



# BIT

## Bioinformatika Tanszék

**Bioinformatikai  
Oktatás, Kutatás, Szolgáltatások**



**Általános Orvostudományi Kar  
Semmelweis Egyetem**

# Köszöntés

## Tisztelt Olvasó!

A Bioinformatika Tanszék megszervezése során két elsődleges szempontot tartottunk szem előtt: **a szellemi munkához való ideális körülmények megteremtését** és a teljes akadémiai szabadság biztosítását a kiemelkedő teljesítményt mutató munkatársak számára. Ezen elvek sikerességét alátámasztják az eddigi eredményeink: 1000 feletti impakt faktor csak 2023-ban; több, mint 10 000 szövetminta az OnkoBankban; négy bioinformatikai tantárgy összeállítása; ötvennél több futó egyetemi együttműködés – lásd a kiadvány megfelelő fejezeteit.



Céljaink sokrétűek: a tudomány előmozdítása, a betegek kezelésének javítása, a biológiai folyamatok megértése, valamint országosan és **nemzetközi szinten is kiemelkedő tudásműhely létrehozása**. A kutatási eredményeinket bemutató közleménylista a kiadvány végén található.

Ide kapcsolódik jelen bemutatkozó kiadványunk is, amivel a horizontot szeretnénk bővíteni. Klinikusok és PhD hallgatók számára bemutatjuk **az általunk kifejlesztett szolgáltatásokat**, amelyek közé tartoznak online elemző és diagnosztikai rendszerek, adatbázisok, valamint genomikai, transzkriptomikai és proteomikai elemzések. Magas szintű szakmai **segítséget tudunk nyújtani a bioinformatikai adatelemzés szinte bármely területén**. Kutatási témák iránt érdeklődők számára bemutatjuk, hogy milyen aktív kutatások folynak a tanszéken, melyek modellezést, programozást és/vagy alapkutatást foglalnak magukban. Külön listázzuk az új TDK és PhD témákat is. Graduális és PhD hallgatók számára bemutatjuk **a tanszéken oktatott tantárgyakat**.

A bioinformatika nem csupán számítógépes modellépítés, hanem genetikát, statisztikát, laboratóriumi diagnosztikát, informatikát és patológiát is magába foglaló színes tudományterület, mely mindezek mellett egy tudásintegráción alapuló döntést is lehetővé tesz. A **bioinformatika önálló tudományágként** való elismerését mutatja, hogy már nemcsak PhD fokozatot, hanem MTA doktora fokozatot is lehet szerezni ezen a területen.

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

2024. augusztus 1.

**Prof. Dr. Györfy Balázs**

tanszékvezető  
egyetemi tanár

# Tartalomjegyzék

## Köszöntés • 1

## Tartalomjegyzék • 2

## Fókuszterületeink egy pillantásra • 5

## Fő eredményeink • 6

## Szolgáltatások • 8

### Bioinformatikai elemző szolgáltatások • 8

Genomika és transzkriptomika • 8

Klinikai adatok elemzése • 9

Mesterséges intelligencia • 10

### Bioinformatikai fejlesztések • 10

MetaAnalysisOnline • 10

Cancer Hallmarks • 11

Kaplan-Meier plotter • 13

ROC plotter • 14

TNM plotter • 15

CovidOutcome • 16

muTarget • 17

RecurrenceOnline • 18

Multiple Testing • 19

Scientometrics • 20

SCplotter • 22

EpigenPlot • 23

### Core facility • 24

Galaxy • 24

Molekuláris genetika labor • 26

Zebradánió akváriumrendszer • 28

## Oktatás • 29

### Klinikai Bioinformatika • 29

A tantárgy ismertetése • 29

A tárgy részletes tematikája • 30

Gyakorlati oktatás • 32

### Adatvizualizáció • 33

A tantárgy ismertetése • 33

A tárgy részletes tematikája • 33

Kurzusadatok és követelmények • 34

### Alkalmazott bioinformatika • 35

A tantárgy ismertetése • 35

Kurzusadatok és követelmények • 35

### Advanced AI • 36

A tantárgy ismertetése • 36

A tárgy részletes tematikája • 36

Kurzusadatok és követelmények • 37

## Új kutatási témáink • 38

### PhD témák • 38

scRNAseq adatok vizsgálata • 38

Gépi tanulás az onkológiában • 38

Multi-omikai vizsgálatok onkológiában • 39

Mono- és multigén onkológiai biomarkerek • 39

Új diagnosztikai eszközök fejlesztése • 39

Kromatin szintű génexpresszió szabályozás • 40

Prediktív biomarkerek az onkológiában • 40

Transzmembrán fehérjék kölcsönhatásainak vizsgálata • 41

NGS kiértékelés betegdiagnosztikához • 42

### TDK témák • 43

### ÖNLAB témák • 45

## Kik vagyunk • 50

### Oktató-kutatók • 50

Prof. Dr. Györffy Balázs • 50

Dr. Menyhárt Otília • 51

Dr. Fekete János Tibor • 52

Dr. Munkácsy Gyöngyi • 53

Dr. Figler Aida • 54

Dr. Bartha Áron • 55

Dr. Bálint Bálint László • 56

Dr. Tusnády Gábor • 57

Dr. Szállási Zoltán • 58

Dr. Vízkeleti Laura • 59

Dr. Sluch Martina • 60

Dr. Dobson László Imre • 61

Lánczky András • 62

Weltz Boglárka • 63

### PhD hallgatók • 64

Ankita Murmu • 64

Braskó Vadassy Rita • 65

Karadocsev Éva • 65

Kiss Luca Annamária • 67

Dr. Kothalawala William Jayasekara • 67

Kovács Szonja Anna • 68

Müller Dalma • 69

### Titkárság • 70

Makovsky Zsuzsa • 70

Kocsis-Szalkai Csilla • 70

Szőnyi János • 70

### TDK hallgatók • 71

Tanszéki kirándulások • 74  
 Társadalmi szerepvállalás • 75  
 ELIXIR • 77

Az ELIXIR felépítése • 77  
 ELIXIR Magyarország • 77  
 Bioinformatika oktatás • 79

OnkoBank • 80

Bemutatókozás • 80  
 Az OnkoBank felépítése • 81  
 Dokumentumok • 82  
 REDCap rendszer • 83  
 Mintaszámok • 84

Egyetemi kollaborációk • 85

Tanulmányi versenyek • 88

Tudományos közleményeink • 89

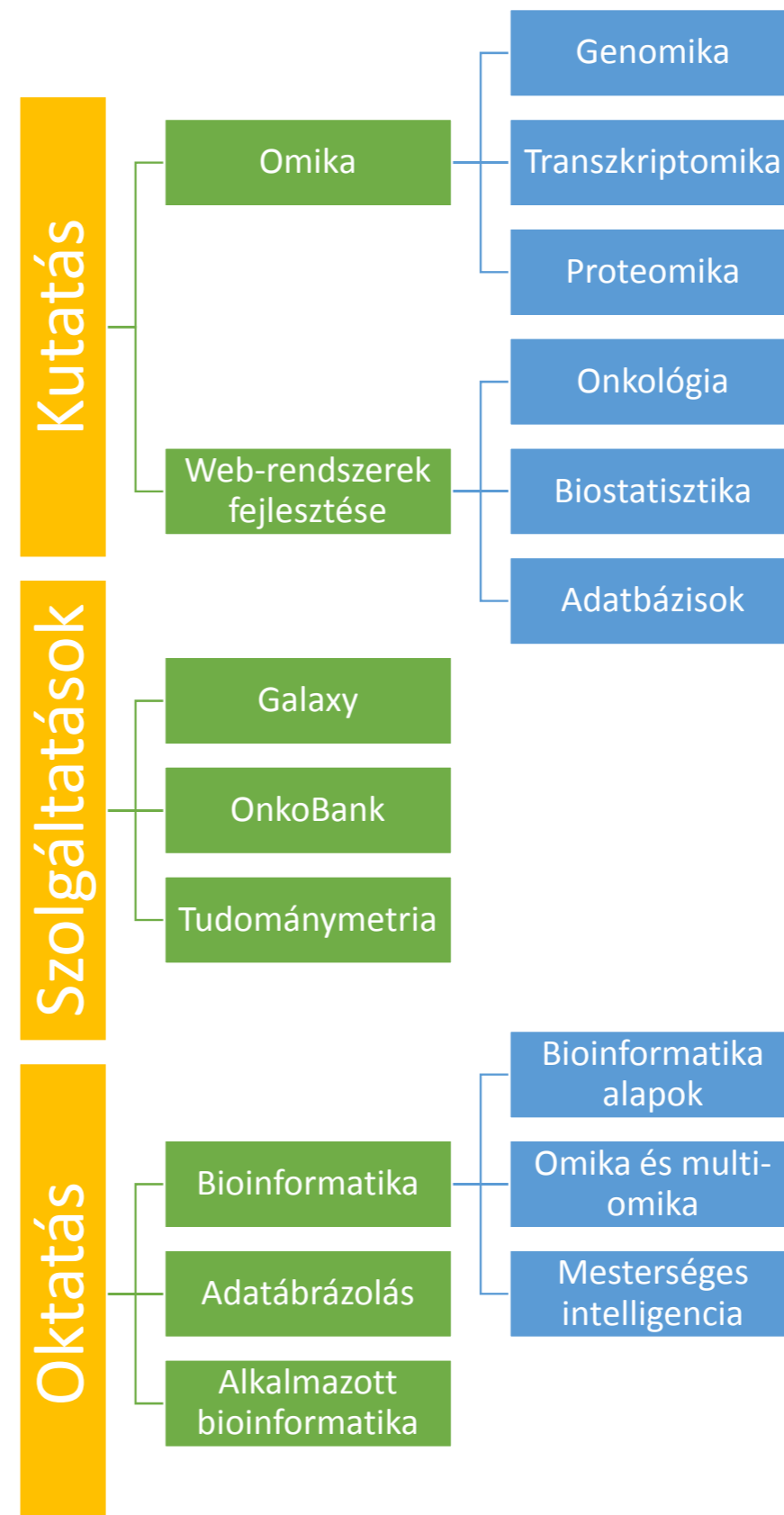
Publikációink 2024-ben • 89  
 Publikációink 2023-ban • 91  
 Publikációink 2022-ben • 98  
 Publikációink 2021-ben • 102  
 Publikációink 2020-ban • 106

Tudományos díjaink • 109

Elérhetőségek • 111



# Fókuszterületeink egy pillantásra





## Fő eredményeink

**2020 óta a Semmelweis Egyetem öt legtöbbet idézett, vezető szerzős cikkéből négy a tanszéken készült.**

(A Scopus adatai alapján)

**„Minden óra után újabb és újabb ötleteim voltak a kísérleteim kiértékeléséhez. Örülök, hogy ezen a tantárgyon részt vettem.”**

(Klinikai Bioinformatika tantárgy – hallgatói visszajelzés)



**A tanszék 2023-as tudományos cikkeinek összesített impakt faktora  $\Sigma IF=1023,5$ .**

(A Központi Könyvtár adatai alapján)

**A 15 intézmény együttműködésével, a HCEMM, a HUN-REN TTK és a SE anyagi támogatásával megvalósuló OnkoBank-ba havonta több mint 100 új beteg kerül be.**





### Genomika és transzkriptomika

Genomikai és transzkriptomikai szolgáltatásunk keretében lehetőség nyílik vér, friss vagy friss fagyasztott szövet, formalin fixált, paraffinba ágyazott (FFPE) szövet, nyál- és székletminták elemzésére. Ennek során a mintákból DNS vagy RNS izolálás, majd könyvtárkészítés és teljes genom, teljes exom, custom panel, célzott panel szekvenálás ill. transzkriptomikai vizsgálat céljából RNASeq vizsgálat történik. Az újgenerációs szekvenálás során nyert adatokból végezzük a genomikai és transzkriptomikai kiértékelést a Galaxy platformon, meghatározott útvonalak alkalmazásával.

Az elemzési folyamat számos lépésből áll az adatok előkészítésétől a biológiai értelmezéséig. Az első lépés a nyers adatok minőségellenőrzése FASTQC programmal, amelynek során 11 paraméter bevonásával elemezzük a szekvenálással keletkezett leolvasási adatok (read-ek) értékeit. Amennyiben a leolvasások értékei nem megfelelőek, sor kerül azok szűrésére Cutadapt vagy Trimmomatic használatával.



A megszürt, jó minőségű adatokat referencia genomhoz illesztjük Bowtie2 (genomika) vagy HISAT2 programmal (transzkriptomika), így az egyes leolvasásokat pontos genomi koordinátákkal látjuk el. Ezáltal válik lehetővé megszámlálásuk és eloszlásuk meghatározása a genomon vagy transzkriptomon belül.

A genomikai vizsgálat során a szekvenálás után számos további elemzést végezhetünk: Freebayes vagy VarScan analízissel csírvonalas és szomatikus mutációkat valamint kópiaszám változásokat azonosíthatunk. A mutációkat tovább vizsgálhatjuk klinikai relevanciájuk szerint az SNP ill. Clinvar adatbázisban, így azonosíthatók az adott mintában lévő klinikai és patológiai vonatkozású eltérések.

Az RNS szekvenálási adatokból génexpressziós profilozást és fúziós gének vizsgálatát is elvégezhetjük a referencia genomhoz történő illesztés után. Az RNA-seq ugyanakkor egy erőteljes technika különböző kísérletes körülmények közti génexpresszió mélyreható elemzésére és összehasonlítására, például kezelt és kontroll csoportok transzkriptomikai vizsgálatára. Ennek révén azonosíthatók azok a gének, amelyek expressziós szintje szignifikánsan eltér a különböző kísérletes körülmények között, így lehetőség nyílik diagnosztikai, prediktív és prognosztikus biomarkerek azonosítására. Funkcionális enrichment analízissel az eltérő expressziójú gének csoportosíthatók biológiai szerepük szerint, és pathway analízis során ábrázolásukra is lehetőség nyílik.

**Kapcsolat:** [munkacsy.gyongyi@semmelweis.hu](mailto:munkacsy.gyongyi@semmelweis.hu)

### Klinikai adatok elemzése

A modern orvostudományi kutatások széles körűen támaszkodnak a biostatisztika által nyújtott módszertani keretekre, legyen szó vizsgálatok tervezéséről, adatelemzésről vagy eredmények értelmezéséről.

Tanszékünk munkatársai elkötelezettek abban, hogy a legmagasabb színvonalú módszertani támogatást nyújtsák a kutatásokhoz és támogassák a kollaborációs partnereket. Munkatársaink révén segítséget tudunk nyújtani többek között a vizsgálati protokollok statisztikai fejezeteinek kidolgozásában, a vizsgálati elrendezésben, randomizációban és az elemszámbecslésben. A statisztikai kiértékelés során SAS, SPSS és R programokat használunk. Nagy számítási kapacitást igénylő feladatok esetén Galaxy szerverünk használatára is lehetőség van.

A korábbi kollaborációink széles skálán mozogtak, beleértve a Sebészeti, Transzplantációs és Gasztroenterológiai Klinikával és az Endokrinológiai Tanszékkel való korábbi együttműködést is. A jövőben is nyitottak vagyunk újabb kollaborációkra, hogy még hatékonyabban segítsünk a kutatóknak a kutatási projektek tervezésében és végrehajtásában.

**Kapcsolat:** [fekete.janos.tibor@semmelweis.hu](mailto:fekete.janos.tibor@semmelweis.hu)

## Mesterséges intelligencia

A mesterséges intelligencia (MI) alapú algoritmusok, jelentős előrelépést jelenthetnek a rák diagnózisa, kezelése és megelőzése terén, mivel nagy mennyiségű komplex adat feldolgozását teszik lehetővé. Az MI alapú eszközöket már hatékonyan alkalmazzák a képalkotó vizsgálatok eredményeinek kiértékelésére, a daganatos elváltozások korai felismerésére illetve a patológiai elváltozások osztályozására.

Azonban az MI alkalmazása segíthet a betegek osztályozásában, a betegség lefolyásának jobb megértésében és a túlélés előrejelzésében is. A betegség klinikai jellemzői és az életkilátásokra vonatkozó adatok elemzésével az MI hatékony lehet a betegség kockázatának becslésében, valamint segítheti a terápiás döntést az optimális kezelési terv kiválasztásával. Kutatócsoportunk jelenleg emlődaganattal diagnosztizált betegek klinikai adatainak felhasználásával dolgozik egy terápiás döntést-segítő előrejelző rendszeren.

Az MI alapú rendszerek továbbá segíthetnek a daganatok genetikai és molekuláris jellemzőinek elemzésében, melyek lehetővé teszik a daganatok biológiai sajátosságainak jobb megértését, valamint a várható válasz becslését a különböző kezelési módokra, mely potenciálisan minimalizálja a mellékhatásokat és növeli a betegek túlélési esélyeit.

Kutatócsoportunk tagjai nagy tapasztalattal rendelkeznek gépi tanuláson alapuló osztályozó rendszerek kidolgozásában, valamint segítséget tudnak nyújtani az adatok előkészítésében, az algoritmusok optimalizációjában, valamint az eredmények vizualizációjában.

Kapcsolat: [menyhart.otilia@semmelweis.hu](mailto:menyhart.otilia@semmelweis.hu)

## Bioinformatikai fejlesztések

A bioinformatikai fejlesztések részben korábban elkezdett projektek folytatásai, részben új fejlesztések, amelyeket a tanszéken önállóan vagy hazai illetve nemzetközi kollaborációban valósítunk meg. Az alábbiakban az egyes platformok funkcióit foglaljuk össze, a kapcsolódó közleményeket a kiadványunk utolsó részében listázzuk.

### MetaAnalysisOnline

A metaanalízis korábbi, független kutatások eredményeinek összevonását és áttekintését lehetővé tevő statisztikai módszer. Az orvostudományban egy-egy adott témában megjelent cikkek egyedi feldolgozása szinte lehetetlen feladat, a kutatási eredmények valamilyen statisztikai összegzése szükséges ahhoz, hogy az eredményeket általánosíthassuk, és azonosítsuk az esetleges ellentmondásokat. A metaanalízisek készítésének két alapvető részfeladata a tudományos kérdés megválaszolását hivatott publikációk és tanulmányok megkeresése, illetve a statisztikai elemzés elkészítése.

A tanszékünk által fejlesztett [metaanalysisonline.com](https://metaanalysisonline.com) alkalmazás elkészítésének a célja az volt, hogy az utóbbi részfeladat, a statisztikai elemzés elkészítésében nyújtson

segítséget a felhasználóknak. Az alkalmazásban a felhasználók bináris (összes minta és események száma), folytonos (átlag és szórás adatok), valamint az idővel kapcsolatos adatok (hazard arány és konfidencia intervallum adatok) eredményeit felhasználva készíthetik el elemzésüket. Az elemzésbe bevonni kívánt vizsgálatok adatait egy excel-szerű táblázatban tudják rögzíteni. A tanulmányok összesítése és az összesített eredmények vizualizálása forest és funnel ábrákkal az adatrögzítéssel egyidejűleg készül el, azok pdf és képfájl formátumban is rendelkezésre állnak.

A standard metaanalízisen túl további érdekessége a rendszerünknek a „trial sequential analysis (TSA)” és a hozzá kapcsolódó z-score ábrának, illetve a hálózati metaanalízis elkészítésének a lehetőségei. A TSA és a z-score ábra alkalmazása abban nyújt segítséget, hogy meghatározzuk a metaanalízisbe bevont vizsgálatok összes mintaszáma, és az elemzéssel feltárt hatásméret elegendő-e ahhoz, hogy megbízható következtetéseket lehessen levonni a vizsgált hatásról. A hálózati metaanalízis kiterjeszti a hagyományos metaanalízis lehetőségeit, mivel nemcsak a közvetlen összehasonlításokat veszi figyelembe, hanem lehetővé teszi a közvetett összehasonlításokat is, így átfogóbb képet kapunk a kezelések közötti különbségekről és azok hatékonyságról.



Elérhetőség: <https://metaanalysisonline.com/>

### Cancer Hallmarks

A 2000-ben publikált „Hallmarks of cancer” vagyis a „Daganatos megbetegedések védjegyei” koncepció értékes keretrendszert nyújt a különböző ráktípusokban közös alapelvek megértéséhez. Az eredeti elgondolás hat speciális védjegyet, ún. „hallmarkot” sorolt fel (a proliferatív jelátvitel fenntartása, a növekedésgátlók kijátszása, a sejthalálnak való ellenállás, a replikatív halhatatlanság, a tartós angiogenezis, valamint az invázió és az áttétképződés aktiválása), melyet egy évtizeddel később négy újabb „védjeggyel” frissítettek (genom-instabilitás és mutáció, daganatot elősegítő gyulladás, deregulált sejtenetika és metabolizmus, valamint az immunsejtek általi pusztítás kijátszása). Ezek a cikkek az évszázad legtöbbet idézett, rákos megbetegedésekkel kapcsolatos publikációi között szerepelnek, mely a megközelítés hasznosságát jelzi.



**Uncover overrepresented cancer hallmarks**

[Hallmark Enrichment Plot](#) [Link Genes to Hallmarks](#) [FAQ](#)

**Step #1 - enter gene list** [Look up gene names](#) [Load sample genes](#)

Enter your genes separated by whitespace

[Reset list](#)

**Step #2 - select gene set**

Integrated cancer hallmark gene set (n=6763)

Human  Mouse

Enrichment plot  Enrichment with distribution plot

**Step #3 - submit**

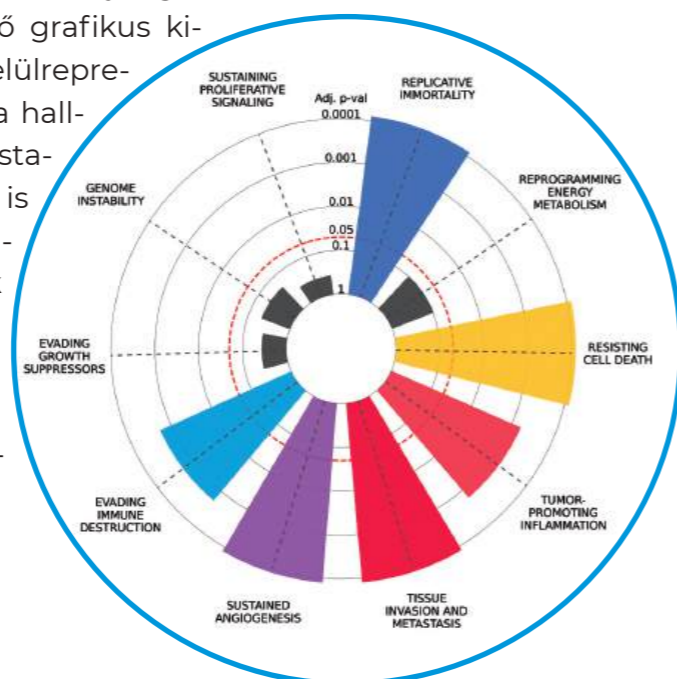
[Submit](#)

Az egyes védjegyeken belül az eltelt több, mint két évtized alatt számos, a daganatok kialakulásában és progressziójában szerepet játszó gén szerepe került tisztázásra. Azonban egy egységes „Cancer hallmark” génkészlet hiányában a daganatok genetikai jellegzetességeivel foglalkozó tanulmányok összehasonlítása és integrálása gyakran ütközött nehézségbe. A legtöbb tanulmány a saját génlisták elemzésére génontológiai vizsgálatot végez, melynek eredményei sokszor nehezen értelmezhetőek.

Ezért az irodalomból összegyűjtött tanulmányok alapján létrehoztunk egy konszenzus „Cancer hallmark” génkészletet. Hét projekt adatainak összevonásával 6763 gént azonosítottunk, amelyek a felsorolt tíz rákjellelmezővel vannak összefüggésben. Hogy más kutatók számára is megkönnyítsük saját génlistáikon belül a „Cancer hallmark” gének azonosítását, létrehoztunk egy ingyenesen elérhető online platformot, ([www.cancerhallmarks.com](http://www.cancerhallmarks.com)), melynek segítségével feltárható a tíz „Cancer hallmark” felülreprezentációja (enrichment) a kutatók saját génkészletéből.

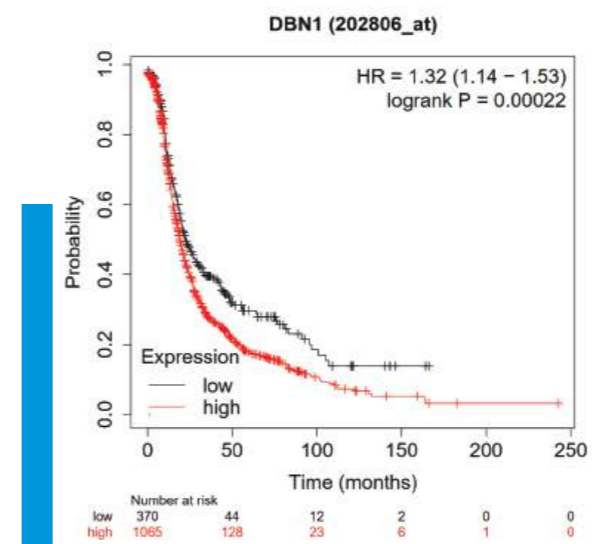
Az oldal rendkívül felhasználóbarát, és a saját génlista bemásolása után könnyen értelmezhető grafikus kimenettel ábrázolja az adott hallmarkok felülreprezentációját. A grafikus kimenet mellett a hallmarkok felülreprezentációjához tartozó statisztika és génlista táblázatos formában is letölthető, illetve kiválaszthatjuk, hogy human vagy egér génkészletet szeretnénk vizsgálni. A korábbi GO vizsgálatokhoz képest a [cancerhallmark.com](http://cancerhallmark.com) segítségével egyértelműbbé válik a rák-specifikus funkciók azonosítása saját génkészletekből.

**Elérhetőség:**  
<https://cancerhallmarks.com>



## Kaplan-Meier plotter

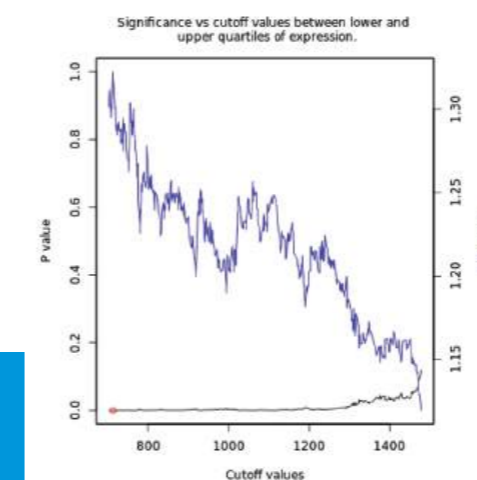
A [kmplot.com](http://kmplot.com) egy olyan weboldal, amely lehetővé teszi a genetikai adatok és a rákbetegségekben szenvedő betegek túlélési adatainak összekapcsolását.



Ez az oldal segítséget nyújt a kutatók számára azért, hogy elemzi az összes gén (RNS, RNS, fehérje és DNS) expressziójának korrelációját a túlélési adatokkal 21 tumor típusban több mint 35 ezer mintában. A felhasznált statisztikai eszközök közé tartozik a Cox regresszió és a False Discovery Rate számítása.

A KM-plotter naponta 18 000 elemzést végez, így világszerte referencia a túlélési biomarkerek felfedezésében és validálásában. A KM-plotter egy olyan online túlélési elemzési eszköz, amely valós időben végez minden számítást (nem előre számított képeket tölt be).

Az adatbázist kurátorok, manuálisan kezelik. A génexpressziós adatokat és a betegek relapszusmentes és teljes túlélési információit a GEO, EGA és TCGA adatbázisokból töltik le. Az adatbázist egy PostgreSQL szerver kezeli, amely egyszerre integrálja a génexpressziós és klinikai adatokat.



Egy adott gén prognosztikai értékének elemzéséhez a betegmintákat két csoportra osztják a javasolt biomarker különböző kvantilis expressziói szerint. A két betegcsoportot egy Kaplan-Meier túlélési grafikon segítségével hasonlítják össze, és kiszámolják a hazard rate-t, a 95%-os konfidencia intervallummal és logrank P-értékkel.

**Elérhetőség:** <https://kmplot.com/analysis/>



## ROC plotter

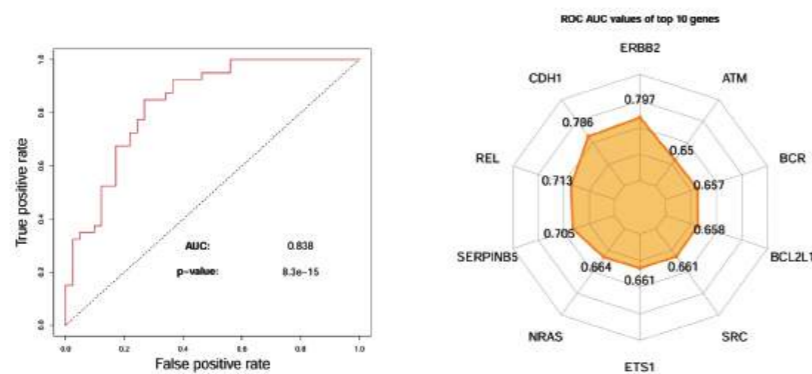
A ROC Plotter webalkalmazás célja, hogy összefüggést keressen a gének expressziója és a terápiás válasz között, ezáltal bővítve a biomarkerek kutatásával foglalkozó kutatók eszköztárát. A génextpresszió és a terápiás válasz közötti összefüggés vizsgálata Mann-Whitney U-teszt, valamint Receiver Operating Characteristics (ROC) analízis alkalmazásával történik.

Az alkalmazás első verziójában több mint 3000 emlőtumoros minta és tíz kezelési modalitás került feldolgozásra. Ezt követően elkészült a petefészek (1400 minta és hét kezelés), glioblastóma (450 minta és nyolc kezelés), valamint a kolorektális (805 minta és hat kezelés) tumor mintákat feldolgozó adatbázis is.

További verziófrissítést követően készültek el a nem tumorszövet specifikus mikro-RNS expresszió alapuló alkalmazás, illetve az egyik újabb fejlesztés az immunterápiákat feldolgozó applikáció, amelyben több mint 1400 beteg transzkriptom alapú adatai elemezhető.

1250 tumoros sejtvonal és több mint 1500 terápiás szer érzékenységi adatait is feldolgozó oldal már gépi tanulást is felhasznál az elemzések során és a felhasználók előre definiált géncsoportok prediktív erejét is vizsgálhatják az alkalmazásba integrált random forest algoritmus segítségével.

A [rocplot.com](https://www.rocplot.com) alkalmazás további szolgáltatása, hogy saját adatokból is lehetőség van ROC analízis elvégzésére, így a kísérletes eredmények gyors kiértékelése további statisztikai szoftverek felhasználása nélkül történhet meg.



Elérhetőség: <https://www.rocplot.com/>

## TNM plotter

A TNMplot alapjául egy összesen 56 938 mintát tartalmazó adatbázis szolgál, mely egyaránt tartalmaz RNS szekvenálás és gén-chip alapú adatokat. A platform segítségével lehetővé válik több mint 20 tumortípus gyors és egyszerű statisztikai elemzése, továbbá lehetőség van publikációkész ábrák generálására is. A célzott génextpressziós elemzések mellett a felület lehetőséget nyújt több gén szimultán differenciál expressziós elemzésére is, valamint lehetőség van génkészletek funkcionális elemzésére, illetve a meghatározott funkciók publikációkész ábrázolására is. A fentiek mellett továbbá, a felületen lehetőség van gének és génkészletek korrelációs elemzésére, valamint egy gén korrelációs profiljának meghatározására is.

Kutatásunk célja az volt, hogy létrehozzunk egy olyan RNS szekvenálás és gén-chip vizsgálatok eredményeit feldolgozó adatbázist, amely alapjául szolgál egy felhasználóbarát, online alkalmazásnak mellyel lehetővé válik a normál, tumoros és metasztatikus szövetek génextpressziós profiljának összehasonlítása.

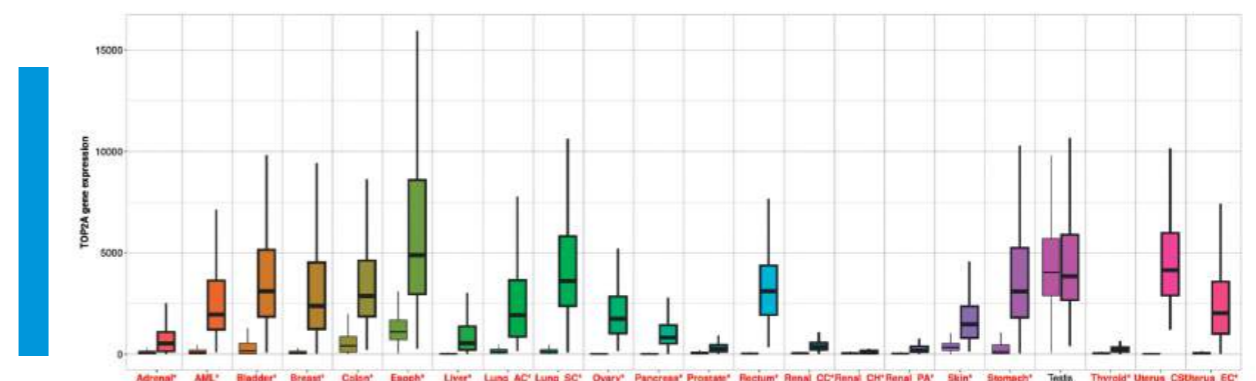
Bár számos más felület létezik, amely alkalmas a normál és daganatos szövetek expresszió szintű összehasonlítására, jelenleg egyetlen másik olyan platform sincs, amely több mint 50 000 szövetminta adatait használná fel.

További egyedisége a TNMplot-nak, hogy az adatbázisa metasztatikus mintákat is tartalmaz, így lehetőség van egyidejűleg a normál, primer daganatos és áttétes szövetek összehasonlítására, ami – legjobb tudásunk szerint – a világon egyedülálló.

Komoly előnye a rendszerünknek továbbá, hogy lehetőséget nyújt több mint ezer gyermekkori daganat elemzésére is.

További egyedülálló sajátága a rendszerünknek az, hogy két teljesen külön megközelítés (RNA-seq, gén-chip), illetve teljesen eltérő betegpopulációk alkalmazásával nyílik lehetőség azonos gének vizsgálatára, így egy azonnali validációt is lehetővé tesz a felület.

A TNMplot rendszer egy közel 500-szor idézett tudományos kéziratban publikált, folyamatosan karbantartott felület, melyet 2021 óta összesen 113 ország több mint 33 000 kutatója használt.



Elérhetőség: <https://tnmplot.com>





Összefoglalva, a szomatikus mutációk és a génexpresszió összekapcsolásával biomarkerek és potenciális terápiás célpontok azonosíthatók a szolid tumorok különböző típusaiban. A regisztrációmentes online platform növelheti az új személyre szabott terápiák kifejlesztésének sebességét és csökkentheti a fejlesztési költségeket.

Elérhetőség: <https://www.mutarget.com/>

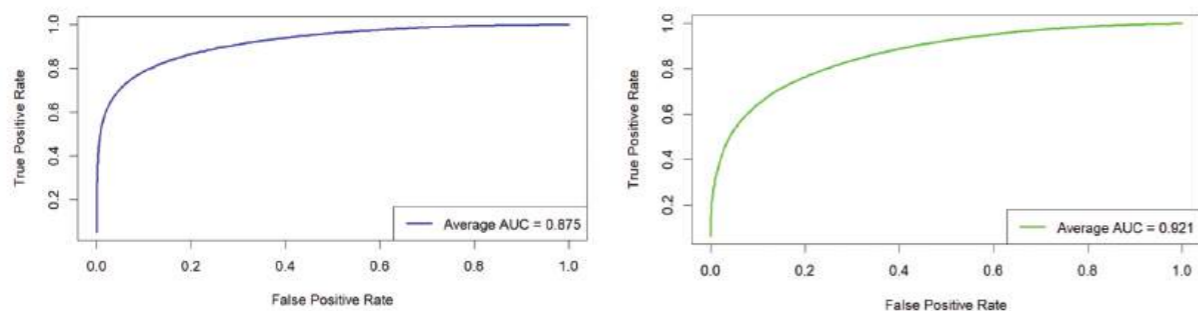
## RecurrenceOnline

A Recurrence Online projekt betekintést nyújt a fejlett gépi tanulási technikák rákkutatásban való alkalmazásába, bemutatva a betegek kimenetelének előrejelzésében és a kezelési döntésekben rejlő lehetőségeket.

Ebben a folyamatban lévő projektben a Surveillance, Epidemiology, and End Results (SEER) program adatait használtuk fel a 2000 és 2019 közötti emlőrákos esetekről. Kutatásunk az emlőrákos betegek kiterjedt klinikai és követési adatainak átfogó elemzése, amely magában foglalja a SEER Research Plus adatokhoz való hozzáférést és a SEER Stat szoftver használatát az adatok kinyeréséhez.

Három gépi tanulási algoritmust alkalmaztunk egy gradiensnövelő, egy extrém gradiensnövelő és egy neurális hálózati modell létrehozására. Mindegyik modell célja a betegek túlélési kimenetelének valószínűségének előrejelzése volt, különös tekintettel a kemoterápia előnyeire. A modellek hatékonyságának ellenőrzésére olyan teljesítményértékelési metrikákat vettünk figyelembe, mint a pontosság, a kiegyensúlyozott pontosság, az érzékenység, a specificitás és az AUC-értékek. A teszt validálási módszerek, beleértve a kereszt-validálást és a forgatókönyv-alapú tesztelést, validálták a modellek által megjósolt valószínűségeket.

A legjobb teljesítményt a gradiens boosting modell érte el 0,875 és 0,921 keresztellenőrzött AUC-értékkel a kemoterápiával kezelt és a kemoterápia nélküli betegek esetében. A gépi tanulási munkafolyamatokat R és Python nyelven fejlesztettük ki.



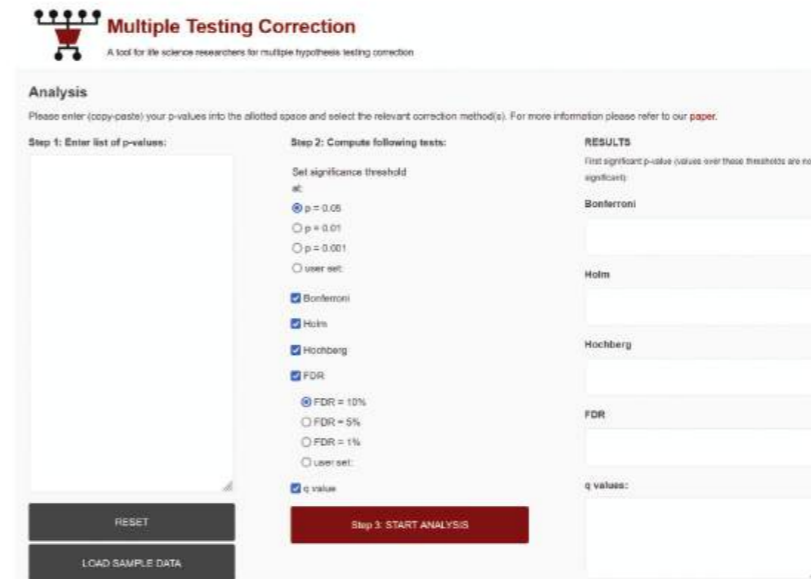
ROC-görbék a gradiens boosting modellhez a kemoterápiában részesült (balra) és a kemoterápiában nem részesült (jobbra) emlőrákos betegek esetében.

Végül célunk egy web alapú döntéstámogató platform létrehozása, amely a rendelkezésre álló klinikai adatok és a létrehozott mesterséges intelligencia modell segítségével megbecsülheti egy új emlőrákos beteg számára a kemoterápia potenciális előnyeit.

## Multiple Testing

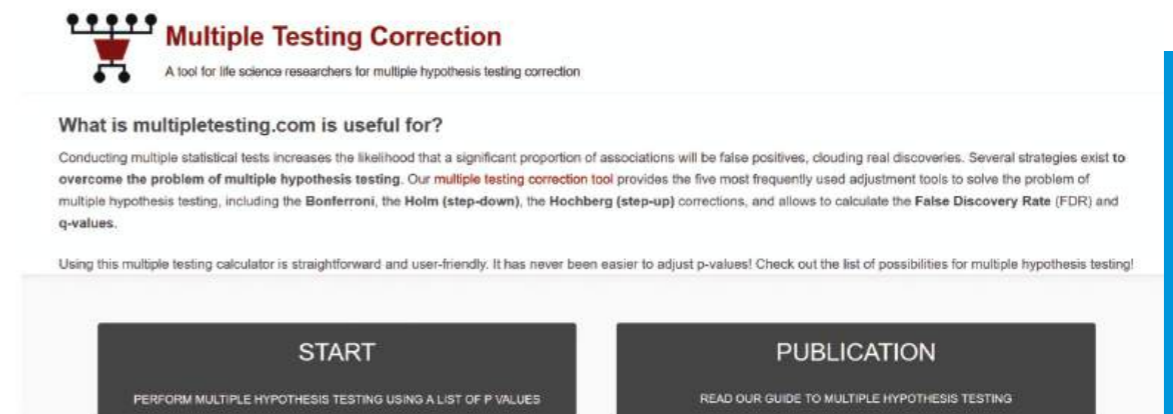
A többszörös hipotézis teszt problémája gyakori az élettudományokban, de a közgazdaságtanban és az anyagtudományokban is. Gyakori forgatókönyvek közé tartozik, amikor a kutatók megpróbálnak megmenteni egy negatív tanulmányt, és a megnövekedett számú összehasonlítás hatására véletlenszerű összefüggésekre bukkannak. Azonban a

többszörös hipotézis teszt, amikor is több hipotézist tesztelnek egyetlen kísérletben, vagy egyetlen hipotézist tesztelnek több kísérletben, megnövekedett elsőfajú hibaarányhoz vezet, vagyis az eredmények jelentős része fals pozitív lesz. Ennek következtében a tudományos közlemények jelentős részére, egyes becslések szerint akár 50%-ra érvényes, hogy az eredmények nem feltétlenül igazak és nem reprodukálhatók. Azonban egyszerű korrekciós eszközök alkalmazásával ez a problé-



ma kiküszöbölhető, és a korigált p-érték alapján levont következtetések nagyobb valószínűséggel helytállóak. Sajnálatos módon az irodalomban közölt klinikai vizsgálatok jelentős arányában még mindig a korigálatlan p-érték szerepel.

Ennek kiküszöbölésére létrehoztunk egy nyilvánosan elérhető, felhasználó-barát online platformot ([www.multipletesting.com](http://www.multipletesting.com)), ahol a többszörös hipotézis tesztet követően a kísérletünkben szereplő p-értékek egyszerűen bemásolhatók, és a rendszer kiszámolja számunkra a korigált p-értékeket. A platform segítségével választhatunk, hogy a Bonferroni-, Holm, Hochberg-korrekciót szeretnénk alkalmazni, de a platform segítségével beállíthatjuk a Benjamini-Hochberg-féle téves felfedezési arányt (false discovery rate, FDR), és kiszámolhatjuk az FDR-hez tartozó q-értéket is.



Elérhetőség: <https://multipletesting.com/>

## Scientometrics

**A tudományos teljesítmény mérésének** célja, hogy a kutatók által végzett munka minőségéről és mennyiségéről adjanak képet. A teljesítmény méréséhez használt mutató lehet:

- 1) **a közlemények száma:** egyszerű mérés, főleg fiatal kutatók esetén használható,
- 2) **a közlemények megjelenésének helye:** ide tartozik az újság impakt faktora vagy az újság scimago rangja,
- 3) **a közleményekre érkezett idézetek száma,** amelyeken belül megkülönböztünk függő és független idézőket (független idézők esetén az idézett és az idéző közlemény szerzői között nincs átfedés),
- 4) származtatott mutatók: ezek között a legelterjedtebb és legjobban kritizált a **H-index**, amelyet 2006-ban írt le Hirsch. A H-indexet úgy határozzuk meg, mint azon H maximális értékét, amely szerint az adott szerző/folyóirat legalább H darab olyan tanulmányt publikált, amelyek mindegyikét legalább H-szor idézték. Egy másik származtatott mutató az **i10 index**, amely azon közlemények számát tartalmazza, amelyeket legalább 10-szer idéztek. Egy harmadik mutató a kumulatív impakt faktor, amely az adott szerző összes közleményének az impakt faktorát tartalmazza. Az impakt faktor fő kritikája, hogy nem a közlemény értékét, hanem a megjelenés helyét minősíti.

Mivel az egyes mutatók mindegyikét külön jelentős mennyiségű kritika éri, ezért a tudományos teljesítmény elemzésére a legcélravezetőbb megoldás, ha **több mutató egyidejű számítása** alapján történik meg a mérés. Erre a célra készült el a <https://scientometrics.org/> rendszer, amely négy paramétert vizsgál, ezek:

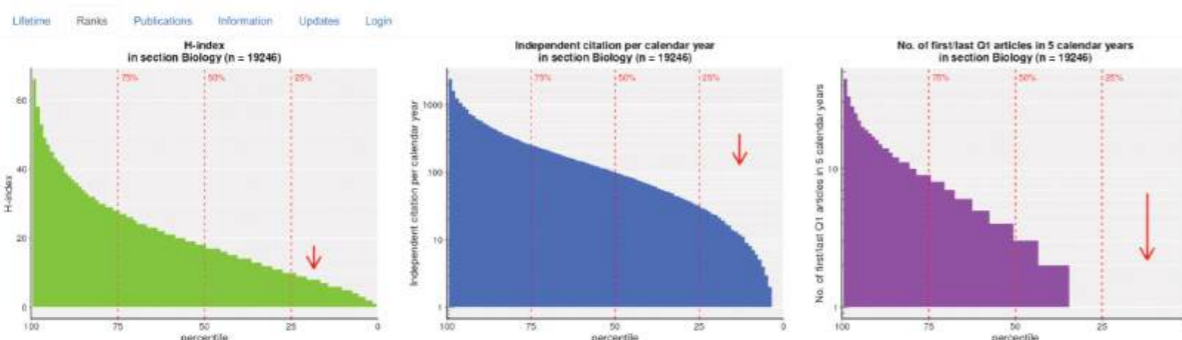
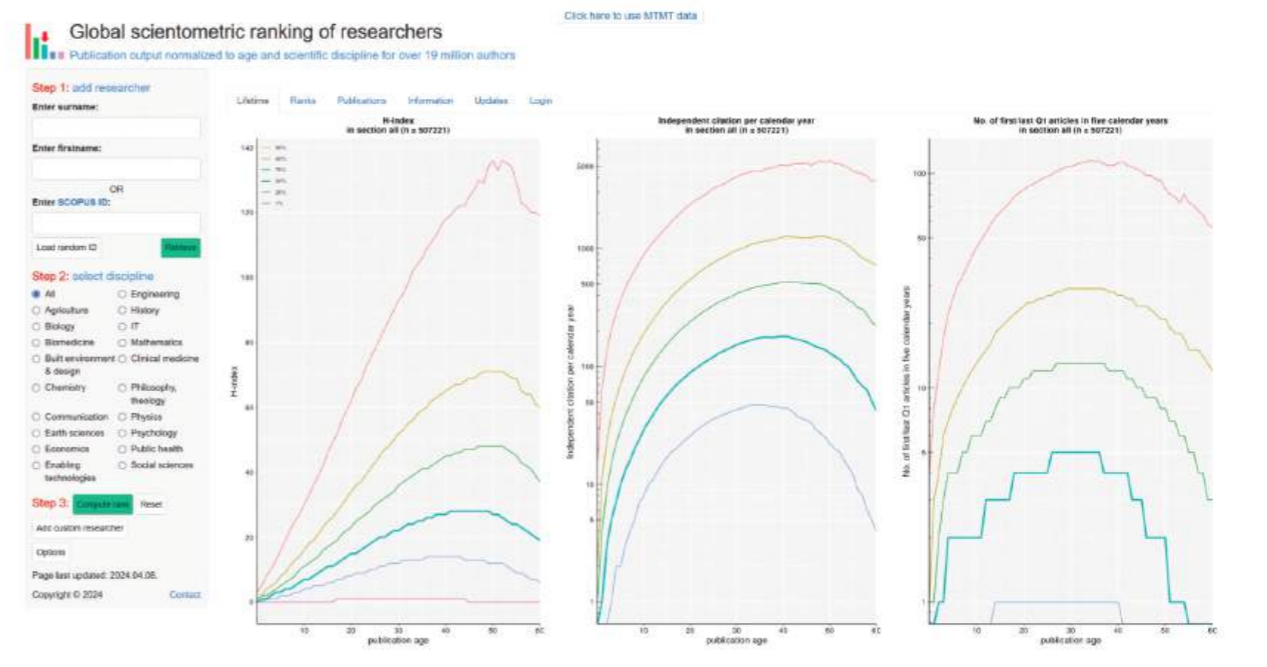
- **a H-index**, amely a teljes életmű összesített hatását vizsgálja,
- **az utolsó naptári évben kapott független citációk száma**, amely az életmű hatását mutatja a jelenben,
- **az elmúlt öt évben közölt első/utolsó szerzős, Q1-es rangú közlemények száma** – ezen mutató az aktuális saját tudományos aktivitás mértékét mutatja, és
- **az elmúlt 10 évben közölt első/utolsó szerzős magasan idézett közlemények száma** – ezen mutató azt jelzi, hogy hány saját kiemelkedő közleménnyel rendelkezik az adott kutató.

A mutatók alapján **egy adott tudományterületen belül** az összes **azonos korú kutató** rangsorolva van, és a rangsorok átlaga alapján besorolásra kerül minden kutató D1-

és D10 között, ahol D1 a legjobb és D10 a legrosszabb. Máshogy fogalmazva: egy D1-es kutató a cikkei számának, rangjának és a cikkeinek idézettsége alapján a top 10%-ba tartozik Magyarországon a saját tudományterületén belül.

A rendszer a korábbi numerikus összehasonlítások helyett a ma előtérbe kerülő **„responsible metrics” szerint dolgozik**, mivel figyelembe veszi a tudományterületi sajátosságokat (pld. matematika esetén nincs első/utolsó szerzőség, ezért ott erre nincs is szűrés), és a publikációs kort (nem lehet ugyanazt a publikációs output-ot várni egy 30 és egy 50 éves kutatótól). Emellett be van építve egy korrekciós rendszer, hogy a gyermekszülés, katonai szolgálat, krónikus betegség vagy más ok miatti idővesztéseket kompenzálni tudja.

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





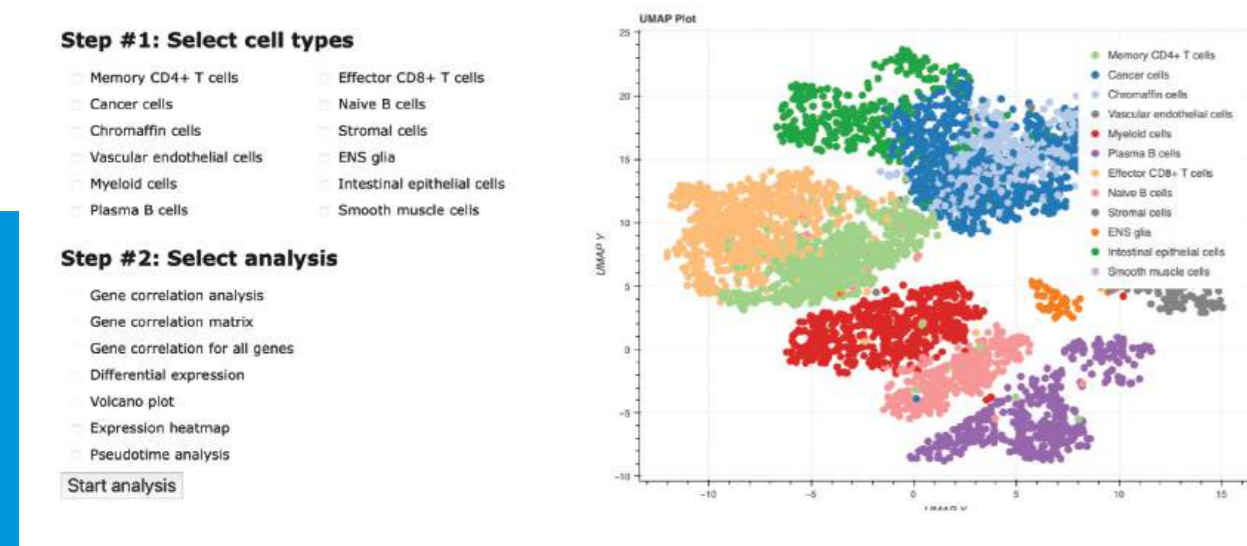
## SCplotter

Az scPlot interaktív online platform single-cell transzkriptomikai adatok integrált elemzésére és feltérképezésére szolgál. A rendszer alapjául szolgáló adatbázist publikusan elérhető, colon- és emlőtumoros minták single-cell transzkriptomikai adathalmazából készítettük. Az összes felhasznált kutatásban a 10x Genomics Single Cell Gene Expression megoldását használták, mely több tízezres nagyságrendben képes könyvtárat készíteni egy mintában lévő egyedi sejtek citoplazmában található RNS-eiből.

Mind az emlő-, mind a colon mintákból közel 1 millió sejtet gyűjtöttünk össze, melyek mint tumoros, mind NAT mintákból származnak. A mintákhoz és sejtekhez elérhető klinikai adatokat az adatbázis metaadatként tartalmazza.

Az adatbázist minőségellenőrzést követően összefűztük és integráltuk, majd az egyes sejtekhez a marker gének expressziójának vizsgálatával hozzárendeltünk egy valószínűsíthető sejtípust.

A vizualizáláshoz és az elemzéshez készítettünk egy interaktív online felületet, amely az UMAP módszerrel dimenziócsökkentett, sejtípus annotációkat tartalmazó adatbázist 2D térben vizualizálja. Az elemzőfelületen a kiválasztott sejtípusokra különböző analíziseket (korrelációs vizsgálatok, DGE analízis, heatmap generálás, pseudotime analízis) indíthatunk el, melynek eredményét vizualizálja és táblázatos formában is elérhetővé teszi a rendszer.



## EpigenPlot

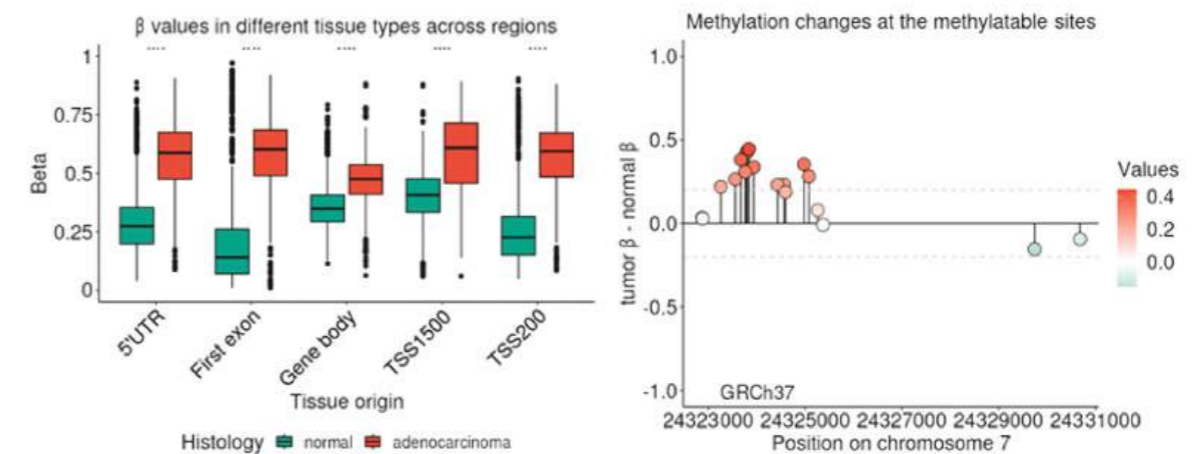
Az EpigenPlot platform metilációs adatok összehasonlítására alkalmas egy általunk létrehozott adatbázis alapján. Az adatbázis több tanulmány nyilvánosan elérhető adatára épül. Az összes tanulmány esetén valamelyik Illumina microarray: az Infinium HumanMethylation450K, vagy az Infinium HumanMethylationEPIC platformot alkalmazták és kezeletlen személyek normál és/vagy tumoros szöveteit vizsgálták. Az EpigenPlot jelenleg vastagbéliszövetek (normál, adenoma, adenokarcinoma) tanulmányozására alkalmas 2646 minta alapján.

Az összehasonlítás elsősorban gén alapú, nem tartalmazza a genom intergénikus régióinak vizsgálatát. Négy fő funkciója van: gén, gén régió (pl. első exon, 5'UTR), CpG (egy génen belül) és KEGG-útvonal szinten lehet elemzéseket végezni. A felhasználó a vizsgálandó gén metilációját szövettípusonként (normál, tumor) összehasonlítva, illetve gén régiókra lebontva ábrázolhatja, ami lehetőséget ad a lehetséges biomarkerek validálására.

A CpG szintű elemzés esetén a gén területén vizsgált összes CpG ábrázolásra kerül és interaktív módon kiválasztható a megcélzandó lókuszt, amiről így több információ szerezhető. Mindemellett ez a funkció alkalmas a CpG szigetek metilációjának szemléltetésére is. Nagy méretű és/vagy sok CpG lókuszt tartalmazó gén esetén lehetőség van az ábrázolt régió leszűkítésére is.

A KEGG útvonal szintű elemzés egy adott útvonalhoz tartozó tetszőleges számú (n) gén ábrázolására alkalmas. A gének a metiláció változás mértéke szerint rangsorolva vannak és az ennek a sornak megfelelő első n gén kerül ábrázolásra. Ezen kívül az útvonal összes génje megtekinthető egy táblázatban.

Minden elemzés esetén tetszőleges összeállítású adatszett (pl. csak ugyanabból a személyből származó normál-tumor párokat tartalmazó), illetve platform (HM450K vagy EPIC) választható. Terveink szerint az EpigenPlot a jövőben kibővül emlőrák adatokkal is.



Elérhetőség: <https://www.epigenplot.com>

## Galaxy

Az elmúlt évtizedekben a technológiai fejlődés robbanásszerűen megnövelte a rendelkezésre álló adatok mennyiségét. Az adatok exponenciális növekedését figyelhetjük meg az élettudományokban is, különösen az új generációs szekvenálási technológiák alkalmazásával végzett genomikai kutatások során, amelyek hozzájárulnak az eddig nem látott adatmennyiség létrejöttéhez.



A Galaxy egy nyílt forráskódon alapuló web alapú alkalmazás, amelyet elsősorban az élettudományokban dolgozó kutatók számára fejlesztettek ki az adatok elemzésének és feldolgozásának megkönnyítésére. Nagy előnye a Galaxy rendszereknek, hogy a felhasználók adatokat tölthetnek fel, elemzéseket végezhetnek és megjeleníthetik adataikat még akkor is, ha nem rendelkeznek mélyreható programozói ismeretekkel. A Galaxy közösség munkájának eredményeképp közel háromezer programcsomag alkalmazáson belüli használata vált lehetővé. Ide tartoznak az olyan bioinformatikai elemzések során alapértelmezettnek tekinthető csomagok, mint például az újgenerációs szekvenálást követő adatelemzésben elengedhetetlen BAMtools, BEDtools, Picard, SAMtools, vagy a gépi tanulásban legismertebb scikit-learn eszközök Galaxy adaptációja is.



Az alkalmazás három részre osztott képernyőjén a bal oldali részen a rendelkezésre álló programcsomagok, a középső részen a programok beállítását szolgáló eszközök, míg a jobb oldalon az aktuális elemzés korábban végrehajtott részfeladatai találhatóak.

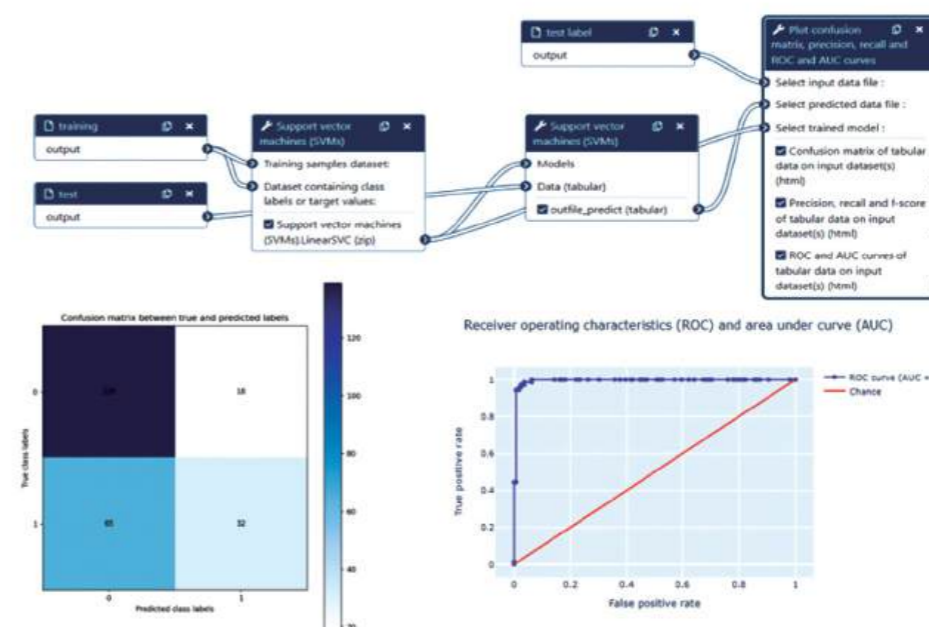
Jelenleg három nagy szerver található (európai szerver: UseGalaxy.eu; központi szerver: UseGalaxy.org; valamint az ausztráliai szerver: UseGalaxy.org.au), amelyek mindegyike szabadon felhasználható, egy ingyenes regisztrációt követően.

Habár a nyílt, szabadon hozzáférhető Galaxy rendszerek használata sok esetben megoldást tud nyújtani, amennyiben az adatelemzéshez ezek valamelyikét vesszük igénybe, akkor több korlátozást is el kell fogadnunk, amely a feltölthető fájlok méretét, az adatfeldolgozás sebességét és az adatbiztonságot is érintheti. Egy minta RNAseq elemzése során hozzávetőlegesen 3 GB méretű adatot kell feltöltenünk és feldolgoznunk, amelyre a legtöbb nyílt szerver nem biztosít megfelelő erőforrást és a nem európai szervereken még az adatbiztonságra vonatkozó előírások is eltérhetnek az EU-n belüli szabályozástól. Ezeket a hiányosságokat felismerve világszerte több egyetem és kutatóintézet is működtet részlegesen elérhető, vagy teljesen publikus szervereket a kutatóközösség számára.

A Semmelweis Egyetemen tanszékünk a 2020/21-es tanév őszi szemeszterére helyezte üzembe az első, a Klinikai bioinformatika kurzus gyakorlati oktatását segítő szervert.

A 2023-as év során az Általános Orvostudományi Kar elméleti és gyakorlati oktatásának fejlesztésére meghirdetett pályázatán elnyert forrásból lehetőségünk nyílt egy új, erősebb nagyobb erőforrásokkal rendelkező szerver beszerzésére. A beszerzett eszköz 2 darab 2.9Ghz processzort, 256 GB memóriát, 48 terrabyte SSD-t tartalmaz. További előnye az új rendszernek, hogy a számolási kapacitás megnövelésére 2 db NVIDIA A40 grafikus kártya (GPU) is beépítésre került, amely már lehetőséget nyújt az olyan Galaxy csomagok futtatására is, amelyek GPU használatát igénylik az optimális feladat végrehajtáshoz.

A rendszer elérhető a galaxy.semmelweis.hu felületen, adatbiztonsági okokból csak a Semmelweis Egyetem hálózatából, vagy VPN kapcsolaton keresztül.





## Molekuláris genetika labor

Laboratóriumunkban történő onkológiai alapkutatások során gyógyszer-rezisztenciával és hosszabb túléléssel összefüggő genetikai markerek azonosítását végezzük. Ehhez in vitro módszereket ötvözzünk in silico lehetőségekkel annak érdekében, hogy az egyénre szabott terápia kiválasztását segítő új biomarkerek szerepe többféle módon is alátámasztást nyerjen.

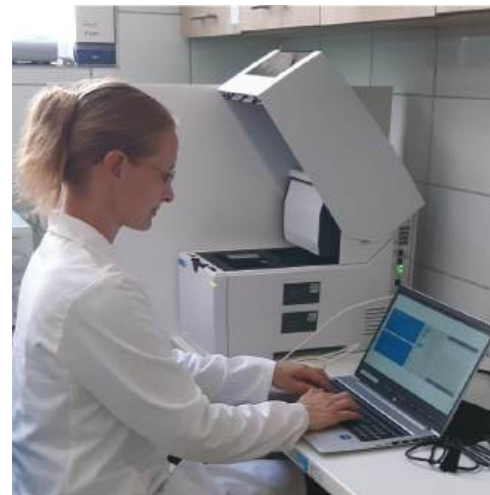
A laboratóriumi rendszerünk főbb elemei: QIACube Connect nukleinsav izoláló automata, a nukleinsavak minőségi és mennyiségi analizését végző TapeStation 4150 elektroforézis rendszer és Fragment Analyzer kapilláris elektroforézis rendszer, könyvtárkészítéshez szükséges Bioruptor Pico szonikátor, valamint Illumina NextSeq 500 újgenerációs szekvenátor.

### ● QIACube Connect – Nukleinsav izoláló automata

A QIACube Connect nukleinsav (DNS, RNS) és fehérje kinyerésére alkalmas szilika oszlopos izolálási rendszer, amely előkészítést követően egyszerre akár 12 minta automatizált feldolgozását végzi. Humán, állati, növényi és mikrobiális eredetű minták széles skálája izolálható, a teljes vértől a fagyasztott szöveteken át az FFPE metszetekig. Felhasználóbarát szoftver és nagyméretű érintőképernyő segíti az előre telepített applikációk alkalmazását. A belső munkafelületek dekontaminációját beépített UV fénycső végzi, a pontos munkavégzést megvilágítható belső tér segíti.



### ● TapeStation 4150 – automata elektroforézis rendszer



Az Agilent által forgalmazott 4150 TapeStation rendszer egy kompakt, alacsony áteresztőképességű automatizált elektroforézis műszer, amely egy megbízható megoldás az RNS- és DNS-minták minőségellenőrzésére izolálást követően, valamint a következő generációs szekvenálás (NGS), microarray és qPCR munkafolyamatokban. Az alkalmazott ún. ScreenTape technológia lehetővé teszi a nukleinsavak rendkívül gyors (1 perc/minta), egyszerű és megbízható elemzését futtatásonként akár 16 mintán. Az eredményeket a futtatáshoz használt szoftver digitálisan jeleníti meg, értékeli és tárolja.

### ● Fragment Analyzer – kapilláris elektroforézis rendszer

A laboratóriumunkban található Agilent Technologi- es által forgalmazott Fragment Analyzer egy fluoreszcens alapú kapilláris elektroforézis rendszer, amely egyszerre 12 mintából származó nukleinsav mennyiségi és minőségi analizését végzi. A rendkívül érzékeny műszer futási ideje vizsgálatától függően 45-75 perc. A készülék működtetéséhez szükséges szoftver az eredményeket digitális, szerkeszthető formában ábrázolja és rendszerezve tárolja. Pontossága nélkülözhetetlen az újgenerációs szekvenálással összefüggő mintafeldolgozások során.



### ● Bioruptor Pico – fragmentáló szonikátor



A Diagenode által forgalmazott Bioruptor Pico szonikátor egy kicsi, egyszerű, intuitív eszköz elsősorban NGS, chromatin shearing, protein aggregáció, fehérje extrakció és tömegspektrometria alkalmazásoknál használható műszer. Használatával állíthatjuk be pl. a könyvtárkészítés downstream folyamataihoz szükséges optimális fragmens hozamot és –hosszúságot egyszerre akár 12 mintán. Az alkalmazásokhoz speciális csövek szükségesek, amelyek térfogata: 0,65 ml ill. 1,5 ml (FFPE mintákhoz). A minták védelme érdekében a szonikátorhoz egy 2 – 20 °C hőmérsékletet biztosító hűtőrendszer csatlakozik. A működési hőmérséklet és időtartam az érintőképernyőn szabadon szabályozható.

### ● Illumina NextSeq 500 – Újgenerációs szekvenátor

Az újgenerációs szekvenálás előnye, hogy a korábbi eljárásokkal ellentétben egyszerre akár több különböző DNS minta párhuzamos és gyors, automatizált leolvasására képes. Minden szekvenálási folyamat három részből áll: könyvtárkészítés, szekvenálás, adat-elemzés. Könyvtárkészítés során a mintából kinyert nukleinsavat enzimatikus vagy töréses eljárással rövid, 100–200 bázispár hosszúságú szakaszokká hasítjuk, amelyekhez az adott mintára vonatkozó egyedi indexeket ligálunk a későbbi azonosítás végett. A laboratóriumunkban használt Illumina NextSeq 500 új-



generációs szekvenátor többféle alkalmazásban is használható, melynek függvényében az egyszerre vizsgálható maximális mintaszámok és szekvenálási idők a következők: teljes genom (30 minta, 29 óra), teljes exom (12 minta, 18 óra), transzkriptom (16 minta, 18 óra), célzott panel (96 minta, 29 óra), gén expressziós profil (40 minta, 11 óra). A szekvenálás eredményeként kapott fastq fájlok kiértékelését és a végső adatelemzést Semmelweis Galaxy platformon végezzük.

## Zebradánió akváriumrendszer

Kutatásaink során együttműködünk több külső intézettel a „Rosszindulatú dagantos betegségek műtét közbeni molekuláris patológiai diagnosztikája mesterséges intelligenciával támogatott lézer mikroszkóp segítségével” elnevezésű pályázatban. Célunk a kifejlesztett fluoreszcensen jelölt, tumoros sejtek specifikus detektálására alkalmas ellenanyagok tesztelése humán sejttenyészetben és zebradánió modellen.

A zebradánió (*Danio rerio*) egyre elterjedtebb gerinces modellállat, mely ideális kutatási célokra több előnyös tulajdonsága miatt, például rövid generációs idő, nagy utódszám, kis testméret és könnyű tenyésztetőség. A fejlődő embriók és lárvák

teste átlátszó, így mikroszkóppal könnyen vizsgálhatóak, és a fluoreszcensen jelölt fehérjék követhetők az élő állatokban is. Halakat xenograft modellszervezetként alkalmazunk, amikor embriókba humán eredetű tumorsejteket juttatunk be automata injektorral, majd ezeket a sejteket ellenanyag jelölésekkel vizsgáljuk mikroszkóppal. A projekt végső célja egy olyan diagnosztikus termék fejlesztése, amely segítségével a fluoreszcensen jelölt tumoros sejtek műtét közben lézer mikroszkóppal láthatóvá tehetőek.

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



# Oktatás

## Klinikai Bioinformatika



### A tantárgy ismertetése

A napjainkban futó orvosbiológiai kutatások kétharmada tartalmaz egy bioinformatikai eszközt. Mik ezek? A kurzus során a bioinformatika négy fő területét (bioinformatikai alapok, az omika, az integratív tudomány és a mesterséges intelligencia) mutatjuk be előadások formájában. A gyakorlati képzés során a legfontosabb programok használatát sajátítja el a hallgató. A gyakorlatnak része egy következő generációs szekvenálás kiértékelése is. A kurzus során olyan gyakorlati tudást szereznek meg a hallgatók, amelyet későbbi tudományos munka során (például TDK, szakdolgozat, PHD, klinikai kutatások) minden nap tudnak hasznosítani.

#### Tantárgy adatai és követelmények

- Tantárgyfelelős neve: Prof. Dr. Györfly Balázs
- Kreditértéke: 3
- Tantárgy típusa: kötelezően választható

#### A tantárgy felvételéhez, illetve elsajátításához szükséges előtanulmányi feltétel(ek):

- Sikeres első 4 szemeszter (orvosi élettan II, molekuláris sejtbiológia II).

A kurzus megindításának hallgatói létszámfeltételei (minimum, maximum), a hallgatók kiválasztásának módja:

- Legkisebb hallgatói létszám: 20
- Legmagasabb hallgatói létszám: 60

**A kurzusra történő jelentkezés módja:** Neptun regisztráció

**A megszerzett ismeretek ellenőrzésének módja a szorgalmi időszakban:** a gyakorlati oktatáson elvégzett feladatok elvégzése, mely a félév végi értékelés 50%-át teszi ki.

**A félév aláírásának követelményei:** az előadásokról és gyakorlatokról történő távollemaradások száma nem lehet több a félév gyakorlatainak 25%-ánál.

**A számonkérés típusa:** a félév egy projektfeladat teljesítésével zárul.

#### Vizsgakövetelmények:

**A projektfeladat két részből tevődik össze:**

1. Az elméleti témákból összeállított 33 feleletválasztós tesztkérdésből.
2. Egy meghatározott bioinformatikai feladatot kell megoldani, amely egyezik a félév során tanult gyakorlati feladatok egyikével, azonban új adatokat tartalmaz.

A bioinformatikai feladat elvégzése során bármilyen segédeszköz használata lehetséges, beleértve a saját laptop használatát.

**Az osztályzat kialakításának módja és típusa:** a félév végi osztályzat kialakítása a gyakorlati oktatáson ismertetett feladatok (33.3%, ha minimum 75%-a beküldésre került),



az elméleti ismeretanyagból összeállított feleletválasztós teszt (33.3%) és a projektfeladat (33.3%) alapján ötfokozatú minősítéssel történik.

A tananyag elsajátításához felhasználható nyomtatott, elektronikus és online jegyzetek: az előadásokon és gyakorlatokon elhangzott ismeretek.

**Kurzus teljes elméleti óraszám:** 18 óra (810 perc)

**Kurzus teljes gyakorlati óraszám:** 24 óra (1080 perc)

## A tárgy részletes tematikája

A tematikában az elméleti oktatás esetén a megadott témák 15 perces előadásokat tartalmaznak.

### Elméleti oktatás

#### I. blokk: Bioinformatikai alapok

1. Bevezetés a bioinformatika tantárgyba (Prof. Dr. Gyórfy Balázs)
2. Tanuló és tesztalmaz alkalmazása (Dr. Fekete János Tibor)
3. Statisztikai hibák és a dichotómia fogalma (Dr. Fekete János Tibor)
4. Túlélés-elemzés: Cox regresszió és a Kaplan-Meier plot (Prof. Dr. Gyórfy Balázs)
5. ROC elemzés: szenzitivitás, specificitás, előrejelzés értéke (Dr. Fekete János Tibor)
6. Változók közötti korreláció (Dr. Menyhárt Otília)
7. Többszörös hipotézis teszt (Prof. Dr. Gyórfy Balázs)
8. A bioinformatika és a mesterséges intelligencia alkalmazási területei (Prof. Dr. Gyórfy Balázs)

#### II. blokk: Genomika és transzkriptomika

1. Szekvenálás bevezető (Prof. Dr. Gyórfy Balázs)
2. Hasonló gének és fehérjék, blast (Prof. Dr. Gyórfy Balázs)
3. Az adatok minőségellenőrzése (Dr. Munkácsy Gyöngyi)
4. Adatok illesztése referencia genomra (Dr. Munkácsy Gyöngyi)
5. Mutációk azonosítása (SNV, indelek) normál és tumor mintából (Dr. Munkácsy Gyöngyi)
6. Mutációk következményének meghatározása (Dr. Munkácsy Gyöngyi)
7. Klinikailag releváns variánsokra szűrés, ClinVar, dbSNP (Dr. Munkácsy Gyöngyi)
8. CNV (Dr. Munkácsy Gyöngyi)
9. Mintafeldolgozási melléktermékek azonosítása és kiszűrése (Dr. Menyhárt Otília)
10. Transzkriptomika: RNAseq adatok feldolgozása (Prof. Dr. Gyórfy Balázs)
11. Single cell adatok feldolgozása (Prof. Dr. Gyórfy Balázs)
12. Genomika: GeneBank és az ismert gének gyűjteménye (Dr. Szász Attila Marcell)

### III. blokk: Proteomika

1. Proteomika és transzkriptomika: pre-processing: (Prof. Dr. Gyórfy Balázs)
2. Az immunhisztokémia kiértékelése (Dr. Munkácsy Gyöngyi)
3. A tömegspektrometria kiértékelése (Dr. Bartha Áron)
4. A tömegspektrometria előnyei és hátrányai (Dr. Bartha Áron)
5. Fehérjeszerkezet meghatározás: fizikai/kémiai módszerek (Dr. Tusnády Gábor)
6. Fehérjeszerkezet modellezés: az egyszerűtől (homológia modell) a bonyolultig (ab initio) (Dr. Tusnády Gábor)
7. Transzmembrán fehérjék szerkezetének modellezése (Dr. Tusnády Gábor)
8. Biológiai funkciók meghatározása és az UniProt (Dr. Munkácsy Gyöngyi)
9. Jelátviteli utak, KEGG (Dr. Szász Attila Marcell)
10. Két csoport grafikai összehasonlítása: boxplot, hegedű-plot, sűrűség-plot, hőterkép, korreláció, mátrix (Dr. Bartha Áron)

### IV. blokk: Mesterséges intelligencia

1. Gépi tanulás eszközei (Dr. Fekete János Tibor)
2. A Bayes szabály (Dr. Fekete János Tibor)
3. Főkomponens elemzés (Dr. Bartha Áron)
4. Fürtelemző programok: távolságmérés (Prof. Dr. Gyórfy Balázs)
5. Fürtelemző programok: clustering (Prof. Dr. Gyórfy Balázs)
6. Neuronális háló (Prof. Dr. Gyórfy Balázs)
7. Konvolúciós neuronális háló (Dr. Menyhárt Otília)
8. Mélytanulás (Dr. Menyhárt Otília)
9. Döntési fa a klinikai gyakorlatban (Dr. Bartha Áron)
10. Változó szelekció (Dr. Menyhárt Otília)
11. Support Vector Machines (Dr. Fekete János Tibor)
12. Regresszió (Dr. Menyhárt Otília)
13. Az általános előtanult transzformátor (Dr. Fekete János Tibor)

### V. blokk: Integratív tudomány

1. Multi-omika (Dr. Menyhárt Otília)
2. Génontológia (Dr. Fekete János Tibor)
3. A reprodukálhatóság kérdése orvosi biológiai kutatásokban (Dr. Menyhárt Otília)
4. Chip-seq és ATAC-seq adatok kiértékelése (Dr. Bálint Bálint)
5. DNS metilációs adatok kiértékelése (Dr. Bálint Bálint)
6. Epigenetikai adatbázisok (Dr. Bálint Bálint)
7. Az Excel használata adatbáziskezeléshez (Dr. Munkácsy Gyöngyi)
8. Adatbányászat: Excel, PubMed, Watson (Dr. Munkácsy Gyöngyi)
9. A REDcap felhasználása (Dr. Szász Attila Marcell)
10. Időtorzítás és függőség (Dr. Menyhárt Otília)
11. Blokklánc és adatbiztonság (Dr. Bartha Áron)

## Gyakorlati oktatás

### I. blokk: Bioinformatikai alapok

1. Túlélés-elemzés: Cox regresszió és a Kaplan-Meier plot, 2 óra (Dr. Gyórfy Balázs)
2. ROC elemzés, 2 óra (Dr. Fekete János Tibor)
3. Többszörös hipotézis teszt, 2 óra (Prof. Dr. Gyórfy Balázs)
4. Bevezetés a Galaxy rendszer használatába, 1 óra (Dr. Menyhárt Otília)

### II. blokk: Genomika és transzkriptomika

1. Az adatok minőségellenőrzése, 2 óra (Dr. Munkácsy Gyöngyi)
2. Adatok illesztése referencia genomra, 2 óra (Dr. Munkácsy Gyöngyi)
3. Variáns azonosítás, 2 óra (Kovács Szonja Anna)
4. Mutációk következményeinek meghatározása, 2 óra (Dr. Munkácsy Gyöngyi)
5. Transzkriptomika: RNAseq adatok feldolgozása, 2 óra (Prof. Dr. Gyórfy Balázs)

### III. blokk: Mesterséges intelligencia

1. Fürtelemzés, 1 óra (Dr. Menyhárt Otília)
2. Klasszifikáció, 2 óra (Dr. Fekete János Tibor)
3. Regresszió, 1 óra, (Dr. Menyhárt Otília)
4. Mélytanulás, 2 óra (Dr. Fekete János Tibor)

### IV. blokk: Integratív tudomány

1. Epigenetika, 1 óra (Dr. Bálint Bálint)

A gyakorlati oktatáson a hallgatók részletesebben elsajátítják a genomi adatok kiértékelését. Ennek során vagy a saját vagy egy betegből származó DNS mintából készült következő generációs szekvenálás kiértékelésén keresztül megtanulják a genomi adatfeldolgozás valamennyi lépését. A gyakorlatokat vezetik: Prof. Dr. Gyórfy Balázs, Dr. Bartha Áron, Dr. Fekete János Tibor, Dr. Menyhárt Otília, Dr. Munkácsy Gyöngyi. Az utolsó gyakorlati alkalom során konzultációra van lehetőség.



## Adatvizualizáció

### A tantárgy ismertetése

#### A tantárgy oktatásának célkitűzése, helye az orvosképzés kurrikulumában:

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

#### A tárgy sikeres elvégzése milyen kompetenciák megszerzését eredményezi:

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

### A tárgy részletes tematikája

#### I. Blokk: bevezető

1. Bevezető az adatvizualizálásba, 1 óra, Prof. Dr. Pongor Sándor
2. Emberi érzékelés és az adatok vizualizálása, 1 óra, Dr. Kovács Ilona
3. Gyakorlat: általános adatábrázolás, 2 óra, Dr. Ligeti Balázs

#### II. Blokk: Klinikai vizsgálatok eredményeinek bemutatása

1. Végpontok alkalmazása orvosbiológiai vizsgálatokban, 1 óra, Prof. Dr. Gyórfy Balázs
2. Gyakorlat: Orvosbiológiai adatábrázolás, 2 óra, Dr. Menyhárt Otília

#### III. Blokk: Genom és metagenom ábrázolás

1. A molekuláktól a genomon át a metagenomhoz, 2 óra, Prof. Dr. Pongor Sándor
2. Gyakorlat: Genom és metagenom ábrázolás, 3 óra, Dr. Juhász János

#### IV. Blokk: Transzkriptom ábrázolás

1. Fürtelemzés (clustering), 1 óra, Prof. Dr. Gyórfy Balázs
2. Gyakorlat: Legelterjedtebb távolságmodellező programok, 2 óra, Dr. Bartha Áron

#### V. Blokk: Adathálózatok

1. Hálózatok felépítése, 1 óra, Prof. Dr. Pongor Sándor
2. Gyakorlat: Hálózatépítő programok, 2 óra, Dr. Ligeti Balázs

## VI. Blokk: 3D modellek proteinek és DNS ábrázolásában

1. Bevezetés a 3D modellezésbe, 2 óra, Dr. Gáspári Zoltán
2. Gyakorlat: Molekuláris vizualizáló programok, 2 óra, Dr. Juhász János, Dr. Gáspári Zoltán

## VII. Blokk: Populáció ábrázolás

1. Ágens-alapú és különböző egyenletek modellezése, 2 óra, Dr. Juhász János
2. Gyakorlat: Populáció ábrázolási programok, 2 óra, Dr. Ligeti Balázs

## VIII. Blokk: Agyi modellek

1. Agyi hálózati ábrázolás, 2 óra, Prof. Dr. Ulbert István
2. Agyi vizualizálási példák, 2 óra, Prof. Dr. Ulbert István

## Kurzusadatok és követelmények

- Oktatásban közreműködő intézmény: PPKE Információs Technológiai és Bionikai Kar
- Kreditértéke: 1
- Teljes óraszám: 30 óra, előadás: 15 óra, gyakorlat: 15 óra
- Tantárgy típusa: szabadon választható
- Oktatás nyelve: angol
- Tantárgyfelelős neve: Prof. Dr. Gyórfy Balázs

A kurzus megindításának hallgatói létszámfeltételei (minimum, maximum), a hallgatók kiválasztásának módja:

- Legkisebb hallgatói létszám: 10
- Legmagasabb hallgatói létszám: 40

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

### A tárgy teljesítésének feltételei

A foglalkozásokon való részvétel követelményei és a távolmaradás pótlásának lehetősége: pótlásra nincs lehetőség

A félév aláírásának követelményei: az előadásokról és gyakorlatokról történő távolmaradások száma nem lehet több a félév gyakorlatainak 25%-ánál.

A vizsga típusa: Félévközi jegy

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

A tananyag elsajátításához felhasználható nyomtatott, elektronikus és online jegyzetek, tankönyvek, segédletek és szakirodalom: az előadáson elhangzott ismeretek.

## Alkalmazott bioinformatika

### A tantárgy ismertetése

Az oktatás témája egy kiválasztott bioinformatikai projekt publikációs szintű megoldása. Ennek során közösen elvégzett kutatás történik, amely a következő öt területről választott aktuális onkológiai probléma egyike: 1) prediktív biomarker azonosítása, 2) prognosztikus biomarker azonosítása, 3) tumor heterogenitás vizsgálata, 4) evolúció modellezése, 5) regulációs hálózatok elemzése.

Az oktatás hetente egy személyes oktatás mellett (amikor a feladatok meghatározása illetve megbeszélése történik meg, heti 2 óra) jelentős mennyiségű (legalább heti 6 óra) házi feladatot tartalmaz. A kurzus az adott probléma esetén a szükséges kérdések meghatározásával és az adatok azonosításával kezdődik, és egy elkészült kézirat jelenti a kurzus tökéletes teljesítését.

A kurzus elvégzéséhez szükséges minimum az R vagy a Galaxy ismerete. Egy adott projekten a hallgató dolgozhat önállóan vagy párban. A kurzuson csak olyan hallgató vehet részt, aki a „Bioinformatika” tárgyat teljesítette és a PhD kutatási témája tartalmaz onkológiát. A kurzusra csak olyan hallgató jelentkezhet, aki rendelkezik már legalább 2 lezárt félévvel a PhD képzés során. Túljelentkezés esetén személyes elbeszélgetés alapján kerülnek a hallgatók kiválasztásra.



### Kurzusadatok és követelmények

- Kurzus címe: Alkalmazott bioinformatika az onkológiában
- Program: Patológia Doktori Iskola
- Oktató: Prof. Dr. Gyórfy Balázs
- Minimális létszám: 1
- Maximális létszám: 7
- Vizsga típusa: a félév végére elkészített írásbeli elemzés, amelynek során bármilyen segédeszköz használata megengedett. Elemzés alapján készült magyar nyelvű jegyzőkönyv = megfelelt. Elemzés alapján készült angol nyelvű beküldött kézirat = kiválóan megfelelt.



Korunk aktuális kihívásaihoz igazodva készítettük el az Advanced AI új tantárgy tematikáját, amelyben az oktatás első alkalommal 2024 őszén lesz megtartva.

### A tantárgy ismertetése

#### A tantárgy oktatásának célkitűzése, helye az orvosképzés kurrikulumában:

A mesterséges intelligencia egészségügyi alkalmazásainak széles skálája olyan eszközöket és módszereket foglal magában, amelyek megkönnyítik az orvosi biológiai kutatásokat és gyakorlatot. Az újabb nagy nyelvi modellek, például a GPT, további lehetőségeket kínálnak a klasszikus gépi tanulási módszerek mellett, amelyek alkalmazása jelentős hatással lehet a klinikumra. Kurzusunk gyakorlati jellegű foglalkozásokkal szeretné elmélyíteni a hallgatók ismereteit a gépi tanulást használó alkalmazásokat illetően, de kiemelten fontosnak tartjuk azt is, hogy megtanulják az MI publikációk megfelelően kritikus szemléletű feldolgozását, ill. az MI megoldások hatékony teszteléséhez, „értékbecsléséhez” kapjanak segítséget.

#### A tárgy sikeres elvégzése milyen kompetenciák megszerzését eredményezi:

A hallgató megismeri a rendelkezésre álló mesterséges intelligencia alkalmazásokat és képessé válik az ezek alkalmazására.

### A tárgy részletes tematikája

1. hét: Mesterséges intelligencia az egészségügyben – áttekintés (Dr. Gyórfy Balázs)
2. hét: Gépi tanulás – koncepció, felügyelt, nem felügyelt és megerősítéses tanítás I. (Dr. Fekete János Tibor)
3. hét: Gépi tanulás – koncepció, felügyelt, nem felügyelt és megerősítéses tanítás II. (Dr. Bajusz-Rácz Anita)
4. hét: Mélytanulás I. (Dr. Fekete János Tibor)
5. hét: Mélytanulás II. (Dr. Fekete János Tibor)
6. hét: Idősorok elemzése gépi tanulással (Dr. Fekete János Tibor)
7. hét: Gráf alapú gépi tanulás (Dr. Fekete János Tibor)
8. hét: Konvolúciós neurális hálók, képfeldolgozási modellek (Dr. Gál Andor Viktor)
9. hét: Orvosi képek elemzése, klinikai gyakorlatban használt megoldások, hatósági szabályozás (CE, FDA) (Dr. Gál Andor Viktor)
10. hét: AI az orvosi képdiagnosztika: nehézségek a fejlesztésben és minősítésben, veszélyek, tipikus hibák (Dr. Gál Andor Viktor)
11. hét: Nagy nyelvi modellek (GPT) – áttekintés (Dr. Fekete János Tibor)
12. hét: Nagy nyelvi modellek (GPT) – prompt engineering (Dr. Fekete János Tibor)
13. hét: Nagy nyelvi modellek (GPT) finomhangolása saját adatokkal I. (Dr. Fekete János Tibor)
14. hét: Nagy nyelvi modellek (GPT) finomhangolása saját adatokkal II. (Dr. Fekete János Tibor)

### Kurzusadatok és követelmények

- A tárgy neve: Mesterséges intelligencia – haladó szinten
- Tantárgyfelelős neve: Prof. Dr. Gyórfy Balázs
- Kreditértéke: 1
- Tantárgy típusa: szabadon választható
- Közreműködő intézet: Orvosi Képző Központ

A tantárgy felvételéhez, illetve elsajátításához szükséges előtanulmányi feltétel(ek): Orvosi biofizika II.

A kurzus megindításának hallgatói létszámfeltételei (minimum, maximum), a **hallgatók kiválasztásának módja:**

- Legkisebb hallgatói létszám: 5
- Legmagasabb hallgatói létszám: 15 (túljelentkezés esetén a regisztráció sorrendje alapján az első 15 hallgató)

A kurzusra történő jelentkezés módja: Neptun regisztráció

#### A tárgy teljesítésének feltételei

A félév aláírásának követelményei: a gyakorlatokról történő távolmaradások száma nem lehet több a félév gyakorlatainak 25%-ánál.

A számonkérés típusa: a félév egy projektfeladat teljesítésével zárul.

Vizsgakövetelmények: a projekt munkában egy olyan feladatot kell megoldani, amelyet a félévközi gyakorlat során a módszereket tekintve már tanultunk, azonban új problémát tartalmaz. A feladat elvégzése során bármilyen segédeszköz használata lehetséges.

Az osztályzat kialakításának módja és típusa: a projektfeladat során elért eredmény értékelése ötfokozatú gyakorlati jegy alapján történik: jeles (5), jó (4), közepes (3), elégséges (2), elégtelen (1) minősítés.

A tananyag elsajátításához felhasználható nyomtatott, elektronikus és online jegyzetek, tankönyvek, segédletek és szakirodalom: a gyakorlatokon elhangzott ismeretek.





# Új kutatási témáink

## PhD témák

Alább összefoglaljuk a jelenleg aktuális témákat. Témát kereső hallgatók számára javasoljuk, hogy email-ben érdeklődjenek, mivel a legfrissebb témák sok esetben még nincsenek meghirdetve.

### scRNAseq adatok vizsgálata

Az utóbbi években a single-cell RNAseq elterjedésével lehetővé vált, hogy a rosszindulatú tumorokban transzkriptomikai-szintű génexpresszió-meghatározást végezzünk valamennyi sejtből. Az scRNAseq adatok felhasználásával expressziós eltérések mellett trajectory-elemzést vagy sejt-sejt kommunikációs modellezést is lehet végezni. A kutatás során célunk, hogy betegekből kinyert tumormintákból készült scRNAseq adatokat kiértékeljünk. A témán belüli alternatív feladat a kiértékeléshez használt algoritmusok vagy programok fejlesztése, különös tekintettel a sejt-típus-annotációra. Harmadik témán belüli feladat az scRNAseq adatokkal végzett olyan elemzés, ahol klinikai kimenettel (terápiás válasz, várható túlélés) próbáljuk meg a molekuláris eltéréseket összekapcsolni.

A téma vagy biológiai háttérrel és bioinformatikai érdeklődéssel rendelkező hallgatók, vagy a programozás és az R környezet / Python iránt érdeklődő, már most programozási ismeretekkel rendelkező hallgatók számára optimális.



**Témavezető: Prof. Dr. Györfly Balázs**

### Gépi tanulás az onkológiában

A rosszindulatú tumoros betegek kezelése során három különböző típusú biomarkerre van szükség. Ide tartoznak a diagnosztikus, a prognosztikus (a várható túlélés hosszát előre jelző), és a prediktív (a várható terápiás választ előre jelző) biomarkerek. A biomarkerek kutatását az is alátámasztja, hogy ma már valamennyi új onkológiai gyógyszer bevezetésének előfeltétele egy használható biomarker jelenléte. A kutatás során célunk, hogy klinikai és omikai adatok (transzkriptomika, genomika, proteomika, metabolomika) felhasználásával új biomarkereket tudjunk azonosítani. Azonban a nagy omikai adattömbök kombinálása sok betegadattal csak akkor lehetséges, ha ezen vizsgálatokhoz fejlett gépi tanulási módszereket tudunk használni, mint a véletlen erdő, a neurális hálók, vagy a nagy nyelvi modellek.

A téma elsősorban olyan orvos, biológus, biomérnök hallgatók számára érdekes, akik szeretnek a bioinformatikával és a mesterséges intelligenciával foglalkozni.

**Témavezető: Prof. Dr. Györfly Balázs**

### Multi-omikai vizsgálatok onkológiában

Egy adott minta esetén az omikai adatok különböző szintje érhető el, mint a genomikai, transzkriptomikai, proteomikai, metabolomikai, stb. adatok. A tudományos kutatásokban ezen szinteket tipikusan egymástól függetlenül vizsgálják, például egy fehérje alapú biomarkert néznek egy adott betegségben. A körlefolysást jobban meg lehetne érteni, illetve hatékonyabb terápiát lehetne kidolgozni, ha az adatok több szintjét tudnánk egyszerre elemezni. Az egyes szintek egymást befolyásolhatják, valamint visszacsatolós mechanizmusok is működhetnek. A kutatás során az onkológia területén fogunk multi-omikai kutatásokat végezni.

A téma alapkutatás vagy bioinformatika iránt érdeklődő hallgatók számára optimális.

**Témavezető: Prof. Dr. Györfly Balázs**

### Mono- és multigénés onkológiai biomarkerek

A rosszindulatú daganatos betegségek jobb gyógyításához három különböző típusú biomarker használata nyújthat segítséget. A diagnosztikai biomarkerek a betegség korai azonosítását teszik lehetővé vér-, vizelet-, vagy széklet-mintákból. A prognosztikus biomarkerek a betegség várható lefolyását jelzik előre, vagyis az adott kezelés esetén várható túlélést. A prediktív biomarkerek egy adott kezelés esetén a várható terápiás válasszal függenek össze, és megmutatják, hogy ki milyen kezelést kapjon. A kutatás során egy vagy több gént tartalmazó biomarker-jelöltek kifejlesztése, és klinikai mintákban történő kipróbálása a cél.

A téma elsősorban a klinikai kutatás, másodsorban a bioinformatika iránt érdeklődő hallgatók számára optimális.

**Témavezető: Prof. Dr. Györfly Balázs**

### Új diagnosztikai eszközök fejlesztése

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.

**Témavezető: Dr. Menyhárt Otília**



## Kromatin szintű génexpresszió szabályozás

Az elmúlt évtized során nagy mennyiségű onkogenomikai adat vált nyilvánosan elérhetővé. Az adatok feldolgozása folyamatos. A génexpresszió szabályozásban szerepet játszó kromatin szintű adatok feldolgozása csak részben történt meg. Ezen kromatin szintű génexpresszió szabályozó mechanizmusok alkalmasak onkoterápiás hasznosításra amit jelez, hogy számos epigenetikai támadáspontú gyógyszert már használnak daganatkezelésekben.



A kutatás során a kromatinszintű poszttranszlációs módosítások onkodiagnosztikus és onkoterápiás vonatkozásait célozzuk jobban megismerni.

**Témavezető:** Dr. Bálint Bálint László

## Prediktív biomarkerek az onkológiában

A daganatos megbetegedések jelentős egészségügyi terhet képviselnek mind a társadalom, mind az egyének számára. Habár a megbetegedések száma nem csökken, az elmúlt évtizedekben egyes tumoros megbetegedések esetében a betegek prognózisa javuló tendenciát mutat a célzott, személyre szabott terápiáknak köszönhetően. A személyre szabott orvoslás egyik alappillére a biomarkerek jelentik, ezek egyik típusát képviselik a prediktív biomarkerek, melyek alkalmazása, például a genetikai mutációk, a génexpressziós és epigenetikai profilok osztályozása segítséget nyújthatnak a beteg számára optimális kezelés kiválasztásában, előre jelezhetik a kezelésre adott választ.

A projekt célkitűzése, hogy bioinformatikai analízissel olyan prediktív biomarkereket tárjunk fel, amelyek a gyakorlatban is használható információt nyújthatnak a klinikai döntéshozatalban. A megvalósítás elsődlegesen bioinformatikai elemzéssel történik a mesterséges intelligencia és a gépi tanulás eszközeivel.

A projekt több lépésben valósul meg: első lépésben különböző forrásokból származó omikai, klinikai adatok gyűjtése történik meg. Az ezt követő adatintegráció során az adatok minőségellenőrzését, előzetes feldolgozását végezzük el. A következő lépésben gépi tanulást megvalósító algoritmusokat alkalmazunk az integrált adathalmazban található minták és összefüggések azonosítására. Végül az eredmények robusztusságának a megítéléséhez az elkészített prediktív modellek validálását végezzük el független mintákon.



A téma elsősorban a bioinformatika/mesterséges intelligencia egészségügyi alkalmazása iránt érdeklődő hallgatók számára lehet érdekes.

**Témavezető:** Dr. Fekete János Tibor

## Transzmembrán fehérjék kölcsönhatásainak vizsgálata

A transzmembrán fehérjék az élő szervezetek egyik legfontosabb résztvevői, számos biológiai funkciót valósítanak meg az információ továbbításától az anyagcsere folyamaton keresztül az energiatermelésig. Az egyik legfontosabb célpontjai a gyógyszereknek, amit jól mutat az a tény, hogy a ma forgalomban levő gyógyszerek fele a transzmembrán fehérjékkel kölcsön hatva éri el hatását. Működésük során más fehérjékkel statikus, állandó vagy tranziens, átmeneti komplexet hoznak létre. Ezen fehérje-fehérje kölcsönhatások feltárása egy élő sejtben nagy segítséget jelent a sejt molekuláris szintű működésének megértéséhez és így a különböző betegségek molekuláris mechanizmusának a feltárásához, valamint új gyógyszer-célpontok tervezéséhez.

A transzmembrán fehérjék tulajdonságainak és szerkezetének vizsgálata rendkívül nehéz és költséges laboratóriumi eszközökkel, ezen fehérjék inherens kettős tulajdonságai miatt. Bár az elmúlt évtizedben bekövetkezett hatalmas fejlődés a mesterséges intelligencia matematikai modelljei területén hatalmas robbanást eredményezett a fehérjeszerkezet predikció területén is (lásd pl AlphaFold2, AF2), a fehérje komplexek és tranziens fehérje-fehérje kapcsolatok elméleti meghatározása még mindig kihívást jelent a tudósok számára, különösen a transzmembrán fehérjék területén. Ezek az eljárások ugyanis nagyon nagy pontossággal képesek modellezni globuláris fehérjék monomer szerkezetét, de ez a pontosság nagy mértékben függ attól, mennyi a tanítás során a rokon templát fehérjék száma. Éppen ezért a metagenomok és transzmembrán fehérjék esetében a becslés pontossága nagymértékben csökken. Továbbá a transzmembrán fehérjék esetében a kettős lipid réteg által támasztott térbeli megszorításokat sem veszik figyelembe az algoritmusok. Az AF2-multimer eljárás ugyan képes az oligomer fehérjék szerkezetét modellezni, de itt a pontosság még kisebb.

Doktori munka során a kutatócsoportban már kifejlesztett algoritmusokat (Tmdet, Cctop) és adatbázisokat (TmAlphaFold, UniTmp) felhasználva a hallgató feladata, hogy meghatározza a transzmembrán fehérjék esetében az AF2 által alacsony pontossággal, hibásan becsült fehérjecsaládokat; módosítsa az AF2 eljárást oly módon, hogy a kettős lipid réteg által támasztott térbeli megszorítások be legyenek építve a modellbe; továbbá létrehozson olyan, mesterséges intelligenciát felhasználó alkalmazást, amely képes a transzmembrán fehérjék oligomer állapotának becslésére és oligomer fehérjék esetében a képződő homo- és heterooligomer szerkezetének becslésére, mind statikus komplexek, mind rendezetlen fehérje régiókban található szekvenciamotívumok segítségével létrejövő tranziens kölcsönhatások esetében. Ez utóbbi kölcsönhatásokból néhány életteni szempontból vagy valamilyen betegség szempontjából fontos esetet in vitro módszerekkel is validálná. A doktori munka eredményei mind a gyógyszerkutatásban, mind különböző betegségek gyógyításában nyújtanak majd igen fontos adatokat.

**Témavezető:** Dr. Tusnády Gábor



## NGS kiértékelés betegdiagnosztikához

A következő generációs szekvenálás (NGS) lehetővé teszi az összes gén egyidejű vizsgálatát nukleinsav-szinten. Azonban a módszerek rendelkezésre állása nem jelenti azt, hogy egy NGS mérés után azonnal meg is tudjuk mondani a diagnózist. Jelenleg nincsenek elfogadott protokollok, amelyek az adatok rutinszerű kiértékelését lehetővé tennék. A kutatás során onkológiai (terápiás biomarkerek) és genetikai feladatokhoz (öröklődő betegségek, prenatális diagnosztika) fejlesztünk diagnosztikai alkalmazásokat. A kutatás tartalmazza az NGS adatok feldolgozását, kiértékelését, interpretálását, valamint új algoritmusok kipróbálását.



A téma elsősorban a bioinformatika, programozás, és klinikai kutatás iránt érdeklődő hallgatók számára optimális.

**Témavezető:** Dr. Munkácsy Gyöngyi

## TDK témák

### A terápiás válasz biomarkerei

**Témavezető:** Dr. Fekete János Tibor

**Leírás:** A prediktív biomarkerek a terápiás válasz előrejelzésére szolgálnak a kezelés megkezdése előtt. Célunk az, hogy génexpressziós adatokon alapuló elemzés segítségével újabb potenciális biomarker jelölteket azonosítsunk elsősorban onkológiai területen.

**Téma jellege:** bioinformatika

**Kapcsolat:** [fekete.janos.tibor@semmelweis.hu](mailto:fekete.janos.tibor@semmelweis.hu)

### Mutációk transzkriptomikus hatásának vizsgálata szolid tumorokban

**Témavezető:** Prof. Dr. Györffy Balázs

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

**Téma jellege:** programozás, bioinformatika

**Kapcsolat:** [gyorffy.balazs@yahoo.com](mailto:gyorffy.balazs@yahoo.com)

### Az immunterápiás kezelések hatékonyságának vizsgálata melanomás betegekben genomikai és proteomikai eszközökkel

**Témavezető:** Dr. Bartha Áron

**Leírás:** A melanóma a leggyakrabban előforduló rosszindulatú daganat a bőrön. Az elérhető terápiás lehetőségek mennyisége és hatékonysága egyre növekszik, a kezelésekkel szembeni rezisztencia továbbra is komoly probléma. A távoli áttétes betegek túlélési esélyeit tekintve jól látható, hogy a jelenleg elterjedt terápiás lehetőségek tovább bővíthetők és újragondolhatóak. A vizsgálat célja, hogy terápiás válaszban potenciálisan részt vevő és a túléléshez köthető genetikai faktorokat, biomarkereket felmérjük.

**Téma jellege:** betegkapcsolat (mintagyűjtés, adatgyűjtés) és/vagy bioinformatika

**Kapcsolat:** [bartha.aron@semmelweis.hu](mailto:bartha.aron@semmelweis.hu)



## Gyermekkorban előforduló idegrendszeri malignitások proteotranszkriptomikai elemzése

**Témavezető:** Dr. Bartha Áron

**Leírás:** A gyermekkori hemato-onkológiai betegségek közül jelenleg a neuro-onkológiai eltérések rendelkeznek az egyik legrosszabb prognózissal. A kutatás célja, hogy transzkriptom és proteom szintű adatok integrált felhasználásával olyan új potenciális biomarkereket keressünk, amelyek segíthetik a mindennapi klinikai döntéshozatalokat.

**Téma jellege:** betegkapcsolat (mintagyűjtés, adatgyűjtés) és/vagy adatelemzés

**Kapcsolat:** [bartha.aron@semmelweis.hu](mailto:bartha.aron@semmelweis.hu)

## Hordható bioszenzorok szerepe gyakori betegségek állapotkövetésében

**Témavezető:** Prof. Dr. Györffy Balázs

**Leírás:** Kereskedelmi forgalomban kapható karórákba épített, a fotopletizmográfia elvén működő bioszenzorok regisztrátumainak korrelációját vizsgáljuk az adott paraméter vizsgálatára validált, standardnak minősülő diagnosztikai vizsgálatok eredményével. A nyert adatokat a hordható bioszenzorokon alapuló alkalmazások szív-érrendszeri és anyagcsere-betegségek korai diagnosztikájában betöltött szerepének vizsgálatára, pontosságuk objektív meghatározására és növelésére irányuló kutatásban használjuk fel.

**Téma jellege:** Kapcsolattartás a vizsgálatban résztvevő betegekkel, partner klinikai ambulanciákon mintagyűjtés, adatgyűjtés elektronikus egészségügyi dokumentációból.

**Kapcsolat:** [gyorffy.balazs@yahoo.com](mailto:gyorffy.balazs@yahoo.com)

## Kemoterápiás szerekkel szembeni rezisztenciamarkerek vizsgálata emlőrákos sejtvonalakon

**Témavezető:** Dr. Munkácsy Gyöngyi

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

**Téma jellege:** labormunka

**Kapcsolat:** [munkacsy.gyongyi@semmelweis.hu](mailto:munkacsy.gyongyi@semmelweis.hu)

## Klinikai kimenet és diagnózis modellezése sokdimenziós adatokon

**Témavezető:** Dr. Menyhárt Otília

**Leírás:** A klinikai vizsgálatok során gyűjtött hatalmas adatmennyiségből a megfelelő eszközökkel diagnózist valamint előrejelzést elősegítő információ nyerhető ki. A TDK munka keretében a gépi tanulás eszközeivel a klinikai kimenet előrejelzésére alkalmas prediktív modellek kidolgozására fókuszálunk sokdimenziós adatokból kiindulva. Előny a bioinformatikai érdeklődés, R vagy Galaxy ismerete.

**Téma jellege:** bioinformatika

**Kapcsolat:** [menyhart.otilia@med.semmelweis-univ.hu](mailto:menyhart.otilia@med.semmelweis-univ.hu)

## ÖNLAB témák

Alább összefoglaljuk a jelenleg aktuális témákat. Témát kereső hallgatók számára javasoljuk, hogy email-ben érdeklődjenek, mivel a legfrissebb témák sok esetben még nincsenek meghirdetve.

### Autonóm idegrendszer aktivitásának becslése elektrofiziológiai adatokból és jelentősége onkológiai döntéshozatalban

**Leírás:** Az elmúlt évtized során nagy mennyiségű humán biológiai adat került rögzítésre. Az autonóm idegrendszer aktivitása a légzési aritmia mértéke alapján becsülhető EKG adatokból.

Az önálló laboratóriumi munka során a hallgató nyilvánosan elérhető EKG és egyéb elektrofiziológiai adatok alapján fogja az autonóm idegrendszer életkor szerinti variabilitását vizsgálni. A projekt célja azon onkológiai betegek azonosítása akik esetében a kiegészítő szupportív kezelések magasabb hatékonysággal javíthatják az életminőséget.

**Témavezető:** Dr. Bálint Bálint László, habilitált egyetemi adjunktus

**Jelentkezési cím:** [balintblaszlo@gmail.com](mailto:balintblaszlo@gmail.com)

**Elvárások:** kutatás-fejlesztés és bioinformatika iránti érdeklődés, onkológiai téma iránti érdeklődés, az R/Python programnyelv alapszintű ismerete

**Meghirdetés:** molekuláris bionikusok (BSc), a orvos-biotechnológusok (MSc), és info-bionikusok (MSc)

### Izotermális nukleinsav mérési technológiák info-bionikai fejlesztése

**Leírás:** A COVID-19 járvány nagyban felgyorsította a kutatási szintű technológiák diagnosztikai alkalmazását. Példa erre az izotermális DNS amplifikációs technológiák (pl LAMP-PCR) diagnosztikai megjelenése. A technológia lehetővé teszi a betegágy melletti (POCT: point-of-care) nukleinsav meghatározást olyan lehetőségeket nyitva meg a diagnosztikai fejlesztéseknek amelyek korábban nem voltak elérhetőek.

Az önálló laboratóriumi munka során a hallgató a LAMP PCR technológiához kapcsolódó fejlesztési tevékenységekbe fog bekapcsolódni, pl primer tervezés szoftveres támogatása, génpanelekhez oligotervezés, mikro RNS detektálás izotermális PCR technikákkal.

**Témavezető:** Dr. Bálint Bálint László, habilitált egyetemi adjunktus

**Jelentkezési cím:** [balintblaszlo@gmail.com](mailto:balintblaszlo@gmail.com)

**Elvárások:** kutatás-fejlesztés és bioinformatika iránti érdeklődés, diagnosztikai téma iránti érdeklődés, az R/Python programnyelv alapszintű ismerete

**Meghirdetés:** molekuláris bionikusok (BSc), a orvos-biotechnológusok (MSc), és info-bionikusok (MSc)

## Kromatin szintű génexpresszió szabályozás onkogenomikai alkalmazásai

**Leírás:** Az elmúlt évtized során nagy mennyiségű onkogenomikai adat vált nyilvánosan elérhetővé. Az adatok feldolgozása folyamatos. A génexpresszió szabályozásban szerepet játszó kromatin szintű adatok feldolgozása csak részben történt meg.

Az önálló laboratóriumi munka során a hallgató génexpressziós és kromatin szintű adatok integrálását fogja elvégezni. A feladat adatelemzés és integrálás, hálózatbiológiai alapú kapcsolatok térképezése és nyers adatokból további releváns kromatin szintű génexpresszió szabályozást érintő adatok kinyerése.

**Témavezető:** Dr. Bálint Bálint László, habilitált egyetemi adjunktus

**Jelentkezési cím:** [balintblaszlo@gmail.com](mailto:balintblaszlo@gmail.com)

**Elvárások:** kutatás-fejlesztés és bioinformatika iránti érdeklődés, onkológiai téma iránti érdeklődés, az R/Python programnyelv alapszintű ismerete

**Meghirdetés:** molekuláris bionikusok (BSc), a orvos-biotechnológusok (MSc), és info-bionikusok (MSc)

## Malignus és egészséges szövetek proteom szintű elemzése

**Leírás:** A projekt célja meghatározni és validálni azokat a malignus szövetekre specifikus fehérjéket, amelyek potenciális prediktív vagy prognosztikus biomarkerként szolgálhatnak. A kutatás során online elérhető adatbázisok felhasználásával összehasonlításra kerülnek a normál és a leggyakrabban előforduló daganatos szövetek a proteom szintjén.

**Témavezető:** Dr. Bartha Áron

**Elérhetőség:** [bartha.aron@semmelweis.hu](mailto:bartha.aron@semmelweis.hu)

**Téma jellege:** betegkapcsolat (mintagyűjtés, adatgyűjtés) és/vagy adatelemzés

## Megoldatlan orvos biológiai problémákra megoldási javaslatok azonosítása és prototipizálása

**Leírás:** Az elmúlt két évtized orvosbiológiai adatbősége alapvetően megváltoztatta a humánbiológiai tudásunkat. Jelentős számú új terápiás és diagnosztikai fejlesztés vált elérhetővé és további megoldások kidolgozására van lehetőség.

Az önálló laboratórium során a hallgató a rendelkezésre álló genomikai adatok alapján fog azonosítani és prototipizálni olyan megoldási javaslatokat, amelyek a jelenleg használt eszközrendszerek hatékonyságát meghaladják. Tématerületek onkológia és immun-onkológia.

**Témavezető:** Dr. Bálint Bálint László, habilitált egyetemi adjunktus

**Jelentkezési cím:** [balintblaszlo@gmail.com](mailto:balintblaszlo@gmail.com)

**Elvárások:** kutatás-fejlesztés és bioinformatika iránti érdeklődés, az R/Python programnyelv alapszintű ismerete

**Meghirdetés:** molekuláris bionikusok (BSc), a orvos-biotechnológusok (MSc), és info-bionikusok (MSc)

## Mesterséges intelligencián alapuló algoritmusok alkalmazása klinikai adatok elemzésére

**Leírás:** A rutin klinikai vizsgálatok során hatalmas, akár több száz paramétert tartalmazó heterogén adathalmaz keletkezik minden páciensről, azonban ezek értelmezése méretükből kifolyólag nem rutinfeladat. A megfelelő bioinformatikai eszközök azonban lehetővé teszik ezen adatok diagnosztikai illetve prognosztikai célú kiaknázását. Célunk a mesterséges intelligencia alapú mélytanulási algoritmusok alkalmazása klinikai adatok integrálására illetve új lehetséges biomarkerek feltérképezésére.

**Témavezető:** Dr. Menyhárt Otília

**Jelentkezési cím:** [menyhart.otilia@semmelweis.hu](mailto:menyhart.otilia@semmelweis.hu)

## Mutációk transzkriptomikus hatásának vizsgálata szolid tumorokban

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

**Témavezető:** Prof. Dr. Györffy Balázs

**Az ideális hallgató:** orvos/biológus/biomérnök/bionikus

**Elvárások:** bioinformatikai érdeklődés, az R programnyelv alapszintű ismerete

**Jelentkezési cím:** [gyorffy.balazs@yahoo.com](mailto:gyorffy.balazs@yahoo.com)

## Onkológiai betegprofilok a személyre szabott klinikai döntéshozatalhoz

**Leírás:** Az elmúlt évtized során nagy mennyiségű onkobiológiai adat került rögzítésre, új terápiák jelentek meg és folyamatosan közelebb kerülünk ahhoz, hogy a daganat egy krónikus betegségnek legyen tekinthető.

Az önálló laboratóriumi munka során a hallgató onkológiai beteg profilokat fog meghatározni a rendelkezésre álló nyilvános adatszetek alapján. A profil felvétel során a beteg számára információátadás is történik. Cél, hogy a betegek kiszolgáltatottságát és ezáltal szorongását csökkentsük, az orvos-beteg kapcsolatot megerősítsük, a kezeléshez való adherenciát javítsuk és olyan életviteli döntések meghozatalához segítsük hozzá, melyek javítják a gyógyulás esélyét és az életminőség romlását megelőzik.

**Témavezető:** Dr. Bálint Bálint László, habilitált egyetemi adjunktus

**Jelentkezési cím:** [balintblaszlo@gmail.com](mailto:balintblaszlo@gmail.com)

**Elvárások:** kutatás-fejlesztés és bioinformatika iránti érdeklődés, onkológiai téma iránti érdeklődés, az R/Python programnyelv alapszintű ismerete

**Meghirdetés:** molekuláris bionikusok (BSc), a orvos-biotechnológusok (MSc), és info-bionikusok (MSc)

## (Sejt)Felszínes bioinformatikai kutatás

**Leírás:** A sejt plazmamembránjában található fehérjék, nemcsak a sejt portársai, hanem ezen fehérjék külvilág felé eső szegmensei adják a sejtek ujjlenyomatát, ami alapján a sejtek identifikálhatóak. A feladat a különböző proteomikai és transzkriptomikai adatok, valamint a kutatócsoportunk által felállított UniTmp adatbázis adatainak felhasználásával egy olyan eszköz előállítását, amely egy felhasználó által megadott génlista alapján meghatározza, melyek azok a sejt felszíni fehérjék a génlistában, amelyek más emberi szövetek sejtjeinek felszínén nem találhatók meg. Egy ilyen eszköz előállítása óriási segítséget nyújt akár rákos, vagy más betegségek biomarker kutatásában és gyógyításában.

**Témavezető:** Dr. Tusnády Gábor, tudományos főmunkatárs

**Jelentkezési cím:** [tusnady.gabor@ttk.hu](mailto:tusnady.gabor@ttk.hu)

**Elvárások:** bioinformatika és szerkezeti biológiai iránti érdeklődés, linux operációs rendszer alapszintű használata

**Meghirdetés:** molekuláris bionikusok (BSc), orvos-biotechnológusok (MSc) és info-bionikusok (MSc)

## Terápiás biomarkerek az onkológiában

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

**Témavezető:** Dr. Fekete János Tibor

**Elérhetőség:** [fekete.janos.tibor@semmelweis.hu](mailto:fekete.janos.tibor@semmelweis.hu)

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

**Meghirdetés:** MB BSc, IB MSc

## Tudományos webszerverek fejlesztése

**Leírás:** A tudományos eredmények megjelenítése a weben, különösen a bioinformatika területén ma már egy külön tudományterület. Számos keretrendszer dolgoztak ki, amelyek használata segíti a fejlesztőket a gyors és hatékony back-end és front-end fejlesztésekben. Az ÖNLAB során egy php alapú keretrendszer elsajátítása és ezen keresztül egy tudományos weboldal fejlesztésére kerül sor.

**Témavezető:** Dr. Tusnády Gábor, tudományos főmunkatárs

**Jelentkezési cím:** [tusnady.gabor@ttk.hu](mailto:tusnady.gabor@ttk.hu)

**Elvárások:** kutatás-fejlesztés és bioinformatika iránti érdeklődés, PHP programnyelv alapszintű ismerete, MySQL alapszintű ismerete

**Meghirdetés:** molekuláris bionikusok (BSc) és info-bionikusok (MSc)

## Tumoros és normál szövetek elkülönítése genomikus adatok felhasználásával

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

**Témavezető:** Dr. Bartha Áron

**Elérhetőség:** [bartha.aron@semmelweis.hu](mailto:bartha.aron@semmelweis.hu)

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

**Meghirdetés:** MB BSc, OB MSc, IB MSc

## Összehasonlító genomikai és transzkriptomikai vizsgálat tumoros ikerpárokban

**Leírás:** A kutatás célja, hogy bioinformatikai eszközök segítségével összehasonlítsuk tumoros ikerpárok genomikai és transzkriptomikai jellemzőit, hogy mélyebb betekintést nyerjünk a rák molekuláris folyamatainak hátterébe. Az ÖNLAB-téma során a hallgatók komplex bioinformatikai analízist végeznek az újgenerációs szekvenálásból nyert adatokon, beleértve a mutációk azonosítását, a strukturális variációk elemzését és a gén-expressziós mintázatok feltérképezését, miáltal jártasságot nyernek az adatelemző folyamatok útvesztőiben. A végső cél a heterogén genetikai jellemzők feltárása mellett a bioinformatikai elemzések során használt elemző lépések összehasonlítása és értékelése.

**Témavezető:** Dr. Munkácsy Gyöngyi egyetemi adjunktus, SE Bioinformatika Tanszék

**Jelentkezési cím:** [munkacsy.gyongyi@semmelweis.hu](mailto:munkacsy.gyongyi@semmelweis.hu)

**Szükséges ismeretek:** a genetika alapjainak ismerete, az R programnyelv alapszintű ismerete, Galaxy használatában való jártasság előny, de nem feltétel

**Meghirdetés:** biomérnök/bionika MSc





# Kik vagyunk

Oktató-kutatók



## Prof. Dr. Györfy Balázs

Általános orvosi diplomáját 2000-ben szerezte meg a Semmelweis Egyetemen, azonban orvosi tanulmányait részben a heidelbergi Ruprecht-Karls Egyetemen végezte. 2005-ben szerzett PhD fokozatot a Semmelweis Egyetem Klinikai Doktori Iskolájában. 2017-ben habilitált a Pázmány Péter Egyetemen, 2015-ben DSc fokozatot szerzett a Magyar Tudományos Akadémián, 2011-ben MSc fokozatot a Semmelweis Egyetemen egészségügyi menedzsmentből. 2020 óta a Semmelweis Egyetem Bioinformatika Tanszékének tanszékvezetője.

Olyan rangos nemzetközi ösztöndíjakban részesült, mint az Alexander von Humboldt-ösztöndíj a berlini Universitätsmedizin Funkcionális Genomika Laboratóriumában (2010–2012), a HAESF Senior Leaders Fellowship a Harvard Egyetemen (Boston, USA, 2008), és Marie-Curie-ösztöndíj a berlini Charité Patológiai Intézetében (2002–2004).

A Web of Science (Clarivate, USA) 2022-ben és 2023-ban kiemelkedően hivatkozott kutatónak („Highly Cited”) nevezte, 2022-ben a Semmelweis Egyetem Kiváló PhD-témavezető díjjal tüntette ki. 2017-ben

Magyarország köztársasági elnökétől megkapta a Magyar Érdemrend Tisztikeresztjét, 2019-ben pedig az Academia Europaea tagjává választották.

Aktívan részt vesz nemzetközi szervezetekben, és az ELIXIR Hungary magyar csomópont vezetőjeként tevékenykedik. Tíz PhD- és huszonkilenc MD/MSc-dolgozat felügyelete mutatja a jövő kutatóinak fejlődése iránti elkötelezettségét.

Kutatásai a bioinformatika, onkológia és mesterséges intelligencia metszéspontjára összpontosítanak, különös tekintettel a rosszindulatú tumorok kutatásának előmozdítására. Webalapú bioinformatikai elemző eszközöket fejleszt, amelyek megkönnyítik a komplex biológiai adatok feltárását és értelmezését, kifejezetten a onkológiai alkalmazásra szabva. Munkája során az onkológiai prediktív, prognosztikai és diagnosztikai biomarkerek azonosításával foglalkozik, azzal a céllal, hogy javítsa a betegségek kimenetelét a precíziós orvoslás révén. Ezenkívül több projektben omikai adatokat integrál a legújabb mesterséges intelligencia technikákkal, hogy új felismeréseket tárjon fel és innovációs megoldásokat tudjon találni a rákdiagnosztikában és terápiában.



## Dr. Menyhárt Otília

Az Állatorvostudományi Egyetem zoológia szakirányán szerzett egyetemi diplomát 2005-ben, ezt követően az Egyesült Államokban a Cornell University-n doktori fokozatot. Berlinben töltött posztdoktori időszakot követően csatlakozott 2014 februárjában Prof. Dr. Györfy Balázs kutatócsoportjához, ahol munkája a rosszindulatú daganatos megbetegedések hátterében álló genetikai elváltozások bioinformatikai elemzésére és in vitro validációjára terjed ki. Kutatásai a daganatos megbetegedések biológiájának széles körét ölelik fel, beleértve a prognózissal és a diagnózissal kapcsolatos genetikai markerek, valamint a terápiás célpontokkal és a kezeléssel szembeni rezisztenciával kapcsolatos génexpressziós mintázatok feltárását. Egyre intenzívebben fordul a tumorok metabolikus folyamatainak átalakulása felé, mely a malignus megbetegedések egyik fontos védjegye. Fő érdeklődési köre a tápanyagmegvonás hatása a tumoros sejtekre, illetve a nehezen kezelhető tumorok, elsősorban a máj-, vese-, hasnyálmirigy- és agydaganatok metabolikus sebezhetőségeinek feltérképezése in silico módszerekkel, elsősorban egysejt-szekvenáláson alapuló adatokból kiindulva.

Az onkológiai kérdések mellett statisztikai problémák is foglalkoztatják. A kutatók szinte minden tudományágban szem-

besülnek azzal a problémával, hogy egyszerre több hipotézist kell értékelniük, ami azonban növeli a hamis pozitív eredmények arányát, ezzel elhomályosítva a valódi felfedezéseket. A többszörös teszteléses korrekciók megkönnyítésére kollégáival egy teljesen automatizált megoldást fejlesztettek ki. A [MultipleTesting.com](https://www.multipletesting.com) eszköz segíti az élettudományi kutatókat a többszörös hipotézis tesztelés korrekciójában, azonban nem igényel programozási ismereteket.

A tanszék angol tanulmányi felelőseként az angol nyelvű bioinformatika oktatás koordinátora, valamint a graduális és posztgraduális hallgatók számára meghirdetett Klinikai Bioinformatika oktatója. Előadásai elsősorban a gépi tanulás és mélytanulás módszereire terjednek ki. Fontosnak tartja a tehetséggondozást és a tudományos utánpótlás nevelését, jelenleg egy PhD hallgató (SE), egy Msc hallgató (ELTE) és öt TDK hallgató és szakdolgozó témavezetője (PPKE, SE).

2023-ban elnyerte az MTA Bolyai János kutatási ösztöndíját, illetve az OTKA Fiala Kutatói kiválósági program keretein belül az „Egysejt-transzkriptomika-alapú adatbázisok létrehozása szolid tumorok klinikai sebezhetőségeinek feltárására” című pályázata négy éves támogatást nyert. 2023-ban a Semmelweis Egyetem szenátusa Hugonnai Vilma emlékéremmel jutalmazta munkásságát.

Kompetenciák: statisztika (SPSS), bioinformatika (Galaxy), génexpresszió, hepatocelluláris karcinóma, vesesejtes karcinóma, emlőkarcinóma, glioblastoma, egysejt szekvenálás



### Dr. Fekete János Tibor

Felsőfokú tanulmányai során biológus BSc (Szombathely, 2012), programozó informatikus (Kecskemét, 2014) és klinikai laboratóriumi kutató MSc (Pécs, 2016) diplomákat szerzett. PhD fokozatát 2021-ben szerezte meg a Semmelweis Egyetem Patológiai Tudományok Doktori Iskolában.

A tanszék magyar tanulmányi felelőseként végzi a tanszék magyar nyelvű oktatásának koordinálását. Részt vesz a Klinikai Bioinformatika tárgy graduális és posztgraduális hallgatók számára meghirdetett magyar és angol nyelvű oktatásában, amelynek keretében a bioinformatikai elemzések alapjaival és mesterséges intelligenciával kapcsolatos előadásokat és gyakorlatokat tart. Az egyetemen működött, a klinikai bioinformatikai kurzus gyakorlati háttérét biztosító Galaxy szerver adminisztrátora.

Tanszéki munkája mellett klinikai biostatistikus, melynek során több hazai és nemzetközi obszervációs és randomizált klinikai vizsgálat statisztikai elemzésében vett részt.

A kutatásainak fókuszában az onkológiában használt prediktív biomarkerek állnak. Ezek lényege a genetikai mutációkon, génexpressziós és epigenetikai mintázatokon alapuló profilok létrehozása gépi tanulás alkalmazásával, amelyek segíthetnek a betegek számára optimális kezelés kivá-

lasztásában és képesek a kezelés kimenetelének előrejelzésére. Ebben a témakörben készült el a bárki számára hozzáférhető [rocplot.com](http://rocplot.com), amely a génexpresszió és a terápiás válasz közötti összefüggések vizsgálatára alkalmazható online alkalmazás. Kutatási témái között olyan alkalmazások fejlesztése is szerepel, amelyek célja, hogy elősegítsék a felhasználók munkáját és hozzájáruljanak a statisztikai elemzések hatékonyabb végrehajtásához. Ilyenek a vágópontok meghatározását lehetővé tevő ROC elemzést végző applikáció ([rocplot.com](http://rocplot.com)), vagy a klinikai vizsgálatok összesített hatását mérő meta-analízisek statisztikai elemzését végző [metaanalysisonline.com](http://metaanalysisonline.com).

Kompetenciák: biostatisztika; statisztikai szoftverek (SPSS, SAS, R); programozás (R, python); Galaxy; gépi tanulás, prediktív biomarker



### Dr. Munkácsy Gyöngyi

Az Állatorvostudományi Egyetem alkalmazott zoológus szakán szerezte diplomáját 2006-ban, majd PhD tanulmányait a Semmelweis Egyetem Patológiai Tudományok Doktori Iskolában végezte. Vizsgálatai középpontjában már ekkor a prognosztikus és prediktív biomarkerek azonosítása állt, amelyhez először saját tervezésű és készítésű siRNS-eket használt gének elcsendesítésére emlőtumoros sejtvonalakon. Labortechnikai ismereteit szélesítette a microarray vizsgálatok elsajátításával, majd nyitva a modernkori eszközök felé, újgenerációs szekvenáláshoz (NGS) kötődő genomikai, transzkriptomikai vizsgálatok végzésében közreműködött. A szekvenálás során keletkező hatalmas adattömeg nemcsak infrastruktúrát és tárhely kapacitást, de szaktudást is igényel, ami megkövetelte számára a bioinformatikai analízisben való széleskörű jártasság megszerzését. A tanszék egyetemi adjunktusaként részt vesz a Klinikai Bioinformatika tárgy medikus és PhD hallgatók számára meghirdetett magyar és angol nyelvű oktatásában, amelynek keretében adatbázis kezeléssel, mesterséges intelligenciával és proteomikai képek elemzésével kapcsolatos előadásokat tart, továbbá az újgenerációs szekvenálással nyert adatok kiértékelésének folyamatáról tart előadásokat és gyakorlatokat. A tanszék Core Facility felelőse és KFI

kapcsolattartója, 2024 óta az ELIXIR Magyarország Node koordinátora. Orvos-biológiai kategóriában a Nők a Tudományban Kiválósági Díj idei nyertese.

Jelenleg az OnkoBank-ban gyűjtött mintákon a szekvenálást megelőző minőségi ellenőrzéseket és a bioinformatikai kiértékelést végzi. Ennek révén mutációkat és transzkriptomikai eltéréseket tár fel, amelyek támpontot adhatnak a klinikusok személyre szabott terápiás döntéshozatalában és lehetőség nyílik új biomarkerek, új terápiás célpontok azonosítására. Az elmúlt évben számos egyetemi és egyetemen kívüli kooperációs partnerrel dolgozott együtt az onkológia és bioinformatika, továbbá hematológia, nőgyógyászat, neurológia, táplálkozástudomány szakterületeken. Etikai engedély iránti kérelmek benyújtásával hozzájárul a tanszék hosszú távú kutatási lehetőségeinek megteremtéséhez.

Kompetenciák: emlőtumor, újgenerációs szekvenálás, RNA-Seq kiértékelés, génexpresszió, biomarker azonosítás, személyre szabott terápia, Galaxy, variáns azonosítás, etikai kérdések







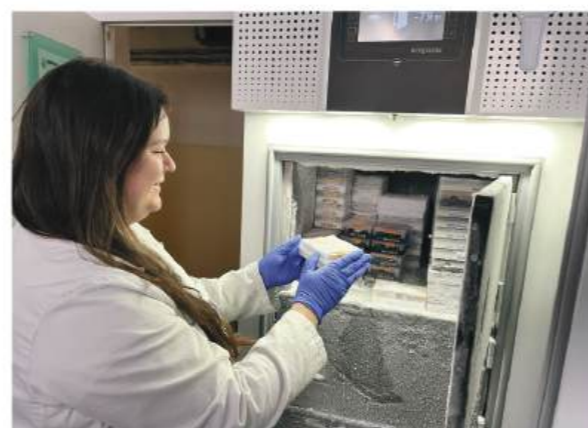
**Dr. Figler Aida**

A Bükki Nemzeti Park segítségével már középiskolásként lehetősége nyílt bekapcsolódni egy édesvízi élőhelyekkel kapcsolatos projektekbe (BISEL módszer), amely megalapozta a biológia iránti szeretetét. Később, 2016-ban megszerezte BSc diplomáját a Debreceni Egyetem Természettudományi és Technológiai Karán biológusként. Ezt követően kezdte meg tanulmányait a Hidrobiológiai Tanszék MSc képzésének biotikus szakirányán, ahol 2018-ban kapta meg diplomáját okleveles hidrobiológusként. Az egyetemi évek során édesvízi zöldalgákkal kapcsolatos kutatásokba kapcsolódott be, amely meghatározta tanulmányainak további lépéseit. A következő 4 évben a debreceni Juhász-Nagy Pál Doktori Iskolában végezte Környezettudományi PhD tanulmányait, ahol később summa cum laude kapta meg doktori fokozatát. A PhD tanulmányai során, a laboratóriumi és terepen végzett kutatómunka mellett, részt vett az elméleti és gyakorlati oktatásban is angol és magyar nyelven egyaránt. Emellett gyakorlatot szerzett mind BSc, mind MSc szakdolgozók témavezetésében, és betanításában a laboratóriumi munkába. Kezdetben kutatásai középpontjában az édesvízi zöldalgák sótűrő és sóeltávolító képessége állt, majd az antropogén hatások és a klímaváltozás miatt megnövekedett sókoncentráció ha-

tásait figyelte meg a *Haematococcus pluvialis* életciklusára és a ciszta képzésére fókuszálva. Munkája során tapasztalatot szerzett a klasszikus analitikai technikákban és a Past program használatában az adatok statisztikai feldolgozása folyamán.

2022 júniusa óta dolgozik a Semmelweis Egyetem Bioinformatika Tanszékén, ahol az OnkoBank koordinációs feladatait látja el. A koordinációs feladatok közé tartozik többek között a szövet- és vérminták gyűjtésének megszervezése, a folyamatos kapcsolattartás a klinikákkal, illetve az újabb mintagyűjtő intézmények felkeresése. Emellett munkájának szerves részét képezi a laboratóriumi kutatómunka (vérminták feldolgozása, fagyasztása, dokumentáció), protokollok kidolgozásába, TDK és Erasmus hallgatók mentorálása, kutatási engedélyek kérelme és dokumentációja, pályázatok írása, kiadványok szerkesztése, valamint a <https://onkobank.com/> honlap kezelése.

Kompetenciák: biológia, laboratóriumi módszerek, szervezési és kapcsolattartási feladatok, adatgyűjtés



**Dr. Bartha Áron**

Graduális képzését 2018-ban fejezte be a Semmelweis Egyetem Általános Orvostudományi Karán, azóta a Bioinformatika Tanszék munkatársa. PhD fokozatát 2024-ben szerezte meg a Semmelweis Egyetem Patológiai Tudományok Doktori Iskolában.

Kutatómunkája során elsősorban transzkriptomikai adatok (RNS szekvenálás, gén chip) feldolgozását, kiértékelését és ábrázolását végzi. Ennek eredményeként jött létre a [tnmplot.com](https://tnmplot.com) webfelület, amely lehetővé teszi a normál és daganatos szövetek génexpresszió szintű elemzését. A felület lehetőséget nyújt több gén szimultán differenciál expressziós elemzésére is, valamint lehetőség van génkészletek funkcionális elemzésére, illetve a meghatározott funkciók publikációkész ábrázolására is.

Emellett tömegspektrometriai adatok feldolgozásával és kiértékelésével is foglalkozik, melynek keretében proteinek mennyiségét és minőségi sajátosságait vizsgálja malignus és egészséges szövetekben. A proteomikai adatok elemzése során, különös figyelmet fordít a proteinek poszt-transzlációs modifikációjának daganatos és egészséges szövetekben történő összehasonlítására. Célja, hogy mélyebb betekintést nyerjen a molekuláris folyamatokba, amelyek hozzájárulnak a daganatos megbetegedések kialakulásához és terjedéséhez.

Részt vesz a Semmelweis Egyetem Bioinformatika Tanszék Klinikai Bioinformatika tantárgyának angol és magyar nyelvű oktatásában. Feladatai közé tartozik a mesterséges intelligencia, proteomika és adatábrázolás modulok oktatása.

Oktató- és kutatómunkájával párhuzamosan a Semmelweis Egyetem Gyermekeklinikájának orvosa.

Kompetenciák: R és Python nyelvek ismerete, újgenerációs szekvenálás, tömegspektrometria, gén-chip, adatok feldolgozása és elemzése





### Dr. Bálint Bálint László

Orvosi diplomáját 1996-ban szerezte meg a Semmelweis Orvostudományi Egyetem Általános Orvosi Karán. 2001-ben kezdte meg PhD tanulmányait a Debreceni Egyetem ÁOK, Biokémiai és Molekuláris Biológiai Intézetében, mint az EU-NUC-REC-NET nevű EU-FP5 konzorcium Young Investigator tagja. PhD kutatásai alatt sikeresen vezette be a kromatin immunoprecipitációs technológiát a munkacsoport eszköztárába. Doktori védésére 2005 decemberében került sor, summa cum laude minősítéssel, disszertációjának címe: „Epigenetic Regulation of Hormonal Response”. 2006–2009 között a Debreceni Egyetem ÁOK, Biokémiai és Molekuláris Biológiai Intézetében kutató, majd 2018-ig a Genomi Medicina és Bioinformatikai Szolgáltató Laboratórium laborvezetője. Vezetése alatt indultak el az Illumina szekvenálási technológiák Debrecenben. Döntő szerepe volt a és ChIP-Seq technológiák sikeres bevezetésében Magyarországon és Debrecenben, több nagy volumenű kutatási projekt sikeres megvalósításában. 2013-tól önálló munkacsoportot vezetett és vezetése alatt három sikeres PhD fokozatszerzés történt. Vezetésével 28 pályamunka készült és 3 OTDK helyezés született. Két alkalommal részesült Szodoray ösztöndíjban, egy alkalommal Magyar Zoltán Ösztöndíjban és egyszer volt Bolyai ösztöndíjas. Több ELIXIR

bioinformatikai és oktatási kurzust szervezett a Debreceni Egyetemen. Második alkalommal 2021–2022 között az MTA Molekuláris Biológiai, Genetikai és Sejtbiológiai Tudományos Bizottság tagja. 2020–2022 között MTA DAB Genomika és Proteomika Munkabizottságának elnöke. 2022-től az MTA Bioinformatikai Osztályközi Bizottság tagja.

2024-ig az ELIXIR Magyarország képzési koordinátora, korábban a NEKIFUT Infrastruktúra Regiszter Genomikai technológiák csoportjának referense és a Nemzeti Genomikai Technológiai Platform Oktatási referense volt. Korábbi években a Debreceni Egyetem ÁOK és Centrum Kari Tanács tag valamint TDT tag volt.

2017-től orvosi laboratóriumi diagnosztika szakorvos, ügyeleti tevékenységet látott el a Debreceni Egyetem Klinikai Központjának Laboratóriumi Medicina Intézetében. 2022 novemberétől a tisztifőorvosként dolgozik.

Könyvtári publikációs listája szerint 51 folyóirat cikk szerzője vagy társszerzője. Hirsch indexe 22.

Kompetenciák: emlőtumor, újgenerációs szekvenálás, RNA-Seq kiértékelés, gén-expresszió, biomarker azonosítás, személyre szabott terápia, Galaxy, klinikai adatbázisok



### Dr. Tusnady Gabor

Az ELTE Természettudományi Kar vegyész szakán szerezte diplomáját, majd az ELTE Biológiai Doktori Iskolájában a Szerkezeti biokémia programban a PhD fokozatát. 1992-től az MTA SZBK Enzimológiai Intézet munkatársa, 2023-tól a tanszékünk kutatási szakértője. Kutatási területe a transzmembrán fehérjék bioinformatikai vizsgálata. Ezen fehérjék rendkívül fontos szerepet játszanak az élettani folyamatok szinte minden területén, részt vesznek az anyagok sejtekbe és sejt-organellumokba történő ki- és beszállításában, az információ átadásban, jelátviteli útvonalak érzékelésében, sőt még a sejtek energiatermelésében is. Éppen emiatt ezen fehérjék szerkezetének és működésének a megértése orvosbiológiai szempontból rendkívül fontos. Mivel a transzmembrán fehérjék kísérletesen nehezen és költségesen vizsgálhatók, ezért szerkezetüknek, tulajdonságaiknak bioinformatika módszerekkel való feltárása szinte az egyetlen járható út. Tusnady Gabor által létrehozott adatbázisokat és szervereket, amelyek a transzmembrán fehérjék szerkezetének különböző szintjeiről nyújtanak információt, évente több millióan használják világszerte. Munkáját számos díjban ismerték el (Magyar Zoltán posztdoktori ösztöndíj, Bolyai János Emlékplakett, Kajtár Márton Díj), több hazai és nemzetközi tudományos

társaság tagja (Magyar Biokémiai Társaság, Magyar Biofizikai társaság, Magyar Bioinformatikai Társaság, International Society for Computational Biology), 2016 óta a Magyar Bioinformatika Társaság Főtitkára. Több doktori iskolában (ELTE BDI, FDI; BME Oláh György DI, SE) és MSc szakán oktatott és oktat Fehérje Bioinformatikát, diákjai közül 2 OTDK 1 helyezést ért el, 1 Pro Scientia Díjat kapott.

A transzmembrán fehérjék tulajdonságainak, szerkezetének vizsgálata rendkívül nehéz és költséges laboratóriumi eszközökkel, ezen fehérjék inherens kettős tulajdonságai miatt. Bár az elmúlt évtizedben bekövetkezett egy nagymértékű fejlődés a mesterséges intelligencia matematikai modelljei területén, amely hatalmas robbanást eredményezett a fehérjeszerkezet predikció területén is (lásd pl AlphaFold2, AF2), a fehérje komplexek és tranzienst fehérje-fehérje kapcsolatok elméleti meghatározása még mindig kihívást jelent a tudósok számára, különösen a transzmembrán fehérjék területén. Ezek az eljárások ugyanis nagyon nagy pontossággal képesek modellezni globuláris fehérjék monomer szerkezetét, de ez a pontosság nagymértékben függ attól, mennyi a tanítás során a rokon templát fehérjék száma. Éppen ezért a metagenomok és transzmembrán fehérjék esetében a becslés pontossága nagymértékben csökken. Továbbá a transzmembrán fehérjék esetében a kettős lipid réteg által támasztott térbeli megszorításokat sem veszik figyelembe az algoritmusok. Az AF2-multimer eljárás ugyan képes az oligomer fehérjék szerkezetét modellezni, de itt a pontosság még kisebb. A kutatás során célunk az AF2 eljárás módosítása oly módon, hogy a kettős lipid réteg által támasztott térbeli megszorítások be legyenek építve a modellbe; továbbá olyan, mesterséges intelligenciát fel-

használó alkalmazás létrehozása, amely képes a transzmembrán fehérjék oligomer állapotának becslésére és oligomer fehérjék esetében a képződő homo- és hetero oligomer szerkezetének becslésére, mind statikus komplexek, mind rendezetlen fehérje régiókban található szekvenciamotívumok segítségével létrejövő tranzies kölcsönhatások esetében. Ez utóbbi kölcsönhatásokból néhány élettani szempontból vagy valamilyen betegség szempontjából

fontos esetet in vitro módszerekkel is validáljuk. A kutatás eredményei mind a gyógyszerkutatásban, mind különböző betegségek gyógyításához nyújtanak majd igen fontos adatokat.

Kompetenciák: fehérje bioinformatika; transzmembrán fehérjék; adatbázisok létrehozása, fenntartása; tudományos web-szerverek létrehozása, fenntartása; C, C++, PHP, Python, Javascript, React programozás; Laravel keretrendszer; MySQL.



### Dr. Szállási Zoltán

Dr. Szállási Zoltán 1988-ban szerzett orvosi diplomát a Debreceni Orvostudományi Egyetemen. A rák molekuláris farmakológiájával kapcsolatos posztdoktori kutatásokat végzett az USA Nemzeti Rákkutató Intézetben. Oktatóként először az Uniformed Services University of Health Sciences, később pedig a Boston Children's Hospital és a Harvard Medical School munkatársaként az emlőrák nagy genomikai-szintű elemzésével foglalkozott. Több mint 250 lektorált tudományos cikket publikált, főként a rák molekuláris farmakológiájáról és az omikai elemzéséről.

Az aktuális kutatásaik során Dr. Szállási és kollégái azt vizsgálják, hogy egy adott DNS-javítási útvonal hiánya fennáll-e a világossejtes vesesejtes carcinoma (ccRCC) esetének egy alcsoportjában, ami érzékenyvé teheti őket a célzott terápiára. Az

eddig, DNS-javítási hiányok kihasználásán alapuló kezelések nem voltak hatékonyak a ccRCC esetében. A tanulmányaik a nukleotid-excíziós javítás (NER) hiányára összpontosítanak, amely bizonyos kezelések esetében érzékenyvé teheti a rákos sejteket. Tesztekét végeznek a NER-hiány mérésére ccRCC sejtvonalakban, és érzékenységüket vizsgálják egy adott gyógyszerre, amely alkalmazható a NER-hiányos sejtek célzására. Továbbá a valós betegmintákban is keresik a NER-hiányt a genetikai adatok elemzésével.

Az előzetes eredmények azt mutatják, hogy néhány sejtvonal hiányzik a NER-ből és érzékeny a célzott kezelésre, ráadásul a betegek számára biztonságos adagokban. Nemrég azonosítottak egy Prostaglandin Reductase 1 (PTGR1) nevű gént, amely kapcsolódik ehhez az érzékenységhöz. A genetikai elemzés mutációs jeleket mutatott a NER-hiányhoz mind a sejtvonalakban, mind a páciensek mintáiban, ahol egy alcsoport magas PTGR1 kifejeződést mutatott.



### Dr. Vízkeleti Laura

A Debreceni Egyetem Természettudományi Karán szerzett molekuláris biológus (genetikus) diplomát 2007-ben, majd PhD fokozatot 2014-ben a DE Egészségtudományok Doktori Iskolában tumor biológia területén malignus melanomák biomarkereit kutatva. Vendég kutatóként dolgozott Japánban a Gifu Orvosi Egyetem Immunpatológia Intézetében. 2015-től a Semmelweis Egyetem 2. sz. Patológiai Intézet, majd 2022-től a Bioinformatika Tanszék tudományos munkatársa. Kutatásai fókuszában kezdetben a daganat genetikája állt. Humán melanomák progressziójának hátterében álló molekuláris eltéréseket vizsgálta különböző array technológiák és iFISH technika segítségével. A Patológián eltöltött években a melanoma kutatások folytatása mellett, a nem kissejtes tüdőrákok és emlőrákok távoli áttétképzését meghatározó eltérések kutatásával foglalkozott, új generációs szekvenálást alkalmazva. Majd figyelve egyre inkább a funkcionális epigenetika és új terápiás megoldások irányába fordult, ahol elsősorban a vastagbélrákok differenciációját és a prosztatatarákok terápia indukálta progresszióját befolyásoló epigenetikai faktorokat kutatja.

Kutatásaik alapvetően négy fő irányban zajlanak. (1) A vastagbélrák kialakulásának egyik vezér folyamata: az őssejt állapot és

differenciáció egyensúlyának felborulása, amely epigenetikailag szabályozott. Ezen regulátorok és faktorok vizsgálata különböző in vitro és in vivo modellrendszereken CRISPR/Cas9 és PROTAC alapú technikákkal, nagy felbontású (egysejt) szekvenálással új terápiás megközelítésekhez vezethet a háttérben meghúzódó, jelenleg nem ismert folyamatok feltárásán túl. (2) Az áttétes melanoma a legnagyobb terápiás kihívást jelentő daganatok egyike. A legígéretesebb megközelítést jelenleg az immunterápia jelenti. Az ennek sikerét befolyásoló molekuláris eltérések, továbbá a távoli áttétképzés szervi sajátosságainak megértése a jövőben kulcsfontosságú lehet a kezelések sikerességében. (3) A prosztatatarákok standard terápia magában foglalja a kémiai kasztrációt. A hosszútávú kezelés azonban a daganatos sejtek fokozatos alkalmazkodásához, neuroendokrin differenciációhoz vezet. A terápia indukált progressziót befolyásoló epigenetikai faktorok vizsgálata új terápiás megközelítések kialakítását teszi lehetővé. (4) A korai (IA) stádiumú tüdő adenokarcinóma kezelése, a nemzetközi irányelvek alapján, csak a műtéti eltávolítást foglalja magába (kivéve súlyos társbetegségek esetén), míg az adjuváns kemoterápia kifejezetten ellenjavallt. Az 5 éves túlélési arány azonban így is csupán 70% körüli a minimális reziduális betegség és korai kiújulás következtében. Ezért szükség van olyan megbízható biomarkerekre, melyek képesek pontosan előre jelezni a nagy kiújulási kockázatú betegeket.



Ennek kulcsát a folyadékbiopsziában és az aktuális állapotot jól követő epigenetikai változásokban látják.

Kompetenciák: alapvető molekuláris biológiai technikák (pl. PCR, Western blot, IHC, bakteriális transzformáció, stb.), in vitro terápiás vizsgálatok, génszerkesztés –



### Dr. Sluch Martina

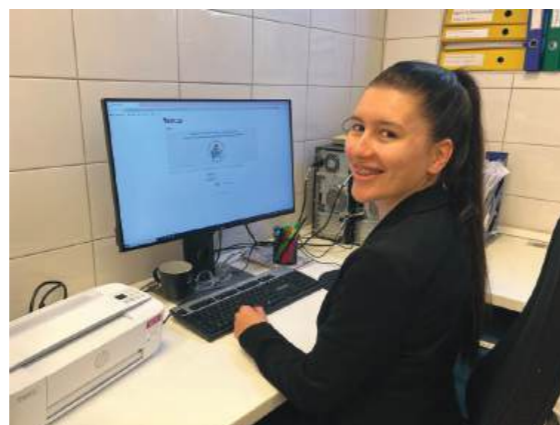
Középiskolai tanulmányait a Békéscsabai Andrassy Gyula Gimnázium és Kollégiumban emelt biológia szakirányon végezte, majd 2016-ban kezdte meg egyetemi tanulmányait a Semmelweis Egyetem Általános Orvostudományi Karán. Már az egyetem első éveiben érdeklődni kezdett az elméleti és kísérletes orvostudományi ágazatok iránt. Egyetemistaként részt vett a koronavírus járvány elleni küzdelemben: mintavételi és mintaszállítási feladatokat látott el. A szigorló év előtt csaknem egy évig dolgozott mikrobiológiai laboratóriumban, ahol számtalan PCR illetve szerológiai vizsgálatot volt lehetősége megfigyelni, illetve egyedül is elvégezni. Emellett részt vehetett az eredmények kiértékelésében és leletezésében. Szakdolgozatát a Semmelweis Egyetem Laboratóriumi Medicina Intézetben írta „Légúti fertőzések infekció specifikus molekuláris vizsgálata” címmel, ezáltal betekinthezt a molekuláris laboratóriumi eredmények statisztikai elemzésébe is. Általános orvosi diplomáját

CRISPR/Cas9 alapú technikák (screening, knock-out, knock-in), lentivírus rendszerek, targetált protein degradálás, ChIP technikák, fluoreszcens modellrendszerek, NGS, extracelluláris vezikulák vizsgálata és a fentiekhez kapcsolódó validációs, kiegészítő eljárások

2023 júniusában szerezte meg summa cum laude minősítéssel.

Már végzős orvostanhallgatóként megkezdte a munkát a Bioinformatika Tanszéken, ekkor adatgyűjtési és mintaszállítási feladatokat látott el az OnkoBank-ban. Jelenleg, ugyancsak az OnkoBank munkatársaként, a kutatások szempontjából releváns klinikai, patológiai és utánkötéses adatok gyűjtése a feladata. Ezek az adatok a REDCap nevű online adatbázisba kerülnek, ahonnan igény szerint könnyedén visszakéreshetők. Ezen kívül részt vesz a klinikákkal való kapcsolattartásban, illetve az adatbázis testreszabásában is.

Kompetenciák: általános orvosi kompetenciák, alapvető molekuláris biológiai ismeretek, laboratóriumi munka, adatgyűjtés



### Dr. Dobson László Imre

A Pázmány Péter Katolikus Egyetemen szerzett info-bionikus mérnöki diplomát, majd az ELTE Biológiai Doktori Iskolájában a Szerkezeti biokémia programban PhD fokozatot. Az elmúlt 10 év jelentős részében az Enzimológiai Intézetben dolgozott Tusnady Gábor csoportjában és a számos betegséggel kapcsolatba hozható transzmembrán fehérjéket vizsgálta biofizikai és mesterséges intelligenciát használó módszerekkel. Eredményei többek között topológibecsléssel kapcsolatos adatbázisok és predikciós eljárások fejlesztése, valamint ezekkel a létrejött programokkal és adatokkal nagyskálás elemzéseket végzett humán membrán fehérjéken. Legfontosabb eredménye egy olyan topológibecslő módszer kidolgozása, amely képes megbecsülni, mely szegmensek ágyazódnak be a membránba, illetve megadja a köztes régiók membránhoz viszonyított helyzetét. Részt vett számos nagyobb konzorciális adatbázis és predikciós módszer létrehozásában (Eukaryotic Linear Motif resource, DisProt database, PlatoLoCo). Munkáját számos díjjal ismerték el (Akadémiai Ifjúsági Díj, Farkas Tibor Plakett, Bárány Róbert Díj). 2020-ban European Molecular Biology Organization, majd 2021-ben Marie Skłodowska-Curie Actions ösztöndíjjal összesen több mint 2 évig a heidelbergi Európai Molekuláris Biológiai Laboratóriumban

dolgozott Toby Gibson csoportjában. 2024-ben csatlakozott a Semmelweis Egyetem Bioinformatika Tanszékhez. Jelenlegi kutatása eukarióta patogén kórokozók fehérjéire fókuszál, ahol célja a betegség lefolyásában kulcsszerepet játszó fehérjék azonosítása és vizsgálata bioinformatikai módszerekkel.

Kutatásaik során eukarióta patogének és a gazdaszervezet sejtjeinek kapcsolódási módját vizsgálják. Eddigi ismeretek alapján a patogének számos módon képesek befolyásolni a gazdasejt működését, amibe beletartozik az immunválasz elnyomása, a sejtciklus befolyásolása vagy a replikációs rendszer felhasználása saját célra. Ahhoz hogy ezek a lépések megvalósuljanak a patogénnek valamilyen kapcsolatot kell kialakítani a gazdasejttel és be kell juttatnia a virulencia faktorokat annak citoplazmájába. A gazdasejttel való kapcsolódás kialakításában és a transzportban kulcsszerepe van a fehérje-fehérje interakcióknak. Ezeknek a kölcsönhatásoknak egy fontos típusát képezik a lineáris motívum által vezérelt interakciók, melyek a különböző patogének fegyverkezési versenyében fontos szerepet töltenek be. A lineáris motívumok jellemzően de novo képesek megjelenni a patogén fehérjéiben és a gazdasejt fehérjeinek globuláris doménjeihez kapcsolódnak. Alacsony információtartalmuk miatt azonban rendkívül fáradtságos és





költséges kísérletes módon igazolni a jelenlétüket, ezért a vizsgálatok során a számítógépes módszerek előtérbe kerültek. A kutatások során sor kerül növényi és állati sejtek felszíni fehérjekészletének meghatározására, eukarióta patogének felszínén megjelenő fehérjék azonosítására, vala-

mint a lehetséges kapcsolódási módok vizsgálatára különböző eukarióta patogének és azok gazdaszervezetei között.

Kompetenciák: fehérje szerkezet predikció, fehérje-fehérje kölcsönhatások, membrán fehérjék, patogének, python, machine learning, deep learning



**Weltz Boglárka**

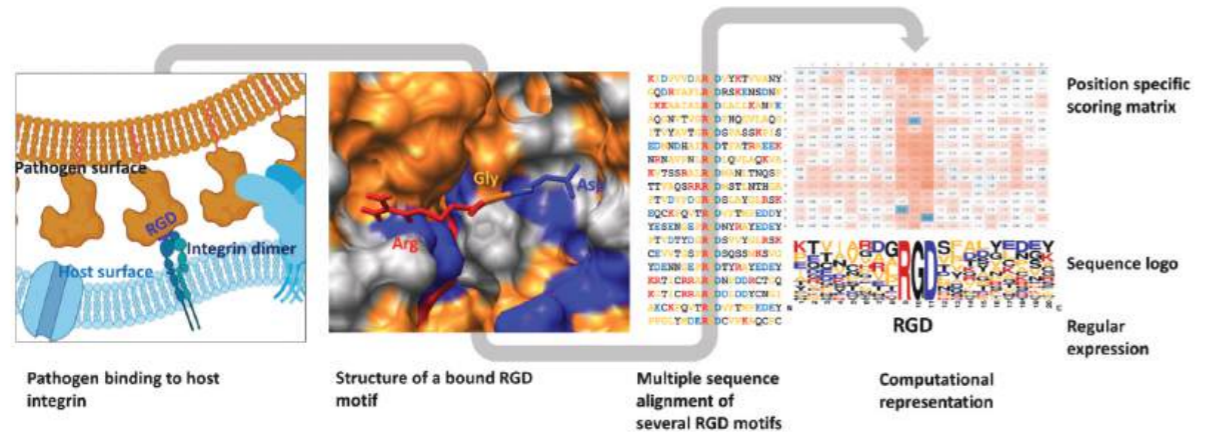
A Pázmány Péter Katolikus Egyetemen kezdte meg egyetemi tanulmányait molekuláris bionika szakon 2009-ben. Már az egyetem alatt csatlakozott Prof. Dr. Györfly Balázs kutatócsoportjához és bekapcsolódott a Semmelweis-en futó onkológiai és bioinformatikai kutatásokba. Szakdolgozatának témája is egy osztályozó algoritmus volt, mely az emlőtumoros betegek túlélését hivatott előjelezni. Ezután szerzett infobionikus mérnöki diplomát 2015-ben. A diplomamunkájának keretén belül az endoszkópos és endokapszulás videofelvételek automatikus elemzésével és minősítésével foglalkozott. Az egyetem befejezése óta több tanulmányban szerepelt társszerzőként, de nem tudományos témákban is kipróbálta magát webfejlesztőként, majd egy kisebb csapat vezetésével is foglalkozott. Munkájában szereti a kihívásokat és a megoldandó problémákat. Érdeklődési területei között van a webes rendszerek fej-

lesztése, adatbázis-kezelés, csapatvezetés.

Egyik kutatási témájában azzal foglalkozik, hogy nemcsak biológiai, hanem statisztikai oldalról is fontos megközelíteni az adott megfigyeléseket, hipotéziseket. Gyakran előfordul, hogy a kutatóknak többszörös teszteléses korrekciókat szükséges elvégezniük. Ennek segítésére alkották meg kollégáival a [multipletesting.com](http://multipletesting.com) webfelületet, mely programozási háttér nélkül is könnyedén használható bárki számára.

Részt vett továbbá a [tnmplot.com](http://tnmplot.com) weboldal elkészítésében, ahol tudományos társaival létrehoztak egy felületet, mely transzkriptomikai adatokkal dolgozik, elemzi a normál és daganatos szövetek génexpresszióját, majd különböző típusú ábrákkal szemlélteti az eredményeket.

Kompetenciák: programozási nyelvek (R + shiny, PHP, Javascript), adatbázisok (MySQL, PostgreSQL), Drupal, Docker, Linux



**Lánczky András**

A Pázmány Péter Katolikus Egyetem Informatikai Technológia Karán végzett 2012-ben. Az egyetemi évei alatt foglalkozott génexpressziós adatok alapján végzett túlélési elemzéssel, diplomamunka keretében ismeretlen eredetű tumorok osztályozásával és neurális hálózat alapú idősor-elemzéssel.

Számos tanulmányban részt vett a Semmelweis Egyetemen, ugyanakkor nem tudományos területen is szerzett tapasztalatot webalkalmazás fejlesztésben.

Kompetenciák: szoftverfejlesztés (R, PHP, Java), grafikus felületek, bioinformatika



**Ankita Murmu**

Ankita Indiában szerzett alap- és mesterdiplomát biotechnológiából, ahol tapasztalatot szerzett a laboratóriumi technikák terén. Kivüntetéssel diplomázott, és az alapképzés során egyetemi tudományos kivüntetést is kapott, mert az első helyet szerezte meg az éremrendben. A bioinformatika iránti érdeklődése akkor kezdődött, amikor a Parkinson-kór és a melanoma differenciális génexpressziójával és útvonalelemzésével foglalkozó mesterszakos diplomamunkáján dolgozott. 2022-ben Stipendium Hungaricum ösztöndíjjal Magyarországon folytatta PhD tanulmányait, és csatlakozott a Bioinformatika Tanszékhez Prof. Dr. Györfy Balázs irányítása alatt. Akadémiai elfoglaltságai mellett olyan tudományos szervezetek tagja, mint az International Society for Computational Biology és az ELIXIR Europe Single-Cell Omics Community of Single-Cell Omics. Emellett olyan nonprofit szervezeteknek is tagja, mint a STEM for Development és a Nemzetközi Semmelweis Diákszövetség. Lelkes híve a nyílt tudománynak, és részt vett a 2021-es DNAnexus genomikai hackathonon, ahol a patogén variánsokhoz kapcsolódó expressziós profilokat és útvonalakat vizualizálta a vastagbélrák klinikai terápiás célpontjainak és gyógyszerhasználatának javaslata céljából. Emellett a német bioinformatikai infrastruktúra-hálózat 2023-as, adatkezelésre összpontosító tavaszi iskolájának 15 legjobb résztvevője közé került. Szereti a tudományt kommunikálni, és 2023 óta szabadúszó tudományos íróként is dolgozik.

Kutatási területe a személyre szabott orvoslás, a terápiás stratégiákra összpontosítva. Lenyűgözi, hogy a transzkriptomika (a génexpresszió tanulmányozása) és a klinikai adatok hogyan használhatók fel a rákos betegek kezelési stratégiáinak fejlesztésére. Doktori értekezésében a bioinformatikát és a gépi tanulást átfogó multidiszciplináris megközelítésre összpontosít, azzal a céllal, hogy a rákterápiában a precíziós orvoslás paradigmáit fejlessze. A petefészekrákos betegek nyilvánosan elérhető egysejtes transzkriptomikai adatait használja fel a tumor mikro környezetén belüli sejtes heterogenitás elemzésére olyan eszközökkel, mint a Seurat. A projekt célja a petefészekrák sejtek és az immunsejtek közötti sejt-kommunikáció feltárása differenciálódási állapotokban, az immunterápia terápiás célpontjainak azonosítása céljából. Emellett a Surveillance, Epidemiology, and End Results adatbázisból származó emlőrákos betegek adatai alapján mesterséges intelligencia alapú webes platform kifejlesztésén is dolgozik a klinikai döntéstámogatáshoz. A mesterséges intelligencia platform segítségével a klinikai adatok felhasználásával kiszámítható a kemoterápia előnye az egyes emlőrákos betegek esetében. Hosszú távú kutatási célja, hogy a rákbetegek ellátását a beteg egyedi genetikai felépítésén és kórtörténetén alapuló, személyre szabott terápiák irányába terelje.



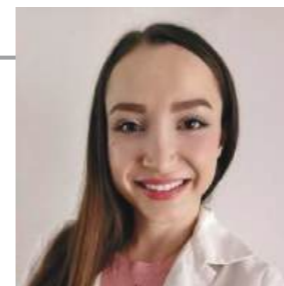
**Braskó Vadassy Rita**

Braskó Vadassy Rita, biológus. Jelenlegi tevékenysége középpontjában doktori munkája áll, melynek fő témája az emlőrák kutatása és a gépi tanulás eszközeinek kihasználása e kutatások során.

A gépi tanulás – vagy ahogy sokan ismerik, a „machine learning” – hihetetlenül értékes eszköz a biológiai kutatásokban. E technológia lehetővé teszi az elemző eszközök fejlesztését, amelyek hatalmas adatmennyiségekből (az úgynevezett big data-ból) származó mintázatokat azonosítanak és értelmeznek. Ezáltal jobban meg lehet érteni a betegségek kialakulásának mechanizmusait és potenciális kezelési stratégiák dolgozhatók ki.

Az általa végzett kutatások során a gépi tanulás modelljeit alkalmazza azzal a céllal, hogy összekapcsolja és elemze a különböző adatbázisokban elérhető információkat. Ezek az adatok lehetnek klinikai adatok, genetikai adatok, szövettani minták vagy akár betegségmodellezési adatok. Az ilyen összekapcsolás lehetővé teszi, hogy átfogóbb képet kapjunk az emlőrák kialakulásáról és folyamatáról, valamint ,hogyan hatékonyabb kezelési stratégiákat fejlesszünk ki.

Emellett kiemelt figyelmet fordít a génterápia fejlesztésére is. A génterápia egy izgalmas terület, amely potenciálisan forradalmasíthatja az onkológiai kezeléseket. A gépi tanulás modellek segíthetnek azonosítani azokat a genetikai változásokat, amelyek kulcsfontosságúak lehetnek az emlőrák kialakulásában, és lehetővé teszik, hogy célzott génterápiás megoldások kifejlesztését. Egy olyan jövő felé haladunk, ahol a gépi tanulás és a biológiai kutatás szorosan összefonódik, és együttesen lehetővé teszi az egészségügyi kihívások hatékonyabb kezelését és megelőzését.



**Karadocsev Éva**

Biológia-kémia tagozatos gimnáziumba járt, majd 2023-ban szerzett diplomát a Debreceni Egyetemen. Alapszakos biológusként molekuláris biológiára specializálódott, szakdolgozatát bioinformatika témakörben írta a DE-TTK, Genetikai és Alkalmazott Mikrobiológiai Tanszékén. A Schizosaccharomyces nemzetségen belül vizsgálta a citokinezt bioinformatikai módszerek (ClustalW, Protdist,

Neighbor-Joining, Retree, Treeview) segítségével. Munkájának célja az volt, hogy a folyamatban résztvevő fehérjék evolúciós kapcsolatairól új információkat kapjon a fehérjék aminosav-sorrendjének filogenetikai elemzésén keresztül. Számítógépes adatbázisok (pl. Pfam) segítségével járt utána, hogy az általa vizsgált fehérjéknek vannak-e doménjei, illetve mik ezeknek a funkciói. Szakmai gyakorlatát a debreceni TEVA Gyógyszergyár Zrt. Minőségbiztosító Igazgatóságának Mikrobiológiai Ellenőrző Osztályán töltötte. Feladatait elsősorban alapvető mikrobiológiai vizsgálatok tették ki: általános és szelektív dúsítások kioltást differenciáló táptalajokra, mikroorganizmus izolálás vegyes tenyészetből, Gram-festés, mikroorganizmus azonosítás félautomata és automata identifikáló módszerekkel, nem-steril gyógyszerkészítmények vizsgálata, monitorozás. Tanulmányait a



táplálkozástudományi mesterképzésen folytatta. A DE-ÁOK, Népegészség- és Járványtani intézetben készült diplomamunkája során egy, a Magyarországon élő emberek körében is elvégzett egészségfelmérésben szereplő krónikus betegségeket és az azokat előidéző táplálkozási szokásokat vizsgálta. Elsősorban a súlyos táplálkozási hibák és azok szerepe érdekelte bizonyos betegségek kialakulásában és progressziójában. Ezzel szoros összefüggésbe helyezte az intervenciót, valamint annak beteggondozással történő kiegészítését. Szakmai gyakorlatát a berettyóújfalui Gróf Tisza István Kórház Központi Dietetikai Szolgálatnál töltötte. Itt alapvető élelmezési ismereteket sajátított el, mint pl.: terápiás étrendek összeállítása, ezek monitorozása és táblázatban való kezelése; betegek tájékoztatása terápiás étrendekről, betegek fogadóórán történő informálása táplálkozási ismeretekről. Az OnkoBank infrastruktúrájába 2023-ban csatlakozott be, eleinte laboratóriumi asszisztensként. Ekkor elsősorban a mintaátvételi-, mintafeldolgozási-, valamint az adminisztratív feladatokból vette ki a részét. Rövidesen ezzel párhuzamosan PhD tanulmányait is megkezdte a tanszéken, a Semmelweis Egyetem Doktori Iskolájának Patológia-Onkológia tagozatán. Jelenleg elsőéves hallgató Prof. Dr. Györfly Balázs témavezetésével.



Munkája célja a prediktív biomarkerek azonosítása szolid tumorokban. Ez olyan target gének prognosztikus szerepének vizsgálata a Bioinformatika Tanszék OnkoBankjában gyűjtött pankreászrák mintákban, amelyek a rosszindulatú daganat metabolizmus hallmarkkal összefüggnek. Újgenerációs szekvenálással és qPCR-rel a génexpressziós változásokat szeretné in vitro is bizonyítani hasnyálmirigyrákos sejtvonalakon. A génvizsgálathoz és összehasonlításhoz minta forrásként pankreászrákban szenvedő betegek daganatos szövettani metszeteteit fogja felhasználni. A frissen lefagyasztott mintákból RNS-izolálást tervez végezni a rendelkezésünkre álló eszközök segítségével, amelyet annak felhasználásáig az OnkoBank ultramélyhűtőiben tud eltárolni. Kontrollnak ugyanazon betegek tumormentes mintáit tudja felhasználni. A fenti módszerrel izolált RNS koncentrációját spektrofotométerrel szeretné meghatározni, az RNS minőségi kontrollját agarózgelen történő futtatással tudja elvégezni. A továbbiakban már csak a szabályos riboszomális RNS-mintázatot mutató próbákat tervezi vizsgálni. A génexpressziót valós idejű PCR vizsgálattal tudja lemérni. A sejtek migrációs, inváziós, proliferációs tulajdonságainak megváltozását különböző minőségi próbákkal fogja elemezni. A későbbiekben a fokozott génexpresszió jelenlétét szöveti metszeteken, immunhisztokémiával tervezi igazolni. Azt is szeretné megvizsgálni, hogy ez hogyan függ össze a terápiás válasszal a kemoterápiás kezelések függvényében, illetve milyen kapcsolatot mutat a táplálkozással. A kutatáshoz szükséges mintákat a Semmelweis Egyetem Sebészeti, Transzplantációs és Gasztroenterológiai Klinikájával történő kollaborációja biztosítja számára. A szükséges előzetes adatok kigyűjtéséhez a MetaAnalysisOnline szoftvert, illetve a REDCap adatbázist használja.

Kompetenciák: molekuláris biológiai és táplálkozástudományi ismeretek, onkológiai alapismeretek, mintagyűjtés és laboratóriumi feldolgozás, kapcsolattartás



### Kiss Luca Annamária

Luca a Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi Egyetemen végezte BSc tanulmányait vegyészmérnök szakon, gyógyszeripari fakultáción. Itt széleskörű laboratóriumi gyakorlatot és elméleti ismereteket szerzett a gyógyszeripari technológiák, mérnöki tudományok és farmakológia területén. MSc diplomáját ugyanezen az egyetemen, egészségügyi mérnök szakon szerezte 2022-ben, ahol lehetősége nyílt az orvosi biológiai ismeretek elmélyítésére.

MSc tanulmányai során csatlakozott a Semmelweis Egyetem Biofizikai és Sugárbiológiai Intézet Nanobiotechnológia és egyedi-molekula biofizika kutatócsoportjához, ahol Dr. Kellermayer Miklós vezetése alatt folytatódott kutatásai. Itt főként mikroszkópos technológiák segítségével, mint az Atomerő Mikroszkóp (AFM) és a Teljes Belső visszaverődéses Fluoreszcencia Mikroszkóp (TURF), vizsgálta a vírusok, elsősorban T7 bakteriofág és a SARS-CoV-2 nanomechanikai tulajdonságait. Kutatási eredményeit többek között TDK-n és OTDK-n is bemutatta.

PhD tanulmányait 2023-ban kezdte a Semmelweis Egyetem Doktori Iskolájának Patológiai Tudományok Tagozatán, Dr. Menyhárt Otília témavezetése alatt. Kutatása elsősorban a tumorsejtek glükóz és zsírsavanyagcseréjében bekövetkező változásokat vizsgálja, különös figyelmet fordítva a daganatellenes terápiákra adott válaszokra. Emellett tanulmányozza a gyakorlatban alkalmazott antidiabetikus szerek, a ketogén környezet és a zsírsavanyagcserét befolyásoló gyógyszerek hatását a tumorsejtek expressziójára.

PhD munkája mellett a 77 Elektronika Kft. Fejlesztési Osztályán dolgozik a diabétesz kutatási területen. Kutatása a Kooperatív Doktori Program által támogatott.



### Dr. Kothalawala William Jayasekara

2020-ban végzett a Debreceni Egyetem Általános Orvostudományi karán általános orvosként, ugyanezen évben pedig az Egyetem Informatikai Karának mérnökinformatikus alapképzését is elvégezte. Az egyetemi évek során oktatási és kutatási tevékenységet is folytatott az Anatómiai-, Szövet- és Fejlődéstan Intézetben, kutatási eredményeit TDK és OTDK konferenciákon kívül számos hazai és külföldi konferencián bemutatta.

Doktori tanulmányait a Semmelweis Egyetemen kezdte meg a Rácz Károly Klinikai Orvostudományok Doktori Iskolában 2020-ban, ahol lézermikrodisszektált egyes sejtes (single-cell) minták laboratóriumi feldolgozásával, exomszekvenálásával és bioinformatikai analízisével foglalkozott. 2022-től a Bioinformatika Tanszéken folytatta tanulmányait és kutatását Prof. Dr. Györfly Balázs témavezetésével, ahol vastagbél- és emlődaganatos single-cell transzkriptomikai adatok integrált bioinformatikai elemzésével foglalkozik. A projekt keretében publikusan elérhető transzkriptomikai (sc-RNAseq) adatokból készít egy integrált adatbázist és interaktív online elemzőfelületet, amely a különböző sejttípusok génexpressziós különbségeit, illetve korrelációs kapcsolatait világitja meg.





## Kovács Szonja Anna

Szonja az alapképzést és a mesterképzést is a Debreceni Egyetemen végezte el, ahol már a Biomérnök BSc második évétől aktívan részt vett a labormunkában. Eredményeit TDK és OTDK konferenciák mellett számos hazai rendezvényen is bemutatta. A 2018 és 2020 közötti időszakban Molekuláris Biológus MSc képzésen vett részt, biokémia-genomika szakirányon. Jelenleg PhD tanulmányait a Semmelweis Egyetem Doktori Iskolájának Patológia és Onkológia Tagozatán folytatja Prof. Dr. Gyórfy Balázs témavezetése alatt. Kutatási területe az immuncheckpoint-gátlókra jellemző biomarkerek vizsgálata, melyek kiemelt jelentőséggel bírnak az immunterápiás kezelések hatékonyságának megértésében és fejlesztésében. Ennek érdekében olyan daganatos betegektől gyűjt publikusan elérhető klinikai és génexpressziós adatokat, akik immunterápiás kezelést kaptak, mint például az anti-PD-1, anti-PD-L1, és az anti-CTLA-4. Ezeket az adatokat munkatársaival statisztikai kiértékeléseknek vetik alá, hogy új biomarkereket azonosítsanak be, melyek potenciális gyógyszer-célpontokként szolgálhatnak. Létrehoztak továbbá egy bárki számára elérhető, online elemzőrendszer is, mely lehetővé teszi a klinikai adatok elemzését és azok gyakorlati kiértékelését. Ennek eredményeként kiválasztásra került egy célpont, mely potenciálisan célozható markere lehet az anti-PD-1 rezisztenciának melanómában. Hipotézisüket egérmodelleken való kísérletes validációval támasztották alá, mely segítségével hatékonyabb kombinációs terápia fejlesztésére nyílnak lehetőségek.

Emellett, az *in silico* prediktált génpanelt magyarországi daganatos betegek FFPE mintáin vizsgálják RT-qPCR módszerrel. Ennek célja az, hogy segítséget nyújtson az anti-PD-1 terápiára jól és rosszul reagáló betegek korai kiválasztásában, még a kezelés megkezdése előtt.

Másik fő projektje a Semmelweis Onkobank létrehozása volt, ahol aktívan részt vett az engedélyeztetési folyamatokban, az eszközpark kialakításában, a mintagyűjtési és feldolgozási protokollok kidolgozásában és optimalizálásában, valamint a minőségirányítási rendszerek kiépítésében. Részt vett a Bioinformatika Tanszék REDCap elektronikus adatgyűjtő felületének létrehozásában is (<https://redcap.onkobank.com>), amelynek segítségével a betegek klinikai adatainak és mintáinak hatékony és biztonságos gyűjtése és elemzése végezhető el. A Bioinformatika Tanszék REDCap rendszerét számos magyar és külföldi partnerintézmény is használja, ezalatt Szonja több mint 20 projekt elindításában vett részt. Tudását 2022-ben Boston-ban is elmélyíthette egy kizárólag adminoknak szóló REDCap továbbképzésen. Szintén ebben az évben a Eurolife DATAETHICS Summer School-on is részt vett, ahol az egészségügyi adatok tárolásának etikai problémáit és buktatóit taglalták. A projekt ipari hasznosíthatóságát felismerve, PhD témája a Kooperatív Doktori Program által támogatott.



## Müller Dalma

Müller Dalma biológia tanulmányait a kolozsvári Babeş-Bolyai Tudományegyetemen kezdte (biológus BSc), majd a mesterképzést az Eötvös Loránd Tudományegyetem biológia szakán végezte molekuláris genetika, sejt- és fejlődésbiológia szakirányon. Az ELTE-n Varga Máté szakdolgozójaként a Genetikai Tanszéken végzett kutatómunkát. Ez idő alatt tapasztalatot szerzett a kísérletes molekuláris genetika és fejlődésbiológia területén. Diplomamunkája címe „A Bloom-szindróma helikáz szerepe a zebradánió (*Danio rerio*) szexdeterminációjában”. A mesterképzést egyéves informatikai képzéssel egészítette ki.

Az ELTE Növényrendszertani, Ökológiai és Elméleti Biológiai Tanszékén kezdett el bioinformatikával foglalkozni egy, a hazai HIV-1 járványt kutató projekt keretein belül. A PhD képzést a Semmelweis Egyetem Bioinformatika Tanszékén kezdte el. Ismereteit egyéb, mint például az NGSchool és a FEBS kurzusain bővíti.

Kutatása során vastagbél adenokarcinómában vizsgálja DNS metilomot, elsősorban microarray technológia felhasználásával készült adatok elemzése által. Munkája 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 felületet hozott létre. A platform alkalmas a normál vastagbél, az adenoma és az adenokarcinóma szövetek KEGG-útvonal, gén, gén régió és CpG szintű összehasonlítására és az [www.epigenplot.com](http://www.epigenplot.com) webcímen érhető el. Jövőbeli munkája során a metilációs elemzést és a platform felhasználhatóságát egyéb ráktípusokra is ki szeretné terjeszteni. Mindezek mellett részt vett rákos sejtenyészeteken végzett kísérletek végrehajtásában is. A kísérletek során újonnan létrehozott, tumormarkerek jelölésére alkalmas antitesteket vizsgált.



## Titkárság



### Makovsky Zsuzsa

Vezeti a tanszéki titkárságot, valamint a tudománymetria rendszerben a kutatók osztályhoz rendelését végzi. Három gyermek édesanyja.



### Kocsis-Szalkai Csilla

A tanszéki titkárság működtetését vezette, jelenleg GYES-en van. Két gyermek édesanyja.



### Szőnyi János

Eredeti végzettsége sportmenedzser, de már gyermekkorától kezdve érdekelte a számítógépek világa, így végül a számítástechnika lett a hivatása. 2002-ben kezdett dolgozni rendszergazdaként a Semmelweis Egyetemen, azóta foglalkozik nyílt forráskódú szoftverekkel és a Linux operációs rendszerrel. Munkájában nagy kihívásnak tartja a problémák megoldását, és örömmel készít kisebb szkript jellegű programokat.

Kompetenciák: Linux (Debian, Ubuntu, RedHat), adatbázisok (PostgreSQL, MySQL), docker, konténer kezelés, Ansible és Bash szkriptek, Python, Monitoring (Prometheus, Grafana)

## TDK hallgatók



### Bende Zsanett

Téma: **Prediktív biomarkerek az onkológiában**

Témavezető: **Dr. Fekete János Tibor**

A Szegedi Tudományegyetem Molekuláris Biológia mesterszakán szereztem abszolutóriumot. Jelenleg a diplomamunkámat készítem, génexpresszió alapú adatok bioinformatikai elemzésével prediktív biomarkereket keresek.



### Dobolyi Zsófia

Téma: **Emlőtumor által okozott halálozás klinikai adatokból történő predikciója gépi tanulással**

Témavezető: **Dr. Menyhárt Otília**

2023-ban végeztem Molekuláris Bionika Mérnöki BSc szakon, a Pázmány Péter Katolikus Egyetem Információs Technológiai-, és Bionikai Karán. Jelenleg orvosi biotechnológia mesterképzésre járok, alkalmazott bioinformatika szakirányon. Kutatóm célja, hogy nagy mennyiségű – nyílt adatbázisokban elérhető – klinikai adat alapján prediktáljam emlőtumoros páciensek visszaesés-mentes túlélésének időbeli hosszát. Ehhez különféle gépi tanulási algoritmusokat fejleszték, és összehasonlítom predikciós teljesítményüket.



### Dolecsek Fanni

Téma: **Non-oncogenic vulnerabilities**

Témavezető: **Dr. Menyhárt Otília**

Az emlőtumor sejtenyészetet különböző anyagokkal (glükóz, C-vitamin) kezeljük, és megfigyeljük, hogyan reagálnak ezekre a sejtek. Olyan transzkriptomos változásokat keresünk, amik a terápia alatt segítik a tumorsejtek túlélését. Ezek támadási pontként szolgálhatnak, és felhasználhatóak lennének a klinikumban.



### Gonda Réka

Téma: **A terápiás válasz biomarkerei az onkológiában**

Témavezető: **Dr. Menyhárt Otília**

Jelenleg a Pázmány Péter Katolikus Egyetem hallgatója vagyok molekuláris bionika mérnöki BSc szakon. 2023 elején kezdtem el a munkát a témavezetőmnél, és a diplomamunkámat is ebben a témában tervezem írni. A kutatás során génexpressziós adatokon alapuló bioinformatikai elemzés segítségével újabb potenciális biomarker jelölteket keresek.





### György Dorka

Téma: **Emlőrákos sejtekben melegítés hatására bekövetkező változások**  
Témavezető: **Dr. Menyhárt Otília**

Az SE ÁOK szakán vagyok harmadéves hallgató. Jelenleg az onkológia érdekel a legjobban, annak is inkább a kutatási iránya. Egy most induló klinikai kísérletben is részt veszek, melyben a modulált elektro-hipertermia terápiás hatását vizsgáljuk emlőrákos betegeken.



### Holló Gergő

Téma: **Az immunellenőrzőpont-gátlókra adott terápiás válasz biomarkereinek vizsgálata daganatos megbetegedésekben**  
Témavezető: **Prof. Dr. Györffy Balázs**

Másodéves orvostanhallgató vagyok a Semmelweis Egyetemen. Általános iskolás korom óta érdekel az informatika, ezen belül hosszan szoftverfejlesztésre (C++) fordítottam a figyelmemet, majd az utóbbi időben a data science (Python, R) területével kapcsolatos projektekkel foglalkoztam hobbiszinten. Jelenlegi kutatási témám az immunellenőrzőpont-inhibitorokhoz kötődik.



### Ináncsi Evelin

Téma: **Biomarker azonosítás gasztrointesztinális tumorokban génextpresszióhoz kapcsolódó elemzések alapján**  
Témavezető: **Dr. Bartha Áron**

A Pázmány Péter Katolikus Egyetemen szereztem az alapszakos diplomámat Molekuláris bionika mérnöki szakon. Jelenleg a Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi Egyetem Egészségügyi mérnök mesterszakán tanulok. Témavezetőmmel 2021 óta dolgozom együtt. Kutatásom célja olyan gének azonosítása, amelyek normál és tumoros szövetekben eltérő mértékű kifejeződést mutatnak. Munkám során nyílt adatbázisokban elérhető transzkriptom szintű adatok feldolgozását végzem bioinformatikai eszközökkel.



### Izsó Dávid Gábor

Téma: **Mutációk emlőkarcinómák kapcsán és kezelési lehetőségeik**  
Témavezető: **Prof. Dr. Györffy Balázs**

Jelenleg a Semmelweis egyetem harmadéves orvostanhallgatója vagyok. Az orvoslásban nagyon sok terület érdekel, ide tartozik pl. a bioinformatika, molekuláris sejtbiológia, robotika, kórélettan, illetve a belgyógyászati szakirányok. Az egyetemi életemen kívül aktívan tanulok angolul és japánul haladó szinten. A terveim szerint a későbbiekben Japánban szeretnék orvostudományi tevékenységet végezni, akár PhD fokozatot is szerezni.



### Kis Lilla Laura

Téma: **Tápanyagmegvonás és célzott terápiák hatásának vizsgálata emlőtumoros sejtvonalakon**

Témavezető: **Dr. Menyhárt Otília, Kovács Szonja Anna**

Másodéves hallgató vagyok a Semmelweis Egyetem Gyógyszerésztudományi Karán. Érdeklődésem legfőképp a személyre szabott gyógyszeres terápiákra irányul. Kutatásaink során a különböző molekuláris altípusú emlőtumorok célzott terápiájának elősegítését vizsgáljuk glükózmegvonás kísérletében. Továbbá, az OnkoBank-ba érkező emlődaganatos betegek vérmintáinak feldolgozásában és adatgyűjtésében is részt veszek.



### Kémenes Áron

Téma: **Emlőtumoros betegek túlélésének predikciója**  
Témavezető: **Prof. Dr. Györffy Balázs**

Negyedéves hallgató vagyok a Semmelweis Egyetem Általános Orvostudományi Karán. A programozás iránti érdeklődésem középiskolás korom óta kísér utamon, ahol szakkörön kezdtem el foglalkozni a témával, majd később vendéghallgatóként a Pázmány Péter Katolikus Egyetemen két félévig tanultam a kódolás rejtelmét. Jelenleg a mesterséges intelligencia, és ennek orvosi területen való alkalmazása foglalkoztat a leginkább.



### Margl Márk

Téma: **Progresszió-asszociált génextpressziós változások szolid tumorokban**  
Témavezető: **Dr. Bartha Áron**

A Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi Egyetemen szereztem az alapszakos diplomám biomérnök szakon, a mesterképzést is itt folytatom, jelenleg a 3. félévnél tartok. Idén augusztusban csatlakoztam a kutatáshoz, amelyben génextpressziós különbségeket vizsgálunk normál, primer tumoros és metasztatizáló szövetekben.



### Szabó Dávid

Téma: **Az EGFR gátlók prediktív biomarkerei szolid tumorokban**  
Témavezető: **Dr. Fekete János Tibor**

Az alapképzésemet a Pázmány Péter Katolikus Egyetem Molekuláris bionika mérnöki szakán végeztem, jelenleg pedig a Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi Egyetem Biomérnöki mesterszakának hallgatója vagyok.





## Tanszéki kirándulások

2023-ban második alkalommal is megrendezésre került a kétnapos tanszéki konferencia Balatonalmádiban, az MTA Üdülési Központjában.

Ennek során az őszi tantermi előadások bemutatása mellett, az intézet aktuális kutatási projektjeinek ismertetésére is sor került. Minden munkatárs igyekezett a saját területéhez kapcsolódó érdekes újdonságokat megosztani a többiekkel.

Szó esett többek közt a „Tudományos cikkek és egyéb írások stilisztikai jegyei” című workshopról, valamint a Scientometrics.org projekt is szóba került.

Az előadások után a tanszék dolgozói egy kirándulással egybekötött borkóstolón vettek részt a csopaki Jásdi Pincészetben.



## Társadalmi szerepvállalás



A **Dr. Menyhárt Otilia** és **Prof. Dr. Györfy Balázs** neve által fémjelzett, a neves **Biochimica et Biophysica Acta (BBA) – Reviews on Cancer** folyóiratban megjelent összefoglaló tanulmány a népszerű diéták valamint a daganatos megbetegedések közötti kapcsolatokat vizsgálja. Az egyes daganattípusok tápanyagszükségletei nagyon változatosak, de általánosan jellemző, hogy a tumoros sejtek rendkívül nagy energiaigénnyel rendelkeznek, és többféle forrásból képesek táplálkozni. Az irodalmi áttekintő szerint a bevitt szénhidrát csökkentése a ketogén étrend vagy az időszakos böjt, valamint az ezekkel járó kalóriakorlátozás és étkezési időszakok behatárolása potenciálisan gátolhatja a daganatok növekedését és terjedését.

A szénhidrát csökkentés következtében a szervezet bontani kezdi az elraktározott zsírokat, melyekből ketontestek képződnek. Az egészséges sejtek hatékonyan használják fel ezeket az alternatív energiaforrásokat, de a ráksejtek ezen képessége

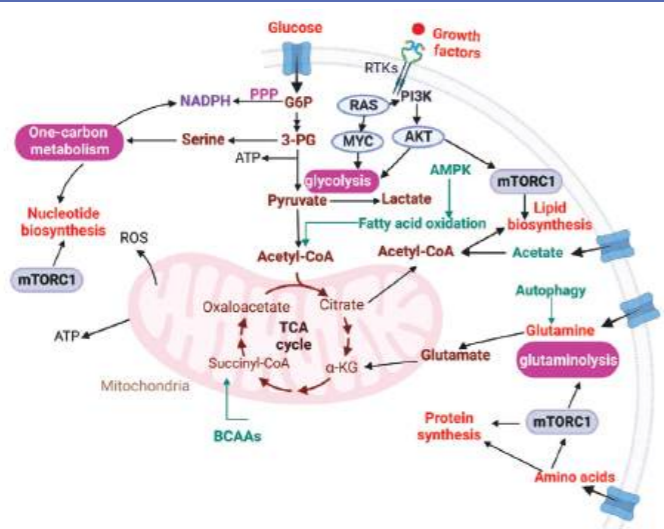
korlátozott. Az időszakos böjt hatására az egészséges sejtek védelmi és regeneráló fázisba kerülnek, míg a gyorsan szaporodó ráksejtek erre nem képesek, így kiszolgáltatottabbá válnak a kemoterápiás kezelés hatásainak. Ezért bizonyos esetekben a kemoterápia hatékonyabb lehet, ha a kezelés előtt és után böjtöt alkalmaznak, illetve csökkenhetnek a kezelés kedvezőtlen mellékhatásai is. Ugyanakkor fontos megjegyezni, hogy bizonyos daganattípusok esetében, a ketogén diéta a rák terjedését serkentheti.

Az eredmények ígéretesek, de többségük laboratóriumi és állatkísérleteken alapul. Az emberi szervezetben történő változások pontosabb megértése érdekében további klinikai vizsgálatokra van szükség. A tanulmány arra is rámutat, hogy a betegek együttműködési hajlandósága az étrend típusától függ, ezért olyan protokollokat kell kidolgozni, amelyeket szélesebb körben alkalmazhatók.

Összességében a tanulmány fő üze-







nete az, hogy a napi kalóriabevitel csökkentése megelőzheti a keringési és anyagcsere-betegségek kialakulását, valamint a gyulladáshoz vezető folyamatok és a rák kockázatát is. A táplálkozási szokások vizsgálata és változtatása új lehetőségeket nyithat a rák megelőzésében és kezelésében. Azonban a klinikai vizsgálatokban résztvevők alacsony együttműködési hajlandósága és a kevés számú klinikai vizsgálat eredménye alapján, a táplálkozási szokások klinikai alkalmazása még nem egyértelmű és kiforrott ajánlások még nincsenek.

Dr. Menyhárt Otília szívügye, hogy saját magunk is tegyünk egészségünk megőrzése és a krónikus betegségek megelőzése érdekében, mely egyszerűen, például a napi kalória bevitel csökkentésével is elkezdhető. Az összefoglaló tanulmány eredményeit több műsorban is népszerűsítette, például látható volt a Duna TV Ridikül és Családi kör című műsorában, az RTL-klub Reggeli és Praxis című műsorában, valamint hallható volt a Kossuth Rádióban.



Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Reviews on Cancer

Volume 1879, Issue 2, March 2024, 189062



Review

## Dietary approaches for exploiting metabolic vulnerabilities in cancer

Otília Menyhárt<sup>a,b,c</sup>, Balázs Gyórfy<sup>a,b,c</sup>

- <sup>a</sup> Semmelweis University, Department of Bioinformatics, Tűzoltó u. 7-9, H-1094 Budapest, Hungary
- <sup>b</sup> Research Centre for Natural Sciences, Cancer Biomarker Research Group, Institute of Enzymology, Magyar tudósok krt. 2, H-1117 Budapest, Hungary
- <sup>c</sup> National Laboratory for Drug Research and Development, Magyar tudósok krt. 2, H-1117 Budapest, Hungary

Received 20 June 2023, Revised 20 December 2023, Accepted 20 December 2023, Available online 28 December 2023, Version of Record 13 January 2024.

# ELIXIR

## Az ELIXIR felépítése



Az ELIXIR Európa-szerte koordinálja és fejleszti az élettudományok területén keletkező adatok számítógépes elemzéséhez szükséges erőforrásokat, lehetővé téve ezzel a kutatók számára az adatok könnyebb elérését, elemzését és megosztását. Az ELIXIR egy olyan nemzetközi szervezet, amelynek jelenleg 23 ország a tagja, és ezek az országok ún. Csomópontokat (Node) képeznek. Minden Csomóponthoz több intézmény, egyetem és kutatóintézet tartozik. Ezek a Csomópontok az ELIXIR vezetősége által meghatározott közös célokat valósítják meg az ELIXIR Platformok mentén.

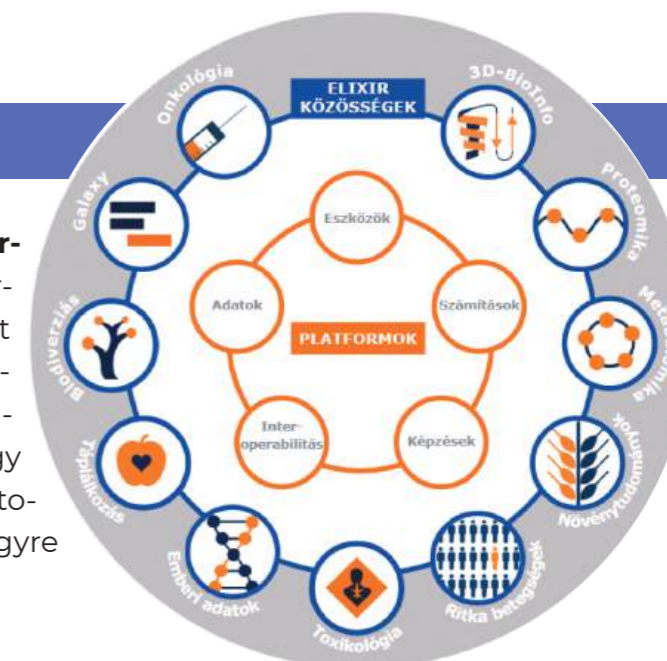
Az ELIXIR tevékenységei öt különböző **Platform** köré csoportosíthatók, amelyek feladata az ELIXIR jövőbeli céljainak kidolgozása és a meghatározott technikai területeken végzett tevékenységek koordinálása. Ezek a Platformok: Adatok, Eszközök, Interoperabilitás, Számítások és Képzések. Minden Platformhoz különböző szakmai közösségek tartoznak.

Az ELIXIR **Közösségek** olyan szakértőket tömörítenek, akik az ELIXIR élettudományi területein dolgoznak. Ilyen közösségek például a 3D-Bioinfo, IDP (Eredendően rendezetlen fehérjék), Proteomika, Metabolomika, Növénytudományok, Ritka betegségek, Táplálkozás, Biodiverzitás, Galaxy, Onkológia. Ezek a közösségek rendszeresen online és offline találkozókra vesznek részt, ahol megvitatják az aktuális kérdéseket, elérhető pályázatokat és képzéseket tartanak.

Az ELIXIR **Közösségek** olyan szakértőket tömörítenek, akik az ELIXIR élettudományi területein dolgoznak. Ilyen közösségek például a 3D-Bioinfo, IDP (Eredendően rendezetlen fehérjék), Proteomika, Metabolomika, Növénytudományok, Ritka betegségek, Táplálkozás, Biodiverzitás, Galaxy, Onkológia. Ezek a közösségek rendszeresen online és offline találkozókra vesznek részt, ahol megvitatják az aktuális kérdéseket, elérhető pályázatokat és képzéseket tartanak.

## ELIXIR Magyarország

Az **ELIXIR Hungary** vagy **ELIXIR Magyarország** az ELIXIR szervezetének magyarországi Csomópontja, amely 2019-ben jött létre. Vezető intézménye a Természettudományi Kutatóközpont. Eredetileg tizenketten vettek részt: nyolc egyetem és négy kutatóintézet, majd az elmúlt években további két tag csatlakozott így tizennégyre nőtt a tagok száma.



A **Csomópont vezetője** Prof. Dr. Györffy Balázs, aki nemzeti szinten felügyeli az ELIXIR tevékenységeket.

Az ELIXIR Magyarország Konzorcium vezetésében Dr. Csósz Éva (Debreceni Egyetem) és Dr. Gáspári Zoltán (Pázmány Péter Katolikus Egyetem) **Képzési Koordinátorok** a Csomópont által biztosított képzések területén felelősek a koordinációért. Dr. Gyenesi Attila (Pécsi Tudományegyetem) és Dr. Barta Endre (Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem) **Technikai Koordinátorok** a Csomópont tevékenységéhez szükséges infrastruktúra területén nyújtanak segítséget. A Csomópontok közötti vezetőségi tagok rendszeres találkozási és telekonferenciák keretében segítik egymás munkáját és támogatják a közös európai célok elérését.



**Dr. Gyenesi Attila**  
Technikai Koordinátor  
Pécsi Tudományegyetem



**Dr. Gáspári Zoltán**  
Képzési Koordinátor  
Pázmány Péter Katolikus Egyetem



**Prof. Dr. Györffy Balázs**  
ELIXIR Konzorcium vezetője  
TTK MÉI



**Dr. Csósz Éva**  
Képzési Koordinátor  
Debreceni Egyetem



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

**Az ELIXIR Magyarország tevékenységi köre** kiterjed a molekuláris biológiára, biológiai adatbázisokra, genomikára, proteomikára, multi-omikára, algoritmusokra, programokra, számítástechnikára, mesterséges intelligenciára, valamint biológiai adatbázisok létrehozására és alkalmazására, továbbá a bioinformatika oktatására.

## Bioinformatika oktatás

Jelenleg nyolc egyetemen zajlik angol, illetve magyar nyelvű **bioinformatika oktatás** BSc, MSc vagy PhD képzés keretében, a következők szerint (egyetem, tantárgy neve, felelős megjelölésével):

### 1. ÁTE – Állatorvostudományi Egyetem:

- Genomikai praktikum I-II: Dr. Solymosi Norbert

### 2. DE – Debreceni Egyetem:

- Bioinformatika: Dr. Barta Endre
- Genomi bioinformatika: Dr. Barta Endre

### 3. ELTE TTK – Eötvös Loránd Tudományegyetem Természettudományi Kar:

- Haladó statisztika és modellezés: Dr. Palla Gergely
- Adatmodellek és adatbázisok a tudományban: Dr. Pollner Péter
- Adatexploráció és vizualizáció: Dr. Visontai Dávid
- Adatbányászat és gépi tanulás: Prof. Dr. Csabai István
- Python programozás biológusoknak: Dr. Kun Ádám
- UNIX rendszerek bevezetése biológusoknak: Dr. Dosztányi Zsuzsanna
- Biológiai modellezés algoritmusai: Dr. Dosztányi Zsuzsanna
- Omikus adatok elemzése: Dr. Ari Eszter
- Biológiai szerkezetinformatika: Dr. Gáspári Zoltán
- R programozás haladóknak biológusoknak: Dr. Ari Eszter
- Filogenetika: Dr. Szöllősi Gergely
- Bioinformatikai szemináriumok: Dr. Dosztányi Zsuzsanna
- Számítógépes modellezés biológiában: Dr. Müller Viktor

### 4. MATE – Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem:

- Bioinformatika: Dr. Posta Katalin, Dr. Juhász Ákos

### 5. PTE – Pécsi Tudományegyetem:

- Bioinformatika: Dr. Putnoky Péter

### 6. PPKE – Pázmány Péter Katolikus Egyetem:

- Számítógépes Rendszerbiológia: Prof. Dr. Csikász-Nagy Attila
- Quantitative Biology: Dr. Andrea Ciliberto, Dr. Csikász-Nagy Attila
- Applied Systems Biology: Prof. Dr. Csikász-Nagy Attila

### 7. SE – Semmelweis Egyetem:

- Klinikai Bioinformatika: Prof. Dr. Györffy Balázs, Dr. Fekete János Tibor, Dr. Menyhárt Otília, Dr. Munkácsy Gyöngyi, Dr. Tusnád Gábor
- Adatok ábrázolása a bioinformatikában és a rendszerbiológiában: Prof. Dr. Györffy Balázs, Prof. Dr. Pongor Sándor

### 8. SZTE – Szegedi Tudományegyetem Természettudományi és Informatikai Kar:

- Bioinformatika: Dr. Kós Péter, Dr. Laczi Krisztián
- Bioinformatics: Dr. Kós Péter





Az utóbbi évtizedeket a biobankok aranykoraként emlegeti a társadalom. Maga a „biobank” kifejezés az 1990-es évek végén megjelenő fogalom, amely elsősorban az emberi biológiai anyagok, valamint a hozzájuk kapcsolódó információk szervezett gyűjteményére utal, melyet egy vagy több kutatás céljából hoznak létre.



Az OnkoBank a HUN-REN TTK és a HCEMM általa anyagilag támogatott, a Semmelweis Egyetem Bioinformatika Tanszéke által koordinált kutatási projekt, melynek célja a Semmelweis klinikákon és más külsős intézményekben kezelt daganatos betegek biológiai mintáinak archivált szövetgyűjteménybe történő rendezése és tárolása, valamint a klinikai adatok hosszú távú rögzítése (25 év). Ezeket a mintákat és adatokat többféle vizsgálathoz használjuk fel, például különböző genetikai és fehérjevizsgálatokhoz. Az OnkoBankban végzett kutatások célja a betegségek patogenezisének azonosítása, diagnosztikai és prognosztikus biomarkerek azonosítása, valamint a túlélésre vonatkozó vizsgálatok végzése. A kutatásokhoz számos elemzési módszert alkalmazunk, beleértve a genomikai, transzkriptomikai és proteomikai vizsgálatokat.

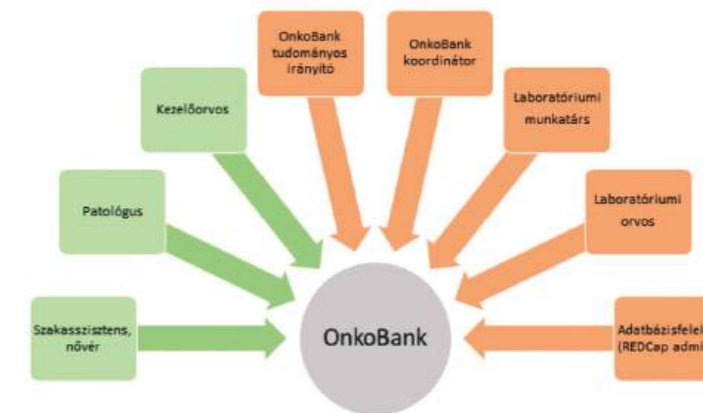
A genomikai vizsgálatok során a mintákban jelen lévő mutációkat azonosítjuk, hogy klinikailag releváns eltéréseket fedezhessünk fel. Emellett a transzkriptomikai és proteomikai elemzések pedig lehetővé teszik a génexpresszió és fehérjeaktivitás vizsgálatát. Ezek az elemzések hozzájárulhatnak az új diagnosztikai, prediktív és prognosztikus biomarkerek azonosításához. Ezt követően, a kapott adatokon elvégzett multiomikai elemzések eredményei alapján, további kutatásokat tervezünk, melyek segítségével megpróbáljuk feltárni a betegségek lefolyását és a túlélésre gyakorolt hatásokat.

A kutatások során alkalmazott módszerek között szerepel számos bioinformatikai eszköz használata, a génexpressziós profilozás, valamint a terápiás válasz előrejelzését célzó elemzések. Az OnkoBank által végzett kutatások nagy jelentőséggel bírnak az onkológia területén, és hozzájárulhatnak az új diagnosztikai és terápiás módszerek fejlesztéséhez, valamint a betegségek prognózisának javításához.



## Az OnkoBank felépítése

Az OnkoBank egy kutatási infrastruktúra, amely nem önmagában cél, hanem számos ráépülő kutatást lehetővé tevő óriási vállalkozás. Az infrastruktúrák természetéből adódóan Számos ember vesz részt a megvalósításában: kezdetben csak a Semmelweis Egyetem munkatársai, de mára számos budapesti és vidéki onkológiai központ is bekapcsolódott a szervezésbe.



Az Onkobank mintagyűjtése 2022. január óta folyamatosan üzemel. A gyűjtés jelenleg a Belgyógyászati és Onkológiai Klinikán; a Bőr,- Nemikórtani és Bőronkológiai Klinikán; az Észak-budai Szent János Centrumkórházban; az Országos Mentális, Ideggyógyászati és Idegsebészeti Intézetben; a Szülészeti és Nőgyógyászati Klinikán; az Urológiai Klinikán; a Laboratóriumi Medicina Intézetben; a Pest megyei Flór Ferenc Kórházban és



a Sebészeti, Transzplantációs és Gasztroenterológiai Klinikán zajlik. Emellett a Patológiai és Kísérleti Rákkutató Intézet, valamint a Patológiai, Igazságügyi és Biztosítási Orvostani Intézet is szerves részét képezi a mintagyűjtésnek. Az említett intézmények szerepe nem a minták szolgáltatása, hanem azok előkészítése, patológiai leletezése.

## Dokumentumok

Az OnkoBank a „Diagnosztikus, prediktív és prognosztikus biomarkerek azonosítása rosszindulatú daganatos megbetegedésekben” című kutatás részét képezi. A részletes kutatási terv elfogadása után a Regionális, Intézményi Tudományos és Kutatás-etikai Bizottság (RKEB), valamint az Egészségügyi Tudományos Tanács Tudományos és Kutatás-etikai Bizottsága (ETT-TUKÉB) is **Kutatási Engedélyt** adott a mintagyűjtés elkezdésére a kutatáshoz kapcsolódó intézményekben. Ehhez a partnerintézmények vezetői egy ún. **Befogadónyilatkozat** aláírásával járultak hozzá, amely segítségével igazolták, hogy részt kívánnak venni az OnkoBank mintagyűjtésében.

A kutatás klinikai szakasza során orvosaink megállapítják a betegek alkalmasságát és megfelelő tájékoztatás után megszerzik a beteg beleegyezését a mintagyűjtésben történő részvételhez. A kezelőorvos a beteget szóban tájékoztatja az OnkoBank mintagyűjtéséről, a gyűjtött mintákon végezhető vizsgálatok lehetőségéről és célkitűzéseiről, valamint a beteget megillető jogokról. Ezt követően a beteg aláírásával igazolja, hogy elolvasta és ismeri a **Beteg-tájékoztatóban** foglaltakat. A **Betegbeleegyező nyilatkozat** aláírásával a beteg

(vagy törvényes képviselője) és a tájékoztatást végző orvos igazolja a mintagyűjtéshez való hozzájárulást. Ezen dokumentumok beteg általi megismerése és aláírása nélkül az OnkoBank nem jogosult a mintát gyűjteni. Az alkalmasság megállapítása, a beteg-tájékoztató és a betegbeleegyezés megszerzése elengedhetetlen feltétele a kutatásban való részvételnek.



A kórházak orvosai a beteg szükséges személyi és egészségügyi adatait az OnkoBank részére bocsátják, amik az utánkövetés alapjául szolgálnak. A betegtájékoztatóban foglaltak szerint, a továbbiakban a mintaadó beteg személyi, egészségügyi adatait a hatályos adatvédelmi jogszabályok (1997. évi XLVII. törvény) maradéktalan betartása mellett kezeljük és használjuk fel kutatási célokra.

A jogszabályoknak megfelelően, a beteg a beleegyezését bármikor visszavonhatja, akár szóban, akár írásban (**Betegbeleegyező nyilatkozat visszavonása** c. dokumentum) indoklás és hátrányos következmények nélkül. Ez esetben az archivált gyűjteményben tárolt mintáit, valamint klinikai- és személyes adatait az OnkoBank tudományos irányítója vagy eseti megbízottja 7 napon belül kötelezően megsemmisíti.

A vér-, illetve szövetminták átvétele frissen, már a műtét folyamán megtörténik, amely során **Átvételi elismervények**kel igazoljuk, hogy megtörtént a minták elszállítása az OnkoBank laboratóriumába a további feldolgozásig.

2023. augusztusában megjelent az OnkoBank első kiadványa, amelyben részletesen összefoglaljuk az OnkoBank működését, bemutatjuk a mintagyűjtésben résztvevő kutatókat és munkatársakat, valamint a mintagyűjtés és -feldolgozás folyamatát. A kiadvány elérhető: [https://semmelweis.hu/bioinformatika/files/2023/07/OnkoBank\\_2023.pdf](https://semmelweis.hu/bioinformatika/files/2023/07/OnkoBank_2023.pdf)

## REDCap rendszer

A begyűjtött személyi- és egészségügyi adatokat, a minták adatait, valamint a kutatólaboratóriumban zajló vizsgálatokból származó adatokat az OnkoBank arra megbízott munkatársai egy online elérhető adatbázisban rögzítik. Erre a HIPAA-, GDPR-, FISMA- és 21 CFR Part-11 megfelelésekkel rendelkező, National Institute of Health (NIH) által támogatott és kifejezetten hosszú távú, biztonságos, klinikai adatgyűjtésre fejlesztett REDCap (Research Electronic Data Capture) adatbázist használjuk.

A REDCap egy böngésző-alapú, elektronikus adatgyűjtő felület, amelyet a világon széleskörűen használnak klinikai adatbázisok, kérdőívek tervezésére, létrehozására és kezelésére.



A rendkívül biztonságos struktúráján felül további előnyökkel is rendelkezik: bárhonnán hozzáférhető, ingyenes, létezik mobil applikációja (offline adatbevitelt is támogat), az importált adatok adatbázissá vagy kérdőív alakíthatók, az export többféle formátumban is lehetséges (PDF, CSV, R, SPSS, STATA...), valamint hozzáférési csoportok hozhatók létre felhasználói jogosultságok szerint. Továbbá lehetőség van jelentések készítésére, projektnaptár vezetésére, fájlok megosztására vagy akár oktató videók megtekintésére is.

A REDCap-en belül tetszőleges számú projekt hozható létre. Magához az OnkoBank működéséhez két projektet működtetünk. Az egyikben vezetjük a betegek alapvető klinikai adatait, a minták adatait, a patológiai adatokat és az utánkövetési adatokat. A másik projekt az Elektronikus Betegtájékoztatók és Betegbeleegyező nyilatkozatok vezetése. Ez jelenleg csak tesztelési fázis alatt van.

A betegadatokat és mintaadatokat tároló REDCap rendszer egy helyi szerveren (Gyermekgyógyászati Klinika – Tűzoltó utcai részleg) fut, amely biztosítja a biztonságát. Továbbá, rendszergazdánk napi mentéseket készít az adatokról ezzel biztosítva, hogy bármilyen, nem várt hiba esetén a felbecsülhetetlen és pótolhatatlan adatok ne vesszenek el. Egy szünetmentes áramforrás (táp) is hozzájárul a szerverünk és a szoftver folyamatos működéséhez, ezáltal az adatok biztonságos tárolásához.

Az adatbázis használatához a bejelentkezés a <https://redcap.onkobank.com/> oldalról érhető el, előzetes regisztrációt követően.



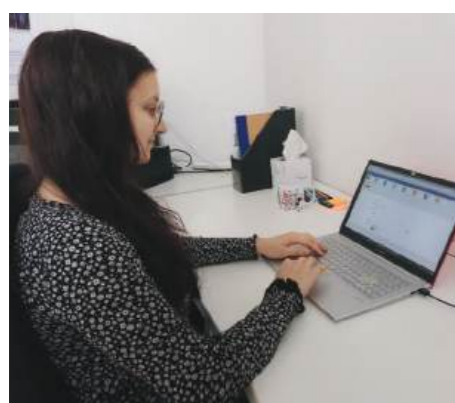


## Mintaszámok

Az OnkoBank mintagyűjtése során elsősorban szövet- és vérminták gyűjtése történik. A műtétek során eltávolított szövetekből a patológusok tumoros és normál mintákat metszenek ki számunkra, amelyek fagyasztását ezt követően asszisztensünk, Karadocsev Éva végzi el a -186°C-os gőzfázisú nitrogéntartályokban. A szövetminták szállítása történhet hűtőtáskában vagy távolabbi klinikák esetében folyékony nitrogént tartalmazó szállítótartályban.

A beérkező vérmintákat az OnkoBank koordinátora, Dr. Figler Aida dolgozza fel és fagyasztja le a -80°C-os fagyasztószekrényekben, valamint a -186°C-os gőzfázisú nitrogéntartályokban a minta típusától függően. A feldolgozás során teljes vérmintát, illetve a minta centrifugálását követően plazmát, ún. „buffy coat”-ot, szérumot, vörös vértest frakciót, és trombocita pelletet fagyasztunk le. Emellett a friss vérmintákból megkezdjük a nukleinsavak izolálását is, amely később lehetővé teszi a mintákban található RNS és DNS szálak szekvenálását.

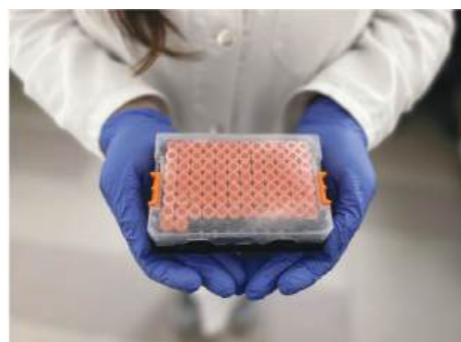
Fagyasztás előtt a szövet- és vérmintákat tartalmazó kriogén csövek QR kódjait a SampleWarehouse (<https://onkobank.samplewh.com/>) szoftver a Ziath típusú rack



szkennereinkhez kapcsolódva automatikusan leolvassa és tárolja. Beolvasás után manuálisan vezetjük fel a betegek egyéni kódjait, így személyazonosító adatokat nem tárolunk és nem kezelünk. A mintabeolvasáson kívül lehetőségünk van mintakivételre (pl. amennyiben izolálásra kerül a sor és elfogyott a minta), aliquot-ok létrehozására, valamint több telephely kezelésére (amikor a mintaérkeztetés és mozgatás kiemelt fontosságú). A bevitt adatokat exportálást követően importáljuk a REDCap adatbázisba.

2024 tavaszán újabb mérföldkőhöz jutottunk el. Megérkezett és fagyasztásra került az **1500. beteg** mintája az OnkoBank laboratóriumában, amellyel immáron **több mint 10 000 almintá** található meg az adatbázisunkban.

Az OnkoBank legfrissebb hírei, valamint a REDCap adatbázis közvetlenül elérhető a [www.onkobank.com](http://www.onkobank.com) oldalon, ahonnan a betegtájékoztatóhoz és beleegyezéshez szükséges dokumentációk is letölthetők.



## Egyetemi kollaborációk



Az alábbi táblázatban azokat a kollaborációkat listáztuk, ahol a BIT-es kutató csak résztvevő munkatársként szerepel az adott vizsgálatban.

Kutató	Szervezeti egység	Téma	BIT kutató
Dr. Szarvas Tibor	Urológiai Klinika	IEG kezelés hólyagdaganatban / BCA chemo rezisztencia / PCA Nanostring túlélés / Uroseq sejt elemzés / Variáns annotáció (Urc-Oncomine)	Dr. Nagy Ádám
Dr. Kárpáti Sarolta	Bőrklinika	Melanoma online felület platform (tercero + quarto)	Dr. Bartha Áron
Dr. Sárdi Miklós	Bőrklinika	Az immunterápiás kezelések hatékonysága melanomás betegekben a génexpresszió függvényében	Dr. Bartha Áron
Dr. Mádi András	Debreceni Egyetem	RNA-seq kiértékelés	Dr. Bartha Áron
Dr. Fintha Attila	Patológiai és Rákkutató Intézet	Nanostring RCC	Dr. Bartha Áron
Dr. Szász Marcell	Belgyógyászati és Onkológiai Klinika	Emlő rezisztencia project	Dr. Fekete János Tibor
Dr. Miheller Pál	Sebészeti Klinika	Szerokonverzió COVID vakcinációt követően immunszupprimált IBD betegekben	Dr. Fekete János Tibor
Dr. Ozsvári-Vidákovich Magdolna	Szent Imre Oktatókórház	A terhességi intrahepaticus cholestasis és a gestációs diabetes mellitus összefüggése hazai adatok alapján	Dr. Fekete János Tibor
Dr. Igaz Péter	Belgyógyászati és Onkológiai Klinika	Szimuláció futtatás – Galaxy szerver	Dr. Fekete János Tibor
Dr. Igaz Péter	Belgyógyászati és Onkológiai Klinika	Modellezés	Dr. Fekete János Tibor
Dr. Monostory Katalin	TTK	Statisztika	Dr. Fekete János Tibor
Dr. Tímár József	PIBOI	Melanoma immunterápia	Dr. Győrffy Balázs
Dr. Lotz Gábor	PIBOI	TP53	Dr. Győrffy Balázs
Dr. Bödör Csaba	PIBOI	AML	Dr. Győrffy Balázs
Dr. Tél Bálint	Gyermekeklinika	REDCap adatbázis felállítás	Kovács Szonja Anna
Dr. Vass Edit	Pszichiátriai és Pszichoterápiás Klinika	REDCap adatbázis felállítás	Kovács Szonja Anna



Dr. Morvai Levente	Pszichiátriai és Pszichoterápiás Klinika	REDCap adatbázis felállítás	Kovács Szonja Anna
Dr. Mahmoud Obeidat, Dr. Teutsch Brigitta	SE Transzlációs Medicina Központ	REDCap adatbázis felállítás	Kovács Szonja Anna
Dr. Szalai Eszter	SE Transzlációs Medicina Központ + FOK Helyreáll. Fog. és Endodoncia Klinika	REDCap adatbázis felállítás	Kovács Szonja Anna
Dr. Polyák Melinda	SE Transzlációs Medicina Központ + FOK Helyreáll. Fog. és Endodoncia Klinika	REDCap adatbázis felállítás	Kovács Szonja Anna
Dr. Nele Geßler, James Oxley, Sakine Struck	Asklepios Klinikum	REDCap adatbázis felállítás	Kovács Szonja Anna
Nathalie Yvonne Krüger	Asklepios Klinikum	REDCap adatbázis felállítás	Kovács Szonja Anna
Dr. Ocsosvsky Zsófia	ÁOK Városmajori Szív-és Érgyógyászati Klinika	REDCap adatbázis felállítás	Kovács Szonja Anna
Dr. Tari Edina	SE Transzlációs Medicina Központ	REDCap adatbázis felállítás	Kovács Szonja Anna
Gergő Dorottya	SE Transzlációs Medicina Központ	REDCap adatbázis felállítás	Kovács Szonja Anna
Tarján Dorottya	SE Transzlációs Medicina Központ	REDCap adatbázis felállítás	Kovács Szonja Anna
Dr. Fazekas-Pongor Vince	SE Népegészségtani Intézet	REDCap adatbázis felállítás	Kovács Szonja Anna
Dr. Kiss Tamás	Cyermekklinika	REDCap adatbázis felállítás	Kovács Szonja Anna
Dr. Holló Péter, Dr. Kun Beáta	Bőrklinika	Immuncheckpoint-gátlókra adott terápiás válasz gén-expressziós mintázatának retrospektív vizsgálata	Kovács Szonja Anna
Dr. Szabó Gábor	Szülészeti és Nőgyógyászati Klinika	REDCap adatbázis felállítás	Kovács Szonja A., Dr. Menyhárt Otília
Dr. Nagy Gyula Richárd	Szülészeti és Nőgyógyászati Klinika – Baross utcai részleg	Referenciagenom-projekt	Dr. Munkácsy Gyöngyi

Dr. Dobolyi Árpád	ELTE Élettani és Neurobiológiai Tanszék	RNS minták minőségellenőrzése	Dr. Munkácsy Gyöngyi
Dr. Dobolyi Árpád, Dr. Renner Éva	ELTE Élettani és Neurobiológiai Tanszék	Agymintákból RNS minőségkontroll	Dr. Munkácsy Gyöngyi
Dr. Tóth György	SE FOK-Márton Krisztina témavezető	Betegek táplálkozási, gyógyszerhasználati szokásai	Dr. Munkácsy Gyöngyi
Németh Zoltán, Prof. Dr. Koller Ákos, Szénási Annamária	SE Transzlációs Medicina Intézet	Patkány agyi érszakaszok transzkripció vizsgálat	Dr. Munkácsy Gyöngyi
Dr. Kuthi Levente	Szegedi Tudományegyetem ÁOK	LOT kiértékelés	Dr. Munkácsy Gyöngyi
Dr. Kuthi Levente	Szegedi Tudományegyetem ÁOK	pHB kiértékelés	Dr. Munkácsy Gyöngyi
Dr. Nagy Gyula Richárd	Szülészeti és Nőgyógyászati Klinika – Baross utcai részleg	Referenciagenom-projekt 18 év alattiakra	Dr. Munkácsy Gyöngyi
Dr. Hoo Hadi	Több helyszín	Covid mRNS vakcina mellékhatásai	Dr. Munkácsy Gyöngyi
Dr. Moldvay Judit	OKPI	Tüdőrákok (LUAD) korai diagnosztizálása keringő DNS vizsgálatával	Dr. Vízkeleti Laura
Dr. Spisák Sándor	ELKH TTK	SMARCB1 epigenetikai szabályozás vastagbélrákban	Dr. Vízkeleti Laura
Dr. Méhes Gábor	DE Patológia	CNV	Müller Dalma
Dr. Müller Viktor	ELTE TTK	A magyarországi HIV-járvány elemzése	Müller Dalma



## Tanulmányi versenyek

A Bioinformatika Tanszék első tanulmányi versenyét 2021-ben hirdettük meg.

A feladatban a jelentkező hallgatóknak a kemoterápiára és/ vagy hormonterápiára reagáló betegeket kellett szabadon választható módszerrel a rendelkezésre álló klinikai adatokból kiválasztani. A versenyre 46 hallgató jelentkezett és hazai első helyezést Schulc Klára (MD-PhD hallgató), nemzetközi első helyezést Takashi Hamada (orvostanhallgató) értek el pályamunkáikkal. Második helyezést Szigeti Péter (orvostanhallgató) ért el.



A képen balról jobbra Dr. Vass Nikolett, Schulc Klára, Takashi Hamada és Dr. Gyórfy Balázs

A 2022-es és a 2023-as versenykiírásunkban is a rosszindulatú tumoros sejtvonalak kemorezisztenciájában szerepet játszó génexpressziós mintázat azonosítása volt a cél mesterséges intelligenciát használó alkalmazások segítségével. A 2022-es versenyünkre 20 jelentkező küldött be megoldást és a helyezést elért hallgatók Bohus Gyula (I. helyezett, orvostanhallgató), Schulc Klára (II. helyezett, MD-PhD hallgató) és Yixuan Zeng (III. helyezett, orvostanhallgató) voltak.



A képen balról jobbra Dr. Fekete János Tibor, Yixuan Zeng, Bohus Gyula és Dr. Gyórfy Balázs

A 2023-as évben a kilenc beküldött munkából három főt díjaztunk: Hajnal Benjámin (I. helyezett, PhD hallgató), Di Giovanni Mark (II. helyezett, MD-PhD hallgató) és Barátosi Kristóf (különdíj, középiskolai hallgató).

A képen balról jobbra Dr. Gyórfy Balázs, Barátosi Kristóf, Hajnal Benjámin, Di Giovanni Márk és Dr. Fekete János Tibor



## Tudományos közleményeink



### Publikációink 2024-ben

179. Parreno V, Loubiere V, Schuettengruber B, Fritsch L, Rawal CC, Erokhin M, **Gyórfy B**, Normanno D, Di Stefano M, Moreaux J, Butova NL, Chiolo I, Chetverina D, Martinez AM, Cavalli G. Transient loss of Polycomb components induces an epigenetic cancer fate. **Nature**. 2024 Apr 24. doi: 10.1038/s41586-024-07328-w.
178. Ungvari Z, Ungvari A, Bianchini G, **Gyórfy B**. Prognostic significance of a signature based on senescence-related genes in colorectal cancer. **Geroscience**. 2024 Apr 25. doi: 10.1007/s11357-024-01164-6
177. Smith K, Beach D, Silva R, **Gyórfy B**, Salani F, Crea F. Comprehensive analysis of differentially expressed miRNAs in hepatocellular carcinoma: Prognostic, predictive significance and pathway insights. **PLoS One**. 2024 Apr 18;19(4):e0296198. doi: 10.1371/journal.pone.0296198.
176. Prosz A, Sahgal P, Huffman BM, Sztupinszki Z, Morris CX, Chen D, Börcsök J, Diossy M, Tisza V, Spisak S, Likasitwatanakul P, Rusz O, Csabai I, Cecchini M, Baca Y, Elliot A, Enzinger P, Singh H, Ubellaker J, Lazaro JB, Cleary JM, **Szállási Z**, Sethi NS. Mutational signature-based identification of DNA repair deficient gastroesophageal adenocarcinomas for therapeutic targeting. **NPJ Precis Oncol**. 2024 Apr 8;8(1):87. doi: 10.1038/s41698-024-00561-6
175. Spisak S, Chen D, Likasitwatanakul P, Doan P, Li Z, Bala P, **Vizkeleti L**, Tisza V, De Silva P, Giannakis M, Wolpin B, Qi J, Sethi NS. Identifying regulators of aberrant stem cell and differentiation activity in colorectal cancer using a dual endogenous reporter system. **Nat Commun**. 2024 Mar 12;15(1):2230. doi: 10.1038/s41467-024-46285-w. PMID: 38472198; PMCID: PMC10933491.
174. **Gyórfy B**. Transcriptome-level discovery of survival-associated biomarkers and therapy targets in non-small-cell lung cancer. **Br J Pharmacol**. 2024 Feb;181(3):362-374. doi: 10.1111/bph.16257.
173. Baca SC, Seo JH, Davidsohn MP, Fortunato B, Semaan K, Sotudian S, Lakshminarayanan G, Diossy M, Qiu X, El Zarif T, Savignano H, Canniff J, Madueke I, Saliby RM, Zhang Z, Li R, Jiang Y, Taing L, Awad M, Chau CH, DeCaprio JA, Figg WD, Greten TF, Hata AN, Hodi FS, Hughes ME, Ligon KL, Lin N, Ng K, Oser MG, Meador C, Parsons HA, Pomerantz MM, Rajan A, Ritz J, Thakuria M, Tolaney SM, Wen PY, Long H, Berchuck JE, **Szállási Z**, Choueiri TK, Freedman ML. Author Correction: Liquid biopsy epigenomic profiling for cancer subtyping. **Nat Med**. 2024 Mar;30(3):907. doi: 10.1038/s41591-023-02735-4. Erratum for: **Nat Med**. 2023 Nov; 29(11):2737-2741.
172. Zeke A, Gibson TJ, **Dobson L**. Linear motifs regulating protein secretion, sorting and autophagy in Leishmania parasites are diverged with respect to their host equivalents. **PLoS Comput Biol**. 2024 Feb 16;20(2):e1011902. doi: 10.1371/journal.pcbi.1011902.



171. Bácsi I, **Figler A**, Simon E, Yaqoob MM, Márton K, B-Béres V. Salinity tolerance and desalination properties of a *Haematococcus lacustris* strain from eastern Hungary. **Front Microbiol.** 2024 Mar 14;15:1332642. doi: 10.3389/fmicb.2024.1332642.
170. **Menyhárt O, Fekete JT, Györffy B.** Resistance to Combined Anthracycline-Taxane Chemotherapy Is Associated with Altered Metabolism and Inflammation in Breast Carcinomas. **Int J Mol Sci.** 2024 Jan 15;25(2):1063. doi: 10.3390/ijms25021063.
169. Aspromonte MC, Nugnes MV, Quaglia F, Bouharoua A; DisProt Consortium; Tosatto SCE, Piovesan D. DisProt in 2024: improving function annotation of intrinsically disordered proteins. **Nucleic Acids Res.** 2024 Jan 5;52(D1):D434-D441. doi: 10.1093/nar/gkad928.
168. Sanvicente A, Díaz-Tejeiro C, Nieto-Jiménez C, Paniagua-Herranz L, López Cade I, **Györffy B**, Moreno V, Pérez-Segura P, Calvo E, Ocaña A. In Silico Transcriptomic Expression of MSR1 in Solid Tumors Is Associated with Responses to Anti-PD1 and Anti-CTLA4 Therapies. **Int J Mol Sci.** 2024 Apr 3;25(7):3987. doi: 10.3390/ijms25073987.
167. Zhou W, Zhao Z, Lin A, Yang J, Xu J, Kari WR, Yang A, Li J, Solanki S, Speth J, Walker N, Scott AJ, Kothari AU, Yao Y, Peterson ER, Korimerla N, Werner CK, Liang J, Jacobson J, Palavalasa S, O'Brien AM, Elaimy AL, Ferris SP, Zhao SG, Sarkaria JN, **Györffy B**, Zhang S, Al-Holou WN, Umemura Y, Morgan MA, Lawrence TS, Lyssiotis CA, Peters-Golden M, Shah YM, Wahl DR. GTP signaling links metabolism, DNA repair, and responses to genotoxic stress. bioRxiv [Preprint]. 2023 Apr 13:2023.04.12.536297. doi: 10.1101/2023.04.12.536297. Update in: **Cancer Discov.** 2023 Oct 30.
166. Pan X, AbdulJabbar K, Coelho-Lima J, Grapa AI, Zhang H, Cheung AHK, Baena J, Karasaki T, Wilson CR, Sereno M, Veeriah S, Aitken SJ, Hackshaw A, Nicholson AG, Jamal-Hanjani M; **TRACERx Consortium**; Swanton C, Yuan Y, Le Quesne J, Moore DA. The artificial intelligence-based model ANORAK improves histopathological grading of lung adenocarcinoma. **Nat Cancer.** 2024 Jan 10. doi: 10.1038/s43018-023-00694-w.
165. Kumar M, Michael S, Alvarado-Valverde J, Zeke A, Lazar T, Glavina J, Nagy-Kanta E, Donagh JM, Kalman ZE, Pascarelli S, Palopoli N, **Dobson L**, Suarez CF, Van Roey K, Krystkowiak I, Griffin JE, Nagpal A, Bhardwaj R, Diella F, Mészáros B, Dean K, Davey NE, Panca R, Chemes LB, Gibson TJ. ELM-the Eukaryotic Linear Motif resource-2024 update. **Nucleic Acids Res.** 2024 Jan 5;52(D1):D442-D455. doi:10.1093/nar/gkad1058.
164. **Dobson L**, Gerdán C, Tusnády S, Szekeres L, Kuffa K, Langó T, Zeke A, **Tusnády GE.** UniTmp: unified resources for transmembrane proteins. **Nucleic Acids Res.** 2024 Jan 5;52(D1):D572-D578. doi: 10.1093/nar/gkad897.
163. Schittenhelm MM, Kaiser M, **Györffy B**, Kampa-Schittenhelm KM. Evaluation of apoptosis stimulating protein of TP53-1 (ASPP1/PPP1R13B) to predict therapy resistance and overall survival in acute myeloid leukemia (AML). **Cell Death Dis.** 2024 Jan 10;15(1):25. doi: 10.1038/s41419-023-06372-0.
162. **Menyhárt O, Györffy B.** Dietary approaches for exploiting metabolic vulnerabilities in cancer. **Biochim Biophys Acta Rev Cancer.** 2023 Dec 28;1879(2):189062. doi: 10.1016/j.bbcan.2023.189062.
161. Bosi C, **Bartha Á**, Galbardi B, Notini G, Naldini MM, Licata L, Viale G, Mariani M, Pistilli B, Ali HR, André F, Piras M, Callari M, Barreca M, Locatelli A, Viganò L, Criscitiello C, Pusztai L, Curigliano G, **Györffy B**, Dugo M, Bianchini G. Pan-cancer analysis of antibody-drug conjugate targets and putative predictors of treatment response. **Eur J Cancer.** 2023 Dec; 195:113379. doi: 10.1016/j.ejca.2023.113379.
160. **Dobson L**, Gerdán C, Tusnády S, Szekeres L, Kuffa K, Langó T, Zeke A, **Tusnády GE.** UniTmp: unified resources for transmembrane proteins. **Nucleic Acids Res.** 2023 Oct 23: gkad897. doi: 10.1093/nar/gkad897.
159. Prosz A, Duan H, Tisza V, Sahgal P, Topka S, Klus GT, Börcsök J, Sztupinszki Z, Hanlon T, Diossy M, **Vizkeleti L**, Stormoen DR, Csabai I, Pappot H, Vijai J, Offit K, Ried T, Sethi N, Mouw KW, Spisak S, Pathania S, **Szállási Z.** Nucleotide excision repair deficiency is a targetable therapeutic vulnerability in clear cell renal cell carcinoma. bioRxiv [Preprint]. 2023 Feb 7:2023.02.07.527498. doi: 10.1101/2023.02.07.527498. Update in: **Sci Rep.** 2023 Nov 23;13(1):20567.
158. Giordano C, Accattatis FM, Gelsomino L, Del Console P, **Györffy B**, Giuliano M, Veneziani BM, Arpino G, De Angelis C, De Placido P, Pietrolungo E, Zinno F, Bonofiglio D, Andò S, Barone I, Catalano S. miRNAs in the Box: Potential Diagnostic Role for Extracellular Vesicle-Packaged miRNA-27a and miRNA-128 in Breast Cancer. **Int J Mol Sci.** 2023 Oct 28;24(21):15695. doi: 10.3390/ijms242115695.
157. Hill W, Lim EL, Weeden CE, Lee C, Augustine M, Chen K, Kuan FC, Marongiu F, Evans EJ Jr, Moore DA, Rodrigues FS, Pich O, Bakker B, Cha H, Myers R, van Maldegem F, Boumelha J, Veeriah S, Rowan A, Naceur-Lombardelli C, Karasaki T, Sivakumar M, De S, Caswell DR, Nagano A, Black JRM, Martínez-Ruiz C, Ryu MH, Huff RD, Li S, Favé MJ, Magness A, Suárez-Bonnet A, Priestnall SL, Lüchtenborg M, Lavelle K, Pethick J, Hardy S, McDonald FE, Lin MH, Troccoli CI, Ghosh M, Miller YE, Merrick DT, Keith RL, Al Bakir M, Bailey C, Hill MS, Saal LH, Chen Y, George AM, Abbosh C, Kanu N, Lee SH, McGranahan N, Berg CD, Sasieni P, Houlston R, Turnbull C, Lam S, Awadalla P, Grönroos E, Downward J, Jacks T, Carlsten C, Malanchi I, Hackshaw A, Litchfield K; **TRACERx Consortium**; DeGregori J, Jamal-Hanjani M, Swanton C. Lung adenocarcinoma promotion by air pollutants. **Nature.** 2023 Apr;616(7955):159-167. doi: 10.1038/s41586-023-05874-3.
156. Jambrich MA, **Tusnady GE, Dobson L.** How AlphaFold2 shaped the structural coverage of the human transmembrane proteome. **Sci Rep.** 2023 Nov 20;13(1):20283. doi: 10.1038/s41598-023-47204-7. PMID: 37985809; PMCID: PMC10662385.1: **Tusnády GE**, Zeke A, Kálmán ZE, Fatoux M, Ricard-Blum S, Gibson TJ, Dobson L. LeishMANIAdb: a comparative resource for Leishmania proteins. Database (Oxford). 2023 Oct 31;2023:baad074. doi: 10.1093/database/baad074.



155. Wang Z, Zhang N, Zhang M, Jiang Y, Ng AS, Bridges E, Zhang W, Zeng X, Luo Q, Liang J, **Győrffy B**, Hublitz P, Liang Z, Fischer R, Kerr D, Harris AL, Cai S. GTP Cyclohydrolase Drives Breast Cancer Development and Promotes EMT in an Enzyme-Independent Manner. **Cancer Res.** 2023 Oct 13;83(20):3400-3413. doi: 10.1158/0008-5472.CAN-22-3471.
154. Szepesi Kovács D, Kontra B, Chiovini B, Müller D, Tóth EZ, Ábrányi-Balogh P, Wittner L, Várady G, Turczel G, Farkas Ö, Owen MC, Katona G, **Győrffy B**, Keserű GM, Mucsi Z, Rózsa BJ, Kovács E. Effective synthesis, development and application of a highly fluorescent cyanine dye for antibody conjugation and microscopy imaging. **Org Biomol Chem.** 2023 Nov 15;21(44):8829-8836. doi: 10.1039/d3ob01471a.
153. Baca SC, Seo JH, Davidsohn MP, Fortunato B, Semaan K, Sotudian S, Lakshminarayanan G, Diossy M, Qiu X, El Zarif T, Savignano H, Canniff J, Madueke I, Saliby RM, Zhang Z, Li R, Jiang Y, Taing L, Awad M, Chau CH, DeCaprio JA, Figg WD, Greten TF, Hata AN, Hodi FS, Hughes ME, Ligon KL, Lin N, Ng K, Oser MG, Meador C, Parsons HA, Pomerantz MM, Rajan A, Ritz J, Thakuria M, Tolaney SM, Wen PY, Long H, Berchuck JE, **Szállási Z**, Choueiri TK, Freedman ML. Author Correction: Liquid biopsy epigenomic profiling for cancer subtyping. **Nat Med.** 2023 Dec 4. doi: 10.1038/s41591-023-02735-4.
152. Zhou Y, Börcsök J, Adib E, Kamran SC, Neil AJ, Stawiski K, Freeman D, Stormoen DR, Sztupinszki Z, Samant A, Nassar A, Bekele RT, Hanlon T, Valentine H, Epstein I, Sharma B, Felt K, Abbosh P, Wu CL, Efstathiou JA, Miyamoto DT, Anderson W, **Szállási Z**, Mouw KW. ATM deficiency confers specific therapeutic vulnerabilities in bladder cancer. **Sci Adv.** 2023 Nov 24;9(47):eadg2263. doi: 10.1126/sciadv.adg2263.
151. Sgarzi M, Mazzeschi M, Santi S, Montacci E, Panciera T, Ferlizza E, Girone C, Morselli A, Gelfo V, Kuhre RS, Cavallo C, Valente S, Pasquinelli G, **Győrffy B**, D'Uva G, Romaniello D, Lauriola M. Aberrant MET activation impairs perinuclear actin cap organization with YAP1 cytosolic relocation. **Commun Biol.** 2023 Oct 14;6(1):1044. doi: 10.1038/s42003-023-05411-y.
150. Licata L, Barreca M, Galbardi B, Dugo M, Viale G, **Győrffy B**, Karn T, Pusztai L, Gianni L, Callari M, Bianchini G. Breast cancers with high proliferation and low ER-related signalling have poor prognosis and unique molecular features with implications for therapy. **Br J Cancer.** 2023 Nov 7. doi: 10.1038/s41416-023-02477-7.
149. Prekovic S, Chalkiadakis T, Roest M, Roden D, Lutz C, Schuurman K, Opdam M, Hoekman L, Abbott N, Tesselaar T, Wajahat M, Dwyer AR, Mayayo-Peralta I, Gomez G, Altelaar M, Beijersbergen R, **Győrffy B**, Young L, Linn S, Jonkers J, Tilley W, Hickey T, Vareslija D, Swarbrick A, Zwart W. Luminal breast cancer identity is determined by loss of glucocorticoid receptor activity. **EMBO Mol Med.** 2023 Oct 30:e17737. doi: 10.15252/emmm.202317737.
148. Resál T, Bacsur P, Horváth M, Szántó K, Rutka M, Bálint A, Fábrián A, Bor R, Szepes Z, **Fekete J**, Farkas K, Miheller P, Molnár T. Nationwide experiences with trough levels, durability, and disease activity among inflammatory bowel disease patients following COVID-19 vaccination. **Therap Adv Gastroenterol.** 2023 Jul 14;16:17562848231183529. doi: 10.1177/17562848231183529.
147. Paniagua-Herranz L, Doger B, Díaz-Tejeiro C, Sanvicente A, Nieto-Jiménez C, Moreno V, Pérez Segura P, **Győrffy B**, Calvo E, Ocana A. Genomic Mapping of Epidermal Growth Factor Receptor and Mesenchymal-Epithelial Transition-Up-Regulated Tumors Identifies Novel Therapeutic Opportunities. **Cancers** (Basel). 2023 Jun 20;15(12):3250. doi: 10.3390/cancers15123250.
146. Sánchez-Tilló E, Pedrosa L, Vila I, Chen Y, **Győrffy B**, Sánchez-Moral L, Siles L, Lozano JJ, Esteve-Codina A, Darling DS, Cuatrecasas M, Castells A, Maurel J, Postigo A. The EMT factor ZEB1 paradoxically inhibits EMT in BRAF-mutant carcinomas. **JCI Insight.** 2023 Oct 23;8(20):e164629. doi: 10.1172/jci.insight.164629.
145. **Győrffy B**. Transcriptome-level discovery of survival-associated biomarkers and therapy targets in non-small-cell lung cancer. **Br J Pharmacol.** 2024 Feb;181(3):362-374. doi: 10.1111/bph.16257.
144. **Menyhárt O, Fekete TJ, Győrffy B**. A gyulladáshoz köthető jelátviteli utak fokozott aktivitása antraciklin-paklitaxel rezisztens emlőkarcinómákban [Increased activity of inflammation-related signaling pathways in anthracycline-paclitaxel resistant breast carcinomas]. **Magy Onkol.** 2023 Sep 28;67(3):203-212. Hungarian.
143. Martínez-Ruiz C, Black JRM, Puttick C, Hill MS, Demeulemeester J, Larose Cadieux E, Thol K, Jones TP, Veeriah S, Naceur-Lombardelli C, Toncheva A, Prymas P, Rowan A, Ward S, Cubitt L, Athanasopoulou F, Pich O, Karasaki T, Moore DA, Salgado R, Colliver E, Castignani C, Dietzen M, Huebner A, Al Bakir M, Tanić M, Watkins TBK, Lim EL, Al-Rashed AM, Lang D, Clements J, Cook DE, Rosenthal R, Wilson GA, Frankell AM, de Carné Trécesson S, East P, Kanu N, Litchfield K, Birkbak NJ, Hackshaw A, Beck S, Van Loo P, Jamal-Hanjani M; **TRACERx Consortium**; Swanton C, McGranahan N. Genomic-transcriptomic evolution in lung cancer and metastasis. **Nature.** 2023 Apr;616(7957):543-552. doi: 10.1038/s41586-023-05706-4.
142. Wang XQ, Danenberg E, Huang CS, Egle D, Callari M, Bermejo B, Dugo M, Zamagni C, Thill M, Anton A, Zambelli S, Russo S, Ciruelos EM, Greil R, **Győrffy B**, Semiglazov V, Colleoni M, Kelly CM, Mariani G, Del Mastro L, Biasi O, Seitz RS, Valagussa P, Viale G, Gianni L, Bianchini G, Ali HR. Spatial predictors of immunotherapy response in triple-negative breast cancer. **Nature.** 2023 Sep;621(7980):868-876. doi: 10.1038/s41586-023-06498-3.
141. **Vízkeleti L**, Spisák S. Rewired Metabolism Caused by the Oncogenic Deregulation of MYC as an Attractive Therapeutic Target in Cancers. **Cells.** 2023 Jun 29;12(13):1745. doi: 10.3390/cells12131745.
140. Szluka P, Csajbók E, **Győrffy B**. Relationship between bibliometric indicators and university ranking positions. **Sci Rep.** 2023 Aug 30;13(1):14193. doi: 10.1038/s41598-023-35306-1.
139. Szeitz B, Glasz T, Herold Z, Tóth G, Balbisi M, Fillinger J, Horváth S, Mohácsi R, Kwon HJ, Moldvay J, Turiák L, **Szász AM**. Spatially Resolved Proteomic and Transcriptomic Profiling of Anaplastic Lymphoma Kinase-Rearranged Pulmonary Adenocarcinomas Reveals Key Players in Inter- and Intratumoral Heterogeneity. **Int J Mol Sci.** 2023 Jul 12;24(14):11369. doi: 10.3390/ijms241411369.

138. Qin Y, Ashrafizadeh M, Mongiardini V, Grimaldi B, Crea F, Rietdorf K, **Györffy B**, Klionsky DJ, Ren J, Zhang W, Zhang X. Autophagy and cancer drug resistance in dialogue: Pre-clinical and clinical evidence. **Cancer Lett.** 2023 Aug 28;570:216307. doi: 10.1016/j.canlet.2023.216307.
137. Ng KW, Boumelha J, Enfield KSS, Almagro J, Cha H, Pich O, Karasaki T, Moore DA, Salgado R, Sivakumar M, Young G, Molina-Arcas M, de Carné Trécesson S, Anastasiou P, Fendler A, Au L, Shepherd STC, Martínez-Ruiz C, Puttick C, Black JRM, Watkins TBK, Kim H, Shim S, Faulkner N, Attig J, Veeriah S, Magno N, Ward S, Frankell AM, Al Bakir M, Lim EL, Hill MS, Wilson GA, Cook DE, Birkbak NJ, Behrens A, Yousaf N, Popat S, Hackshaw A; **TRACERx Consortium**; CAPTURE Consortium; Hiley CT, Litchfield K, McGranahan N, Jamal-Hanjani M, Larkin J, Lee SH, Turajlic S, Swanton C, Downward J, Kassiotis G. Antibodies against endogenous retroviruses promote lung cancer immunotherapy. **Nature.** 2023 Apr; 616(7957):563-573. doi: 10.1038/s41586-023-05771-9.
136. Mota I, Patrucco E, Mastini C, Mahadevan NR, Thai TC, Bergaggio E, Cheong TC, Leonard G, Karaca-Atabay E, Campisi M, Poggio T, Menotti M, Ambrogio C, Longo DL, Klæger S, Keshishian H, Sztupinszki ZM, **Szállási Z**, Keskin DB, Duke-Cohan JS, Reinhold B, Carr SA, Wu CJ, Moynihan KD, Irvine DJ, Barbie DA, Reinherz EL, Voena C, Awad MM, Blasco RB, Chiarle R. ALK peptide vaccination restores the immunogenicity of ALK-rearranged non-small cell lung cancer. **Nat Cancer.** 2023 Jul;4(7):1016-1035. doi: 10.1038/s43018-023-00591-2.
135. Gyulai M, Harko T, Fabian K, Karsko L, Agocs L, Szigeti B, Fillinger J, **Szállási Z**, Pipek O, Moldvay J. Claudin expression in pulmonary adenoid cystic carcinoma and mucoepidermoid carcinoma. **Pathol Oncol Res.** 2023 Aug 9;29:1611328. doi: 10.3389/pore.2023.1611328.
134. DeAngelo SL, **Györffy B**, Koutmos M, Shah YM. Selenoproteins and tRNA-Sec: regulators of cancer redox homeostasis. **Trends Cancer.** 2023 Sep 14:S2405-8033(23)00163-2. doi: 10.1016/j.trecan.2023.08.003.
133. Herold M, **Szasz AM**, Szentmartoni G, Martinek E, Madar-Dank V, Barna AJ, Mohacsi R, Somogyi A, Dank M, Herold Z. Influence of the duration of type 2 diabetes mellitus on colorectal cancer outcomes. **Sci Rep.** 2023 Aug 10;13(1):12985. doi: 10.1038/s41598-023-40216-3.
132. Roche ME, Ko YH, Domingo-Vidal M, Lin Z, Whitaker-Menezes D, Birbe RC, Tuluc M, **Györffy B**, Caro J, Philp NJ, Bartrons R, Martinez-Outschoorn U. TP53 Induced Glycolysis and Apoptosis Regulator and Monocarboxylate Transporter 4 drive metabolic reprogramming with c-MYC and NFkB activation in breast cancer. **Int J Cancer.** 2023 Jul 27. doi: 10.1002/ijc.34660.
131. Mangó K, Fekete F, Kiss ÁF, Erdős R, **Fekete JT**, Búdi T, Bruckner E, Garami M, Micsik T, Monostory K. Association between CYP2B6 genetic variability and cyclophosphamide therapy in pediatric patients with neuroblastoma. **Sci Rep.** 2023 Jul 21;13(1):11770. doi: 10.1038/s41598-023-38983-0.
130. Fu X, Pereira R, Liu CC, De Angelis C, Shea MJ, Nanda S, Qin L, Mitchell T, Cataldo ML, Veeraraghavan J, Sethunath V, Giuliano M, Gutierrez C, **Györffy B**, Trivedi MV, Cohen O, Wagle N, Nardone A, Jeselsohn R, Rimawi MF, Osborne CK, Schiff R. High FOXA1 levels induce ER transcriptional reprogramming, a pro-metastatic secretome, and metastasis in endocrine-resistant breast cancer. **Cell Rep.** 2023 Jul 18;42(8):112821. doi: 10.1016/j.celrep.2023.112821.
129. Matsumoto S, Tsunashima R, Kitano S, Watanabe A, Kato C, Morita M, Sakaguchi K, **Györffy B**, Naoi Y. Multi-gene assay 95- and 155-gene classifiers for prognosis prediction and chemotherapy omission in lymphnode positive luminal-type breast cancer. **Cancer Treat Res Commun.** 2023 May 18;36:100711. doi: 10.1016/j.ctarc.2023.100711.
128. Gyulai M, Megyesfalvi Z, Reiniger L, Harko T, Ferencz B, Karsko L, Agocs L, Fillinger J, Dome B, **Szállási Z**, Moldvay J. PD-1 and PD-L1 expression in rare lung tumors. **Pathol Oncol Res.** 2023 May 18;29:1611164. doi: 10.3389/pore.2023.1611164.
127. Chetverina D, Vorobyeva NE, **Györffy B**, Shtil AA, Erokhin M. Analyses of Genes Critical to Tumor Survival Reveal Potential 'Supertargets': Focus on Transcription. **Cancers (Basel).** 2023 Jun 3;15(11):3042. doi: 10.3390/cancers15113042.
126. Szepesi Kovács D, Chiovini B, Müller D, Tóth EZ, Fülöp A, Ábrányi-Balogh P, Wittner L, Várady G, Farkas Ö, Turczel G, Katona G, **Györffy B**, Keserű GM, Mucsi Z, Rózsa BJ, Kovács E. Synthesis and Application of Two-Photon Active Fluorescent Rhodol Dyes for Antibody Conjugation and In Vitro Cell Imaging. **ACS Omega.** 2023 Jun 14;8(25):22836-22843. doi: 10.1021/acsomega.3c01796.
125. Naimo GD, Forestiero M, Paolì A, Malivindi R, Gelsomino L, **Györffy B**, Leonetti AE, Giordano F, Panza S, Conforti FL, Ruffo P, Panno ML, Mauro L, Andò S. ERα/LKB1 complex upregulates E-cadherin expression and stimulates breast cancer growth and progression upon adiponectin exposure. **Int J Cancer.** 2023 Jun 16. doi: 10.1002/ijc.34626.
124. **Posta M, Györffy B.** Analysis of a large cohort of pancreatic cancer transcriptomic profiles to reveal the strongest prognostic factors. **Clin Transl Sci.** 2023 Jun 1. doi: 10.1111/cts.13563.
123. Woldmar N, Schwendenwein A, Kuras M, Szeitz B, Boettiger K, Tisza A, László V, Reiniger L, Bagó AG, Szállási Z, Moldvay J, **Szász AM**, Malm J, Horvatovich P, Pizzatti L, Domont GB, Rényi-Vámos F, Hoetzenecker K, Hoda MA, Marko-Varga G, Schelch K, Megyesfalvi Z, Rezeli M, Döme B. Proteomic analysis of brain metastatic lung adenocarcinoma reveals intertumoral heterogeneity and specific alterations associated with the timing of brain metastases. **ESMO Open.** 2023 Feb;8(1):100741. doi: 10.1016/j.esmoop.2022.100741.
122. Karasaki T, Moore DA, Veeriah S, Naceur-Lombardelli C, Toncheva A, Magno N, Ward S, Bakir MA, Watkins TBK, Grigoriadis K, Huebner A, Hill MS, Frankell AM, Abbosh C, Puttick C, Zhai H, Gimeno-Valiente F, Saghafinia S, Kanu N, Dietzen M, Pich O, Lim EL, Martínez-Ruiz C, Black JRM, Biswas D, Campbell BB, Lee C, Colliver E, Enfield KSS, Hessey S, Hiley CT, Zaccaria S, Litchfield K, Birkbak NJ, Cadieux EL, Demeulemeester J, Van Loo P, Adusumilli PS, Tan KS, Cheema W, Sanchez-Vega F, Jones DR, Rekhman N, Travis WD, Hackshaw A, Marafioti T, Salgado R, Le Quesne J, Nicholson AG; **TRACERx Consortium**; McGranahan N, Swanton C, Jamal-Hanjani M. Evolutionary characterization of lung adenocarcinoma morphology in TRACERx. **Nat Med.** 2023 Apr;29(4):833-845. doi:10.1038/s41591-023-02230-w.



121. Jankó L, Tóth E, Laczik M, Rauch B, Janka E, **Bálint BL**, Bai P. PARP2 poly(ADP-ribose) nuclear factor erythroid 2-related factor 2 (NRF2) affecting NRF2 subcellular localization. **Sci Rep**. 2023 May 15;13(1):7869. doi: 10.1038/s41598-023-35076-w.
120. Lazar J, Antal-Szalmas P, Kurucz I, Ferenczi A, Jozsi M, Tornyi I, Muller M, **Fekete JT**, Lamont J, FitzGerald P, Gall-Debreceni A, Kadas J, Vida A, Tardieu N, Kieffer Y, Julien A, Guergova-Kuras M, Hempel W, Kovacs A, Kardos T, Bittner N, Csanky E, Szilasi M, Losonczy G, Szondy K, Galffy G, Csada E, Szalontai K, Somfay A, Malka D, Cottu P, Bogos K, Takacs L. Large scale plasma proteome epitome profiling is an efficient tool for the discovery of cancer biomarkers. **Mol Cell Proteomics**. 2023 May 19:100580. doi: 10.1016/j.mcpro.2023.100580.
119. Abbosh C, Frankell AM, Harrison T, Kisistok J, Garnett A, Johnson L, Veeriah S, Moreau M, Chesh A, Chaunzwa TL, Weiss J, Schroeder MR, Ward S, Grigoriadis K, Shahpurwalla A, Litchfield K, Puttick C, Biswas D, Karasaki T, Black JRM, Martínez-Ruiz C, Bakir MA, Pich O, Watkins TBK, Lim EL, Huebner A, Moore DA, Godin-Heymann N, L'Hernault A, Bye H, Odell A, Roberts P, Gomes F, Patel AJ, Manzano E, Hiley CT, Carey N, Riley J, Cook DE, Hodgson D, Stetson D, Barrett JC, Kortlever RM, Evan GI, Hackshaw A, Daber RD, Shaw JA, Aerts HJWL, Licon A, Stahl J, Jamal-Hanjani M; **TRACERx Consortium**; Birkbak NJ, McGranahan N, Swanton C. Tracking early lung cancer metastatic dissemination in TRACERx using ctDNA **Nature**. 2023 Apr;616(7957):553-562. doi: 10.1038/s41586-023-05776-4.
118. Frankell AM, Dietzen M, Al Bakir M, Lim EL, Karasaki T, Ward S, Veeriah S, Colliver E, Huebner A, Bunkum A, Hill MS, Grigoriadis K, Moore DA, Black JRM, Liu WK, Thol K, Pich O, Watkins TBK, Naceur-Lombardelli C, Cook DE, Salgado R, Wilson GA, Bailey C, Angelova M, Bentham R, Martínez-Ruiz C, Abbosh C, Nicholson AG, Le Quesne J, Biswas D, Rosenthal R, Puttick C, Hessey S, Lee C, Prymas P, Toncheva A, Smith J, Xing W, Nicod J, Price G, Kerr KM, Naidu B, Middleton G, Blyth KG, Fennell DA, Forster MD, Lee SM, Falzon M, Hewish M, Shackcloth MJ, Lim E, Benafif S, Russell P, Boleti E, Krebs MG, Lester JF, Papadatos-Pastos D, Ahmad T, Thakrar RM, Lawrence D, Navani N, Janes SM, Dive C, Blackhall FH, Summers Y, Cave J, Marafioti T, Herrero J, Quezada SA, Peggs KS, Schwarz RF, Van Loo P, Miedema DM, Birkbak NJ, Hiley CT, Hackshaw A, Zaccaria S; **TRACERx Consortium**; Jamal-Hanjani M, McGranahan N, Swanton C. The evolution of lung cancer and impact of subclonal selection in TRACERx. **Nature**. 2023 Apr;616(7957):525-533. doi: 10.1038/s41586-023-05783-5.
117. Al-Sawaf O, Weiss J, Skrzypski M, Lam JM, Karasaki T, Zambrana F, Kidd AC, Frankell AM, Watkins TBK, Martínez-Ruiz C, Puttick C, Black JRM, Huebner A, Bakir MA, Sokač M, Collins S, Veeriah S, Magno N, Naceur-Lombardelli C, Prymas P, Toncheva A, Ward S, Jayanth N, Salgado R, Bridge CP, Christiani DC, Mak RH, Bay C, Rosenthal M, Sattar N, Welsh P, Liu Y, Perrimon N, Popuri K, Beg MF, McGranahan N, Hackshaw A, Breen DM, O'Rahilly S, Birkbak NJ, Aerts HJWL; **TRACERx Consortium**; Jamal-Hanjani M, Swanton C. Body composition and lung cancer-associated cachexia in TRACERx. **Nat Med**. 2023 Apr;29(4):846-858. doi:10.1038/s41591-023-02232-8.
116. Al Bakir M, Huebner A, Martínez-Ruiz C, Grigoriadis K, Watkins TBK, Pich O, Moore DA, Veeriah S, Ward S, Laycock J, Johnson D, Rowan A, Razaq M, Akther M, Naceur-Lombardelli C, Prymas P, Toncheva A, Hessey S, Dietzen M, Colliver E, Frankell AM, Bunkum A, Lim EL, Karasaki T, Abbosh C, Hiley CT, Hill MS, Cook DE, Wilson GA, Salgado R, Nye E, Stone RK, Fennell DA, Price G, Kerr KM, Naidu B, Middleton G, Summers Y, Lindsay CR, Blackhall FH, Cave J, Blyth KG, Nair A, Ahmed A, Taylor MN, Procter AJ, Falzon M, Lawrence D, Navani N, Thakrar RM, Janes SM, Papadatos-Pastos D, Forster MD, Lee SM, Ahmad T, Quezada SA, Peggs KS, Van Loo P, Dive C, Hackshaw A, Birkbak NJ, Zaccaria S; **TRACERx Consortium**; Jamal-Hanjani M, McGranahan N, Swanton C. The evolution of non-small cell lung cancer metastases in TRACERx. **Nature**. 2023 Apr;616(7957):534-542. doi: 10.1038/s41586-023-05729-x.
115. **Munkácsy G**, Santarpia L, **Gyórfy B**. Therapeutic Potential of Tumor Metabolic Reprogramming in Triple-Negative Breast Cancer. **Int J Mol Sci**. 2023 Apr 8;24(8):6945. doi: 10.3390/ijms24086945.
114. Pipek O, **Vizkeleti L**, Doma V, Alpár D, Bödör C, Kárpáti S, Timar J. The Driverless Triple-Wild-Type (BRAF, RAS, KIT) Cutaneous Melanoma: Whole Genome Sequencing Discoveries. **Cancers** (Basel). 2023 Mar 10;15(6):1712. doi: 10.3390/cancers15061712.
113. Barone I, Gelsomino L, Accattatis FM, Giordano F, **Gyórfy B**, Panza S, Giuliano M, Veneziani BM, Arpino G, De Angelis C, De Placido P, Bonofiglio D, Andò S, Giordano C, Catalano S. Analysis of circulating extracellular vesicle derived microRNAs in breast cancer patients with obesity: a potential role for Let-7a. **J Transl Med**. 2023 Mar 31;21(1):232. doi: 10.1186/s12967-023-04075-w.
112. Olah C, Reis H, Hoffmann MJ, Mairinger F, Ting S, Hadaschik B, Krafft U, Grünwald V, Nyirady P, Varadi M, **Gyórfy B**, Kiss A, Szekely E, Sjödaahl G, Szarvas T. Predictive value of molecular subtypes and APOBEC3G for adjuvant chemotherapy in urothelial bladder cancer. **Cancer Med**. 2023 Mar;12(5):5222-5232. doi: 10.1002/cam4.5324.
111. **Bartha Á**, Darula Z, **Munkácsy G**, Klement É, Nyirady P, **Gyórfy B**. Proteotranscriptomic Discrimination of Tumor and Normal Tissues in Renal Cell Carcinoma. **Int J Mol Sci**. 2023 Feb 24;24(5):4488. doi: 10.3390/ijms24054488.
110. Morafraille EC, Saiz-Ladera C, Nieto-Jiménez C, **Gyórfy B**, Nagy A, Velasco G, Pérez-Segura P, Ocaña A. Mapping Immune Correlates and Surfaceome Genes in BRAF Mutated Colorectal Cancers. **Curr Oncol**. 2023 Feb 21;30(3):2569-2581. doi: 10.3390/curroncol30030196.
109. **Kothalawala WJ**, **Gyórfy B**. Transcriptomic and Cellular Content Analysis of Colorectal Cancer by Combining Multiple Independent Cohorts. **Clin Transl Gastroenterol**. 2023 Feb 1;14(2):e00517. doi: 10.14309/ctg.0000000000000517.
108. Varadi M, Nagy N, Reis H, Hadaschik B, Niedworok C, Modos O, Szendroi A, Ablat J, Black PC, Keresztes D, Csizmarik A, Olah C, Gaisa NT, Kiss A, Timar J, Toth E, Csernak E, Gerstner A, Mittal V, Karkampouna S, Kruithof de Julio M, **Gyórfy B**, Bedics G, Rink M, Fisch M, Nyirady P, Szarvas T. Clinical sequencing identifies potential actionable alterations in a high rate of urachal and primary bladder adenocarcinomas. **Cancer Med**. 2023 Jan 20. doi: 10.1002/cam4.5639.
107. **Gyórfy B**, **Weltz B**, Szabó I. Supporting grant reviewers through the scientometric ranking of applicants. **PLoS One**. 2023 Jan 20;18(1):e0280480. doi: 10.1371/journal.pone.0280480.

106. **Fekete JT, Gyórfy B.** New Transcriptomic Biomarkers of 5-Fluorouracil Resistance. **Int J Mol Sci.** 2023 Jan 12;24(2):1508. doi: 10.3390/ijms24021508.
105. **Gyórfy B.** Discovery and ranking of the most robust prognostic biomarkers in serous ovarian cancer. **Geroscience.** 2023 Mar 1. doi: 10.1007/s11357-023-00742-4.
104. Bell HN, Huber AK, Singhal R, Korimerla N, Rebernick RJ, Kumar R, El-Derany MO, Saj-jakulnukit P, Das NK, Kerk SA, Solanki S, James JG, Kim D, Zhang L, Chen B, Mehra R, Frankel TL, **Gyórfy B**, Fearon ER, Pasca di Magliano M, Gonzalez FJ, Banerjee R, Wahl DR, Lyssiotis CA, Green M, Shah YM. Microenvironmental ammonia enhances T cell exhaustion in colorectal cancer. **Cell Metab.** 2023 Jan 3;35(1):134-149.e6. doi: 10.1016/j.cmet.2022.11.013.
103. **Kovács SA, Fekete JT, Gyórfy B.** Predictive biomarkers of immunotherapy response with pharmacological applications in solid tumors. **Acta Pharmacol Sin.** 2023 Apr 13. doi: 10.1038/s41401-023-01079-6.

## Publikációink 2022-ben

102. Szeitz B, Megyesfalvi Z, Woldmar N, Valkó Z, Schwendenwein A, Bárány N, Paku S, László V, Kiss H, Bugyik E, Lang C, **Szász AM**, Pizzatti L, Bogos K, Hoda MA, Hoetznecker K, Marko-Varga G, Horvatovich P, Döme B, Schelch K, Rezeli M. In-depth proteomic analysis reveals unique subtype-specific signatures in human small-cell lung cancer. **Clin Transl Med.** 2022 Sep;12(9):e1060. doi: 10.1002/ctm2.1060.
101. Laczik M, Erdős E, Ozgyin L, Hevessy Z, Csősz É, Kalló G, Nagy T, Barta E, Póliska S, Szatmári I, **Bálint BL.** Extensive proteome and functional genomic profiling of variability between genetically identical human B-lymphoblastoid cells. **Sci Data.** 2022 Dec 10;9(1):763. doi: 10.1038/s41597-022-01871-9.
100. Mahdi M, Hermán L, Réthelyi JM, **Bálint BL.** Potential Role of the Antidepressants Fluoxetine and Fluvoxamine in the Treatment of COVID 19. **Int J Mol Sci.** 2022 Mar 30;23(7):3812. doi: 10.3390/ijms23073812.
99. Jobbágy A, Kiss N, Meznerics FA, Farkas K, Plázár D, Bozsányi S, Fésűs L, **Bartha Á**, Szabó E, Lőrincz K, Sárdy M, Wikonkál NM, Szoldán P, Bánvölgyi A. Emergency Use and Efficacy of an Asynchronous Teledermatology System as a Novel Tool for Early Diagnosis of Skin Cancer during the First Wave of COVID-19 Pandemic. **Int J Environ Res Public Health.** 2022 Feb 25;19(5):2699. doi:10.3390/ijerph19052699.
98. Kahl I, Mense J, Finke C, Boller AL, Lorber C, **Gyórfy B**, Greve B, Götte M, Espinoza-Sánchez NA. The cell cycle-related genes RHAMM, AURKA, TPX2, PLK1, and PLK4 are associated with the poor prognosis of breast cancer patients. **J Cell Biochem.** 2022 Mar;123(3):581-600. doi: 10.1002/jcb.30205.
97. Mazzeschi M, Sgarzi M, Romaniello D, Gelfo V, Cavallo C, Ambrosi F, Morselli A, Miano C, Laprovitera N, Girone C, Ferracin M, Santi S, Rihawi K, Ardizzoni A, Fiorentino M, D'Uva G, **Gyórfy B**, Palmer R, Lauriola M. The autocrine loop of ALK receptor and ALKAL2

ligand is an actionable target in consensus molecular subtype 1 colon cancer. **J Exp Clin Cancer Res.** 2022 Mar 29;41(1):113. doi: 10.1186/s13046-022-02309-1.

96. Riecks J, Parnigoni A, **Gyórfy B**, Kiesel L, Passi A, Vigetti D, Götte M. The hyaluronan-related genes HAS2, HYAL1-4, PH20 and HYALP1 are associated with prognosis, cell viability and spheroid formation capacity in ovarian cancer. **J Cancer Res Clin Oncol.** 2022 Dec;148(12):3399-3419. doi: 10.1007/s00432-022-04127-6.
95. Olah C, Hahnen C, Nagy N, Musial J, Varadi M, Nyiro G, **Gyórfy B**, Hadaschik B, Rawitzer J, Ting S, Sjö Dahl G, Hoffmann MJ, Reis H, Szarvas T. A quantitative polymerase chain reaction based method for molecular subtype classification of urinary bladder cancer-Stromal gene expressions show higher prognostic values than intrinsic tumor genes. **Int J Cancer.** 2022 Mar 1;150(5):856-867. doi: 10.1002/ijc.33809.
94. Ding X, Sharko AC, McDermott MSJ, Schools GP, Chumanevich A, Ji H, Li J, Zhang L, Mack ZT, Sikirzhyski V, Shtutman M, Ivers L, O'Donovan N, Crown J, **Gyórfy B**, Chen M, Roninson IB, Broude EV. Inhibition of CDK8/19 Mediator kinase potentiates HER2-targeting drugs and bypasses resistance to these agents in vitro and in vivo. **Proc Natl Acad Sci U S A.** 2022 Aug 9;119(32):e2201073119. doi: 10.1073/pnas.2201073119
93. **Tibor Fekete J, Gyórfy B.** A unified platform enabling biomarker ranking and validation for 1562 drugs using transcriptomic data of 1250 cancer cell lines. **Comput Struct Biotechnol J.** 2022 Jun 6;20:2885-2894. doi: 10.1016/j.csbj.2022.06.007.
92. Ladányi A, Rásó E, Barbai T, **Vízkeleti L**, Puskás LG, Kovács SA, **Gyórfy B**, Tímár J. Identification of a Tumor Cell Associated Type I IFN Resistance Gene Expression Signature of Human Melanoma, the Components of Which Have a Predictive Potential for Immunotherapy. **Int J Mol Sci.** 2022 Feb 28;23(5):2704. doi: 10.3390/ijms23052704.
91. Regan JL, Schumacher D, Staudte S, Steffen A, Lesche R, Toedling J, Jourdan T, Haybaeck J, Golob-Schwarzl N, Mumberg D, Henderson D, **Gyórfy B**, Regenbrecht CRA, Keilholz U, Schäfer R, Lange M. Identification of a neural development gene expression signature in colon cancer stem cells reveals a role for EGR2 in tumorigenesis. **iScience.** 2022 May 31;25(7):104498. doi: 10.1016/j.isci.2022.104498.
90. **Kothalawala WJ, Gyórfy B.** Transcriptomic and cellular content analysis of colorectal cancer by combining multiple independent cohorts. **Clin Transl Gastroenterol.** 2022 Jul 20. doi: 10.14309/ctg.0000000000000517.
89. Jacquier V, Gitenay D, Fritsch S, Bonnet S, **Gyórfy B**, Jalaguier S, Linares LK, Cavallès V, Teyssier C. RIP140 inhibits glycolysis-dependent proliferation of breast cancer cells by regulating GLUT3 expression through transcriptional crosstalk between hypoxia induced factor and p53. **Cell Mol Life Sci.** 2022 May 3;79(5):270. doi: 10.1007/s00018-022-04277-3.
88. Hegedüs L, Livingstone E, Bánkfalvi Á, Viehof J, Enyedi Á, Bilecz Á, **Gyórfy B**, Baranyi M, Tóké AM, Gil J, Marko-Varga G, Griewank KG, Zimmer L, Váraljai R, Sucker A, Zarembo A, Schadendorf D, Aigner C, Hegedüs B. The Prognostic Relevance of PMCA4 Expression in Melanoma: Gender Specificity and Implications for Immune Checkpoint Inhibition. **Int J Mol Sci.** 2022 Mar 19;23(6):3324. doi: 10.3390/ijms23063324.



87. **Munkácsy G**, Herman P, **Győrffy B**. Comparison of scientometric achievements at PhD and scientific output ten years later for 4,790 academic researchers. **PLoS One**. 2022 Jul 27;17(7):e0271218. doi: 10.1371/journal.pone.0271218.
86. Harrod A, Lai CF, Goldsbrough I, Simmons GM, Oppermans N, Santos DB, **Győrffy B**, Allsopp RC, Toghill BJ, Balachandran K, Lawson M, Morrow CJ, Surakala M, Carnevalli LS, Zhang P, Guttery DS, Shaw JA, Coombes RC, Buluwela L, Ali S. Genome engineering for estrogen receptor mutations reveals differential responses to anti-estrogens and new prognostic gene signatures for breast cancer. **Oncogene**. 2022 Oct;41(44):4905-4915. doi: 10.1038/s41388-022-02483-8.
85. Palassin P, Lapierre M, Bonnet S, Pillaire MJ, **Győrffy B**, Teyssier C, Jalaguier S, Hoffmann JS, Cavailles V, Castet-Nicolas A. RIP140 regulates POLK gene expression and the response to alkylating drugs in colon cancer cells. **Cancer Drug Resist**. 2022 May 7;5(2):401-414. doi: 10.20517/cdr.2021.133.
84. Pai P, Wang G, Teo WW, Raez-Rodriguez D, Gabrielson KL, **Győrffy B**, Downs BM, Aggarwal A, Sukumar S. HOXA5-Mediated Stabilization of I $\kappa$ B $\alpha$  Inhibits the NF- $\kappa$ B Pathway and Suppresses Malignant Transformation of Breast Epithelial Cells. **Cancer Res**. 2022 Oct 17;82(20):3802-3814. doi: 10.1158/0008-5472.CAN-21-4277.
83. Alcaraz-Sanabria A, Cabañas Morafraila E, Fernández-Hinojal G, Velasco G, Pérez-Segura P, Pandiella A, **Győrffy B**, Ocaña A. Transcriptomic Mapping of Non- Small Cell Lung Cancer K-RAS p.G12C Mutated Tumors: Identification of Surfaceome Targets and Immunologic Correlates. **Front Immunol**. 2022 Feb 1;12:786069. doi: 10.3389/fimmu.2021.786069
82. Olah C, Reis H, Hoffmann MJ, Mairinger F, Ting S, Hadaschik B, Krafft U, Grünwald V, Nyirady P, Varadi M, **Győrffy B**, Kiss A, Szekely E, Sjö Dahl G, Szarvas T. Predictive value of molecular subtypes and APOBEC3G for adjuvant chemotherapy in urothelial bladder cancer. **Cancer Med**. 2022 Oct 7. doi: 10.1002/cam4.5324.
81. Dmello C, Sonabend A, Arrieta VA, Zhang DY, Kanojia D, Chen L, Gould A, Zhang J, Kang SJ, Winter J, Horbinski C, Amidei C, **Győrffy B**, Cordero A, Chang CL, Castro B, Hsu P, Ahmed AU, Lesniak MS, Stupp R, Sonabend AM. Translocon-associated Protein Subunit SSR3 Determines and Predicts Susceptibility to Paclitaxel in Breast Cancer and Glioblastoma. **Clin Cancer Res**. 2022 Jul 15;28(14):3156-3169. doi: 10.1158/1078-0432.CCR-21-2563.
80. Pálincás HL, Pongor L, Balajti M, **Nagy Á**, Nagy K, Békési A, Bianchini G, Vértessy BG, **Győrffy B**. Primary Founder Mutations in the PRKDC Gene Increase Tumor Mutation Load in Colorectal Cancer. **Int J Mol Sci**. 2022 Jan 6;23(2):633. doi: 10.3390/ijms23020633.
79. López-Cade I, García-Barberán V, Cabañas Morafraila E, Díaz-Tejeiro C, Saiz-Ladera C, Sanvicente A, Pérez Segura P, Pandiella A, **Győrffy B**, Ocaña A. Genomic mapping of copy number variations influencing immune response in breast cancer. **Front Oncol**. 2022 Sep 1;12:975437. doi: 10.3389/fonc.2022.975437.
78. Ágoston EI, Acs B, Herold Z, Fekete K, Kulka J, Nagy A, Mühl D, Mohacsi R, Dank M, Garray T, Harsanyi L, **Győrffy B**, **Szasz AM**. Deconstructing Immune Cell Infiltration in Human Colorectal Cancer: A Systematic Spatiotemporal Evaluation. **Genes** (Basel). 2022 Mar 25;13(4):589. doi: 10.3390/genes13040589.
77. Miskey C, Botezatu L, Temiz NA, Gogol-Döring A, **Bartha Á**, **Győrffy B**, Largaespada DA, Ivics Z, Sebe A. In Vitro Insertional Mutagenesis Screen Identifies Novel Genes Driving Breast Cancer Metastasis. **Mol Cancer Res**. 2022 Oct 4;20(10):1502-1515. doi: 10.1158/1541-7786.MCR-21-0772.
76. **Menyhárt O**, **Weltz B**, **Győrffy B**. MultipleTesting.com: A tool for life science researchers for multiple hypothesis testing correction. **PLoS One**. 2022 Sep 9;17(9):e0274662. doi: 10.1371/journal.pone.0274662. Erratum for: PLoS One. 2021 Jun 9;16(6):e0245824.
75. **Munkácsy G**, Santarpia L, **Győrffy B**. Gene Expression Profiling in Early Breast Cancer-Patient Stratification Based on Molecular and Tumor Microenvironment Features. **Biomedicines**. 2022 Jan 24;10(2):248. doi: 10.3390/biomedicines10020248.
74. **Menyhárt O**, **Győrffy B**, Szabó A. Gyermekkori genetikai rendellenességek diagnosztikája újgenerációs szekvenálással [Diagnosis of genetic disorders in childhood with next-generation sequencing]. **Orv Hetil**. 2022 Dec 18;163(51):2027-2040. Hungarian. doi: 10.1556/650.2022.32688.
73. **Kovács SA**, **Győrffy B**. Transcriptomic datasets of cancer patients treated with immune-checkpoint inhibitors: a systematic review. **J Transl Med**. 2022 May 31;20(1):249. doi: 10.1186/s12967-022-03409-4.
72. Viganò L, Locatelli A, Ulisse A, Galbardi B, Dugo M, Tosi D, Tacchetti C, Daniele T, **Győrffy B**, Sica L, Macchini M, Zambetti M, Zambelli S, Bianchini G, Gianni L. Modulation of the Estrogen/erbB2 Receptors Cross-talk by CDK4/6 Inhibition Triggers Sustained Senescence in Estrogen Receptor- and ErbB2-positive Breast Cancer. **Clin Cancer Res**. 2022 May 13;28(10):2167-2179. doi: 10.1158/1078-0432.CCR-21-3185.
71. Bell HN, Huber AK, Singhal R, Korimerla N, Rebernick RJ, Kumar R, El-Derany MO, Sajjakulnukit P, Das NK, Kerk SA, Solanki S, James JG, Kim D, Zhang L, Chen B, Mehra R, Frankel TL, **Győrffy B**, Fearon ER, Pasca di Magliano M, Gonzalez FJ, Banerjee R, Wahl DR, Lyssiotis CA, Green M, Shah YM. Microenvironmental ammonia enhances T cell exhaustion in colorectal cancer. **Cell Metab**. 2023 Jan 3;35(1):134-149.e6. doi: 10.1016/j.cmet.2022.11.013.
70. **Müller D**, **Győrffy B**. DNA methylation-based diagnostic, prognostic, and predictive biomarkers in colorectal cancer. **Biochim Biophys Acta Rev Cancer**. 2022 May;1877(3):188722. doi: 10.1016/j.bbcan.2022.188722.

69. Bozsányi S, Varga NN, Farkas K, Bánvölgyi A, Lőrincz K, Lihacova I, Lihachev A, Plorina EV, **Bartha Á**, Jobbágy A, Kuroli E, Paragh G, Holló P, Medvecz M, Kiss N, Wikonkál NM. Multispectral Imaging Algorithm Predicts Breslow Thickness of Melanoma. **J Clin Med**. 2021 Dec 30;11(1):189. doi: 10.3390/jcm11010189.
68. Kozma GT, Mészáros T, Bakos T, Hennies M, Bencze D, Uzonyi B, **Gyórfy B**, Cedrone E, Dobrovolskaia MA, Józsi M, Szebeni J. Mini-Factor H Modulates Complement-Dependent IL-6 and IL-10 Release in an Immune Cell Culture (PBMC) Model: Potential Benefits Against Cytokine Storm. **Front Immunol**. 2021 Apr 28;12:642860. doi: 10.3389/fimmu.2021.642860.
67. Nagalingam A, Siddharth S, Parida S, Muniraj N, Avtanski D, Kuppusamy P, Elsej J, Arbiser JL, **Gyórfy B**, Sharma D. Hyperleptinemia in obese state renders luminal breast cancers refractory to tamoxifen by coordinating a crosstalk between Med1, miR205 and ErbB. **NPJ Breast Cancer**. 2021 Aug 13;7(1):105. doi: 10.1038/s41523-021-00314-9.
66. Grillo PK, **Gyórfy B**, Götte M. Prognostic impact of the glypican family of heparan sulfate proteoglycans on the survival of breast cancer patients. **J Cancer Res Clin Oncol**. 2021 Jul;147(7):1937-1955. doi: 10.1007/s00432-021-03597-4.
65. Rojas K, Baliu-Piqué M, Manzano A, Saiz-Ladera C, García-Barberán V, Cimas FJ, Pérez-Segura P, Pandiella A, **Gyórfy B**, Ocaña A. In silico transcriptomic mapping of integrins and immune activation in Basal-like and HER2+ breast cancer. **Cell Oncol (Dordr)**. 2021 Jun;44(3):569-580. doi: 10.1007/s13402-020-00583-9.
64. Hargadon KM, **Gyórfy B**, Strong EW. The prognostic significance of FOXC2 gene expression in cancer: A comprehensive analysis of RNA-seq data from the cancer genome atlas. **Cancer Genet**. 2021 Jun;254-255:58-64. doi: 10.1016/j.cancergen.2021.02.005.
63. Siddharth S, Parida S, Muniraj N, Hercules S, Lim D, Nagalingam A, Wang C, **Gyórfy B**, Daniel JM, Sharma D. Concomitant activation of GLI1 and Notch1 contributes to racial disparity of human triple negative breast cancer progression. **Elife**. 2021 Dec 10;10:e70729. doi: 10.7554/eLife.70729.
62. **Gyórfy B**. Survival analysis across the entire transcriptome identifies biomarkers with the highest prognostic power in breast cancer. **Comput Struct Biotechnol J**. 2021 Jul 18;19:4101-4109. doi: 10.1016/j.csbj.2021.07.014.
61. Noblejas-López MDM, López-Cade I, Fuentes-Antrás J, Fernández-Hinojal G, Esteban-Sánchez A, Manzano A, García-Sáenz JÁ, Pérez-Segura P, La Hoya M, Pandiella A, **Gyórfy B**, García-Barberán V, Ocaña A. Genomic Mapping of Splicing-Related Genes Identify Amplifications in LSM1, CLNS1A, and ILF2 in Luminal Breast Cancer. **Cancers (Basel)**. 2021 Aug 16;13(16):4118. doi: 10.3390/cancers13164118.
60. Fuentes-Antrás J, Alcaraz-Sanabria AL, Morafraila EC, Noblejas-López MDM, Galán-Moya EM, Baliu-Piqué M, López-Cade I, García-Barberán V, Pérez-Segura P, Manzano A, Pandiella A, **Gyórfy B**, Ocaña A. Mapping of Genomic Vulnerabilities in the Post-Translational Ubiquitination, SUMOylation and Neddylation Machinery in Breast Cancer. **Cancers (Basel)**. 2021 Feb 17;13(4):833. doi: 10.3390/cancers13040833.
59. **Bartha Á**, **Gyórfy B**. TNMplot.com: A Web Tool for the Comparison of Gene Expression in Normal, Tumor and Metastatic Tissues. **Int J Mol Sci**. 2021 Mar 5;22(5):2622. doi: 10.3390/ijms22052622.
58. Panza S, Malivindi R, Caruso A, Russo U, Giordano F, **Gyórfy B**, Gelsomino L, De Amicis F, Barone I, Conforti FL, Giordano C, Bonofiglio D, Catalano S, Andò S. Novel Insights into the Antagonistic Effects of Losartan against Angiotensin II/AGTR1 Signaling in Glioblastoma Cells. **Cancers (Basel)**. 2021 Sep 10;13(18):4555. doi: 10.3390/cancers13184555.
57. Díaz-Gil L, Brasó-Maristany F, Locatelli C, Centa A, **Gyórfy B**, Ocaña A, Prat A, Pandiella A. Modelling hypersensitivity to trastuzumab defines biomarkers of response in HER2 positive breast cancer. **J Exp Clin Cancer Res**. 2021 Oct 7;40(1):313. doi: 10.1186/s13046-021-02098-z.
56. Lehotzky A, Oláh J, **Fekete JT**, Szénási T, Szabó E, **Gyórfy B**, Várady G, Ovádi J. Co-Transmission of Alpha-Synuclein and TPPP/p25 Inhibits Their Proteolytic Degradation in Human Cell Models. **Front Mol Biosci**. 2021 May 18;8:666026. doi: 10.3389/fmolb.2021.666026.
55. Listik E, Horst B, Choi AS, Lee NY, **Gyórfy B**, Mythreye K. A bioinformatic analysis of the inhibin-betaglycan-endoglin/CD105 network reveals prognostic value in multiple solid tumors. **PLoS One**. 2021 Apr 5;16(4):e0249558. doi: 10.1371/journal.pone.0249558.
54. Bellanger A, Le DT, Vendrell J, Wierinckx A, Pongor LS, Solassol J, Lachuer J, Clezardin P, **Gyórfy B**, Cohen PA. Exploring the Significance of the Exon 4-Skipping Isoform of the ZNF217 Oncogene in Breast Cancer. **Front Oncol**. 2021 Jul 2;11:647269. doi: 10.3389/fonc.2021.647269.
53. **Nagy Á**, **Gyórfy B**. muTarget: A platform linking gene expression changes and mutation status in solid tumors. **Int J Cancer**. 2021 Jan 15;148(2):502-511. doi:10.1002/ijc.33283.
52. Noblejas-López MDM, Baliu-Piqué M, Nieto-Jiménez C, Cimas FJ, Morafraila EC, Pandiella A, Corbi ÁL, **Gyórfy B**, Ocaña A. Transcriptomic Profiles of CD47 in Breast Tumors Predict Outcome and Are Associated with Immune Activation. **Int J Mol Sci**. 2021 Apr 7;22(8):3836. doi: 10.3390/ijms22083836.
51. Shafran JS, Jafari N, Casey AN, **Gyórfy B**, Denis GV. BRD4 regulates key transcription factors that drive epithelial-mesenchymal transition in castration-resistant prostate cancer. **Prostate Cancer Prostatic Dis**. 2021 Mar;24(1):268-277. doi: 10.1038/s41391-020-0246-y.
50. Saiz-Ladera C, Baliu-Piqué M, Cimas FJ, Manzano A, García-Barberán V, Camarero SC, Hinojal GF, Pandiella A, **Gyórfy B**, Stewart D, Cruz-Hernández JJ, Pérez Segura P, Ocaña A. Transcriptomic Correlates of Immunologic Activation in Head and Neck and Cervical Cancer. **Front Oncol**. 2021 Oct 6;11:714550. doi: 10.3389/fonc.2021.714550.
49. Kuehn J, Espinoza-Sanchez NA, Teixeira FCOB, Pavão MSG, Kiesel L, **Gyórfy B**, Greve B, Götte M. Prognostic significance of hedgehog signaling network-related gene expression in breast cancer patients. **J Cell Biochem**. 2021 May;122(5):577-597. doi: 10.1002/jcb.29886.



48. Gleizes A, Triki M, Bonnet S, Baccari N, Jimenez-Dominguez G, Covinhas A, Pirot N, Blache P, Yuan R, **Gyórfy B**, Cavallès V, Lapierre M. RIP140 Represses Intestinal Paneth Cell Differentiation and Interplays with SOX9 Signaling in Colorectal Cancer. **Cancers** (Basel). 2021 Jun 26;13(13):3192. doi: 10.3390/cancers13133192.
47. Ósz Á, **Lánczky A, Gyórfy B**. Survival analysis in breast cancer using proteomic data from four independent datasets. **Sci Rep**. 2021 Aug 18;11(1):16787. doi: 10.1038/s41598-021-96340-5.
46. **Menyhárt O, Weltz B, Gyórfy B**. MultipleTesting.com: A tool for life science researchers for multiple hypothesis testing correction. PLoS One. 2021 Jun 9;16(6):e0245824. doi: 10.1371/journal.pone.0245824. Erratum in: **PLoS One**. 2022 Sep 9;17(9):e0274662
45. Erokhin M, Chetverina O, **Gyórfy B**, Tatarskiy VV, Mogila V, Shtil AA, Roninson IB, Moreaux J, Georgiev P, Cavalli G, Chetverina D. Clinical Correlations of Polycomb Repressive Complex 2 in Different Tumor Types. **Cancers** (Basel). 2021 Jun 24;13(13):3155. doi: 10.3390/cancers13133155.
44. Periyasamy M, Singh AK, Gemma C, Farzan R, Allsopp RC, Shaw JA, Charmsaz S, Young LS, Cunnea P, Coombes RC, **Gyórfy B**, Buluwela L, Ali S. Induction of APOBEC3B expression by chemotherapy drugs is mediated by DNA-PK-directed activation of NF- $\kappa$ B. **Oncogene**. 2021 Feb;40(6):1077-1090. doi: 10.1038/s41388-020-01583-7.
43. Regan JL, Schumacher D, Staudte S, Steffen A, Lesche R, Toedling J, Jourdan T, Haybaeck J, Mumberg D, Henderson D, **Gyórfy B**, Regenbrecht CRA, Keilholz U, Schäfer R, Lange M. RNA sequencing of long-term label-retaining colon cancer stem cells identifies novel regulators of quiescence. **iScience**. 2021 May 24;24(6):102618. doi: 10.1016/j.isci.2021.102618.
42. Alcaraz-Sanabria A, Cabañas Morafraila E, Fernández-Hinojal G, Velasco G, Pérez-Segura P, Pandiella A, **Gyórfy B**, Ocaña A. Transcriptomic Mapping of Non- Small Cell Lung Cancer K-RAS p.G12C Mutated Tumors: Identification of Surfaceome Targets and Immunologic Correlates. **Front Immunol**. 2022 Feb 1;12:786069. doi: 10.3389/fimmu.2021.786069.
41. **Nagy Á**, Pongor S, **Gyórfy B**. Different mutations in SARS-CoV-2 associate with severe and mild outcome. **Int J Antimicrob Agents**. 2021 Feb; 57(2):106272. doi: 10.1016/j.ijantimicag.2020.106272. Epub 2020 Dec 23.
40. **Menyhárt O, Fekete JT, Gyórfy B**. Gene expression-based biomarkers designating glioblastomas resistant to multiple treatment strategies. **Carcinogenesis**. 2021 Jun 21;42(6):804-813. doi: 10.1093/carcin/bgab024.
39. Aslan M, Hsu EC, Garcia-Marques FJ, Bermudez A, Liu S, Shen M, West M, Zhang CA, Rice MA, Brooks JD, West R, Pitteri SJ, **Gyórfy B**, Stoyanova T. Oncogene-mediated metabolic gene signature predicts breast cancer outcome. **NPJ Breast Cancer**. 2021 Oct 28;7(1):141. doi: 10.1038/s41523-021-00341-6.
38. Milosevits G, Mészáros T, Órfi E, Bakos T, Garami M, Kovács G, Dézsi L, Hamar P, **Gyórfy B**, Szabó A, Szénási G, Szebeni J. Complement-mediated hypersensitivity reactions to an amphotericin B-containing lipid complex (Abelcet) in pediatric patients and anesthetized rats: Benefits of slow infusion. **Nanomedicine**. 2021 Jun; 34:102366. doi: 10.1016/j.nano.2021.102366.
37. Garcia-Garcia S, Rodrigo-Faus M, Fonseca N, Manzano S, **Gyórfy B**, Ocaña A, Bragado P, Porras A, Gutierrez-Uzquiza A. HGK promotes metastatic dissemination in prostate cancer. **Sci Rep**. 2021 Jun 10;11(1):12287. doi: 10.1038/s41598-021-91292-2. PMID: 34112843; PMCID: PMC8192525.
36. **Menyhárt O, Gyórfy B**. Multi-omics approaches in cancer research with applications in tumor subtyping, prognosis, and diagnosis. *Comput Struct Biotechnol J*. 2021 Jan 22;19:949-960. doi: 10.1016/j.csbj.2021.01.009.
35. Prekovic S, Schuurman K, Mayayo-Peralta I, Manjón AG, Buijs M, Yavuz S, Wellenstein MD, Barrera A, Monkhurst K, Huber A, Morris B, Lieftink C, Chalkiadakis T, Alkan F, Silva J, **Gyórfy B**, Hoekman L, van den Broek B, Teunissen H, Debets DO, Severson T, Jonkers J, Reddy T, de Visser KE, Faller W, Beijersbergen R, Altelaar M, de Wit E, Medema R, Zwart W. Glucocorticoid receptor triggers a reversible drug-tolerant dormancy state with acquired therapeutic vulnerabilities in lung cancer. **Nat Commun**. 2021 Jul 16;12(1):4360. doi: 10.1038/s41467-021-24537-3.
34. Beatson RE, Parente-Pereira AC, Halim L, Cozzetto D, Hull C, Whilding LM, Martinez O, Taylor CA, Obajdin J, Luu Hoang KN, Draper B, Iqbal A, Hardiman T, Zabinski T, Man F, de Rosales RTM, Xie J, Aswad F, Achkova D, Joseph CR, Ciprut S, Adami A, Roider HG, Hess-Stumpp H, **Gyórfy B**, Quist J, Grigoriadis A, Sommer A, Tutt ANJ, Davies DM, Maher J. TGF- $\beta$ 1 potentiates V $\gamma$ 9V $\delta$ 2 T cell adoptive immunotherapy of cancer. **Cell Rep Med**. 2021 Dec 21;2(12):100473. doi: 10.1016/j.xcrm.2021.100473.
33. Andrijes R, Hejmadi RK, Pugh M, Rajesh S, Novitskaya V, Ibrahim M, Overduin M, Tselepis C, Middleton GW, **Gyórfy B**, Beggs AD, Berditchevski F. Tetraspanin 6 is a regulator of carcinogenesis in colorectal cancer. **Proc Natl Acad Sci U S A**. 2021 Sep 28;118(39):e2011411118. doi: 10.1073/pnas.2011411118.
32. **Lánczky A, Gyórfy B**. Web-Based Survival Analysis Tool Tailored for Medical Research (KMplot): Development and Implementation. **J Med Internet Res**. 2021 Jul 26;23(7):e27633. doi: 10.2196/27633.
31. Breitenecker K, Homolya M, Luca AC, Lang V, Trenk C, Petroczi G, Mohrherr J, Horvath J, Moritsch S, Haas L, Kurnaeva M, Eferl R, Stoiber D, Moriggl R, Bilban M, Obenauf AC, Ferran C, Dome B, Laszlo V, **Gyórfy B**, Dezso K, Moldvay J, Casanova E, Moll HP. Down-regulation of A20 promotes immune escape of lung adenocarcinomas. **Sci Transl Med**. 2021 Jul 7;13(601):eabc3911. doi: 10.1126/scitranslmed.abc3911.
30. **Nagy Á, Munkácsy G, Gyórfy B**. Pancancer survival analysis of cancer hallmark genes. **Sci Rep**. 2021 Mar 15;11(1):6047. doi: 10.1038/s41598-021-84787-5.
29. Rödel F, Zhou S, **Gyórfy B**, Raab M, Sanhaji M, Mandal R, Martin D, Becker S, Strebhardt K. The Prognostic Relevance of the Proliferation Markers Ki-67 and Plk1 in Early-Stage Ovarian Cancer Patients With Serous, Low-Grade Carcinoma Based on mRNA and Protein Expression. **Front Oncol**. 2020 Oct 7;10:558932. doi: 10.3389/fonc.2020.558932.

28. Alcaraz-Sanabria A, Baliu-Piqué M, Saiz-Ladera C, Rojas K, Manzano A, Marquina G, Casado A, Cimas FJ, Pérez-Segura P, Pandiella A, **Gyórfy B**, Ocana A. Genomic Signatures of Immune Activation Predict Outcome in Advanced Stages of Ovarian Cancer and Basal-Like Breast Tumors. **Front Oncol.** 2020 Jan 10;9:1486. doi: 10.3389/fonc.2019.01486.
27. Hassan N, Rutsch N, **Gyórfy B**, Espinoza-Sánchez NA, Götte M. SETD3 acts as a prognostic marker in breast cancer patients and modulates the viability and invasion of breast cancer cells. **Sci Rep.** 2020 Feb 10;10(1):2262. doi: 10.1038/s41598-020-59057-5.
26. Cimas FJ, Manzano A, Baliu-Piqué M, García-Gil E, Pérez-Segura P, **Nagy Á**, Pandiella A, **Gyórfy B**, Ocana A. Genomic Mapping Identifies Mutations in RYR2 and AHNK as Associated with Favorable Outcome in Basal-Like Breast Tumors Expressing PD1/PD-L1. **Cancers** (Basel). 2020 Aug 11;12(8):2243. doi: 10.3390/cancers12082243.
25. Kim SJ, Ju JS, Kang MH, Eun JW, Kim YH, Ranning PV, Khanna KK, **Gyórfy B**, Pack CG, Han HD, Lee HJ, Gong G, Shin Y, Mills GB, Eyun SI, Park YY. RNA-binding protein NONO contributes to cancer cell growth and confers drug resistance as a theranostic target in TNBC. **Theranostics.** 2020 Jul 2;10(18):7974-7992. doi: 10.7150/thno.45037.
24. Hargadon KM, **Gyórfy B**, McGee TJ. Genomic and transcriptional changes in IFN $\gamma$  pathway genes are putative biomarkers of response to ipilimumab immunotherapy in melanoma patients. **Expert Rev Clin Immunol.** 2020 Dec;16(12):1099-1103. doi: 10.1080/1744666X.2021.1847644.
23. Serrano-Oviedo L, Nuncia-Cantarero M, Morcillo-Garcia S, Nieto-Jimenez C, Burgos M, Corrales-Sanchez V, Perez-Peña J, **Gyórfy B**, Ocaña A, Galán-Moya EM. Identification of a stemness-related gene panel associated with BET inhibition in triple negative breast cancer. **Cell Oncol** (Dordr). 2020 Jun;43(3):431-444. doi: 10.1007/s13402-020-00497-6.
22. **Fekete JT**, Ósz Á, Pete I, Nagy GR, Vereczkey I, **Gyórfy B**. Predictive biomarkers of platinum and taxane resistance using the transcriptomic data of 1816 ovarian cancer patients. **Gynecol Oncol.** 2020 Mar;156(3):654-661. doi: 10.1016/j.ygyno.2020.01.006.
21. Sawada Y, Kikugawa T, Iio H, Sakakibara I, Yoshida S, Ikedo A, Yanagihara Y, Saeki N, **Gyórfy B**, Kishida T, Okubo Y, Nakamura Y, Miyagi Y, Saika T, Imai Y. GPRC5A facilitates cell proliferation through cell cycle regulation and correlates with bone metastasis in prostate cancer. **Int J Cancer.** 2020 Mar 1;146(5):1369-1382. doi: 10.1002/ijc.32554.
20. Abdel-Fatah TMA, Ball GR, Thangavelu PU, Reid LE, McCart Reed AE, Saunus JM, Duijf PHG, Simpson PT, Lakhani SR, Pongor L, **Gyórfy B**, Moseley PM, Green AR, Pockley AG, Caldas C, Ellis IO, Chan SYT. Association of Sperm-Associated Antigen 5 and Treatment Response in Patients With Estrogen Receptor-Positive Breast Cancer. **JAMA Netw Open.** 2020 Jul 1;3(7):e209486. doi: 10.1001/jamanetworkopen.2020.9486.
19. Donini CF, El Helou M, Wierinckx A, **Gyórfy B**, Aires S, Escande A, Croze S, Clezardin P, Lachuer J, Diab-Assaf M, Ghayad SE, Fervers B, Cavallès V, Maguer-Satta V, Cohen PA. Long-Term Exposure of Early-Transformed Human Mammary Cells to Low Doses of Benzo[a]pyrene and/or Bisphenol A Enhances Their Cancerous Phenotype via an AhR/GPR30 Interplay. **Front Oncol.** 2020 May 29;10:712. doi: 10.3389/fonc.2020.00712.
18. Pongor LS, **Munkácsy G**, Vereczkey I, Pete I, **Gyórfy B**. Currently favored sampling practices for tumor sequencing can produce optimal results in the clinical setting. **Sci Rep.** 2020 Sep 1;10(1):14403. doi: 10.1038/s41598-020-71382-3.
17. Fan JB, Miyauchi S, Xu HZ, Liu D, Kim LJY, Burkart C, Cheng H, Arimoto KI, Yan M, Zhou Y, **Gyórfy B**, Knobloch KP, Rich JN, Cang H, Fu XD, Zhang DE. Type I Interferon Regulates a Coordinated Gene Network to Enhance Cytotoxic T Cell-Mediated Tumor Killing. **Cancer Discov.** 2020 Mar;10(3):382-393. doi: 10.1158/2159-8290.CD-19-0608.
16. Matsuyama T, Kandimalla R, Ishikawa T, Takahashi N, Yamada Y, Yasuno M, Kinugasa Y, Hansen TF, Fakih M, Uetake H, **Gyórfy B**, Goel A. A novel mesenchymal-associated transcriptomic signature for risk-stratification and therapeutic response prediction in colorectal cancer. **Int J Cancer.** 2020 Dec 1;147(11):3250-3261. doi: 10.1002/ijc.33129.
15. Fernandez AI, Geng X, Chaldeckas K, Harris B, Duttargi A, Berry VL, Berry DL, Mahajan A, Cavalli LR, **Gyórfy B**, Tan M, Riggins RB. The orphan nuclear receptor estrogen-related receptor beta (ERR $\beta$ ) in triple-negative breast cancer. **Breast Cancer Res Treat.** 2020 Feb;179(3):585-604. doi: 10.1007/s10549-019-05485-5.
14. **Nagy Á**, **Gyórfy B**. muTarget: A platform linking gene expression changes and mutation status in solid tumors. **Int J Cancer.** 2021 Jan 15;148(2):502-511. doi: 10.1002/ijc.33283.
13. Shafran JS, Jafari N, Casey AN, **Gyórfy B**, Denis GV. BRD4 regulates key transcription factors that drive epithelial-mesenchymal transition in castration-resistant prostate cancer. **Prostate Cancer Prostatic Dis.** 2021 Mar;24(1):268-277. doi: 10.1038/s41391-020-0246-y.
12. Baster Z, Li L, Kukkurainen S, Chen J, Pentikäinen O, **Gyórfy B**, Hytönen VP, Zhu H, Rajfur Z, Huang C. Cyanidin-3-glucoside binds to talin and modulates colon cancer cell adhesions and 3D growth. **FASEB J.** 2020 Feb; 34(2):2227-2237. doi: 10.1096/fj.201900945R. Epub 2020 Jan 9. PMID: 31916632. Augimeri G, La Camera G, Gelsomino L, Giordano C, Panza S, Sisci D, Morelli C, **Gyórfy B**, Bonofiglio D, Andò S, Barone I, Catalano S. Evidence for Enhanced Exosome Production in Aromatase Inhibitor-Resistant Breast Cancer Cells. **Int J Mol Sci.** 2020 Aug 14;21(16):5841. doi: 10.3390/ijms21165841.
11. Periyasamy M, Singh AK, Gemma C, Farzan R, Allsopp RC, Shaw JA, Charmsaz S, Young LS, Cunnea P, Coombes RC, **Gyórfy B**, Buluwela L, Ali S. Induction of APOBEC3B expression by chemotherapy drugs is mediated by DNA-PK-directed activation of NF- $\kappa$ B. **Oncogene.** 2021 Feb; 40(6):1077-1090. doi: 10.1038/s41388-020-01583-7.
10. Zhu L, Kan KJ, Grün JL, Hissa B, Yang C, **Gyórfy B**, Loges S, Reißfelder C, Schölch S. GAS2L1 Is a Potential Biomarker of Circulating Tumor Cells in Pancreatic Cancer. **Cancers** (Basel). 2020 Dec 15;12(12):3774. doi: 10.3390/cancers12123774.
9. Pálincás HL, Békési A, Róna G, Pongor L, Papp G, Tihanyi G, Holub E, Póti Á, Gemma C, Ali S, Morten MJ, Rothenberg E, Pagano M, Szűts D, **Gyórfy B**, Vértessy BG. Genome-wide alterations of uracil distribution patterns in human DNA upon chemotherapeutic treatments. **Elife.** 2020 Sep 21;9:e60498. doi: 10.7554/eLife.60498.



8. Ai C, Zhang J, Lian S, Ma J, **Győrffy B**, Qian Z, Han Y, Feng Q. FOXM1 functions collaboratively with PLAU to promote gastric cancer progression. **J Cancer**. 2020 Jan 1;11(4):788-794. doi: 10.7150/jca.37323.
7. **Nagy Á**, Pongor S, **Győrffy B**. Different mutations in SARS-CoV-2 associate with severe and mild outcome. **Int J Antimicrob Agents**. 2021 Feb;57(2):106272. doi: 10.1016/j.ijantimicag.2020.106272.
6. El-Balat A, Karn T, Holtrich U, Becker S, Kommos S, **Győrffy B**, Anglesio MS, Huntsman DG, Drosos Z, Rody A, Gevensleben H, Hanker LC. Histotype-specific analysis of acid ceramidase expression in ovarian cancer. **Virchows Arch**. 2020 Jun;476(6):855-862. doi: 10.1007/s00428-019-02728-0.
5. Zhu L, Hissa B, **Győrffy B**, Jann JC, Yang C, Reissfelder C, Schölch S. Characterization of Stem-like Circulating Tumor Cells in Pancreatic Cancer. **Diagnostics** (Basel). 2020 May 15;10(5):305. doi: 10.3390/diagnostics10050305.
4. Awah CU, Chen L, Bansal M, Mahajan A, Winter J, Lad M, Warnke L, Gonzalez-Buendia E, Park C, Zhang D, Feldstein E, Yu D, Zannikou M, Balyasnikova IV, Martuscello R, Konerman S, **Győrffy B**, Burdett KB, Scholtens DM, Stupp R, Ahmed A, Hsu P, Sonabend AM. Ribosomal protein S11 influences glioma response to TOP2 poisons. **Oncogene**. 2020 Jul;39(27):5068-5081. doi: 10.1038/s41388-020-1342-0.
3. Wong CK, Lambert AW, Ozturk S, Papageorgis P, Lopez D, Shen N, Sen Z, Abdolmaleky HM, **Győrffy B**, Feng H, Thiagalingam S. Targeting RICTOR Sensitizes SMAD4-Negative Colon Cancer to Irinotecan. **Mol Cancer Res**. 2020 Mar;18(3):414-423. doi: 10.1158/1541-7786.MCR-19-0525.
2. **Fekete JT**, Welker Á, **Győrffy B**. miRNA Expression Signatures of Therapy Response in Squamous Cell Carcinomas. **Cancers** (Basel). 2020 Dec 28;13(1):63. doi: 10.3390/cancers13010063.
1. **Menyhárt O**, **Győrffy B**. Molecular stratifications, biomarker candidates and new therapeutic options in current medulloblastoma treatment approaches. **Cancer Metastasis Rev**. 2020 Mar;39(1):211-233. doi: 10.1007/s10555-020-09854-1.

## Tudományos díjaink



Az akadémiai munka elismeréseként munkatársaink az alábbi, részben tudományos és részben oktatói díjakat kapták az elmúlt öt év folyamán.

### Dr. Bartha Áron

- Semmelweis Innovációs Díj, PhD kategória, 2023.

### Dr. Munkácsy Gyöngyi

- Nők a tudományban Kiválósági Díj, orvosi-biológiai kategória, 2023.



*Dr. Munkácsy Gyöngyi 2024. március 7-én a Nők a Tudományban Kiválósági Díj átadóján Dr. Soós Gábor (UNESCO, Magyar Nemzeti Bizottság főtitkára), Dr. Balázs Katalin (Nők a Tudományban Egyesület elnöke) és Dr. Jedlovsky-Hajdú Angéla (Nők a Tudományban Egyesület elnökségi tagja) társaságában*

### Dr. Menyhárt Otília

- Hugonnai Vilma emlékérem és jutalomdíj, Semmelweis Egyetem, 2023.
- Bolyai János Kutatási ösztöndíj, MTA, 2023.



*Dr. Menyhárt Otília, a Semmelweis Egyetem 2023-as Hugonnai Vilma emlékérem és jutalomdíj díjazottja Dr. Merkely Béla rektor és Dr. Ferdinándy Péter tudományos és innovációs rektorhelyettes társaságában az ünnepélyes díjátadón*

### Dr. Dobson László Imre

- Bárány Róbert Díj, 2023.

### Prof. Dr. Györffy Balázs

- Highly Cited Researcher (Cross-Field), Clarivate, 2022.
- Kiváló PHD oktató, Semmelweis Egyetem, 2022.
- Kiváló PhD témavezető, Semmelweis Egyetem, 2022.
- Highly Cited Researcher (Cross-Field), Clarivate, 2023.
- A Ioannidis (Stanford) kutatói világranglista legjobb rangú magyar kutatója, 2023.

A Ioannidis-lista összesen 19 millió kutatót vizsgál globálisan, és a legjobb 2%-ra számol rangsort. A teljes rangsor tíz legjobb magyar kutatója, a Semmelweis tíz legjobb kutatója, valamint a magyar Nobel-díjasok:

Globális helyezés	Teljes név	Intézmény	Első közlemény
2209	Györffy, Balázs	Semmelweis Egyetem	2002
7185	Lovász, László	Rényi Alfréd Matematikai Intézet	1967
7372	Ungár, Tamás	Eötvös Loránd Tudományegyetem	1969
8078	Vicssek, Tamás	Eötvös Loránd Tudományegyetem	1974
9 989	Krausz, Ferenc (Nobel-díjas)	Ludwig-Maximilians-Universität München, Németország	1986
13175	Szebeni, János	Semmelweis Egyetem	1978
14513	Csibra, Gergely	Central European University	1989
14675	Karikó, Katalin (Nobel-díjas)	BioNTech SE, Németország	1985
16043	Sperber, Dan	Central European University	1981
16249	Freund, Tamás F.	Kísérleti Orvostudományi Kutatóintézet	1981
20129	Monostori, László	Számítástechnikai és Automatizálási Kutatóintézet	1980
20304	Karger-Kocsis, József	Magyar Tudományos Akadémia	1975
36808	Merkely, Béla	Semmelweis Egyetem	1993
39823	Buzás, Edit I.	Semmelweis Egyetem	1986
58103	Chinopoulos, Christos	Semmelweis Egyetem	1997
58673	Palkovits, Miklós	Semmelweis Egyetem	1958
59102	Hegyí, Péter	Semmelweis Egyetem	1994
68239	Meskó, Bertalan	Semmelweis Egyetem	2004
70598	Ferdinandy, Péter	Semmelweis Egyetem	1992
70923	Rihmer, Zoltán	Semmelweis Egyetem	1978

**Forrás:** Ioannidis, John P.A. (2023), "October 2023 data-update for »Updated science-wide author databases of standardized citation indicators«, Elsevier Data Repository, V6, doi: 10.17632/btchxktzyw.6

## Elérhetőségek

### Bioinformatika Tanszék

1094 Budapest, Tűzoltó u. 7

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

### Tanszékvezető:

Prof. Dr. Györffy Balázs,

[gyorffy.balazs@yahoo.com](mailto:gyorffy.balazs@yahoo.com)

### Magyar tanulmányi felelős:

Dr. Fekete János Tibor,

[fekete.janos.tibor@semmelweis.hu](mailto:fekete.janos.tibor@semmelweis.hu)

### Angol tanulmányi felelős:

Dr. Menyhárt Otília,

[menyhart.otilia@semmelweis.hu](mailto:menyhart.otilia@semmelweis.hu)

### OnkoBank:

Dr. Figler Aida

[figler.aida@semmelweis.hu](mailto:figler.aida@semmelweis.hu)

### GALAXY:

Dr. Fekete János Tibor,

[fekete.janos.tibor@semmelweis.hu](mailto:fekete.janos.tibor@semmelweis.hu)

### Tanszéki titkárság:

Makovsky Zsuzsa,

[makovsky.zsuzsanna@semmelweis.hu](mailto:makovsky.zsuzsanna@semmelweis.hu)



Kiadja: Semmelweis Egyetem Bioinformatika Tanszék  
Felelős kiadó: Prof. Dr. Gyórfy Balázs  
Szerkesztő: Prof. Dr. Gyórfy Balázs  
Tördelőszerkesztő: Müller Katalin  
2024. július

Image sources: Freepik.com

