illetve ezen levelező listákat kiegészítve online meetingek is rendszeresek.

Platform csoportok:

- Cloud
- Interoperability: BYOD
- Compute
- Interoperability: Identifiers
- Compute: Integration
- Interoperability: RDA Activities
- Compute: Storage and Data Transfer
- Tools
- Data
- Training
- Interoperability
- Training: Software and Data Carpentries
- Interoperability: Bioschemas

Community csoportok:

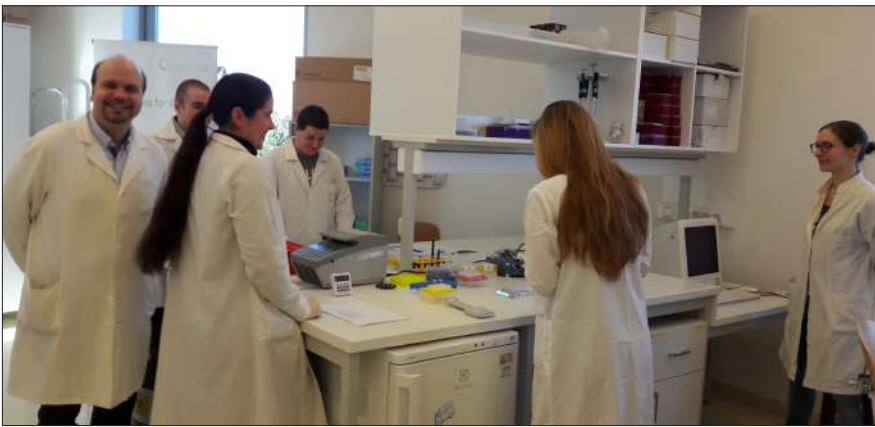
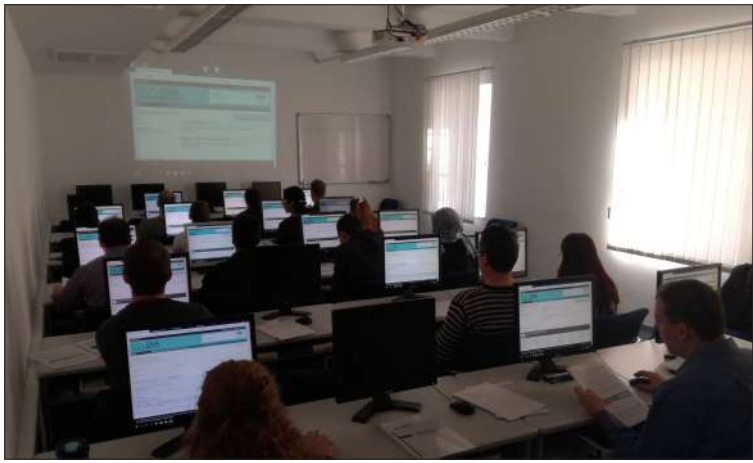
- 3D-BioInfo
- Human Data
- Galaxy
- Human Copy Number Variation (hCNV)
- Human Data: Beacon
- Intrinsically Disordered Protein (IDP)
- Marine Metagenomics
- Metabolomics
- Microbial Biotechnology
- Plant Sciences
- Proteomics
- Rare Diseases

Egyéb csoportok:

- Communication
- Project Management Network (PMN) - EC Focus Group
- Event organisers
- Socio-Economic Impact
- Industry

MAGYAR ELIXIR ESEMÉNYEK (2015-2019)

Intézmény	Kar, intézet	Esemény neve	Kurzusvezető/k	Időpont
Semmelweis Egyetem	ÁOK I.sz. Patológiai és Kísérleti Rákkutató Intézet	Data Carpentry	Sebestyén Endre	2019. 04. 17-18.
Debreceni Egyetem	ÁOK Biokémiai és Molekuláris Biológia Intézet	Train the Trainer workshop	Dr. Bálint Bálint László	2019. 02. 18.-19.
Debreceni Egyetem	ÁOK Biokémiai és Molekuláris Biológia Intézet	Bioinformatics Training Tools	Dr. Marko Vidak, Dr. Berenice Batut	2019. 02. 20.
Debreceni Egyetem	ÁOK Biokémiai és Molekuláris Biológia Intézet	Introduction to R programming (Software Carpentry workshop)	Dr. Marco Chiapello, Dr. Fotis Psomopoulos	2018. 11. 17-18.
Debreceni Egyetem	ÁOK Biokémiai és Molekuláris Biológia Intézet	RNA Seq Data Analysis by using the Galaxy platform	Dr. Scholtz Beáta	2018. 11. 17-18.
Debreceni Egyetem	ÁOK Biokémiai és Molekuláris Biológia Intézet	RNS szekvenálás a gyakorlatban	Dr. Bálint Bálint László	2018. 01. 29.-02. 02.
Semmelweis Egyetem	ÁOK Genomikai Medicina és Ritka Betegségek Intézete	Alap bioinformatikai ismeretek új generációs szekvenáláshoz	Dr. Molnár Mária Judit	2017. december
Semmelweis Egyetem	ÁOK Genomikai Medicina és Ritka Betegségek Intézete	OFTEX kurzus: Bioinformatika	Dr. Molnár Mária Judit	2015. október



Debrecen, 2019.

MEGRENDEZÉSRE KERÜLT BIOINFORMATIKAI KURZUSOK

2019/20-as tanév hazai bioinformatika kurzusai:

Intézmény	Szervezeti egység	Kurzus címe	Kurzusvezető
Debreceni Egyetem	Általános Orvostudományi Kar Biokémiai és Molekuláris Biológia Intézet	Genomi bioinformatika	Dr. Barta Endre
Debreceni Egyetem	Általános Orvostudományi Kar Biokémiai és Molekuláris Biológia Intézet	Génexpresszió analízis és funkcionális genomika (Adatanalízis a Galaxy platformon)	Dr. Scholtz Beáta
Debreceni Egyetem	Általános Orvostudományi Kar Biokémiai és Molekuláris Biológia Intézet	Genomikai Módszerek (KLLK MSC)	Dr. Bálint Bálint László
Debreceni Egyetem	Általános Orvostudományi Kar Biokémiai és Molekuláris Biológia Intézet	Kvantitatív proteomikai módszerek kidolgozása és alkalmazása	Dr. Csósz Éva
Semmelweis Egyetem	Általános Orvostudományi Kar, Élettani Intézet	Bioinformatika és genomanalízis az orvostudományban	Dr. Cserző Miklós
Semmelweis Egyetem	Általános Orvostudományi Kar I. sz. Patológiai és Kísérleti Rákkutató Intézet	Adatelemzés és programozás orvos biológusoknak II.	Dr. Sebestyén Endre
Eötvös Lóránd Tudomány Egyetem	Természettudományi Kar Fizikai Intézet Biológiai Fizika Tanszék	Bioinformatika, Gráfok a bioinformatikában Szerkezeti bioinformatika	Dr. Farkas Illés
Eötvös Lóránd Tudományegyetem	Természettudományi Kar Biológiai Intézet Genetikai Tanszék	Bioinformatika	Dr. Ari Eszter
Eötvös Lóránd Tudományegyetem	Természettudományi Kar Biológiai Intézet Biokémia Tanszék	Kezdő programozás biológusoknak	Dr. Erdős Gábor
Eötvös Lóránd Tudományegyetem	Természettudományi Kar Biológiai Intézet Biokémia Tanszék	Fehérje bioinformatikai eszközök alkalmazása a gyakorlatban	Dr. Dosztányi Zsuzsanna
Eötvös Lóránd Tudományegyetem	Természettudományi Kar Biológiai Intézet Biokémia Tanszék	Bioinformatika	Dr. Dosztányi Zsuzsanna
Eötvös Lóránd Tudományegyetem	Természettudományi Kar Matematikai Intézet, Számítógéptudományi Tanszék	Bioinformatika	Dr. Grolmusz Vince
Eötvös Lóránd Tudományegyetem	Természettudományi Kar Növényrendszertani, Ökológiai és Elméleti Biológiai T.	Táplálékhalózatok szerveződése	Dr. Jordán Ferenc
Eötvös Lóránd Tudományegyetem	Természettudományi Kar Növényrendszertani, Ökológiai és Elméleti Biológiai T.	Python programozás	Dr- Kun Ádám
Eötvös Lóránd Tudományegyetem	Természettudományi Kar Növényrendszertani, Ökológiai és Elméleti Biológiai T.	Programozás biológusoknak	Dr. Kun Ádám
Eötvös Lóránd Tudományegyetem	Természettudományi Kar Biokémia tanszék	Bevezetés a bioinformatikába (MSc), Bevezetés a fehérje bioinformatikába (PhD)	Dr. Tusnády Gábor

Intézmény	Szervezeti egység	Kurzus címe	Kurzusvezető
Állatorvostudományi Egyetem	Élettani és Biokémiai Tanszék	Bioinformatika	Dr. Bartha Tibor
Állatorvostudományi Egyetem		Bioinformatikai praktikum I., II.	Dr. Solymosi Norbert
Állatorvostudományi Egyetem		Bioinformatikai praktikum (PhD)	Dr. Solymosi Norbert
Állatorvostudományi Egyetem	Ökológiai Tanszék	Térinformatika	Dr. Bede-Fazekas Ákos
Pécsi Tudományegyetem	Természettudományi Kar Genetikai és Molekuláris Biológiai T.	Bioinformatika	Dr. Putnoky Péter
Pázmány Péter Katolikus Egyetem	Információs Technológiai és Bionikai Kar	Integrált szerkezeti bioinformatika, Java programozás bionikusoknak	Dr. Gáspári Zoltán
Pázmány Péter Katolikus Egyetem	Információs Technológiai és Bionikai Kar	Bevezetés a bioinformatikába	Dr. Pongor Sándor
Pázmány Péter Katolikus Egyetem	Információs Technológiai és Bionikai Kar	Számítógépes rendszerbiológia II.	Dr. Csikász-Nagy Attila
Szent István Egyetem	Tájépítészeti és Tájökológiai Doktori Iskola	Geostatisztika a tájépítészetben	Dr. Bede-Fazekas Ákos
Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi Egyetem	Vegyésmérnöki és Biomérnöki Kar Alkalmazott Biotechnológia és Élelmiszer-tudományi T.	Bioinformatika	Dr. Pongor Sándor, Dr. Budinszky András
Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi Egyetem	Vegyésmérnöki és Biomérnöki Kar Szerves Kémia és Technológia Tanszék	Bioinformatika 2 - proteomika	Dr. Poppe László
Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi Egyetem	Villamosmérnöki és Informatikai Kar Méréstechnika és Információs Rendszerek Tanszék	Bioinformatika	Dr. Antal Péter
Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi Egyetem	Természettudományi Kar, Algebra Tanszék	Bioinformatika	Dr. Miklós István
Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi Egyetem	Természettudományi Kar, Sztochasztika Tanszék	Sztochasztikus modellek a bioinformatikában	Dr. Tóth Bálint
	Budapest Semesters in Mathematics	Combinatorial and algorithmic aspects of bioinformatics	Dr. Miklós István

ELTE Biológia MSc angol nyelvű Bioinformatika specializáció kurzusok:
Specializáció felelős: Dr. Dosztányi Zsuzsanna

Kurzus címe	Tárgyfelelős
Bioinformatics	Dr. Vellai Tibor
Biometry, advanced biostatistics	Dr. Podani János
Bioethics and Philosophy of Science	Dr. Lőw Péter
Research methods	Dr. Miklósi Ádám
Genetechnology	Dr. Málnási-Csizmadia András
Systems and omics biology	Dr. Dobolyi Árpád
Nature and humankind I.	Dr. Oborny Beáta
Advanced Methodology I.	Dr. Nyitray László
PYTHON programming for biologists	Dr. Kun Ádám
Computational Biology Algorithms	Dr. Dosztányi Zsuzsanna
Analysis of Omics Data	Dr. Vellai Tibor
Structural bioinformatics	Dr. Gáspári Zoltán
Advanced Methodology II.	Dr. Dosztányi Zsuzsanna
Advanced R programming for biologists	Dr. Vellai Tibor
Phylogenetics	Dr. Szöllősi Gergely
Seminars in bioinformatics	Dr. Dosztányi Zsuzsanna
Data Exploration and Visualization	Visontai Dávid
Data Mining and Machine Learning	Dr. Csabai István
Data Models and Databases in Science	Dr. Dobos László
Mathematical modelling in biology I.	Dr. Szilágyi András
Computer modelling in biology	Dr. Müller Viktor
Reconstructing evolutionary history from molecular sequences	Dr. Szöllősi Gergely
Protein Science	Dr. Kovács Mihály
Gene technology	Dr. Nyitray László
Genetics and population genetics	Dr. Vellai Tibor
Genomics	Dr. Egyed Balázs
Evolutionary game theory	Dr. Scheuring István
Models of Systems Biology	Dr. Szathmáry Eörs
Immunology	Dr. Kacs Kovics Imre
Plant ionomics	Dr. Fodor Ferenc
Writing Scientific Papers in English	Dr. Böddi Béla
Classical and molecular bacterial taxonomy	Dr. Tóth Erika
Classical and molecular methods in microbiology	Dr. Tóth Erika
Regulation of prokaryotic gene expression	Dr. Varga Máté
Regulatory biology	Dr. Világi Ildikó

Adatintenzív és Nyitott Tudomány Program, Debreceni Egyetem

Koordinátor: Dr. Bálint Bálint László

A Debreceni Egyetem az EFOP-3.6.1-16-2016-00022 „Debrecen Venture Catapult program” című projekt keretében az Általános Orvostudományi Kar koordinálásában elindult az „Adatintenzív és Nyitott Tudomány Program” (Data Intensive and Open Science School) elnevezésű, kutatói utánpótlást és publikálást elősegítő kezdeményezés. A Program kurzusainak kialakítása során az adatelemzési készségek mellett a soft-skilllek fejlesztése is fontos szempont volt.

Kurzus címe:	Oktató neve:
R programnyelv alapok	Dr. Abari Kálmán
Sejttenyésztés alapismeretek és mintaelőkészítés	Dr. Bálint Bálint
Data Stewardship/ Adat management ismeretek	Dr. Bálint Bálint
Célzott tömegspektrometria	Dr. Csósz Éva
Tudományos írás és fogalmazás	Dr. Mózes Dorottya
Újgenerációs szekvenálás elmélete és könyvtárkészítés gyakorlat	Dr. Póliska Szilárd
Kommunikációs stílusok. Az asszertív kommunikáció	Dr. Polonyi Tünde
Valós idejű qPCR – a kísérlettervezéstől az adatanalízisig	Dr. Scholtz Beáta
NGS adatok elemzése a Galaxy platformon	Dr. Scholtz Beáta
Az áramlási citometria és sejtszortolás genomikai alkalmazásai	Dr. Szatmári István
Funkcionális genomikai módszerek I.	Dr. Széles Lajos
Sikeres kutatási pályázatok formái és tudományos jellemzői	Dr. Uray Iván
Prezentációs ismeretek	Dr. Venkovits Balázs
Stresszkezelő tréning	Emri Márta
Önismeret és munkahelyi stressz csoportfoglalkozás	Dr. Polonyi Tünde
Unix bevezető	Hajdú András

Kiadja: ELIXIR Magyarország Konzorcium
Szerkesztette: Némethy Viktória
Felelős szerkesztő: Dr. Bálint Bálint László
Felelős Kiadó: Dr. Gyórfy Balázs

2020. június 1.

<http://www.elixir-hungary.org/>



<http://www.elixir-hungary.org/>