

A BIOINFORMATIKA MAGYARORSZÁGON



KÖSZÖNTŐ

Tisztelt Olvasó!

A **magyar bioinformatika** az elmúlt pár évben igen jelentős fejlődésen ment keresztül, jelen kiadványunkban szeretnénk ennek a mérföldköveit összefoglalni: áttekintjük az ELIXIR konzorcium tevékenységeit, a bioinformatika önálló tudományággá válását, valamint az új tudományos eredményeket. A rendelkezésre álló hely korlátai miatt a kiemelkedő aktivitás ellenére vezető kutatónként csak kettő publikációt tudunk bemutatni, azonban már ezekből is jól látszik az általunk művelt tudományterület szélessége és változatosága.



Ezek mellett újra bemutatjuk azokat a szolgáltatásokat, amelyekkel a tudományos közösséget segítjük, ideértve az **eszközszolgáltatásokat**, a hazai és nemzetközi **pályázatokat**, a **web-szervereket**, valamint a nagyobb **tudományos projekteket**, ahol több kutatócsoport összehangolt munkájával dolgozunk egy-egy témán.

Oktatás terén célunk nemcsak a graduális, de a PhD hallgatók támogatása is. Ma már valamennyi nagyobb magyar egyetem tart bioinformatikai oktatást, amelyeket jelen kiadványunkban kurzusadatokkal együtt részletesen listázunk. Az ELIXIR konzorcium intézményeiből jövő kutatók számára az ELIXIR anyagi támogatást is tud adni számos európai kurzusban való részvételhez. Szintén az oktatáshoz tartozik a PhD képzésben elérhető témák összefoglalása, amely a jelenleg graduális képzésben résztvevő hallgatók számára könnyíti meg a legérdekesebb bioinformatikai témák kiválasztását.

Jelenleg dolgozunk **a magyar bioinformatikai közösség új központi honlapján**, amely a www.bioinformatics.hu címen lesz elérhető. Az ELIXIR, a Magyar Bioinformatikai Társaság, valamint az MTA és a hazai egyetemek bioinformatikai híreit, állásajánlatait, valamint az oktatással és a PhD képzéssel kapcsolatos információkat mind ezen az egy helyen fogjuk elérhetővé tenni.

Ezt a kiadványt úgy készítettük el, hogy referenciaként lehessen használni. Bár igyekeztünk mindent belevenni, hogy a lehető legátfogóbb képet tudjuk adni, azonban ez a bioinformatika mérete miatt egyszerűen lehetetlen. **Kérem írjon nekem**, amennyiben további javaslatai vannak akár a kiadvánnyal, akár a bioinformatika hazai továbbfejlesztésével kapcsolatban.

Budapest, 2022. szeptember 1.

Prof. Dr. Györfy Balázs
Egyetemi tanár, az MTA doktora,
az ELIXIR Magyarország konzorcium vezetője

KÖSZÖNTŐ 3

ELIXIR – A Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Hivatal (NKFIH) elnökhelyettesének ajánlása 6

MI A BIOINFORMATIKA? 7

1. ELIXIR MAGYARORSZÁG 8

- 1.1. AZ ELIXIR MAGYAR CSOMÓPONT 8
- 1.2. AZ ELIXIR KUTATÁSI INFRASTRUKTÚRA SEMATIKUS FELÉPÍTÉSE 9
- 1.3. AZ ELIXIR MAGYARORSZÁG KONZORCIUM INTÉZMÉNYEI 10
- 1.4. AZ ELIXIR MAGYARORSZÁG KONZORCIUM VEZETŐSÉGE 11
- 1.5. Az ELIXIR ÚJONNAN CSATLAKOZOTT INTÉZMÉNYEI 12
 - PÁZMÁNY PÉTER KATOLIKUS EGYETEM 12
 - SZEGEDI TUDOMÁNYEGYETEM 13

2. A MAGYAR BIOINFORMATIKAI TÁRSASÁG (MABIT) 14

3. MTA BIOINFORMATIKAI OSZTÁLYKÖZI TUDOMÁNYOS BIZOTTSÁG 15

ÚTMUTATÓ A BIOINFORMATIKAI OSZTÁLYKÖZI TUDOMÁNYOS BIZOTTSÁG KÖZTESTÜLETI TAGSÁGÁRA VALÓ JELENTKEZÉSHEZ 16

4. ELIXIR VEZETŐ KUTATÓK 18

5. ÉVENTE MEGHIRDETETT EGYETEMI BIOINFORMATIKA KURZUSOK 32

6. PHD-KÉPZÉS 34

- 6.1. PHD HALLGATÓK 34
- 6.2. NYITOTT PHD TÉMÁK 46
- 6.3. TESS (KÜLFÖLDI BIOINFORMATIKAI KURZUSOK) 48

7. ELIXIR ESZKÖZSZOLGÁLTATÁSOK (TOOLS SERVICES) 49

- 7.1. GALAXY SZERVER 49
- 7.2. EGA SZERVER 50
- 7.3. ADATKEZELŐ ÉS ADATSZOLGÁLTATÓ ESZKÖZÖK ÉS SZOLGÁLTATÁSOK AZ ELIXIR MAGYARORSZÁG HÁLÓZATÁBAN 51

8. PROJEKTEK 55

- 8.1. MAGYAR GENOM PROGRAM 55
- 8.2. SEMMELWEIS ONKOBANK 56
- 8.3. COVID KUTATÁSOK AZ ELIXIR MAGYARORSZÁGON BELÜL 57
- 8.4. A COVID-19 JÁRVÁNNYAL KAPCSOLATOS BIOINFORMATIKAI KUTATÁST VÉGZŐ CSOPORTOK 58

9. A MAGYAR ELIXIR KÖZÖS PROJEKTJEI

MÁS ELIXIR CSOMÓPONTOKKAL 59

- 9.1. ELIXIR-CONVERGE 60

9.2. KÖZÖS MEGBÍZÁSOS PROJEKTEK 61

- 9.2.1. A nyilvános proteomikai adatkészletek transzlációs értékének növelése 61
- 9.2.2. A hCNV (Humán Kópiaszám Variációk) munkacsoport kutatásai 62
- 9.2.3. Az eredendően rendezetlen fehérjék adatainak standardizálása 63

10. JELENTŐSEBB BIOINFORMATIKAI TUDOMÁNYOS KÖZLEMÉNYEK

AZ ELMÚLT HÁROM ÉVBŐL 64

- Prof. Dr. Bagdy György 64
- Dr. Bálint Bálint László 65
- Dr. Barta Endre 67
- Prof. Dr. Barta Zoltán 68
- Dr. Bartha Áron 69
- Prof. Dr. Bödör Csaba 70
- Prof. Dr. Csabai István 72
- Prof. Dr. Csikász-Nagy Attila 72
- Dr. Csősz Éva 73
- Dr. Dosztányi Zsuzsanna 74
- Dr. Gáspári Zoltán 76
- Dr. Gyenesei Attila 77
- Prof. Dr. Gyórfy Balázs 79
- Prof. Dr. Harrach Balázs 81
- Dr. Kenessey István 83
- Dr. Kós Péter 84
- Dr. Menyhart Otilia 84
- Dr. Monostory Katalin 86
- Prof. Dr. Patthy László 87
- Prof. Dr. Pongor Sándor 88
- Dr. Simon István 90
- Dr. Sramkó Gábor 90
- Dr. Than Nándor Gábor 91
- Prof. Dr. Tózsér József 92
- Dr. Tusnady Gábor 94

11. KAPCSOLATTARTÓK 96

- 11.1. AZ ELIXIR KONZORCIUMI TANÁCS KAPCSOLATTARTÓI 96
- 11.2. ELIXIR MAGYARORSZÁG KAPCSOLATTARTÓK 97

ELIXIR – A Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Hivatal (NKFIH) elnökhelyettesének ajánlása



Az innováció, a társadalom egésze számára releváns és fontos eredménnyel kecsegtető kutatások normál körülmények között, ha úgy tetszik békeidőben is meghatározó jelentőségűek. A pandémia időszaka alatt azt láttuk, hogy a biológiai, biotechnológiai és bioinformatikai kutatási infrastruktúrák és kutatóhelyek között tovább élénkült az együttműködés. Meggyőződésem, hogy jelenünk és jövőnk számos tudományos kihívására a kutatóhelyek hálózatszerű, szinergia-alapú együttműködése lesz képes hatékony válaszokat és megoldásokat biztosítani. Az ELIXIR Konzorcium folyamatos fejlődése és bővülése kiváló példája annak, hogy a kutatási infrastruktúrák hálózatosodása hogyan segíti az együttműködést és a társadalmi kihívásokra való hatékony választást.

Az elmúlt egy évben neves kutatóinkon keresztül két újabb hazai felsőoktatási intézmény, a Pázmány Péter Katolikus Egyetem, illetve a Szegedi Tudományegyetem csatlakozott az ELIXIR kutatási hálózatához, valamint a Nemzeti Agrárkutatási és Innovációs Központ újjáalakulását követően a Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem is az ELIXIR Konzorcium tagintézményévé vált.

Hálózatának bővítése mellett az elmúlt évben az ELIXIR Magyarország több nagyszabású és nagyjelentőségű, az ELIXIR Europe által támogatott élettudományi kutatási projekthez is csatlakozott, elsősorban a 3D-bioinformatika, a proteomika és az intrinzik rendezetlen fehérjék megismerését és megértését célzó kutatásokkal. Kiemelt jelentőségű példa a Prof. Dr. Gyórfy Balázs és kutatócsoportja által fejlesztett COVIDOUTCOME online elemzőfelületet, mely mesterséges intelligencia-algoritmusok alkalmazásával képes előre jelezni a koronavírus mutációinak hatását a vírusfertőzés lefolyására. A kutatómunka eredményei hozzájárulnak a vírusgenomban azonosított mutációk fertőzésre gyakorolt hatásának jobb megértéséhez és hatékonyabb SARS-Cov-2 ellenes terápiás stratégiák kidolgozásához.

Az említett kutatások mellett – melyekről a következő oldalakon bővebben is olvashatnak – az ELIXIR Magyarország még további jelentős, a bioinformatika területén áttörést hozható projekten és fejlesztésen dolgozik partnerhálózatának tagjaival együtt. Ahogy hazánk többi kutatási infrastruktúrájában, úgy az ELIXIR Magyarország hálózatában is különösen sok kutatási lehetőség várja a hazai kutatókat, melyeken keresztül egyrészt személyes kutatói karrierjüket is építhetik, másrészt tevékenyen kapcsolódhatnak be a nemzetközi tudományos kutatóközösség vérkeringésébe. Az eddigi kiváló kutatási eredmények ismeretében biztos vagyok benne, hogy az ELIXIR Magyarország fejlődése a jövőben is töretlenül folytatódni fog.

Budapest, 2022. augusztus

Dr. Szabó István

NKFIH tudományos és nemzetközi elnökhelyettes,
a Nemzeti Kutatási Infrastruktúra Bizottság tagja

MI A BIOINFORMATIKA?

A természettudósok és kutatók mindig próbálnak adatokat és bizonyítékokat találni ahhoz, hogy megtalálják a helyes válaszokat alapvető kérdésekre. Mostanában nincs is hiány adatokból, de keletkezett egy új probléma: az új technológiák soha nem látott sebességgel gyártják az új adatokat. Valójában olyan sokféle és annyi adatot hoznak létre azáltal, hogy összehasonlítják a biológiai adatokat, hogy ezeket az emberi elme már fel sem tudja dolgozni.

És ekkor kerül a képbe a Bioinformatika.

A bioinformatika a számítástechnika alkalmazása ahhoz, hogy megértsük és hatékonyan felhasználjuk a biológiai és orvosbiológiai adatokat. Egy olyan tudományterület, amely az élettudományi kísérletekből vagy klinikai környezetből keletkezett Big Data adatokat tárolja, elemzi és interpretálja. Ezt a multidiszciplináris területet különböző háttérrel rendelkező szakértők irányítják: biológusok, informatikusok, matematikusok, statisztikusok és fizikusok.

A Bioinformatika magában foglalja:

- **ADATBÁZISOKAT**, ahol tároljuk, kinyerjük és strukturáljuk az információt, hogy megsokszorozzuk a biológiai adatok értékét;
- **SZOFTVER ESZKÖZÖKET** biológiai adatok modellezéséhez, ábrázolásához, értelmezéséhez és összehasonlításához;
- **ANALÍZIST**, összetett biológiai adatbázisok és rendszerek elemzését, új statisztikai megközelítéseket és gépi tanulási módszereket;
- **KUTATÁST** széleskörű biológiai területen és alkalmazásokat különböző területeken a mezőgazdaságtól kezdve a precíziós orvoslásig;
- **SZÁMÍTÁSOKAT** és **ADATTÁROLÁST**, nagy mennyiségű adat feldolgozását és megőrzését.

1. ELIXIR MAGYARORSZÁG

1.1. AZ ELIXIR MAGYAR CSOMÓPONT

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 azonos szakterületen dolgozó kutatókat, illetve a saját vizsgálatukhoz kapcsolódó területen további szolgáltatásokat fejlesztenek és osztanak meg egymással. Az ELIXIR célja egy globálisan is meghatározó bioinformatikai infrastruktúra kiépítése.

A. A Csomópontok működését a Csomópontvezető (Head of Node) fogja össze

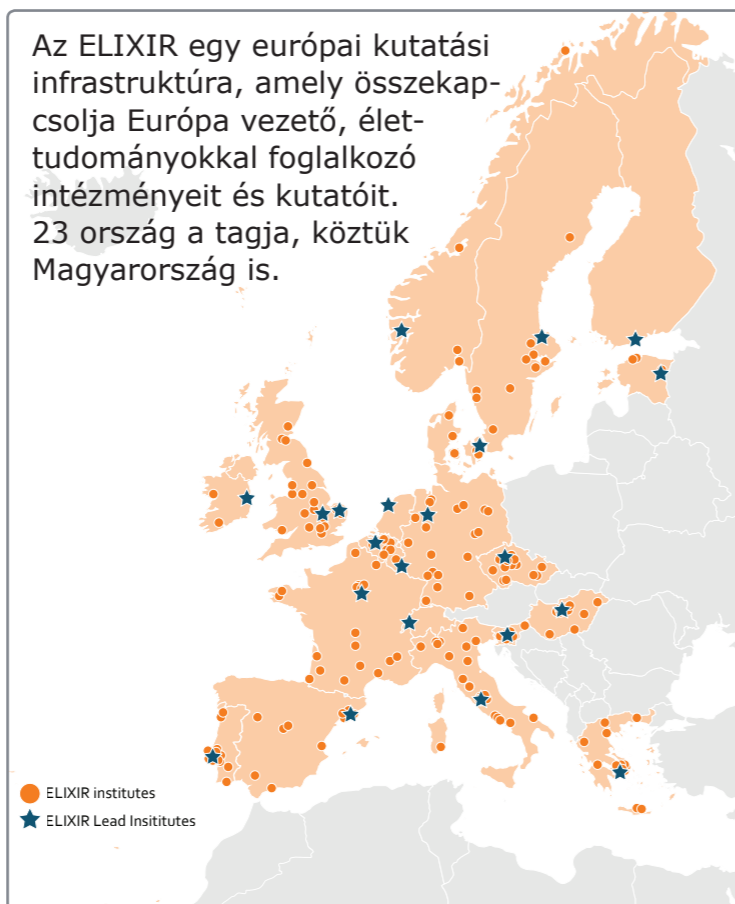
B. Technikai koordinátor (Technical Coordinator): A Csomópont tevékenységeihez szükséges infrastruktúra területén nyújt segítséget.

C. Oktatási koordinátor (Training Coordinator): 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 segítik a közös európai célok elérését.

Az ELIXIR Hungary az ELIXIR szervezetének magyarországi Node-ja, vagyis csomópontja, amely 2019-ben jött létre. A csomópont vezetője nemzeti szinten felügyeli az ELIXIR tevékenységeket. Eredetileg tizenkettő tag, nyolc egyetem és négy kutatóintézet volt, ami az elmúlt kettő évben két új taggal bővült, így már 14 tagintézménye van.

Az ELIXIR egy európai kutatási infrastruktúra, amely összekapcsolja Európa vezető, élettudományokkal foglalkozó intézményeit és kutatóit. 23 ország a tagja, köztük Magyarország is.

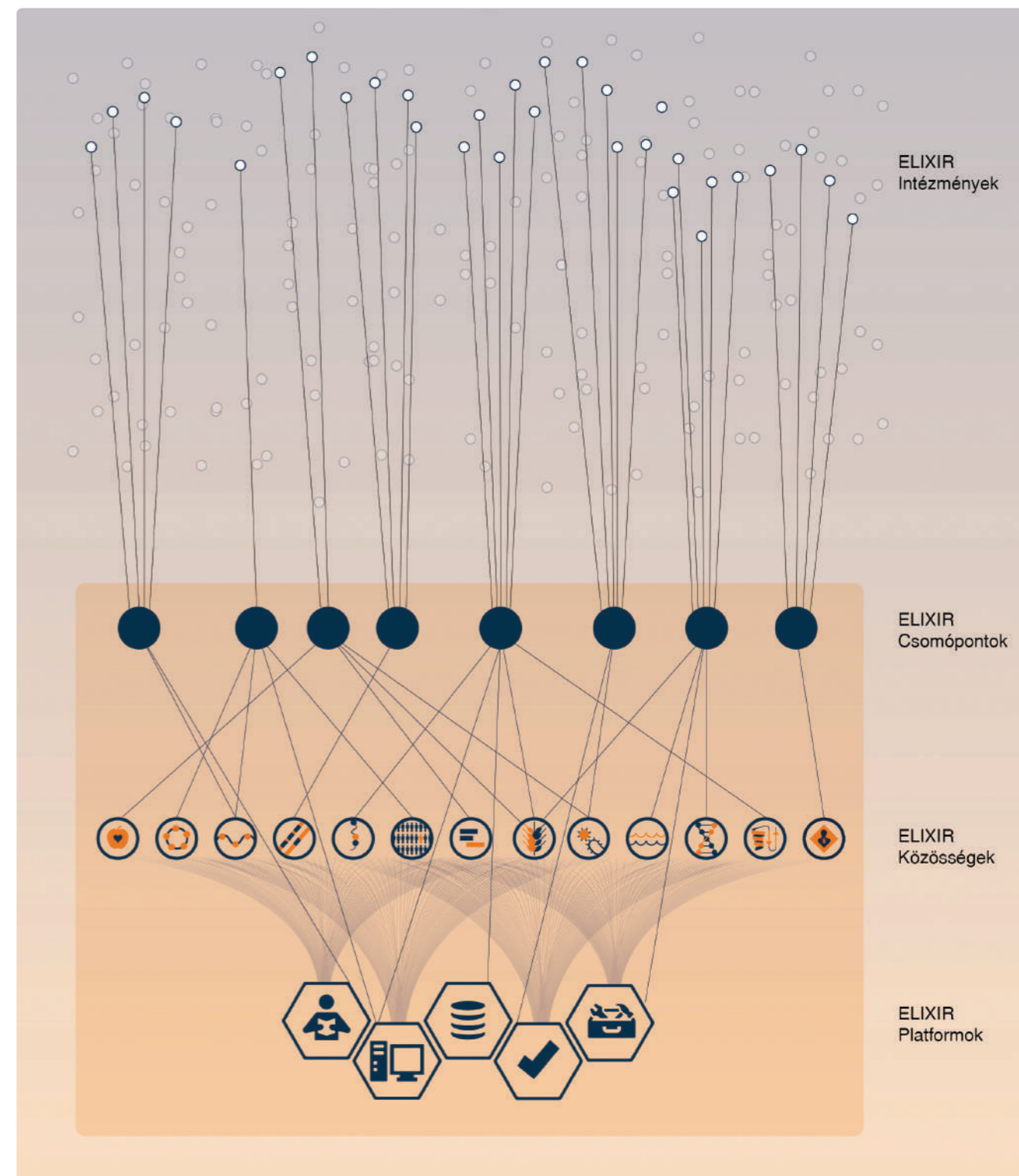


ELIXIR Magyarország Konzorcium

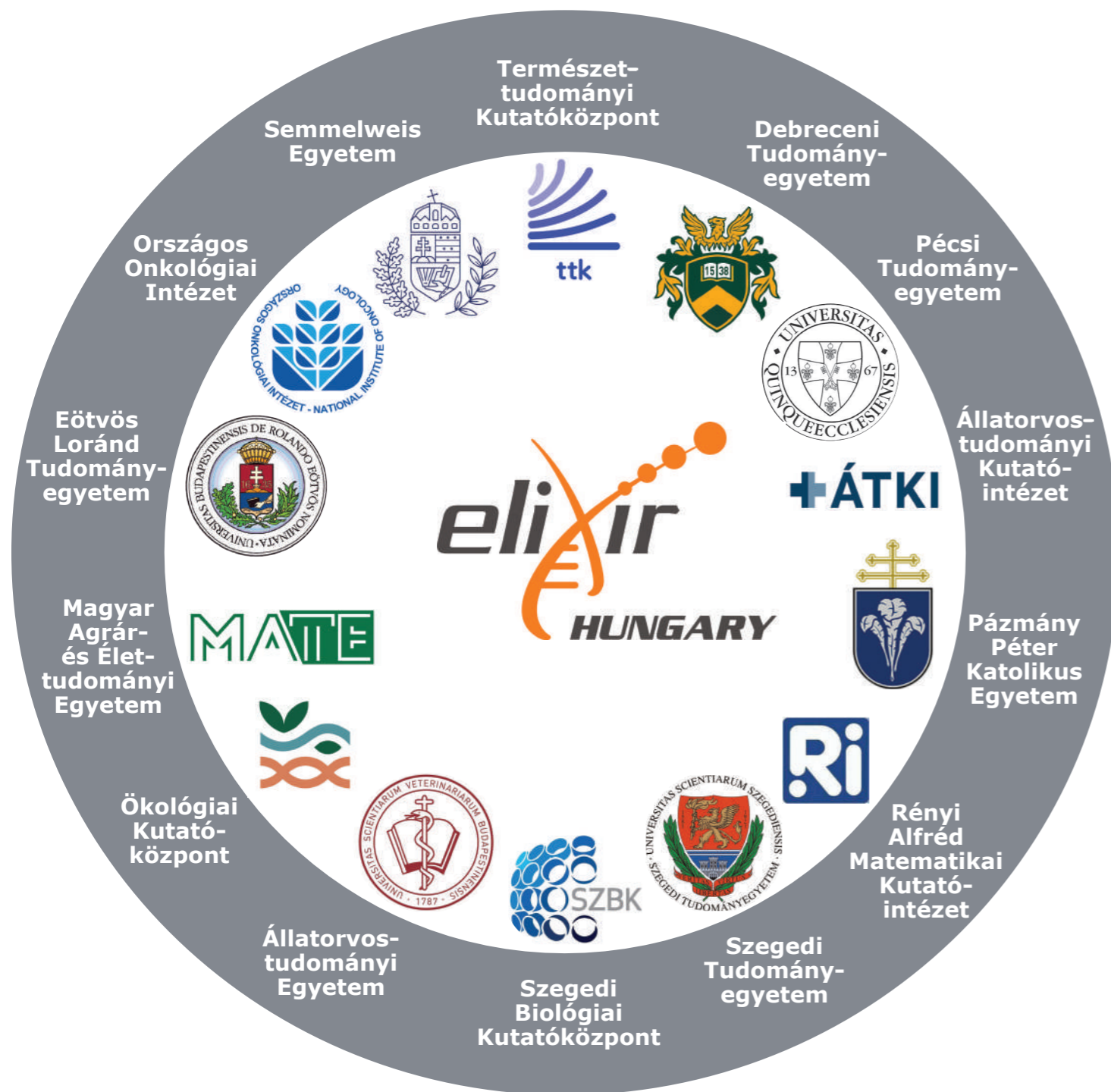
Kapcsolat: **Prof. Dr. Györffy Balázs, Csomópontvezető**

Email: gyorffy.balazs@ttk.hu

1.2. AZ ELIXIR KUTATÁSI INFRASTRUKTÚRA SEMATIKUS FELÉPÍTÉSE



1.3. AZ ELIXIR MAGYARORSZÁG KONZORCIUM INTÉZMÉNYEI



1.4. AZ ELIXIR MAGYARORSZÁG KONZORCIUM VEZETŐSÉGE



Dr. Dosztányi Zsuzsanna
Képzési Koordinátor
Eötvös Loránd
Tudományegyetem



Prof. Dr. Györfly Balázs
Az ELIXIR Magyarország
Konzorcium vezetője
TTK Enzimológiai Intézet



Dr. Bálint Bálint László
Képzési Koordinátor
Debreceni Egyetem



Dr. Barta Endre
Technikai Koordinátor
Magyar Agrár- és
Élettudományi Egyetem



Dr. Gyenesei Attila
Technikai Koordinátor
Pécsi Tudományegyetem



Lakatos Viktória
ELIXIR Titkár
TTK Enzimológiai Intézet

1.5. AZ ELIXIR ÚJONNAN CSATLAKOZOTT INTÉZMÉNYEI

Pázmány Péter Katolikus Egyetem



A Pázmány Péter Katolikus Egyetem Hittudományi Kara a Pázmány Péter bíboros, prímás esztergomi érsek által 1635-ben Nagyszombatban alapított Egyetem Hittudományi Karának jogutódja. Bölcsészettudományi Karát a Magyar Katolikus Püspöki Konferencia 1992-ben alapította az Apostoli Szentszék hozzájárulásával, mely az Egyetem egészét Katolikus Egyetemnek ismerte el. A Jog- és Államtudományi Kart a Magyar Katolikus Püspöki Konferencia 1995-ben alapította. Az Egyetemen belül a Hittudományi Kar és a Kánonjogi Posztgraduális Intézet – melyet az Apostoli Szentszék alapított 1996-ban – egyházi fakultás jelleggel bír és a „Sapientia Christiana” kezdetű apostoli rendelkezés és az egyházi fakultásokra vonatkozó többi egyházi jogszabály keretei között működnek. Az Egyetem Magyarországon államilag elismert egyházi egyetem (az 1032/1993. (V.6.) Korm. határozat, valamint a Felsőoktatásról szóló 1993. évi LXXX. tv. 1. számú melléklete szerint), ennek megfelelően államilag elismert diplomákat ad.

Az Egyetem alapképzést, szakképzést, tudományos és doktori képzést folytat. Oktató- és kutatómunkájában együttműködik a külföldi katolikus egyetemekkel, szakmai tudományos szervezetekkel, továbbá más hazai és külföldi oktatási és tudományos intézményekkel. Fontos feladatának tekinti a nemzetközi kapcsolatok ápolását, továbbá a több mint 400 ezer kötetből álló könyvtárállomány bővítését, beleértve a nagyszámú saját kiadványokat is. Hallgatói létszáma levelező hallgatókkal együtt közel 9000 fő.

Az Egyetem katolikus intézmény, de felekezeti hovatartozás megkülönböztetése

nélkül jelentkezhet bárki, aki elfogadja erkölcsi, fegyelmi rendjét és tiszteletben tartja szellemiségét.

A Magyar Katolikus Püspöki Kar (MKPK) által 1998-ban alapított – jelenlegi nevén – Információs Technológiai és Bionikai Kart a Magyar Akkreditációs Bizottság 2000 decemberében akkreditálta, annak Mérnök-informatikus BSc képzésén az oktatás 2001 szeptemberében indult meg. Jelenleg a Kar emellett a Molekuláris bionika mérnöki BSc, valamint az egységesen angol nyelvű Mérnök-informatikus, Info-bionika mérnöki és Orvosi biotechnológia MSc szakokon folytat nappali tagozatos alap-, illetve mesterképzést. Képzéseinken hangsúlyos a bioinformatika oktatása, mely a klasszikus alapismereteken túl felöleli a genomikai, molekuláris diagnosztikai és fehérjeszerkezeti aspektusokat, valamint rendszerbiológiai vonatkozásokat is. Az Orvosi biotechnológiai MSc képzésen az alkalmazott bioinformatika, az Infobionika mérnöki MSc szakon a rendszerbiológia jelenik meg választható specializációként. Mindezek az irányok a kapcsolódó területekkel, mint például orvosi képalkotás és dinamikai rendszerek elemzése, a Kar kutatási profiljában, így PhD képzésében is fontos szerepet játszanak.



Szegedi Tudományegyetem



A brit Quacquarelli Symonds (QS) nemzetközi felsőoktatási listáján a legjobb magyar egyetemenként rangsorolt Szegedi Tudományegyetem 13 képzési területen kínál továbbtanulási lehetőséget. Az egyetem tizenkét karán és Tanárképző Központjában az élethosszig tartó tanulás jegyében sok száz alap-, mester-, egységes, osztatlan és doktori képzéssel, felsőoktatási szakképzéssel, szakirányú továbbképzési és felnőttképzési programmal várja a tanulni vágyókat az egészségügyi szakoktól kezdve a bölcsészeti, gazdasági, jogi, természettudományi és pedagógusképzésen át az agrár, mérnöki és művészeti programokig.

A Szegedi Tudományegyetem olyan gazdag hagyományokkal rendelkező, a magyar felsőoktatás magas presztízsű felsőoktatási intézménye, amely hivatásának tekinti a minőségi oktatási tevékenység folytatását. A felvételi jelentkezések számát tekintve évek óta az élbolyba tartozó intézmény mintegy 21 000 hallgatójának, köztük több mint 4000 külföldi diákjának, garantál minőségi tudást és piacképes diplomát.

A Szegedi Tudományegyetem a tudományos haladás egyik zászlóshajója. Egyetemünk oktatástól elválaszthatatlan küldetése a nemzetközi összehasonlítás-

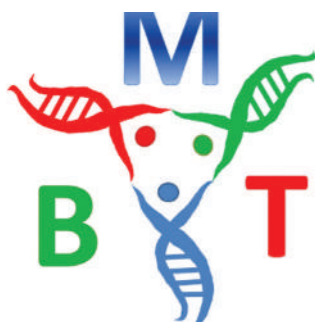
ban is versenyképes kutatás művelése, a kutatóegyetemi jelleg biztosítása. Az intézmény kutatói-alkotói tevékenysége átfogja az

alap- és alkalmazott kutatást, a művészeti alkotó tevékenységet, a termék- és szolgáltatásfejlesztést. Az itt zajló kutatási projektek meghatározóak jövőnk szempontjából.

Sikerünk bizonyítéka, hogy Egyetemünk szellemi alkotás portfóliója 35 szabadalomról, 18 know-how-ból és 4 tanúsító védjegyből áll, melyek közül számos már üzleti hasznosításra került licencia megállapodásokon, illetve az erre a célra alakult spin-off vállalkozásokon keresztül. Az ipari partnerek megrendeléseinek legfontosabb területei a lézerek diagnosztikai és anyagtudományi alkalmazásai, az orvosi diagnosztikai rendszerek, a farmakológiai és gyógyszerkémiaili hatóanyag-fejlesztés, a fitokémia, a biotechnológia, a környezettechnológiai célú, anyagtudományi és társadalomtudományi kutatások. A Szegedi Tudományegyetem, mint a dél-alföldi régió egyik legnagyobb szervezete kiemelt felelősséget érez az iránt, hogy aktív szerepet vállaljon a régió társadalmi, gazdasági, kulturális fejlődésének, életének formálásában, karitatív tevékenységével a helyi szereplők, az itt élők iránt szolidáris magatartást tanúsítson.



2. A MAGYAR BIOINFORMATIKAI TÁRSASÁG (MABIT)



A Bioinformatika egy multidiszciplináris terület, amely a biológia, matematika, fizika, informatika, farmakológia és orvostudomány határterületén levő kérdésekkel foglalkozik. Bár Magyarországon ezen tudomány területek művelése nagyon erős, a bioinformatika területén lemaradásunk van. A 2007-ben alapult Magyar Bioinformatikai Társaság célja, hogy erősítse a bioinformatikai kutatásokat Magyarországon azáltal, hogy hidat épít az előbb felsorolt tudományterületek kutatói közé különböző szemináriumok, találkozók és konferenciák szervezésével és tagjainak a bioinformatika tanításában való részvételével.

Az elmúlt évek során a Magyar Tudomány Ünnepe alkalmával rendezi meg a Társaság a Bioinformatika éves konferenciát, amin a senior előadók mellett a fiatal PhD hallgatók is bemutatathatják legújabb bioinformatika témájú kutatásaik eredményeit. Emellett rendszeresen szervez a Társaság szemináriumokat, amelyek előadói olyan magyar kutatók, akik jelentős eredményeket értek el a bioinformatika területén hazai vagy külföldi

kutatóhelyeken, illetve akik valamilyen új bioinformatika technikát, algoritmust, programozási nyelvet mutatnak be. A Covid által okozott lezárásokat a Társaság abban fordította a tagság javára, hogy az előadásokat az online térben szervezte és szervezi meg, ha kell. Mind a szemináriumokon, mind a konferenciákon elhangzott előadások később felkerülnek a Társaság YouTube csatornájára, ahol az előadások szabadon visszanezézhetőek.

A Társaság 2020-ban hozta létre a Bioinformatika TDK különdíjat, amelynek célja, hogy a hazai egyetemeken folyó bioinformatikai kutatásokkal kapcsolatos TDK dolgozatok szerzőit elismerje és ezáltal motiválja. Bár a díj egyelőre nem jár anyagi támogatással, de lehetőséget ad a Díjat elnyerő fiatal hallgatóknak, hogy az éves Bioinformatika konferencián bemutathassák a munkájukat és ezáltal a magyar bioinformatikai társadalom előtt ismertté váljanak. Eddig a következő hazai egyetemek kapcsolódtak be a programba: Állatorvostudományi Egyetem, Debreceni Egyetem, Eötvös Loránd Tudományegyetem, Pázmány Péter Katolikus Egyetem, Semmelweis Egyetem és a Szegedi Tudományegyetem.

Magyar Bioinformatikai Társaság
Kapcsolat: **Dr. Tusnady Gábor** főtitkár
Email: tusnady.gabor@ttk.hu
Tel: +36 1 382-6709

3. MTA BIOINFORMATIKAI OSZTÁLYKÖZI TUDOMÁNYOS BIZOTTSÁG

Az MTA a magyar tudományos élet talán legnagyobb múlttal rendelkező testülete. Keretein belül 2021-ben alakult meg a Bioinformatikai Osztályközi Tudományos Bizottság. Ezzel az MTA mintegy független szakterületnek ismerte el a bioinformatikát, és így a magyar bioinformatikus közösség szervezése is új, önálló szakaszába lépett.

A Bioinformatikai Osztályközi Tudományos Bizottság feladata a minősített – PhD, MTA doktora (DSc) címmel vagy akadémiai tagsággal rendelkező – kutatók szervezése, ezek első lépésben kérhetik felvételüket az MTA köztestületébe, megjelölve a bioinformatikát, mint szakterületet. Az itt elfogadott kutatók már választhatók az akadémia egyes tisztségeire, és ami talán fontosabb, PhD fokozattal rendelkező tagjaink szerezhethetnek MTA doktora fokozatot a bioinformatika területén.

A Bioinformatikai Osztályközi Tudományos Bizottság elnöke Prof. Dr. Pongor Sándor bioinformatikus, egyetemi tanár a Pázmány Egyetemen. Az Academia Europaea és a Magyar Tudományos Akadémia tagja, emellett elnöke a Magyar Bioinformatikai Társaságnak is.



A bioinformatikusok közössége nemcsak minősített kutatókból áll, hiszen beletartoznak a bioinformatikát tanuló, abban diákköröző vagy szakdolgozó diákok, PhD hallgatók is. A teljes közösség szervezésén, összefogásán dolgozik a Bioinformatikai Osztályközi Tudományos Bizottság a Magyar Bioinformatikai Társasággal és az ELIXIR Magyar Node-dal együttműködve.

MTA Bioinformatikai Osztályközi Tudományos Bizottság
Kapcsolat: **Prof. Dr. Pongor Sándor** elnök
Email: pongor.sandor@itk.ppke.hu

ÚTMUTATÓ A BIOINFORMATIKAI OSZTÁLYKÖZI TUDOMÁNYOS BIZOTTSÁG KÖZTESTÜLETI TAGSÁGÁRA VALÓ JELENTKEZÉSHEZ

A magyar tudományosság legfőbb testülete a Magyar Tudományos Akadémia, melynek fő feladata a tudomány művelése, eredményeinek terjesztése és a magyar tudomány képviselete. Feladatait közgyűlése révén látja el, és a szaktudományos kérdésekben pedig havonta ülésező tudományos osztályai a mérvadó fórumok. Az osztályokon belül működnek a tudományos bizottságok, amelyek konkrét szakterületeken belül segítik az akadémia munkáját. 1994 óta jött létre az akadémiai köztestület, az akadémia körül megszerveződött az akadémiai köztestület, mely mintegy kiterjesztése az Akadémia hatókörének az akadémiai tagokon túl a magyar tudományos élet egészére.

A köztestületbe jelentkezhetnek a tudományos fokozattal rendelkező, magyar állampolgárságú kutatók, oktatók. Már több mint tízezer hazai tagja van a köztestületnek, e tagok intenzívebben kapcsolódnak az Akadémia életéhez, s képviselőket küldhetnek az Akadémia közgyűlésébe. Az akadémikusokon túl tehát az MTA-hoz tartoznak egyfajta laza szállal a köztestület tagjai is. Az akadémia tagjai vezető szerepet töltenek be a hazai egyetemek és kutatóintézetek életében, és ebben a tudományos köztestület tagjai is óriási szerepet játszanak. Elmondható, hogy az MTA tagsága és köztestületei a magyar tudományosság meghatározó részét alkotják.



Közgyűlési tagok felvétele: A tagfelvétel az MTA szabályai szerint történik.

Aki máshol tag, az emailben jelezheti átlépési szándékát a VIII. osztály titkárnak, Kakuszi Andreának (biologia@titkarsag.mta.hu), és ha másik MTA osztályhoz tartozik, akkor az ottani osztálytitkárnak is.

Aki még nem köztestületi tag, annak az MTA honlapon található szabályok alapján kell jelentkeznie <https://mta.hu/hatteranyagok/jelentkezés-a-koztestuletbe-a-felveteli-eljaras-rendje-105540>, bejelölve a mi bizottságunkat. A jelentkezőkről bizottságunknak szavaznia kell.

Az áttekinthetőség kedvéért az emaileket kérik a jelenlegi bizottságvezetőnek másolatban elküldeni (Pongor Sándor elnök: pongor.sandor@itk.ppke.hu)

Megjegyzés:

Az akadémikusok kivételével minden köztestületi tag csak egy tudományos vagy osztályközi tudományos bizottság köztestületébe kerülhet be választás útján, és csak ebbe az egy bizottságba választhat és választható (az illető a korábbi tudományos bizottsági tagságát és köztestületi kapcsolódását, valamint az ottani szavazati jogát elveszíti).





Prof. Dr. Bagdy György
Semmelweis Egyetem, Gyógyszerhatástani Intézet,
Új Antidepresszív Gyógyszercélpont Kutatócsoport,
Budapest

Kutatási területek: **a gyakori, komplex pszichiátriai és neurológiai betegségek kialakulásában szerepet játszó örökletes és környezeti faktorok és azok összefüggései**

Azokra a betegségekre koncentrálnak, amelyeket mind az örökletes, mind a környezeti faktorok jelentősen befolyásolnak. Ilyenkor 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. 2021-ben a depresszió egyes fenotípusaival kapcsolatos személyiség vonások és temperamentumok genomikáját kezdtük el feltárni.



Dr. Bálint Bálint László
Debreceni Egyetem, Biokémiai és Molekuláris
Biológiai Intézet, Személyreszabott Orvoslás
Kutatócsoport, Debrecen

Kutatási terület: **epigenetika, funkcionális genomika**

Az epigenetikai öröklődés fizikai hordozói a kromatin szintjén módosítják a gének kifejeződését. Munkacsoportunk célja megismerni és kiaknázni a génexpresszió kromatin szintű szabályozásának folyamatait az onkológiai kórképek kialakulásában és kezelésében. Ebből a célból a génexpresszió szabályozásában kritikus elemek jelentőségét vizsgáljuk MCF-7 emlődagangatos sejtekben és izogénikus LCL sejtekben. Célunk a rendelkezésre álló adatok multiomikai integrálása és ezáltal a kritikus génexpressziót szabályozó elemek azonosítása.

ELIXIR részvétel: Oktatási koordinátor



Dr. Barta Endre
Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem,
Genetika és Biotechnológia Intézet,
Debreceni Egyetem

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

Gödöllői munkacsoportomban elsősorban a háziállatok genomikájával foglalkozunk. Korábban meghatároztuk, elemeztük a hazai mangalicafajták genomjait. Elsőként Magyarországon de novo összeraktuk egy emlősállat, a gímszarvas teljes referencia genomszekvenciáját. Legújabb kutatási területünk a házinyúltenyészetek termelőképességének növelése genomikai módszerekkel egy konzorcium keretében. Az MBK-n kívül 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 részvétel: Technológiai koordinátor



Prof. Dr. Barta Zoltán
Debreceni Egyetem, TTK Evolúciós Állattani
és Humánbiológiai Tanszék,
Debrecen

Kutatási területek: **(1) utódgondozás genetikai hátterének vizsgálata bogarakban; és (2) természetvédelmi adatok öko-informatikai elemzése**

(1) A korai, idilli nézettel szemben az utódgondozás során a szülők között jelentős érdekellentétek feszülnek, melyek feloldása nem triviális. Kutatásaink során korábbi elméleti vizsgálatainkra támaszkodva genomikai, transzkriptomikai módszerekkel próbáljuk feltárni ezen ellentét megoldását segítő mechanizmusokat egy új bogármodell-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.



Prof. Dr. Bödör Csaba
Semmelweis Egyetem, Patológiai és Kísérleti
Rákkutató Intézet Budapest, HCEMM-SE Molekuláris
Onkohematológia Kutatócsoport, Budapest

Kutatási területek: **onkohematológia, klonális evolúció**

A Molekuláris Onkohematológia Kutatócsoport (Semmelweis Egyetem, Patológiai és Kísérleti Rákkutató Intézet) különböző lymphomák és leukémiák esetében végez genomikai és epigenomikai kutatásokat, valamint diagnosztikus fejlesztéseket a legkorszerűbb újgenerációs szekvenálási és bioinformatikai eljárások alkalmazásával. A kutatások 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.

ELIXIR részvétel: Platforms



Prof. Dr. Csabai István
Eötvös Loránd Tudományegyetem,
TTK Fizikai Intézet,
Budapest

Kutatási területek: **genomika, BigData, mesterséges intelligencia**

Csoportunk kutatásainak középpontjában az adatintenzív bioinformatikai kutatások állnak. Számos hazai és európai projekt keretében részt veszünk rákgenetikai vizsgálatokban, környezeti minták metagenomikai elemzésében, molekuláris öregedéskutatásban, járvány-genetikai vizsgálatokban. Munkánk során az élenjáró bioinformatikai elemző szoftverek mellett nagymértékben használjuk a modern gépi tanulás eredményeit is, és arra törekszünk, hogy az alap kutatási eredmények minél hamarabb hasznosuljanak az egészségügyi gyakorlatban.

ELIXIR részvétel: Platforms, BY-COVID



Dr. Csősz Éva
Debreceni Egyetem
Biokémiai és Molekuláris Biológiai Intézet

Kutatási területek: **biomarker-kutatás, proteomikai és metabolomikai technikák fejlesztése, komplex adatelemzés**

Kutatócsoportunk 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 és optimalizálunk, és ezeket alkalmazzuk biológiai rendszerekre. Fontos a kapott adatok komplex, hálózatalapú és rendszerbiológia-szemléletű értelmezése, ezáltal minél több releváns biológiai információ kinyerése a begyűjtött adathalmazból. Kutatócsoportunk részt vesz az ELIXIR Proteomics által koordinált, 11 országból 13 kutatócsoport részvételével történő megvalósítási tanulmányban, amelynek célja az adatbázisokban levő proteomikai adatok újrahasznosítása. A kutatómunka mellett fontos a PhD és TDK hallgatók képzése és a megszerzett tudás továbbadása az érdeklődőknek.

ELIXIR részvétel: Platforms



Prof. Dr. Csikász-Nagy Attila
Pázmány Péter Katolikus Egyetem,
Budapest

Fő kutatási területünk **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 transzkripciós faktor kötőhelyeket prediktáló szoftvert fejlesztett. Társszervezője voltam a 2009-es RECOMB Comparative Genomics konferenciának, valamint két, bioinformatikai témákkal is foglalkozó Dagstuhl-szemináriumnak.

A sejteken belüli molekuláris és a sejtek közötti celluláris interakciók hatására lejátszódó folyamatok térbeli és időbeni változásának megértéséhez kombináljuk a számítógépes rendszerbiológiai modellezési technikákat kísérleti módszerekkel.

A molekuláris interakciós hálózatok kapcsolási rajzait matematikai egyenletekké alakítjuk, és azokat elemizzük, hogy megértsük a vizsgált rendszer fiziológiai viselkedését. A fő kutatási kérdéseink a sejtnövekedés és a sejtosztódás szabályozásával hozhatóak kapcsolatba, de betegségek és gyógyszerhatások jóslására is fejlesztünk sejtszintű fehérjekomplex képződést szimuláló modellt is. Több kísérleti laboratóriummal együttműködünk, amelyek a modellek felállításához szükséges adatokat és platformot kínálnak modelljeink előrejelzésének tesztelésére. Tovább lépve, a közelmúltban létrehoztuk saját kísérletes laboratóriumunkat, ahol különböző élesztő törzsek közötti sejt-sejt kölcsönhatásokat vizsgálunk, és ezen eredményeinket kombináljuk legújabb modelljeinkkel.



Dr. Dosztányi Zsuzsanna
Eötvös Loránd Tudományegyetem,
TTK Biokémia Tanszék,
Budapest

Kutatási területek: **fehérje szekvencia predikció, gépi tanulás, rendezetlen fehérjék, fehérje-fehérje kölcsönhatás**

2014-től vezetem az MTA Lendület pályázat támogatásával megalakult Bioinformatikai Kutatócsoportot az ELTE TTK Biokémia Tanszékén.

Fő kutatási területünk **az eredendően rendezetlen fehérjék vizsgálata bioinformatikai és mélytanulási módszerekkel**. Ehhez kapcsolódóan fejlesztünk különböző predikciós módszereket, végzünk számítógépes biológiai vizsgálatokat, illetve közreműködünk különböző adatbázisok kifejlesztésében is. Célunk az, hogy megérthessük azt, hogy hogyan képesek a rendezetlen fehérjék alapvetően fontos biológiai funkciójukat ellátni, mutációjuk hogyan vezet különböző betegségekhez, például rákhoz, illetve neurodegeneratív betegségekhez, illetve hogy lehet ezeket a fehérjéket felhasználni újfajta gyógyszer-molekulák tervezéséhez. Aktívan részt veszünk az ELIXIR Intrinsically Disordered Proteins közösségében annak érdekében, hogy az ELIXIR céljaival összhangban jobban láthatóvá, elérhetővé, átjárhatóvá tegyük a különböző, fehérje rendezetlenséghez kapcsolódó eszközöket.

ELIXIR Community részvétel: Intrinsically Disordered Protein, Training Platform; ELIXIR Board tudományos képviselő



Dr. Garamszegi László Zsolt
Ökológiai Kutatóközpont,
Ökológiai és Botanikai Intézet,
Budapest

Kutatócsoport: **Evolúciós Ökológia Kutatócsoport**

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

A társadalom széles körű bevonásával és innovatív technológiák (pl. mobilalkalmazások) segítségével gyűjtünk nagymennyiségű adatot az ország minden pontjáról, majd kifinomult bioinformatikai, gépi tanulási módszereket alkalmazva nyerünk folyamatos információt az újonnan megjelenő kórokozók aktuális elterjedéséről. Az örvös légykapó modellfajon gyűjtünk hosszú távú adatokat annak érdekében, hogy megértsük a madárének ivari kiválasztódásban betöltött szerepét és a populáció szintjén térben és időben megmutatkozó dinamizmusokat.



Dr. Gáspári Zoltán
Pázmány Péter Katolikus Egyetem,
Budapest

Kutatási terület: **a kísérletes vizsgálatok mellett kiemelten foglalkozunk a fehérjék belső dinamikáját tükröző fehérjeszerkezeti sokaságok előállításával és elemzésével**, elsősorban NMR-spektroszkópiai adatokra támaszkodva, valamint egyes fibrilláris szerkezeti motívumok vizsgálatával. Funkcionális oldalról fő érdeklődési területünk a szinaptikus jelátvitelben részt vevő, elsősorban a poszt-szinaptikus denzitás felépítésében szerepet játszó egyes fehérjék szerkezeti-dinamikai vizsgálata, illetve kölcsönhatásaik modellezése.



Dr. Gyenesei Attila
Pécsi Tudományegyetem
Szentágotthai János Kutatóközpont,
Pécs

Kutatási terület: A vezetésem alatt álló bioinformatikai kutatócsoport és a korszerű műszerezettséggel és szakembergárdával működő Genomika és Bioinformatika Core Facility kutatásainak középpontjában egyrészt **a biotechnológia területén végbe-menő 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 multi-faktoriális betegségek jellemzésével és biomarker-elemzéssel foglalkozunk, elsősorban hipotézisfüggetlen, adatbányászati- és mesterséges intelligencián alapuló eljárások alkalmazásával és fejlesztésével.

ELIXIR részvétel: technikai koordinátor



Prof. Dr. Györfy Balázs
Természettudományi Kutatóközpont,
Enzimológiai Intézet, Onkológiai
Biomarker kutatócsoport, Budapest

Kutatási terület: **az onkológiai betegségekben a várható klinikai lefolyást előre jelző új molekuláris markerek azonosítása, valamint a terápiával szembeni rezisztencia biomarkereinek vizsgálata**

Az onkológiai bioinformatika terén a kutatócsoportunk több mint tíz külföldi egyetemmel 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 tudományos lapokban (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, TNM-plotter, ROC-plotter).

ELIXIR részvétel: az ELIXIR Magyarországi csomópontjának a vezetője



Prof. Dr. Harrach Balázs
Állatorvostudományi Kutatóintézet, Molekuláris
és Összehasonlító Virologia témacsoport,
Budapest

Kutatási területek: **házi és vadállatok vírusai, vírusgenetika, filogenetikai számítások, vírustaxonómia**

Kutatócsoportommal vizsgáljuk a gazdasági, kedvenc és vadállatok vírusainak diverzitását, genomját, biológiáját, törzsfajlását és kimutatási lehetőségüket. Következte-tünk a gazdák és vírusaik koevolúciójára, a korábbi gazdaváltásokra, kutatjuk a vadon élő állatok (pl. denevérek, majmok) potenciálisan embert és háziállatokat fertőző vírusait. A vadállatmintákat Dél-Amerikától Új-Zélandig terjedően küldik. Eredményein- ket a Nemzetközi Vírusrendszertani Bizottságban végzett munkában fordítjuk hivata- los taxonómiává.



Prof. Dr. Horváth Péter
Szegedi Biológiai Kutatóközpont,
Biokémiai Intézet,
Szeged

Kutatócsoportjai **sejtek nagy felbontású térbeli vizsgálatára alkalmas, általuk kifejlesztett rendszermikroszkópia segítségével biológiai problémákra adnak számítógépes algoritmusokkal támogatott megoldást.** Eredményeiket a leg- magasabb tudományos fórumokon közlik (Nature Methods, Nature Communications, NRDD, Science stb.). Kutatásaikkal a COVID-19-betegség elleni harcban is aktívan részt vettek.

Dr. Horváth Péter főállásban a Szegedi Biológiai Kutatóközpont Biokémiai Intézetének igazgatója, valamint a Helsinki Egyetemen működő FIMM-ben (Finnish Institute for Molecular Medicine) kutatócsoport-vezető, Finland distinguished professor és a High- content analysis egység igazgatója. A Szegedi Tudományegyetemen szerzett prog- ramtervező matematikus diplomát (2003), majd a Nizzai Egyetemen PhD fokozatot (2007), amely során az INRIA-n műholdkép-feldolgozó alkalmazásokat fejlesztett. A PhD-fokozat elnyerése után 7 évig a Zürichi Műszaki Egyetemen (ETH, Eidgenössische Technische Hochschule) dolgozott docensként, a számítógépes sejtbiológiai kutatások területén. Hét éve tért haza, a Szegedi Biológiai Kutatóközpont Biokémiai Intézetébe, és ugyanekkor kezdett párhuzamosan dolgozni a FIMM-ben. Az elmúlt években meg- alapította a szegedi és a helsinki-beli BIOMAG kutatócsoportokat, amelyekben együt- tesen mintegy 30 fő dolgozik.



Dr. Kenessey István
Országos Onkológiai Intézet,
Budapest

A Nemzeti Rákregiszter és Biostatistikai Központ **a hazai daganatos betegek ada- tait gyűjti és dolgozza fel.** Célunk amellet, hogy adatokat szolgáltatassunk az onko- lógiai betegségek epidemiológiai helyzetéről, **visszajelzést adni az egészségügyi ellátóknak és a Nemzeti Egészségbiztosítási Alapkezelőnek,** valamint az Embe- ri Erőforrások Minisztériumának, hozzájárulva az ellátás minőségbiztosításához, illet- ve az onkológiai hálózat fejlesztéséhez. Szorosabb kutatási területünket képezi a da- ganatos epidemiológiai helyzet változása és a trendek leírása, illetve az egyes beteg- ségek túlélésében történő változás és ennek hátterében lévő okok feltárása.



Dr. Kós Péter
Szegedi Tudományegyetem
SZTE Biotechnológiai Tanszék,
Szeged

Kutatási terület: **az újgenerációs szekvenálással támogatott humán molekuláris diagnosztika, a mikrobiális genetika, környezeti és orvosi metagenomika stb. tárgyában végzett kutatások** és szolgáltatások részeként, azokat segítve alkalmazzuk a bioinformatikai módszereket, egyrészt külön hw/sw megoldásokkal, másrészt az SZBK mesterséges intelligenciát illetve omikákat kutató egységeivel együttműködésben.

A Szegedi Tudományegyetem Természettudományi Karán Dr. Rákhely Gábor 2000 körül alapította meg a bioinformatika oktatást tantárgyi keretek között. Az egy-egy féléves elméleti és gyakorlati oktatást az évek során molekuláris evolúcióval, omikai tudományokkal és informatikai jellegű tantárgyakkal kiegészítve elindítottuk egy bioinformatikai szakirány kialakítását a biológus hallgatók számára, aminek fejlesztése jelenleg is zajlik. Az ország különböző egyetemén folyó bioinformatikai oktatással való harmonizáció, valamint ezen műhelyekkel való kollaboráció érdekében csatlakoztunk az ELIXIR Magyarország node-hoz. Az ELIXIR-hez és más nemzetközi konzorciumokhoz való csatlakozással jelenleg azon fáradozunk, hogy kialakítsuk Szegeden a bioinformatikai módszerek kutatásának, oktatásának és felhasználásának egy koherensebb, hatékonyabb és modernebb rendszerét.



Dr. Menyhart Otilia
Semmelweis Egyetem,
Budapest

Kutatási terület: **diagnosztikai eszközök fejlesztése betegektől származó mérések adatainak felhasználásával**

A különféle tesztek, klinikai vizsgálatok során hatalmas, akár több száz paramétert tartalmazó heterogén adathalmaz keletkezik minden páciensről, melyekből következtetni lehet a klinikai kimenetre és a betegek túlélésére. Ezen adatok értelmezése azonban méretükből kifolyólag nem rutinfeladat. A megfelelő bioinformatikai eszközök azonban lehetővé teszik ezen adatok diagnosztikai, illetve prognosztikai célú kiaknázását. A kutatás során elsősorban az onkológia területén végzünk mesterséges intelligencia alapú vizsgálatokat betegekből származó mérések adataira támaszkodva. A téma elsősorban a bioinformatika és a klinikai kutatás iránt érdeklődő hallgatók számára lehet érdekes.



Dr. Miklós Dezső
Rényi Alfréd Matematikai Kutató Intézet,
Budapest

Kutatási területek: **extremiális kombinatorikai módszerek a bioinformatikában**
A Magyar Bioinformatikai Társaság egyik alapítója, sok éven át alelnöke voltam. Fő kutatási területem a bioinformatikai problémákban előforduló extremiális mintázatok keresése. Foglalkozom hálózatelemzésekkel, periodikus mintázatok keresésével.



Dr. Miklós István
Rényi Alfréd Matematikai Kutató Intézet,
Budapest

Kutatási területek: **sztochasztikus modellek, Markov-lánc Monte-Carlo-metódusok, genomátrendező modellek**

Fő kutatási területünk 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. Társzervezője voltam 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: **gyógyszer-metabolizáló enzimek genetikai polimorfizmusa ('single nucleotide polymorphisms' és kópiaszám-változások) és fenotípusos megjelenése, SNP- és CNV-meghatározási metodikák fejlesztése, kópiaszám-változás daganatos sejtekben**

A gyógyszermetabolizmusban résztvevő enzimek genetikai polimorfizmusa és nem-genetikai tényezőknek (életkor, nem, dohányzás, megbetegedések, gyógyszeres terápia) köszönhető fenokonverziója megváltoztatja a hatóanyagok eliminációs sebességét, amely hatás-csökkenéshez vagy fokozott mellékhatás kialakuláshoz vezethet. SNP ('single nucleotide polymorphisms') és CNV ('copy number variations') 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 hozzájárunk a személyre szabott terápia finomításához.

ELIXIR Community részvétel: Platforms



Prof. Dr. Patthy László
Természettudományi Kutatóközpont,
Enzimológiai Intézet,
Budapest

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

Az általam vezetett csoport elsősorban genomevolúcióval, genomannotációval, 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 WFIKK1 és WFIKK2 fehérjék) szerkezetét és funkcióját is vizsgáljuk kísérletes módszerekkel.



Prof. Dr. Pongor Sándor
Pázmány Péter Katolikus Egyetem (PPKE),
Budapest

Kutatási területek: **sejtek közötti kommunikáció genomikája, ágens alapú modellek, rendszerbiológia**

Kutatócsoportom érdeklődése a baktériumközösségek bioinformatikai leírása, stabilitásuk kritériumai, melyet a genomszekvenciák összehasonlító analízisével, másrészt a közösségek ágens alapú modellezésével közelítünk meg. Tágabb érdeklődésünk a molekuláris ismeretábrázolás és annak felhasználása a bioinformatika, a rendszerbiológia és a biológiai adattudományok oktatásában. Az Academia Europaea és a Magyar Tudományos Akadémia tagja, valamint az MTA Bioinformatikai Osztályközi Tudományos Bizottságának elnöke vagyok, továbbá a PPKE ITK Roska Tamás Doktori Iskola biológiai PhD programjának vezetője. Szintén tagja vagyok a Briefings in Bioinformatics, a Database, a Scientific Reports és a Biology Direct folyóiratok szerkesztőbizottságainak, utóbbinál a Bioinformatikai szekció társelnökéeként.

A MABIT elnöke



Dr. Simon István
Természettudományi Kutatóközpont,
Enzimológiai Intézet,
Budapest

Kutatási területek: **fehérje-bioinformatika, egymást kölcsönösen rendező fehérjék**

Aktívan részt vettem a hazai ELIXIR-program létrehozásában. Csoportomban számos, széles körben használt becslő módszer és adatbázis készült. Jelenleg egymást kölcsönösen rendező, monomer formában rendezetlen fehérjék vizsgálatával foglalkozom.



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 vizsgálatunkban központi témakör a klinikai metagenomika, ezen belül a mikrobiommal és rezisztómmal kapcsolatos kutatások. Hazai és külföldi együttműködésekben transzkriptomikai, epigenetikai adat-elemzésekkel 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 viszonyainak 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 nemmodell szervezetek genomjának de novo összeszerelésén is. Külön hangsúlyt kap a sztyeppei élőlények evolúciós történetének rekonstruálása molekuláris genetikai és genomikai módszerekkel.

ELIXIR Platform részvétel: Tools, Training



Dr. Szász Attila Marcell
Semmelweis Egyetem,
Bioinformatikai Tanszék,
Budapest

Kutatási terület: **szolid tumorok, különösen a malignus melanóma és emlőrák, ezekben a tumor-host kölcsönhatások vizsgálata az immunreakciók tükrében**
Kutatási megközelítésünkben erős klinikai alapokon, szöveti morfológiai tulajdonságokra építkezve elemezzük DNS, RNS és protein szinten detektálható adatok kapcsolatát, heterogenitását térben és időben az adott betegek esetében. Fókuszunk a betegeken belüli változatosság feltárása, olyan faktorok azonosítása, amely a tumoros folyamatok jobb megértéséhez vezet, diagnosztikus és terápiás fejlesztéseket is magában rejt.

ELIXIR Community részvétel: Proteomics; részvétel a European CancerMoonshot Programban



Prof. Dr. Széll Márta
Szegedi Tudományegyetem,
Orvosi Genetikai Intézet és Szent-Györgyi Albert
Klinikai Központ, Szeged

Az Intézet vezetőjeként elsősorban klinikai genetikai diagnosztikai tevékenységet és az ahhoz kapcsolódó kutatásokat irányítom. Kutatási tevékenységünk **egyedülálló ritka betegségek kórkép csoportjaira** fókuszál, úgy mint a ritka, genetikailag meghatározott bőrbetegségek – genodermatóziszok –, valamint neurogenetikai kórképek. Kutatási tevékenységünk elsősorban genotípus-fenotípus összefüggések feltárására, valamint újonnan azonosított genetikai variánsok funkcionális vizsgálatára irányul. Az elmúlt évek egyik kiemelt jelentőségű kutatási projektjében a Pécsi Tudományegyetem kollégáival együttműködésben a COVID-19 betegség lefolyását meghatározó és/vagy befolyásoló genetikai variánsok azonosításán dolgozunk.



Dr. Than Nándor Gábor
Természettudományi Kutatóközpont,
Enzimológiai Intézet,
Budapest

Kutatási területek: **perinatológia, reprodukív biológia, immunológia, rendszerbiológia**

Kutatócsoportommal a vetélések és terhességi kórképek kialakulásában szerepet játszó kórfolyamatok rendszerbiológiai vizsgálatát végzem. 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. Célunk a kórfolyamatok molekuláris útvonalainak, szabályozási hálózatainak leírása, biomarkerek és gyógyszer-hatáspontok azonosítása.



Prof. Dr. Tózsér József
Debreceni Egyetem,
Biokémiai és Molekuláris Biológiai Intézet,
Debrecen

Kutatási területek: **retrovirális biokémia, virális proteóm, virális fertőzés hatása a celluláris proteómra és transzkriptómra, fermentlevek, tej omikai elemzése**
Az általam vezetett Retrovirális Biokémiai Kutató Laboratórium legfőbb kutatási területét a vírusok életciklusának tanulmányozása képezi. A virális és az azokkal rokon eukarióta fehérjék szerkezet-funkció összefüggéseinek in vitro vizsgálata mellett szerkezeti biológiai és elméleti kémiai megközelítéseket is alkalmazunk. Célunk a vírusfertőzések (pl. HIV és SARS-CoV-2) korai fázisában a gazdasejtekben bekövetkező proteomikai és transzkriptomikai változások tanulmányozása is. A vírus-gazdasejt kölcsönhatási hálózatok feltérképezése céljából omikai módszerekkel nyert adatok elemzése statisztikai és bioinformatikai módszerekkel történik. Emellett munkánkban fontos szerepet kapnak az élelmiszeripari alkalmazás szempontjából jelentős kutatások is, részt veszünk különböző borok és borecetek metabolomikai analízissel azonosított komponenseinek bio- és kémiai-informatikai módszerekkel történő elemzésében, valamint tejalapú funkcionális élelmiszer kifejlesztését célzó kutatás-fejlesztési együttműködés keretében proteomikai és transzkriptomikai analíziseket és bioinformatikai módszerekkel történő adatelemzést is végzünk.



Dr. Tusnady Gábor
Természettudományi Kutatóközpont,
Enzimológiai Intézet,
Budapest

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

**ELIXIR Community részvétel: 3D BioInfo
A MABIT főtitkára**

Egyetem	Szervezeti Egység	Kurzus címe	Kurzusvezető
Állatorvostudományi Egyetem	Bioinformatikai Központ	Genomikai Praktikum II.	Dr. Solymosi Norbert
Debreceni Egyetem	ÁOK, Biokémiai és Molekuláris Biológiai Intézet	Multiomikai problémák megoldása R statisztikai programcsomaggal	Dr. Bálint Bálint László
Debreceni Egyetem	ÁOK, Biokémiai és Molekuláris Biológiai Intézet	Multiomikai adatelemzés Galaxy rendszerben	Dr. Scholtz Beáta
Debreceni Egyetem	ÁOK, Biokémiai és Molekuláris Biológiai Intézet	Bioinformatika	Dr. Barta Endre
Debreceni Egyetem	ÁOK, Biokémiai és Molekuláris Biológiai Intézet	Bioinformatics	Dr. Barta Endre
Debreceni Egyetem	Biokémiai és Molekuláris Biológiai Intézet	Adatmenedzsment alapjai	Dr. Bálint Bálint László
Debreceni Egyetem	Biokémiai és Molekuláris Biológiai Intézet	R Alapjai	Dr. Abari Kálmán
Debreceni Egyetem	Biokémiai és Molekuláris Biológiai Intézet	Haladó R	Dr. Abari Kálmán
Debreceni Egyetem	Biokémiai és Molekuláris Biológiai Intézet	RNS szekvenálási adatok elemzése Galaxy platformon	Dr. Scholtz Beáta
Debreceni Egyetem	Biokémiai és Molekuláris Biológiai Intézet	Egy sejt RNS szekvenálási adatok elemzése Galaxy platformon	Dr. Scholtz Beáta
Eötvös Loránd Tudományegyetem	Biológiai Intézet, Biokémia Tanszék	Computational Biology Algorithms	Dr. Dosztányi Zsuzsanna
Eötvös Loránd Tudományegyetem	Biológiai Intézet, Genetika Tanszék	Analysis of Omics Data PR	Dr. Ari Eszter
Eötvös Loránd Tudományegyetem	Biológiai Intézet, Genetika Tanszék	Bioinformatics L + PR	Dr. Ari Eszter
Eötvös Loránd Tudományegyetem	Biológiai Intézet, Genetika Tanszék	Advanced R Programming for Biologists PR	Dr. Ari Eszter
Eötvös Loránd Tudományegyetem	Biológiai Intézet, Genetika Tanszék	Bioinformatika szemináriumok EA	Dr. Ari Eszter
Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem	Genetika és Biotechnológia Intézet	Bioinformatika	Dr. Posta Katalin

Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem	Genetika és Biotechnológia Intézet	Bioinformatics	Dr. Posta Katalin
Pázmány Péter Katolikus Egyetem	Információs Technológiai és Bionikai Kar	Data Visualization in bioinformatics and Systems Biology	Prof. Dr. Pongor Sándor, Prof. Dr. Gyórfy Balázs
Pázmány Péter Katolikus Egyetem	Információs Technológiai és Bionikai Kar	Integrated Structural Bioinformatics	Dr. Gáspári Zoltán
Pázmány Péter Katolikus Egyetem	Információs Technológiai és Bionikai Kar	Quantitative Biology	Prof. Dr. Csikász-Nagy Attila István
Pázmány Péter Katolikus Egyetem	Információs Technológiai és Bionikai Kar	Számítógépes rendszerbiológia	Prof. Dr. Csikász-Nagy Attila István
Pázmány Péter Katolikus Egyetem	Információs Technológiai és Bionikai Kar	Data Analysis in Molecular Diagnostics	Dr. Ligeti Balázs
Pázmány Péter Katolikus Egyetem	Információs Technológiai és Bionikai Kar	Introduction to Bioinformatics	Prof. Dr. Pongor S., Dr. Balázs Ligeti, Dr. János Juhász
Pécsi Tudományegyetem	Biológiai Intézet	Bioinformatika	Dr. Putnok Péter
Semmelweis Egyetem	Bioinformatika Tanszék	Klinikai Bioinformatika	Prof. Dr. Gyórfy Balázs
Semmelweis Egyetem	Bioinformatika Tanszék	Adatok ábrázolása a bioinformatikában és a rendszerbiológiában	Prof. Dr. Gyórfy Balázs
Semmelweis Egyetem	Bioinformatika Tanszék	Alkalmazott bioinformatika az onkológiában	Prof. Dr. Gyórfy Balázs
Szegedi Tudományegyetem	Biológiai Intézet	Bioinformatika alapjai	Dr. Rákhely Gábor
Szegedi Tudományegyetem	Biológiai Intézet	Genom oriented bioinformatics	Dr. Kredics László
Szegedi Tudományegyetem	Biológiai Intézet	Omika adatok bioinformatikája	Dr. Papp Balázs
Szegedi Tudományegyetem	Biotechnológiai Tanszék	Bioinformatics	Dr. Kós Péter Balázs
Szegedi Tudományegyetem	Biotechnológiai Tanszék	Bioinformatics – laboratory practicals	Dr. Kós Péter Balázs
Szegedi Tudományegyetem	Biotechnológiai Tanszék	Bioinformatika	Dr. Kós Péter Balázs
Szegedi Tudományegyetem	Biotechnológiai Tanszék	Bioinformatika alapjai	Dr. Rákhely Gábor

6. PHD-KÉPZÉS

6.1. PHD HALLGATÓK



Dr. Bartha Áron
Semmelweis Egyetem,
Bioinformatika Tanszék,
Budapest

Kutatási terület: **transzkriptom alapú adatok elemzése tumoros, normál és metasztatikus szövetminták alapján**

Témavezető: **Prof. Dr. Gyórfy Balázs**

Kutatásaim során daganatos, normál és metasztatikus szövetek transzkriptom és proteom szintű feldolgozásával és elemzésével foglalkozom. A létrehozott tnmplot.com elemző felület fenntartása és fejlesztése mellett kutatásom fókuszja a normál és daganatos vese szövetekből nyert transzkriptomikai és a proteomikai adatok vizsgálata és összehasonlítása.



Dr. Bártai Bence
Semmelweis Egyetem,
I. Sz. Patológiai és Kísérleti Rákkutató Intézet,
Budapest

Kutatási terület: **térbeli és időbeli genetikai heterogenitás azonosítása és monitorozása non-Hodgkin lymphomákban folyadék-biopsziás minták segítségével**

Témavezető: **Prof. Dr. Bödör Csaba**

A PhD témámhoz kapcsolódó kutatás során B-sejtes non-Hodgkin lymphomával diagnosztizált betegek vérplazma mintáiból izolált keringő sejtmentes DNS-t vizsgáljuk újgenerációs szekvenálás segítségével. Célunk a folyadék-biopsziás eljárás rejtette lehetőségek demonstrálása a daganatokban megjelenő térbeli genetikai heterogenitás és terápia alatti evolúciós dinamika feltárására. A kutatás a B-sejtes non-Hodgkin lymphomák rizikó stratifikációját és a terápia személyre szabását elősegítő biomarkerek feltárásához vezethet.



Becsei Ágnes
Eötvös Loránd Tudományegyetem,
Fizikai Intézet,
Budapest

Kutatási terület: **metagenomika, antimikrobiális rezisztencia**

Témavezető: **Prof. Dr. Csabai István**

Kutatómunkám során környezeti minták, elsősorban levegő és szennyvíz minták metagenomikai elemzésével, az antimikrobiális rezisztencia gének felderítésével és vizsgálatával foglalkozom. A teljes metagenom szekvenálásra alkalmas minták gyűjtése levegőből igen nehézkes, részben mert a levegőben a mikróbák koncentrációja alacsony és összetételük változó. Talán ez az oka annak, hogy a levegő metagenomika,

a levegőben található antimikrobiális rezisztencia gének vizsgálata többnyire feltáratlan területek. Korábbi vizsgálataink során a nehézségek ellenére több antimikrobiális rezisztencia gént is sikerült azonosítanunk levegő mintákban. Munkámmal célom a levegő metagenomikára alkalmas mintavételi és elemzési módszerek fejlesztése mellett, a levegőben található rezisztencia gének egészségügyi kockázatának tanulmányozása. Emellett az Újonnan Felbukkanó fertőző betegségek Observatóriuma (VEO) nevű nemzetközi konzorcium keretein belül gyűjtött szennyvíz minták metagenomikai elemzésével is foglalkozom. Ezen minták esetében célom annak vizsgálata, hogy a szennyvíz mennyire lehet alkalmas a fertőző betegségek kórokozóinak, vektorainak és az antimikrobiális rezisztencia gének monitorozására, elterjedésének vizsgálatára.



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 transzkriptum-szintű újgenerációs 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.



Déri Máté
Semmelweis Egyetem,
Gyógyszertudományok Doktori Iskola,
Budapest

Kutatási terület: **a gyógyszer-metabolizmusban mutatózó interindividuális eltérések hátterének feltárása**

Témavezető: **Dr. Monostory Katalin**

Déri Máté a PhD disszertációjához kapcsolódó kutatómunka során a gyógyszer-metabolizmusban mutatózó interindividuális eltérések hátterével foglalkozott. Egy qPCR módszer optimalizálást követően, a finomított eljárással veseelégtelenséggel élő betegek mintáiban vizsgálta a gyógyszer-metabolizmusban fontos szerepet betöltő citokróm P450 (CYP) enzimek mRNS expresszióját, egy egészséges veseparaméterekkel rendelkező vizsgálati csoport értékeivel összevetve. Szív- és májtranszplantált páciensekben a CYP enzimek genetikai és mRNS expressziós paramétereinek függvényében elemezte a betegek immunszuppresszáns hatóanyag metabolizáló kapacitását, a pontosabb, személyre szabott gyógyszeres terápia támogatása érdekében.



Diósdí Ákos
Szegedi Tudományegyetem,
Szegedi Biológiai Kutatóközpont,
Szeged

Kutatási terület: **3-dimenziós (3D) nagy áteresztőképességű rendszer fejlesztése egysejt alapú fenotipikus analízisre és alkalmazása személyre szabott rákkutatásban**

Témavezető: **Dr. Horváth Péter**

Az utóbbi évtizedekben a 2-dimenziós (2D) sejt kultúrák meghatározó szerepet töltek be a gyógyszerkutatásban. Ugyanakkor a 2D-s modelleknek megvan az a hátránya, hogy nem feltétlenül reprezentálják megfelelően a szöveti struktúrákat. Napjainkban a 3-dimenziós (3D) sejt kultúrák egyre nagyobb népszerűsége tesznek szert, mivel jobban tükrözik a szöveti felépítést in vivo. Ennek köszönhetően a 3D-s modellek egy új megoldást jelenthetnek a gyógyszerkutatásban, de ehhez szükség van egy egységes protokollra a szferoidok előállításától, az egysejt-szintű feldolgozáson át, a kiértékelésig bezárólag. Munkánk során humán karcinóma sejt vonalak segítségével szferoidokat készítünk, amelyeket különböző kezelések alkalmazásával átláthatóvá tudunk tenni, majd a szelektív sík-megvilágítású mikroszkóp (light-sheet) segítségével egysejt-szinten tudunk detektálni. A célunk, hogy egy olyan nagy áteresztőképességű rendszert fejlesszünk, amely képes meggyorsítani a szferoidok egysejt-szintű detektálását és fenotipikus analízisét.



Fekete Ferenc
Eötvös Loránd Tudományegyetem,
TTK Enzimológiai Intézet,
Budapest

Kutatási terület: **a gyógyszer-metabolizmust befolyásoló tényezők és a személyre szabott gyógyszeres terápia lehetőségei**

Témavezető: **Dr. Monostory Katalin**

PhD hallgatóként kutatási tevékenységemet farmakogenetikai témakörben folytatom. A gyógyszer-metabolizmusban fontos szereppel bíró citokróm P450 (CYP) génekben előforduló funkcióváltozást eredményező mutációk és kópiaszám változás kimutatását, illetve génexpressziós vizsgálatokat végzünk real-time PCR alapú módszerrel. Az egyén előzetes CYP-státusz vizsgálatával azonosíthatók a klinikailag releváns CYP mutációk, illetve a megváltozott CYP expresszió, ezáltal lehetővé válik a fokozott mellékhatás kockázatú vagy terápiás hatástalanságot eredményező gyenge vagy extenzív gyógyszer-metabolizmus előrejelzése. Célunk a gyógyszer-metabolizmusban mutatózó inter- és intraindividuális különbségek hátterének vizsgálata, az egyéni gyógyszerlebontó képesség becslése és alkalmazása betegek személyre szabott gyógyszeres terápiájában.



Fekete János Tibor
Semmelweis Egyetem,
Bioinformatika Tanszék,
Budapest

Kutatási terület: **transzkriptom alapú prediktív biomarkerek szolid tumorokban**

Témavezető: **Prof. Dr. Gyórfy Balázs**

A kutatásaim fókuszában a prediktív biomarkerek állnak. A két éve indult ROC Plotter projekt célja az, hogy egy webalkalmazáson keresztül, az adatokat egységes szerkezetben kezelve összefüggéseket keressünk az egyes gének expressziója és a terápiás válasz között. Az alkalmazás emlő-, méhnyak-, kolorektális tumor, valamint glioblasztomás betegek génchip és újgenerációs RNS méréseken alapuló forrásadatait használja. Az alkalmazás segítségével lehetőséget kívánunk biztosítani arra, hogy kísérletes eredmények független, külső validációját biztosítsuk a kutatóközösség számára. A honlap (www.rocplot.org) további szolgáltatása, hogy saját adatokból is lehetséges ROC analízis elvégzése, így további statisztikai szoftverek felhasználása nélkül is lehetséges kísérletes eredmények gyors kiértékelése.



Hirling Dominik
Szegedi Tudományegyetem, Informatikai Intézet
Szegedi Biológiai Kutatóközpont,
Szeged

Kutatási terület: **gépi tanulási és matematikai modellek a biológiai képfeldolgozásban**

Témavezető: **Dr. Horváth Péter**

A biológiai képfeldolgozás területén az egyik legaktívabb kutatási terület a mikroszkópos képeken történő sejtszegmentálás. Napjainkban ezeket a feladatokat úgynevezett mély neuronhálókkal oldják meg, melyek rendkívül hatékonyan képesek szegmentálásokat végezni, amennyiben nagy mennyiségű tanító adat áll rendelkezésre. Ezekhez a feladatokhoz nagyrészt konvolúciós mély neuronhálókat használnak. Kutatásom témája egy olyan automatikus tanítóhalmaz-generáló módszer koncepciójának kidolgozása és megvalósítása, amely nagyon erős matematikai megalapozottsággal rendelkezik és intuitív módon ötvözi több szakértő annotálását. Ez tulajdonképpen az első lépés egy teljesen automatikus sejtszegmentáló munkafolyamatban. További kutatásaim közé tartozik egy olyan mélytanuló algoritmus létrehozása, ami a konvolúciós neuronhálókat és erős elméleti megalapozottságú geometriai jellemzőket is felhasznál a mikroszkópos képekről, a szegmentálást pedig ezek alapján végzi el.



Hoffka Gyula
Debreceni Egyetem,
Biokémiai és Molekuláris Biológiai Intézet,
Debrecen

Kutatási terület: **enzimevolúció elméleti kémiai vizsgálata**

Témavezető: **Prof. Dr. Tőzsér József**

Kutatásom célja az enzimevolúció mögött meghúzódó folyamatok megismerése. Munkám során modern elméleti kémiai számításokkal vizsgálom enzimszisztemeket. Alkalmazom többek között a Nobel-díjas Arieh Warshel által fejlesztett módszereket, illetve klasszikus molekuladinamikai szimulációkat is. További elméleti kutatómunkát folytatom a Retrovirális Biokémiai Kutató Laboratóriumban. Eredményeim kiértékelése során nagymértékben támaszkodom a statisztika és a bioinformatika módszereire.



Incze Evelyn Erzsébet
Semmelweis Egyetem,
Gyógyszertudományok Doktori Iskola,
Budapest

Kutatási terület: **farmakokinetikai változások a daganatos sejtekben**

Témavezető: **Dr. Monostory Katalin**

A daganatokban kialakult rezisztencia több mechanizmuson keresztül valósulhat meg, amelyek közül a módosult gyógyszer-metabolizmusra fókuszálok kutatásom során. A citokróm P450 (CYP) enzimek és a kialakult rezisztencia kapcsolatának tisztázását tűztem ki célul nem kissejtes tüdő adenocarcinómában. Klinikai mintákban CYP2C8 és CYP3A4 kópiaszám meghatározását végzem, amely nagy áteresztőképességű mikrofluidikai rendszeren valósul meg. In vitro tüdő adenocarcinoma (EKVX) és epidermoid carcinoma (A431) sejt-modellekben vizsgálom a nem rezisztens és kísérletesen rezisztensé tett sejt vonalak érzékenységét kemoterápiás hatóanyagokkal szemben. Meghatározásra kerül a CYP2C8 és CYP3A4 gének kópiaszám változása, a CYP gének mRNS és fehérje expressziója, továbbá a kemoterápiás hatóanyaggal való kezelés hatásait térképezem föl. Kópiaszám meghatározás, illetve a további kiértékelések egy része Pythonban valósul meg.



Kalcsevszki Regina
Pázmány Péter Katolikus Egyetem,
Információs Technológiai és Bionikai Kar,
Budapest

Kutatási terület: **biomarkerek azonosítása mikrobiomszekvenálási adatokból gépi tanulás segítségével**

Témavezető: **Prof. Dr. Pongor Sándor, Dr. Ligeti Balázs**

Kutatásom során a humán mikrobiom és bizonyos betegségek, főként a vastag és végbélrák (CRC), kapcsolatával foglalkozom. Céloom egy olyan bioinformatikai rendszer implementálása, mely nyers mikrobiomszekvenálási mintákból olyan biomarkereket képes azonosítani, mely alapján a beteg és kontrol mintákat robotosan szét lehet választani, így a CRC predikciójára alkalmasak. Munkám a szekvenálási adatok tisztításától, a metagenomikai elemzésen át a gépi tanulási algoritmusok, köztük neurális hálózatok, alkalmazásáig terjed.



Kotmayer Lili
Semmelweis Egyetem,
ÁOK I. Sz. Patológiai és Kísérleti Rákkutató Intézet,
Budapest

Kutatási terület: **hematológiai malignitások genetikai hátterének vizsgálata**

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

A különböző entitásokban a molekuláris vizsgálatoknak köszönhetően olyan eltérések, mutációk kvantitatív és kvalitatív meghatározását végzem, melyek prognosztikai és prediktív biomarkerként segíthetik a betegségek korszerű kezelését, valamint célzott terápiás gyógyszerek potenciális célpontjaiként szolgálhatnak. Jelenlegi projektjeimben az idősek körében gyakori krónikus lymphocytás leukémia (CLL) és a célzott terápiákkal (ibrutinib, venetoclax) szemben fellépő rezisztencia genetikai hátterét, valamint a főként gyermeket érintő, familiáris myeloid kórképekben megfigyelhető örökletes eltérések jelenlétét vizsgálom modern molekuláris módszerekkel (digitális droplet PCR, új-generációs szekvenálás).



Kovács Szonja Anna
Semmelweis Egyetem,
Bioinformatikai tanszék,
Budapest

Kutatási terület: **az immunterápiára jellemző prediktív biomarkerek azonosítása**

Témavezető: **Prof. Dr. Gyórfy Balázs**

2020-ban végeztem a Debreceni Egyetemen molekuláris biológusként, majd ezt követően kezdtem el a PhD tanulmányaimat a Semmelweis Egyetem Bioinformatika Tanszéken. Ezen vizsgálatokhoz publikusan elérhető transzkriptomikai és klinikai adatokat dolgozok fel. Az in silico beazonosított gének hatásait sejtvonalakon, illetve az Onkobankból származó humán mintákon is validálom. Továbbá, emlőtumoros sejtvonalak nano-injektálását követően vizsgálom a driver mutációk és a kemorezisztencia kialakulásának körülményeit



Dr. Krizsán Szilvia
Semmelweis Egyetem,
I. Sz. Patológiai és Kísérleti Rákkutató Intézet,
Budapest

Témavezető: **Prof. Dr. Bödör Csaba, Dr. Alpár Donát**

Fő kutatási témám a **gyermekkori akut lymphoid leukémia genom- és transzkriptumszintű újgenerációs 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 biostatisztikai elemzése is része a munkámnak, melyet főképp az R szoftver segítségével végzek.



Kumar Ajneesh
Debreceni Egyetem,
Biokémiai és Molekuláris Biológiai Intézet,
Debrecen

Kutatási terület: **antimikrobiális és immunmodulátor peptidek, proteomikai bioinformatika**

Témavezető: **Dr. Csősz Éva**

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



Dr. László Tamás
Semmelweis Egyetem,
Patológiai és Kísérleti Rákkutató Intézet,
Budapest

Kutatási terület: **krónikus limfocitás leukémia molekuláris genetikai hátterének vizsgálata**

Témavezető: **Prof. Dr. Bödör Csaba**

Fő kutatási területem az új célzott terápiákban részesülő, krónikus limfocitás leukémiában (CLL) szenvedő betegek terápiás mélységének meghatározása, innovatív molekuláris vizsgálóeljárások alkalmazásával. Munkánk során célul tűztük ki egy újgenerációs szekvenálás alapú mérhető reziduális betegség monitorozására szolgáló vizsgálat kidolgozását és elérhetővé tételét. Emellett célunk a célzott kezelése során megjelenő rezisztenciamechanizmusok hátterében álló genetikai eltérések feltérképezése, ezáltal új potenciális prognosztikus és/vagy prediktív biomarkerek azonosítása.



Dr. Loránt Gergő
Semmelweis Egyetem,
Patológiai Tudományok Doktori Iskola,
Budapest

Kutatási terület: **az autonóm idegrendszeri működés jelentősége a daganatos betegek esetében**

Témavezető: **Dr. Szász Attila Marcell**

Kutatásom hosszú távú célja, hogy a vagus tónust (és az autonóm idegrendszert) jellemző szívfrekvencia-variabilitást (HRV) biomarkerként vizsgáljam, mint lehetséges faktort elsősorban a daganatos megbetegedések ellátási láncában (etiológia, patofiziológia megismerése, prevenció lehetősége, korai diagnózis, prognózisalkotás, betegkövetés). Kutatásom célja rövidtávon az, hogy bizonyítsam, hogy az autonóm idegrendszeri működés vizsgálatának jelentősége van a daganatos betegek esetében; illetve hogy az ezt a működést jellemző szívfrekvencia-variabilitás egy lehetséges prognosztikus faktor esetünkben.



Maher Alnajjar
Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem,
Genetika és Biotechnológia Intézet,
Gödöllő

Kutatási terület: **humán és egér transzkripciós faktor kötőhelyek**

Témavezető: **Dr. Barta Endre**

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



Mangó Katalin
Semmelweis Egyetem,
Természettudományi Kutatóközpont,
Budapest

Kutatási terület: **citokróm P450 polimorf allélvariánsok hatása a ciklofoszfamid kezelés kimenetelére**

Témavezető: **Dr. Monostory Katalin**

A xenobiotikumok átalakítását végző humán citokróm P450 (CYP) enzimcsalád minor tagja a CYP2B6 izoenzim, mely a legfontosabb katalizátora a ciklofoszfamid kemoterápiában és immunszuppresszánsként alkalmazott hatóanyag bioaktivációs útvonalának. A CYP2B6 májban mérhető expressziója, illetve aktivitása meghatározhatja a ciklofoszfamid metabolizmusát, így hatással lehet a citosztatikus (foszforamid mustár) és toxikus mellékhatást okozó metabolitok (akrolein, klóracetaldehid) képződésére. A CYP2B6 májban kialakult fenotípusát elsősorban a funkcionális eltérést okozó polimorf allélvariánsai határozzák meg, azonban ezt számos nem-genetikai tényező csökkentheti, illetve növelheti. Munkám során célul tűztem ki a CYP2B6 fenotípusra ható genetikai és nem-genetikai tényezők vizsgálatát humán szervdonorok májszövet-mintáinak felhasználásával. A genotípus alapú fenotípus becslési eredményeket felhasználva igyekszünk becsülni neuroblastomás gyermekek CYP2B6 genotípusa alapján a ciklofoszfamid terápia hatékonyságát és a kiválasztószervrendszert, valamint a májat érintő toxicitás megjelenését.



Müller Dalma
Semmelweis Egyetem,
Bioinformatika Tanszék,
Budapest

Kutatási terület: **genomszintű DNS metilációs és transzkriptomikai adatok elemzése tumoros, normál és metasztatikus szövetmintákban**

Témavezető: **Prof. Dr. Györfy Balázs**

Kutatásom során többek között vastagbél adenokarcinómában vizsgálom a DNS metilációt, elsősorban microarray technológia felhasználásával készült adatok elemzése által. Munkám célja a DNS metiláció tumorprogresszióban betöltött szerepének vizsgálata, illetve új, metiláció-alapú biomarker-jelöltek azonosítása. Mindezek mellett az összegyűjtött adatokat egy, a különböző szövetek összehasonlítását szolgáló webes felület létrehozásán dolgozom.



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

Kutatási terület: **B-sejtes limfómák minimál invazív detektálása és nyomon követése folyadékbiopsziával**

Témavezető: **Prof. Dr. Bödör Csaba**

PhD-munkám során B-sejtes non-Hodgkin-limfómában szenvedő betegektől gyűjtött vérplazmamintákból 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 folyadékbiopsziás eljárás segítségével.



Dr. Nagy Nikoletta Andrea
Debreceni Egyetem,
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.



Erdenetsetseg Nokhoijav
Debreceni Egyetem,
Biokémiai és Molekuláris Biológiai Intézet,
Debrecen

Kutatási terület: **proteomikai és metabolomikai analízisek nagy populációkat érintő betegségekben**

Témavezető: **Dr. Csősz 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 fehérjemintázatokat. Célom a szemet érintő komplikációk szérumszinten megjelenő változásainak vizsgálata és olyan potenciális biomarkerek azonosítása, amelyek a diabéteszes retinopátia megjelenését és súlyosbodását előre jelezhetik.



Oravecz Orsolya
Eötvös Loránd Tudományegyetem,
Természettudományi Kutatóközpont,
Enzimológiai Intézet, Budapest

Kutatási terület: **az anyai-magzati kapcsolat sejtes és molekuláris szintű immunszabályozása**

Témavezetők: **Dr. Than Nándor Gábor, Dr. Papp-Balogh Andrea**

Kutatómunkám a terhességi immunológia témakörében folytatom, ezen belül is azon méhlepényi glikánok és a glikán-kötő galektinek szerepét vizsgálom, melyek fontos szerepet játszanak az anyai immunrendszer szabályozásában és/vagy a placentációban, és kórosan megváltozott expressziójuk összefüggésben van terhességi kórképek kialakulásával. A mögöttes molekuláris mechanizmusok azonban még koránt sem ismertek teljesen, így a méhlepényi glikánok és galektinek egészséges terhességben és nagy szülészeti kórképekben betöltött szerepének felderítése áttörést hozhat előrejelzés, megelőzés, diagnózis és a terápia területén is.



Pálné Szén Orsolya
Debreceni Egyetem,
Biokémiai és Molekuláris Biológiai Intézet,
Debrecen

Kutatási terület: **humán és egér transzkripciós faktor kötőhelyek elemzése**

Témavezető: **Dr. Barta Endre**

Kutatócsoportunk korábbi munkájának eredményeként létrejött egy átfogó, humán ChIP-seq kísérleteket tartalmazó adatbázis, a ChIPSummitDB (<http://summit.med.unideb.hu/summitdb/>).

A ChIPSummitDB jelenleg az egyes humán transzkripciós faktorok (TF) cisztrómjairól, valamint a DNS kötőhelyekről és kofaktorokról nyújt globális képet. További célunk és fő munkám, hogy az adatbázist kibővítsük az egér ChIP-seq kísérletek hasonló elemzéseivel, mely által lehetővé válik a TF kötőhelyek szerepének és működésének pontosabb megértése és a korábban ismeretlen transzkripciós szabályozó hálózatok azonosítása.



Dr. Péterffy Borbála
Semmelweis Egyetem,
ÁOK Patológiai és Kísérleti Rákkutató Intézet,
Budapest

Kutatási terület: **gyermekkori akut limfoblasztos leukémia genomikai és transzkriptomikai hátterének feltérképezése**

Témavezető: **Dr. Alpár Donát, Prof. Dr. Bödör Csaba**

PhD munkám fő témája gyermekkori akut limfoblasztos leukémia genomikai és transzkriptomikai hátterének vizsgálata, újgenerációs szekvenálással. Munkánk célja kópiaszám eltérések, mutációk és fúziók detektálása, illetve esetleges célzott terápiai célpontok azonosítása korszerű, nagy áteresztőképességű módszerekkel. Célunk, hogy az azonosított eltérésekkel hozzájáruljunk a rizikóstratifikáció finomításához, illetve, hogy segítsük a rizikóadaptált terápiai stratégiákat.



Posta Máté
Semmelweis Egyetem,
Természettudományi Kutatóközpont,
Enzimológiai Intézet, Budapest

Kutatási terület: **a nagy szülészeti kórképek patomechanizmusai, korai predikciója és diagnózisa**

Témavezetők: **Prof. Dr. Papp Zoltán, Dr. Than Nándor Gábor**

Munkánk során egészséges és patológiás terhességekből származó minták „omikai” adatainak bioinformatikai elemzését végezzük. Érdeklődésünk fő körében a preeclampsia, az IUGR, és a vetélések állnak. Célunk különböző expressziós mintázatok felismerése és ezen keresztül a betegségek kóros patofiziológiai mechanizmusainak feltárása, molekuláris útvonalak alapján a kórképek differenciálása. Olyan biomarkereket keresünk, melyek már a betegség megjelenését megelőző stádiumban előrejelezhetik ezen kórképek későbbi megjelenését.



Szeitz Beáta
Semmelweis Egyetem,
I. sz. Belgyógyászati és Onkológiai Klinika,
Budapest

Kutatási terület: **biomarkerek szolid daganatokban, proteogenomika, bioinformatika**

Témavezető: **Dr. Szász Attila Marcell**

Fő kutatási területem a melanóma proteogenomikai analízise, emellett kissejtes és nem kissejtes tüdőrák proteomikai vizsgálatából származó adatok statisztikai és bioinformatikai elemzésével foglalkozom. Munkámat a European Cancer Moonshot Lund Center-el (www.cancermoonshotlund.com) együttműködve végzem. Potenciális terápiai célpontokat, a gyógyszerek hatását szabályozó folyamatokat térképezünk fel, emellett a betegség progresszióját, az áttétképzést és a túlélést befolyásoló mechanizmusokat is vizsgáljuk. Célunk, hogy kutatásainkkal a betegek javát szolgáló, a klinikai gyakorlatban is hasznosítható ismereteket gyűjtsünk.



Udvarnoki Zoltán András
Eötvös Loránd Tudományegyetem,
Fizikai Intézet,
Budapest

Kutatási terület: **újgenerációs szekvenálási adatok feldolgozása, kiértékelése, MHC-peptid-kötődése**

Témavezető: **Prof. Dr. Csabai István**

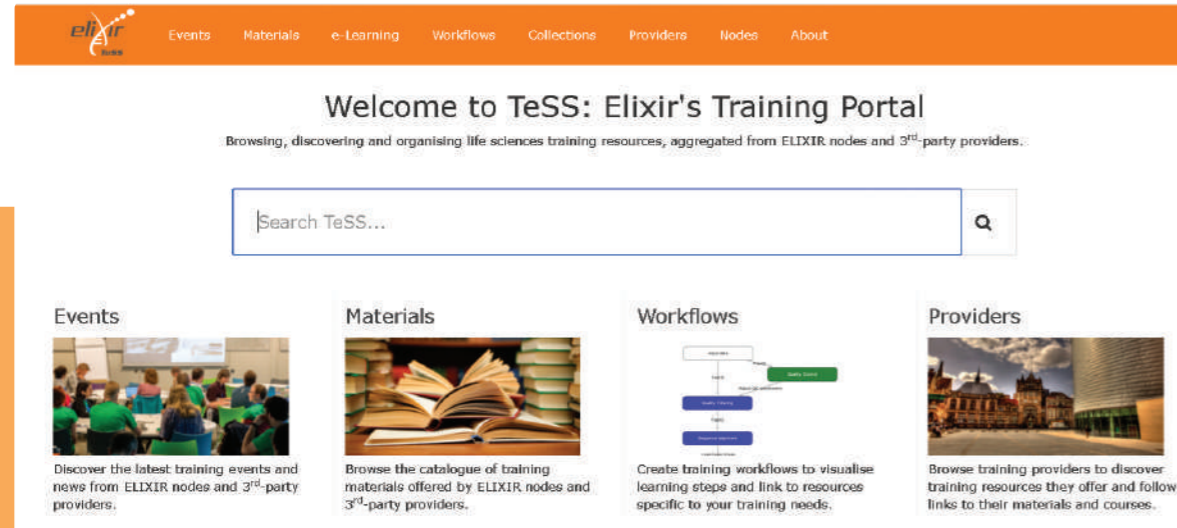
Csabai István bioinformatikai kutatócsoportjában biológiai adatok, köztük újgenerációs szekvenálási adatok feldolgozásával, kiértékelésével foglalkozom, különös tekintettel a gépi tanulás, deep learning alkalmazására. Eddigi főbb munkáim az MHC-peptid-kötődés becsléséhez, valamint genetikai mutációk,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

6.2. NYITOTT PHD TÉMÁK

Intézmény	Témavezető	Téma / Kapcsolat	Intézmény	Témavezető	Téma / Kapcsolat
Állatorvos-tudományi Kutatóközpont	Dr. Harrach Balázs/ Kaján Győző	Madarak metagenomikai szűrése vírusokra harrach.balazs@vmri.hu	Pécsi Tudomány-egyetem	Dr. Gyenesei Attila	A nem kissejtes tüdőrák (NSCLC) miRNS NGS alapú expressziós profilozása bioinformatikai elemzéssel és biomarker-kutatás a pontosabb diagnosztika és prognózis segítése érdekében gyenesei.attila@pte.hu
Debreceni Egyetem	Dr. Sramkó Gábor	Molekuláris filogenetikai és filogeográfiai vizsgálatok hazai növényfajokon sramko.gabor@science.unideb.hu	Semmelweis Egyetem	Dr. Alpár Donát	Malignus hemopoetikus betegségek heterogenitása és evolúciója alpar.donat@med.semmelweis-univ.hu
Debreceni Egyetem	Dr. Sramkó Gábor	Molekuláris filogenetikai vizsgálatok növény- és állatfajok körében sramko.gabor@science.unideb.hu	Semmelweis Egyetem	Prof. Dr. Bődör Csaba	Lymphomák és leukaemiák genetikai és epigenetikai hátterének vizsgálata bodor.csaba1@med.semmelweis-univ.hu
Debreceni Egyetem	Dr. Sramkó Gábor	Veszélyeztetett állat- és növényfajok konzervációgenetikája sramko.gabor@science.unideb.hu	Semmelweis Egyetem	Prof. Dr. Győrffy Balázs	Multi-omikai vizsgálatok onkológiában gyorffy.balazs@med.semmelweis-univ.hu
Debreceni Egyetem	Dr. Sramkó Gábor	Növények és állatok molekuláris filogenetikája sramko.gabor@science.unideb.hu	Semmelweis Egyetem	Prof. Dr. Győrffy Balázs	Mono- és multigén onkológiai biomarkerek gyorffy.balazs@med.semmelweis-univ.hu
Debreceni Egyetem	Dr. Barta Endre	Variation based binding affinity analysis of the human and mouse transcription factors barta.endre@unideb.hu	Semmelweis Egyetem	Prof. Dr. Győrffy Balázs	NGS kiértékelés betegdiagnosztikához gyorffy.balazs@med.semmelweis-univ.hu
Debreceni Egyetem	Dr. Barta Endre	Genome-wide functional genomic studies of the gene expression regulation barta.endre@unideb.hu	Semmelweis Egyetem	Prof. Dr. Győrffy Balázs	Gépi tanulási módszerek alkalmazása emlőtumoros betegek várható túlélésének kiszámításához és a legjobb gyógyszeres terápia kiválasztásához gyorffy.balazs@med.semmelweis-univ.hu
Debreceni Egyetem	Dr. Bálint Bálint László	Daganatok génexpressziója és klinikai tulajdonságai közötti összefüggések komplex elemzése és validálása nagyméretű genomikai adatbázisok alapján balintblaszlo@gmail.com	Semmelweis Egyetem	Prof. Dr. Győrffy Balázs	Mesterséges intelligencia algoritmusok alkalmazása a korai diagnosztikában gyorffy.balazs@med.semmelweis-univ.hu
ELTE	Dr. Than Nándor Gábor	Az anyai-magzati kapcsolat sejtes és molekuláris szintű immunszabályozása than.gabor@ttk.hu	Semmelweis Egyetem	Prof. Dr. Győrffy Balázs	Platform fejlesztése következő generációs szekvenálási adatok alapján történő automatizált betegdiagnosztikához gyorffy.balazs@med.semmelweis-univ.hu
ELTE	Dr. Dosztányi Zsuzsanna	Fehérje degradációs szignálok feltérképezése zsuzsanna.dosztanyi@ttk.elte.hu	Semmelweis Egyetem	Dr. Menyhart Otilia	Diagnosztikai eszközök fejlesztése betegektől származó mérések adatainak felhasználásával menyhart.otilia@med.semmelweis-univ.hu
ELTE	Dr. Dosztányi Zsuzsanna	Rendezetlen fehérjék jellemzése bioinformatikai és mélytanulási módszerekkel zsuzsanna.dosztanyi@ttk.elte.hu	Természet-tudományi Kutatóközpont	Dr. Monostory Katalin	Metabolikus gyógyszer-kölcsönhatások vizsgálata monostory.katalin@ttk.mta.hu
ELTE Biológiai Doktori Iskola	Dr. Tusnády Gábor	Transzmembrán fehérjék bioinformatikai vizsgálata tusnady.gabor@ttk.hu	Semmelweis Egyetem	Dr. Szász Attila Marcell	Biomarkerek szolid daganatokban szasz.attila_marcell@med.semmelweis-univ.hu
ELTE Biológiai Doktori Iskola	Dr. Tusnády Gábor	A transzmembránfehérjék postai címzése tusnady.gabor@ttk.hu	Semmelweis Egyetem	Dr. Than Nándor Gábor	A nagy szülészeti kórképek patomechanizmusai korai predikciója és diagnózisa than.gabor@ttk.hu

6.3. TESS (KÜLFÖLDI BIOINFORMATIKAI KURZUSOK)

A külföldi kurzusokról tájékozódhatunk az ELIXIR Training Platform **TeSS** honlapjáról, amely események, tananyagok, források, munkafolyamatok és a képzési anyagokat szolgáltatók bőséges tárháza.



<https://tess.elixir-europe.org/>

7.

ELIXIR ESZKÖZSZOLGÁLTATÁSOK (TOOLS SERVICES)

7.1. GALAXY SZERVER

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 szolgáltatók új, korábban nem látott mennyiségű adatot. Megfigyelhető, hogy sok esetben az adatok feldolgozása jelenti a szűk keresztmetszetet. Ennek potenciális magyarázata az, hogy a kiértékelést segítő számítógépes programok készítése és futtatása speciális szakértelmet és környezetet igényel, gondoljunk a sokakat elriasztó UNIX / Linux rendszerű számítógépekre és a parancssoros felhasználói környezetre. További korlátot jelenthet, hogy a nagy adattömegek elemzése erős hardveres követelményeket támaszt.

A Galaxy platform egy könnyen kezelhető grafikus felhasználói felületet (graphical user interface, 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.

Mivel kurzusunk a gyakorlati felhasználásra helyezi a hangsúlyt, ezért fontos volt, hogy hallgatóink számára egy olyan, könnyen használható platformfüggetlen eszközt tudjunk ajánlani, amely minimális informatikai tudással is lehetővé teszi a feladatok gyors megoldását és azok ellenőrzését.

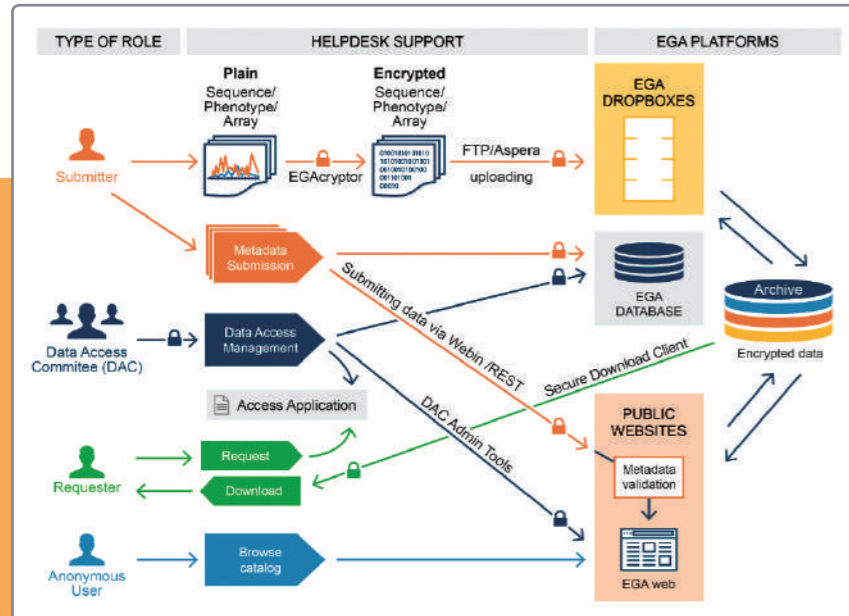


Measure	Value
Filename	pool_quality_data_fastqanger_01.gz
File type	Conventional base calls
Encoding	Sanger / Illumina 1.5
Total sequences	30000
Sequences flagged as poor quality	0
Sequence length	51
%GC	57

A Semmelweis Egyetem Galaxy szervere: <http://galaxy.semmelweis.hu/>
Kapcsolattartó: Dr. Fekete János, Semmelweis Egyetem
fekete.janos@med.semmelweis-univ.hu

7.2. EGA SZERVER

Az Európai Genom-fenom Archívum (EGA, European Genome-phenome Archive) egy ELIXIR infrastruktúra, ami jelenleg az Európai Bioinformatikai Intézetben (EBI, European Bioinformatics Institute) és a spanyol Genomikai Szabályozási Központban (CRG, Centre for Genomics Regulation) lévő szerverről érhető el.



Az EGA biztosítja a nagyléptékű orvosbiológiai genomikai kutatási projektek személyazonosításra alkalmas genetikai és fenotípusos adatainak állandó archiválását és terjesztését. Az EGA szerver főleg nagyléptékű genom és exom szekvenálás, chip alapú genotípus, valamint az ezekhez tartozó metaadatokat tárol. A metaadatok nagy része szabadon böngészhető, ugyanakkor a szekvenálási és genotípus adatok elérése a beküldők engedélyéhez kötött. Az egész EGA szerver működését, a különböző típusú adatok kezelését, tárolását és terjesztését szigorú protokollok szabályozzák, biztosítva ezzel az adatvédelmi szabályoknak történő megfelelést. Bár jelenleg csak az EBI és a spanyol CRG szerver működik, a közeljövőben tervben van egy szétosztott rendszer kialakítása is. Ez az új rendszer megengedi majd a mostani két központi tükörszerver mellett alacsonyabb szintű nemzeti, vagy akár intézményi EGA szerverek kialakítását is. Ez biztosíthatja például, hogy a genetikai adatok fizikailag is egy országban vagy intézményben maradjanak.

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

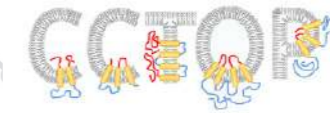
Kapcsolattartó: Dr. Barta Endre, Debreceni Egyetem
barta.endre@unideb.hu

7.3. ADATKEZELŐ ÉS ADATSZOLGÁLTATÓ ESZKÖZÖK ÉS SZOLGÁLTATÁSOK AZ ELIXIR MAGYARORSZÁG HÁLÓZATÁBAN

SZERVEREK



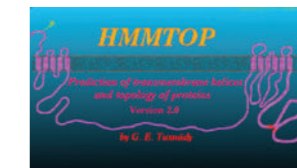
Acronym: **BiSearch**
Név: **Primer Design and Search Tool**
Primer tervező és ePCR-t készítő eljárás bizsulfittal kezelt és nem kezelt DNS szekvenciákra
Webcím: <http://bisearch.enzim.hu>
Referencia: Arányi T, Váradi A, Simon I, Tusnady GE. The BiSearch web server. BMC Bioinformatics. 2006 Oct 5;7:431 (Hivatkozás: 240x)



Acronym: **CCTOP**
Név: **A transzmembrán fehérjék topológiáját és struktúráját feldolgozó eszközök**
Webcím: <http://cctop.enzim.ttk.mta.hu>
Referencia: Dobson L, Reményi I, Tusnady GE. CCTOP: a Consensus Constrained TOPology prediction web server. Nucleic Acids Res. 2015 Jul 1;43(W1):W408-12. (Hivatkozás: 210x)

Contact Map WebViewer

Acronym: **CMWeb**
Név: **Contact Map WebViewer**
Webcím: <http://cmweb.enzim.hu>
Referencia: Kozma D, Simon I, Tusnady GE. CMWeb: an interactive on-line tool for analysing residue-residue contacts and contact prediction methods. Nucleic Acids Res. 2012 Jul;40(Web Server issue):W329-33. (Hivatkozás: 34x)



Acronym: **HMMTOP**
Név: **Transzmembrán régiók becslése az aminosav szekvencia alapján**
Webcím: <http://www.enzim.hu/hmmtop>
Referencia: Referencia: GE Tusnady, I Simon: The HMMTOP transmembrane topology prediction server, Bioinformatics, 2001 - academic.oup.com (Hivatkozás: 2777x)



Acronym: **MemDis**
Név: **Transzmembrán fehérjékben levő rendezetlen szakaszok becslésére alkalmas eljárás**
Webcím: <http://memdis.ttk.hu>
Referencia: Dobson L, Tusnady GE. MemDis: Predicting Disordered Regions in Transmembrane Proteins. Int J Mol Sci. 2021 Nov 12;22(22):12270.



Acronym: **PolarProtPred**
Név: **Transzmembrán fehérjék polarizált sejtekben való lokalizációjának becslésére alkalmas eljárás**
Webcím: <http://polarprotpred.ttk.hu>
Referencia: Dobson L, Zeke A, Tusnady GE. PolarProtPred: Predicting apical and basolateral localization of transmembrane proteins using putative short linear motifs and deep learning. Bioinformatics. 2021;btab480.



TMCryS

Acronym: **TMCryS**

Név: **Transzmembrán fehérjék kristályosíthatóságának becslésére alkalmas eljárás**

Webcím: <http://tmcrys.enzim.ttk.mta.hu/>

Referencia: Varga JK, Tusnády GE. The TMCryS server for supporting crystallization of transmembrane proteins. *Bioinformatics*. 2019 Oct 15;35(20):4203-4204.



Acronym: **TMDet**

Név: **Transzmembrán régiók detektálása a fehérjék 3D-s struktúrája segítségével**

Webcím: <http://tmdet.enzim.hu>

Referencia: Tusnády GE, Dosztányi Zs and Simon I: TMDet: Web server for detecting transmembrane domains by using 3D structure of proteins, *Bioinformatics*, 2005 (Hivatkozás: 120x)



Acronym: **Kooplex**

Név: **Kutatóegységek együttműködését segítő virtuális infrastruktúra hálózat**

Webcím: <https://k8plex-edu.elte.hu/hub/>

Referencia: Dávid Visontai, József Stéger, János Márk Szalai-Gindl, László Dobos, László Oroszlány, István Ervin Csabai: Collaborative data analytics portal for advancing sciences (preprint)



Acronym: **G-2-O**

Név: **Mutáció vagy CNV, génexpresszió és a túlélés összekapcsolt vizsgálatára szolgáló eszköz**

Webcím: <http://www.g-2-o.com>

Referencia: Pongor L, Kormos M, Hatzis C, Pusztai L, Szabó A, Gyórfy B: A genome-wide approach to link genotype to clinical outcome by utilizing next generation sequencing and gene chip data of 6,697 breast cancer patients, *Genome Medicine*, 2015 (Hivatkozás: 107x)



Acronym: **TmFoldWeb**

Név: **Transzmembrán fehérjék szerkezeti osztályának a szekvencia alapján való becslésére alkalmas eljárás**

Webcím: <http://tmfoldweb.enzim.ttk.mta.hu>

Referencia: Kozma D, Tusnády GE. TMFoldWeb: a web server for predicting transmembrane protein fold class. *Biol Direct*. 2015;10:54.



Acronym: **IUPred**

Név: **Rendezetlen fehérje régiók meghatározására szolgáló eszköz**

Webcím: www.iupred.elte.hu

Referencia: Gábor Erdős, Zsuzsanna Dosztányi: Analyzing Protein Disorder with IUPred2A, *Current Protocols in Bioinformatics*, 2020 (Hivatkozás: 1600x)



Acronym: **Recurrence Online**

Név: **Transzkriptom alapú emlő tumor diagnosztikai eszköz**

Webcím: <http://www.recurrenceonline.com>

Referencia: B. Gyórfy, Z. Benke, A. Lánckzy, B. Balázs, Z. Szállási, J. Timár & R. Schäfer: Recurrence Online: an online analysis tool to determine breast cancer recurrence and hormone receptor status using microarray data *Breast cancer research and treatment, Springer*, 2012 (Hivatkozás: 100x)



Acronym: **ROC plotter**

Név: **Génexpresszió alapján prediktív biomarkerek azonosítása és validálása szolid tumorokban**

Webcím: <http://www.rocplot.org>

Referencia: JT Fekete, B Gyórfy: ROCplot.org: Validating predictive biomarkers of chemotherapy/hormonal therapy/anti-HER2 therapy using transcriptomic data of 3,104 breast cancer patients, *International journal of cancer*, 2019 - Wiley Online Library (Hivatkozás: 92x)



Acronym: **KMPlot**

Név: **Meta-analízis alapú, tumor biomarker becslésére szolgáló eszköz**

Webcím: <https://kmplot.com/>

Referencia: B Gyórfy, P Surowiak, J Budczies, A Lánckzy: Online survival analysis software to assess the prognostic value of biomarkers using transcriptomic data in non-small-cell lung cancer, *PLoS one*, 2013 (Hivatkozás: 1470x)



Acronym: **IsoMut**

Név: **Izogén mintacsoportokban előforduló egyedi mutációk (SNP, deléción, inszerción) meghatározására szolgáló eszköz**

Webcím: <http://www.genomics.hu/tools/isomut/isomut.html>

Referencia: Pipek O, Ribli D, Molnár J, Póti Á, Krzystanek M, Bodor A, Tusnády GE, Szallasi Z, Csabai I, Szüts D. Fast and accurate mutation detection in whole genome sequences of multiple isogenic samples with IsoMut. *BMC Bioinformatics*. 2017;18(1):73 (Hivatkozás: 21x)

ADATBÁZISOK



Acronym: **DT40**

Név: **Csirke DT40 sejtvonal genomszekvenciájának adatbázisa**

Webcím: <http://dt40.enzim.ttk.mta.hu>

Referencia: Molnár J, Póti Á, Pipek O, Krzystanek M, Kanu N, Swanton C, Tusnády GE, Szallasi Z, Csabai I, Szüts D. The genome of the chicken DT40 bursal lymphoma cell line. *G3 (Bethesda)*. 2014; 4(11):2231-40

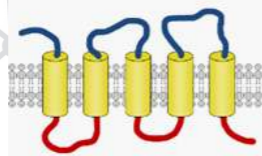


Acronym: **PDBTM**

Név: **Meghatározott térszerkezettel rendelkező transzmembrán fehérjék membrán lokalizációjának adatbázisa**

Webcím: <http://pdbtm.enzim.hu>

Referencia: Kozma D, Simon I, Tusnády GE. PDBTM: Protein Data Bank of transmembrane proteins after 8 years. *Nucleic Acids Res.* 2013;41(Database issue):D524-9 (Hivatkozás: 400x)



Acronym: **HTP**

Név: **Emberi transzmembrán proteóm adatbázisa**

Webcím: <http://htp.enzim.hu>

Referencia: Dobson L, Reményi I, Tusnády GE. The human transmembrane proteome. *Biol Direct.* 2015;10:31 (Hivatkozás: 63x)

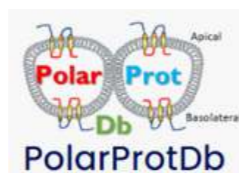


Acronym: **TOPDB**

Név: **Transzmembrán fehérjék kísérleti úton meghatározott topológiai adatainak adatbázisa**

Webcím: <http://topdb.enzim.hu>

Referencia: Dobson L, Langó T, Reményi I, Tusnády GE. Expediting topology data gathering for the TOPDB database. *Nucleic Acids Res.* 2015, 3(Database issue):D283-9. (Hivatkozás: 100x)



Acronym: **PolarProtDb**

Név: **Polarizált sejtekben levő transzmembrán fehérjék lokalizációjának és poszt-transzlációs módosulásainak adatbázisa**

Webcím: <http://polarprotodb.enzim.hu>

Referencia: Zeke A, Dobson L, Szekeres LI, Langó T, Tusnády GE. PolarProtDb: A Database of Transmembrane and Secreted Proteins showing Apical-Basal Polarity. *J Mol Biol.* 2021;433(11):166705.



Acronym: **TSTMP**

Név: **Legfontosabb transzmembrán célfehérjék adatbázisa**

Webcím: <http://tstmp.enzim.ttk.mta.hu>

Referencia: Varga J, Dobson L, Reményi I, Tusnády GE. TSTMP: target selection for structural genomics of human transmembrane proteins. *Nucleic Acids Res.* 2017;45(D1):D325-D330



Acronym: **NRR, Nemzeti Rákregiszter**

Név: **A különböző rákos megbetegedések számait tartalmazza nemi, korcsoportos és terület szerinti bontásban**

Webcím: <https://onkol.hu/nemzeti-rakregiszter/0>

Referencia: Kenessey I, Wéber A, Szilágyi I, Nagy P, Polgár C, Kásler M. Az orvosi kódtárak gyakorlati alkalmazása az onkológiában – szakmai útmutató a Nemzeti Rákregiszter tapasztalatai alapján. *Magy Onkol.* 2022;66(1):4-10.

8. PROJEKTEK

8.1. MAGYAR GENOM PROGRAM

Dr. Gyenesei Attila kutatócsoportja

A Pécsi Tudományegyetem Szentágothai János Kutatóközpontja (SzKK) az elmúlt években egy olyan genomikai és bioinformatikai központnak és kutatási infrastruktúrának a létrehozását indította el, amely jelentős befektetésből maximális költséghatékonysággal biztosítja a legtöbb hasznosítható szolgáltatást és terméket az egészségügy, a mezőgazdaság, az egyetemi oktatás, a kutatás és az ipari fejlesztések területén. Ennek egyik központi eleme az ehhez szükséges szekvenálási infrastruktúra kiépítése.

A Magyar Nemzeti Genom Program célja, hogy a magyar populáció genetikai jellemzőit meghatározza, valamint betegség-specifikus genetikai panelek fejlesztésének és új gyógyszercélpontok azonosítását segítse elő. A program megvalósításában részt vesznek akadémiai és piaci partnerek is, például az iBioScience képviselőjében Samu Attila bejelentette: cégük százmillió forinttal támogatja a Magyar Nemzeti Genom Programot.

Gyenesei Attila, a program vezetője elmondta: a terv az, hogy tízezer teljes genomot szekvenáljanak. A projekt központjában a ritka betegségekben szenvedők és családtagjaik, valamint a rákos betegek állnak. Emellett népességgenomikai vizsgálatokat is végeznek, mely nemcsak az egyes betegek javára válik, de tudomá-

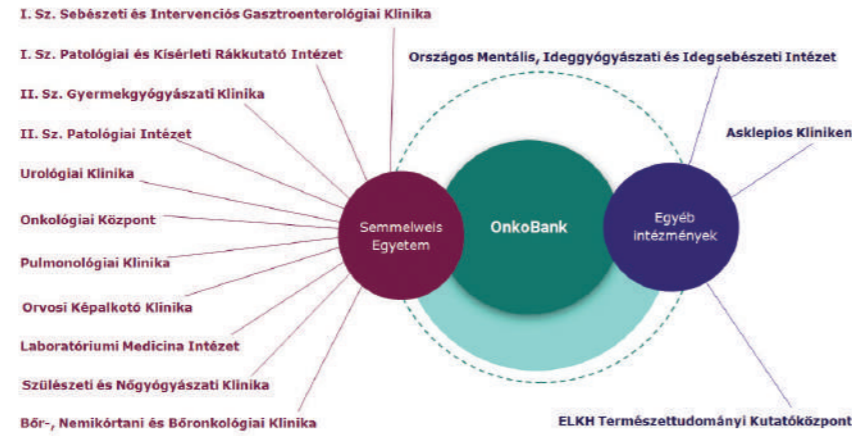
nyos felfedezésekhez is hozzájárul majd. A Magyar Nemzeti Genom Program a magyar lakosságot közvetlenül érinti, jelentősen hozzájárulhat ugyanis a közegészségügyi állapot javításához, hiszen a magyar lakosság genetikai változatosságának megismerésével a magyarok genetikai sajátosságai is figyelembe vehetők az orvoslás során.

Miért került fókuszba a genomika napjainkban? A genomika segítségével megjósolható, hogy egy személy hogyan fog reagálni egy kezelésre, megtalálható számára a legmegfelelőbb terápia – ez a precíziós orvoslás. A gyakorlatban jó példa erre, hogy egy nő mellrákja HER2 pozitív vagy sem. Ha igen, akkor a Herceptin nagyon hatásos lesz számára, de olyanak, akinek HER2 negatív, nem. Tesztelhető, ha sokkal kevesebb sugárterápiás kezelés is elegendő lehet. A genomika hatalmas lehetőségeket rejt magában: pontosabb diagnosztikához, új orvosi eszközökhöz, gyorsabb klinikai vizsgálatokhoz, új gyógymódokhoz vezethet.

Kapcsolat: Dr. Gyenesei Attila
Pécsi Tudományegyetem,
Szentágothai János Kutatóközpont,
Bioinformatika Kutatócsoport
Email: gyenesei.attila@pte.hu



8.2. SEMMELWEIS ONKOBANK



A Semmelweis Onkobank megalapításával célul tűztük ki a Semmelweis Egyetem klinikáinak ambulanciáin és fekvőbeteg osztályain kezelt, rosszindulatú daganatos megbetegedésekben szenvedő betegek biológiai mintáinak (tumor-, normál szövet, vér) gyűjtését és tárolását, valamint klinikai adatainak hosszútávú utánkövetését. Az Onkobankba érkezett mintákból DNS, RNS és fehérje kerül izolálásra, amit az egyes betegségek kialakulását befolyásoló genomikai, transzkriptomikai, proteomikai tényezők vizsgálatára, diagnosztikus, prediktív és prognosztikus biomarkerek azonosítására használunk fel. A kinyert adatokat individualizált gyógyszeres terápia kialakításához szükséges kutatásokba is bevonjuk. A mutációs, génexpressziós és egyéb vizsgálatokat, valamint a keletkezett adatok bioinformatikai feldolgozását a Bioinformatika Tanszék munkatársai végzik.

A begyűjtött személyi- és egészségügyi adatokat, a minták adatait, valamint a kutatólaboratóriumban zajló vizsgálatokból származó adatokat a kifejezetten hosszútávú, biztonságos, klinikai adatgyűjtésre kifejlesztett online REDCap adatbázisban rögzítjük.

A megfelelő infrastruktúrát és a személyi feltételeket a Semmelweis Onkobank biztosítja: -196 °C-os gőzfázisú folyékony nitrogén tároló, -80°C-os ultramélyhűtő, vonalkód leolvasó, centrifugák stb. A betegek biológiai mintáit és klinikai adatait a partnerintézetek megbízott orvosai, szakasszisztensei szolgáltatják számunkra. A Semmelweis Onkobank tevékenységében 13 magyar és egy német intézmény vesz részt.

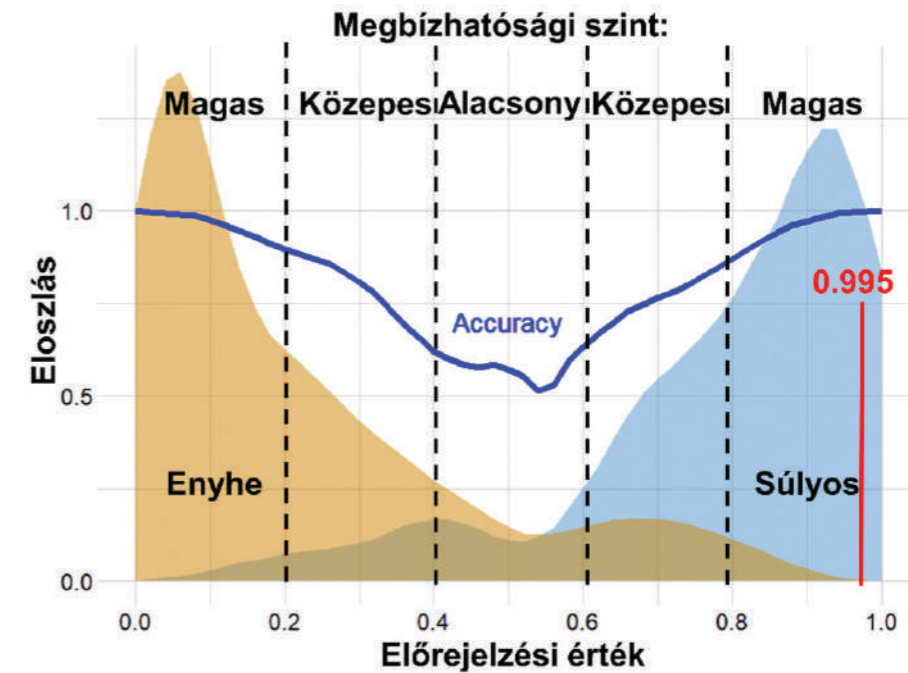
OnkoBank: <https://onkobank.com/>



8.3. COVID KUTATÁSOK AZ ELIXIR-MAGYARORSZÁGON BELÜL

Prof. Dr. Gyórfy Balázs és Prof. Dr. Pongor Sándor csoportjai:

COVIDOUTCOME – a mutációk és a betegség súlyosságának összefüggését vizsgáló eszköz



Az ELIXIR Magyarország kutatócsoportjainak a SARS-CoV-2 genom vizsgálata során sikerült meghatározni a koronavírus legstabilabb és a legvariábilisabb fehérjéit, valamint számos enyhe és súlyos betegség kimenetellel összefüggő mutációt is azonosítottak.

Továbbá, létrehozták a COVIDOUTCOME online elemzőfelületet, amely mesterséges intelligencia algoritmusok

alkalmazásával képes előre jelezni a koronavírusban levő mutációk hatását a vírushatás lefutására. Az eredményeik alapján a vírusgenomban azonosított mutációk, illetve a vírushatás lefutásával való összefüggésük pontosabb megértése hozzájárulhat a hatékonyabb SARS-CoV-2 ellenes terápiai stratégiák kidolgozásához.

Honlap: <https://covidoutcome.com/>

Nagy Á, Pongor S, Gyórfy B.: Different mutations in SARS-CoV-2 associate with severe and mild outcome, *Int J Antimicrob Agents*, 2021; 57(2):106272.

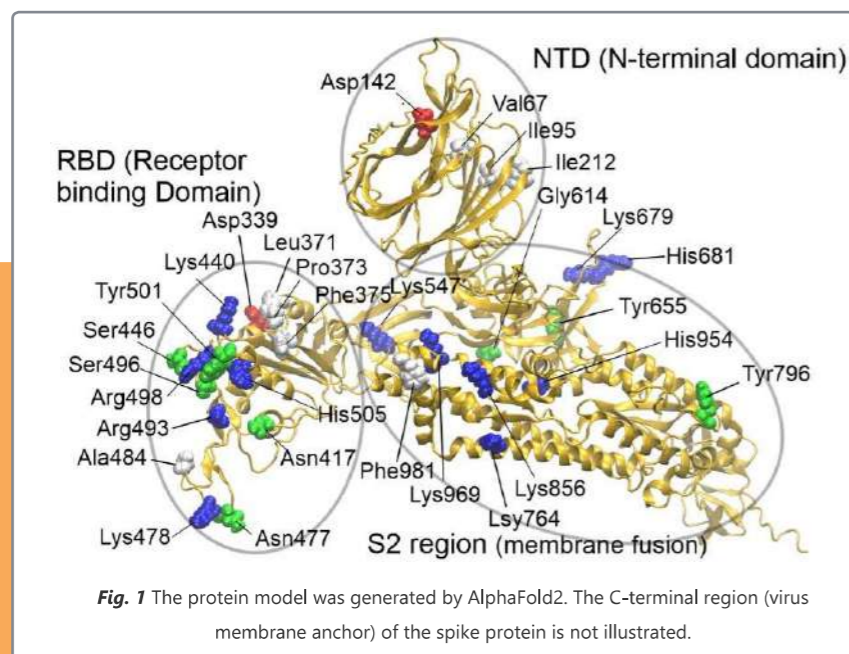
8. 4. A COVID-19 JÁRVÁNNYAL KAPCSOLATOS BIOINFORMATIKAI KUTATÁST VÉGZŐ CSOPORTOK

Prof. Dr. Csabai István és csoportja (Eötvös Loránd Tudományegyetem)

- Adatok a pillanatnyi helyzetről globálisan és regionálisan
- Prediktív adatok a járvány országokénti kimenetelét illetően
- Adatok a járvány időbeni terjedéséről

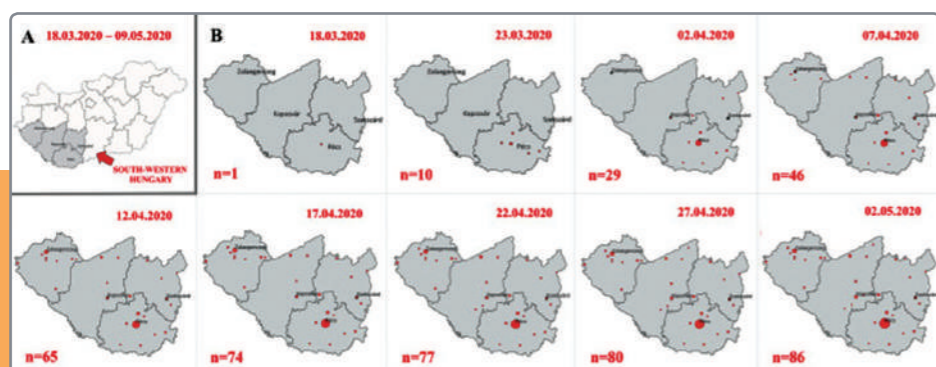
Európai SARS-CoV-2 genetikai adatarhívum és portal fejlesztése:

- SARS-CoV-2 variánsok monitorozása
- SARS-CoV-2 tüskefehérje több ezer variánsának térszerkezetének meghatározása AlphaFold2 mesterséges intelligencia alapú algoritlussal



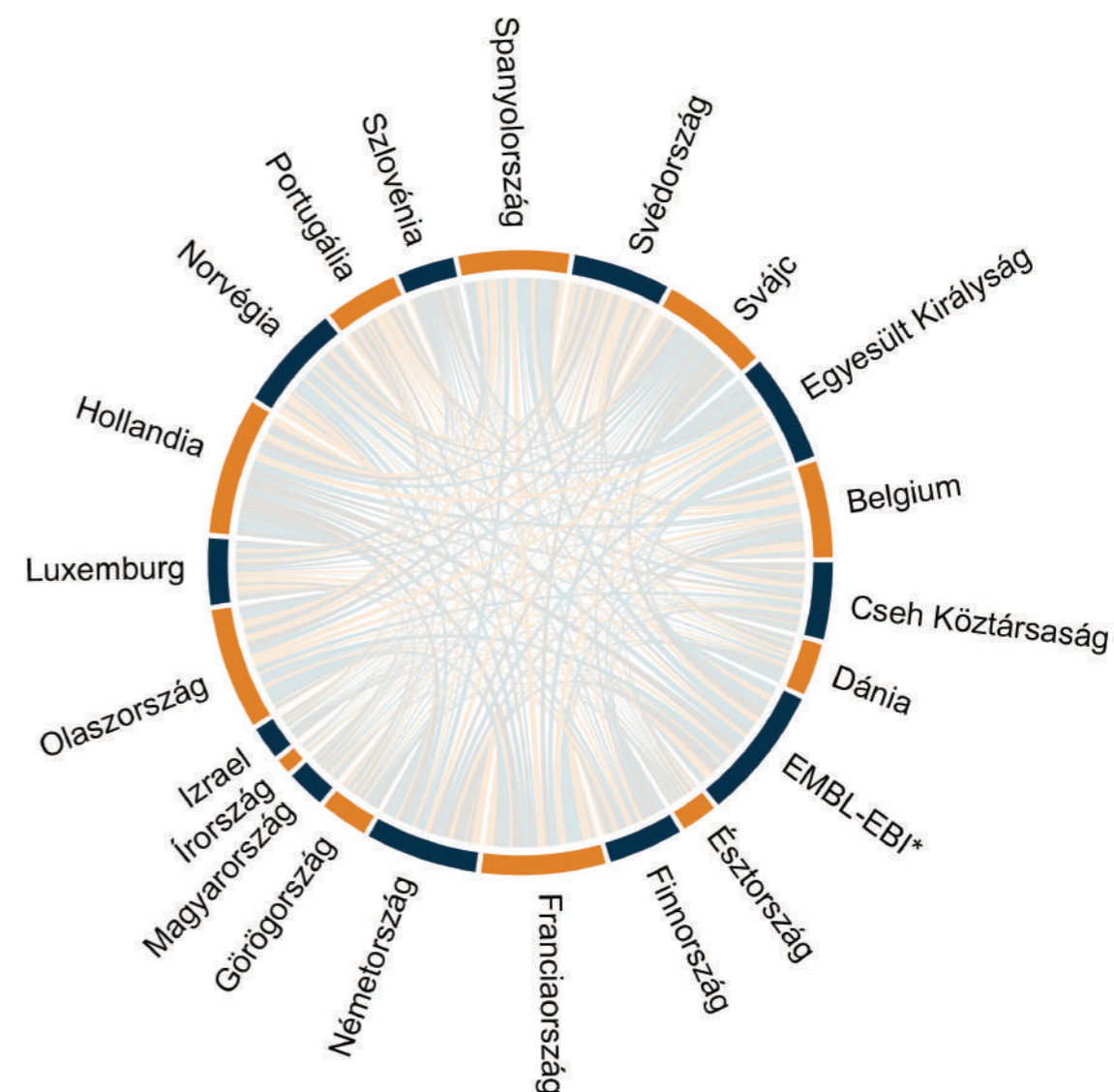
Dr. Gyenesei Attila és csoportja (Pécsi Tudományegyetem)

- SARS-CoV-2 genom szekvenálás COVID-19 fertőzöttek mintáiból
- Beavatkozással nem járó klinikai vizsgálat
- Genetikai elemzés: a betegek genetikai jellemzőik és a kórlefolyás vizsgálata



9. A MAGYAR ELIXIR KÖZÖS PROJEKTJEI MÁS ELIXIR CSOMÓPONTOKKAL

Az alábbi illusztratív kördiagram az ELIXIR csomópontok közötti kapcsolatok szemantikusan áttekintését adja. A magyar node aktív együttműködések folytat például az olasz, az angol, a holland, német, spanyol, belga, cseh, francia és finn csomópontokkal. Az egyes együttműködési projektek részletes leírását a következő oldalakon mutatjuk be.



* EMBL – European Molecular Biology Laboratory,
Európai Molekuláris Biológiai Laboratórium
EBI – European Bioinformatics Institute,
Európai Bioinformatikai Intézet

9. 1. ELIXIR-CONVERGE

Az ELIXIR-Converge fő feladata, hogy élettudományi adatok kezelését egységesítse. Hazánk részvételét a projektben az alábbi intézmények biztosítják:



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.

Az ELIXIR Converge új munkacsomagjai és vezetőik:

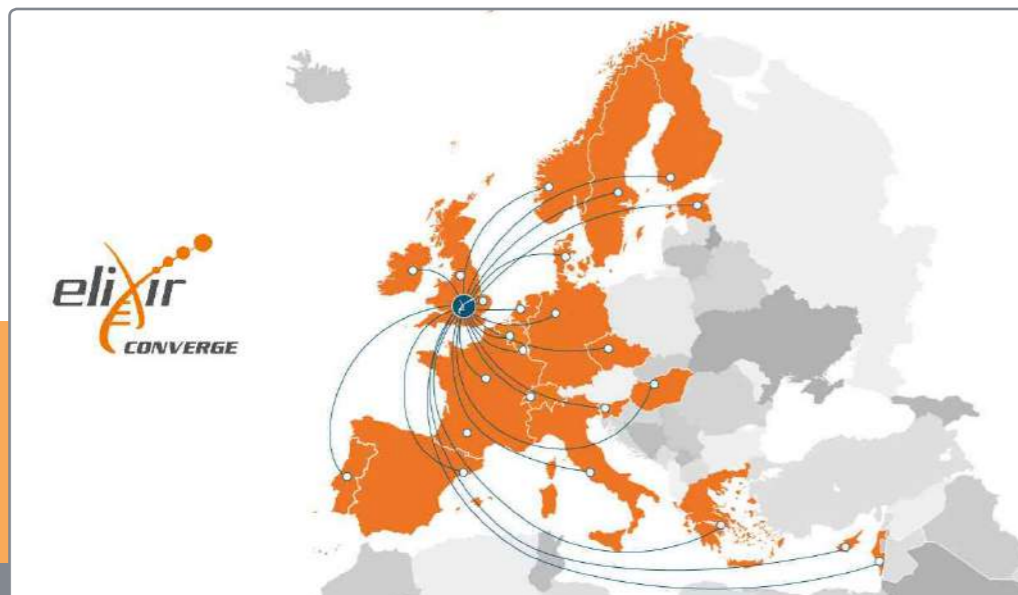
WP7: Egyesített Európai Genom-jelenség Archívum a transznacionális COVID-19 adatok hozzáféréseért

(Vezetők: Jordi Rambla, ELIXIR Spain, és Thomas Keane, EMBL-EBI)

WP8: ELIXIR-CONVERGE Európai COVID-19 Adatplatform

(Vezetők: Guy Cochrane, EMBL-EBI, és Jeena Rajan, EMBL-EBI)

WP9: A SARS-CoV-2 variáns megfigyelési adatfeldolgozó szolgáltatások és eszközök mobilizációja. Ide tartozik egy központi Covid-19 adatportál ügyfélszolgálatának megerősítése az egyes központok és ügynökök számára (vezető: Carla Cummins, EMBL-EBI) valamint a leendő és a már működő nemzeti adatközpontok koordinálása, amelyek a közvetítői szolgáltatásokra összpontosítanak és az adatok mobilizálására, a közös gyakorlatok meghatározása és elősegítése érdekében (vezető: Aitana Lebrand, SIB)



9.2 . KÖZÖS MEGBÍZÁSOS PROJEKTEK

9.2.1. A nyilvános proteomikai adatkészletek translációs értékének növelése

- **Projektfelelős: Dr. Csősz Éva**
- **Debreceni Egyetem**
- **Résztvevő országok: Németország, Olaszország, Dánia, Csehország, Franciaország, Belgium, Spanyolország, Finnország, Hollandia, Magyarország**

Az ELIXIR által támogatott Community Led Implementation Study célja a proteomikai adatkészletekbe feltöltött adatok felhasználhatóságának és translációs értékének a növelése. Az egyes adatkészletekbe, pl. a European Bioinformatics Institute (EBI) által kezelt PRIDE-ra, különböző leírással és metaadatokkal ellátott adatfájlok vannak feltöltve. Ezen adatfájlok újra elemzésére célszerű a különböző automatizált munkafolyamatok alkalmazása, viszont ezek akkor igazán hatékonyak, ha megfelelő és elégséges bemeneti adatokkal rendelkezünk. Az ún. Sample and Data Relationship Format (SDRF) annotáció tulajdonképpen a minta analízise és az adatértékelés során alkalmazott beállításokat, valamint a kísérletes paramétereket rendeli hozzá az adatfájlokhoz. Így lehetővé válik az adatok hatékonyabb újraelmzése és a különböző, rendelkezésre álló munkafolyamatok alkalmazása.

A projektben 12 európai országban működő 13 munkacsoport vesz részt. Hazánkat a Debreceni Egyetem Proteomika Szolgáltató Laboratórium munkacsoportja képviseli. Munkacsoportunkban 3 PhD hallgató (Ambrus Viktor, Ajneeh Kumar és Kunkli Balázs) és két senior kolléga (Dr. Csősz Éva és Dr. Emri Miklós) dolgozik. Részt vállaltunk adatfájlok SDRF annotálásában, az SDRF annotáció automatizálásában és az SDRF formátumú adatfájlok statisztikai analízisében. Ezen kívül részt veszünk a három ELIXIR közösség (Proteomika, Rendezetlen fehérjék (IDP), 3D Bioinfo) közreműködésével végzett ún. „gap analysis”-ben és közösen térképezzük fel a fehérjék komplex vizsgálatára alkalmazható módszereket és megközelítéseket.

Munkánk előrehaladásáról rendszeresen egyeztetünk a többi résztvevő kutatólabor vezetőivel és a projektben dolgozó kutatókkal.

Résztvevő intézmény: Debreceni Egyetem

Kapcsolat: Dr. Csősz Éva

Email: cseva@med.unideb.hu

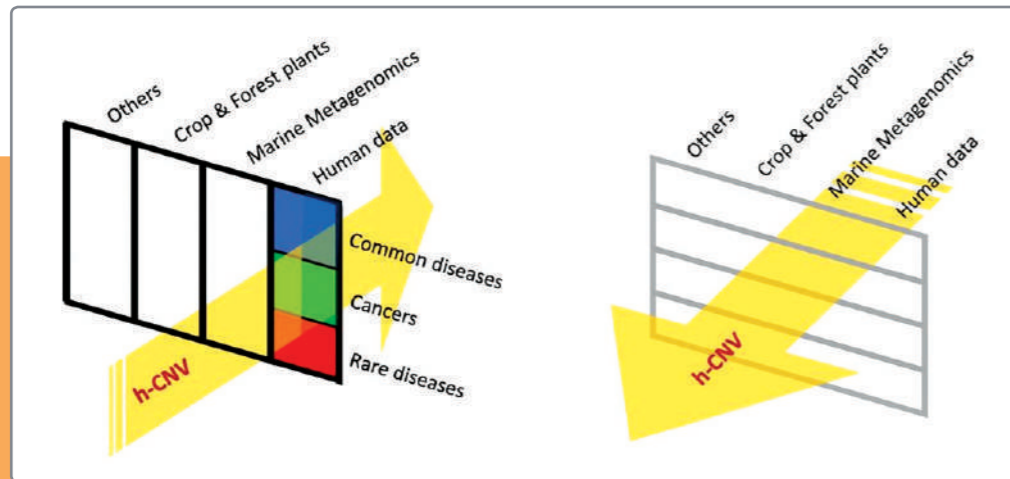
Tel: +36 52 416-432

9.2.2. A hCNV (Humán Kópiaszám Variációk) munkacsoport kutatásai

- **Projektfelelős: Dr. Monostory Katalin**
- **Természettudományi Kutatóközpont**
- **Résztevő országok: Franciaország, Németország, Spanyolország, Hollandia, Norvégia, Magyarország, Nagy Britannia**

A gén kópiaszám változások az egyik legjelentősebb kiváltó tényezői számos genetikai megbetegedés és humán neoplasia kialakulásának. Bár a DNS szekvenálási technikák viszonylag gyors és nagy-áteresztőképességű módszereket kínálnak, a kópiaszám variációk azonosí-

tása továbbra is komoly kihívást jelent. Az ELIXIR hCNV munkacsoportja (Human Copy Number Variations Community) olyan ajánlásokat fogalmaz meg, amelyek alapján megbízhatóbb diagnózis és populáció genomikai értékelés végezhető.



A hCNV munkacsoport kapcsolódása az ELIXIR munkacsoportjaihoz. (Salgado et al. F1000 Research 2020)

Résztevő intézmény: Természettudományi Kutatóközpont
Kapcsolat: Dr. Monostory Katalin
Email: monostory.katalin@ttk.hu
Tel: +36 1 382-6747

9.2.3. Az eredendően rendezetlen fehérjék adatainak standardizálása

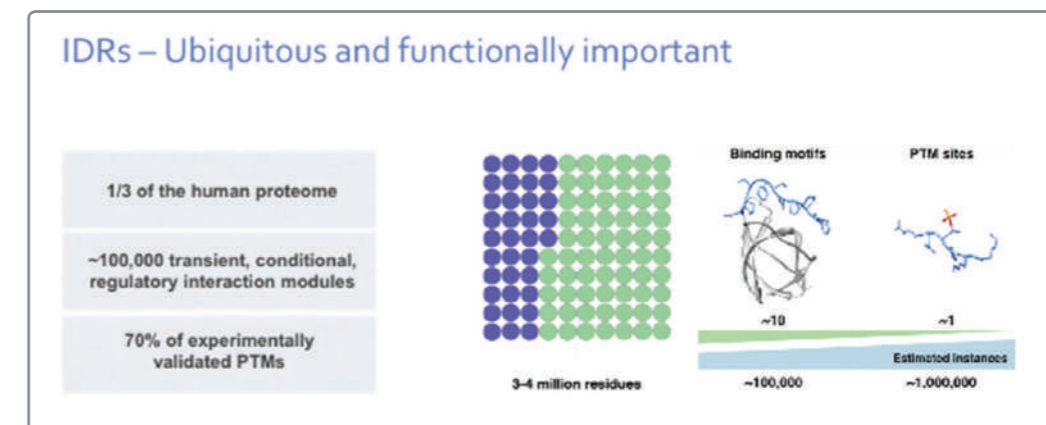
- **Projektfelelős: Dr. Dosztányi Zsuzsa**
- **Eötvös Loránd Tudományegyetem, TTK Biokémia Tanszék**
- **Résztevő országok: Belgium, Spanyolország, Olaszország, Görögország, Németország, Magyarország**

Az eredendően rendezetlen fehérjék és fehérje régiók („Intrinsically Disordered Protein/Regions”-IDP/IDRs) nem tartalmaznak stabil másodlagos vagy harmadlagos szerkezetet. Ezek a régiók központi szerepet játszanak különböző biológiai folyamat szabályozásában és kapcsolatba hozhatóak számos emberi betegséggel is, beleértve a rákot, az Alzheimer-kórt és a Parkinson-kórt.

Az IDP-k a becslések szerint akár százezer interakciós interfészt és egymillió poszttranszlációs módosítási helyet tartalmazhatnak. Mindazonáltal a mai na-

pig a rendezetlen fehérje régiók csak kis hányadát jellemezték. Tekintettel terápiás relevanciájukra, az IDR által közvetített kölcsönhatásokat ma potenciális gyógyszer-célpontnak tekintik. Szerkezetük és funkciójuk jobb megértése segíthet különböző betegségek kezeléséhez új stratégiák kidolgozásában.

Az IDP közösség fő célja, hogy felgyorsítsa az IDP-k azonosítását és funkcionális jellemzését és elemzését különböző eszközök és erőforrások integrációjával és standardizációjával.



Résztevő intézmény: Eötvös Loránd Tudományegyetem
Kapcsolat: Dr. Dosztányi Zsuzsanna
Email: dosztanyi@caesar.elte.hu
Tel: +36 1 359-3254

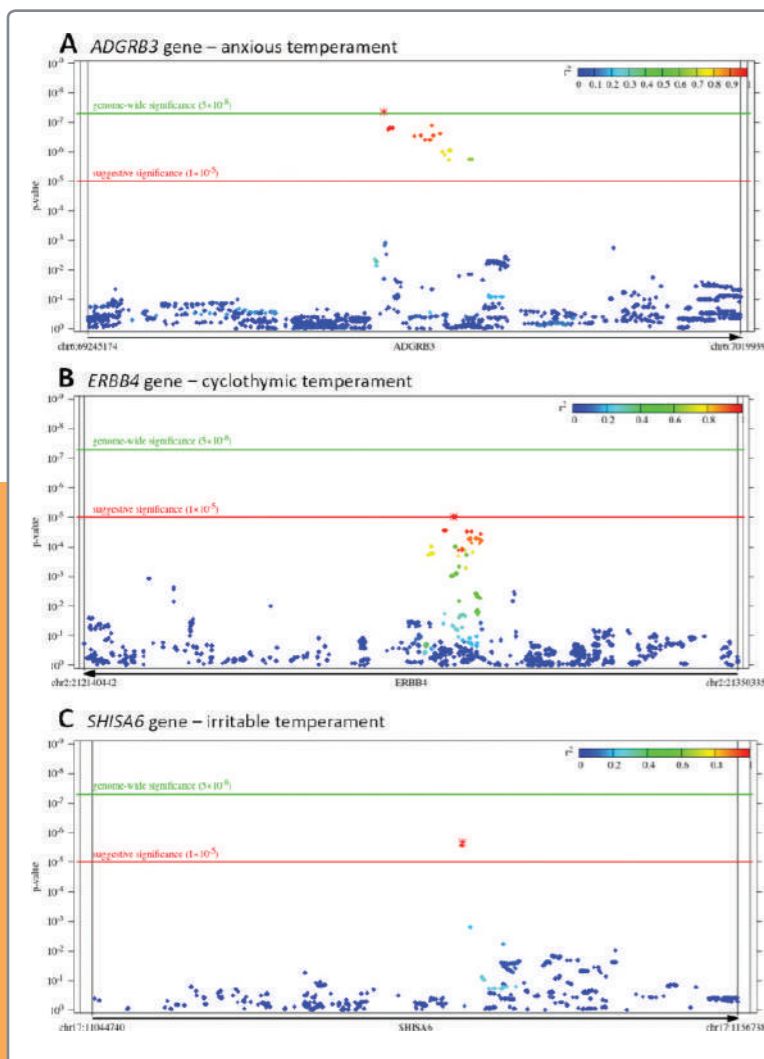
10. JELENTŐSEBB BIOINFORMATIKAI TUDOMÁNYOS KÖZLEMÉNYEK AZ ELMÚLT HÁROM ÉVBŐL

• Prof. Dr. Bagdy György

1. Az affektív temperamentumok genetikai háttere

Az affektív temperamentumokat mint depresszió-fenotípusokat vizsgálva a szorongó esetén 1 genom szinten szignifikáns ($P < 5 \times 10^{-8}$) és 21 közel szignifikáns ($p < 10^{-5}$) SNP-t azonosítottunk a 6-os kromoszómán az agyban kifejeződő ADGRB3 génben. A ciklotím temperamentum esetén a 2-es kromoszómán az ERBB4 génben 4 közel genom szinten szignifikáns SNP-t, az irritábilis temperamentum esetén a 17-es kromoszómán a SHISA6 génben 2 közel genom szinten szignifikáns SNP-t azonosítottunk. Eredményeink a fentiek mellett számos egyéb gén szerepére is rámutatnak.

Kép: A szorongó, ciklotím és az irritábilis temperamentum szignifikáns SNP-i Manhattan plotokon ábrázolva



Referencia: Gonda X, Eszlari N, Torok D, Gal Z, Bokor J, Millinghoffer A, Baksa D, Petschner P, Antal P, Breen G, Juhasz G, **Bagdy G**. Genetic underpinnings of affective temperaments: a pilot GWAS investigation identifies a new genome-wide significant SNP for anxious temperament in ADGRB3 gene. **Transl Psychiatry**. 2021;11(1):337.

2. Az endokannabinoid útvonal genetikai elemzése az affektív fenotípusos változatokkal összefüggésben

Az endokannabinoid rendszerhez sorolható 19 ezer SNP és a gyerekkori stressz interakciós hatását teszteltük a szorongásos, illetve depressziós fenotípust mérő skálákra (BSI-ANX, BSI-DEP) két független (magyar, angol) populáció genetikai mintán. A CACNA1C gén SNP-k mindkét populációban szignifikáns interakciót mutattak a depressziós fenotípusra. A magyar populációban emellett a KCNJ3 and GNB5 a depressziós, a GNG12 a szorongásos fenotípusra mutatott szignifikáns interakciós hatást.

Referencia: Lazary J, Eszlari N, Kriko E, Tozser D, Dome P, Deakin JFW, Juhasz G, **Bagdy G**. Genetic analyses of the endocannabinoid pathway in association with affective phenotypic variants. **Neurosci Lett**. 2021;744:135600.

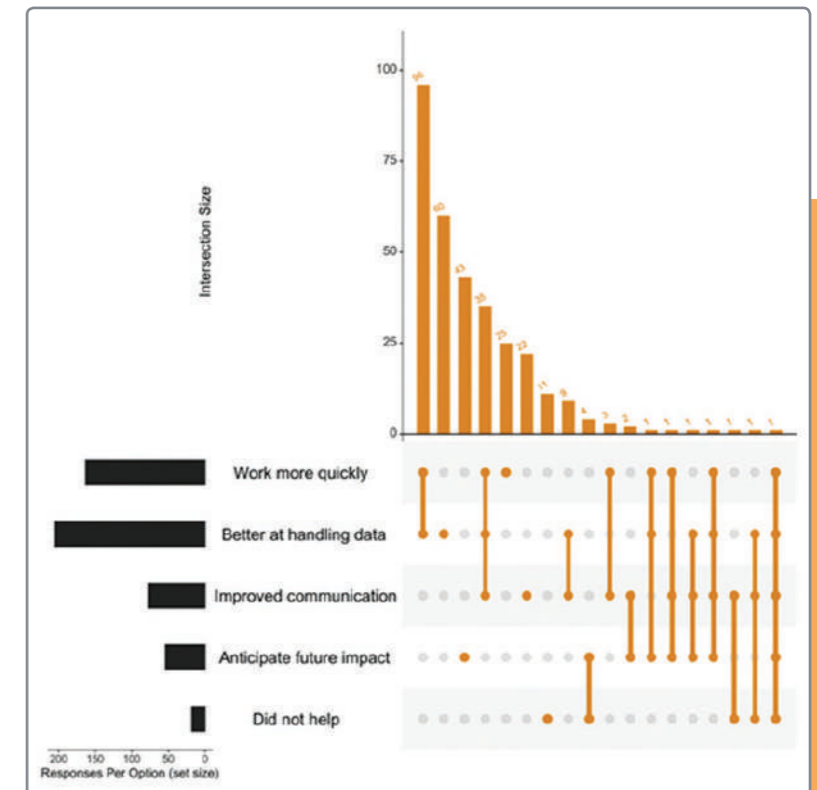
• Dr. Bálint Bálint László

1. A bioinformatikai képzés minőségének és hatásának értékelésére szolgáló keretrendszer az ELIXIR-ben

A cikk bemutatja az ELIXIR keretrendszerét a képzés minőségének és hatásának értékelésére, amely a következőket tartalmazza: az értékelési célok meghatározása, annak meghatározása, hogy milyen adatokat kell gyűjteni e célok elérése érdekében, valamint a központosított adatgyűjtési stratégiát, amely lehetővé teszi az ELIXIR-szerte végzett elemzéseket. Emellett áttekintést nyújt az elmúlt évek során gyűjtött ELIXIR képzési adatokról.

Kép: Az ELIXIR képzéseken résztvevők leggyakrabban arról számoltak be, hogy a munkavégzés hatékonysága és az adatelemzési készségeik javultak lényegesen.

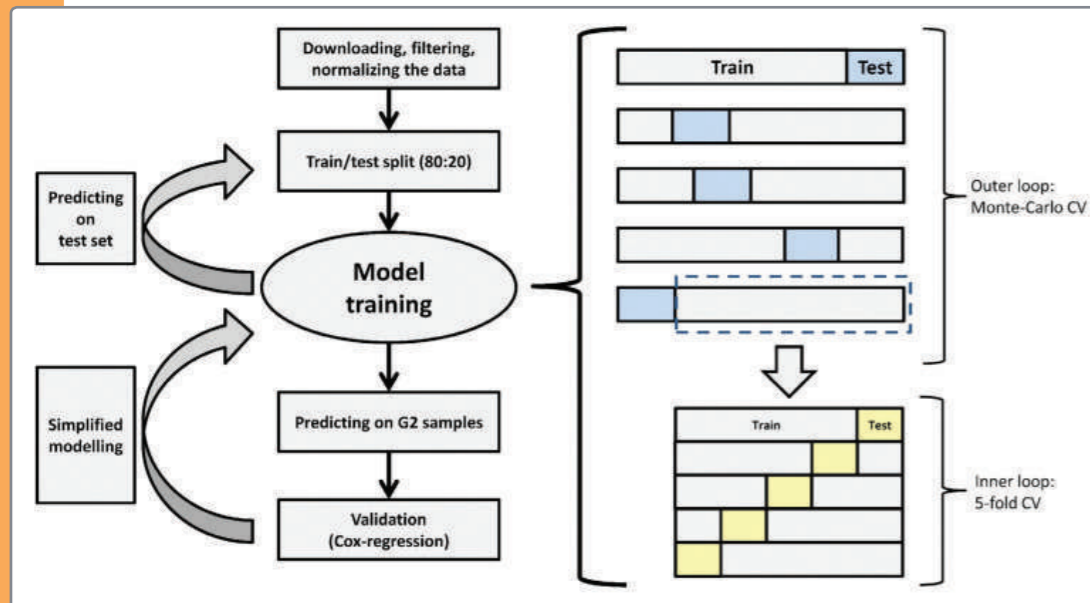
Referencia: Gurwitz KT, Singh Gaur P, Bellis LJ, Larcombe L, Alloza E, **Balint BL**, Botzki A, Dimec J, Dominguez Del Angel V, Rustici G. és mtsaik, A framework to assess the quality and impact of bioinformatics training across ELIXIR. **PLoS Comput Biol**. 2020;16(7):e1007976.



2. Az endometrioid endometriumrák szövettani fokozata és a relapszus kockázata előre jelezhető a génextpressziós adatokból származó gépi tanulással

A gépi tanulási módszerek beépítése az RNS-seq adatelemzési munkafolyamatokba tovább javíthatja az adatok felhasználásának hatékonyságát a klinikai döntéshozatalban. Ebben a cikkben bemutatjuk, hogyan lehet a gépi tanulási módszerekkel egy lépéssel továbblépni a globális génextpressziós adathalmazok adatelemzésében, nevezetesen olyan modelleket fejleszteni, amelyek jól jellemzett referenciaminták alapján képesek az egyes rákos minták osztályozására. A TCGA projekt nyilvánosan elérhető endometriális daganat mintáinak RNS szekvenálási adatait használtuk fel egy olyan modell kifejlesztéséhez, amely 85%-os pontossággal képes elkülöníteni a G1 és G3 besorolású daganat mintákat. Modellünk a G2 besorolású mintákat is képes volt elkülöníteni magas és alacsony kockázatú alcsoportokra. Sőt, iteratív újratanulási megközelítéssel tizenkét olyan gént tudtunk kiválasztani, amelyek hasonlóan jól teljesítettek a kockázat predikcióban. Eredményeinket a betegek túlélési adataival validáltuk.

Kép: Az általunk használt adatelemzési és gépi tanulási módszerek az elastic-net megközelítéssel többszörösen validálják a kiválasztott minták prediktív értékét.



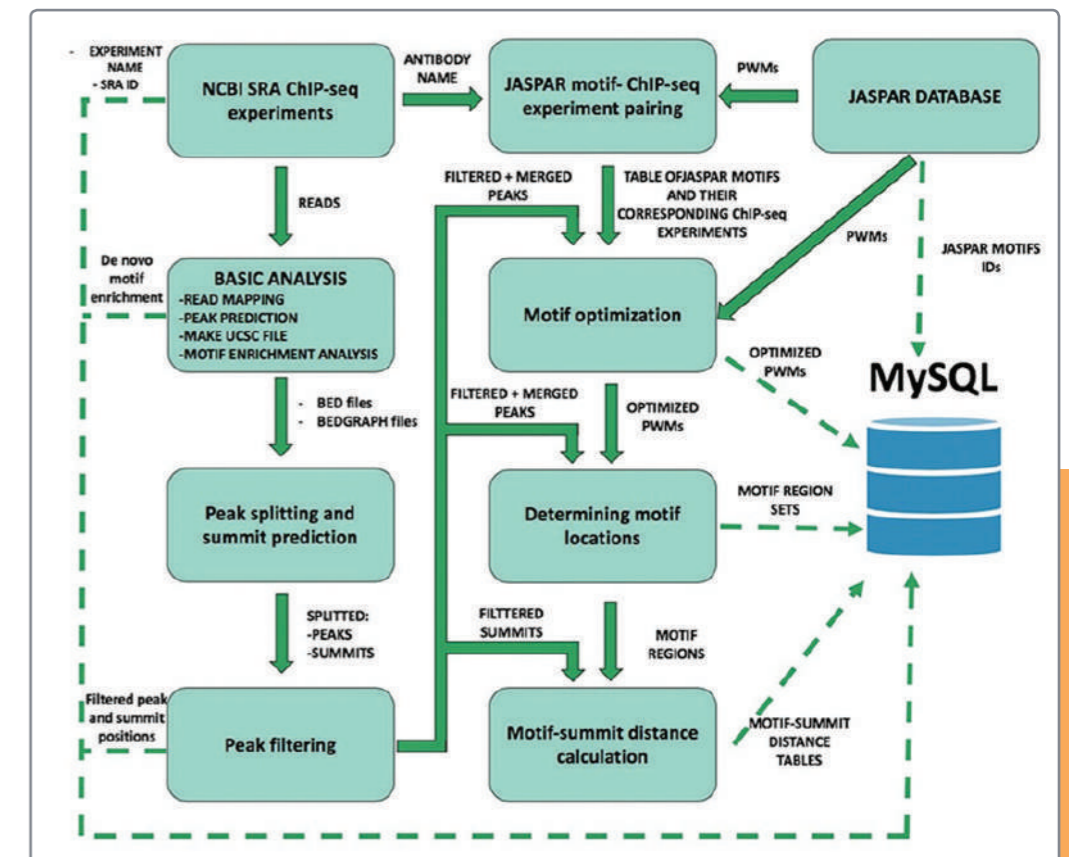
Referencia: Gargya, P., **Bálint, B.L.**: Histological Grade of Endometrioid Endometrial Cancer and Relapse Risk Can Be Predicted with Machine Learning from Gene Expression Data. **Cancers**, 2021; 13, 4348.

• Dr. Barta Endre

A ChIPSummitDB adatbázis: A humán transzkripciós faktorok kötőhelyeinek ChIP-seq alapú adatbázisa és a hozzájuk kötődő fehérjék topológiai elrendeződései

A ChIPSummitDB (<https://summit.med.unideb.hu/summitdb/>) a humán ChIP-seq adatok gyűjteménye. Az adatbázis tartalmazza a különböző transzkripciós faktorok konszenzus motif szettjeit, valamint azt, hogy az egyes ChIP-seq csúcsok legmagasabb pontjai hogyan viszonyulnak az adott kötőhelyhez topológiailag. Az adatbázis webes felületén lehetőség van többek közt a különböző ChIP-seq kísérletek csúcsainak az összehasonlítására is. A ChIPSummitDB adatbázis részét képezi az Elixir bio.tools gyűjteményének (<https://bio.tools/chipsummitdb>).

Kép: A ChIPSummitDB adatbázis generálásának a lépései vázlatosan.



Referencia: Czipa E, Schiller M, Nagy T, Kontra L, Steiner L, Koller J, Pálné-Szén O, **Barta E**. ChIPSummitDB: a ChIP-seq-based database of human transcription factor binding sites and the topological arrangements of the proteins bound to them. **Database (Oxford)**. 2020;baz141.

1. Egy egyszerű dinamikus modellel vizsgáltuk, hogyan befolyásolja a vándorlás dinamikáját a madár számára a vándorúton rendelkezésre álló információ évről évre.

Eredményeink szerint az információ változatos környezetben és a célhoz közel a legértékesebb.

Referencia: Bauer S, McNamara JM, **Barta Z**. Environmental variability, reliability of information and the timing of migration. *Proc Biol Sci*. 2020;287(1926):20200622.

2. A nagyfejű csajkó filogeográfiáját vizsgáltuk mikroszatellita markerek alapján.

Eredményeink szerint a magyarországi populációkat kimagasló genetikai változatosság jellemzi, ami valószínűsíti, hogy a faj a Kárpát-medencéből telepedett be/vissza a nyugat-eurázsiai sztyeppére.

Kép: A nagyfejű csajkó

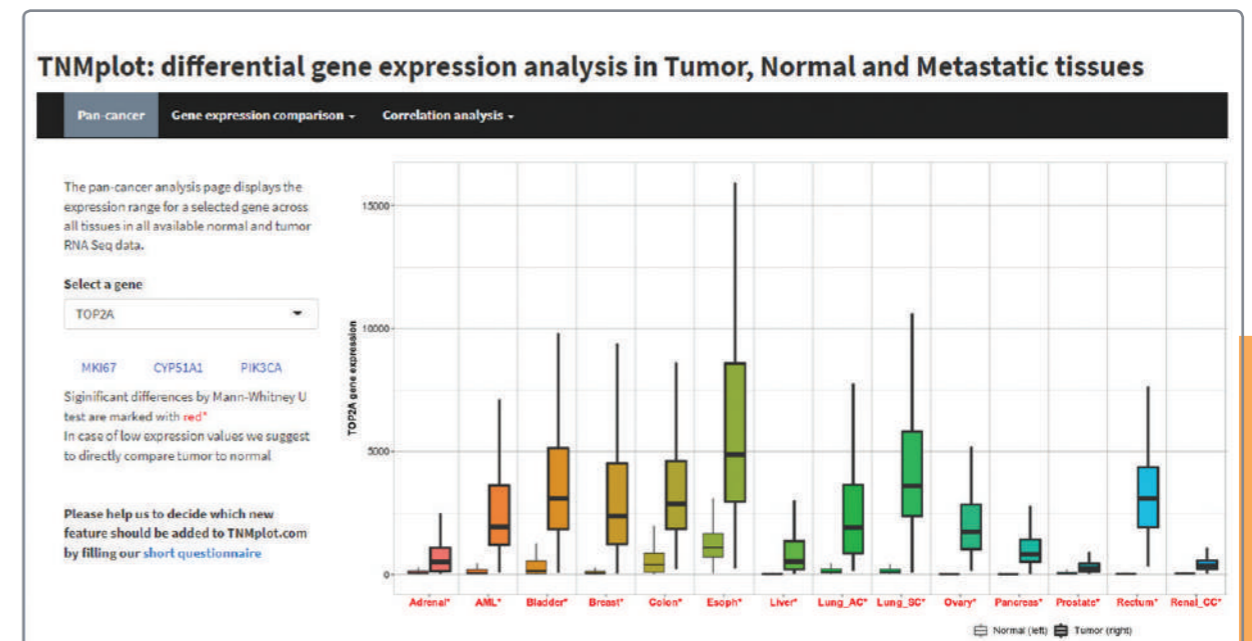


Referencia: **Sramkó G**, Kosztolányi A, Laczkó L, Rácz R, Szatmári L, Varga Z, **Barta Z**. Range-wide phylogeography of the flightless steppe beetle *Lethrus apterus* (Geotrupidae) reveals recent arrival to the Pontic Steppes from the west. *Sci Rep*. 2022;12(1):5069.

TNMplot – Webes eszköz a normális, daganatos és áttétes szövetek génexpressziójának összehasonlítására

A [www.tnmplot.com](https://tnmplot.com) elemzőfelület segítségével lehetővé válik a normál, daganatos és áttétes szövetek génexpresszió szintű összehasonlító elemzése. A webfelület alapjául szolgáló adatbázisban RNS szekvenálás és gén chip alapú adatok találhatóak, így összesen több mint 55 ezer mintán lehet elemzéseket végezni közel 20 ezer génre több mint 20 szövet típus esetén.

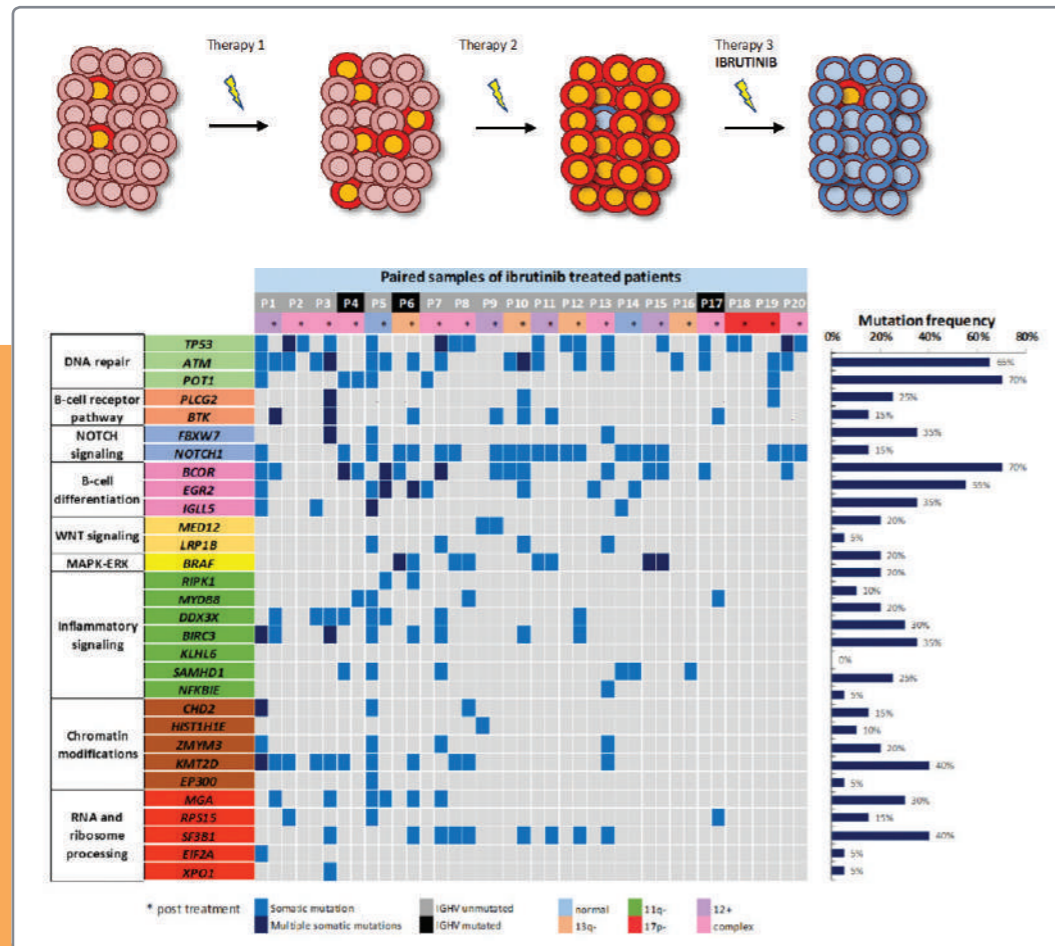
A tnmplot kezdőlapja: <https://tnmplot.com/>



Referencia: **A. Bartha, B. Gyórfy**: TNMplot.com: A Web Tool for the Comparison of Gene Expression in Normal, Tumor and Metastatic Tissues, *Int J Mol Sci*, 2021;22(5):2622.

1. A szubklonális evolúció feltárása időbeli mutációs profilozással krónikus limfocitikus leukémiás betegeknél, akiket ibrutinibbel kezeltek.

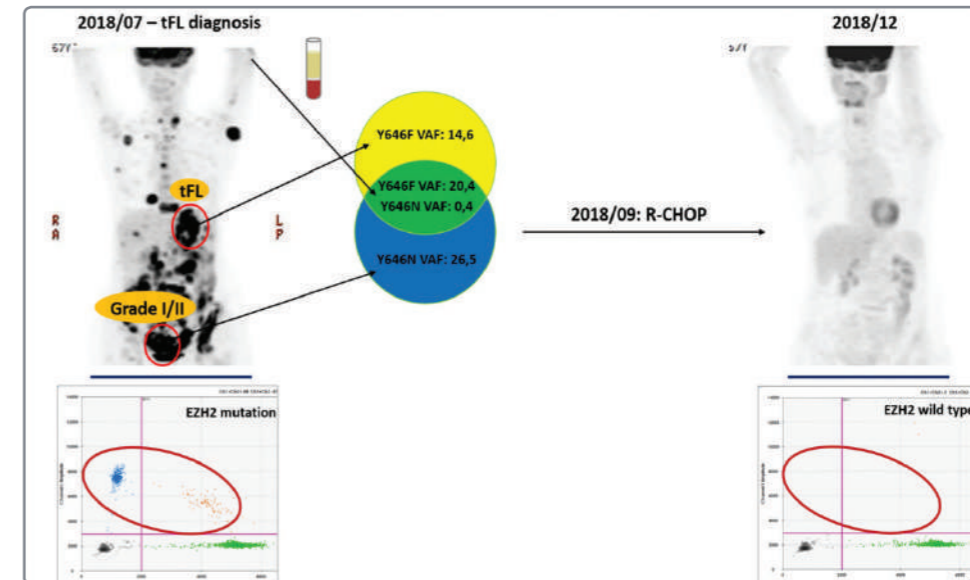
A tanulmány az elsők között vizsgálta a BTK gátlószer ibrutinib hatását a szubklonális genetikai architektúrára a gyógyszerrel kezelt krónikus limfociták leukémiában szenvedő betegek esetében újgenerációs szekvenálás alkalmazásával. A kutatócsoport heterogén szubklonális mintázatokat azonosított az ibrutinibbel kezelt betegek esetében, valamint gyakori BTK mutációkat a kialakuló ibrutinib rezisztencia hátterében.



Referencia: Gángó A, Alpár D, Galik B, Marosvári D, Kiss R, Fésüs V, Aczél D, Nagy Á, **Gyenesi A, Bődör C.** és mtsaik.: Dissection of subclonal evolution by temporal mutation profiling in chronic lymphocytic leukemia patients treated with ibrutinib, *Int J Cancer*, 2020, 146(1):85-93.

2. Az EZH2 mutációk mennyiségi elemzése és nyomon követése folyékony biopszia segítségével folliculáris limfómában.

A szerzők az elsők között számoltak be az EZH2 mutációk nyomonkövetetőségéről follicular lymphomában. A betegek mintegy negyedében megjelenő, terápiás célpontot is jelentő mutációk ctDNS mintákból azonosíthatóak és alkalmasak a kezelés hatásosságának nyomonkövetésére.



Referencia: Nagy Á, Bártai B, Balogh A, Illés S, Mikala G, Nagy N, Kiss L, Kotmayer L, Matolcsy A, Alpár D, **Bődör C.** és mtsaik.: Quantitative Analysis and Monitoring of EZH2 Mutations Using Liquid Biopsy in Follicular Lymphoma. *Genes (Basel)*. 2020;11(7):785.

1. Mély tanulós azonosítás a tigrisszúnyogok tudományos megfigyeléséhez

Kép: A beküldött képek földrajzi sokszínűsége a megadott földrajzi helymeghatározási címkék alapján.



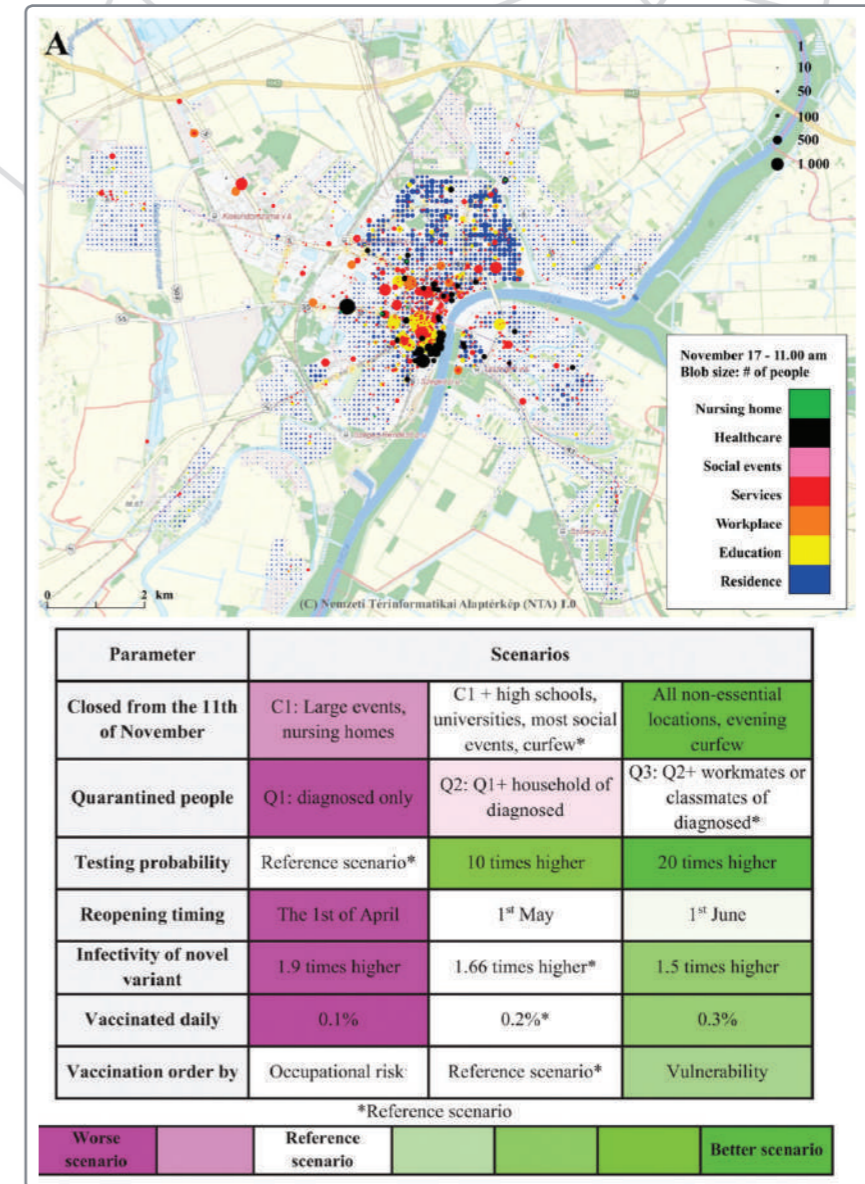
Referencia: Pataki BA, Garriga J, Eritja R, Palmer JRB, Bartumeus F, **Csabai I.** Deep learning identification for citizen science surveillance of tiger mosquitoes. *Sci Rep.* 2021;11(1):4718.

2. Referencia: Pataki BA, Garriga J, Eritja R, Palmer JRB, Bartumeus F, **Csabai I.** Deep learning identification for citizen science surveillance of tiger mosquitoes. *Sci Rep.* 2021;11(1):4718.

3. Referencia: Pataki BÁ, Matamoros S, van der Putten BCL, Remondini D, Giampieri E, Aytan-Aktug D, Hendriksen RS, Lund O, Csabai I, Schultsz C; SPS COMPARE ML-AMR group. Understanding and predicting ciprofloxacin minimum inhibitory concentration in *Escherichia coli* with machine learning. *Sci Rep.* 2020;10(1):15026.

1. A PanSim ágens-alapú mikroszimulációs keretrendszer lehetővé teszi a védekezési intézkedések tesztelését egy új vírusváltozat elterjedése által okozott többszörös fertőzési hullámban egy város méretű társadalmi környezetben egy reális adatokhoz illesztett egységes keretrendszer segítségével.

Kép: A PanSim feltérképezi a szimulált népességmozgásokat és előrevetíti a fertőzéseket a Szegedet utánzó virtuális város meghatározott helyeire.



Referencia: Pataki BA, Garriga J, Eritja R, Palmer JRB, Bartumeus F, **Csabai I.** Deep learning identification for citizen science surveillance of tiger mosquitoes. *Sci Rep.* 2021;11(1):4718. Reguly IZ, Csercsik D, Juhász J, Tornai K, Bujtár Z, Horváth G, Keömléy-Horváth B, Kós T, Cserey G, Iván K, Pongor S, Szederkényi G, Röst G, **Csikász-Nagy A.** Microsimulation based quantitative analysis of COVID-19 management strategies. *PLoS Comput Biol.* 2022;18(1):e1009693.

2. Az ellentétes szabályozási kölcsönhatások fejlődése az eukarióta sejtciklus-ellenőrző pontok kialakulásának hátterében

Referencia: Pataki BA, Garriga J, Eritja R, Palmer JRB, Bartumeus F, **Csabai I.** Deep learning identification for citizen science surveillance of tiger mosquitoes. *Sci Rep.* 2021;11(1):4718.

Hernansaiz-Ballesteros RD, Földi C, Cardelli L, Nagy LG, **Csikász-Nagy A.** Evolution of opposing regulatory interactions underlies the emergence of eukaryotic cell cycle checkpoints. *Sci Rep.* 2021;11(1):11122.

1. Elhízott és 2-es típusú cukorbetegségben szenvedő betegek szérum és könnymintáinak metabolomikai elemzése

Referencia: Pataki BA, Garriga J, Eritja R, Palmer JRB, Bartumeus F, **Csabai I.** Deep learning identification for citizen science surveillance of tiger mosquitoes. *Sci Rep.* 2021;11(1):4718.

Nokhoijav E, Guba A, Kumar A, Kunkli B, Kalló G, Káplár M, Somodi S, Garai I, Csutak A, Tóth N, Emri M, **Tózsér J, Csősz É.:** Metabolomic Analysis of Serum and Tear Samples from Patients with Obesity and Type 2 Diabetes Mellitus. *Int J Mol Sci.* 2022;23(9):4534.

2. Antimikrobiális peptidek detektálása a bőr szarurétegében tömegspektrometriával

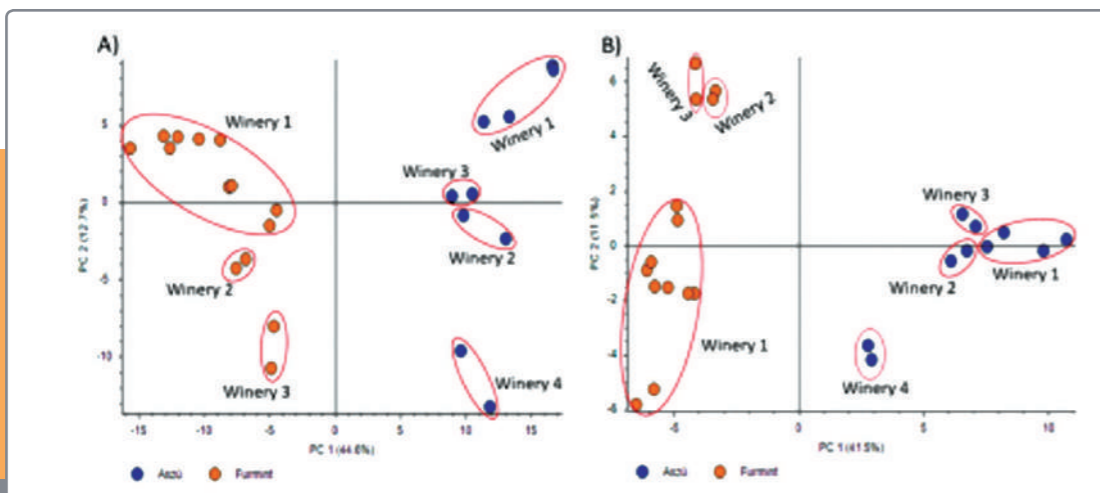
Referencia: Pataki BA, Garriga J, Eritja R, Palmer JRB, Bartumeus F, **Csabai I.** Deep learning identification for citizen science surveillance of tiger mosquitoes. *Sci Rep.* 2021;11(1):4718.

Jenei A, Kalló G, Dajnoki Z, Gáspár K, Szegedi A, Kapitány A, **Csősz É.** Detection of Antimicrobial Peptides in Stratum Corneum by Mass Spectrometry. *Int J Mol Sci.* 2021;22(8):4233.

3. Antivirális, gyulladáscsökkentő vagy daganatellenes vegyületek azonosítása a Tokaji borokban nagy felbontású tömegspektrometriával és bioinformatikai vizsgálatokkal

Kép: Az „aszú” és a „furmint” borminták főkomponens-elemzése pozitív panel (A) és negatív panel (B) polaritási módban elemezve. Az „x” tengely a PC1-et, míg az „y” tengely a PC2-t mutatja. A narancssárga pontok a „furmint” mintákat, míg a kék pontok az „aszú” mintákat jelölik.

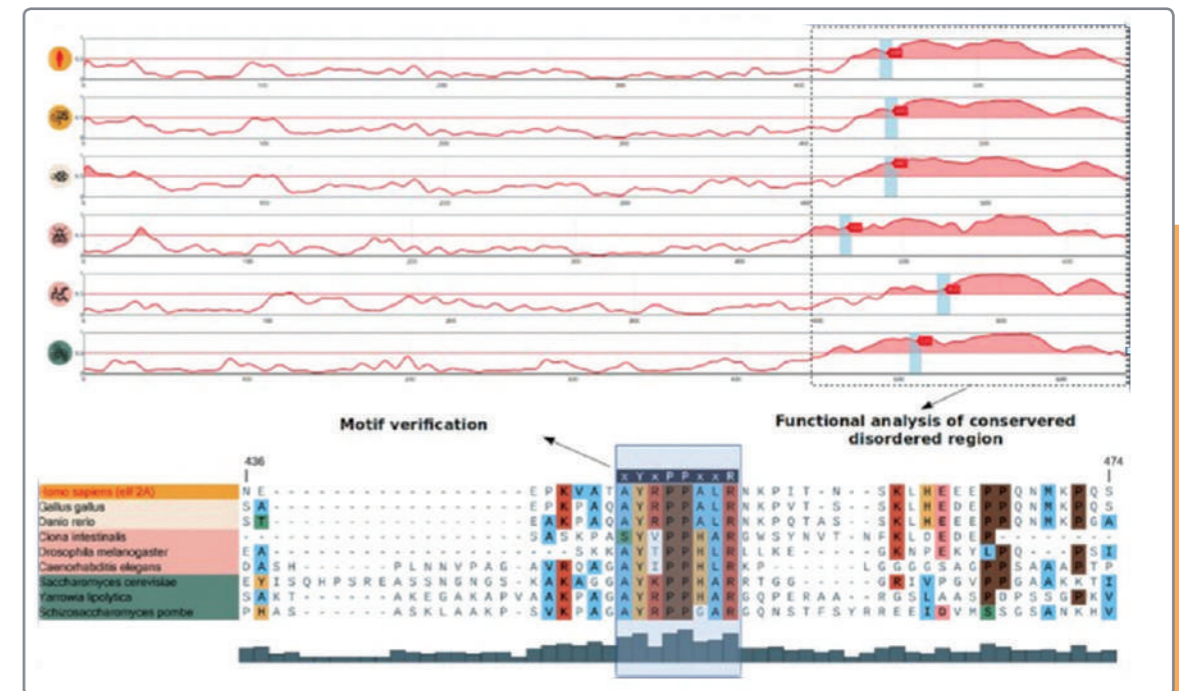
Referencia: Kalló G, Kunkli B, Győri Z, Szilvássy Z, **Csősz É, Tózsér J.** Compounds with Antiviral, Anti-Inflammatory and Anticancer Activity Identified in Wine from Hungary's Tokaj Region via High Resolution Mass Spectrometry and Bioinformatics Analyses. *Int J Mol Sci.* 2020;21(24):9547.



1. Az IUPred módszer az egyik legelterjedtebb predikciós módszer a rendezetlen fehérjék azonosítására. Az újabb verzióban a szekvencia konzerváltság interaktív megjelenítése is segíti a felhasználókat a rendezetlenség profil értelmezésében.

Kép: A grafikus absztrakt IUPred3 eszköz segíthet a hipotézisek létrehozásában.

Referencia: Erdős G, Pajkos M, **Dosztányi Z.** IUPred3: prediction of protein disorder enhanced with unambiguous experimental annotation and visualization of evolutionary conservation. *Nucleic Acids Res.* 2021;49(W1):W297-W303.



2. Bár a legtöbb ismert rák gén mutációja rendezett szegmenst érint, bizonyos esetekben a rendezetlen fehérje szegmensek mutációja idézi elő a rák kialakulását.

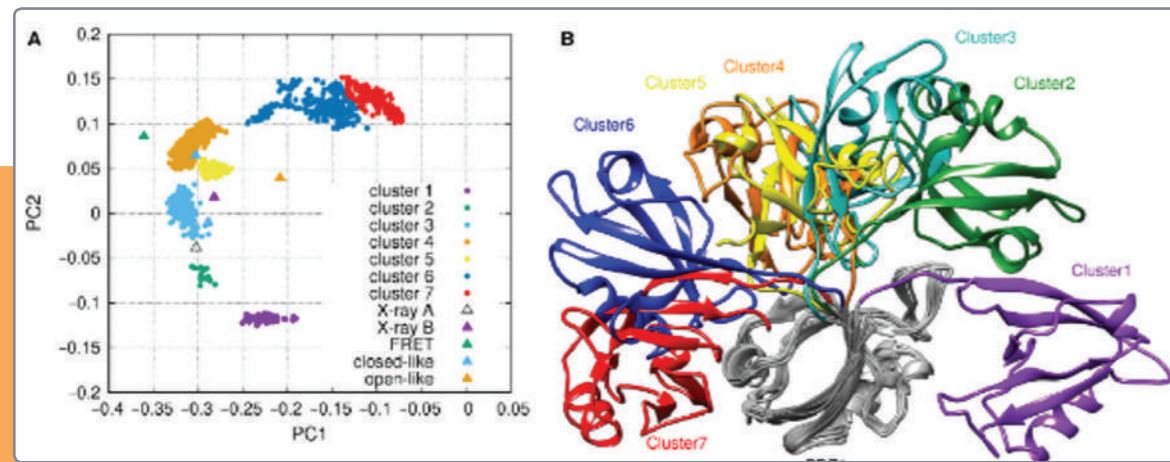
Referencia: Mészáros B, Hajdu-Soltész B, Zeke A, **Dosztányi Z.** Mutations of Intrinsically Disordered Protein Regions Can Drive Cancer but Lack Therapeutic Strategies. *Biomolecules.* 2021;11(3):381.

1. A szinaptikus fehérjekomplexek sokfélesége: modellezési megközelítés

Referencia: Miski M, Keömley-Horváth BM, Rákóczi Megyeriné D, **Csikász-Nagy A, Gáspári Z.** Diversity of synaptic protein complexes as a function of the abundance of their constituent proteins: A modeling approach. **PLoS Comput Biol.** 2022;18(1):e1009758.

2. A ligandumfüggő intra- és interdomain mozgások a PDZ12 tandemben szabályozzák a kötőfelületeket a posztzinaptikus sűrűségű protein-95-ben

Kép: Interdomain klaszterek (A) és struktúrájuk (B)



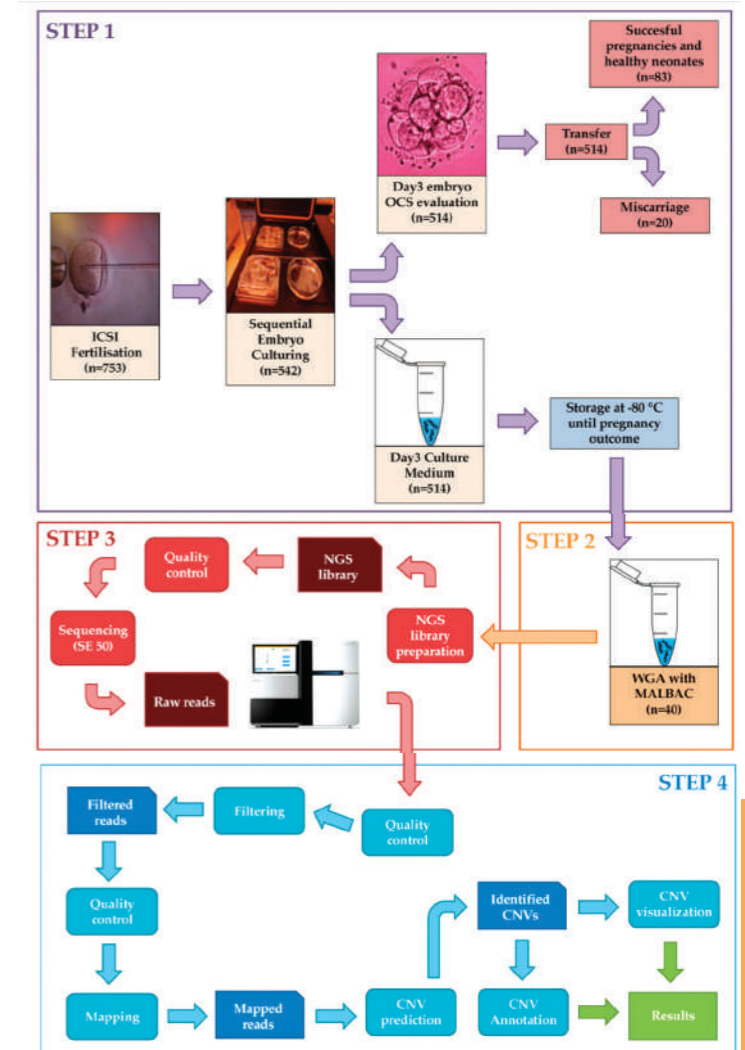
Referencia: Kovács B, Zajácz-Epresi N, **Gáspári Z.** Ligand-dependent intra- and interdomain motions in the PDZ12 tandem regulate binding interfaces in postsynaptic density protein-95. **FEBS Lett.** 2020;594(5):887-902.

1. NGS-alapú alkalmazás rutinszerű, nem invazív preimplantációs genetikai vizsgálatra az IVF-ben

Bár az aneuploidia nem invazív pre-implantációs genetikai vizsgálata (NIPGT-A) potenciálisan alkalmas az embrió kromoszómális ploidiájának értékelésére, ennek gyakorlati alkalmazása rutin IVF-központban ajánlás hiányában még nem kezdődött el. Célunk ebben a tanulmányban az volt, hogy egy átfogó munkafolyamatot, vagyis egy újgenerációs szekvenálási (NGS) technológiát biztosítsunk az aneuploidia nem invazív pre-implantációs genetikai vizsgálatára (NIPGT-A) a klinikailag alkalmazható stratégiájához. A tanulmányban egy átfogó munkafolyamatot mutatunk be, amely mind a „wet”, mind a „dry” laboratóriumi eljárásokat lefedi, klinikailag alkalmazható és 48 órán belül végrehajtható, ami kritikus az azonos ciklusú blastociszta transzferhez. A táptalaj embrionális DNS-tartalmának non-invazív értékelésének leírt integrált megközelítése potenciálisan kiegészítheti a meglévő, beültetés előtti genetikai szűrési módszereket.

Kép: A teljes munkafolyamat ábrázolása mind a négy fő lépéssel, beleértve az 1. lépést: IVF eljárás és mintavétel, 2. lépés: teljes genom amplifikáció, 3. lépés: Újgenerációs szekvenálás és 4. lépés: Bioinformatikai elemzés.

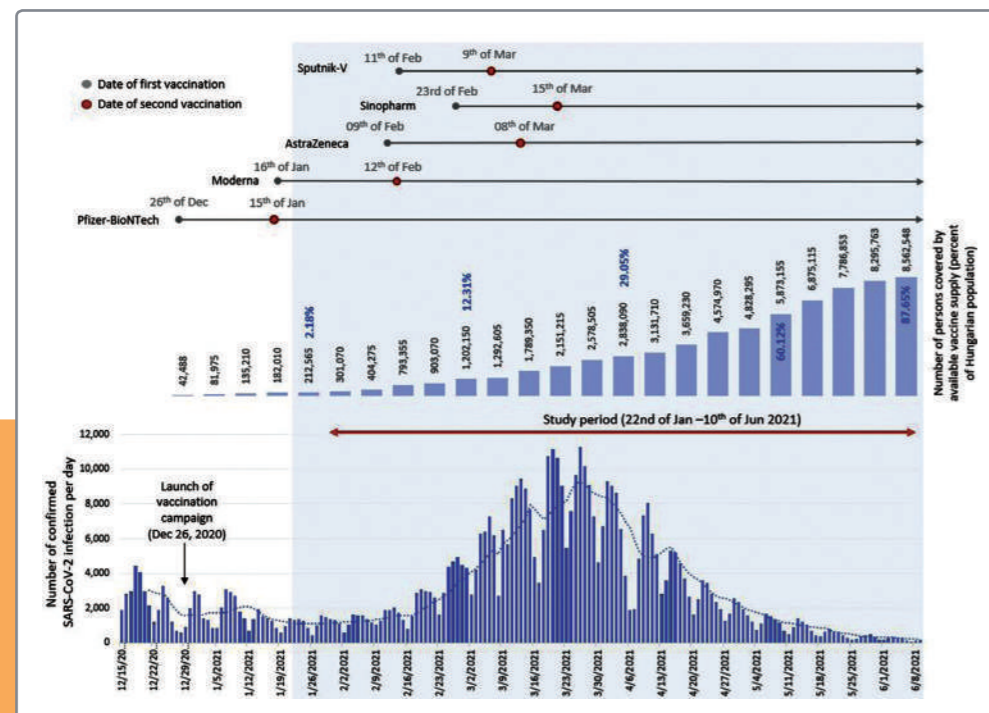
Referencia: Gombos K, Gálik B, Kalács KI, Gödöny K, Várnagy Á, Alpár D, Bódis J, **Gyenesei A, Kovács GL.** NGS-Based Application for Routine Non-Invasive Pre-Implantation Genetic Assessment in IVF. **Int J Mol Sci.** 2021;22(5):2443.



2. Öt SARS-CoV-2 vakcina országos hatékonysága Magyarországon

A 2019-es koronavírus-járvány (COVID-19) harmadik hulláma idején, 2021-ben a magyar oltási kampányt öt különböző oltóanyaggal végezték. Ez a megfigyeléses vizsgálat (HUN-VE: Hungarian Vaccine Effectiveness) a súlyos akut légúti szindróma coronavirus 2 elleni vakcina hatékonyságát becsülte meg (SARS-CoV-2) fertőzés és a COVID-19-hez kapcsolódó mortalitás 3,7 millió beoltott személynél. Megfigyeléses vizsgálatunk kimutatta öt különböző vakcina magas vagy nagyon magas hatékonyságát a SARS-CoV-2 fertőzés és a COVID-19 okozta halálozás megelőzésében.

Kép: A különböző vakcinatípusok forgalomba hozatalának időpontja, a második adagok időpontja, a megerősített SARS-CoV-2 fertőzések napi száma és a rendelkezésre álló vakcinakészlettel lefedett személyek száma Magyarországon 2020. december 15. és 2021. június 10. között hetek szerint. A szaggatott vonal a 7 napos mozgóátlagot mutatja.



Referencia: Vokó Z, Kiss Z, Surján G, Surján O, Barcza Z, Pályi B, Formanek-Balku E, Molnár GA, Herczeg R, **Gyenesei A**, Miseta A, Kollár L, Wittmann I, Müller C, Kásler M. Nationwide effectiveness of five SARS-CoV-2 vaccines in Hungary-the HUN-VE study. *Clin Microbiol Infect.* 2022;28(3):398-404.

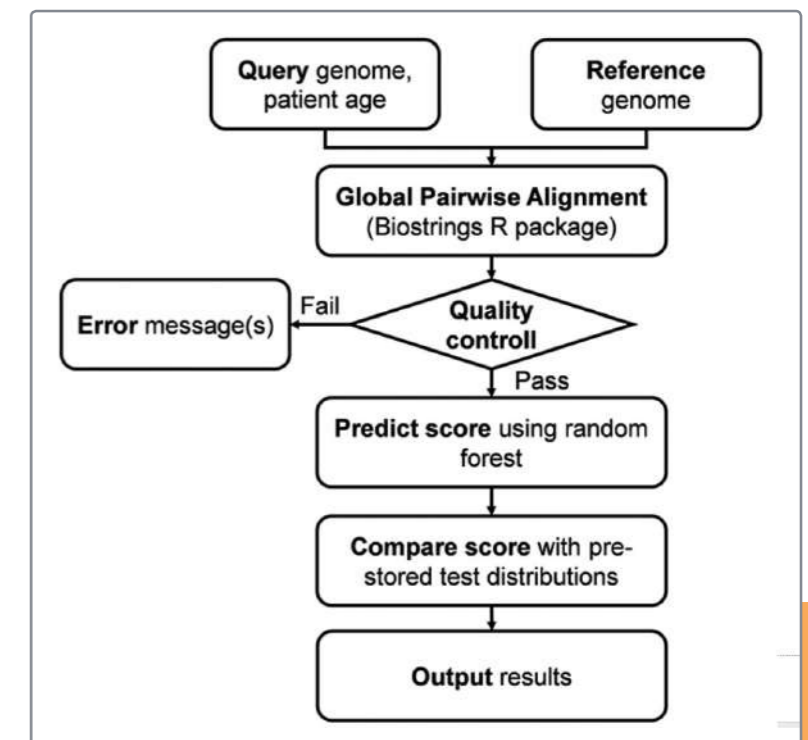
• Prof. Dr. Györffy Balázs

1. Különböző koronavírus-mutációk összefüggése a vírusfertőzés lefutásával

A SARS-CoV-2 vírus teljes genomja körülbelül 29000 nukleotid hosszúságú és 25 vírusgént kódol. Ezen vírusgénekről átíródó fehérjék közül a vírus szerkezeti felépítéséért a burok (E-envelope), a tűske (S-Spike), membrán (M-Membrane) és a nukleokapszid (N-Nukleokapszid) fehérjék, funkcionális működéséért pedig az RNS-függő-RNS polimeráz, az exonukleáz és a metiltransferáz fehérjék felelnek. Ezen funkcionális, strukturális fehérjéket érintő mutációk növelhetik a vírus fertőzőképességét, azaz a patogenitását. Fontos azonban az is, hogy a vírus szerkezeti és funkcionális fehérjéi mellett, az úgynevezett nem strukturális fehérjéket (NSP-Non-structural proteins) érintő mutációknak is lehet szerepük a vírus patogenitásában. 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 vizsgálat során az volt a célunk, hogy olyan vírusmutációkat azonosítsunk, amelyek összefüggésbe hozhatók a vírusfertőzés súlyosságával – mutatott rá Nagy Ádám, a Bioinformatikai Tanszék egyetemi tanársegédje. Az eredményeink azt mutatják, számos ilyen mutáció van. A nukleokapszid fehérje esetében azonosítottuk a legtöbb olyan mutációt (P13L, S194L, R203K, G204R és I292T), amelyek esetén a betegség lefolyása súlyosabb volt. Eredményeink azt sugallják, hogy vannak olyan mutációk, amelyek alátámasztják e változások lehetőségét, ezért esély van arra, hogy a jövőben a betegség lefolyása elmozduljon az enyhébb vagy a súlyosabb betegkimenetel felé.

Kép: Az online elemzési platform folyamatábrája. Minőségellenőrzés magában foglalja a Wuhan törzsszel való azonosságok számának ellenőrzését.

Referencia: Nagy Á, Pongor S, **Györffy B**. Different mutations in SARS-CoV-2 associate with severe and mild outcome. *Int J Antimicrob Agents.* 2021;57(2):106272.

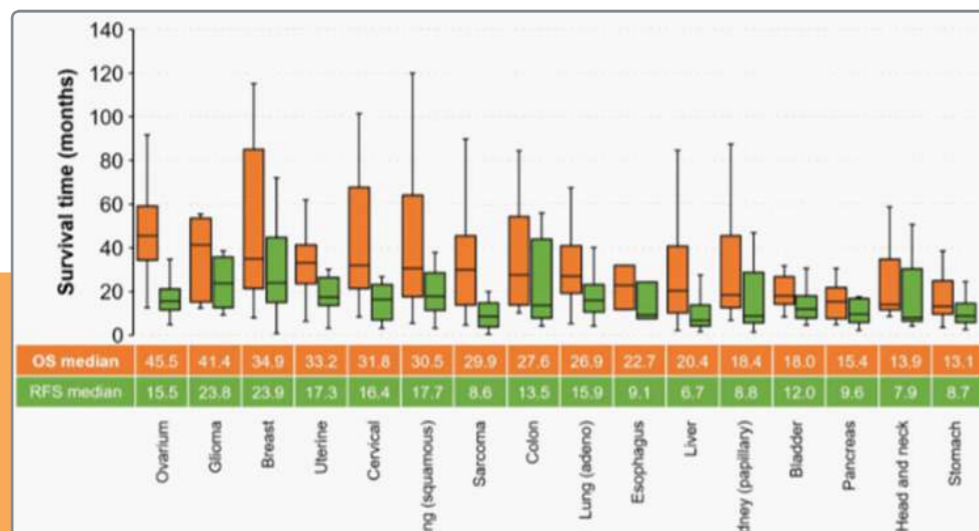


2. Daganat asszociált gének prognosztikus hatásának vizsgálata különböző tumortípusokban

A daganatok kialakulása egy összetett, soklépcsős folyamat, amelyért számos sejten belüli és sejten kívüli folyamat rendellenes működése tehető felelőssé. Korábbi tanulmányok során leírtak nyolc jellemzőt, amelyek összefüggnek a daganatos elváltozásokkal. Ide tartozik a folyamatos sejtosztódás stimulálása, a növekedést gátlók megfékezése, a sejthalál kikerülése, a folyamatos DNS szintézis fenntartása, az érésképződés, valamint a sejtek inváziós és áttétképző képességének indukálása. Ezekhez később, a genomi instabilitás, a gyulladás, az immunmikrokörnyezet és a sejtek energia metabolismusának átalakulása társult. Minden daganattényező kialakításában számos gén játszik szerepet. A kutatócsoport munkája során ezen daganattényezők alapján csoportosított gének messenger RNS (mRNS) szintje és a teljes túlélés között vizsgálta az összefüggést, mintegy 26 különböző daganattípuson keresztül. Az elemzésekhez újgenerációs mRNS szekvenálásból származó, úgynevezett transzkriptom adatokat használtak fel, amely megmutatja az egyes daganatos minták teljes mRNS profilját.

A nyolc daganatjellemzőhöz kapcsolt mRNS szintű változások vizsgálata során, a sejtosztódás fenntartásában, genom instabilitásában, energiametabolizmus átalakításában, áttétképzés és invázió serkentésében, valamint a sejthalál elkerülésében résztvevő gének mutattak jelentős összefüggést a beteg túlélésével több daganattípus esetén. A pajzsmirigy és a glioblasztoma daganattípusok esetén azonosítottuk a legtöbb túléléssel szignifikáns összefüggést mutató gént. Az eredmények alapján elmondható, hogy lehetőség van minden egyes daganattípus esetén a gyógyszerfejlesztés szempontjából legrelevánsabb, a daganat kialakulásában részt vevő tényezők rangsorolására és kiválasztására, amely elősegíti a leghatékonyabb terápiás célpont kiválasztását.

Kép: Tumorokhoz kapcsolódó túlélési idő (narancssárga – teljes túlélési idő, zöld – a tumor visszatéréséig eltelt idő)



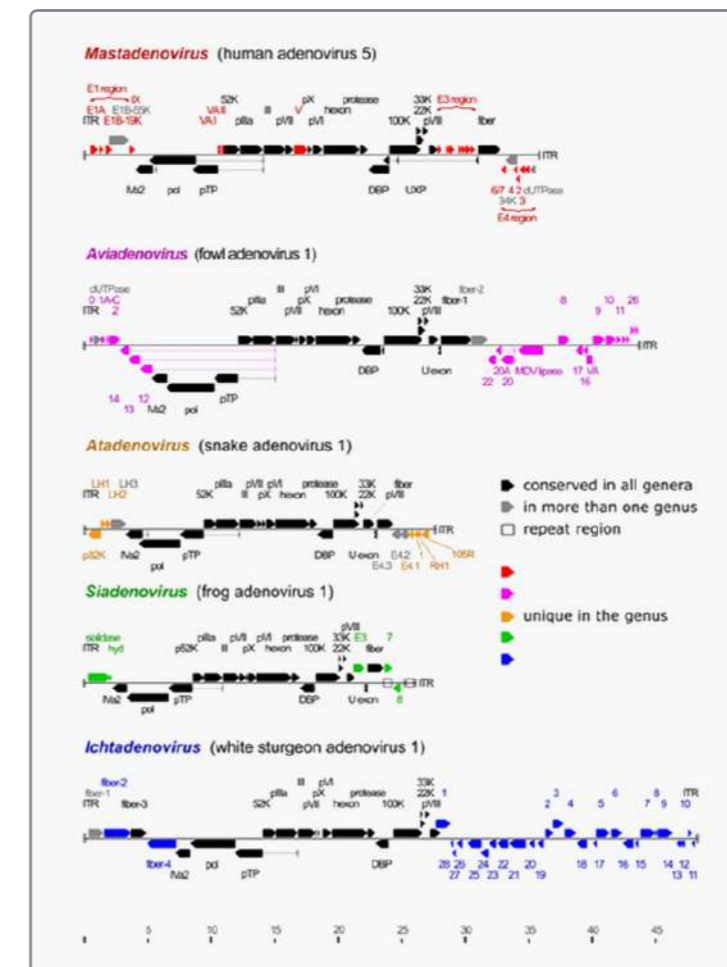
Referencia: Nagy Á, **Munkácsy G**, Gyórfy B. Pancancer survival analysis of cancer hallmark genes. *Sci Rep.* 2021;11(1):6047

• Prof. Dr. Harrach Balázs

1. Vírus taxonómia: Adenovírusok

Az adenovírusok nem csak betegséget okozhatnak, de népszerű génkifejező vektorok újabban, pl. csimpánz- és humán adenovírusokat használnak a SARS-CoV-2 elleni immunizálásra. Kitűnő eszközök a vírusok evolúciójának és rajtuk keresztül a biodiverzitásnak a vizsgálatára. Elkészítettük az Adenoviridae családra vonatkozó legújabb ismeretek kb. 10 évenként esedékes összefoglalóját a Nemzetközi Vírustaxonómiai Bizottság kiadványaként, beleépítve új genomszekvenálási, „vírusvadászási”, filogenetikai számítási eredményeinket és evolúciós elméleteinket is.

Kép: Halak, hüllők, madarak és emlősök adenovírusainak eltérő genom szerveződése nemzetségenként (melyekből négyet a mi javaslatunk alapján fogadott el a Nemzetközi Vírustaxonómiai Bizottság).

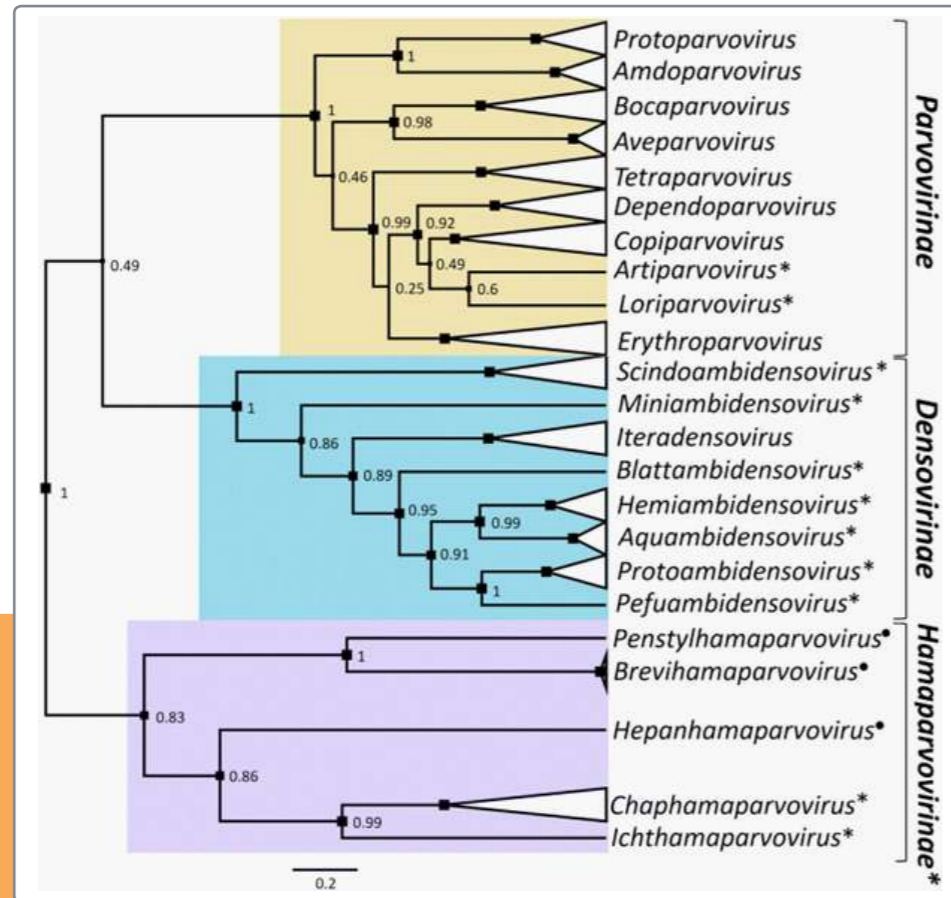


Referencia: Benkő M, Aoki K, Arnberg N, Davison AJ, Echavarría M, Hess M, Jones MS, Kaján GL, Kajon AE, Mittal SK, Podgorski II, San Martín C, Wadell G, Watanabe H, **Harrach B**, Ictv Report Consortium. ICTV Virus Taxonomy Profile: Adenoviridae 2022. *J Gen Virol.* 2022;103(3):001721.

2. A Parvovírusok taxonómiája

A megújuló vírusnevezéktan egyre inkább a filogenetikai számításokkal kikövetkeztetett evolúciós távolságokon alapul, a korábbi gazdacentrikus megközelítés helyett. Ilyen változtatásokat, pl. egy új, harmadik alcsaládot és számos új és újradefiniált nemzetséget javasoltunk a parvovírusok családjában az aktívan citált cikkünkben.

Kép: Új taxonok a Parvoviridae családban és filogenetikai rokonságuk



Referencia: Pénzes JJ, Söderlund-Venermo M, Canuti M, Eis-Hübinger AM, Hughes J, Cotmore SF, **Harrach B**. Reorganizing the family Parvoviridae: a revised taxonomy independent of the canonical approach based on host association. **Arch Virol.** 2020;165(9):2133-2146.

• Dr. Kenessey István

1. 159 őrszem nyirokcsomó-eset BRAF és NRAS mutációjának prediktív és prognosztikus értéke melanómában

Az Országos Onkológiai Intézet melanómás beteganyagán kimutattuk, hogy a szentinel nyirokcsomó pozitívitás mellett a primer daganat NRAS génjének mutációja egy független prognosztikai faktor. Ez azt jelenti, hogy a szentinel negativitás ellenére a melanóma NRAS-mutáns alcsoportja esetén szorosabb klinikai monitorozás szükséges.

Referencia: Liszkay G, Mátrai Z, Czirbesz K, Jani N, Bencze E, **Kenessey I.**: Predictive and Prognostic Value of BRAF and NRAS Mutation of 159 Sentinel Lymph Node Cases in Melanoma-A Retrospective Single-Institute Study. **Cancers (Basel).** 2021

2. Az orvosi kódtárak gyakorlati alkalmazása az onkológiában

Az adattudományi vizsgálatok értékét nagymértékben meghatározza a bemenő adatok minősége, vagyis klinikai adatok elemzése csak akkor megbízható, ha az azokat felvevő orvosi vagy adminisztrátori személyzet otthonosan mozog a betegségeket kódoló kódtárak használatában. A közlemény az onkológia területén alkalmazott főbb kódtárak használatát mutatja be, és hívja fel a figyelmet az esetleges buktatókra.

Referencia: **Kenessey I**, Wéber A, Szilágyi I, Nagy P, Polgár C, Kásler M. Az orvosi kódtárak gyakorlati alkalmazása az onkológiában – szakmai útmutató a Nemzeti Rákregiszter tapasztalatai alapján. **Magy Onkol.**, 2022

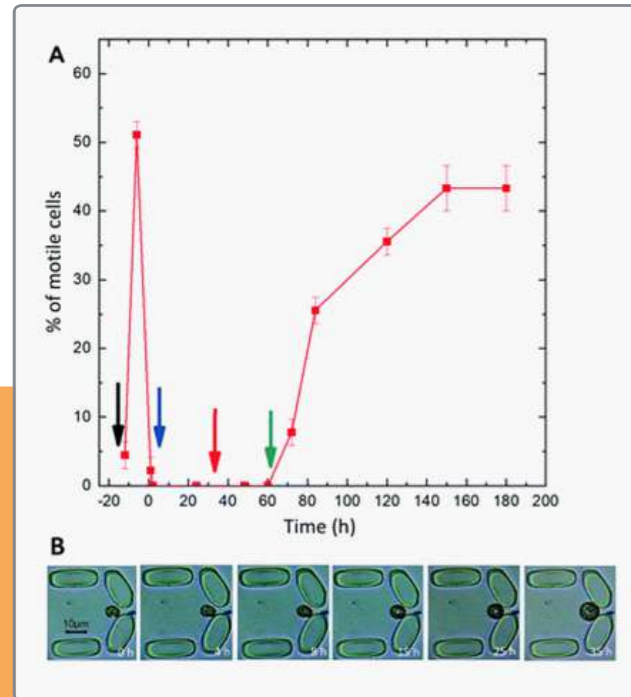
3. A koronavírussal összefüggő halálozás vizsgálata Magyarországon

Az egyes országokban alkalmazott eltérő módszertan miatt a COVID-19-járvány okozta halálozás nyers esetszámok alapján történő nemzetközi összevetése nehézkes. A tanulmány arra vállalkozott, hogy az EUROSTAT demográfiai adatai alapján kiszámolja az EU-s országok járvány alatti többlethalálozását, így téve megfelelő kontextusba Magyarországot. Megállapítottuk, hogy a V4 országokat tekintve nálunk volt a legkisebb eltérés a hivatalosan jelentett halálozások száma és a mért többlethalálozás között, emellett a 2020-21-re vonatkozó standardizált többlethalálozás a V4-ek közül Magyarországon bizonyult a legalacsonyabbnak.

Referencia: **Kenessey I**, Abonyi-Tóth Zs, Bogos K, Kerpel-Fronius A, Kiss Z, Moldvay J, Roxin Gy, Surján O, Wéber A, Wittmann I, Surján Gy, Dr. Kásler M.: A koronavírussal összefüggő halálozás vizsgálata Magyarországon és a visegrádi együttműködés országaiban 2020–2021-ben. **Magy Belorv Arch** 2022; 75: 5–13.

1. A *Symbiodinium* spp. korall endoszimbionta alga életképes protoplaszt képződése mikrofluidikai platformon

Kép: A *Symbiodinium* sejtek mozgási mintázata és morfológiai változásai az enzimkezelés előtt, alatt és után.

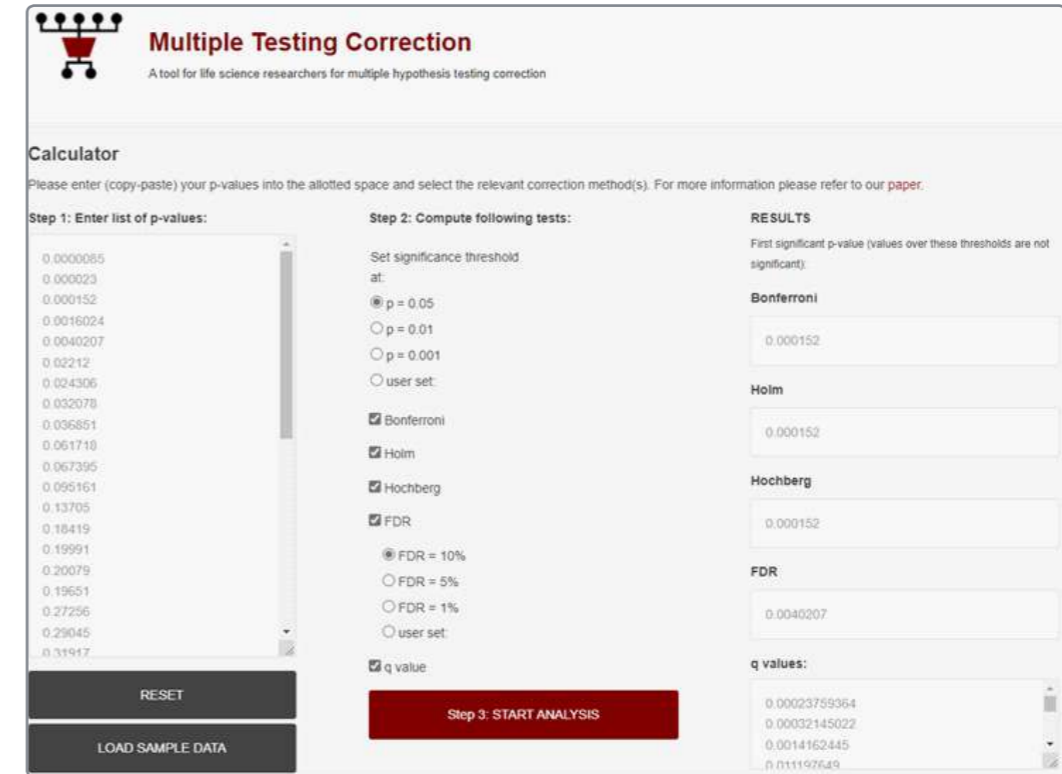


Referencia: Bashir F, Kovács S, Ábrahám Á, Nagy K, Ayaydin F, Valkony-Kelemen I, Ferenc G, Galajda P, Tóth SZ, Sass L, **Kós PB**, Vass I, Szabó M. Viable protoplast formation of the coral endosymbiont alga *Symbiodinium* spp. in a microfluidics platform. *Lab Chip*. 2022

2. Referencia: Patyi G, Hódi B, Solymosi D, Vass I, **Kós PB**. Increased sensitivity of heavy metal bioreporters in transporter deficient *Synechocystis* PCC6803 mutants. *PLoS One*. 2021;16(12):e0261135.

(Bonferroni-, Holm-, Hochberg-korrektció, FDR és q-érték) gyors használatát. Fejlesztésünk valódi hiánypótló megoldást nyújthat az élettudományban dolgozó kutatók számára.

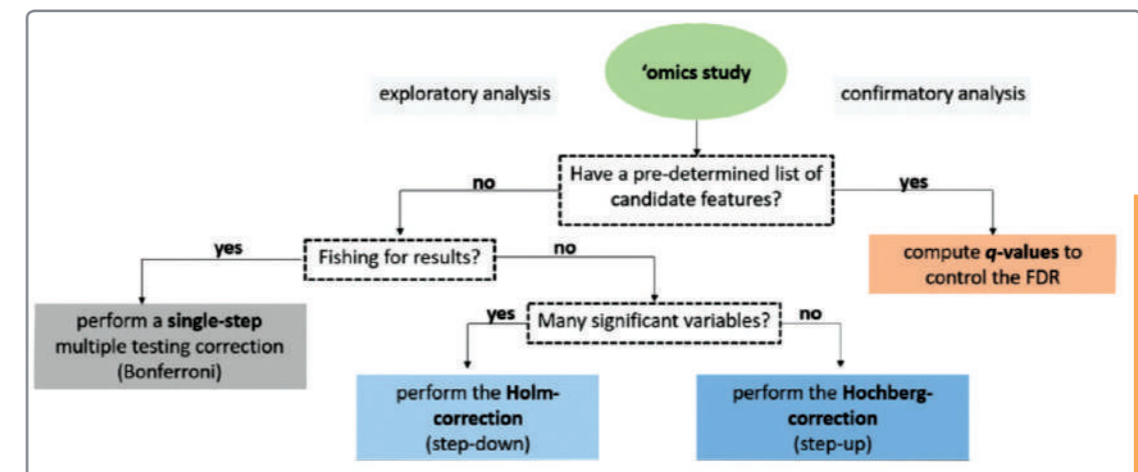
Kép: Az alkalmazás nyitó felülete (1) és döntéstámogató fa (2), ami segít kiválasztani a megfelelő módszert a többszörös hipotézis teszthez



1. Online eszköz a többszörös hipotézis teszt vizsgálatára

Szinte minden tudományágban dolgozó kutató szembesül azzal a problémával, hogy számos hipotézis egyidejű értékelése során megnő a fals pozitív eredmények aránya, ugyanis a többszörös összehasonlítás növeli a valótlan asszociációk lehetőségét. A probléma megoldására számos korrekciós stratégia létezik. Közleményünkben összefoglaltuk a legfontosabb statisztikai fogalmakat, és lépésről lépésre ismertettük a leggyakrabban alkalmazott korrekciós módszereket. Az alkalmazott stratégiákat érthető példákkal illusztrálva egy könnyen követhető útmutatót hoztunk létre a megfelelő korrekciós technika kiválasztásához. Ezen felül egy teljesen automatizált megoldást is kínálunk a probléma megoldására. Az általunk létrehozott felhasználóbarát, regisztráció-mentes online eszköz a www.multipletesting.com címen érhető el, melynek használata programozási ismereteket nem igényel. Az online felület lehetővé teszi az öt leggyakrabban használt korrekciós módszer

2. Referencia: **Menyhart O**, Weltz B, **Gyórfy B**. MultipleTesting.com: A tool for life science researchers for multiple hypothesis testing correction, *PLoS One*. 2021;16(6):e0245824.



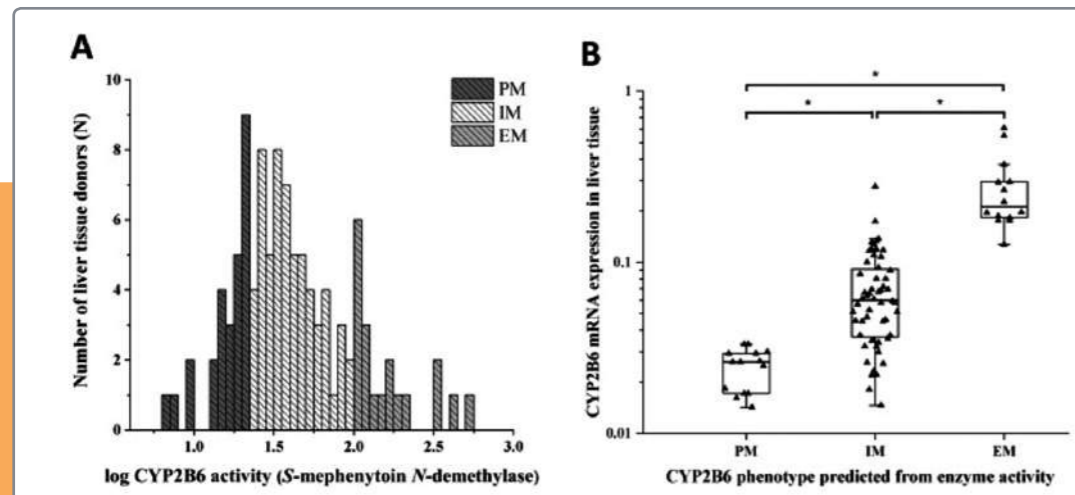
1. A genetikai és nem genetikai tényezők hatása a máj CYP2C9 expressziójára és aktivitására a magyarországi populációban

A Metabolikus Gyógyszer-kölcsönhatások kutatócsoport kutatói megállapították, hogy a gyógyszer-metabolizmusban jelentős szerepet játszó CYP2C9 enzim fenotípusos megjelenését a genetikai polimorfizmus (funkció-vesztő mutációk) szignifikánsan befolyásolja, amelyet a nem-genetikai tényezők (kor, nem, gyógyszer-kölcsönhatásból fakadó enzim-gátlás és indukció, illetve megbetegedések) hatására bekövetkező fenokonverzió módosíthatja.

Referencia: Fekete F, Mangó K, Déri M, Incze E, Minus A, **Monostory K**. Impact of genetic and non-genetic factors on hepatic CYP2C9 expression and activity in Hungarian subjects. *Sci Rep*. 2021;11(1):17081.

2. A CYP2B6 allélvariánsok és nem-genetikai tényezők befolyásolják a CYP2B6 enzim működését

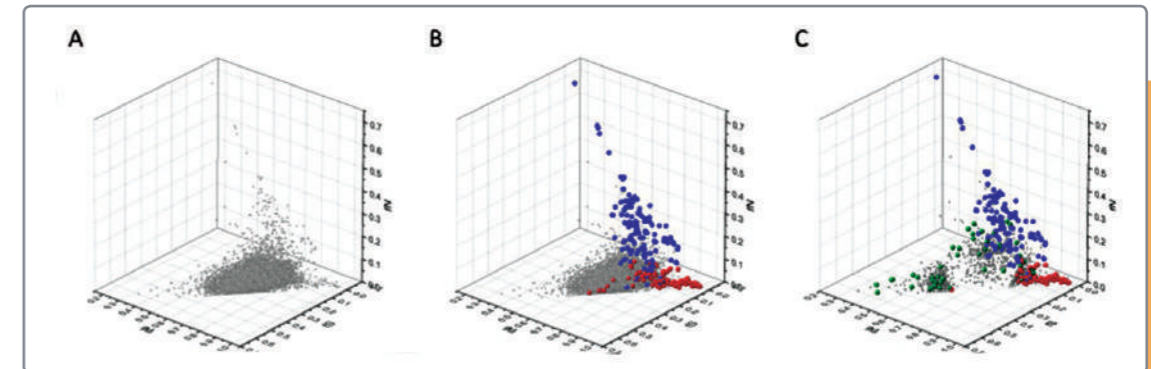
Kép: A hepatikus CYP2B6 aktivitás (S-mefenitoin N-demetiláz) eloszlás (N=105) és a CYP2B6 aktivitás – mRNS expresszió összefüggései (N=85) humán májszövet donoroknál. PM gyenge metabolizáló; IM intermedier metabolizáló; EM extenzív metabolizáló fenotípus. *Szignifikáns eltérés (P<0,0001)



Referencia: Mangó K, Kiss ÁF, Fekete F, Erdős R, **Monostory K**: CYP2B6 allelic variants and non-genetic factors influence CYP2B6 enzyme function. *Scientific Reports* 12: 2984, 2022

Tumor szövetek mutációs mintázatának elemzésén alapuló érzékeny bioinformatikai módszert dolgoztak ki új terápiás célpontok (onkogének, tumor szupresszor gének, tumor esszenciális gének) azonosítására.

Kép: Tumorszövetek humán fehérjét kódoló génjeinek rS*, rM* és rN* paramétereinek elemzése. Az ábra a tumorszövetekből származó, legalább 100 finom, megerősített szomatikus mutációt tartalmazó transzkriptumok elemzésének eredményeit mutatja.



Referencia: Bányai L, Trexler M, Kerekes K, Csuka O, **Patthy L**. Use of signals of positive and negative selection to distinguish cancer genes and passenger genes. *Elife*. 2021;10:e59629.

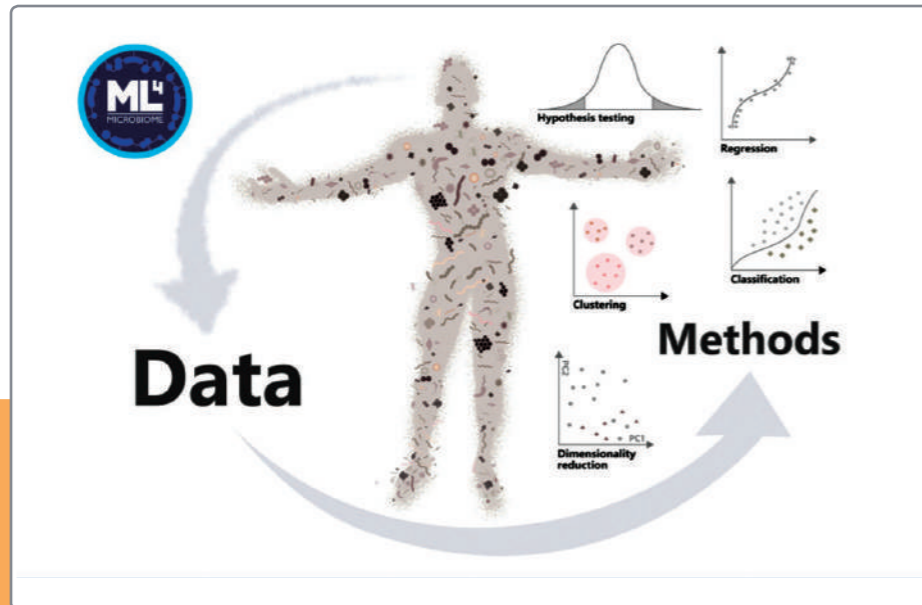
1. Az AAI, az amarántmagból származó fő alfa-amiláz gátló szerkezete

Referencia: Juhász J, Gáspári Z, **Pongor S**. Structure and Oxidative Folding of AAI, the Major Alfa-Amylase Inhibitor From Amaranth Seeds. **Front Chem**. 2020;8:180.

2. Statisztikai és gépi tanulási technikák a humán mikrobiom tanulmányokban: kortárs kihívások és megoldások

Referencia: Moreno-Indias I, Lahti L, Nedyalkova M, Elbere I, Roshchupkin G, Adilovic M, Aydemir O, Bakir-Gungor B, **Pongor S**, Claesson MJ és mtsai. Statistical and Machine Learning Techniques in Human Microbiome Studies: Contemporary Challenges and Solutions, **Front Microbiol**. 2021;12:635781.

Kép: Az ML4 Mikrobiom működésének felhasználása a gépi tanulási módszerek megvalósításához a mikrobiomkutatásban a személyre szabott orvoslás előmozdítása érdekében.

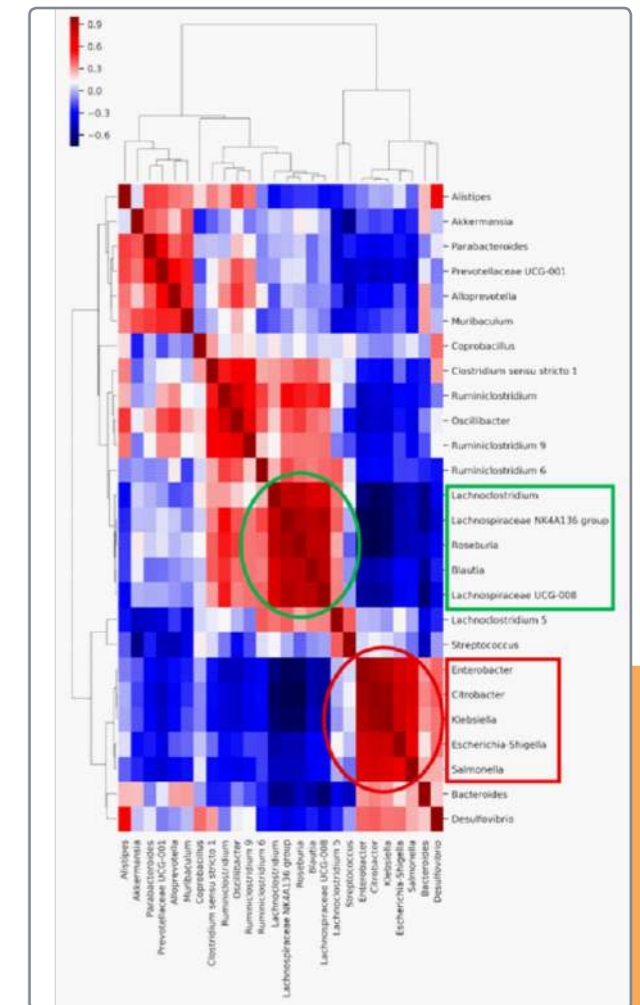


3. Multirezisztens baktériumok megjelenése a bélflórában

Multirezisztens baktériumok megjelenése a bélflórában a későbbi makacs fertőzések kialakulásának egyik fő oka. Metagenomikai vizsgálatok szerint a bélflóra jellegzetes klaszter-dinamikával válaszol multirezisztens baktériumok megjelenésére, illetve a többszörös antibiotikum-kezelésre.

Kép: A hőtérkép a kiválasztott baktériumok közötti páronkénti korrelációt (Spearman-féle rho) mutatja a 15. napon vett mintákban. Az x- és y-tengelyen lévő baktériumcsoportokat Bray-Curtis távolságok alapján csoportosították. A színek az „rho” értékeknek felelnek meg: a mélyebb kék színek erősebb negatív, a mélyebb piros színek erősebb pozitív összefüggést jelentenek.

Referencia: Juhász J, Ligeti B, Gajdács M, Makra N, Ostorházi E, Farkas FB, Stercz B, Tóth Á, Domokos J, **Pongor S**, Szabó D. Colonization Dynamics of Multidrug-Resistant *Klebsiella pneumoniae* Are Dictated by Microbiota-Cluster Group Behavior over Individual Antibiotic Susceptibility: A Metataxonomic Analysis. **Antibiotics (Basel)**. 2021;10(3):268.



A peptidkötések megnövekedett oldószer-hozzáférhetőségének eredete fehérjékben

Referencia: Magyar C, Mentés A, Cserző M, Simon I. Origin of Increased Solvent Accessibility of Peptide Bonds in Mutual Synergetic Folding Proteins. *Int J Mol Sci.* 2021;22(24):13404.

• Dr. Sramkó Gábor

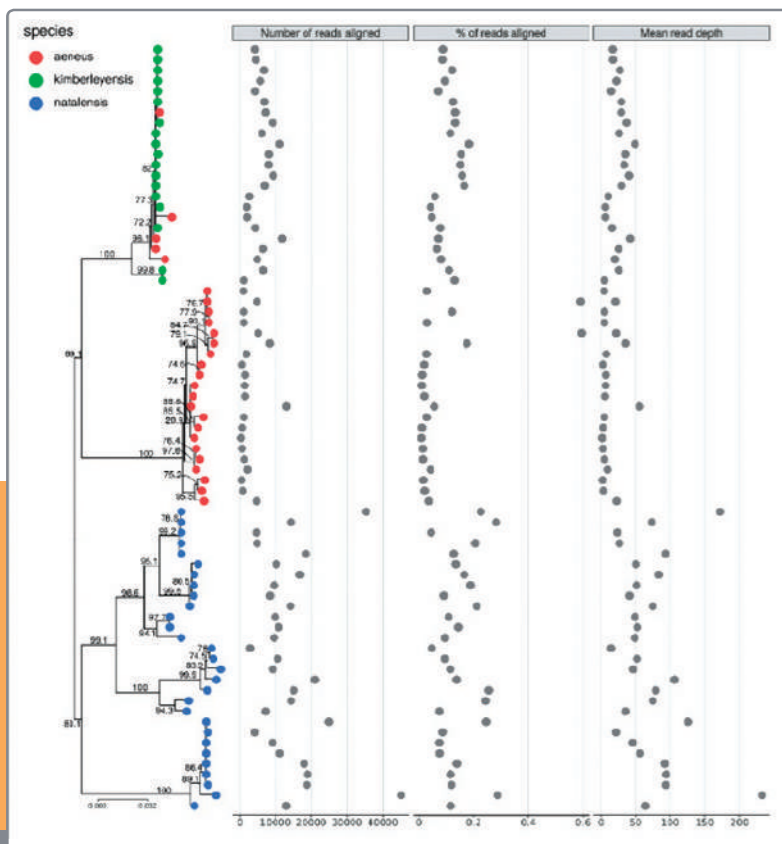
1. Bioinformatikai szoftver fejlesztés a RADseq alapú genomi adatsorok hatékonyabb elemzéséhez

A redukált reprezentativitású genomi módszerek közé tartozó RADseq alkalmazása során merült fel bennünk, hogy szétválogassuk az Illuminaolvasatokat genomi eredet szerint. A sejtiszervecskékből (elsősorban a mitokondriumból és növényeknél a plasztiszából) származó DNS-információval ugyanis gyakran kiegészíthető a vizsgált élőlények evolúciós története. Ezért egy olyan nyílt forráskódú szoftvert fejlesztettünk, amely automatikusan képes a betáplált adatok alapján szétválasztani a sejtmagból és a sejtiszervecskékből származó DNS-t, majd rekonstruálja az utóbbiakból származó szekvencia információt. A RADOrgMiner szoftver segítségével a DNS származási helyét figyelembe nem vevő kutatások eredményei jelentősen kiegészíthetők további szekvenálási erőfeszítés nélkül. A nem-modell szervezetek evolúciós genetikai vizsgálatában nagyon elterjedt RADseq módszerhez

így egy reményeink szerint hasznos eszközt adtunk a kutatók kezébe.

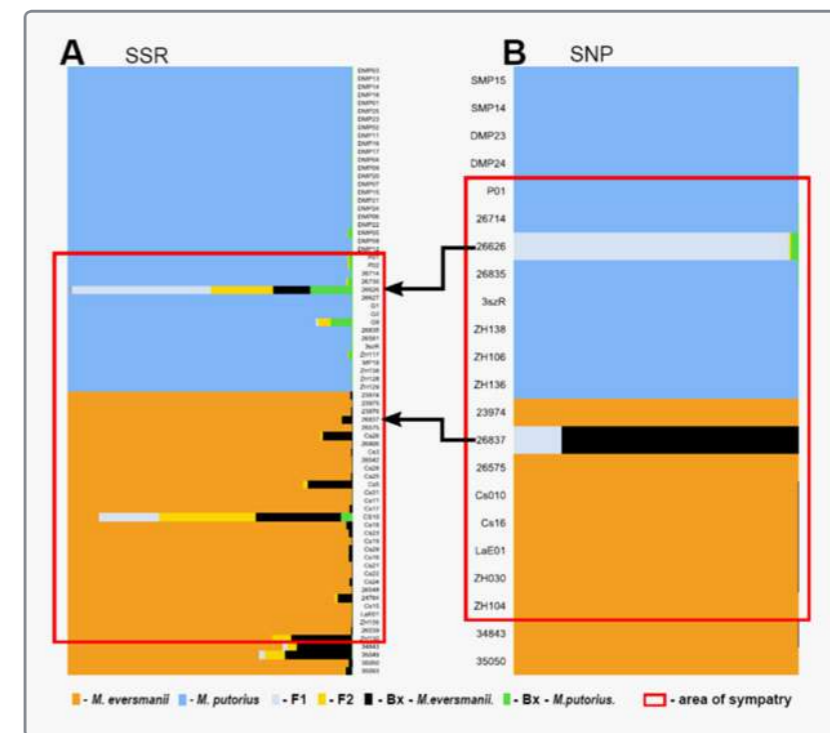
Kép: Filogenetikai törzsfarekonstrukció és az organellumból származó olvasatokra jellemző fő illesztési statisztikák a teszteléshez használt Cycadales adatsoron bemutatva. A jelmagyarázat a bázisok hívásánál használt populációkat emeli ki.

Referencia: Laczkó L, Jordán S, Sramkó G. *The RadOrgMiner pipeline: Automated genotyping of organellar loci from RADseq data* *Methods in Ecology and Evolution*, 2022



2. Hazai görényfajok közötti kereszteződés vizsgálata hagyományos genetikai és genomi módszerrel; a két módszer összehasonlítása és következtetések a görények biológiájához

A cikkben két európai vadon élő görényfaj (a házi görény és a molnárgörény) közötti hibridizáció mértékét vizsgáltuk meg mikroszatellitok és redukált reprezentativitású genomi szekvenálás (RADseq) segítségével. Az azonos minták használata lehetővé tette a két marker összehasonlítását. Noha a mikroszatellitok is alkalmasak voltak az F1 hibridek kimutatására, a genomi módszer a visszakereszteződött egyedeket is nagy bizonyossággal azonosította. Emellett kifejezetten alacsony gyakorisággal találtunk hibrideket a két görényfaj között, de arra is rámutatott, hogy a genetikai adatok alapján a vadászható házi görény veszélyeztetettebb, mint a védett molnárgörény.



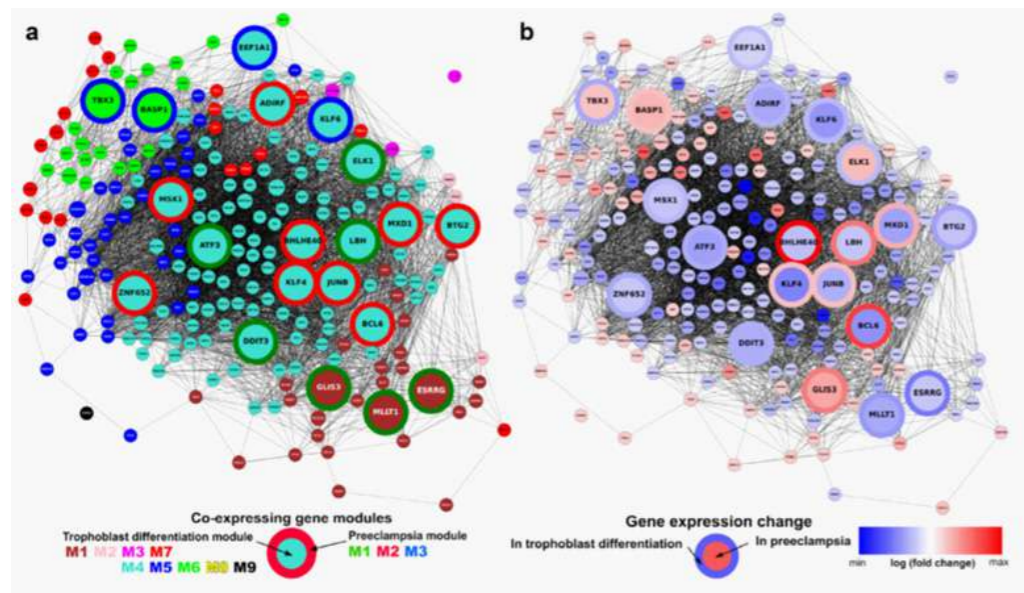
Kép: A hibridek kimutatására fejlesztett, genetikai klasztereket képző szoftver által generált oszlopdiagram a mikroszatellitok (A) és a genomi módszer (B) alapján. A nyilak a bizonyosan F1 hibrid és visszakereszteződött egyedeket emelik ki a két adatsorban.

Referencia: Szatmári L, Cserkészt T, Laczkó L, Lanszki J, Pertoldi C, Abramov AV, Elmeros M, Ottlecz B, Hegyeli Z, Sramkó G. (2021) A comparison of microsatellites and genome-wide SNPs for the detection of admixture bringing the first molecular evidence for hybridization between *Mustela eversmanii* and *M. putorius* (Mustelidae, Carnivora). *Evol Appl.* 2021 Aug 23;14(9):2286-2304. doi: 10.1111/eva.13291. PMID: 34603499; PMCID: PMC8477604.

1. A humán méhlepény fejlődési és differenciálódási rendellenességei

A placenta villózus trofoblasztjának differenciálódása a terhesség fenntartása szempontjából egyik legkritikusabb biológiai folyamat azáltal, hogy biztosítja a méhlepény táplálását, gázcserét, hormonális szabályozást és az anyai immunrendszer magzati modulálását, a trofoblaszt differenciálódás zavarai pedig súlyos terhességi kórképek (pl. preeclampsia, intrauterin magzati retardáció) kialakulásához vezetnek. Teljes genom transzkriptomikai tanulmányunkban elsőként írtuk le azokat a génmodulokat, génklasztereket, illetve azok szabályzó molekuláit, amelyek részt vesznek a trofoblaszt-differenciálódás fiziológiás folyamatában, valamint feltártuk ezen molekuláris folyamat károsodását korai preeclampsziában. Eredményeink elősegíthetik a méhlepény funkciók non-invazív biomarkereinek jövőbeli kifejlesztését, és ezáltal a korai preeclampsia és egyéb placentáris eredetű terhességi kórképek magas kockázatának kitett nők korai és érzékeny szűrését, a betegségek személyreszabott megelőző terápiáját.

Kép: A villózus trofoblasztok differenciációjában és a korai preeclampsia kialakulásában részt vevő transzkripciós gének koexpressziós hálózata.



A humán méhlepény fejlődési és differenciálódási rendellenességei különféle terhességi kórképek kialakulásához vezetnek, a placentáció kritikus szabályozói-ról azonban jelenleg még kevés tudás áll rendelkezésre. Ebben a tanulmányban primer trofoblaszt sejtek, háromdimenziós trofoblaszt organoidok és CRISPR-Cas9 genomszerkesztett JEG-3 sejt-klónok felhasználásával bemutattuk, hogy

a Hippo jelátviteli útvonal transzkripciós koaktivátora, a YAP kulcsszerepet játszik a proliferatív trofoblasztok fenntartásában. A TEAD4 transzkripciós faktorhoz kötődve a YAP serkenti a trofoblaszt őssejtek fenntartását elősegítő gének expresszióját, valamint a YAP-TEAD4 komplexek aktívan elnyomják a differenciált syncytiotrophoblastban aktivált géneket, ezért a YAP egy komplex fejlődési programot szabályoz, amely biztosítja az emberi méhlepény megfelelő fejlődését és növekedését.

Szilagyi A, Gelencser Z, Romero R, Xu Y, Kiraly P, Demeter A, Palhalmi J, Gyorffy B.A, Juhasz K, **Than NG**, és mtsaik.: Placenta-Specific Genes, Their Regulation During Villous Trophoblast Differentiation and Dysregulation in Preterm Preeclampsia. **Int J Mol Sci**. 2020;21(2):628.

2. Referencia: Meinhardt G, Haider S, Kunihs V, Saleh L, Pollheimer J, Fiala C, Hetey S, Feher Z, Szilagyi A, **Than NG**, Knöfler M. Pivotal role of the transcriptional co-activator YAP in trophoblast stemness of the developing human placenta. **Proc Natl Acad Sci U S A**. 2020;117(24):13562-13570.

• Prof. Dr. Tózsér József

1. A HIV-1 proteáz ellen kifejlesztett gátlószerek jelentősen hozzájárultak a HIV fertőzés halálos betegségből krónikus betegséggé válásához, ezen gyógyszerek farmakokinetikája, mellékhatás spektrumai részletesen ismertek. A COVID járvány kezdeti szakaszában terápiásan is kipróbálták ezeket a szereket, ellentmondó eredményekkel. Sejtkultúras és enzimológiai vizsgálatainkkal bizonyítottuk, hogy ezeknél a gyógyszereknél nem várható terápiás hatás a SARS-CoV-2 közvetlen gátlása révén, amennyiben terápiás hatásuk van, azt más mechanizmus szerint fejtik ki.

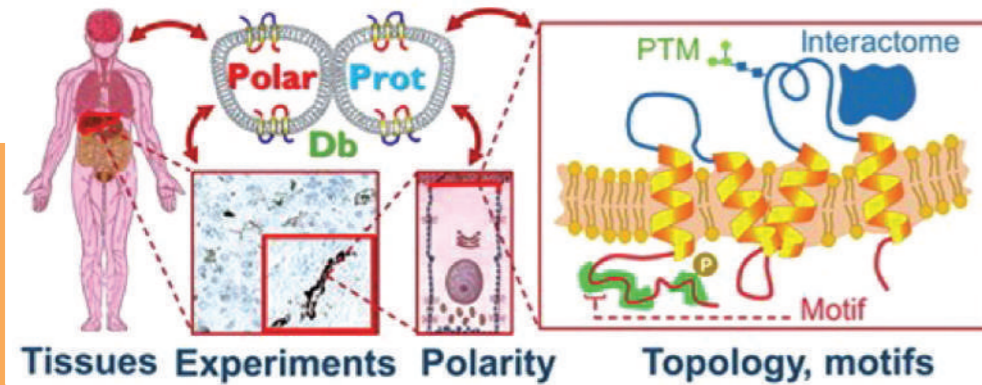
Referencia: Mahdi M, Mótyán JA, Szojka ZI, Golda M, Miczi M, **Tózsér J**. Analysis of the efficacy of HIV protease inhibitors against SARS-CoV-2's main protease. **Virology**. 2020;17(1):190.

2. Vizsgáltuk egy humán retrotranszpozon eredetű imprintált géntermék (PEG10) biokémiai tulajdonságait valamint expressziójának hatását a sejtproliferációra. Hipotézisünk, valamint eredményeink szerint a PEG10-ben kódolt aszpartil proteáz funkcionális szereppel bír a PEG10 proliferációs és sejthalást befolyásoló képességeire.

Referencia: Golda M, Mótyán JA, Mahdi M, **Tózsér J**. Functional Study of the Retrotransposon-Derived Human PEG10 Protease. **Int J Mol Sci**. 2020;21(7):2424.

1. Apikalis-bazalis polaritasu transzmembran es szekretalt feherjek adatbazisa

Az elo szervezetekben levo sejtek többsege valamilyen mertekben aszimmetrikus, polarizalt. A sejt polarizacioert felelos molekularis rendszer elemeit mar resben feltartak, de a polarizacio fenntartasahoz szukseges feherje szallitas „kodja” meg ismeretlen. Ezen kod megfejtesehoz az elso lepes, hogy a kulonbozo feherjek eddig meghatarozott lokalizacios adatait osszegyujtsuk es egyseges rendszerben, metaadatokkal egyutt (szövet, sejtıtpus, poszttranszlacios modosulasok stb.), adatbazisban az adatokat taroljuk.



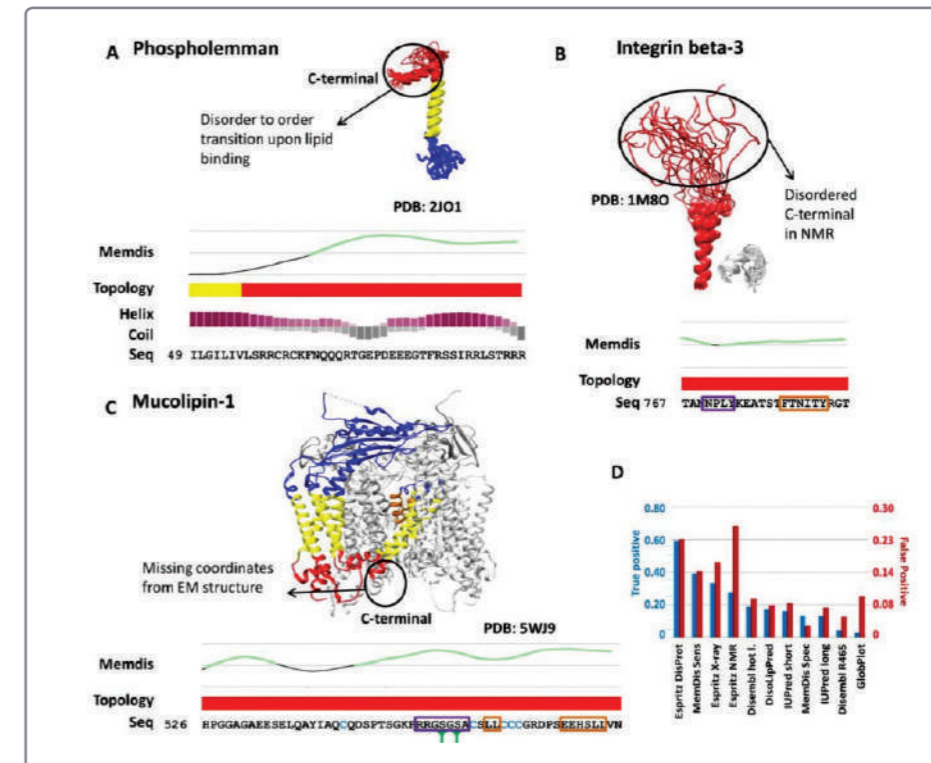
Referencia: Zeke A, Dobson L, Szekeres LI, Lango T, **Tusnady GE**. PolarProtDb: A Database of Transmembrane and Secreted Proteins showing Apical-Basal Polarity. *J Mol Biol.* 2021;433(11):166705.

A PolarProtDb adatbazisban szereplo adatok es azokhoz gyujtott kulonbozo metaadatok kozotti összefuggesek. Az adatbazis a <http://polarprotdb.ttk.hu> cimen erheto el.

2. Rendezetlen regiok becslese transzmembran feherjekben

A legtöbb feherjeben talalhato olyan szakasz, amely nem rendelkezik idoben allando szerkezettel. Ezek a reszek fontos szerepet toltenek be kulonbozo szabalyozasi folyamatokban, tranziens feherje-feherje kolcsonhatasok kialakitasa reven. Ezen szakaszok aminosav szekvencia alapjan valo becslesere ad a MemDis eljaras egy lehetseges megoldast.

Kep: A MemDis rendezetlenseg predikcio (<http://memdis.ttk.hu>) eredmenye 3 peldafeherjen bemutatva (A-C), illetve a TPR/FPR ertekek összehasonlitasa a kulonbozo becslo modszereknek transzmembran feherjeken (D).



Referencia: Dobson L, **Tusnady GE**. MemDis: Predicting Disordered Regions in Transmembrane Proteins. *Int J Mol Sci.* 2021;22(22):12270.

11. KAPCSOLATTARTÓK

11.1. AZ ELIXIR KONZORCIUMI TANÁCS KAPCSOLATTARTÓI

Természettudományi Kutatóközpont (TTK)

Prof. Dr. Gyórfy Balázs

Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem

Dr. Barta Endre

Ökológiai Kutatóközpont

Dr. Garamszegi László Zsolt

Pázmány Péter Katolikus Egyetem

Dr. Gáspári Zoltán

Pécsi Tudományegyetem

Dr. Gyenesei Attila

Állatorvostudományi Kutatóintézet

Prof. Dr. Harrach Balázs

Szegedi Biológiai Kutatóközpont

Dr. Horváth Péter

Országos Onkológiai Intézet

Dr. Kenessey István

Rényi Alfréd Matematikai Kutatóintézet

Dr. Miklós Dezső

Állatorvostudományi Egyetem Budapest

Dr. Solymosi Norbert

Semmelweis Egyetem

Prof. Dr. Bödör Csaba

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Prof. Dr. Csabai István

Szegedi Tudományegyetem

Prof. Dr. Széll Márta

Debreceni Egyetem

Prof. Dr. Tózsér József

11.2. ELIXIR MAGYARORSZÁG KAPCSOLATTARTÓK

Prof. Dr. Gyórfy Balázs

ELIXIR konzorciumvezető

Természettudományi Kutatóközpont

1117 Budapest, Magyar tudósok krt. 2.

Email: gyorffy.balazs@ttk.hu

Lakatos Viktória

ELIXIR titkár

Természettudományi Kutatóközpont

1117 Budapest, Magyar tudósok krt. 2.

Email: lakatos.viktoria@ttk.hu

Tel: +36 1 3826-745



Kiadja: ELIXIR Magyarország Konzorcium

Felelős kiadó: Prof. Dr. Gyórfy Balázs

Felelős szerkesztő: Lakatos Viktória

Tördelőszerkesztő: Müller Katalin

2022. szeptember

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

<http://www.bioinformatics.hu>



<http://www.bioinformatics.hu>