

Köszöntő

Tisztelt Olvasó!

Az elmúlt év folyamán konzorciumunk további jelentős lépéseket tett a hazai bioinformatikai fejlesztése és nemzetközi integrációja terén. Szeretném röviden bemutatni, milyen eredményeket értünk el – *ezekről részletes lista található kiadványunkban:*



- Számos **hazai bioinformatikai eszközt és adatbázist** rendszereztünk és tettünk elérhetővé nemzetközi kutatók számára.
- Az ELIXIR Magyarország részvételével több **nemzetközi projekt** valósult meg, amely lehetővé tette, hogy kutatóink közvetlenül együttműködjenek az ELIXIR hálózat tagjaival Európa szerte.
- A bioinformatika önálló tudományos diszciplínaként való elismerését mutatja, hogy az elmúlt egy évben kettő újabb **MTA doktora védés** történt bioinformatikából. (Dr. Dosztányi Zsuzsanna és Prof. Dr. Gáspári Zoltán)
- A **bioinformatikai oktatás** jelentős fejlődésen ment keresztül, jelenleg nyolc magyar egyetemen futnak ilyen jellegű képzések, amelyek révén új generációk csatlakozhatnak a tudományág fejlődéséhez.
- Az ELIXIR és a MABIT **konferenciáink** az elmúlt évben három alkalommal biztosítottak fórumot kutatóink számára, hogy bemutassák bioinformatikai projektjeiket és eredményeiket. Az őszi konferenciánk több, mint 100 résztvevővel kiemelkedően sikeres volt.
- Vezető kutatóink közreműködésével ez elmúlt évben több, mint kettőszáz **tudományos publikáció** született bioinformatikai módszerek felhasználásával.

Szeretném figyelmükbe ajánlani honlapunkat, amely elérhető a www.bioinformatics.hu címen, ahol folyamatosan megtalálhatóak a friss hírek és az általunk szervezett események. Amennyiben bármilyen kérdésük vagy javaslatuk van, szívesen fogadom megkeresésüket a hazai bioinformatikai kutatások jövőjével kapcsolatban.

Budapest, 2026. szeptember 2.

Prof. Dr. Gyórfy Balázs
az ELIXIR Magyarország konzorcium vezetője,
egyetemi tanár, az MTA doktora,
az Academia Europaea tagja

Tartalomjegyzék

Köszöntő	1
Ajánlás	4
Prof. Dr. Tim Hubbard	4
Dr. Horváth Péter	4
Prof. Dr. Pongor Sándor	5
Prof. Dr. Christophe Dessimoz	5
ELI X I R Magyarország	6
Az ELIXIR Magyarország vezetősége	8
Az ELIXIR kutatási infrastruktúrája	10
Az ELIXIR kutatási infrastruktúrája sematikus felépítése	10
ELIXIR szakmai közösségek	11
ELIXIR nemzeti csomópontok	13
Mivel foglalkozik a bioinformatika?	14
Magyarországon fejlesztett bioinformatikai eszközök	15
Magyarországon fejlesztett bioinformatikai adatbázisok	19
A legújabb bioinformatikai fejlesztések	22
MetaAnalysisOnline.com	22
NetMetaEasy	23
TNMplot.com	24
CIDER	25
Az ELI X I R Magyarország által támogatott projektek	26
HCEMM Galaxy szerver	26
A Magyar Genomika és Bioinformatika Központ szerepe a precíziós orvoslás fejlesztésében	26
Az ELI X I R Magyarország közös projektjei	
más ELI X I R csomópontokkal	27
Proteomics projekt	27
A rendezetlen fehérjék szerkezeti és funkcionális ontológiáinak fejlesztése	27
FRET-IDP Community Resource	27
Évente meghirdetett egyetemi bioinformatikai kurzusok	28
PhD képzés	31
Nytott PhD témák	31
PhD hallgatók	34
TeSS – ELI X I R képzési portál	54
Training SPLASH – új európai tudásplatform a bioinformatikai képzések támogatására	55

AZ ELIXÍR Magyarország vezető kutatói	56
Bioinformatikai témájú MTA védések	70
Konferenciák, kurzusok az ELI X I R Magyarország támogatásával	71
Az elmúlt év kutatási eredményei	76
A Magyar Bioinformatikai Társaság	106
MTA Bioinformatikai Osztályközi Tudományos Bizottság	107
HCEMM Nonprofit Kft.	108
Számítástechnikai és Automatizálási Kutatóintézet	109
Publikációnk az elmúlt évből	110
ELI X I R All Hands 2026	124
ELIXIR All Hands 2027 – Budapest	124
Svájci–magyar együttműködés a biomedicinális kutatási infrastruktúrák fejlesztéséért	126
Intézményi kapcsolattartók	127
ELI X I R Magyarország kapcsolat	128



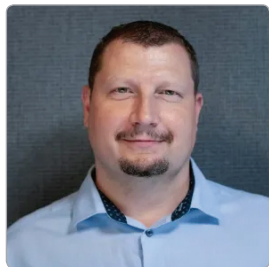


I am very pleased to write in support of this publication, particularly with the announcement that ELIXIR Hungary will host the annual ELIXIR All Hands Meeting in 2027. This will see more than 400 participants from across ELIXIR member states meet face to face in Budapest for an intensive series of workshops, presentations and discussions. It will

also be an opportunity for ELIXIR Hungary as host to showcase its activities as describing in this latest report. The report provides a comprehensive picture of bioinformatics developments in Hungary and ELIXIR Hungary's impact in advancing the national coordination of life science data, demonstrating the immense value such efforts bring to both science and society. Through its coordination, ELIXIR Hungary has fostered collaboration ensuring that Hungarian researchers can effectively contribute to and benefit from the broader European bioinformatics ecosystem. We particularly welcome the contributions ELIXIR Hungary makes to ELIXIR-wide initiatives, including ELIXIR Communities, Commissioned Services, and EU projects under the ELIXIR banner. Furthermore, we thank Dr Zsuzsanna Dosztányi for her leadership and dedication in her final year as Vice Chair of the ELIXIR Board.

Prof. Dr. Tim Hubbard

az ELIXIR igazgatója,
a bioinformatika professzora – King's College London



Az ELIXIR tevékenysége jól példázza, hogy az egyetemek és kutatóintézetek országos összefogására épülő együttműködései miként teremthetnek nemzetközileg is versenyképes kutatási infrastruktúrát, amely hatékonyan támogatja az adatvezérelt tudományt és innovációt. A kiadvány bemutatja, hogy a

hazai kutatók és intézmények milyen jelentős eredményekkel kapcsolódnak az európai kutatásokhoz, miközben hozzájárulnak a nemzeti adatvagyon értékteremtő hasznosításához és a következő generációs digitális megoldások fejlesztéséhez. Különösen fontosnak tartom, hogy az ELIXIR Magyarország egyszerre támogatja a nemzetközi tudományos együttműködések, a kutatói utánpótlás képzését és az innováció gyakorlati hasznosítását, ezzel közvetlenül szolgálva a Tudományos és Technológiai Minisztérium új stratégiai célkitűzéseit. Meggyőződésem, hogy az ELIXIR a jövőben is meghatározó szerepet tölt be a modern, digitális és innovatív Magyarország építésében.

Dr. Horváth Péter

tudománypolitikáért és innovációért felelős államtitkár

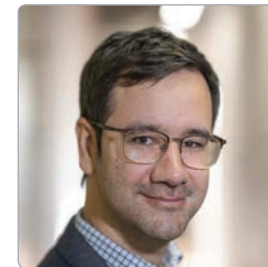


Örömmel ajánlom figyelmükbe az ELIXIR Magyarország jelen kiadványát, amely átfogó képet ad a bioinformatika hazai fejlődéséről és nemzetközi összefonódásairól. Az ELIXIR konzorcium fontos szerepet játszik abban, hogy a magyar kutatók hozzáférjenek a legmodernebb bioinformatikai eszközök-höz és módszerekhez, ezzel is elősegítve tudományos előre haladásukat. A bioinformatika nem csupán egy technológiai háttér, hanem kulcsfontosságú diszciplína a modern élettudományokban, melynek fejlődéséhez nélkülözhetetlenek az ELIXIR-hez hasonló együttműködések. Részben ennek is köszönhető, hogy a bioinformatika mára kihagyhatatlan részévé vált a magyar egyetemek élettudományi oktatásának.

Különösen értékesnek tartom, hogy a kiadvány bemutatja azokat a hazai eredményeket és fejlesztéseket, amelyek nemcsak Magyarországon, de nemzetközi szinten is fontos hozzájárulások a bioinformatika tudományterületéhez. Az ELIXIR Magyarország sikerei erős alapot jelentenek a jövőbeli kutatásokhoz és innovációkhoz.

Prof. Dr. Pongor Sándor

az MTA Bioinformatikai Tudományos
Bizottságának elnöke,
a Magyar Bioinformatikai Társaság elnöke,
az MTA és az Academia Europaea tagja



ELIXIR Hungary has established an impressive national network, bringing together complementary expertise across bioinformatics, life sciences and medicine. From the perspective of ELIXIR Switzerland and SIB, we particularly value the growing collaboration between our two Nodes. This partnership has already translated into a successful joint grant

involving several SIB teams and five Hungarian institutions – an encouraging demonstration of what can be achieved by connecting expertise and infrastructure across Europe. The breadth of capabilities presented in this report provides a strong foundation for further cooperation, particularly in biomedical research and in bringing bioinformatics closer to clinical practice. I look forward to seeing the partnership between our communities continue to grow and contribute to a more integrated and impactful European life-science data ecosystem.

Prof. Dr. Christophe Dessimoz

igazgató, SIB Swiss Institute of Bioinformatics,
SNSF professzor – Lausanne-i Egyetem,
igazgató, Elixir Svájc



Az ELIXIR Europe egy európai kutatási infrastruktúra, amely a biológiai és orvos-biológiai kutatások során keletkező adatok kezelését, elemzését és megosztását támogatja. Az ELIXIR célja, hogy integrált digitális infrastruktúrát biztosítson az élettudományi kutatások számára, összekapcsolva az adatbázisokat, számítási erőforrásokat, bioinformatikai szolgáltatásokat és képzési programokat az európai tagországok között.

Magyarország 2017-ben csatlakozott az ELIXIR Europe infrastruktúrához. Ezt követően 2019-ben jött létre a magyar ELIXIR csomópont konzorciumi megállapodása, amelyben a hazai kutatóintézetek és egyetemek formális együttműködési keretet hoztak létre az ELIXIR nemzetközi hálózatában való részvételre.

Az **ELIXIR Hungary** Konzorcium célja a bioinformatikai, genomikai és multi-omikai kutatások támogatása, valamint a magyar élettudományi kutatások nemzetközi integrációjának erősítése. A csomópont tevékenységei közé tartozik a biológiai adatbázisok fejlesztése és integrációja, a nagyméretű biológiai adathalmazok elemzése, a mesterséges intelligencia kutatási alkalmazása, a tudományos adatkezelés fejlesztése, valamint a bioinformatikai oktatás és szakemberképzés támogatása.

A magyar csomópont vezető intézménye a **Természettudományi Kutatóközpont**, a csomópont szakmai vezetője **Prof. Dr. Györfy Balázs**. Az elmúlt időszakban a konzorcium tagsága módosult: a Számítástechnikai és Automatizálási Kutatóintézet és a HCEMM Nonprofit Kft új tagként csatlakozott, így a magyar ELIXIR csomópont jelenleg 15 tagintézményt foglal magában.



A tagintézmények földrajzilag Budapest és Pest vármegye, Debrecen, Szeged és Pécs között helyezkednek el, országos lefedettséget biztosítva a bioinformatikai kutatás, oktatás és infrastruktúra-fejlesztés területén.

A konzorcium fő tevékenységi területei:

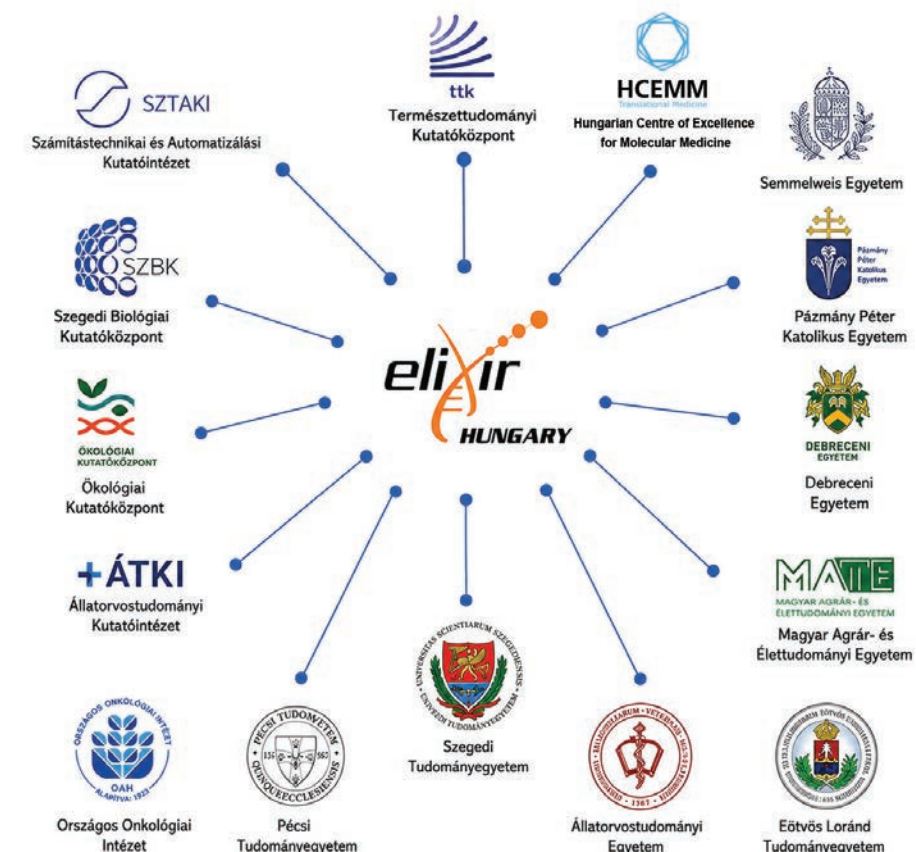
- bioinformatikai módszer- és szoftverfejlesztés
- genomikai, transzkriptomikai és multiomikai adatelemzés
- biológiai adatbázisok és kutatási infrastruktúrák integrációja

- mesterséges intelligencia alkalmazása az élettudományokban
- tudományos adatkezelés és FAIR adatkezelési gyakorlatok támogatása
- bioinformatikai oktatás és szakemberképzés
- európai kutatási projektekben és ELIXIR platformokban való részvétel

Az ELIXIR Hungary Konzorcium több hazai egyetem bioinformatikai képzésének fejlődéséhez is hozzájárult. Az Eötvös Loránd Tudományegyetem biológiai képzéseiben bioinformatikai specializáció működik, a Semmelweis Egyetem önálló bioinformatikai szervezeti egységet hozott létre, míg a Pázmány Péter Katolikus Egyetem bioinformatikai MSc képzést indított.

Az ELIXIR Hungary Konzorcium tagjai:

- Természettudományi Kutatóközpont
- Eötvös Loránd Tudományegyetem
- Debreceni Egyetem
- Semmelweis Egyetem
- Pécsi Tudományegyetem
- Állatorvostudományi Egyetem
- Országos Onkológiai Intézet
- Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem
- Ökológiai Kutatóközpont
- Állatorvostudományi Kutatóintézet
- Szegedi Biológiai Kutatóközpont
- Pázmány Péter Katolikus Egyetem
- Szegedi Tudományegyetem
- HCEMM Nonprofit Kft
- Számítástechnikai és Automatizálási Kutatóintézet



Az ELIXIR Magyarország vezetősége

Az ELIXIR Magyarország vezetőségét a következő tisztségviselők alkotják: a Csomópont vezetője, aki a csomópont működésének átfogó irányításáért és koordinációjáért felel; a Képzési koordinátorok, akik a csomópont által biztosított képzési tevékenységek szervezését és szakmai összehangolását végzik; valamint a Technikai koordinátorok, akik a csomópont működéséhez szükséges infrastruktúra biztosításában és technikai támogatásában vállalnak szerepet. A különböző csomópontok vezetőségi tagjai rendszeres egyeztetések, találkozók és telekonferenciák keretében működnek együtt, elősegítve egymás munkáját, valamint a közös európai célkitűzések megvalósítását.

A 2019-ben megkötött Konzorciumi Szerződés értelmében a vezetőségi tagok megbízatása öt évre szól. Ennek megfelelően 2024. december 2-án szavazásra került sor, amely során 18 vezető kutató élt szavazati jogával. A szavazás eredményeként 2025-től a Csomópont vezetősége az alábbi összetételben folytatja munkáját:



Prof. Dr. Györfy Balázs
Csomópont vezető
Természettudományi Kutatóközpont



Prof. Dr. Csősz Éva
Debreceni Egyetem,
Képzési koordinátor



Dr. Gyenesei Attila
Pécsi Tudományegyetem,
Technikai koordinátor



Prof. Dr. Gáspári Zoltán
Pázmány Péter Katolikus Egyetem,
Képzési koordinátor



Dr. Pongor Lőrinc
Magyar Molekuláris Medicina
Kiválósági Központ,
Technikai koordinátor

ELIXIR Board

Változás Magyarország ELIXIR Board képviseletében

2026 júniusáig Magyarország ELIXIR Board képviseletét **Dr. Dosztányi Zsuzsanna** látta el tudományos képviselőként és testületi tagként. Az ELIXIR igazgatótanácsa (Board) a szervezet legfontosabb döntéshozó testülete, amely az ELIXIR tagállamainak és az EMBL tudományos és adminisztratív delegáltjaiból áll. A testület feladata az ELIXIR stratégiai irányvonalának meghatározása, költségvetésének és tudományos programjának jóváhagyása, az igazgatói és tanácsadó testületi kinevezések támogatása, valamint az ELIXIR nemzeti csomópontjainak működéséhez kapcsolódó felügyeleti feladatok ellátása.



Dr. Dosztányi Zsuzsanna kiemelkedő szerepet vállalt Magyarország nemzetközi tudományos képviseletében, emellett az ELIXIR Board alelnöki tisztségét is betöltötte, hozzájárulva az európai élettudományi adat-infrastruktúra stratégiai fejlődéséhez.



2026 végétől a Board tagságot Magyarország képviseletében **Prof. Dr. Pongor Sándor** veszi át, aki felkérésünket elfogadva vállalta a tisztséget. Több évtizedes nemzetközi kutatói tapasztalata és bioinformatikai szakértelme jelentős erősítést jelent az ELIXIR magyar részvételének további fejlesztésében és nemzetközi érdek-képviselésében.



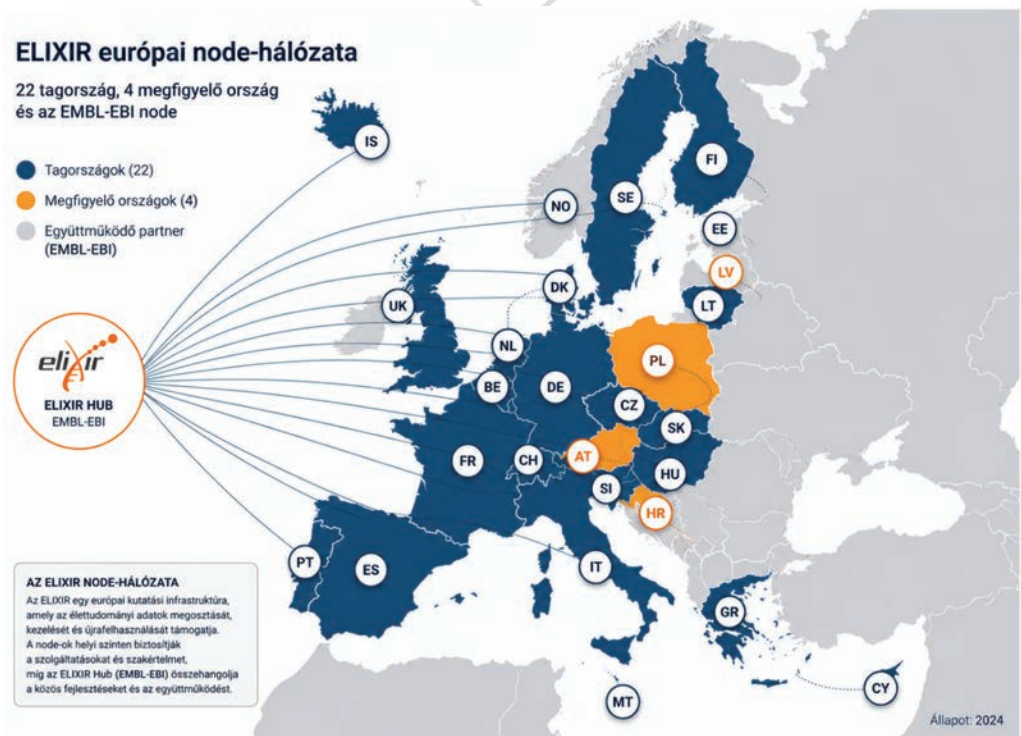
Node Koordinátor

Letenyei Márta – ELIXIR Magyarország koordinátor

2004-ben végzett az Állatorvostudományi Egyetem zoológus szakán. Az ELIXIR Magyarország koordinátori feladatait 2025 decembertől látja el, hozzájárulva a hazai élettudományi adatkezelési és bioinformatikai infrastruktúra fejlesztéséhez.

Az ELI XI R kutatási infrastruktúrája

Az ELI XI R kutatási infrastruktúra sematikus felépítése



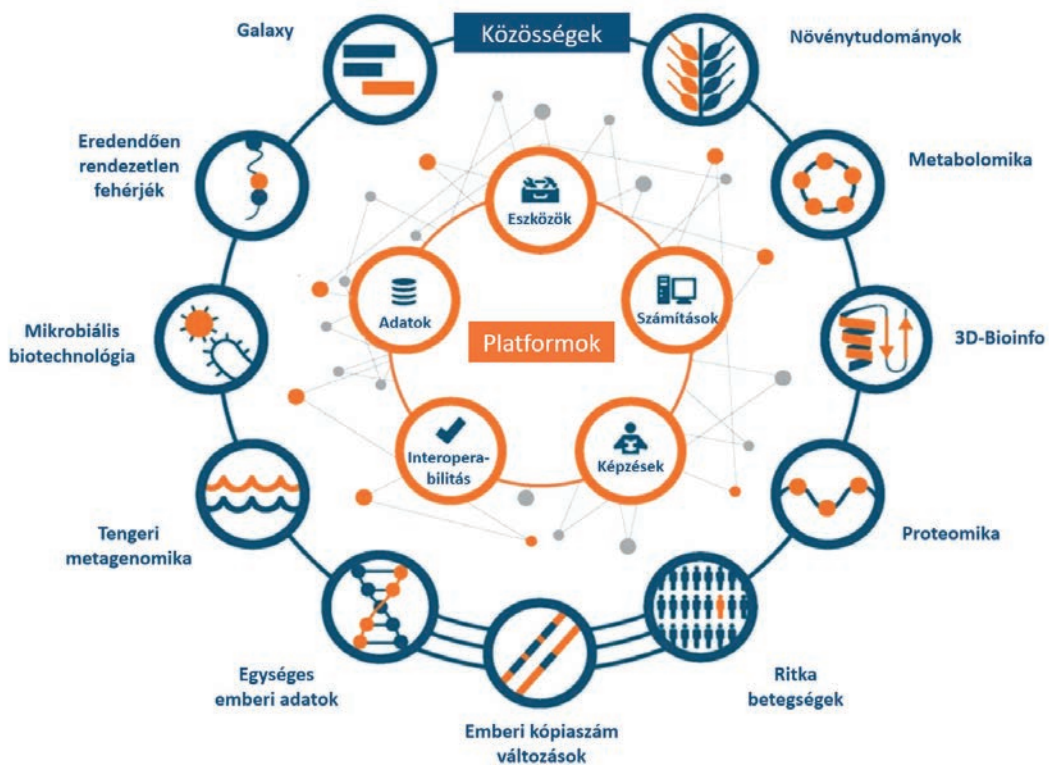
Az ELIXIR központi szervezete (Hub) az Egyesült Királyságban működik. Az infrastruktúra jelenleg 22 tagországot és 4 megfigyelő országot fog össze, amelyek nemzeti csomópontok (Node) formájában kapcsolódnak a hálózathoz. Egy-egy ELIXIR-csomópont több hazai egyetem, kutatóintézet és egyéb tudományos szervezet együttműködésére épül. A csomópontok feladata az ELIXIR vezetése által meghatározott stratégiai célkitűzések megvalósítása, amelyeket különböző szakmai platformok és szolgáltatási területek mentén összehangoltan valósítanak meg.

A csomópontok tevékenységei öt különböző platform köré csoportosulnak, amelyek célja az ELIXIR jövőbeli irányvonalainak kidolgozása, valamint a technikai területeken végzett tevékenységek koordinálása. Ez az öt platform a következő: Adatok, Eszközök, Interoperabilitás, Számítások és Képzés. Minden platformhoz különböző szakmai közösségek kapcsolódnak.



ELI XI R szakmai közösségek

Az ELIXIR Közösségek (Communities) az ELIXIR különböző élettudományi területeken dolgozó szakértőit fogják össze. Ilyen közösségek például a 3DBioinfo, a Galaxy, a metabolomika, a növénytudomány, az egysejt omika, a rendszerbiológia, a proteomika és a ritka betegségek területén dolgozó kutatók. Ezek a közösségek rendszeres online és offline találkozókon vitatják meg az aktualitásokat, elérhető pályázatokat, valamint képzéseket tartanak. Jelenleg 18 közösség létezik.



	3D-BioInfo	A makromolekulák, például a fehérjék és a DNS 3D szerkezetét vizsgálják. Dr. Dosztányi Zsuzsa, ELTE Dr. Tusnády Gábor, TTK
	Biodiverziás	Középpontban a biológiai sokféleség és a változó környezeti nyomásra való reakciójának a megértése áll. Dr. Garamszegi László Zsolt, ÖK, Dr. Barta Endre MATE, Dr. Sramkó Gábor DE
	Ételek és táplálkozás	Az ételmiszer-választás hatását vizsgálja az emberi egészségre.
	Galaxy	Elősegíti egy Galaxy közösség kialakulását Európában, Galaxy erőforrásokkal és képzésekkel együtt. Dr. Fekete János Tibor, SE, Dr. Bálint B. László, DE, Dr. Pongor Lőrinc HCEMM



Eredendően rendezetlen fehérjék

Szabványokat, eszközöket és forrásokat dolgoz ki az IDP-k azonosításának és jellemzésének elősegítésére.

Dr. Dosztányi Zsuzsa, ELTE



Tengeri meta-genomika

Fenntartható metagenomikai infrastruktúra kialakítása a kutatás és az innováció előmozdítása érdekében a tengerek területén.



Meta-bolomika

Forrásokat, elemzési eszközöket és infrastruktúrát biztosít a metabolitok azonosításához.



Mikrobiális biotechnológia

Mikrobákra és biológiai rendszerekre vonatkozó célzott beavatkozások.

Prof. Dr. Csikász-Nagy Attila, PPKE



Növény-tudományok

Infrastruktúra kifejlesztése a növény- és fajok genotípus-fenotípus elemzésének megkönnyítésére.



Proteomika

Proteomikai eszközök és adatforrások kifejlesztése és fenntartása.

Prof. Dr. Csősz Éva, DE



Egysejt omika

Az egysejtű és térbeli omika területén felmerülő kihívások azonosítása és kezelése.

Dr. Horváth Péter, SZBK



Toxikológia

Szabványok, eszközök és erőforrások integrációja a toxikológiai kutatási projektek támogatása érdekében.



Vírus-genomika és törzsfejlődés

Célja a vírusok sokszínűségének és evolúciójának feltárása bioinformatikai eszközökkel.

Prof. Dr. Harrach Balázs, ÁTKI



Ritka betegségek

Új terápiák kifejlesztése ritka betegségekre.

Dr. Bálint B. László, DE, SE

Prof. Dr. Széll Márta, SZTE



Egységes humán adatok

Célja hosszútávú stratégiák kidolgozása az érzékeny humán adatok kezeléséhez és az azokhoz való hozzáféréshez.

Dr. Gyenesei Attila, PTE

Dr. Csabai István, ELTE

Dr. Nagy Attila Csaba, DE



Emberi kópiaszám változások

Célja, hogy megkönnyítse a humán kópiaszám-változások (hCNV-k) kimutatását, annotálását és értelmezését.

Dr. Monostory Katalin, TTK



Tumor adatok

Az adatok javítása a precíziós gyógyászat számára az adatkezelés, az interoperabilitás és a hozzáférhetőség javításával.



CSATLAKOZÁS: A közösségekhez bárki csatlakozhat, aki kapcsolatban áll az ELIXIR Magyarország valamelyik tagintézményével, és ezt jelzi az intézményi kapcsolattartónak.

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

ELIXIR nemzeti csomópontok

EMBL (2013)	UK (2013)	Sweden (2013)	Switzerland (2013)
Czech Republic (2013)	Estonia (2013)	Norway (2014)	Netherlands (2014)
Denmark (2014)	Israel (2014)	Portugal (2014)	Finland (2014)
France (2015 as Provisional Member)	Belgium (2015)	Italy (2016)	Slovenia (2016)
Luxembourg (2016)	Ireland (2016)	Germany (2016)	Hungary (2017)
Spain (2017)	Greece (2019)	Slovakia (2025)	Austria (Observer)
Croatia (Observer)	Latvia (Observer)	Poland (Observer)	



<https://elixir-europe.org/about-us/who-we-are/nodes>

Mivel foglalkozik a bioinformatika?

A modern élettudomány egyik legnagyobb kihívása már nem az adatok hiánya, hanem azok mennyisége és összetettsége. Az új generációs szekvenálási technológiák, képalkotó rendszerek, molekuláris vizsgálatok és klinikai adatok minden eddiginél nagyobb mennyiségű információt állítanak elő. Egyetlen kutatási projekt vagy klinikai vizsgálat akár több millió adatpontot is generálhat, amelyek feldolgozása hagyományos módszerekkel már nem lehetséges.

Ebben játszik kulcsszerepet a bioinformatika.

A bioinformatika olyan multidiszciplináris tudományterület, amely a biológia, az informatika, a matematika, a statisztika és az adattudomány eszközeit ötvözi annak érdekében, hogy értelmezhetővé és hasznosíthatóvá tegye az élettudományi és orvosbiológiai adatokat. Segítségével feltérképezhetők a genetikai folyamatok, azonosíthatók betegségek molekuláris hátterei, valamint új diagnosztikai és terápiás lehetőségek fejleszthetők.

A bioinformatika ma már nélkülözhetetlen szerepet játszik számos területen: a genomikában, a daganatkutatásban, a fertőző betegségek vizsgálatában, a gyógyszerfejlesztésben, a mezőgazdasági biotechnológiában, valamint a precíziós orvoslásban. A korszerű bioinformatikai módszerek lehetővé teszik, hogy a kutatók nagy adathalmazokból mintázatokat és összefüggéseket azonosítsanak, akár mesterséges intelligencia és gépi tanulási megközelítések segítségével.

A bioinformatika fő területei:

- **Biológiai adatok kezelése és megosztása**

A genomikai, proteomikai, transzkriptomikai és klinikai adatok strukturált tárolása, integrálása és hozzáférhetővé tétele a FAIR (Findable, Accessible, Interoperable, Reusable) adatkezelési elvek mentén.

- **Adatbázisok és digitális infrastruktúrák fejlesztése**

Olyan rendszerek kialakítása, amelyek lehetővé teszik a kutatási adatok biztonságos tárolását, megosztását és hosszú távú megőrzését, támogatva a nemzetközi együttműködéseket.

- **Bioinformatikai szoftverek és algoritmusok fejlesztése**

Új számítási módszerek, modellek és programok létrehozása biológiai adatok elemzésére, vizualizálására és összehasonlítására.

- **Nagy léptékű adatelemzés és mesterséges intelligencia**

Összetett biológiai rendszerek vizsgálata statisztikai, hálózatkutató és gépi tanulási módszerekkel, új biológiai összefüggések feltárása érdekében.

- **Alkalmazott kutatás és innováció**

A bioinformatika hozzájárul az egészségügyi diagnosztika fejlődéséhez, a személyre szabott gyógyászat megvalósításához, a gyógyszerkutatáshoz, valamint a fenntartható mezőgazdasági és környezeti megoldások kialakításához.

- **Számítási kapacitás és adattárolás**

A nagyméretű biológiai adatok feldolgozásához szükséges nagy teljesítményű számítási infrastruktúrák és felhőalapú szolgáltatások biztosítása.

Magyarországon fejlesztett bioinformatikai eszközök

Akronim: **BiSearch**

Leírás: **Primer tervező és ePCR-t készítő eljárás biszulfittal kezelt és nem kezelt DNS szekvenciákra (cDNS, genomiális)**

Webcím: <http://bisearch.enzim.hu>

Referencia: Arányi, T., Váradi, A., Simon, I., **Tusnady, G.**, 2006.

The BiSearch web server. **BMC Bioinformatics** 7, 431.

<https://doi.org/10.1186/1471-2105-7-431>



Akronim: **Cancer Hallmarks**

Leírás: **A cancer hallmarkokhoz köthető gének dúsulásának vizsgálatára szolgáló online platform**

Webcím: <https://cancerhallmarks.com/>

Referencia: **Menyhart, O.**, Kothalawala, W.J., **Györfy, B.**: 2024.

A gene set enrichment analysis for the cancer hallmarks. **Pharm Anal** 101065, <https://doi.org/10.1016/j.jpha.2024.101065>



Akronim: **CanSysPlot**

Leírás: **A génexpressziós változásokat és mutációs státuszt funkcionálisan megjelenítő platform szolid tumorokban**

Webcím: <https://www.cansysplot.com/>

Referencia: Dai J., **Posta M.**, Marczyk M., Qing T., **Györfy B.**, Pusztai L., Functional germline variants together with somatic mutations alter the integrity of cancer hallmark regulatory networks, **Genome Medicine**, 2026,

<https://doi.org/10.1186/s13073-026-01644-8>

CanSysPlot



Akronim: **CCTOP**

Leírás: **A transzmembrán fehérjék topológiáját és struktúráját feldolgozó eszközök**

Webcím: <http://cctop.ttk.hu>

Referencia: Dobson, L., Reményi, I., **Tusnady, G.**, 2015.

CCTOP: a Consensus Constrained TOPology prediction web server. **Nucleic Acids Res** 43, W408-412.

<https://doi.org/10.1093/nar/gkv451>



Akronim: **EpigenPlot**

Leírás: **Metilációs adatok összehasonlítására szolgáló online platform**

Webcím: <https://www.epigenplot.com/>

Referencia: Müller, D., **Györfy, B.**, 2022. DNA methylation-based diagnostic, prognostic, and predictive biomarkers in colorectal cancer. **Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-Reviews on Cancer**, 1877(3), 188722.





Akronim: **HMMTOP**

Leírás: **Transzmembrán régiók becslése az aminosav szekvencia alapján**

Webcím: <http://www.enzim.hu/hmmtop>

Referencia: **Tusnady, G.**, Simon, I., 2001. The HMMTOP trans-membrane topology prediction server. **Bioinformatics** 17, 849–850. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/17.9.849>



Akronim: **IsoMut**

Leírás: **Izogén mintacsoportokban előforduló egyedi mutációk (SNP, deléció, inszerció) meghatározására szolgáló eszköz**

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

Referencia: Pipek, O., Ribli, D., Molnár, J., Póti, Á., Krzystanek, M., Bodor, A., **Tusnady, G.**, Szallasi, Z., **Csabai, I.**, Szüts, D., 2017. Fast and accurate mutation detection in whole genome sequences of multiple isogenic samples with IsoMut. **BMC Bioinformatics** 18, 73. <https://doi.org/10.1186/s12859-017-1492-4>



Akronim: **IUPred**

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

Webcím: <https://iupred3.elte.hu/>

Referencia: **Erdős, G.**, Pajkos, M., **Dosztányi, Z.**, 2021. IUPred3: prediction of protein disorder enhanced with unambiguous experimental annotation and visualization of evolutionary conservation. **Nucleic Acids Res** 49, W297–W303. <https://doi.org/10.1093/nar/gkab408>



Akronim: **KmPlot**

Leírás: **Onkológiai túlélés-biomarkerek validálására készített eszköz**

Webcím: <https://kmplot.com/>

Referencia: Lánckzy, A., **Györfy, B.**, 2021. Web-Based Survival Analysis Tool Tailored for Medical Research (KMplot): Development and Implementation. **J Med Internet Res** 23, e27633. <https://doi.org/10.2196/27633>



Akronim: **Kooplex**

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

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

Referencia: Visontai D., Stéger J., Szalai-Gindl J. M., Dobos L., Oroszlány L., **Csabai I.**, Kooplex: collaborative data analytics portal for advancing sciences, Preprint.

Akronim: **MemDis**

Leírás: **Transzmembrán fehérjékben levő rendezetlen szakaszok becslésére alkalmas eljárás**

Webcím: <http://memdis.ttk.hu>

Referencia: Dobson, L., **Tusnady, G.**, 2021. MemDis: Predicting Disordered Regions in Transmembrane Proteins. **Int J Mol Sci** 22, 12270. <https://doi.org/10.3390/ijms22212270>



Akronim: **Metaanalysis Online**

Leírás: **Azonos célú kutatások eredményeit összevonni képes online platform**

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

Referencia: **Fekete J. T.**, Komócsi A., **Györfy B.**, NetMetaEasy: enabling rapid and user-friendly network meta-analysis (NMA) for comparative effectiveness research, **British Journal of Pharmacology**, 2026, <https://doi.org/10.1111/bph.70391>.

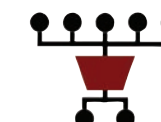


Akronim: **Multiple Testing Correction**

Leírás: **Eszköz az élettudományi kutatók számára a többszörös hipotézisvizsgálat korrekciójához**

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

Menyhart, O., Weltz, B., **Györfy, B.**, 2021. MultipleTesting.com: A tool for life science researchers for multiple hypothesis testing correction. **PLoS One** 16, e0245824. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0274662>



Akronim: **muTarget**

Leírás: **A génexpressziós változásokat és a mutációs státuszt összekötő platform szolid tumorokban**

Webcím: <https://www.mutarget.com/>

Referencia: Nagy, Á., **Györfy, B.**, 2021. muTarget: A platform linking gene expression changes and mutation status in solid tumors. **Int J Cancer** 148, 502–511. <https://doi.org/10.1002/ijc.33283>



Akronim: **OpenBioMaps**

Leírás: **Biodiverzitás kutatási és természetvédelmi adatkezelő platform, szoftvergyűjtemény és szolgáltatások az adatgyűjtéstől az elemzésig**

Webcím: <https://openbiomaps.org>

Referencia: Bán M., Boné G. M., Bérces S., **Barta Z.**, et al., OpenBioMaps – self-hosted data management platform and distributed service for biodiversity related data, **Earth Science Informatics**, 2022, <https://doi.org/10.1007/s12145-022-00818-3>





Akronim: **PolarProtPred**

Leírás: **Transzmembrán fehérjék polarizált sejtekben való lokalizációjának becslésére alkalmas eljárás**

Webcím: <http://polarprotpred.ttk.hu>

Referencia: Dobson, L., Zeke, A., Tusnady, G., 2021. PolarProtPred: predicting apical and basolateral localization of transmembrane proteins using putative short linear motifs and deep learning. **Bioinformatics** 37, 4328–4335.

<https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btab480>

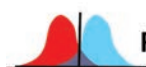


Akronim: **Recurrence Online**

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

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

Referencia: Gyórfy, B., Benke, Z., Lánckzy, A., Balázs, B., Szállási, Z., Timár, J., Schäfer, R., 2012. RecurrenceOnline: an online analysis tool to determine breast cancer recurrence and hormone receptor status using microarray data. **Breast Cancer Res Treat** 132, 1025–1034. <https://doi.org/10.1007/s10549-011-1676-y>



ROC-plottter



Akronim: **ROC-plottter**

Leírás: **A génexpresszió alapján prediktív biomarkerek azonosítása és validálása szolid tumorokban**

Webcím: <http://www.rocplot.com>

Referencia: Fekete, J.T., Gyórfy, B., 2019. ROCplot.org: Validating predictive biomarkers of chemotherapy/hormonal therapy/anti-HER2 therapy using transcriptomic data of 3,104 breast cancer patients. **Int J Cancer** 145, 3140–3151.

<https://doi.org/10.1002/ijc.32369>



Akronim: **SurvSig**

Leírás: **Génexpressziós szignatúrák alapján történő túlélési, klaszterezési és funkcionális elemzéseket támogató online platform daganatos betegkohorszok vizsgálatához**

Webcím: <https://survsig.hcemm.eu/>

Referencia: Nemes K., Fűr GM., Benő A., Schultz CW., Topolcsányi P., Magó É., Desai P., Takahashi N., Aladjem MI., Reinhold W., Pommier Y., Thomas A., Pongor LS., 2025. SurvSig: Harnessing Gene Expression Signatures to Uncover Heterogeneity in Lung Neuroendocrine Neoplasms. **Computational and Structural Biotechnology Journal**.

<https://doi.org/10.1016/j.csbj.2025.06.010>

Akronim: **TMDet**

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

Webcím: <http://tmdet.enzim.hu>

Referencia: Tusnady, G., Dosztanyi, Z., Simon, I., 2005a. TMDet: web server for detecting transmembrane regions of proteins by using their 3D coordinates. **Bioinformatics** 21, 1276–1277.

<https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bti121>



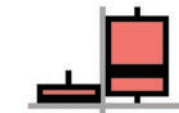
Akronim: **TNMplot**

Leírás: **Differenciális génexpressziós elemzés tumoros, normális és metasztatikus szövetekben**

Webcím: <https://tnmplot.com/analysis/>

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

<https://doi.org/10.3390/ijms22052622>



Magyarországon fejlesztett bioinformatikai adatbázisok

Akronim: **ChIPSummitDB**

Leírás: **A ChIPSummitDB a humán ChIP-seq kísérletekkel igazolt transzkripciós faktor kötőhelyek átfogó adatbázisa**

Webcím: <https://summit.med.unideb.hu/summitdb/>

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

Database (Oxford) 2020, baz141.

<https://doi.org/10.1093/database/baz141>



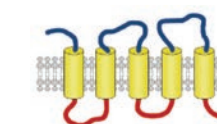
Akronim: **HTP**

Leírás: **Emberi transzmembrán proteóm adatbázisa**

Webcím: <https://http.unitmp.org>

Referencia: Dobson, L., Reményi, I., Tusnady, G., 2015b. The human transmembrane proteome. **Biol Direct** 10, 31.

<https://doi.org/10.1186/s13062-015-0061-x>





Akronim: **MÉTA**

Leírás: **A hazai természetes növényzeti örökségünk tudományos értékelésére szolgáló program**

Webcím: <https://novenyzetiterkep.hu/>

Referencia: Somodi, I., Molnár, Z., Czúcz B., Bede-Fazekas, Á., Bölöni, J., Pásztor, L., Laborci, A., Zimmermann NE, 2017. Implementation and application of multiple potential natural vegetation models – a case study of Hungary. **J Veg Sci** 28, 1260–1269. <https://doi.org/10.1111/jvs.12564>



Akronim: **TFLink**

Leírás: **Transzkripció faktor-célgén interakciós és kötőhely adatbázis több fajra**

Webcím: <https://tflink.net/>

Referencia: Liska, O., Bohár, B., Hidas, A., Korcsmáros, T., Papp, B., Fazekas, D., Ari, E., 2022. TFLink: an integrated gateway to access transcription factor-target gene interactions for multiple species. **Database (Oxford)** 2022, baac083. <https://doi.org/10.1093/database/baac083>

TFLink



Akronim: **NRR, Nemzeti Rákregiszter**

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

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

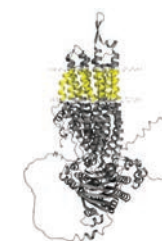
Referencia: Kenessey, I., Wéber A, Szilágyi, I., Nagy, P., Polgár, C., Kásler, M. Az orvosi kódtárak gyakorlati alkalmazása az onkológiában – szakmai útmutató a Nemzeti Rákregiszter tapasztalatai alapján. **Magy Onkol.** 2022 Mar 28;66(1):4-10. Hungarian. Epub 2021 Dec 18. PMID: 35343969.

Akronim: **TmAlphaFold**

Leírás: **AlphaFold2 eljárás által becsült transzmembránfehérje szerkezetek membrán-lokalizációjának adatbázisa**

Webcím: <https://tmalphafold.ttk.hu/>

Referencia: Dobson, L., Szekeres, L.I., Gerdán, C., Langó, T., Zeke, A., Tusnady, G., 2023. TmAlphaFold database: membrane localization and evaluation of AlphaFold2 predicted alpha-helical transmembrane protein structures. **Nucleic Acids Res** 51, D517–D522. <https://doi.org/10.1093/nar/gkac928>



Akronim: **PDBTM**

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

Webcím: <https://pdbtm.unitmp.org>

Referencia: Kozma, D., Simon, I., Tusnady, G., 2013. PDBTM: Protein Data Bank of transmembrane proteins after 8 years. **Nucleic Acids Res** 41, D524–529. <https://doi.org/10.1093/nar/gks1169>

Akronim: **TOPDB**

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

Webcím: <https://topdb.unitmp.org>

Referencia: Dobson, L., Langó, T., Reményi, I., Tusnady, G., 2015a. Expediting topology data gathering for the TOPDB database. **Nucleic Acids Res** 43, D283–289. <https://doi.org/10.1093/nar/gku1119>



Akronim: **PolarProtDb**

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

Webcím: <http://polarprotdb.ttk.hu/>

Referencia: Zeke, A., Dobson, L., Szekeres, L.I., Langó, T., Tusnady, G., 2021. PolarProtDb: A Database of Transmembrane and Secreted Proteins showing Apical-Basal Polarity. **J Mol Biol** 433, 166705. <https://doi.org/10.1016/j.jmb.2020.11.004>

Akronim: **TSTMP**

Leírás: **Legfontosabb transzmembrán célfehérjék adatbázisa**

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

Referencia: Varga, J., Dobson, L., Reményi, I., Tusnady, G., 2017. TSTMP: target selection for structural genomics of human transmembrane proteins. **Nucleic Acids Res** 45, D325–D330. <https://doi.org/10.1093/nar/gkw939>



A legújabb bioinformatikai fejlesztések

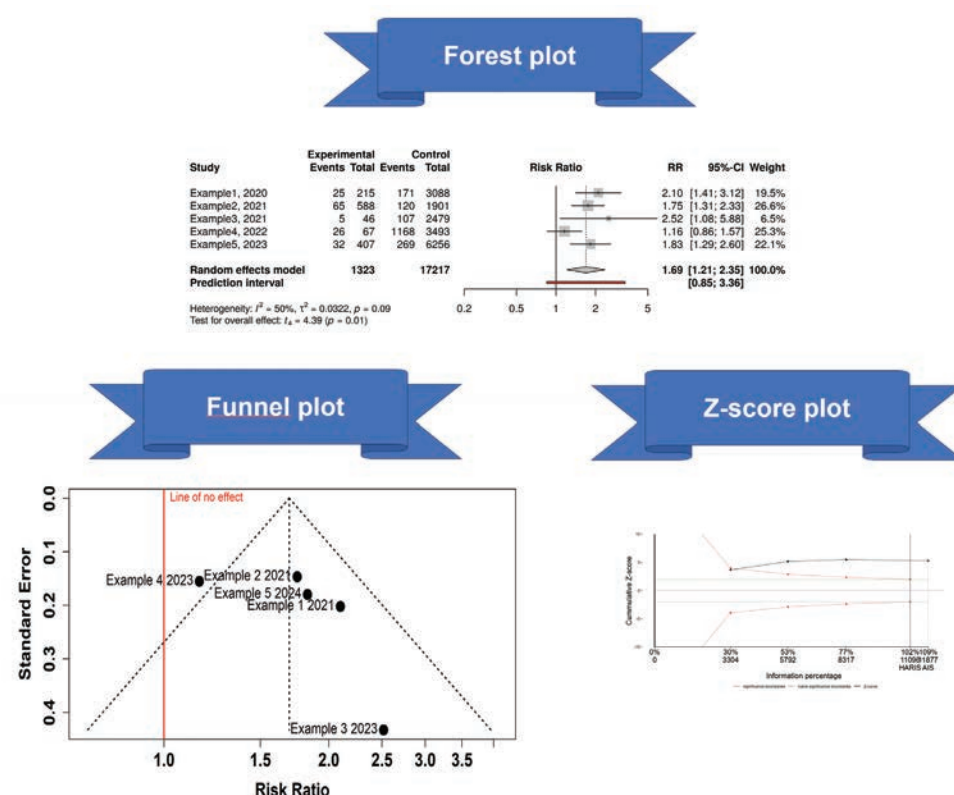


MetaAnalysisOnline.com

A **MetaAnalysisOnline.com** a klinikai és epidemiológiai kutatásokhoz fejlesztett online elemzőfelület, amely a hagyományos páronkénti metaanalízisek gyors és egyszerű elkészítését támogatja. A platform célja a különböző vizsgálatok eredményeinek kvantitatív összegzése olyan kutatók számára is, akik nem rendelkeznek programozási háttérrel.

Az alkalmazás bináris, folytonos és időfüggő végpontok elemzését is támogatja, az adatok pedig közvetlenül importálhatók például Excelből. A háttérben R-alapú statisztikai számítások futnak, amelyek fix és random hatású modelleket, valamint több standard metaanalitikai módszert alkalmaznak.

A MetaAnalysisOnline.com automatikusan elkészíti a legfontosabb grafikus kimeneteket, köztük a forest plotot, a funnel plotot és a z-score plotot, támogatva a heterogenitás, a publikációs torzítás és a bizonyítékok erejének értékelését.



Referencia: **Fekete J. T., Györfly B.**, *MetaAnalysisOnline.com: Web-Based Tool for the Rapid Meta-Analysis of Clinical and Epidemiological Studies*, *Journal of Medical Internet Research*, 2025, <https://doi.org/10.2196/64016>

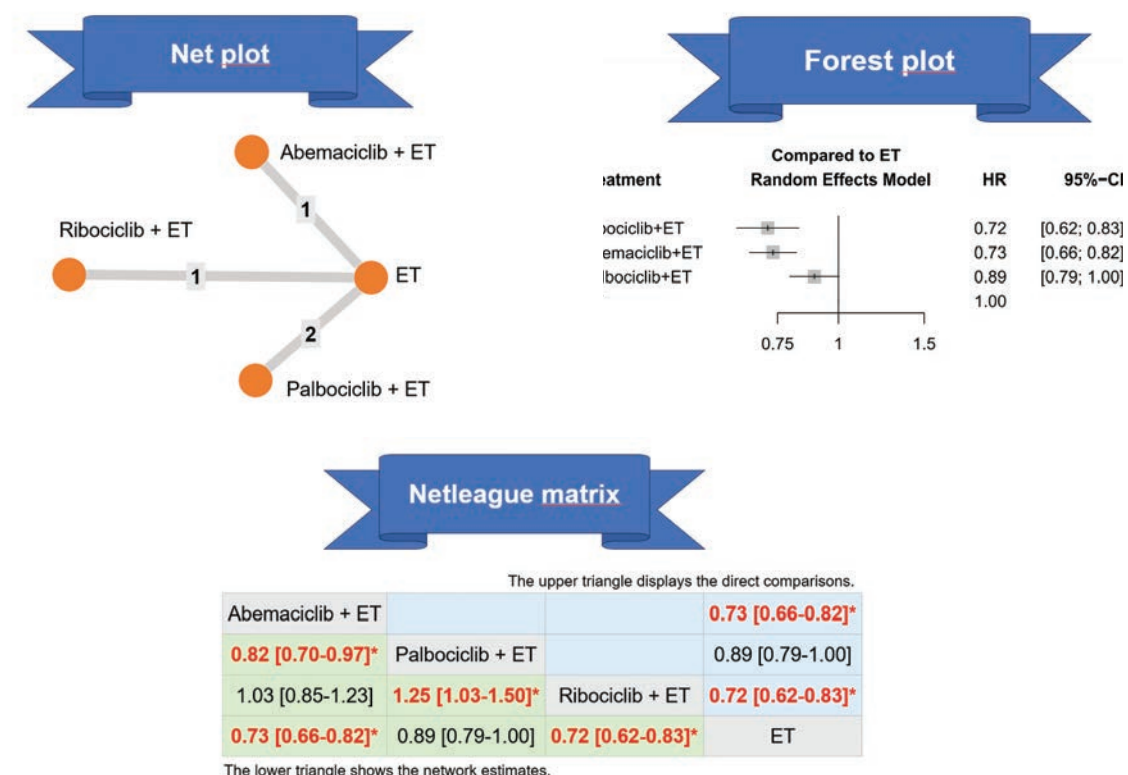


NetMetaEasy

A **NetMetaEasy** a MetaAnalysisOnline.com részeként fejlesztett, böngészőből elérhető alkalmazás, amely hálózati metaanalízisek gyors és felhasználóbarát elvégzését teszi lehetővé. A módszer előnye, hogy több kezelési lehetőséget képes egyetlen elemzési hálózatban összehasonlítani a közvetlen és közvetett bizonyítékok együttes felhasználásával, ami különösen hasznos több terápiás alternatívával rendelkező klinikai kérdések esetén.

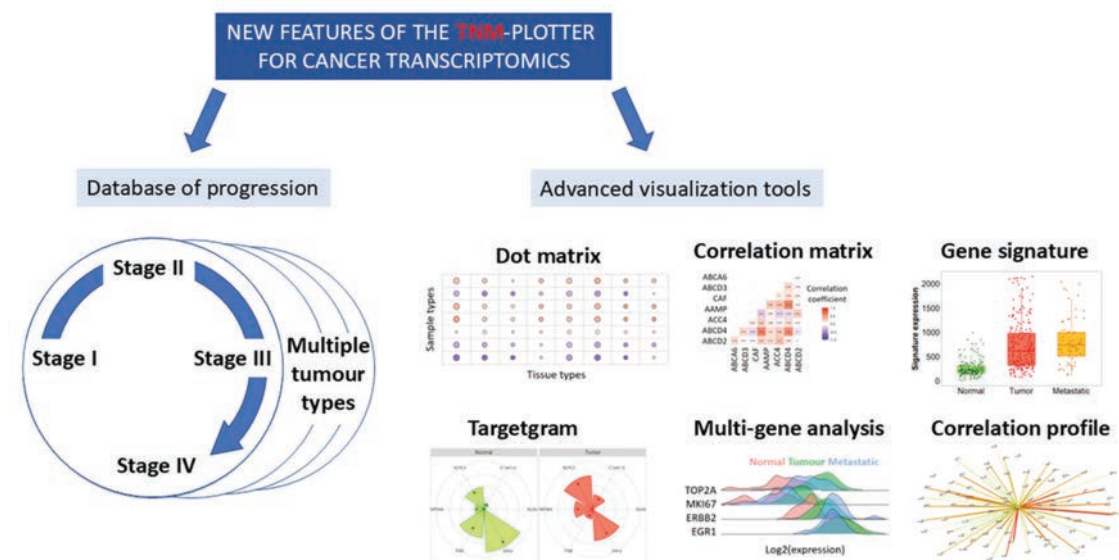
Az alkalmazás R/Shiny alapú, és támogatja a bináris, folytonos, valamint összefoglaló hatásbecsléseken alapuló elemzéseket. A rendszer automatikusan elkészíti a hálózati ábrákat, forest plotokat, kezelési rangsorokat és inkonzisztencia-vizsgálatokat, miközben az adatok közvetlenül táblázatkezelőből importálhatók.

Az alkalmazás a <https://metaanalysisonline.com/netmetaeasy/> honlapon érhető el.



Referencia: **Fekete JT, Komócsi A, Györfly B.** *NetMetaEasy: enabling rapid and user-friendly network meta-analysis (NMA) for comparative effectiveness research.* *Br J Pharmacol.* 2026 May;183(9):1814-1823. doi: [10.1111/bph.70391](https://doi.org/10.1111/bph.70391). Epub 2026 Feb 23. PMID: 41731347.

A **TNMplot.com** egy olyan webes alkalmazás, amely több mint 56 000 normál, primer tumoros és metasztatikus szövetminta génexpressziós adatainak összehasonlítását teszi lehetővé. Az adatbázis RNA-Seq és génchip alapú méréseket egyaránt integrál, így a felhasználók különböző technológiai platformokon validálhatják eredményeiket. A rendszer jelenleg 22 daganattípus adatait tartalmazza, és támogatja a differenciális génexpressziós vizsgálatokat normál, primer tumoros és áttétes szövetek között. A TNMplot új verziója számos olyan funkcióval bővült, amelyek elsősorban a farmakológiai és transzlációs onkológiai kutatásokat támogatják. Az egyik legfontosabb fejlesztés a tumorstádiumok közötti génexpressziós összehasonlítás lehetősége, amely 4470 daganatos minta alapján teszi lehetővé a stádiumfüggő génexpressziós változások vizsgálatát. A felület egy adott gén expressziójának elemzését több daganattípusban is támogatja, emellett lehetőség van több gén egyidejű vizsgálatára egy kiválasztott szövetben vagy daganattípusban. Az új pan-cancer dot matrix funkció segítségével több gén expressziója hasonlítható össze egyszerre különböző daganattípusokban. A platform további elemzési lehetőségei közé tartoznak a gén-gén korrelációs vizsgálatok, a génszignatúra-elemzések és a targetgram funkció. A ChEMBL gyógyszeradatbázissal való integráció révén a felhasználók azonosíthatják az adott génhez kapcsolódó, ismert hatóanyagokat és potenciális gyógyszer-célpontokat.



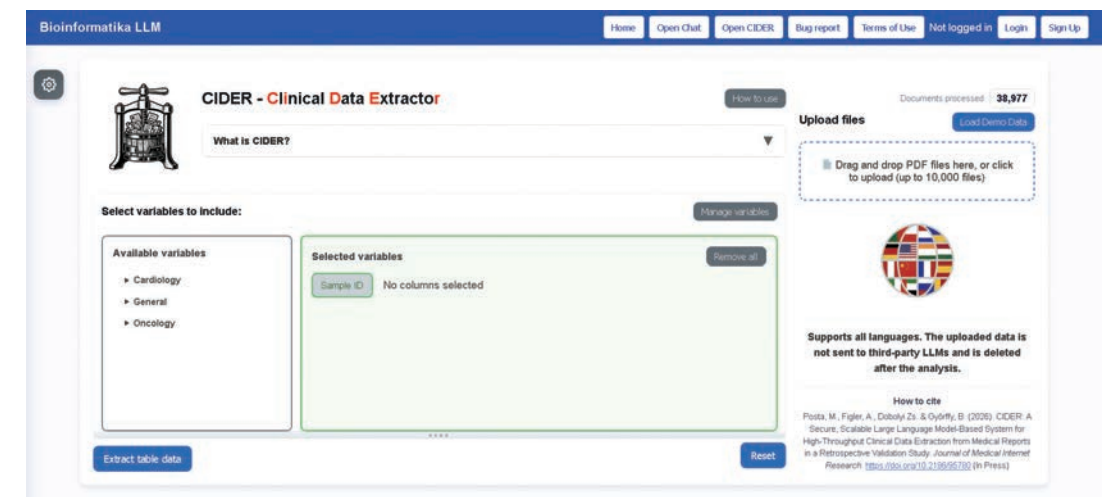
Referencia: Bartha Á., Györffy B., TNMplot: An enhanced platform for pharmacological target identification through cross-stage and pan-cancer gene expression analysis, *British Journal of Pharmacology*, 2026, <https://doi.org/10.1111/bph.70390>

A struktúrálatlan egészségügyi adatoktól a kutatható adatbázisokig

Az egészségügyi adatok jelentős része ma is szabad szöveges dokumentumokban – kórlapokban, zárójelentésekben és patológiai leletekben – található, ami megnehezíti azok kutatási célú felhasználását. A Clinical Data Extractor (CIDER) rendszer nagy nyelvi modellek segítségével automatikusan alakítja ezeket a dokumentumokat strukturált, elemezhető adatokká.

A felhasználó megadhatja a kinyerni kívánt adatmezőket – például diagnózist, biomarkereket, stádiumadatokat vagy laboreredményeket –, a rendszer pedig ezek alapján táblázatos kimenetet készít külön modellbetanítás nélkül. Az eredmények Excel-formátumban exportálhatók további elemzéshez vagy adatbázis-építéshez.

A CIDER teljes egészében intézményi infrastruktúrán működik, így az érzékeny egészségügyi adatok nem hagyják el az adott szervezet informatikai környezetét.



Kép: A CIDER webes felhasználói felülete (<https://llm.gyorffylab.com/cider>). A felhasználó a bal oldali panelen választhatja ki az elemzendő klinikai változókat, illetve saját adatmezőket is létrehozhat. A jobb oldalon PDF dokumentumok tölthetők fel egyszerre akár nagy mennyiségben, amelyeket a rendszer párhuzamosan dolgoz fel.



Referencia: Posta, M., Figler, A., Dobolyi Zs. & Györffy, B. (2026). CIDER: A Secure, Scalable Large Language Model-Based System for High-Throughput Clinical Data Extraction from Medical Reports in a Retrospective Validation Study. *Journal of Medical Internet Research*. <https://doi.org/10.2196/95780>

Az ELIXIR Magyarország által támogatott projektek

HCEMM Galaxy szerver

A HCEMM-ben Dr. João Sequeira szakmai vezetésével és **Dr. Pongor Lőrinc** közreműködésével megkezdődött egy helyi Galaxy szerver bevezetése, amely a bioinformatikai és adatelemzési munkafolyamatok reprodukálhatóságát, skálázhatóságát és hozzáférhetőségét támogatja.

A platform a PULI szerveren működő SLURM ütemezőrendszerrel integrálva teszi lehetővé a bioinformatikai pipeline-ok nagy áteresztőképességű futtatását és a számítási erőforrások hatékony kihasználását. Az aktuális Galaxy példány a HCEMM Galaxy Server címen érhető el.

Szia! Welcome to **HCEMM's** Galaxy server!

Take an interactive tour: Galaxy UI History Window Manager Deferred Datasets



galaxy.hcemm.eu



HCEMM's Headquarters hosts the PULI supercomputer, where this Galaxy instance is running.

A Magyar Genomika és Bioinformatika Központ szerepe a precíziós orvoslás fejlesztésében

A Magyar Genomika és Bioinformatika Központ a Pécsi Tudományegyetem Szent-ágothai János Kutatóközpontjában működik, és a hazai genomikai és bioinformatikai kutatások egyik meghatározó szereplője. A központ vezetője **Dr. Gyenesei Attila**, aki egyben a Genomika és Bioinformatika Kutatócsoport vezetője és a Core Facility rendszer koordinátora is. A központ korszerű genomikai, molekuláris diagnosztikai és bioinformatikai infrastruktúrával támogatja az egészségügyi, biotechnológiai és kutatás-fejlesztési tevékenységeket.

Az intézmény az újgenerációs szekvenálási technológiák teljes spektrumát kínálja, amelyet fejlett bioinformatikai és biostatistikai elemzések egészítenek ki. A genomikai adatok feldolgozása kiemelt szerepet játszik a precíziós orvoslásban, különösen a daganatos és ritka genetikai betegségek diagnosztikájában és a személyre szabott terápiák kiválasztásában. A központ emellett aktívan hozzájárul a hazai és nemzetközi kutatások támogatásához, valamint a Magyar Nemzeti Genom Program céljainak megvalósításához.



Az ELIXIR Magyarország közös projektjei más ELIXIR csomópontokkal

Proteomics projekt

A HU-2021 PROTEOMICS projekt az ELIXIR Community Led Implementation Study (CLS) program részeként indult azzal a céllal, hogy növelje a nyilvános proteomikai adatkészletek újrafelhasználhatóságát és transzlációs értékét. A projekt a proteomikai mérések egységes metaadat-leírására és automatizált újraelemzésére fókuszált. A kezdeményezésben 12 európai ország 13 kutatócsoportja vett részt, a magyar részvételt pedig a Debreceni Egyetem Proteomika Szolgáltató Laboratóriuma biztosította **Prof. Dr. Csősz Éva** vezetésével.

A projekt egyik legfontosabb eredménye az SDRF (Sample and Data Relationship Format) metaadat-szabvány alkalmazása és fejlesztése volt, amely lehetővé teszi a proteomikai adatok strukturált és géppel feldolgozható leírását. Az egységes annotáció elősegíti a FAIR elvek megvalósítását, a reprodukálható kutatást, valamint új biomarkerek és klinikai összefüggések azonosítását.

A rendezetlen fehérjék szerkezeti és funkcionális ontológiáinak fejlesztése

A projekt célja olyan új bioinformatikai rendszerek fejlesztése, amelyek képesek leírni a fehérjék dinamikus szerkezeti változásait és funkcionális átmeneteit. **Dr. Erdős Gábor** és munkatársai olyan módszereket dolgoznak ki, amelyek a fehérjék alakváltozásainak kinetikai jellemzőit is rögzítik, szoros együttműködésben nemzetközi adatbázisokkal és a Human Proteome Organization szakembereivel.

A projekt egyik fontos eredménye egy egységes fájlformátum létrehozása lehet, amely elősegíti a fehérjék szerkezeti átmeneteinek egységes leírását, valamint a kutatási adatok megosztását és újrafelhasználását.

FRET-IDP Community Resource

A projekt célja a rendezetlen fehérjék FRET-alapú kísérleti adatainak egységesítése és hozzáférhetővé tétele. **Dr. Erdős Gábor** és munkatársai egy, a FAIR elveknek megfelelő nyilvános adatregisztert fejlesztenek, amely a FRET-adatok központi tárolását és más ELIXIR-erőforrásokkal, például a DisProt és a MobiDB adatbázisokkal való integrációját teszi lehetővé.

A kezdeményezés másik fontos eleme a „MIADE-FRET” jelentési szabvány kidolgozása, amely támogatja a kísérleti eredmények reprodukálhatóságát és újrafelhasználhatóságát.

Évente meghirdetett egyetemi bioinformatika kurzusok

EGYETEM	KURZUS CÍME	KURZUSVEZETŐ
Állatorvostudományi Egyetem	Genomikai praktikum I-II.	Dr. Solymosi Norbert
Debreceni Egyetem	Bioinformatika	Dr. Barta Endre
Debreceni Egyetem	Bioinformatics	Dr. Barta Endre
Debreceni Egyetem	Biostatistics	Dr. Tökölyi Jácint
Debreceni Egyetem	Databases	Dr. Bán Miklós
Debreceni Egyetem	Genome annotation	Jordán Sándor
Debreceni Egyetem	Genome assembly	Jordán Sándor
Debreceni Egyetem	Genomi bioinformatika	Dr. Barta Endre
Debreceni Egyetem	Genomic bioinformatics	Dr. Barta Endre
Debreceni Egyetem	Geoinformatics	Dr. Bán Miklós, Dr. Szabó Gergely
Debreceni Egyetem	Image processing	Dr. Bán Miklós
Debreceni Egyetem	Introduction to bioinformatics	Dr. Sramkó Gábor
Debreceni Egyetem	Linux commandline	Dr. Bán Miklós
Debreceni Egyetem	Machine learning	Oláh Gergő
Debreceni Egyetem	Phylogenomics	Dr. Sramkó Gábor
Debreceni Egyetem	Python programming	Oláh Gergő
Debreceni Egyetem	R programming	Prof. Dr. Barta Zoltán, Oláh Gergő
Debreceni Egyetem	Transcriptomics	Jordán Sándor
Debreceni Egyetem	Web tools	Dr. Bán Miklós
Eötvös Loránd Tudományegyetem	Adatbányászat és gépi tanulás	Prof. Dr. Csabai István
Eötvös Loránd Tudományegyetem	Adatexploráció és vizualizáció	Dr. Visontai Dávid
Eötvös Loránd Tudományegyetem	Adatmodellek és adatbázisok a tudományban	Dr. Pollner Péter
Eötvös Loránd Tudományegyetem	Adattudomány számítógépes laboratórium	Dr. Visontai Dávid
Eötvös Loránd Tudományegyetem	Advanced R programming for biologists	Dr. Ari Eszter
Eötvös Loránd Tudományegyetem	Analysis of Omics Data PR	Dr. Ari Eszter
Eötvös Loránd Tudományegyetem	Az öregedés és megfiatalodás bioinformatikai aspektusai	Dr. Kerepesi Csaba

Eötvös Loránd Tudományegyetem	Bioinformatics L	Dr. Ari Eszter
Eötvös Loránd Tudományegyetem	Bioinformatics PR	Dr. Ari Eszter
Eötvös Loránd Tudományegyetem	Computational Biology Algorithms PR	Dr. Dosztányi Zsuzsanna
Eötvös Loránd Tudományegyetem	Computer modelling in biology PR	Dr. Müller Viktor
Eötvös Loránd Tudományegyetem	Haladó statisztika és modellezés	Dr. Palla Gergely
Eötvös Loránd Tudományegyetem	Introduction to UNIX systems for biologists L+PR	Dr. Dosztányi Zsuzsanna
Eötvös Loránd Tudományegyetem	Phylogenetics L+PR	Dr. Szöllősi Gergely
Eötvös Loránd Tudományegyetem	PYTHON programming for biologists PR	Dr. Kun Ádám
Eötvös Loránd Tudományegyetem	Reconstructing evolutionary history from molecular sequences L	Dr. Szöllősi Gergely
Eötvös Loránd Tudományegyetem	Seminars in bioinformatics	Dr. Dosztányi Zsuzsanna
Eötvös Loránd Tudományegyetem	Structural bioinformatics L+PR	Prof. Dr. Gáspári Zoltán
Eötvös Loránd Tudományegyetem	Tudományos modellezés számítógépes laboratórium	Dr. Pollner Péter
Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem	Bioinformatics	Dr. Posta Katalin, Dr. Barta Endre
Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem	Bioinformatika	Dr. Posta Katalin, Dr. Juhász Ákos
Pázmány Péter Katolikus Egyetem	Basics of Bioinformatics	Dr. Juhász János
Pázmány Péter Katolikus Egyetem	Bioinformatika MSc (mesterszak)	Prof. Dr. Gáspári Zoltán
Pázmány Péter Katolikus Egyetem	Biomolecular data analysis (szakirányú továbbképzés)	Prof. Dr. Gáspári Zoltán
Pázmány Péter Katolikus Egyetem	Biostatistics	Dr. Juhász János
Pázmány Péter Katolikus Egyetem	Data Analysis in Molecular Diagnostics	Dr. Ligeti Balázs

Pázmány Péter Katolikus Egyetem	Data Visualization in Bioinformatics and Systems Biology	Prof. Dr. Pongor Sándor
Pázmány Péter Katolikus Egyetem	Integrated Structural Bioinformatics	Prof. Dr. Gáspári Zoltán
Pázmány Péter Katolikus Egyetem	Introduction to Bioinformatics	Prof. Dr. Pongor Sándor
Pázmány Péter Katolikus Egyetem	Introduction to Scientific Communication	Prof. Dr. Pongor Sándor
Pázmány Péter Katolikus Egyetem	Quantitative Modelling and Control of Nonlinear Molecular Processes	Dr. Szederkényi Gábor
Pázmány Péter Katolikus Egyetem	Systems Bioinformatics	Dr. Ligeti Balázs
Pázmány Péter Katolikus Egyetem	Systems Biology: a Bionics Perspective	Prof. Dr. Csikász-Nagy Attila
Pázmány Péter Katolikus Egyetem	Számítógépes Rendszerbiológia I.	Prof. Dr. Csikász-Nagy Attila
Pázmány Péter Katolikus Egyetem	Számítógépes Rendszerbiológia II.	Prof. Dr. Csikász-Nagy Attila
Pécsi Tudomány- egyetem	Bioinformatika	Prof. Dr. Györfy Balázs
Semmelweis Egyetem	Alkalmazott bioinformatika az onkológiában	Prof. Dr. Györfy Balázs
Semmelweis Egyetem	Klinikai Bioinformatika	Prof. Dr. Györfy Balázs
Semmelweis Egyetem	Mesterséges intelligencia – haladó szinten (Advanced AI)	Dr. Fekete János Tibor
Semmelweis Egyetem	A practical guide (with international experts) to using and developing problem-focused, innovative, data-driven bioinformatics methodologies	Dr. Petschner Péter
Szegedi Tudomány- egyetem	Bioinformatics	Dr. Kós Péter
Szegedi Tudomány- egyetem	Bioinformatics practicals	Dr. Kós Péter, Dr. Laczi Krisztián
Szegedi Tudomány- egyetem	Bioinformatika	Dr. Kós Péter
Szegedi Tudomány- egyetem	Bioinformatika gyakorlat	Dr. Kós Péter, Dr. Laczi Krisztián

PhD képzés

Nyitott PhD témák

Témavezető/Intézmény/ Kapcsolat

Téma

Prof. Dr. Harrach Balázs/ Dr. Kaján Győző Állatorvostudományi Egyetem, Budapest harrach.balazs@vmri.hu	Madarak metagenomikai szűrése vírusokra; összehasonlító vírusgenomikai vizsgálatok
Dr. Bálint Bálint László Debreceni Egyetem balintblaszlo@gmail.com	Daganatok génexpressziója és klinikai tulajdonságai közötti összefüggések komplex elemzése és validálása nagy- méretű genomikai adatbázisok alapján
Dr. Barta Endre Debreceni Egyetem barta.endre@unideb.hu	Genome-wide functional genomic studies of the gene expression regulation
Dr. Barta Endre Debreceni Egyetem barta.endre@unideb.hu	Variation based binding affinity analysis of the human and mouse transcription factors
Dr. Sramkó Gábor Debreceni Egyetem sramko.gabor@science.unideb.hu	Molekuláris filogenetikai és filogeográfiai vizsgálatok hazai növényfajokon
Dr. Sramkó Gábor Debreceni Egyetem sramko.gabor@science.unideb.hu	Molekuláris filogenetikai vizsgálatok növény- és állatfajok körében
Dr. Sramkó Gábor Debreceni Egyetem sramko.gabor@science.unideb.hu	Növények és állatok molekuláris filogenetikája
Dr. Sramkó Gábor Debreceni Egyetem sramko.gabor@science.unideb.hu	Veszélyeztetett állat- és növényfajok konzervációgenetikája
Dr. Virág Eszter Debreceni Egyetem virag.eszter@science.unideb.hu	A szója növény virágzás genetikai szabá- lyozásának vizsgálata
Dr. Virág Eszter Debreceni Egyetem virag.eszter@science.unideb.hu	Identification of new transcription factors and promoter binding sites of floral genes in Arabidopsis thaliana
Dr. Virág Eszter Debreceni Egyetem virag.eszter@science.unideb.hu	Liposzóma-formulált gyógynövény kivonatok biostimuláns hatásának vizsgálata jelentős szántóföldi kultúrákban

Dr. Virág Eszter Debreceni Egyetem virag.eszter@science.unideb.hu	Transcriptomic effect of high phytohormone-containing herbal extracts on Fusarium species
Dr. Ari Eszter Eötvös Loránd Tudományegyetem virag.eszter@science.unideb.hu	Az antibiotikum rezisztencia és virulencia gének evolúciós vizsgálata patogén baktériumokban
Dr. Dosztányi Zsuzsanna Eötvös Loránd Tudományegyetem zsuzsanna.dosztanyi@ttk.elte.hu	Fehérje degradációs szignálok feltérképezése
Dr. Dosztányi Zsuzsanna Eötvös Loránd Tudományegyetem zsuzsanna.dosztanyi@ttk.elte.hu	Rendezetlen fehérjék jellemzése bioinformatikai és mélytanulós módszerekkel
Dr. Tusnády Gábor Eötvös Loránd Tudományegyetem tusnady.gabor@ttk.hu	Transzmembrán fehérjék bioinformatikai vizsgálata
Dr. Monostory Katalin Természettudományi Kutatóközpont monostory.katalin@ttk.hu	Metabolikus gyógyszer-kölcsönhatások vizsgálata
Prof. Dr. Csikász-Nagy Attila Pázmány Péter Katolikus Egyetem csikasz-nagy.attila@itk.ppke.hu	Biológiai szabályozó hálózatok dinamikai modellezése
Prof. Dr. Gáspári Zoltán Pázmány Péter Katolikus Egyetem gaspari.zoltan@itk.ppke.hu	Szinaptikus jelátvitelben részt vevő fehérjék kapcsolatrendszerének szerkezeti és rendszerbiológiai modellezése
Dr. Gyenesei Attila Pécsi Tudományegyetem gyenesei.attila@pte.hu	A nem kissejtes tüdőrák (NSCLC) miRNS NGS alapú expressziós profilozása bioinformatikai elemzéssel és biomarker-kutatás a pontosabb diagnosztika és prognózis segítése érdekében
Prof. Dr. Győrffy Balázs Semmelweis Egyetem és Pécsi Tudományegyetem gyorffy.balazs@yahoo.com	Gépi tanulós módszerek alkalmazása emlőtumoros betegek várható túlélésének kiszámításához és a legjobb gyógyszeres terápia kiválasztásához
Prof. Dr. Győrffy Balázs Semmelweis Egyetem és Pécsi Tudományegyetem gyorffy.balazs@yahoo.com	Mesterséges intelligencia algoritmusok alkalmazása a korai diagnosztikában
Prof. Dr. Győrffy Balázs Semmelweis Egyetem és Pécsi Tudományegyetem gyorffy.balazs@yahoo.com	Mono- és multigén onkológiai biomakerek

Prof. Dr. Győrffy Balázs Semmelweis Egyetem és Pécsi Tudományegyetem gyorffy.balazs@yahoo.com	Multi-omikai vizsgálatok onkológiában
Prof. Dr. Győrffy Balázs Semmelweis Egyetem és Pécsi Tudományegyetem gyorffy.balazs@yahoo.com	NGS kiértékelés beteg-diagnosztikához
Prof. Dr. Győrffy Balázs Semmelweis Egyetem és Pécsi Tudományegyetem gyorffy.balazs@yahoo.com	Platform fejlesztése következő generációs szekvenálási adatok alapján történő automatizált betegdiagnosztikához
Dr. Alpár Donát Semmelweis Egyetem alpar.donat@semmelweis.hu	Malignus hemopoetikus betegségek heterogenitása és evolúciója
Prof. Dr. Bödör Csaba Semmelweis Egyetem bodor.csaba1@semmelweis.hu	Lymphomák és leukaemiák genetikai és epigenetikai hátterének vizsgálata
Dr. Fekete János Tibor Semmelweis Egyetem fekete.janos.tibor@semmelweis.hu	Prediktív biomarkerek az onkológiában
Dr. Menyhárt Otília Semmelweis Egyetem menyhart.otilia@semmelweis.hu	Diagnosztikai eszközök fejlesztése betegektől származó mérések adatainak felhasználásával
Dr. Petschner Péter Semmelweis Egyetem petschner.peter@semmelweis.hu	A depresszió és a migrén hátterének genomikai, transzkriptomikai és mesterséges intelligencia algoritmusokkal történő kutatása
Dr. Szász Attila Marcell Semmelweis Egyetem szasz.a.marcell@semmelweis.hu	Biomarkerek szolid daganatokban
Prof. Dr. Than Nándor Gábor Semmelweis Egyetem than.gabor@semmelweis.hu	A nagy szülészeti kórképek patomechanizmusai, korai predikciója és diagnózisa
Dr. Tusnády Gábor Semmelweis Egyetem tusnady.gabor@ttk.hu	Transzmembrán fehérjék kölcsönhatásainak vizsgálata mesterséges intelligencia alkalmazásával

PhD hallgatók



Altziebler Dániel
Eötvös Loránd Tudományegyetem,
BDI Szerkezeti biológia program,
Budapest

Kutatási terület: **Transzmembrán fehérjék bioinformatikai vizsgálata mesterséges intelligencia alkalmazásával**

Témavezető: **Dr. Tusnády Gábor**

A transzmembrán fehérjék vizsgálata sajátos szerkezetük miatt nehéz és költséges, ezért biológiai jelentőségük ellenére alulreprezentáltak a szerkezeti adatbázisokban. A kutatás célja a transzmembrán fehérjék bioinformatikai vizsgálata, 3D szerkezetük mesterséges intelligencián alapuló modellezése és kölcsönhatásaik előrejelzése.



Agshin Sakif
Debreceni Egyetem,
Biokémiai és Molekuláris Biológiai Intézet,
Debrecen

Kutatási terület: **Háziállatok genomikája**

Témavezető: **Dr. Barta Endre**

A haszonállatok egyre pontosabb referenciagenomjai lehetővé teszik a genotípus és a fenotípus kapcsolatának részletesebb vizsgálatát. Kutatásunk középpontjában a génszabályozást érintő variációk, különösen a génexpresszióban jelentkező allél-egyensúlyhiány hatása áll, kiemelt figyelemmel a tenyésztés szempontjából fontos tulajdonságokra.



Asbóth András
Eötvös Loránd Tudományegyetem,
Genetikai Tanszék, Budapest; Szegedi
Biológiai Kutatóközpont, Biokémiai Intézet, Szeged

Kutatási terület: **Bakteriofágok genomjának bioinformatikai vizsgálata**

Témavezető: **Dr. Ari Eszter, Dr. Kintses Bálint**

A kutatás a bakteriofágok terápiás alkalmazását támogatja az antibiotikum-rezisztencia jelentette egészségügyi kihívások kezelésében. A vizsgálatok középpontjában a fágok gazdaspecifitását meghatározó fehérjék és immunoglobulin domének azonosítása, valamint a fágok gazdaspecifitása és a baktériumok védelmi rendszerei közötti kapcsolatok feltárása áll.



Balázs Sámuel
Semmelweis Egyetem Doktori Iskola,
Gyógyszertudományok Doktori Tagozat,
Természettudományi Kutatóközpont, Molekuláris
Élettudományi Intézet, Budapest

Kutatási terület: **A terápiás immunmoduláció lehetőségeinek vizsgálata**

Témavezető: **Dr. Monostory Katalin**

Doktori kutatásom egy személyre szabott daganatellenes vakcina immunmoduláló hatásának vizsgálatára irányul. Célom az immunválasz jellemzése és egy, az immunaktiváció előrejelzésére alkalmas modell kidolgozása.



Bata Róbert
Debreceni Egyetem
Egészségtudományi Intézet,
Debrecen

Kutatási terület: **Nagy mennyiségű (big data) kardiometabolikus adat feldolgozása**

Témavezető: **Dr. Nagy Attila Csaba**

A kutatás célja a klinikai adatgyűjtések során keletkező nagy mennyiségű kardiometabolikus adat elemzésre alkalmas előkészítése, valamint különböző adatforrások összekapcsolása és szűrése. A tisztított adatok feldolgozása során szövegbányászati, statisztikai és gépi tanulási módszerekkel tárunk fel összefüggéseket.



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

Kutatási terület: **Gyermeckori ALL genomikai és transzkriptomikai profiljának meghatározása NGS-vizsgálatok bioinformatikai elemzésével**

Témavezető: **Dr. Alpár Donát, Dr. Sebestyén Endre**

Kutatásom középpontjában a gyermeckori akut lymphoid leukémia genom- és transzkriptomszintű szekvenálási adatainak bioinformatikai elemzése áll. Célunk a diagnosztikát, rizikóbecslést és terápiaválasztást támogató biomarkerek, genomi variánsok és fúziós transzkriptumok azonosítása, valamint azok biostatistikai értékelése.



Dr. Bekő Anna
Semmelweis Egyetem,
Patológiai és Kísérleti Rákkutató Intézet,
Budapest

Kutatási terület: **Akut leukémiákban megjelenő strukturális variánsok és kópiaszám eltérések vizsgálata új-generációs citogenomikai módszerrel**

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

Kutatásom célja akut myeloid és akut lymphoblastos leukémiás betegek mintáinak vizsgálata Optikai Genom Térképezéssel (OGM), valamint az azonosított genetikai eltérések összehasonlítása rutin citogenetikai módszerek eredményeivel. Hosszú távú célunk az OGM technológia bevezetése az akut leukémiák rutin diagnosztikájába.



Bende Zsanett
Semmelweis Egyetem,
Bioinformatikai tanszék,
Budapest

Kutatási terület: **Prediktív biomarkerek az onkológiában**

Témavezető: **Dr. Fekete János Tibor**

Munkám során génexpresszió alapú adatok bioinformatikai elemzésével és prediktív biomarkerek azonosításával foglalkozom vastagbélrákos betegeknél. Kutatásom célja, hogy molekuláris mintázatok azonosításával hozzájáruljak a személyre szabott terápiás megközelítések fejlesztéséhez, melyek javíthatják a betegek túlélési esélyeit és életminőségét.



Benő Alexandra Ágnes
Szegedi Tudományegyetem,
Kísérletes és Megelőző Orvostudományi Doktori Iskola,
Magyar Molekuláris Medicina Kiválósági Központ, Szeged

Kutatási terület: **Kissejtes tüdőrák fejlődésének genetikai és epigenetikai jellemzése**

Témavezető: **Dr. Pongor Lőrinc**

Kutatásom középpontjában a kissejtes tüdőrák genomikai és epigenomikai hátterének vizsgálata áll integrált multiomikai megközelítéssel. Célom a tumor kialakulásában és progressziójában szerepet játszó genetikai és epigenetikai mintázatok azonosítása, valamint egy interaktív omikai adatelemző webalkalmazás fejlesztése.



Benyhe-Kis Bernadett
Szegedi Biológiai Kutatóközpont,
Genetikai Intézet,
Szeged

Kutatási terület: **Genetika, Immunológia**

Témavezetők: **Dr. Czimmerer Zsolt, Dr. Honti Viktor**

Kutatásaink a Drosophila melanogaster vérsejtképzésének és szabályozásának vizsgálatára irányulnak transzkriptomikai és genetikai módszerekkel. Bulk és single-cell RNS-szekvenálási adatok elemzésével tanulmányozzuk a vérsejtek sokféleségét és kölcsönhatásait.



Bertalan Petra
Debreceni Egyetem ÁOK,
Biokémiai és Molekuláris Biológiai Intézet,
Debrecen

Témavezető: **Prof. Dr. Csősz Éva**

Doktori kutatásom humán betegségek, köztük az elhízás, 2-es típusú cukorbetegség és szájüregi laphámrák proteomikai és bioinformatikai vizsgálatára irányul. Célom a betegségek molekuláris és immunológiai hátterének feltárása biomarkerek azonosításával.



Biró István
Szegedi Tudományegyetem,
Interdiszciplináris Orvostudományok Doktori Iskola,
SZTE Szent-Györgyi Albert Orvostudományi Kar,
Rehabilitációs Medicina Tanszék, Szeged

Kutatási Terület: **Rehabilitációs Medicina, Rehabilitáció szervezeti felépítés és fejlesztése**

Témavezető: **Prof. Dr. Fazekas Gábor**

Kutatásom a rehabilitáció betegközpontú szervezésének vizsgálatára irányul, különös tekintettel az ellátás hatékonyságára, hozzáférhetőségére és a döntéshozatalt támogató megoldásokra.



Dr. Deák Martin
Szegedi Tudományegyetem, Gyógyszertudományok
Doktori Iskola, Gyógyszertechnológiai
és Gyógyszerfelügyeleti Intézet, Szeged

Kutatási terület: **Szilárd önemulgeáló gyógyszerhordozó rendszer fejlesztése fehérje típusú hatóanyag orális bejuttatása céljából**

Témavezető: **Dr. Sovány Tamás**

Kutatásom a mezopórusos hordozók tablettázhatóságának és pórusszerkezetének vizsgálatára irányul fehérjetartalmú önemulgeáló rendszerek szilárd formába történő feldolgozása céljából. Emellett az emulgens rendszerek tulajdonságait és a folyamatok gépi tanuláson alapuló modellezési lehetőségeit elemzem.



Diósdí Ákos
Szegedi Tudományegyetem,
Szegedi Biológiai Kutatóközpont,
Szeged

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

Témavezető: **Dr. Horváth Péter**

Kutatásunk célja 3D sejtkultúra-modellek alkalmazása a gyógyszerkutatásban, amelyek jobban tükrözik az in vivo szöveti viszonyokat, mint a hagyományos 2D rendszerek. Ennek érdekében nagy áteresztőképességű módszert fejlesztünk a szferoidok egysejt-szintű detektálására és fenotipikus analízisére.



Dobolyi Zsófia
Semmelweis Egyetem,
Bioinformatika Tanszék,
Budapest

Kutatási terület: **Terápiás célpontok kifejeződésének vizsgálata a tumor mikrokörnyezetben egysejt RNS-szekvenálási adatok alapján**

Témavezető: **Dr. Menyhárt Otília**

Kutatásom során tumoros betegek publikusan elérhető egysejt RNS-szekvenálási és klinikai adatait elemzem egyedi fejlesztésű bioinformatikai pipeline segítségével. Célom a tumorszövet heterogenitásának, a sejtek közötti kapcsolatoknak és a potenciális terápiás célpontként szolgáló kulcsgéneknek az azonosítása.



Farkas Emese Vivien
Semmelweis Egyetem Doktori Iskola,
Rácz Károly Konzervatív Orvostudományi Tagozat –
Klinikai orvostudományok tudományág, Budapest

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

Témavezető neve: **Prof. Dr. Than Nándor Gábor**

Kutatásom a placenta immunfolyamatokban és fejlődésben szereplő molekuláinak vizsgálatára irányul. Omikai módszerekkel elemzem ezek változásait terhességi kórképekben a molekuláris háttér feltárása érdekében.

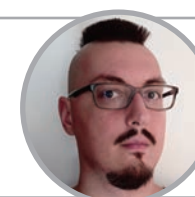


Fülöp Anna Tácia
Szegedi Tudományegyetem, Biológia Doktori Iskola
(kutatás helyszíne: Szegedi Biológiai Kutatóközpont),
Szeged

Kutatási terület: **Rendszerimmunológia, adaptív immunitás**

Témavezető: **Dr. Manczinger Máté**

Kutatásunk a HLA-molekulák peptidkötő képességének és annak betegségekkel, különösen daganatokkal való összefüggéseinek bioinformatikai vizsgálatára irányul. Célunk a HLA-allélok működésének és molekuláris háttérének jobb megértése.

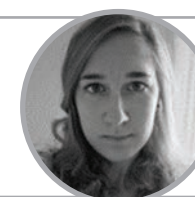


Gálik Bence
Pécsi Tudományegyetem
Szentágotthai János Kutatóközpont,
Pécs

Kutatási terület: **NGS alapú bioinformatikai applikációk fejlesztése a rák genomika és asszisztált reprodukció területén**

Témavezető: **Dr. Gyenesei Attila**

Munkám során egyedi és optimalizált bioinformatikai adatelemző megoldásokat fejleszték a rákkutatás és az *in vitro* megtermékenyítés területén. Kutatásaim középpontjában az újgenerációs szekvenáláson alapuló precíziós onkológiai vizsgálatok, valamint a genetikai és epigenetikai eltérések elemzése áll.



Gál Zsófia
Semmelweis Egyetem,
Gyógyszerhatástani Intézet,
Budapest

Kutatási terület: **A vér-agy gát szerepe depresszióban**

Témavezető: **Prof. Dr. Bagdy György, Dr. Petschner Péter**

Kutatásunk a vér-agy gát működésében szerepet játszó gének és azok polimorfizmusainak szerepét vizsgálja a stresszhez kapcsolódó depresszió kialakulásában. Célunk a depresszió molekuláris mechanizmusainak és biomarkereinek feltárása, valamint a célzott terápiás megközelítések támogatása.



Ghanem Amr Sayed
Debreceni Egyetem,
Egészségtudományi Intézet,
Debrecen

Kutatási terület: **A kardiovaszkuláris betegségek és a fogágybetegség (Parodontitis) kapcsolata a magyar lakosság körében**

Témavezető: **Dr. Nagy Attila Csaba**

Kutatásom a szájbetegségek, különösen a parodontitis, valamint a krónikus betegségek, elsősorban a kardiovaszkuláris kórképek közötti kapcsolat vizsgálatára irányul. Célunk a szájbetegségek hazai előfordulásának és a krónikus betegségekre gyakorolt hatásának feltárása.



Dr. Gubán Renáta
Országos Onkológiai Intézet,
Nemzeti Rákregiszter és Biostatistikai Központ,
Budapest

Kutatási terület: **A melanoma hazai karakterisztikája**

Témavezető: **Dr. Kenessey István**

Kutatásom célja a melanoma hazai jellemzőinek feltárása az Országos Onkológiai Intézet több ezer beteg adatait tartalmazó adatbázisa alapján. Vizsgálom a prognosztikus tényezők összefüggéseit és azok hatását a betegek túlélésére.



Halász Zsolt
Debreceni Egyetem, Egészségtudományi Kar,
Egy Egészség Intézet,
Debrecen

Kutatási terület: **Környezeti mintákból izolált bakteriofágok bioinformatikai elemzésének optimalizációja**

Témavezető: **Dr. Laczkó Levente**

Kutatásom célja egy felhasználóbarát, helyben futtatható bioinformatikai pipeline fejlesztése Oxford Nanopore technológiával szekvenált bakteriofág genomok elemzésére. A rendszer a fágkutatásban megkönnyíti az adatok feldolgozását, valamint javítja az eredmények reprodukálhatóságát és összehasonlíthatóságát.



Hanza Richárd
Semmelweis Egyetem,
I. sz. Patológiai és Rákkutató Intézet,
Budapest

Kutatási terület: **Rizikóbecslést és terápia tervezést segítő biomarkerek azonosítása B-sejtes limfómákban**

Témavezető: **Prof. Dr. Bődör Csaba, Dr. Bátai Bence**

Kutatásunk a follikuláris limfómában előforduló EZH2 mutációk és az intratumorális heterogenitás prognosztikai szerepének vizsgálatára irányul. Célunk a betegek túlélésének és a genetikai eltérések kapcsolatának feltárása, valamint új prediktív és prognosztikus markerek azonosítása újgenerációs szekvenálási adatok alapján.



Hegedűs Károly
Semmelweis Egyetem Doktori Iskola,
Gyógyszertudományok Doktori Tagozat, Budapest;
Természettudományi Kutatóközpont,
Molekuláris Élettudományi Intézet, Budapest

Kutatási terület: **RNS alapú biomarkerek fejlesztése preklinikai és klinikai vizsgálatokhoz**

Témavezető: **Dr. Monostory Katalin**

PhD kutatásom célja új RNS-alapú biomarkerek fejlesztése és validálása gyógyszerbiztonsági és klinikai alkalmazásokhoz. miRNS-ek és mRNS-ek vizsgálatával toxikológiai eltérések, szervkárosodások és a kalcineurin inhibitorok optimális dozírozását segítő biomarkerek azonosítására törekszünk.



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

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

Témavezető: **Dr. Horváth Péter**

Kutatásom célja automatikus sejtszegmentálási módszerek fejlesztése mikroszkópos képek elemzésére. Ennek keretében matematikailag megalapozott tanítóhal-maz-generáló eljárást és olyan mélytanuló algoritmust dolgozok ki, amely konvolúciós neurális hálózatok és geometriai jellemzők felhasználásával javítja a sejtek felismerését.



Hunya Ágoston
Eötvös Loránd Tudományegyetem, Genetikai Tanszék,
Budapest; Szegedi Biológiai Kutatóközpont,
Biokémiai Intézet, Szeged

Kutatási terület: **Bakteriális genomika**

Témavezető neve: **Dr. Ari Eszter, Dr. Papp Balázs**

Kutatásom a baktériumok rezisztencia- és virulenciagénjei közötti evolúciós kapcsolatok feltárására irányul. Nagyléptékű genomikai elemzésekkel vizsgálom a rezisztencia és virulencia összefüggéseit, valamint a klinikailag jelentős, hiper-virulens multirezisztens baktériumok kialakulásának megelőzési lehetőségeit.



Jakab Borbála
Pázmány Péter Katolikus Egyetem,
Információs Technológiai és Bionikai Kar,
Budapest

Kutatási terület: **Fehérjék biológiailag fontos belső mozgásainak egységes keretben történő bioinformatikai elemzése**

Témavezető: **Prof. Dr. Gáspári Zoltán**

Kutatásom a fehérjék belső dinamikájának és annak biológiai funkciókra gyakorolt hatásának vizsgálatára irányul. Célom annak feltárása, hogy a fehérjeszerkezet által meghatározott mozgásmintázatok és a stabilizáló kölcsönhatások hogyan befolyásolják a fehérjék működését és kölcsönhatási képességét.



Karadocsev Éva
Semmelweis Egyetem,
Bioinformatikai tanszék,
Budapest

Kutatási terület: **A hepatocelluláris karcinómára jellemző génváltozások azonosítása**

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

Kutatási célom olyan target gének prognosztikus szerepének vizsgálata a Bioinformatika Tanszék OnkoBankjában gyűjtött hepatocelluláris carcinoma mintáiban, amelyek a rosszindulatú daganat metabolizmus hallmarkkal összefüggnek. A gén-expressziós változásokat újgenerációs szekvenálással és qPCR-al szeretném *in vitro* bizonyítani HCC sejtvonalakon.



Kardos Balázs
Semmelweis Egyetem,
Patológiai és Kísérleti Rákkutató Intézet,
Budapest

Kutatási terület: **Myeloma multiplex integratív omikai elemzése**

Témavezető: **Prof. Dr. Bödör Csaba**

Kutatásom a myeloma multiplex genomikai és transzkriptomikai hátterének vizsgálatára irányul. Célokunk új biomarkerek, genetikai eltérések és evolúciós minták azonosítása, valamint ctDNS-alapú monitorozó rendszer fejlesztése a betegség pontosabb követése és a személyre szabott terápia támogatása érdekében.



Kiss Csaba
TTK, Molekuláris Élettudományi Intézet,
Epigenetika és Genomszerkesztés Kutatócsoport,
Budapest

Kutatási terület: **Nem-kódoló genetikai variánsok vizsgálata vastagbélrákban egysejtes multiomikai adatokkal**

Témavezető: **Dr. Spisák Sándor**

Kutatásom a vastagbélrák kialakulásában szerepet játszó nem kódoló genetikai variánsok funkcionális vizsgálatára irányul. Egysejtes multiomikai adatok és gépi tanulási módszerek segítségével célok a génszabályozást befolyásoló variánsok azonosítása és a tumor genetikai hátterének jobb megértése.



Kiss Luca
Semmelweis Egyetem,
Bioinformatikai tanszék,
Budapest

Kutatási terület: **A cukorbetegség, illetve a tumoros megbetegedések közötti összefüggések**

Témavezető: **Dr. Menyhárt Otília**

Kutatásom a cukorbetegség és a daganatos megbetegedések kapcsolatának vizsgálatára irányul. Újgenerációs szekvenálási és bioinformatikai módszerekkel keresek a tumorsejtek metabolizmusát befolyásoló géneltéréseket és biomarkereket.

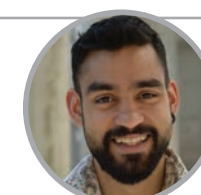


Koppány Gergely
Szegedi Tudományegyetem,
Természettudományi és Informatikai Kar,
Szegedi Biológiai Kutatóközpont, Szeged

Kutatási terület: **Tumor Immunológia, Bioinformatika**

Témavezető: **Dr. Manczinger Máté**

Kutatásom a HLA-II molekulák promizskuitása és a tumoros betegek immunterápiára adott válasza közötti kapcsolat vizsgálatára irányul. Célokunk annak feltárása, hogy a HLA-II által prezentált epitópok sokfélesége hogyan befolyásolja az immunválasz hatékonyságát és az immunterápiák eredményességét.



Dr. Kothalawala William Jayasekara
Semmelweis Egyetem,
Bioinformatikai tanszék,
Budapest

Kutatási terület: **Egyes sejtes transzkriptomikai adathalmazok integrált elemzése vastagbél- és emlődaganatokban**

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

Kutatásom nyílt hozzáférésű single-cell RNS-szekvenálási adatok feldolgozására és integrálására irányul. Célokunk emlő- és vastagbél-tumorok nagy mintaszámú sejtes atlaszának létrehozása, amely támogatja a sejttípusok és génexpressziós mintázatok összehasonlító vizsgálatát.



Kovács István
Debreceni Egyetem,
Evolúciós Állattani és Humánbiológia Tanszék,
Juhász Nagy Pál Doktori Iskola, Debrecen

Kutatási terület: **Elterjedés modellezés, állomány becslés és élőhely használat madár monitoring programok adatai alapján**

Témavezető: **Prof. Dr. Barta Zoltán, Dr. Bán Miklós**

Kutatásunk célja romániai madárfajok elterjedésének és állományváltozásainak vizsgálata nagy mennyiségű biodiverzitási adat és korszerű statisztikai modellek segítségével. Vizsgáljuk a fajok abundanciáját befolyásoló biotikus és abiotikus tényezőket, valamint az állományok időbeli változásait.



Kuffa Katalin Rita
Eötvös Loránd Tudományegyetem,
Biológia Doktori Iskola,
Budapest

Kutatási terület: **Nagy áteresztő képességű kísérleti módszerek fejlesztése transzmembrán fehérjék vizsgálatára**

Témavezető: **Dr. Tusnády Gábor**

Kutatásom célja nagy áteresztőképességű módszerek fejlesztése sejtfelszíni fehérjék vizsgálatára tömegspektrometriai és bioinformatikai eszközökkel. Az eredmények hozzájárulhatnak a fehérjék szerkezetének, módosulásainak és szerepének feltárásához, valamint betegségek molekuláris hátterének és diagnosztikai lehetőségeinek megértéséhez.



Kunkli Balázs Tibor
Debreceni Egyetem,
Biokémiai és Molekuláris Biológiai Intézet,
Debrecen

Kutatási terület: **Metabolomika, rendszerbiológia**

Témavezető: **Prof. Dr. Tózsér József**

PhD kutatásom bor- és borecet metabolitok azonosítására, valamint az ezekhez kapcsolódó anyagcsereútvonalak feltérképezésére irányul tömegspektrometriai, kémiai informatikai és rendszerbiológiai módszerekkel. Emellett az ELIXIR Proteomics Implementation Study projekt keretében SDRF fájlok létrehozásával, validálásával és elemzésével foglalkozom.



Laczkó-Albert Laura
Semmelweis Egyetem,
Bioinformatikai tanszék,
Budapest

Kutatási terület: **Biomarker azonosítás újgenerációs szekvenálással nyert adatokból a szolid tumorok személyre szabott terápiás döntéstámogatásáért**

Témavezető: **Dr. Fekete János Tibor**

Kutatásom petefészekdaganatok transzkriptomikai adatainak bioinformatikai elemzésére irányul. Céлом prognosztikus és prediktív biomarkerek azonosítása a személyre szabott terápiás döntések támogatására.



Lisa Amalia
Debreceni Egyetem,
Debrecen

Kutatási terület: **Észak-szumátrai mahseer-halak evolúciója**

Témavezető: **Dr. Sramkó Gábor**

Kutatásom az észak-szumátrai mahseer-halak genomikai vizsgálatára irányul, különös tekintettel taxonómiájukra, evolúciójukra és populációs szerkezetükre. Céлом az endemikus fajok biológiai hátterének feltárása és olyan genomikai erőforrások létrehozása, amelyek támogatják a természetvédelmi stratégiákat.



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

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

Témavezető: **Dr. Szász Attila Marcell**

Kutatásom a szívfrekvencia-variabilitás (HRV) és az autonóm idegrendszeri működés vizsgálatára irányul daganatos betegekben. Céloom annak feltárása, hogy a HRV alkalmazható-e biomarkerként a daganatok kockázatbecslésében, prognózisalkotásában és a betegkövetésben.



Mabuse Moagi Gontse
Debreceni Egyetem ÁOK,
Biokémiai és Molekuláris Biológiai Intézet,
Debrecen

Témavezető: **Prof. Dr. Csősz Éva**

Doktori kutatásom középpontjában a tömegspektrometriás proteomikához szükséges FFPE (formalinban fixált, paraffinba ágyazott) fehérjeemésztési protokollok optimalizálása, valamint a független adatgyűjtés (DIA) adatkészleteinek feldolgozására és értékelésére szolgáló, felhasználóbarát adatelemzési folyamatok kidolgozása áll.



Mahshid Moballegh Nasery
Debreceni Egyetem ÁOK,
Biokémiai és Molekuláris Biológiai Intézet,
Debrecen

Témavezető: **Prof. Dr. Csősz Éva**

A projekt egy affinitásalapú proteomikai kutatás, amely az Olink technológiát alkalmazza akut limfoblasztos leukémiával diagnosztizált gyermekbetegek cerebrospinális folyadék-mintáin. A projekt célja potenciális biomarkerek azonosítása gépi tanulási módszerek alkalmazásával.



Mansi Jain
Debreceni Egyetem ÁOK,
Biokémiai és Molekuláris Biológiai Intézet,
Debrecen

Témavezető: **Prof. Dr. Csősz Éva**

Kutatásom célja termofil organizmusok proteomikai vizsgálatához szükséges lízis- és emésztési protokollok optimalizálása. A különböző módszerek összehasonlításával a fehérjehozam és az emésztési hatékonyság javítására törekszem.



Murmu Ankita
Semmelweis Egyetem,
Bioinformatika Tanszék,
Budapest

Kutatási terület: **RNS-Seq és mesterséges intelligencia a rákkezelési stratégiákhoz**

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

Kutatásom rákbetegek egysejtes RNS-szekvenálási és klinikai adatainak elemzésére irányul. Céлом immunterápiás célpontok és személyre szabott kezelési lehetőségeket támogató prediktív modellek azonosítása.



Müller Dalma
Semmelweis Egyetem,
Bioinformatika Tanszék,
Budapest

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

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

Kutatásom a vastagbél adenokarcinóma DNS-metilációs mintázatainak vizsgálatára irányul. Céloom a tumorprogresszióban szerepet játszó metilációs változások és új biomarkerjelöltek azonosítása, valamint egy szöveti összehasonlítást támogató webes felület fejlesztése.



Nagy Zsolt
Semmelweis Egyetem,
Bioinformatika Tanszék,
Budapest

Kutatási terület: **Epidemiológiai referenciaértékek meghatározása az onkológiai betegségek előfordulására**

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

Doktori kutatásom nagyléptékű egészségügyi adatok elemzésére irányul, különös tekintettel a daganatos megbetegedések előfordulási és halálozási trendjeire Magyarországon. Céloom egy interaktív online felület fejlesztése, amely támogatja az epidemiológiai adatok értelmezését és a döntéshozatalt.



Nemes Kolos
Szegedi Tudományegyetem,
Kísérletes és Megelőző Orvostudományi Doktori Iskola
Magyar Molekuláris Medicina Kiválósági Központ, Szeged

Kutatási terület: **Daganatok molekuláris heterogenitásának vizsgálata bioinformatikai és mesterséges intelligencia alapú módszerekkel**

Témavezető: **Dr. Pongor Lőrinc**

Doktori kutatásom daganatok, elsősorban tüdődaganatok molekuláris heterogenitásának bioinformatikai vizsgálatára irányul. Omikai adatok, gépi tanulási és neurális háló alapú módszerek segítségével céloom biomarkerek és prediktív modellek fejlesztése a pontosabb diagnózis és személyre szabott terápiás döntések támogatására.



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

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

Témavezető: **Prof. Dr. Csősz Éva**

Kutatásom a cukorbetegség és szövődményeinek metabolomikai és proteomikai vizsgálatára irányul. Célom a diabéteszes retinopátiához kapcsolódó molekuláris mintázatok és potenciális biomarkerek azonosítása a korai felismerés és előrejelzés támogatására.



Nyíri Virág
Debreceni Egyetem,
Debrecen

Kutatási terület: **Észak-szumiátrai mahseer-halak evolúciója**

Témavezető: **Dr. Sramkó Gábor**

Kutatásom veszélyeztetett állatfajok populációgenetikai, filogenetikai és filogeográfiai vizsgálatára irányul genomikai adatok alapján. Célom a genetikai változottság feltárása és az eredmények felhasználása hatékony természetvédelmi stratégiák támogatására.



Oláh Gergő
Debreceni Egyetem,
Evolúciós Állattani és Humánbiológia Tanszék,
Debrecen

Kutatási terület: **Automatikus adatfeldolgozás biodiverzitás kutatások támogatására**

Témavezetők: **Dr. Bán Miklós, Dr. Harangi Balázs**

Kutatásom célja korszerű informatikai eszközök fejlesztése a biodiverzitás kutatás támogatására, amelyek segítik a terepi adatgyűjtést, az adatok feldolgozását és vizualizációját. Munkám során mesterséges intelligencián alapuló képfeldolgozási és objektumfelismerési módszereket alkalmazok biológiai információk automatizált kinyerésére.



Oravecz Orsolya
Eötvös Loránd Tudományegyetem,
Természettudományi Kutatóközpont,
Molekuláris Élettudományi Intézet, Budapest

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

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

Kutatásom a terhességi immunológia területén a méhlepényi glikánok és galektinek szerepének vizsgálatára irányul. Célom ezen molekulák immunregulációban és placentációban betöltött szerepének feltárása, valamint a terhességi kórképek molekuláris hátterének jobb megértése.



Orosz Nikolett
Debreceni Egyetem,
Egészségtudományi Intézet,
Debrecen

Kutatási terület: **A Debreceni Egyetem Klinikai Központ vonzáskörzetében detektált fertőző megbetegedések epidemiológiája**

Témavezető: **Dr. Nagy Attila Csaba**

Kutatásunk célja a Debreceni Egyetem Klinikai Központ körzetében előforduló enterális kórokozók, influenzavírusok és multirezisztens baktériumok okozta fertőzések klinikai jellemzőinek vizsgálata, valamint a kórházi tartózkodás és halálozás szempontjából legjelentősebb betegségek azonosítása.



Pachinger-Molnár Bence
Semmelweis Egyetem,
Bioinformatika Tanszék,
Budapest

Kutatási téma: **Tumorsejtek metabolikus útvonalainak becslése egysejt és bulk RNAseq adatok felhasználásával**

Témavezető: **Dr. Menyhárt Otília**

Kutatásom nyilvánosan elérhető egysejt- és bulk-RNS-adatok bioinformatikai elemzésére irányul. Célom egy webes alkalmazás fejlesztése, amely a tumorokat metabolikus mintázataik alapján csoportosítja, támogatva új alcsoportok és célzott terápiás lehetőségek azonosítását.

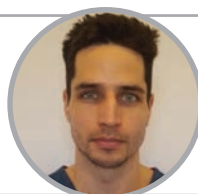


Pál Viktor
Szegedi Tudományegyetem,
Biológia Doktori Iskola,
Szeged

Kutatási terület: **Idegsejtek közötti kommunikáció mérése és fenotipizálása multi-patch clamping és mesterséges intelligencia segítségével**

Témavezető: **Dr. Horváth Péter**

A projekt célja egy automatizált mikroszkópián és mesterséges intelligencián alapuló rendszer fejlesztése több idegsejt egyidejű patch clamp vizsgálatára. A módszer segítségével a sejtek közötti kommunikáció és annak molekuláris hatásai vizsgálhatók nagy pontossággal.



Dr. Pánczél András
Semmelweis Egyetem,
Bioinformatika Tanszék,
Budapest

Kutatási terület: **Prediktív biomarkerek vizsgálata glioblastomában**

Témavezető: **Dr. Fekete János Tibor**

Kutatásom a glioblastoma diagnosztikai, prognosztikai és prediktív biomarkereinek azonosítására irányul. Újgenerációs szekvenálási és bioinformatikai módszerekkel vizsgálom a tumor genetikai és transzkriptomikai eltéréseit a betegség heterogenitásának jobb megértése és a személyre szabott terápia támogatása érdekében.



Parrag Petra
Semmelweis Egyetem,
Patológiai Tudományok Doktori Tagozat, Molekuláris
és Experimentális Onkológia Program, Budapest

Kutatási terület: **A magyarországi rosszindulatú daganatos betegségek epidemiológiai változásai**

Témavezető: **Dr. Kenessey István**

Kutatásom a tüdőrák, melanoma és fej-nyaki laphámsejtes daganatok hazai epidemiológiai trendjeinek vizsgálatára irányul európai összehasonlításban. Elemzem a betegjellemzőket, regionális eltéréseket, túlélési mintázatokat és azok kapcsolatát az onkológiai kezelésekkel.



Poscher Anna Zsófia
Genetikai Intézet,
Szegedi Biológiai Kutatóközpont,
Szeged

Kutatási terület: **Genetika, Immunológia, Epigenetika**

Témavezető neve: **Dr. Czimmerer Zsolt**

Kutatásom a makrofágok mikrokörnyezeti szignálokra adott válaszainak vizsgálatára irányul újgenerációs szekvenálási adatok bioinformatikai elemzésével. Bulk és single-cell RNS-szekvenálási, valamint epigenomikai adatok segítségével tanulmányozom a transzkripció és szabályozási változásokat.



Posta Máté
Semmelweis Egyetem,
Természettudományi Kutatóközpont
Molekuláris Élettudományi Intézet, Budapest

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

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

Kutatásunk egészséges és patológiás terhességekből származó omikai adatok bioinformatikai elemzésére irányul. Célunk a preeclampsia, IUGR és vetélések molekuláris hátterének feltárása, valamint korai diagnosztikát és előrejelzést segítő biomarkerek azonosítása.



Sahel Kapoor
Semmelweis Egyetem,
Gyógyszerhatástani Intézet,
Budapest

Kutatási terület: **A migrén humán transzkriptomikai vizsgálata**

Témavezető: **Dr. Petschner Péter**

Sahel Kapoor doktori kutatása a migrén humán transzkriptomikai vizsgálatára irányul. Célja a molekuláris változások és jelátviteli útvonalak feltárása, valamint új terápiás lehetőségek megalapozása.



Schütz Oszkár
Szegedi Tudományegyetem,
Genetika Tanszék,
Szeged

Kutatási terület: **Archeogenetika**

Témavezető: **Dr. Török Tibor**

Kutatásom az archeogenetikai adatok bioinformatikai elemzésére irányul, különös tekintettel a populációgenetikai vizsgálatokra és az adatok vizualizációjára. A munkafolyamatok során ősi DNS-szekvenciák feldolgozásával és értelmezésével foglalkozom.



Sod-Erdene Byambadash
Debreceni Egyetem,
Debrecen

Kutatási terület: **A mongol szajga antilop (Saiga tatarica mongolica) konzervációgenomikai vizsgálata**

Témavezető: **Dr. Sramkó Gábor**

Kutatásom a mongol szajga antilop konzervációgenomikai vizsgálatára irányul RADseq-alapú SNP-elemzéssel. Célok a genetikai diverzitás, populációs szerkezet és helyi adaptáció feltárása, valamint egy kromoszóma-szintű referenciagenom létrehozásának előkészítése.

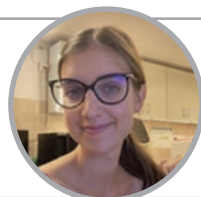


Somogyi Petra
Szegedi Tudományegyetem, Szent-Györgyi Albert
Orvostudományi Kar, TTIK Orvosi Fizikai és Orvosi
Informatikai Intézet, Szeged

Kutatási terület: **Az iszkémiás agysérülések légzésélettani
következményei**

Témavezető: **Prof. Dr. Peták Ferenc, Prof. Dr. Farkas Eszter**

Kutatásom az agyi iszkémia légzőrendszerre gyakorolt hatásainak vizsgálatára irányul patkánymodellben. Célom a károsodáshoz vezető gyulladásos és metabolikus folyamatok feltárása terápiás lehetőségek megalapozása érdekében.



Dr. Szepesi Gabriella
Semmelweis Egyetem,
Patológiai és Kísérleti Rákkutató Intézet,
Budapest

Kutatási terület: **A follikuláris limfóma csontvelői érintettségének
vizsgálata térbeli transzkriptomikai és proteomikai módszerekkel**

Témavezető: **Prof. Dr. Bödör Csaba**

Kutatásunk a follikuláris limfóma csontvelő-érintettségének térbeli transzkriptomikai és proteomikai vizsgálatára irányul. Célunk új terápiás célpontok és biomarkerek azonosítása a betegség pontosabb felismerése és kezelése érdekében.



Szücs Balázs
Szegedi Tudományegyetem, Természettudományi
és Informatikai Kar, Szegedi Biológiai Kutatóközpont,
Biokémia Tanszék, Szeged

Kutatási terület: **A HIV immun-elkerülést elősegítő mutációinak
vizsgálata az immunológiai hasonlóság vonatkozásában**

Témavezető: **Dr. Manczinger Máté**

Kutatásom a HIV adaptív immunrendszer kijátszását lehetővé tevő mutációk vizsgálatára irányul. Bioinformatikai elemzésekkel, R programozási környezetben elemzem a vírusvariációkat és klinikai adatokat az immunelkerülés mechanizmusainak feltárására.



Takács Bertalan
Szegedi Biológiai Kutatóközpont,
Genetika Intézet,
Szeged

Kutatási terület: **Metagenomika, humán mikrobiom**

Témavezető: **Dr. Haracska Lajos**

Kutatásom a humán, elsősorban bélmikrobiom bioinformatikai elemzésére irányul újgenerációs szekvenálási adatok alapján. Gépi tanulási és statisztikai módszerekkel vizsgálom a betegségekhez kapcsolódó mikrobiális változásokat, valamint egy pontosabb mikroba-azonosító szoftver fejlesztésén dolgozom.

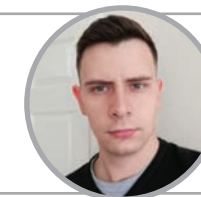


Ulambayar Battamir
Debreceni Egyetem,
Egészségtudományi Intézet,
Debrecen

Kutatási terület: **Kardiometabolikus betegségek és az inzulin-
rezisztenciával való összefüggésük**

Témavezető: **Dr. Nagy Attila Csaba**

Kutatásom a kardiometabolikus betegségek és az inzulinrezisztencia kapcsolatának vizsgálatára irányul. Célom egy prediktív modell fejlesztése a korai felismerés, a megelőzés és a célzott beavatkozások támogatására.



Váradi Alex
Debreceni Egyetem,
Metagenomikai Intézet,
Debrecen

Kutatási terület: **Genomi bioinformatikai módszerek hatékonyságának
vizsgálata mikrobiológiai kutatásokban**

Témavezető: **Dr. Laczkó Levente**

Kutatásom a mikrobiális genomok pontos rekonstrukcióját vizsgálja újgenerációs szekvenálási és bioinformatikai módszerekkel. Célom a genomösszeállítás minőségét befolyásoló tényezők feltárása, gyakorlati ajánlások kidolgozása és új elemző-eszközök fejlesztése.



Varga Luca
Semmelweis Egyetem,
Patológiai és Kísérleti Rákkutató Intézet,
Budapest

Kutatási terület: **Diffúz nagy B-sejtes limfóma genetikai klasszifikációja**

Témavezető: **Prof. Dr. Bödör Csaba**

Kutatásom a diffúz nagy B-sejtes limfóma (DLBCL) genetikai klasszifikációjára és molekuláris evolúciójának vizsgálatára irányul. Célom új prognosztikai markerek azonosítása, valamint a ctDNS-alapú monitorozás lehetőségének feltárása a betegség követésében.



Veres-Szászka Judit
Debreceni Egyetem,
Juhász-Nagy Pál Doktori Iskola,
Debrecen

Kutatási terület: **Hosszú távú tájleptékű változások hatásai
a romániai madárdiverzitásra**

Témavezetők: **Prof. Dr. Barta Zoltán, Dr. Bán Miklós**

Kutatásunk a romániai tájhasználat és klímaváltozás madárállományokra gyakorolt hatását vizsgálja műholdas adatok, mesterséges intelligencia és monitoringadatok segítségével. Célunk az élőhelyváltozások és az észlelési valószínűség változásainak feltárása.

TeSS – ELIXIR képzési portál

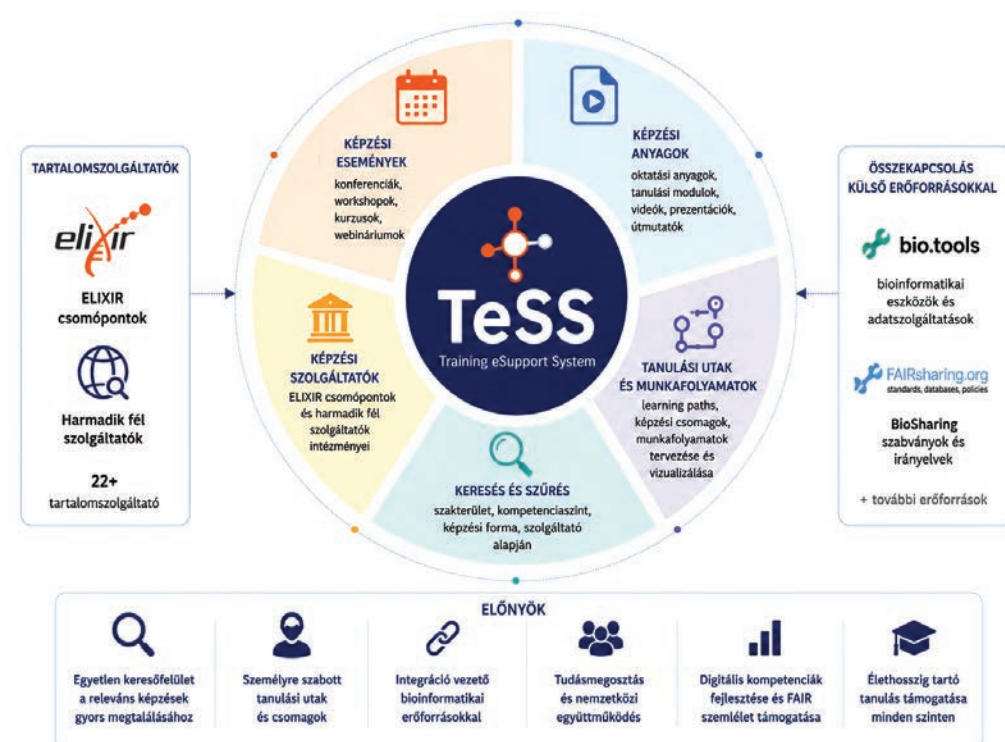


Az ELIXIR képzési e-támogató rendszere, a TeSS (Training eSupport System), az élettudományi és bioinformatikai képzési erőforrások központi európai gyűjtőplatformja. Célja, hogy egyetlen kereshető felületen tegye elérhetővé az ELIXIR csomópontok és más szolgáltatók képzési eseményeit, tananyagait és oktatási forrásait, támogatva a kutatók, oktatók és hallgatók bioinformatikai kompetenciáinak fejlesztését.

A folyamatosan bővülő adatbázis konferenciákat, workshopokat, online és személyes képzéseket, webináriumokat, tananyagokat és képzési intézményeket foglal magában. A felhasználók szakterület, kompetenciaszint vagy képzési forma szerint kereshetnek, valamint személyre szabott tanulási útvonalakat alakíthatnak ki.

A TeSS más bioinformatikai infrastruktúrákkal, például a bio.tools és a FAIR-sharing rendszerekkel is összekapcsolható, elősegítve a FAIR adatkezelési elvek és a nyílt tudományos együttműködések elterjedését.

A TeSS így nem csupán képzési eseménynaptár, hanem az élettudományi közösség folyamatos szakmai fejlődését támogató integrált tudásmenedzsment-rendszer.



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

Training SPLASH – új európai tudásplatform a bioinformatikai képzések támogatására



Az élettudományi kutatás és a bioinformatika gyors fejlődése folyamatos kompetenciafejlesztést tesz szükségessé. Ennek támogatására

hozta létre az ELIXIR Europe a Training SPLASH (Skills, Professional Development, Learning Assessment, Support and Help) online tudásplatformot, amely a bioinformatikai és élettudományi képzések tervezését, fejlesztését és értékelését támogatja európai szinten.

A platform útmutatókkal, sablonokkal, oktatásmódszertani ajánlásokkal és minőségbiztosítási eszközökkel segíti a képzések teljes életciklusát, különös hangsúlyt helyezve a Train-the-Trainer programokra, a FAIR adatkezelési szemléletre, valamint az online és hibrid oktatási formákra.

A Training SPLASH hozzájárul az európai bioinformatikai képzési ökoszisztéma egy-egyesítéséhez, a jó gyakorlatok megosztásához és az oktatási anyagok újrafelhasználásához, miközben erősíti az ELIXIR-tagországok közötti szakmai együttműködések és tudásmegosztást. Az ELIXIR Hungary számára a platform lehetőséget teremt a hazai bioinformatikai képzések nemzetközi beágyazottságának erősítésére, valamint a magyar kutatók és oktatók aktívabb bekapcsolódására az európai tudásközösségbe.



<https://elixir-europe-training.github.io/ELIXIR-Training-SPLASH/>



Új ELIXIR Magyarország kapcsolattartó a Szegedi Tudományegyetemen



2025. január 1-jétől a Szegedi Tudományegyetem képviselőjében **Dr. Sinka Rita** tanszékvezető egyetemi docens látja el az ELIXIR Magyarországgal való kapcsolattartási feladatokat. Kutatásai a genomikai és transzkriptomikai adatok bioinformatikai elemzésére, valamint ezek evolúciós és reprodukcióbíológiai jelentőségének vizsgálatára irányulnak.

A Szegedi Tudományegyetemen folyó archeogenetikai kutatások archaikus DNS-adatok elemzésével tárják fel egykori emberi populációk genetikai kapcsolatait és történetét. A Gametogenezis Kutatócsoport emellett az ivarsejtfejlődés genetikai szabályozását vizsgálja modern transzkriptomikai és bioinformatikai módszerekkel, különös tekintettel az evolúciósan konzervált ivarsejtfaktorok és új reprodukciós biomarkerek azonosítására.

Az ELIXIR Magyarország vezető kutatói

Két új vezető kutató csatlakozott az ELIXIR Magyarország szakmai közösségéhez: Dr. Petschner Péter és Dr. Pongor Lőrinc.



2025-ben **Dr. Petschner Péter**, a Semmelweis Egyetem Gyógyszerhatástani Intézetének munkatársa vezető kutatóként (Principal Investigator) csatlakozott az ELIXIR Magyarország hálózatához.

Kutatócsoportja a bioinformatika, a mesterséges intelligencia és a transzlációs orvosbiológiai kutatások metszéspontján végez kutatásokat. Munkájuk középpontjában a gyakori, multifaktoriális pszichiátriai és neurológiai betegségek genetikai és molekuláris hátterének feltárása áll, amelyhez nagyméretű biológiai adatbázisok integrált elemzését, valamint korszerű gépi tanulási módszereket alkalmaznak. Kutatásaik célja a betegségek patomechanizmusának mélyebb megértése és új terápiás célpontok azonosításának elősegítése.

Dr. Petschner Péter csatlakozása tovább erősíti az ELIXIR Magyarország szakmai kompetenciáját az adatvezérelt élettudományi kutatások és a transzlációs medicina területén.



2025-ben **Dr. Pongor Lőrinc**, a HCEMM Cancer Genomics and Epigenetics kutatócsoportjának vezetője vezető kutatóként csatlakozott az ELIXIR Magyarország hálózatához.

Kutatócsoportja a rákgenomika, az epigenetika és a bioinformatika metszéspontján végez adatvezérelt orvosbiológiai kutatásokat. Munkájuk középpontjában elsősorban a daganatok genetikai és epigenetikai heterogenitásának feltárása, valamint a transzkriptomikai, kromatin-hozzáférhetőségi, DNS-metilációs és folyadékbiopsziás adatok integrált elemzése áll. A csoport különös hangsúlyt fektet a tüdő neuroendokrin daganatainak, köztük a kissejtes tüdőráknak a molekuláris jellemzésére, valamint olyan bioinformatikai megközelítések fejlesztésére, amelyek elősegíthetik a daganatok alcsoportjainak azonosítását és klinikai-transzlációs értelmezését.

Dr. Pongor Lőrinc csatlakozása tovább erősíti az ELIXIR Magyarország szakmai kompetenciáját a bioinformatika, a rákgenomika, az epigenomikai adatelemzés és a transzlációs orvosbiológiai kutatások területén.



Dr. Ari Eszter
Eötvös Loránd Tudományegyetem, Genetikai
Intézet, Budapest; Szegedi Biológiai
Kutatóközpont, Biokémiai Intézet, Szeged

Kutatási területek: **evolúcióbiológia, bakteriális genomika, transzkripcionális szabályozás**

Kutatócsoportunk a bioinformatika több területén végez kutatásokat, kiemelten az antibiotikum-rezisztencia és a bakteriális virulencia evolúciójának vizsgálatában. Munkánk középpontjában a baktériumok közötti horizontális géntranszfer szerepe áll, amelyet nagyléptékű géncsere-hálózatok elemzésével tanulmányozunk humán mikrobiomhoz kapcsolódó és patogén baktériumokban. Emellett fejlesztjük és fenntartjuk a TLink adatbázist, valamint a funkcionális dúsulásvizsgálatot támogató mulea és muleaData R csomagokat.



Prof. Dr. Bagdy György
Semmelweis Egyetem, Gyógyszerhatástani
Intézet, Neuropszichofarmakológiai
Kutatócsoport, Budapest

Kutatási területek: **a gyakori, komplex pszichiátriai és neurológiai betegségek kialakulásában szerepet játszó örökletes és környezeti faktorok, valamint biológiai útvonalak azonosítása új gyógyszercélpontok és terápiás lehetőségek azonosítására**

Kutatásaink középpontjában olyan komplex betegségek állnak, amelyek kialakulásában az örökletes és környezeti tényezők egyaránt fontos szerepet játszanak. Ezek vizsgálatához részletes adatokra, komplex statisztikai modellekre, valamint hagyományos bioinformatikai és mesterséges intelligencián alapuló módszerekre támaszkodunk. 2022 óta elsősorban a depresszió és a migrén molekuláris hátterét kutatjuk, különös figyelmet fordítva a betegségek kialakulásában szerepet játszó biológiai útvonalak azonosítására és összehasonlítására.



Dr. Bálint Bálint László
Debreceni Egyetem, Biokémiai és Molekuláris
Biológiai Intézet, vendégkutató,
Debrecen

Kutatási terület: **epigenetika, funkcionális genomika**

Az epigenetikai öröklődés fizikai hordozói a kromatin szerkezetén keresztül szabályozzák a gének kifejeződését. Kutatásaim célja a génexpresszió kromatin szintű szabályozásának megértése és annak feltárása, hogy ezek a folyamatok miként járulnak hozzá az onkológiai betegségek kialakulásához és kezeléséhez. Daganatos és izogenikus sejtek vizsgálatával elemzem a génszabályozás kulcsszereplőit, valamint multiomikai adatok integrálásával azonosítom a kritikus szabályozó elemeket.



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

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

Kutatócsoportjaink munkájának középpontjában a háziállatok genomikája és a génszabályozás vizsgálata áll. Meghatároztuk a hazai mangalica fajták genomjait, valamint elsőként Magyarországon de novo összeállítottuk a gímszarvas referencia-genomját. Populációgenomikai módszerekkel vizsgáljuk a nyúlfelek, illetve az ERGA projekt keretében az aranysakál genomját is elemezzük. Emellett nagyléptékű ChIP-seq adatok feldolgozásával kutatjuk a génszabályozás mechanizmusait, eredményeinket a ChIPSummitDB adatbázisban tesszük elérhetővé.

ELIXIR részvétel: Biodiversity Community



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

Kutatási területek: **utódgondozás genetikai hátterének vizsgálata bogarakban; természetvédelmi adatok öko-informatikai elemzése**

Kutatásaink egyik fő területe a szülői gondozás során kialakuló evolúciós érdeklentétek molekuláris hátterének vizsgálata genomikai és transzkriptomikai módszerekkel egy új bogármodellben, a nagyfejű csajkóban. Emellett a természetvédelmi monitoring során keletkező nagymennyiségű, térinformatikai adatok elemzésével foglalkozunk, korszerű adatbányászati és prediktív módszerek alkalmazásával. Célunk olyan bioinformatikai eszközök fejlesztése, amelyek támogatják a biodiverzitás kutatását és a természetvédelmi döntéshozatalt.



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

Kutatási területek: **molekuláris onkohematológia, daganatgenomika**

A Molekuláris Onkohematológia Kutatócsoport különböző lymphomák és leukémiák genomikai és transzkriptomikai vizsgálatával foglalkozik, valamint diagnosztikai fejlesztéseket végez korszerű újgenerációs szekvenálási és bioinformatikai módszerekkel. Kutatásaink célja a betegségek lefolyásával és a célzott terápiákra adott válasszal összefüggő biomarkerek azonosítása, továbbá a terápiás szelekció hatására kialakuló klonális evolúció időbeli és térbeli folyamatainak feltárása.



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

Kutatási területek: **genomika, big data, mesterséges intelligencia**

Kutatócsoportunk tevékenységének középpontjában az adatintenzív bioinformatikai kutatások állnak. Hazai és európai projektek keretében rákgenetikai, metagenomikai, molekuláris öregedéskutatási és járványgenetikai vizsgálatokban veszünk részt. Munkánk során a legkorszerűbb bioinformatikai elemzőeszközöket és gépi tanulási módszereket alkalmazzuk, célunk pedig az alap kutatási eredmények mielőbbi klinikai és egészségügyi hasznosítása.

ELIXIR részvétel: Platforms, BY-COVID



Prof. Dr. Csikász-Nagy Attila
Pázmány Péter Katolikus Egyetem, Információs Technológiai és Bionikai Kar, Budapest

Fő kutatási területek: **rendszerbiológia, molekuláris hálózatok szimulációja, adatintegráció**

A Molekuláris és Celluláris Hálózatok Rendszerbiológiája Kutatócsoportban a sejt-ten belüli és sejtek közötti kölcsönhatások térbeli és időbeli dinamikáját vizsgáljuk számítógépes modellezési és kísérletes módszerek kombinálásával. A molekuláris interakciós hálózatokat matematikai modellekké alakítjuk, hogy feltárjuk a sejt-növekedés és sejtosztódás szabályozásának mechanizmusait. Munkánk során elsősorban proteomikai és multiomikai adatokat használunk, eredményeinket pedig saját kísérletes rendszereinkben és együttműködő laboratóriumokban validáljuk.



Prof. Dr. Csősz Éva
Debreceni Egyetem ÁOK, Biokémiai és Molekuláris Biológiai Intézet, Debrecen

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

Kutatócsoportunk a nem invazív módon gyűjthető testfolyadékok, például a könny, a nyál és a verejték proteomikai és metabolomikai vizsgálatával foglalkozik biomarkerek azonosítása céljából. Ehhez új analitikai módszereket fejlesztünk és alkalmazzuk, a kapott adatokat pedig hálózatalapú és rendszerbiológiai megközelítéssel elemezzük. Részt veszünk az ELIXIR Proteomics nemzetközi projektjében is, amely a proteomikai adatok újrahasznosítását támogatja, emellett kiemelt szerepet kap a PhD- és TDK-hallgatók képzése is.

ELIXIR részvétel: Képzési koordinátor, Proteomics



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

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

2014 óta vezetem az ELTE TTK Biokémia Tanszékén működő Bioinformatikai Kutatócsoportot, amely az eredendően rendezetlen fehérjék vizsgálatával foglalkozik bioinformatikai és mélytanulási módszerek alkalmazásával. Kutatásaink során predikciós eszközöket és adatbázisokat fejlesztünk annak megértésére, hogy ezek a fehérjék miként látják el biológiai funkcióikat, illetve hogyan járulnak hozzá különböző betegségek, például daganatos és neurodegeneratív kórképek kialakulásához. Munkánk hosszú távú célja új gyógyszercélpontok és terápiás lehetőségek azonosítása.

ELIXIR Community részvétel: Intrinsically Disordered Protein, Training Platform



Dr. Erdős Gábor
Eötvös Loránd Tudományegyetem,
Biokémia Intézet,
Budapest

Kutatási területek: **Rendezetlen Rendezetlen fehérjék, neurális hálók, energiafüggvény rendszerek, rendezetlen kötő régiók**

2023 óta vezetem az ELIXIR Intrinsically Disordered Proteins (IDP) közösségét, amely az ELIXIR egyik legaktívabb szakmai közössége. Kutatásaim középpontjában olyan bioinformatikai és mélytanulási alapú módszerek fejlesztése áll, amelyek az eredendően rendezetlen fehérjék szerkezeti és funkcionális tulajdonságainak vizsgálatát támogatják. Az általam fejlesztett predikciós eszközök lehetővé teszik a rendezetlen régiók, funkcionális kötőhelyek és konformációs sajátosságok pontos azonosítását, hozzájárulva a fehérjék biológiai szerepének mélyebb megértéséhez.

ELIXIR részvétel: ELIXIR IDP Community



Dr. Fekete János Tibor
Természettudományi Kutatóközpont,
Molekuláris Élettudományi Intézet,
Budapest

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

Kutatásaim középpontjában a prediktív biomarkerek azonosítása áll. A ROC-Plotter projekt célja olyan összefüggések feltárása, amelyek egyes gének expressziója és a terápiás válasz között mutatkoznak különböző daganattípusokban. Az általunk fejlesztett webalkalmazás emlő-, méhnyak-, vastagbél- és agydaganatos betegek génexpressziós adatait használja biomarker-jelöltek validálására. A rendszer lehetőséget biztosít a kutatók számára saját adataik gyors ROC-analízisére és kísérletes eredményeik független külső megerősítésére is.

ELIXIR részvétel: GALAXY Platform



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

Kutatási területek: **klímaváltozás és (újonnan) felbukkanó betegségek – citizen science: www.szunyogmonitor.hu; akusztikus kommunikáció és a kulturális evolúció**

Kutatásaink során a társadalom széles körű bevonásával és innovatív technológiák, például mobilalkalmazások segítségével gyűjtünk nagymennyiségű adatot az ország egész területéről. A beérkező információkat bioinformatikai és gépi tanulási módszerekkel elemezzük, hogy nyomon követhessük az újonnan megjelenő kórokozók terjedését. Emellett az örvös légykapó mint modellfaj hosszú távú vizsgálatával kutatjuk a madárénekek szerepét az ivari szelekcióban, valamint a populációk térbeli és időbeli változásait.



Prof. Dr. Gáspári Zoltán
Pázmány Péter Katolikus Egyetem,
Információs Technológiai és Bionikai Kar,
Budapest

Kutatási területek: **fehérjeszerkezet, szerkezet-dinamika kölcsönhatás**

Kutatásaink középpontjában a fehérjék belső dinamikájának és szerkezeti sokféleségének vizsgálata áll, elsősorban NMR-spektroszkópiai adatok felhasználásával. A fehérjeszerkezeti sokaságok elemzése mellett fibrilláris szerkezeti motívumok tanulmányozásával is foglalkozunk. Funkcionális szempontból kiemelt érdeklődési területünk a szinaptikus jelátvitelben részt vevő fehérjék, különösen a posztzinaptikus denzitás komponenseinek szerkezeti és dinamikai jellemzése, valamint kölcsönhatásaik modellezése.

ELIXIR részvétel: Képzési koordinátor

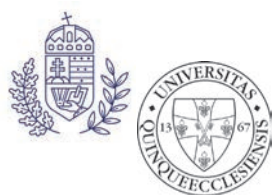


Dr. Gyenesei Attila
Pécsi Tudományegyetem
Szentágotthai János Kutatóközpont,
Pécs

Kutatási területek: **biomarker azonosítás, big data, biostatistika**

A Bioinformatikai Kutatócsoport és a Genomika és Bioinformatika Core Facility kutatásainak középpontjában a modern biotechnológiai módszerek által létrehozott nagymennyiségű biológiai és orvosi adat elemzése áll. Korszerű bioinformatikai, adatbányászati és mesterséges intelligencián alapuló eljárásokat alkalmazunk a molekuláris folyamatok jobb megértése és azok orvosi, ipari és mezőgazdasági hasznosítása érdekében. Emellett kiemelt célunk a bioinformatika és biostatistika fejlesztése a Pécsi Tudományegyetemen, valamint a kutatói együttműködések és infrastruktúra támogatása.

ELIXIR részvétel: Technikai koordinátor



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

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

Az onkológiai bioinformatika terén a kutatócsoportunk több mint tíz külföldi egyetemmel folytat együttműködést, köztük a Yale, Stanford, John Hopkins Egyetemmel (USA), valamint az Imperial College, pekingi, berlini, lyoni, calabrai, barcelonai egyetemek kutatóival, aminek eredményeként számos közlemény jelent már meg nívós tudományos lapokban (Nature Medicine, Cancer Discovery, Nature Communications, Cell Metabolism, PNAS, EMBO, Cancer Research stb.). A csoport innovatív szemléletének köszönhetően számos szabadon elérhető online adatelemző rendszer került publikálásra (pl. SC-plotter, cancerhallmarks, EpigenPlot, KM-plotter, TNM-plotter, ROC-plotter, scientometrics.org).

ELIXIR részvétel: az ELIXIR magyarországi csomópontjának a vezetője



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

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

Kutatócsoportunk vizsgálja a gazdasági, kedvenc és vadállatok vírusainak diverzitását, genomját, biológiáját, törzspejlődését és kimutatási lehetőségüket. Következettünk a gazdák és vírusaik koevolúciójára, a korábbi gazdaváltásokra, kutatjuk a vadon élő állatok (pl. denevérek, majmok) potenciálisan embert és háziállatokat fertőző vírusait. A vadállatmintákat Dél-Amerikától Új-Zélandig terjedően küldik. Eredményeinket a Nemzetközi Vírusrendszertani Bizottságban végzett munkában fordítjuk hivatalos taxonómiává.



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

Kutatási területek: **molekuláris biológia, rendszermikroszkópia**

Kutatócsoportjaimat a Szegedi Biológiai Kutatóközpontban és a Helsinki Egyetem FIMM intézetében vezetem, ahol nagy felbontású sejtvizsgálati módszerek fejlesztésével foglalkozunk. A BIOMAG kutatócsoportokban rendszermikroszkópiát és fejlett képfeldolgozó algoritmusokat alkalmazunk biológiai folyamatok feltárására. Munkánk a számítógépes sejtbiofizika, a mesterséges intelligencia és a bioinformatika eszközeit ötvözi, eredményeinket vezető nemzetközi folyóiratok közlik, és többek között a fertőző betegségek kutatásában is hasznosítjuk.



Dr. Kenessey István
Országos Onkológiai Intézet,
Budapest

Kutatási területek: **onkológia, epidemiológia, minőségbiztosítás**

A Nemzeti Rákregiszter és Biostatistikai Központ a hazai daganatos betegek adatainak gyűjtésével és feldolgozásával foglalkozik. Célunk az onkológiai betegségek epidemiológiai helyzetének bemutatása, valamint visszajelzés nyújtása az egészségügyi ellátóknak és döntéshozóknak az ellátás minőségének javítása és az onkológiai hálózat fejlesztése érdekében. Kutatásaink középpontjában a daganatos megbetegedések előfordulásának és túlélési trendjeinek vizsgálata, valamint a változások hátterében álló tényezők feltárása áll.



Dr. Kós Péter
Szegedi Tudományegyetem,
Biotechnológiai Tanszék,
Szeged

Kutatási területek: **molekuláris diagnosztika, mikrobiális genetika, metagenomika, mesterséges intelligencia**

A bioinformatika oktatása a Szegedi Tudományegyetemen a 2000-es évek elején indult, és azóta a molekuláris evolúció, az omikai tudományok és az informatika területeivel bővülve bioinformatikai szakirány kialakításához vezetett. Az ELIXIR Magyarországhoz való csatlakozás célja az országos oktatási és kutatási együttműködések erősítése. Bioinformatikai módszereinket elsősorban a molekuláris diagnosztika, a mikrobiális genetika és a metagenomika területén alkalmazzuk, miközben egy korszerű, integrált szegedi bioinformatikai központ kialakításán dolgozunk.



Dr. Laczkó Levente
Debreceni Egyetem, Egészségtudományi Kar,
Egy Egészség Intézet, Bioinformatikai
munkacsoport, Debrecen

Kutatási terület: **genomika, bioinformatika**

Munkacsoportunk célja a modern számítógépes módszerek alkalmazása biológiai adatok – például DNS-, RNS- és fehérjeszekvenciák – elemzésére és az adatfeldolgozás hatékonyságának növelésére. Kutatásainkban második és harmadik generációs szekvenálási adatok bioinformatikai és statisztikai elemzését végezzük genomikai, transzkriptomikai és metagenomikai projektekben. Emellett új bioinformatikai eszközöket fejlesztünk a bakteriális genomok és az antibiotikum-rezisztencia vizsgálatára, valamint bakteriofágok és mikrobaközösségek kutatására.



Dr. Ligeti Balázs
Pázmány Péter Katolikus Egyetem,
Információs Technológiai és Bionikai Kar,
Budapest

Kutatási terület: **neurális bioinformatika, mikrobiom, genomikai-nyelvmodellek**

Kutatócsoportunk a nagyméretű genomikai nyelvmodellek és szekvencia-reprezentációk fejlesztésével foglalkozik. Célunk olyan új neurális és pángenomikai módszerek kidolgozása, amelyek képesek a mikroorganizmusok nagy mennyiségű, heterogén genomikai adatainak hatékony elemzésére, új mintázatok feltárására és biológiai folyamatok előrejelzésére. Kutatásaink hozzájárulhatnak többek között az antimikrobiális rezisztencia, az új patogének megjelenése és más globális biológiai kihívások jobb megértéséhez.



Dr. Menyhárt Otília
Pécsi Tudományegyetem,
Transzdiszciplináris Kutatások Intézete,
Pécs

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

A klinikai vizsgálatok során minden páciensről nagyméretű, több száz paramétert tartalmazó heterogén adathalmaz keletkezik, amelyből következtetni lehet a klinikai kimenetelre és a túlélésre. Ezen adatok értelmezése méretük miatt összetett feladat, azonban megfelelő bioinformatikai eszközökkel diagnosztikai és prognosztikai célokra hasznosíthatók. Kutatásainkban elsősorban onkológiai adatokon végzünk mesterséges intelligencián alapuló elemzéseket.



Dr. Monostory Katalin
Természettudományi Kutatóközpont,
Molekuláris Élettudományi Intézet,
Budapest

Kutatási területek: **gyógyszer-metabolizáló enzimek genetikai polimorfizmus (‘single nucleotide polymorphisms’ és kópiaszám-változások) és fenotípusos megjelenése, SNP- és CNV-meghatározási metodikák fejlesztése, SNP- és allélgyakoriság a magyar populációban, kópiaszám-változás daganatos sejtekben**

Kutatásaink a gyógyszermetabolizmusban részt vevő enzimek genetikai és nem genetikai tényezők által befolyásolt működésének vizsgálatára irányulnak. PCR-alapú módszerekkel azonosítjuk a gyógyszerlebontó képességet módosító SNP- és CNV-eltéréseket, valamint vizsgáljuk a citokróm P450 enzimek variánsainak gyakoriságát a magyar populációban. Célunk a terápiahatékonyságot és rezisztenciát befolyásoló genetikai tényezők feltárása, ezáltal a személyre szabott kezelések fejlesztésének támogatása.

ELIXIR Community részvétel: Platforms



Dr. Nagy Attila Csaba
Debreceni Egyetem, Egészségtudományi Intézet,
Egészségügyi Informatikai Tanszék,
Debrecen

Kutatási területek: **biostatisztika, epidemiológia, big data**

Munkacsoportunk népegészségügyi jelentőségű megbetegedések adatbázisainak biostatisztikai feldolgozásával és értékelésével foglalkozik. Kutatásaink során az összefüggések feltárása mellett a nagy mennyiségű, értékes strukturálatlan adatok hasznosítására, valamint szabad szöveges adatokból történő információkinyerésre is törekszünk.



Dr. Patthy László
Természettudományi Kutatóközpont,
Molekuláris Élettudományi Intézet,
Budapest

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

Az általam vezetett kutatócsoport elsősorban a genomevolúcióval, genomannotációval, valamint a fehérjekódoló gének szerkezetének és a fehérjék funkciójának predikciójával foglalkozik. A bioinformatikai elemzések mellett néhány, orvosi biológiai szempontból jelentős fehérje – például az izomfejlődés szabályozásában szerepet játszó WFIKK1 és WFIKK2 – szerkezetét és működését kísérletes módszerekkel is vizsgáljuk.



Dr. Petschner Péter
Semmelweis Egyetem,
Gyógyszerhatástani Intézet,
Budapest

Kutatási terület: **gyakori, multifaktoriális pszichiátriai és neurológiai kórképek vizsgálata bioinformatikai és gépi tanuláson alapuló módszerekkel**

Kutatásaink során a gyakori, környezeti és genetikai tényezők által egyaránt befolyásolt pszichiátriai és neurológiai betegségek hátterében álló folyamatokat azonosítjuk és modellezzük. Célunk e komplex kórképek mélyebb megértése révén új terápiás lehetőségek megalapozása. Munkánk során nagyméretű adatbázisokat és azok elemzését lehetővé tevő korszerű módszereket alkalmazunk és fejlesztünk.



Dr. Pongor Lőrinc
Magyar Molekuláris Medicina
Kiválósági Központ (HCEMM),
Szeged

Kutatási területek: **tumorbioinformatika, epigenomika, funkcionális genomika, multi-omikai adatintegráció, tüdő neuroendokrin daganatok**

A HCEMM Tumor Genomika és Epigenetika Kutatócsoport a tüdő neuroendokrin daganatok molekuláris heterogenitását, fenotípusváltását és terápiás rezisztenciáját vizsgálja. Nagy léptékű transzkriptomikai, epigenomikai és proteomikai adatok integrációjával tárjuk fel a daganatsejt-állapotokat meghatározó szabályozó hálózatokat. Bioinformatikai, statisztikai és gépi tanulási módszerekkel prediktív biomarkereket, molekuláris alcsoportokat és új terápiás célpontokat azonosítunk. Fejlesztésünk a SurvSig webes platform, amely génexpressziós szignatúrák alapján támogatja daganatos kohorszok elemzését.



Prof. Dr. Pongor Sándor
Pázmány Péter Katolikus Egyetem,
Budapest

Kutatási területek: **Biomolekuláris informatika, rendszerelmélet**

Kutatócsoportunk korábban baktériumközösségek kommunikációjának bioinformatikai vizsgálatával, genomszekvenciák összehasonlító elemzésével és közösségi modellezéssel foglalkozott. Jelenlegi fókuszunk a bioinformatika korszerű oktatásának fejlesztése, amely három pillérre épül: adatok előfeldolgozása, adatvizualizáció, valamint az eredmények tudományos kommunikációja. Kidolgoztuk az „Introduction to scientific communication” kurzust, amely a hipotézisalkotás, eredményértelmezés és tudományos közlés gyakorlati alapjait foglalja össze.

Pongor Sándor a Magyar Bioinformatikai Társaság és az MTA Bioinformatikai Osztályközi Tudományos Bizottságának elnöke, az Academia Europaea és az MTA tagja.



Dr. Solymosi Norbert
Állatorvostudományi Egyetem
Bioinformatikai Központ,
Budapest

Kutatási területek: **epidemiológia, genomika**

A Bioinformatikai Központ az Állatorvostudományi Egyetemen elsősorban a mikrobiális genomika oktatására jött létre. Ehhez kapcsolódóan több fertőző állatbetegség – például az afrikai sertéspestis és a PRRS – országos mentesítési programjában végzünk genomikai elemzéseket és valós idejű kockázatbecslést. Saját kutatásaink középpontjában a klinikai metagenomika, ezen belül a mikrobiom- és rezisztómvizsgálatok állnak. Hazai és nemzetközi együttműködésekben transzkriptomikai és epigenetikai adatelemzésekben is részt veszünk.



Dr. Sramkó Gábor
Debreceni Egyetem, TTK Növénytan Tanszék,
Evolúciós Genomikai Kutatócsoport,
Debrecen

Kutatási területek: **molekuláris filogenetika és filogenomika, populációgenetika és populációgenomika**

Kutatócsoportunk fő érdeklődési területe biogeográfiai szempontból jelentős nem modell élőlények filogenetikai, filogeográfiai és populációgenetikai vizsgálata. Kutatásainkban genomikai megközelítéseket, például RAD-seq és alacsony lefedettségű újraszekvenálási módszereket alkalmazunk természetvédelmi jelentőségű fajok genetikai változatosságának feltárására. Emellett nem modell szervezetek de novo genomösszeállítását végezzük PacBio HiFi és Hi-C adatok felhasználásával, különös tekintettel a sztyeppe fajok evolúciós történetére.

ELIXIR Platform részvétel: Tools, Training



Dr. Szász Attila Marcell
Belgyógyászati és Onkológiai Klinika,
Budapest

Kutatási terület: **szolid tumorok, különösen a malignus melanóma és emlőrák, ezekben a tumor-host kölcsönhatások vizsgálata az immunreakciók tükrében**

Kutatási megközelítésünkben erős klinikai alapokra és szöveti morfológiai jellemzőkre építve elemezzük a DNS-, RNS- és fehérjeszintű adatok összefüggéseit, valamint azok térbeli és időbeli heterogenitását egyedi betegmintákban. Fókuszunk a betegen belüli változatosság feltárása és olyan tényezők azonosítása, amelyek hozzájárulhatnak a tumoros folyamatok jobb megértéséhez, valamint új diagnosztikai és terápiás lehetőségek fejlesztéséhez.

ELIXIR Community részvétel: Proteomics; részvétel a European Cancer Moonshot Programban



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

Kutatási területek: **ritka betegségek, genotípus-fenotípus vizsgálat**

Az Intézet vezetőjeként klinikai genetikai diagnosztikai tevékenységet és az ehhez kapcsolódó kutatásokat irányítom. Kutatásaink ritka, genetikailag meghatározott betegségekre – többek között genodermatózisokra és neurogenetikai kórképekre – fókuszálnak. Vizsgáljuk a genotípus-fenotípus összefüggéseket, valamint az újonnan azonosított genetikai variánsok funkcionális hatásait. Kiemelt projektünkben a Pécsi Tudományegyetemmel együttműködésben a COVID-19 lefolyását befolyásoló genetikai tényezőket kutatjuk.



Prof. Dr. Than Nándor Gábor
Természettudományi
Kutatóközpont, Molekuláris Élettudományi
Intézet, Budapest

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

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



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

Kutatási területek: **retrovirális biokémia, virális proteóm, virális fertőzés hatása a celluláris proteómra és transzkriptómra, fermentlevek, tej omikai elemzése**

Az általam vezetett Retrovirális Biokémiai Kutató Laboratórium fő kutatási területe a vírusok életciklusának és gazdasejttel való kölcsönhatásainak vizsgálata. Szerkezeti biológiai, proteomikai, transzkriptomikai és bioinformatikai módszerekkel tanulmányozzuk többek között a HIV és SARS-CoV-2 fertőzések során kialakuló molekuláris változásokat. Emellett metabolomikai és bioinformatikai elemzéseket végzünk élelmiszeripari alkalmazásokhoz kapcsolódó kutatásokban, például borok, borecetek és funkcionális élelmiszerek vizsgálatában.



Dr. Tusnady Gábor
Természettudományi Kutatóközpont,
Molekuláris Élettudományi Intézet,
Budapest

Kutatási területek: **bioinformatika, transzmembrán fehérjék, adatbázisok**

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

ELIXIR Community részvétel: 3D-Bioinfo; a MABIT főtitkára



Dr. Virág Eszter
Debreceni Egyetem, Egészségtudományi Kar,
Egy Egészség Intézet,
'Plant Dromics' munkacsoport, Debrecen

Kutatási területek: **növényi transzkriptomika, génszabályozás, képfeldolgozás, lipid alapú gyógyszerhordozó rendszerek fejlesztése**

Munkacsoportunk fenntartható növényvédelem szempontjából jelentős biostimulátorok, peszticidok és priming anyagok hatásait vizsgálja Arabidopsis thaliana modellnövényen és gazdaságilag fontos kultúrnövényeken. Kutatásaink középpontjában a növényi anyagcsere- és génszabályozási folyamatok transzkriptomikai elemzése, valamint a növény-patogén kölcsönhatások során aktiválódó védelmi mechanizmusok feltárása áll. Bioinformatikai módszerekkel génexpressziós és útvonalelemzéseket végzünk, továbbá transzkripciós faktorok és szabályozó hálózatok azonosítására törekszünk.

Bioinformatikai témájú MTA védések

Dr. Dosztányi Zsuzsanna



Dr. Dosztányi Zsuzsanna akadémiai doktori értekezésében az eredendően rendezetlen fehérjék bioinformatikai vizsgálata terén elért eredményeit foglalta össze. Közel két évtizedes kutatómunkája során több, nemzetközileg is széles körben alkalmazott predikciós módszert fejlesztett ki a rendezetlen régiók és kötőhelyeik azonosítására aminosav-szekvenciák alapján.

Kutatásai hozzájárultak a rendezetlen fehérjék hálózatbiológiai szerepének, szerkezeti sajátosságainak és betegségekben, különösen a daganatok kialakulásában betöltött funkciójának jobb megértéséhez. Az általa kidolgozott módszerek és eredmények alapvetően formálták a fehérjeszerkezet és -működés kapcsolatáról alkotott jelenlegi szemléletet.

Prof. Dr. Gáspári Zoltán

Prof. Dr. Gáspári Zoltán akadémiai doktori munkája a szerkezeti bioinformatika és a fehérjék molekuláris működésének vizsgálatához járult hozzá. Kutatásai a fehérjék szerkezeti-funkcionális összefüggéseire, valamint a fehérje-fehérje kölcsönhatások molekuláris mechanizmusaira fókuszáltak, számítógépes modellezési, bioinformatikai és kísérletes módszerek integrálásával.

A szerkezeti bioinformatika kulcsszerepet játszik a molekuláris diagnosztika, a gyógyszerfejlesztés és a precíziós orvoslás fejlődésében, így az eredmények új terápiás megközelítések alapjait is támogathatják.

Gáspári Zoltán akadémiai doktori nyilvános vitájára 2025. április 15-én került sor.



Gratulálunk **Dr. Ari Eszternek** (ELTE TTK, SZBK), aki elnyerte a Magyar Tudományos Akadémia rangos Bolyai János Kutatási Ösztöndíját.

Kutatási programja azt vizsgálja, hogy milyen evolúciós folyamatok vezetnek egyes baktériumklónok multirezisztenciájának kialakulásához. A nagy léptékű filogenomikai elemzések célja az antibiotikum-rezisztencia genetikai hátterének és evolúciós mechanizmusainak feltárása, elősegítve a multirezisztens kórokozók jobb megértését és előrejelzését.

Konferenciák, kurzusok az ELIXIR Magyarország támogatásával

ELIXIR Bioinformatikai Nyári Egyetem

2026. június 8–12. között rendeztük meg az ELIXIR Bioinformatikai Nyári Egyetemet az ELIXIR Magyarország szervezésében. A kurzus iránt idén is nagy érdeklődés mutatkozott: közel 70 résztvevő érkezett hazai egyetemokről és kutatóintézetekből.

A program szakmai vezetője **Dr. Albert István** volt, míg a szervezési feladatokat az ELIXIR Magyarország csapata koordinálta. A gyakorlatorientált képzés célja a korszerű bioinformatikai ismeretek átadása és azok kutatási gyakorlatba történő beépítésének támogatása volt.

A résztvevők megismerkedtek a reprodukálható kutatás alapelveivel, a Linux-alapú munkakörnyezettel, valamint a genomikai és transzkriptomikai adatok feldolgozásának legfontosabb lépéseivel, az adattisztítástól és minőségellenőrzéstől egészen az eredmények értelmezéséig és vizualizációjáig.

A magas részvételi arány ismét megerősítette, hogy jelentős igény mutatkozik a magas színvonalú, gyakorlati bioinformatikai képzések iránt Magyarországon.



Bioinformatikai Nyári Egyetem résztvevői a Pécsi Tudományegyetemen, illetve az ELTE-n



Bioinformatika konferencia

A bioinformatika sokszínűsége a mesterséges intelligenciától a precíziós orvoslásig

A Magyar Bioinformatikai Társaság, az MTA Bioinformatikai Osztályközi Tudományos Bizottsága és az ELIXIR Hungary szervezésében 2025. november 14-én rendezték meg a Bioinformatika 2025 konferenciát a Természettudományi Kutatóközpontban, a Magyar Tudomány Ünnepe programsorozat részeként. Az eseményen mintegy 120 résztvevő vett részt.

A konferencián négy tematikus szekcióban 23 előadás mutatta be a hazai bioinformatikai kutatások legújabb eredményeit, a szerkezeti bioinformatikától és

genomikai nyelvmodellektől az archeogenomikán, rendszerbiológián és proteomikán át az orvosi alkalmazásokig.

Kiemelt szerepet kaptak a mesterséges intelligencia bioinformatikai alkalmazásai, a precíziós medicina, a daganatgenomika és a multiomikai adatintegráció. A rendezvény ismét bizonyította a hazai bioinformatikai közösség nemzetközi versenyképességét, és fontos fórumot teremtett az együttműködések erősítésére.



MÉT–MABIT–MBFT–MMVBT



2025. szeptember 2–5. között Szegeden, a Szent-Györgyi Albert Agórában rendezték meg a Magyar Élettani Társaság, a Magyar Biofizikai Társaság, a Magyar Mikrocirkulációs és Vaszkuláris Biológiai

Társaság, valamint a Magyar Bioinformatikai Társaság közös konferenciáját. A rendezvényen több világhírű kutató – köztük Roska Botond, Párdi Norbert és Stefan Hell – mellett számos ELIXIR kutató is előadott.

A konferencia kiemelt bioinformatikai programját a Magyar Bioinformatikai Társaság által szervezett Big Bioinformatics I–II. szekciók jelentették. Az előadások a bioinformatika legaktuálisabb területeit ölelték fel, az ökológiai genomikától és az egysejt-analízistől a fehérjeszerkezet-modellezésen át a daganatgenomikáig és a mesterséges intelligencia orvosbiológiai alkalmazásaiig.

A nemzetközi meghívott előadók között szerepelt Robert Kofler és Szállási Zoltán, míg hazai kutatók új eredményeket mutattak be többek között a mélytanulás, a klinikai bioinformatika, a variánshatás-predikció és a növényi genomika területéről.

A Big Bioinformatics szekciók jól szemléltették a bioinformatika meghatározó szerepét a modern élettudományi kutatásokban, és hozzájárultak a magyar bioinformatikai közösség nemzetközi láthatóságának erősítéséhez.



ELIXIR Magyarország ismét elnyerte a Kiváló Kutatási Infrastruktúra minősítést

Az ELIXIR Magyarország Konzorcium a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Hivatal (NKFIH) döntése alapján ismét elnyerte a **Kiváló Kutatási Infrastruktúra (KKI)** minősítést. Az elismerés megerősíti, hogy a hazai bioinformatikai kutatási infrastruktúra nemzetközi szinten is kiemelkedő minőségben működik, és hosszú távon biztosítja a korszerű kutatási szolgáltatások és adatinfrastruktúrák elérhetőségét.

A KKI-minősítés a hazai kutatási infrastruktúrák egyik legjelentősebb szakmai elismerése, amely a tudományos kiválóságot, a stratégiai jelentőséget és a fenntartható működést igazolja, valamint elősegíti a nemzetközi együttműködésekben és fejlesztési pályázatokban való részvételt.

Az értékelés során az ELIXIR Magyarország három kategóriában „**kiválóan megfelelt**”, további kettőben pedig „**megfelelt**” minősítést kapott. A minősítés ismételt elnyerése megerősíti a konzorcium meghatározó szerepét a hazai élettudományi és bioinformatikai kutatások támogatásában, valamint az európai kutatási infrastruktúra-hálózatban betöltött aktív szerepét.

Clinical Bioinformatics kurzus

2026 márciusában sikeresen elindult a Clinical Bioinformatics kurzus, amely a klinikai és transzlációs kutatásokban alkalmazott korszerű bioinformatikai és adattudományi módszerek bemutatását tűzte ki célul. A képzés a precíziós orvoslás, a genomikai adatelemzés és a mesterséges intelligencián alapuló döntéstámogatás bioinformatikai alkalmazásaira fókuszált.

A résztvevők betekintést kaptak a klinikai genomika és a multiomikai megközelítések szerepébe, valamint a statisztikai és gépi tanulási módszerek orvosbiológiai alkalmazásaiba. Az elméleti és gyakorlati elemeket ötvöző program valós kutatási példákon és klinikai eseteken keresztül fejlesztette a résztvevők gyakorlati kompetenciáit.

A kurzus hozzájárult az ELIXIR Hungary oktatási és tudástranszfer-tevékenységéhez, valamint a bioinformatikai módszerek klinikai alkalmazásának szélesebb körű elterjesztéséhez.



Angol nyelvű bioinformatika oktatás a Pécsi Tudományegyetemen

2025 tavaszán került sor a Bioinformatika című, angol nyelvű kurzus tömbösített oktatására a Pécsi Tudományegyetem Biofizikai Intézetében. A képzésen orvostanhallgatók és PhD-hallgatók vettek részt, akik a bioinformatika korszerű módszereivel és alkalmazási lehetőségeivel ismerkedhettek meg. A kurzus oktatásában az ELIXIR Magyarország Konzorcium több vezető kutatója is közreműködött: **Dr. Bálint Bálint László**, **Prof. Dr. Györffy Balázs**, az ELIXIR Magyarország csomópontvezetője, valamint **Dr. Menyhárt Otília** és **Dr. Fekete János Tibor**. A vezető kutatók aktív szerepvállalása jól példázza az ELIXIR Magyarország elkötelezettségét a magas színvonalú bioinformatikai oktatás, a korszerű módszertani ismeretek átadása és a fiatal kutatók képzésének támogatása iránt.



Nemzetközi bioinformatikai nyári kurzus az ELTE Budapest Summer University keretében

2026. július 7–17. között került megrendezésre az Analysis of Omics Data PR című, angol nyelvű, intenzív bioinformatikai nyári kurzus az ELTE Budapest Summer University program részeként. A gyakorlatorientált képzést **Dr. Ari Eszter** (ELTE TTK, SZBK), Pipek Orsolya (ELTE TTK), Marco Trevisan-Herraz (Newcastle University) és Hunya Ágoston (ELTE TTK, SZBK) oktatták.

A kurzus célja, hogy a nemzetközi hallgatók átfogó elméleti ismereteket és korszerű gyakorlati készségeket szerezzenek a nagy áteresztőképességű omikai adatok elemzésében. A résztvevők megismerkedtek többek között a genomikai, transzkriptomikai, ChIP-seq, funkcionális dúsulási, valamint 16S rRNS-alapú metagenomikai adatok letöltésének, feldolgozásának, elemzésének, vizualizációjának és biológiai értelmezésének módszereivel.

A képzés kiemelten a gyakorlati készségek fejlesztésére épült: a hallgatók valós adatkészleteken dolgoztak Linux/Unix környezetben, széles körben alkalmazott nyílt forráskódú bioinformatikai eszközökkel és R-alapú elemzési módszerekkel. A kurzus emellett hangsúlyt fektetett a reprodukálható bioinformatikai munkafolyamatok kialakítására és alkalmazására is.

A képzés helyszíne az ELTE Természettudományi Kar Biológiai Intézete volt.



<https://www.elte.hu/en/analysis-of-omics-data-pr>

ELIXIR kutatók a Healthy Living Symposium konferencián

A budapesti Healthy Living Symposium nemzetközi konferencia az öregedésbiológia, a precíziós orvoslás, a genetika és az adattudomány legújabb eredményeit állította a középpontba. A rendezvényen az ELIXIR Hungary kutatója, **Dr. Kerepesi Csaba** előadónként vett részt.

Az „AI in Medicine” szekcióban olyan bioinformatikai és mesterséges intelligencia alapú módszereket mutattak be, amelyek nagyméretű egészségügyi adathalmazok elemzésével támogatják a betegségek kockázatbecslését, a biológiai öregedés modellezését és a precíziós orvoslást.

Az ELIXIR Hungary részvétele hozzájárult a hazai bioinformatikai kompetenciák nemzetközi bemutatásához és új szakmai együttműködések kialakításához.



Nemzetközi konferenciákon mutatták be az LLM-alapú metaadat-standardizálási fejlesztést

Dr. Ari Eszter 2026 tavaszán két rangos nemzetközi konferencián mutatta be kutatócsoportjuk eredményeit, amelyek a nagy nyelvi modellek (LLM-ek) alkalmazását vizsgálják a genomszekvenálási metaadatok automatikus kurálásában és standardizálásában.

A kutatást előadás formájában ismertette a EMBO | EMBL Symposium: AI and Biology rendezvényen Heidelbergben, míg az eredményeket poszterként a Antimicrobial Resistance: Genomes, Big Data and Emerging Technologies konferencián is bemutatták Hinxtonban.

A projekt középpontjában az ESKAPEE kórokozók genomszekvenálási metaadatainak LLM-alapú egységesítése áll, amely hozzájárulhat a nagyméretű genomikai adatbázisok minőségének és újrafelhasználhatóságának javításához. A fejlesztésben kiemelt szerepet vállalt Kada Norbert és Papp Balázs is. Az eredmények a BACCURATE platformon érhetők el.



AZ ELMÚLT ÉV KIEMELT KUTATÁSI EREDMÉNYEI

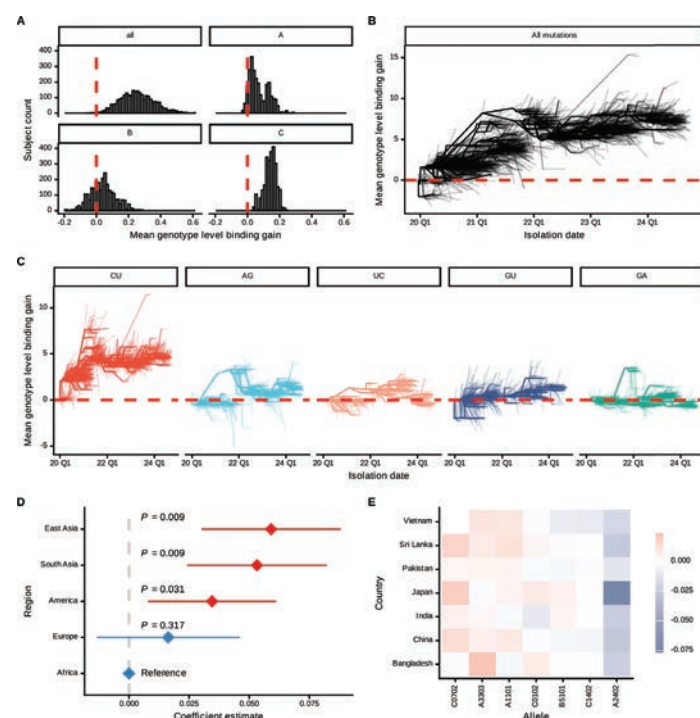
• Dr. Ari Eszter

A C > U mutációk immunválaszt kiváltó peptidek képződését eredményezik a SARS-CoV-2-ben

A Nature Communications folyóiratban megjelent *C > U mutations generate immunogenic peptides in SARS-CoV-2* című tanulmány azt vizsgálta, hogy a SARS-CoV-2 genomjában gyakori C→U mutációk miként befolyásolják a T-sejtes immunválaszt. A kutatásban több magyar kutató mellett Ari Eszter is társszerzőként vett részt.

A vizsgálat kimutatta, hogy ezek a mutációk gyakran fokozzák a víruspeptidek HLA-I molekulákhoz való kötődését, ezáltal növelhetik a fertőzött sejtek felismerhetőségét a citotoxikus T-sejtek számára. A több ezer vírusgenom bioinformatikai elemzésére és immunológiai kísérletekre épülő eredmények arra utalnak, hogy egyes vírusmutációk nem az immunrendszer elkerülését, hanem éppen az immunológiai felismerés erősítését segíthetik elő.

A tanulmány új megvilágításba helyezi a vírus-gazdaszervezet kölcsönhatásait, és hozzájárulhat új vakcinációs és immunterápiás stratégiák fejlesztéséhez.



Kép: Az ábra bemutatja, hogy a vírus evolúciója során hogyan változik a HLA-I molekulákhoz kötődő peptidek mennyisége, valamint hogy ezek a változások földrajzi régióként és különböző HLA-variánsok esetén eltérő mértékűek lehetnek.

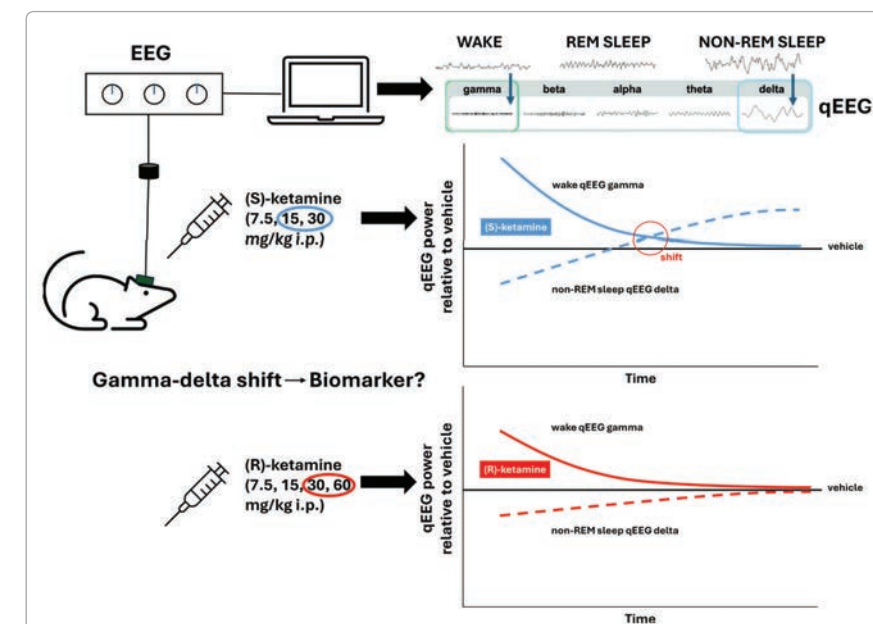
Referencia: Balogh G. M., ... Ari E., ... Manczinger M., *C > U mutations generate immunogenic peptides in SARS-CoV-2*, **Nature Communications**, 2025, <https://doi.org/10.1038/s41467-025-65251-8>

• Prof. Dr. Bagdy György

A ketamin enantiomereinek eltérő elektrofiziológiai hatásai – új eredmények az antidepresszív hatásmechanizmus megértésében

Bagdy György és munkatársai a ketamin két enantiomerjének – az (S)- és (R)-ketaminnak – az agyi elektromos aktivitásra gyakorolt hatásait vizsgálták állatkísérletes EEG-mérésekkel. A kutatás középpontjában a „gamma-delta shift” jelenség állt, amely a ketamin antidepresszív hatásának egyik lehetséges neurofiziológiai biomarkere.

Az eredmények szerint az (S)-ketamin jelentősen módosította az EEG-aktivitást, fokozta a gamma-hullámok jelenlétét és kiváltotta a gamma-delta eltolódást, míg az (R)-ketamin hatása gyengébbnek vagy eltérő jellegűnek bizonyult. A vizsgálat új adatokat szolgáltat a ketamin hatásmechanizmusának megértéséhez, és hozzájárulhat a terápiás válasz előrejelzését segítő biomarkerek, valamint új antidepresszív stratégiák fejlesztéséhez.



Kép: A ketamin enantiomerjeinek összehasonlítása EEG-vizsgálatok alapján. Az (S)-ketamin jellegzetes „gamma-delta shift” mintázatot vált ki, amely potenciális biomarkerként szolgálhat a gyors antidepresszív hatás kimutatásában, míg az (R)-ketamin esetében ez a jelenség nem figyelhető meg.

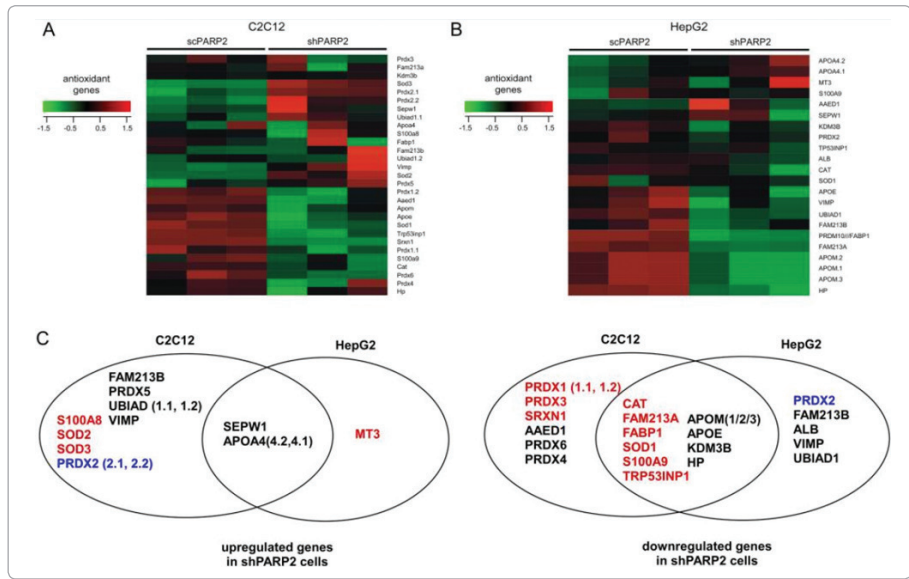
Referencia: Koncz Sz., Pothorszki D., Papp N., Pál D., **Bagdy G.**, *Differential effects of ketamine enantiomers on EEG parameters including the gamma-delta shift phenomenon*, **British Journal of Pharmacology**, 2026, <https://doi.org/10.1111/bph.70399>

A PARP2 szerepe az antioxidáns gének szabályozásában: az NRF2 szubcelluláris lokalizációjának és PARilációjának jelentősége

A PARP2 a PARP enzimcsalád tagja, amely a DNS-helyreállítás mellett a mitokondriális működés és a lipidanyagcsere szabályozásában is fontos szerepet tölt be. Hiánya fokozott oxidatív stresszhez és a mitokondriumok működésének zavarához vezethet, valamint befolyásolhatja a PARP-gátló terápiák melékhatásait.

A kutatás feltárta, hogy a PARP2 az NRF2, az antioxidáns védekezés egyik kulcsfontosságú szabályozójának működését is befolyásolja. A PARP2 hiánya nem az NRF2 mennyiségét, hanem sejten belüli elhelyezkedését módosította, csökkentve annak aktív, sejtmagban található formáját. A vizsgálatok azt is igazolták, hogy az NRF2 PARilációja PARP2-függő folyamat.

Az eredmények új összefüggéseket tárnak fel a PARP2–NRF2 szabályozási hálózatban, és hozzájárulhatnak az oxidatív stresszel és mitokondriális működészavarokkal kapcsolatos betegségek molekuláris mechanizmusainak jobb megértéséhez.



Kép: A PARP2 elnémítása jelentősen módosítja az antioxidáns gének expressziós mintázatát. Az antioxidáns védekezésben szerepet játszó gének változásait C2C12 és HepG2 sejtvonalakban vizsgálták scPARP2 és shPARP2 minták újraelemzésével. A differenciálisan expresszálódó redoxszabályozó géneket microarray-adatok alapján csoportosították és Venn-diagramokkal ábrázolták. Az ábrán az NRF2-független, illetve az eltérő és hasonló expressziós mintázatot mutató NRF2-függő gének szerepelnek.

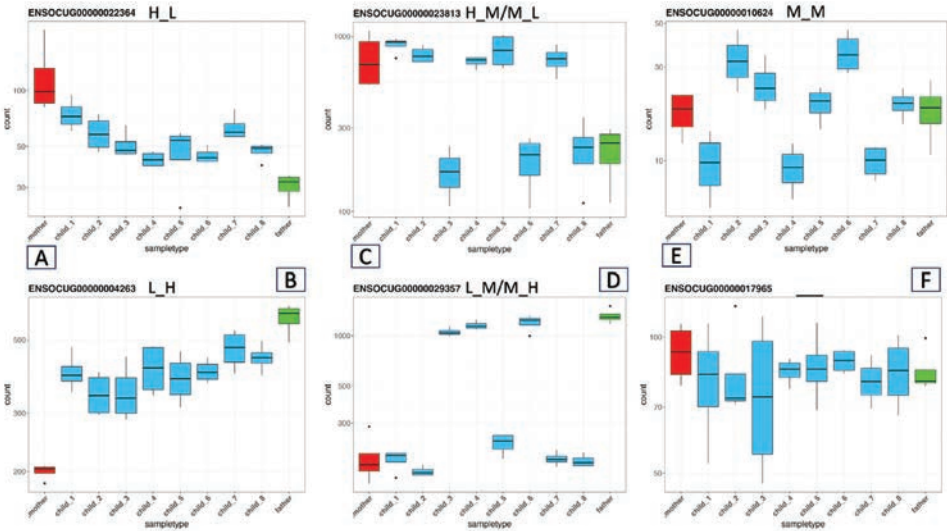
Referencia: Jankó L., ... Bálint L. Bálint, *PARP2 poly(ADP-ribosyl)ates nuclear factor erythroid 2-related factor 2 (NRF2) affecting NRF2 subcellular localization*, **Scientific Reports**, 2023, <https://doi.org/10.1038/s41598-023-35076-w>

Új genetikai módszer segítheti a húsminőség javítását az állattenyésztésben

A genetikai alapú szelekció új lehetőségeket kínál az állattenyésztésben a gazdaságilag fontos tulajdonságok, így a húsminőség és húshozam genetikai hátterének pontosabb megértésére. A Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem kutatói olyan új vizsgálati módszert fejlesztettek ki, amely az allél-specifikus génkifejeződés feltérképezésével segítheti a célzott tenyésztési stratégiák kialakítását.

A kutatás során egy húsnyúl- és egy hobbi nyúlfajta keresztezéséből származó család genetikai és génexpressziós mintázatait elemezték RNS-szekvenálás és teljes genom szekvenálás kombinációjával. Több mint 900 olyan gént azonosítottak, amelyeknél az anyai és apai eredetű allélok eltérő működést mutattak. Ezek közül több az izomfejlődéssel, a zsíryanagcserével és a sejtnövekedéssel kapcsolatos.

Az új családalapú elemzési megközelítés lehetővé teszi a génműködést szabályozó genetikai tényezők pontosabb feltárását, és nagy állatpopulációk vizsgálata nélkül is hozzájárulhat a modern, hatékony genetikai szelekció fejlesztéséhez.



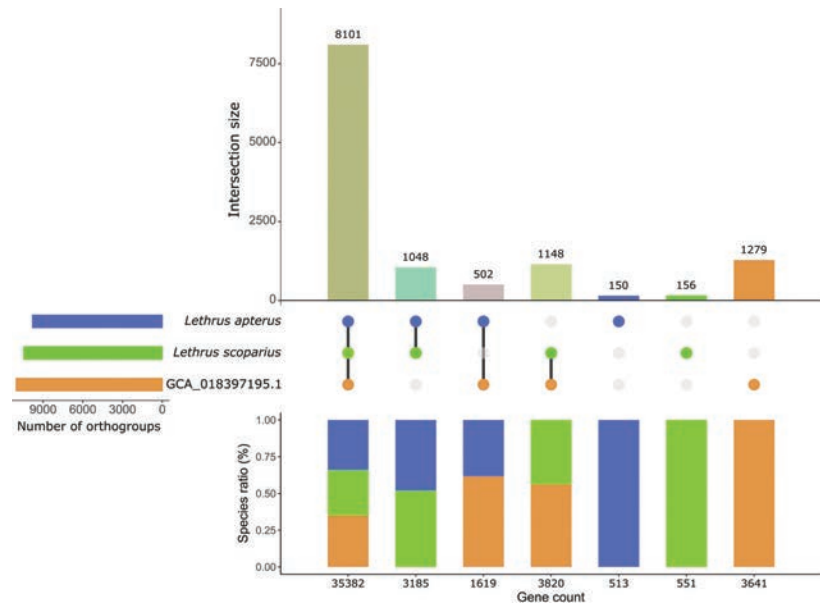
Kép: A vizsgálat többféle génexpressziós öröklődési mintázatot azonosított: egyes gének esetében az utódok köztes vagy valamelyik szülőre jellemző génkifejeződést mutattak, míg más esetekben rejtett öröklődési eltérések jelentkeztek. Számos génnél nem volt kimutatható különbség a családtagok között.

Referencia: Alnajjar M, Fekete Z, Nagy T, Német Z, Sakif A, Ninausz N, Fehér P, Stéger V, **Barta E.** *A New Family-Based Approach for Detecting Allele-Specific Expression and for Mapping Possible eQTLs.* **Animals.** 2025;15(18):2766. [doi:10.3390/ani15182766](https://doi.org/10.3390/ani15182766).

Két földibagolyfaj genomjának feltérképezése új lehetőségeket nyit az evolúciós és természetvédelmi kutatásokban

Barta Zoltán professzor és munkatársai elsőként állították össze két csajkófaj, a hazai nagyfejű csajka (*Lethrus apterus*) és a közép-ázsiai *Lethrus scoparius* vázlatos genomját. A korszerű szekvenálási és bioinformatikai módszerekkel létrehozott genetikai erőforrások lehetővé teszik e különleges, röpképtelen bogarak evolúciós, ökológiai és természetvédelmi vizsgálatát.

A kutatás jól példázza a genomikai technológiák és a klasszikus zoológiai megközelítések összekapcsolását, új lehetőségeket teremtve a fajok genetikai diverzitásának és alkalmazkodási folyamatainak feltárásában.



Kép: Az ábra a *Lethrus scoparius* és a *Lethrus apterus* genomjainak ortológ gén-csoport-alapú összehasonlítását mutatja. A felső panel a közös és fajspecifikus géncsoportok számát, míg az alsó panel az ezekhez tartozó gének genomonkénti arányát szemlélteti.

Referencia: Nagy NA., Laczkó L., Freytag C., Bőkényiné Tóth R., Nagy SV., Sramkó G., **Barta Z.**, *Draft genomes of two Lethrus species*, **Scientific Data**, 2026, <https://doi.org/10.1038/s41597-026-06978-x>

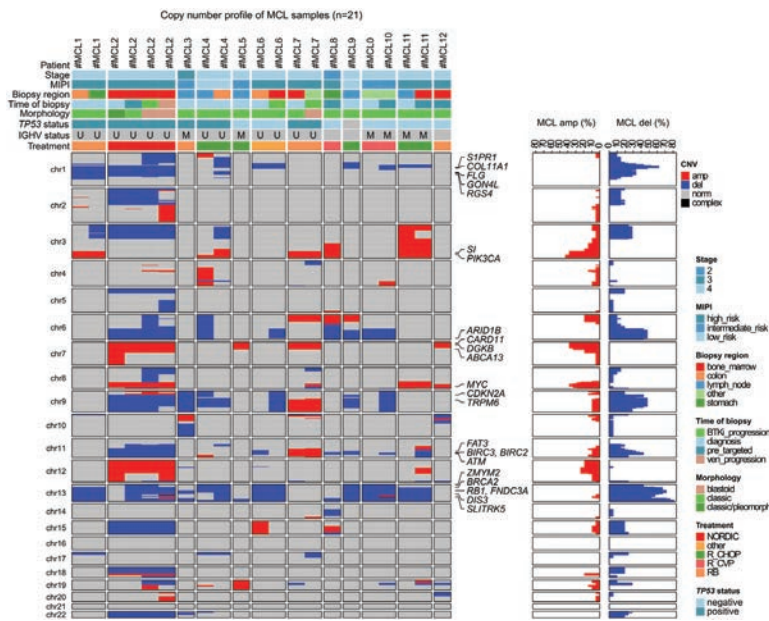
A rezisztenciamechanizmusok és a klonális dinamika vizsgálata szekvenciális BTKi és venetoclax terápiával kezelt köpenysejtes limfómában

A köpenysejtes limfóma (mantle cell lymphoma, MCL) a non-Hodgkin limfómák ritka, agresszív altípusa, amelyben a célzott terápiák – köztük a BTK-inhibitorok és a venetoclax – jelentős előrelépést hoztak, ugyanakkor a gyógyszer-rezisztencia továbbra is komoly klinikai kihívást jelent.

A *The Journal of Pathology* folyóiratban megjelent tanulmány – Bödör Csaba közreműködésével – olyan betegek mintáit elemezte, akik egymást követően BTK-gátló és venetoclax kezelésben részesültek. A kutatók alacsony lefedettségű teljesgenom-szekvenálással és célzott genetikai vizsgálatokkal vizsgálták a daganatok klonális evolúcióját és a rezisztenciához kapcsolódó molekuláris változásokat.

Az eredmények azt mutatták, hogy a kezeléseket követően fokozódott a daganatok genetikai komplexitása, különösen a kromoszomális eltérések számának növekedése révén. A kutatás rávilágított arra, hogy a terápiás rezisztencia nem egyetlen genetikai esemény, hanem több, párhuzamosan fejlődő tumor-klón összetett evolúciójának következménye lehet.

A vizsgálat hangsúlyozza a longitudinális molekuláris monitorozás jelentőségét, amely hozzájárulhat a terápiás válasz előrejelzéséhez és a személyre szabott kezelési stratégiák fejlesztéséhez.



Kép: A vizsgálatban szereplő köpenysejtes limfóma (MCL) minták kópiaszám-eltéréseinek (CNA) összesített profilja. A hőtérképhez kapcsolódó felső panel a betegek klinikopatológiai jellemzőit, míg a jobb oldalon a minták legalább 35%-ában kópiaszám-változást mutató genomi régiók génjei láthatók.

Referencia: László T., Pinczés LI., Bátai B., Varga L., ... **Bödör C.**, *Resistance mechanisms and clonal dynamics in mantle cell lymphoma treated with sequential BTKi and venetoclax therapy*, **J Pathol**, 2025, <https://doi.org/10.1002/path.6434>

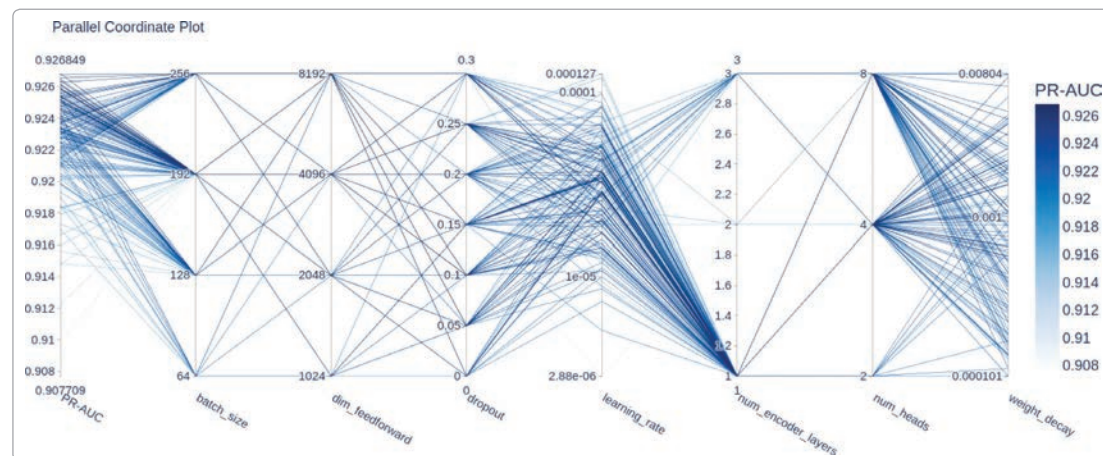
A tuberkulózis diagnosztikájának korszerűsítése mesterséges intelligencia segítségével

A tuberkulózis (TB) diagnosztikája világszerte jelentős kihívást jelent, különösen az alacsony és közepes jövedelmű régiókban. A mesterséges intelligencia alapú módszerek új lehetőséget kínálnak a gyorsabb és megbízhatóbb felismerés támogatására.

A *Streamlining tuberculosis detection with foundation model-based weakly supervised transformer* című tanulmányban a kutatók olyan gyengén felügyelt gépi tanulási modellt fejlesztettek ki, amely mikroszkópos képek alapján képes felismerni a *Mycobacterium tuberculosis* jelenlétét. A módszer előnye, hogy nem igényel időigényes, részletes képi annotációkat, elegendő a minták szintjén megadott információ.

A fejlesztés egy nagyméretű, előre betanított mesterséges intelligencia-modellre (foundation model) épülő Transformer architektúrát alkalmazott, amely több független tesztkészleten is nagy pontosságot ért el. Az eredmények azt mutatják, hogy a megközelítés hozzájárulhat a tuberkulózis diagnosztikai folyamatainak automatizálásához és a szűrés elérhetőségének javításához.

A kutatásban Bedőházi Zsolt és Biricz András is jelentős szerepet vállaltak. Munkájuk jól példázza a mesterséges intelligencia, az adatelemzés és az orvosi diagnosztika összekapcsolásának lehetőségeit a modern egészségügyi kutatásokban.



Kép: Az Optuna Bayes-féle optimalizálásának hiperparaméter-optimalizálási eredményei. A párhuzamos koordinátiadiagram a tanítási és Transformer encoder hiperparaméterek, valamint a PR-AUC érték kapcsolatát mutatja. Az 1000 próbával, háromszoros keresztvalidációval végzett optimalizálás alapján az encoder rétegek száma és a batch méret gyakorolta a legnagyobb hatást a modell teljesítményére.

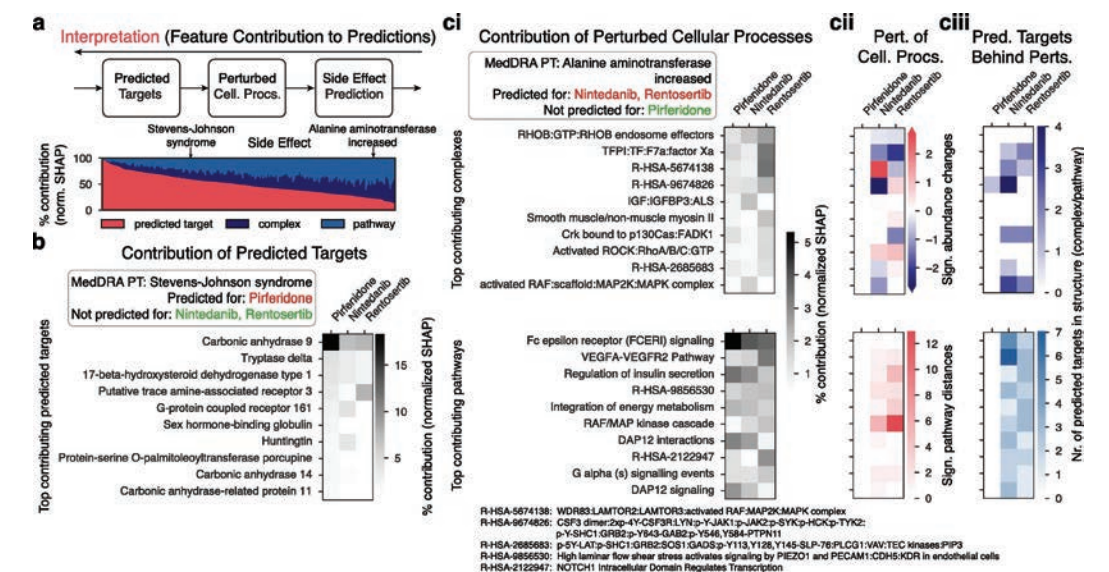
Referencia: Bedőházi Zs., Biricz A., Foster N., Lin Y. E., Csabai I., *Streamlining tuberculosis detection with foundation model-based weakly supervised transformer*, **Computers in Biology and Medicine**, 2025, <https://doi.org/10.1016/j.compbiomed.2025.110554>

Digitális ikermodell a gyógyszermellékhatások előrejelzésére

A gyógyszerfejlesztés egyik legnagyobb kihívása a nem kívánt mellékhatások korai felismerése. A *Digital twin approaches for interpretable side effect prediction in drug discovery* című tanulmányban Csikász-Nagy Attila és munkatársai olyan megközelítést mutatnak be, amely a mesterséges intelligenciát és a rendszerszintű biológiai modellezést ötvözi a gyógyszerek mellékhatásainak előrejelzésére.

A kutatás központi eleme egy sejtszintű digitális ikermodell, amely a fehér-jekölcsönhatásokat, jelátviteli útvonalakat és nem kívánt („off-target”) molekuláris hatásokat is figyelembe veszi. A modell nem csupán előrejelzi a lehetséges mellékhatásokat, hanem biológiailag értelmezhető magyarázatot is ad azok hátterére.

Az eredmények rámutatnak, hogy a rendszerbiológiai modellekre épülő mesterséges intelligencia hozzájárulhat a biztonságosabb gyógyszerjelöltek kiválasztásához, a fejlesztési folyamat hatékonyságának növeléséhez és a személyre szabott terápiák jövőbeli kialakításához.



Kép: A Cytocast modell interpretálhatósága: a SHAP-elemzés feltárja, hogy mely célfehérjék, fehérjekomplexek és jelátviteli útvonalak járulnak hozzá leginkább az egyes gyógyszer-mellékhatások előrejelzéséhez.

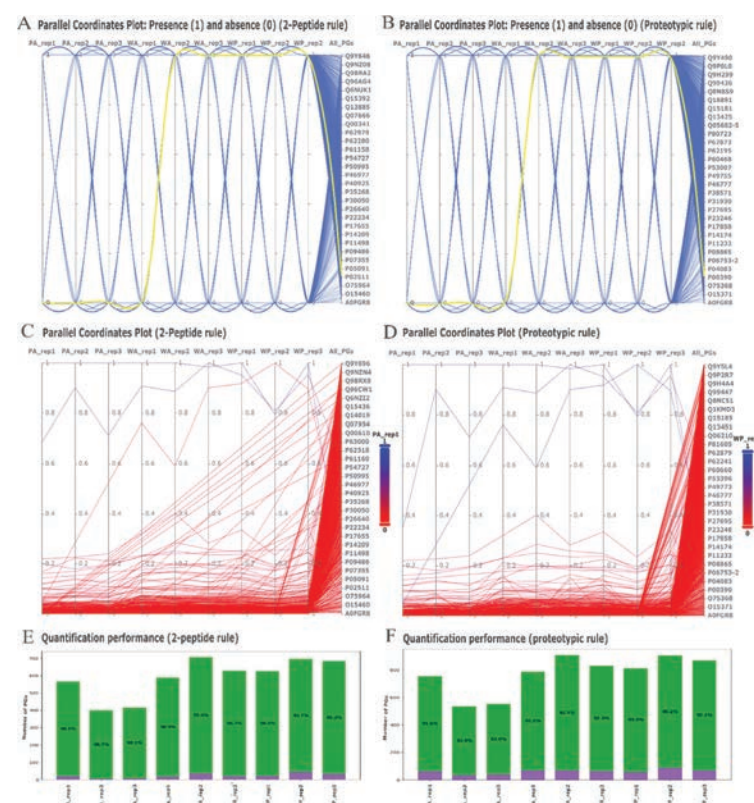
Referencia: Ecker A., Szabó G., Szalma J., Fichó E., Reguly I., **Csikász-Nagy A.**, *Digital twin approaches for interpretable side effect prediction in drug discovery*, **Drug Discovery Today**, 2026, <https://doi.org/10.1016/j.drudis.2026.104637>

Felhasználóbarát adatértékelés a modern proteomikában

A proteomika és a tömegspektrometriás alapú fehérjeelemzés napjaink orvos-biológiai kutatásának meghatározó területei, ugyanakkor az így keletkező nagyméretű adatok feldolgozása gyakran jelentős informatikai kihívást jelent.

A *DIA-NN EasyFilter Workflow for the Fast and User-Friendly Critical Assessment and Visualization of DIA-NN Proteomics Analysis Outcome* című tanulmányban Csősz Éva és munkatársai egy új, felhasználóbarát bioinformatikai munkafolyamatot mutatnak be. A DIA-NN EasyFilter (DEF) egy KNIME-alapú eszköz, amely programozási ismeretek nélkül teszi lehetővé a DIA proteomikai adatok szűrését, vizualizációját és minőségellenőrzését.

A több nyilvános adathalmazon tesztelt módszer robusztusan alkalmazható különböző mérési környezetekben, és hozzájárulhat a proteomikai elemzések gyorsításához, a reprodukálhatóság javításához, valamint a nagyméretű biológiai adatok szélesebb körű hasznosításához.



Kép: Az ábra röviden azt mutatja be, hogy a DEF munkafolyamat mennyire megbízhatóan képes fehérjéket azonosítani és mennyiségileg elemezni különböző mintákban. Az első panelek a fehérjék jelenlétét vagy hiányát, a középsők azok relatív mennyiségét, míg az utolsók a megbízhatóan kvantifikálható fehérjék arányát szemléltetik két eltérő elemzési stratégia alkalmazásával.

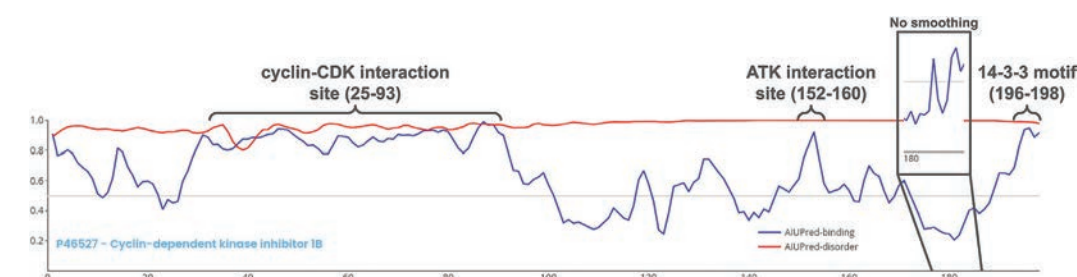
Referencia: Moagi G. M., Ferreira T. F., Kristof E., Arda A. G., Arianti R., Horvatovich P., **Csősz É.**, *DIA-NN EasyFilter Workflow for the Fast and User-Friendly Critical Assessment and Visualization of DIA-NN Proteomics Analysis Outcome*, *Journal of Proteome Research*, 2026, <https://doi.org/10.1021/acs.jproteome.5c01278>

AIUPred-Binding: Energiabeágyazás a rendezetlen fehérje-kötőhelyek azonosítására

A fehérjék jelentős része tartalmaz úgynevezett intrinszikusan rendezetlen régiókat (IDR-eket), amelyek stabil térszerkezet hiányában is kulcsszerepet töltenek be a sejten belüli szabályozási folyamatokban. Ezek a szakaszok gyakran fehérje-fehérje kölcsönhatások révén fejtik ki funkciójukat, és kötődés során részben vagy teljesen rendezett szerkezetet vesznek fel. Az ilyen funkcionális kötőhelyek megbízható azonosítása a bioinformatika egyik fontos kihívása, mivel a hagyományos szerkezetalapú predikciós módszerek korlátozottan alkalmazhatók a rendezetlen fehérjerégiókra.

Az Erdős Gábor, Deutsch Norbert és Dosztányi Zsuzsanna által fejlesztett AIUPred-Binding módszer egy új, mesterséges intelligenciára épülő megközelítést alkalmaz a rendezetlen kötőhelyek előrejelzésére. A módszer alapja az úgynevezett „energy embedding” stratégia, amely a fehérjeszekvenciákból származtatott energetikai jellemzőket mélytanulási modellek számára értelmezhető formában reprezentálja. Ennek segítségével a rendszer képes felismerni azokat a szekvenciaszakaszokat, amelyek nagy valószínűséggel részt vesznek kölcsönhatások kialakításában, miközben megőrzi rendezetlen jellegüket.

A tanulmány eredményei azt mutatják, hogy az AIUPred-Binding számos referencia-adathalmazon felülmúlja a korábbi predikciós eljárásokat, és pontosabban azonosítja a funkcionális rendezetlen kötőhelyeket. A fejlesztés jelentős előrelépést jelent a fehérjefunkciók feltárásában, különösen azoknál a szabályozó fehérjéknél, amelyek működése nagymértékben függ a dinamikus, szerkezetileg flexibilis régióktól. A módszer várhatóan hasznos eszközzé válik a fehérjehálózatok vizsgálatában, a molekuláris kölcsönhatások feltérképezésében, valamint a gyógyszerkutatásban is, ahol egyre nagyobb figyelem irányul a rendezetlen fehérjerégiók célzott befolyásolására.



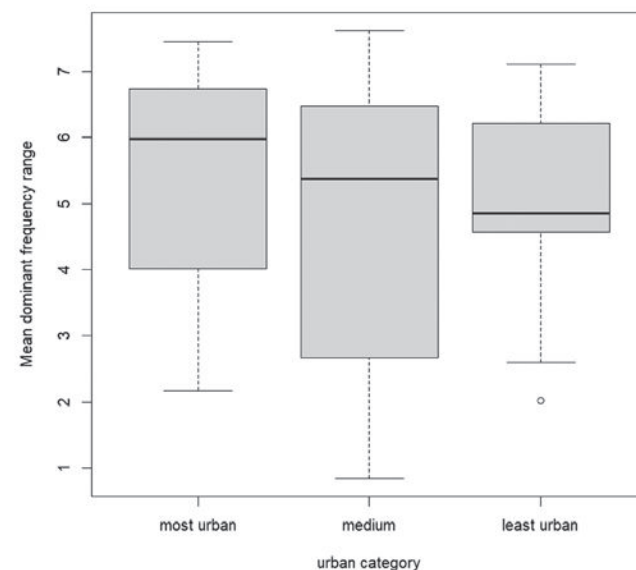
Kép: AIUPred-binding elemzés a humán p27 fehérjében. A rendezetlenséget (piros) és a kötődési hajlamot (kék) jelző görbék pontosan azonosítják a fő funkcionális kötőhelyeket, köztük a ciklin-CDK régiót, valamint egy degran motívumot a 185. pozíciónál.

Referencia: Erdős G., Deutsch N., Dosztányi Z. (2025). *AIUPred-Binding: Energy Embedding to Identify Disordered Binding Regions*. *Journal of Molecular Biology*, 437(15), 169071. <https://doi.org/10.1016/j.jmb.2025.169071>

A városiasodás hatása az énekesmadarak kommunikációjára – Európa-szintű összehasonlító vizsgálat Garamszegi László Zsolt vezetésével

Jablonszky Mónika és Garamszegi László Zsolt, a Ökológiai Kutatóközpont kutatói 65 európai énekesmadárfaj több mint 13 ezer hangfelvételének elemzésével vizsgálták a városi környezet hangadásra gyakorolt hatását.

Az eredmények szerint a városiasodás nem okoz egységes változást a madárénekekben: bár egyes fajoknál módosulhatnak a frekvenciajellemzők, általános alkalmazkodási mintázat nem volt kimutatható. A kutatás rávilágít arra, hogy a kommunikációs változások önmagukban nem meghatározóak a városi élőhelyekhez való sikeres alkalmazkodásban.



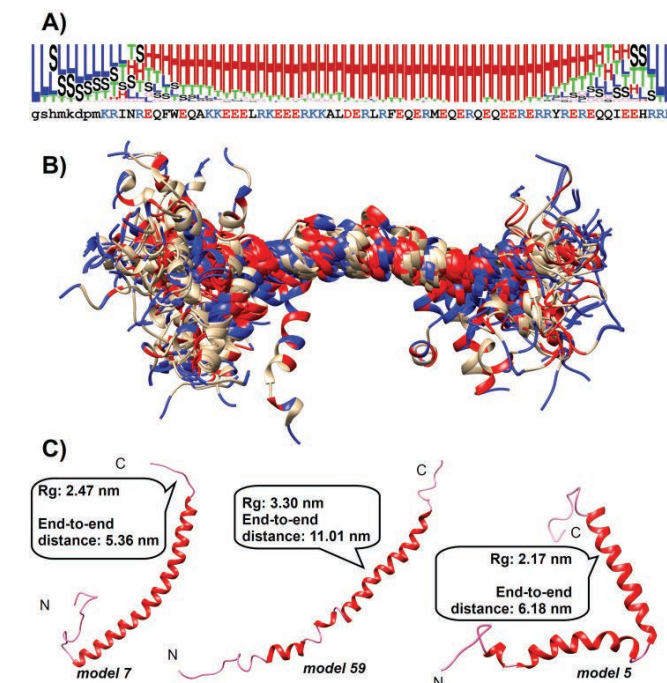
Kép: A közepes mértékű urbanizációval jellemezhető élőhelyeken a madárénekek átlagos domináns frekvenciatartománya szűkebbnek bizonyult, azonban ez az összefüggés a vizsgált egyéb ökológiai és viselkedési változók esetében nem mutatott statisztikailag igazolható kapcsolatot.

Referencia: Jablonszky M., Garamszegi L. Z., *Urbanization-related vocal variation in passerines: a comparative study*, *Proceedings of the Royal Society B*, 2026, <https://doi.org/10.1098/rspb.2026.0487>

A Drebrin kiterjesztett egyetlen α -hélixében zajló lokális aminosav-kölcsönhatások dinamikus átrendeződése.

A magányos alfa-hélixek (single alpha-helices, SAH) alacsony komplexitású, mégis stabil fehérjerégiók, amelyek funkciója a korábban feltételezett mechanikai szerepnél összetettebb lehet. A kutatók a Drebrin fehérje egy korábban coiled-coil régióként azonosított szakaszát vizsgálták, és bioinformatikai, valamint kísérletes módszerekkel igazolták annak SAH jellegét.

A számítógépes modellezés és szerkezeti mérések alapján létrehozott modell egy stabil, de dinamikus, részben hajlékony alfa-hélixet mutatott, amelyben változó kölcsönhatások és új típusú szerkezeti elemek is megfigyelhetők. Az eredmények hozzájárulnak a SAH régiók funkcionális szerepének jobb megértéséhez.



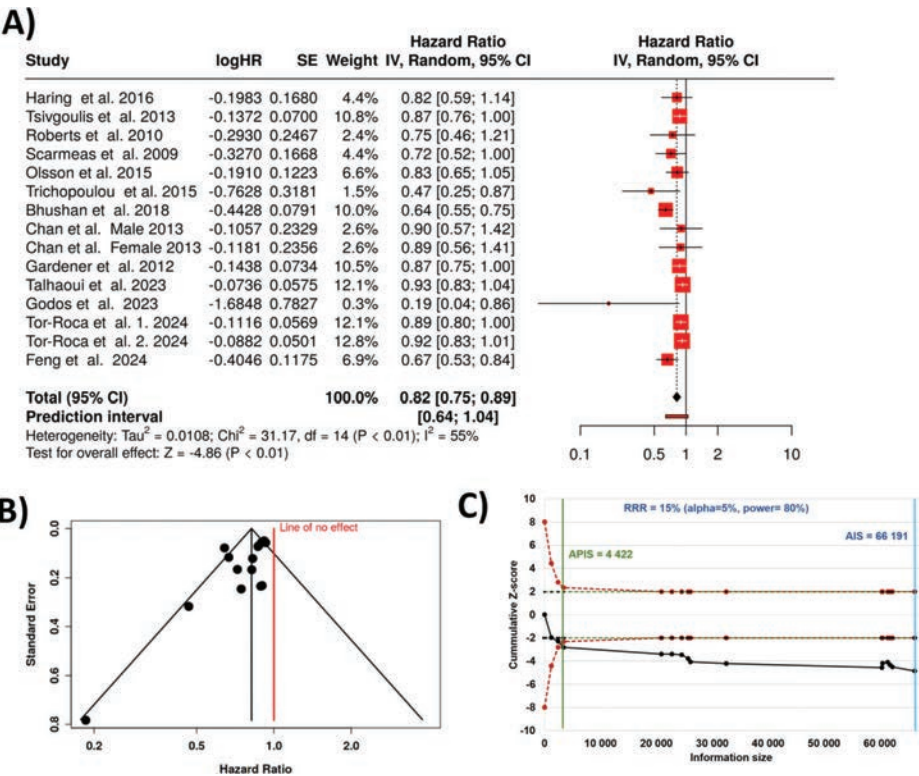
Kép: A drebrin SAH-régió szerkezeti jellemzése. Az ábra a másodlagos szerkezeti valószínűségeket, a 60 konformerből álló szerkezeti együttest, valamint a legkompaktabb és legnyújtottabb konformációk példáit mutatja be, szemlélítve az egyrésztes α -hélix (SAH) szerkezeti változatosságát.

Referencia: Varga S., Péterfia B. F., Dudola D., Farkas V., Jeffries C. M., Permi P., Gáspári Z., *Dynamic interchange of local residue-residue interactions in the largely extended single alpha-helix in Drebrin*, *Biochemical Journal*, 2025, <https://doi.org/10.1042/BCJ20253036>

A mediterrán étrend szerepe a kognitív hanyatlás, a demencia és az Alzheimer-kór megelőzésében

A demencia és a kognitív hanyatlás megelőzésében egyre nagyobb figyelem irányul az életmódbeli tényezőkre, különösen a táplálkozásra. Egy 2025-ben publikált metaanalízis 23 tanulmány eredményeit összegezve vizsgálta a mediterrán étrend és a kognitív egészség kapcsolatát.

Az eredmények szerint a mediterrán étrendet követőknél 18%-kal alacsonyabb volt a kognitív károsodás, 11%-kal a demencia, és mintegy 30%-kal az Alzheimer-kór kialakulásának kockázata. A kedvező hatások hátterében az antioxidánsokban, telítetlen zsírsavakban és gyulladáscsökkentő tápanyagokban gazdag étrend idegrendszeri és érrendszeri védőmechanizmusai állhatnak. A kutatás eredményei megerősítik, hogy a mediterrán étrend az egészséges agyi öregedést támogató fontos életmódbeli tényező lehet.



Kép: A mediterrán étrend és az Alzheimer-kór incidenciája közötti összefüggés. A mediterrán étrend 30%-kal csökkent Alzheimer-kockázattal társult (A). A funnel plot aszimmetriát mutat (B), a TSA elemzés szerint a minta elegendő a végső következtetésekhez (C). SE: standard hiba; CI: konfidenciaintervallum; IV: inverz variancia; APIS: a priori információs méret; AIS: tényleges információs méret; RRR: relatív kockázatcsökkenés.

Referencia: Fekete M., Varga P., Ungvari Z., Györfly B., et al., *The role of the Mediterranean diet in reducing the risk of cognitive impairment, dementia, and Alzheimer's disease: a meta-analysis*, *Geroscience*, 2025, <https://doi.org/10.1007/s11357-024-01488-3>

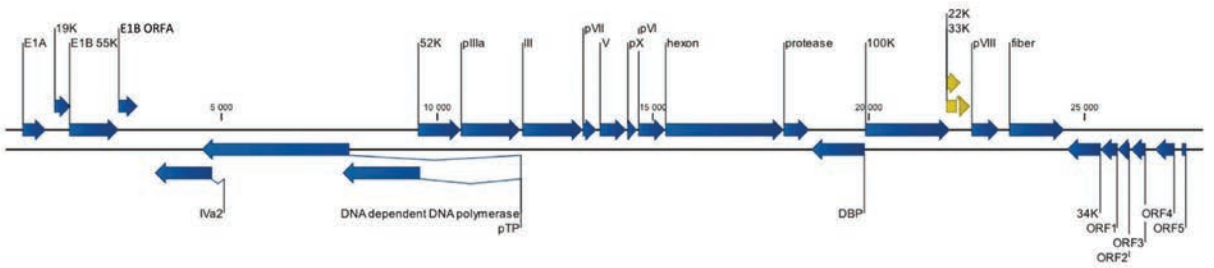
Újonnan azonosított rágcsáló adenovírusok filogenetikai elemzése és az ősi gazdaváltások evolúciós jelentősége

Az adenovírusok széles körben elterjedt, kettős szálú DNS-vírusok, amelyek evolúciós diverzitása különösen kevésbé ismert a rágcsálók körében. Vidovszky és munkatársai 2025-ben megjelent tanulmányukban újonnan azonosított rágcsáló adenovírusok filogenetikai és evolúciós vizsgálatát végezték el.

A kutatás során mintegy 400, különböző rágcsálófajokból származó mintát elemeztek PCR-alapú módszerekkel. Összesen 28 adenovírus-szekvenciát azonosítottak 17 rágcsálófajban, amelyek közül 20 korábban nem ismert vírusnak bizonyult. A filogenetikai elemzések alapján az új vírusok a *Mastadenovirus* nemzetségbe tartoznak, ugyanakkor több, egymástól elkülönülő evolúciós vonalat alkotnak, ami arra utal, hogy kialakulásukban az ősi gazdaváltási események és a hosszú távú vírus-gazda koevolúció egyaránt szerepet játszott.

A kutatás egyik kiemelkedő eredménye egy kengurupatkányból (*Dipodomys ordii*) származó új adenovírus-genom azonosítása és annotálása volt. A *kangaroo rat adenovirus 1* (KRAV-1) a rövid genommal rendelkező emlős adenovírusok közé tartozik, és egyedi genetikai jellemzői alapján új vírusfajként került elfogadásra.

A tanulmány jelentősen bővíti a rágcsáló adenovírusok ismert genetikai sokféleségét, és hozzájárul a vírusok evolúciós történetének, valamint a vadon élő emlősök vírusdiverzitásának pontosabb megértéséhez.



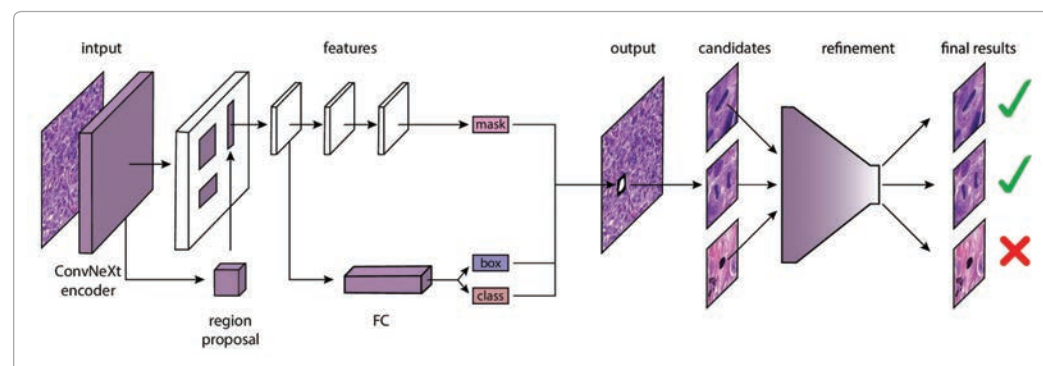
Kép: Az ábra a feltételezett kengurupatkány-adenovírus (KRAV-1) genomjának szerkezetét mutatja be. A gének és nyitott leolvasási keretek (ORF-ek) arányos méretű nyilakkal szerepelnek, feltüntetve a genom főbb régióit. A vírus genomja több szokatlan sajátosságot mutat, például két gén (22K és 33K) nem rendelkezik hagyományos kezdő kodonnal (ATG), valamint a protein IX gén helyén egy feltételezett új gén (E1B ORFA) található, ami egyedi evolúciós jellemzőkre utalhat.

Referencia: Vidovszky MZ., Kajan GL., Boszörményi KP., Harrach B., et al., *Comprehensive phylogenetic analysis of newly detected rodent adenoviruses sheds light on ancient host-switches*, *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2025, <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2025.108287>

Új generációs képi adatbázis a sejtosztódás mesterséges intelligenciával támogatott követéséhez

A sejtosztódás pontos felismerése kiemelt jelentőségű a daganatbiológiai és gyógyszerkutatói vizsgálatokban, ugyanakkor a mesterséges intelligencia-alapú képelemző rendszerek fejlesztését gyakran korlátozza a megfelelő minőségű tanítóadatok hiánya. Ennek kezelésére kutatók két új referencia-adatkészletet hoztak létre: az **stMI DOG+** a mitotikus sejtek fázisspecifikus osztályozását és pontos szegmentációját teszi lehetővé, míg a **LUNG-MITO** ezt a megközelítést humán tüdő adenokarcinóma mintákra terjeszti ki.

Az új adatbázisok lehetőséget biztosítanak a gépi tanulási algoritmusok standardizált fejlesztésére és összehasonlítására, ezáltal támogatva a digitális patológiai rendszerek fejlődését. Az eredmények hozzájárulhatnak a sejtciklus szabályozásának, a daganatos proliferáció mechanizmusainak és a precíziós onkológiai biomarkerek jobb megértéséhez.



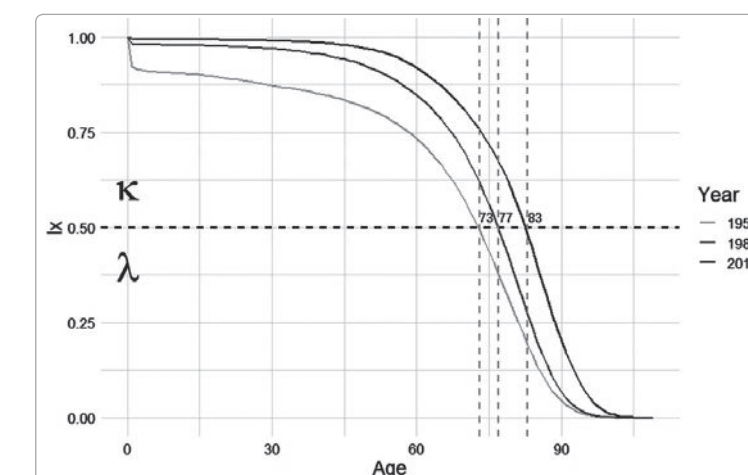
Kép: A javasolt kétlépcsős módszer áttekintése. Az első lépésben egy ConvNeXt encoderre épülő Mask R-CNN modell azonosítja a potenciális mitotikus sejteket, majd a második lépésben egy EfficientNet alapú osztályozó pontosítja azok besorolását.

Referencia: Ivan ZZ., Hirling D., Grexa I., Horvath P., et al., *A Subphase-Labeled Mitotic Dataset for AI-powered Cell Division Analysis*, **Scientific Data**, 2026, <https://doi.org/10.1038/s41597-026-07007-7>

Élettáblák szerepe a daganatos túlélés becslésében – módszertani tanulságok a Magyar Nemzeti Rákregiszter adatai alapján

Dr. Kenessey István és munkatársai a daganatos betegek túlélési becsléseinek módszertani kérdéseit vizsgálták a Magyar Nemzeti Rákregiszter mintegy 50 000 emlő-, méhnyak- és petefészekrákos betegének adatai alapján. A kutatás azt elemezte, hogy a nettó túlélés számításához alkalmazott különböző élettábla-modellek milyen hatással vannak az eredményekre.

Az elemzés rámutatott, hogy bár az eltérő módszerek többnyire csak kisebb különbségeket eredményeznek, bizonyos daganattípusok esetében számottevő eltérések is kialakulhatnak. A tanulmány hangsúlyozza az egységes és átlátható statisztikai módszertan jelentőségét a túlélési adatok pontos értékelésében, amely alapvető az onkológiai ellátás minőségének követéséhez és a rákellenes stratégiák tervezéséhez.

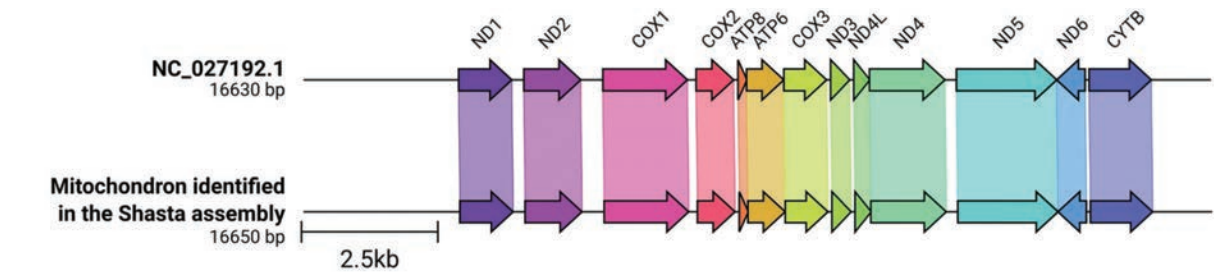


Kép: A magyar nők túlélési görbéje (l_x), kiemelve az egyes évek medián életkorát. Az l_x érték az adott életkort megélő nők arányát mutatja a magyar népességben. Forrás: Human Mortality Database.

Referencia: Wéber A., Vokó Z., Kiss Z., Szatmári I., Dobozi M., Parrag P., Fábíán I., Rokszin G., Nagy P., Polgár C., Kenessey I., et al., *The impact of life tables on age standardized net survival of real-life example databases*, **BMC Medical Research Methodology**, 2025, <https://doi.org/10.1186/s12874-025-02600-7>

Frissített referencia-genom a kövi csík (*Barbatula barbatula*) természetvédelmi genetikai kutatásainak szolgálatában

A kövi csík (*Barbatula barbatula*) Európa-szerte elterjedt, fenéklakó halfaj, amely elsősorban a hegy- és dombvidéki vízfolyások kavicsos, köves mederszakaszain fordul elő. Természetvédelmi szempontból a populációk fennmaradásának fő fenyegető tényezői a folyóhálózatok feldarabolódása, az élőhelyek átalakulása és a vízminőség romlása, ami egyre nagyobb figyelmet irányít a faj populációgenetikai vizsgálatára. Ennek alapfeltétele a jó minőségű referencia-genom elérhetősége. Laczkó Levente és munkatársai 2025-ben publikált tanulmányukban a kövicsík jelentősen továbbfejlesztett referencia-genomját mutatták be. A kutatók hosszú leolvasásokat használva szerelték össze a faj vázlatos genomját és az elérhető kromoszómamodellt használva rekonstruálták a magas minőségű referencia genomot, amelynek eredményeként egy mintegy 550 millió bázispár méretű, nagy pontosságú genomszekvenciát rekonstruáltak. A genom teljességét mérő BUSCO-érték 96,7%-ot ért el, ami kiváló minőséget jelez a gerinces genomok között. A kutatás során összesen 23 270 fehérjekódoló gént azonosítottak és részletes funkcionális annotációt is végeztek. A munka további fontos eredménye a mikroszatellita-markerek feltérképezése volt. Ezek a rövid ismétlődő DNS-szakaszok kulcsszerepet játszanak a populációk genetikai diverzitásának vizsgálatában. Az új genomikai adatforrás lehetővé teszi olyan molekuláris markerek fejlesztését, amelyek segítségével pontosabban nyomon követhetők a kövi csík állományainak genetikai változásai és a vízfolyások ökológiai összeköttetései. A publikáció jelentős hozzájárulást jelent a biodiverzitás genomikai kutatásához, és fontos alapot biztosít a természetvédelmi genetikai, evolúciobiológiai és ökológiai vizsgálatok számára. Az elkészült referencia-genom nemcsak a kövi csík, hanem más európai édesvízi halfajok összehasonlító genomikai elemzéseiben is értékes erőforrásként szolgálhat.



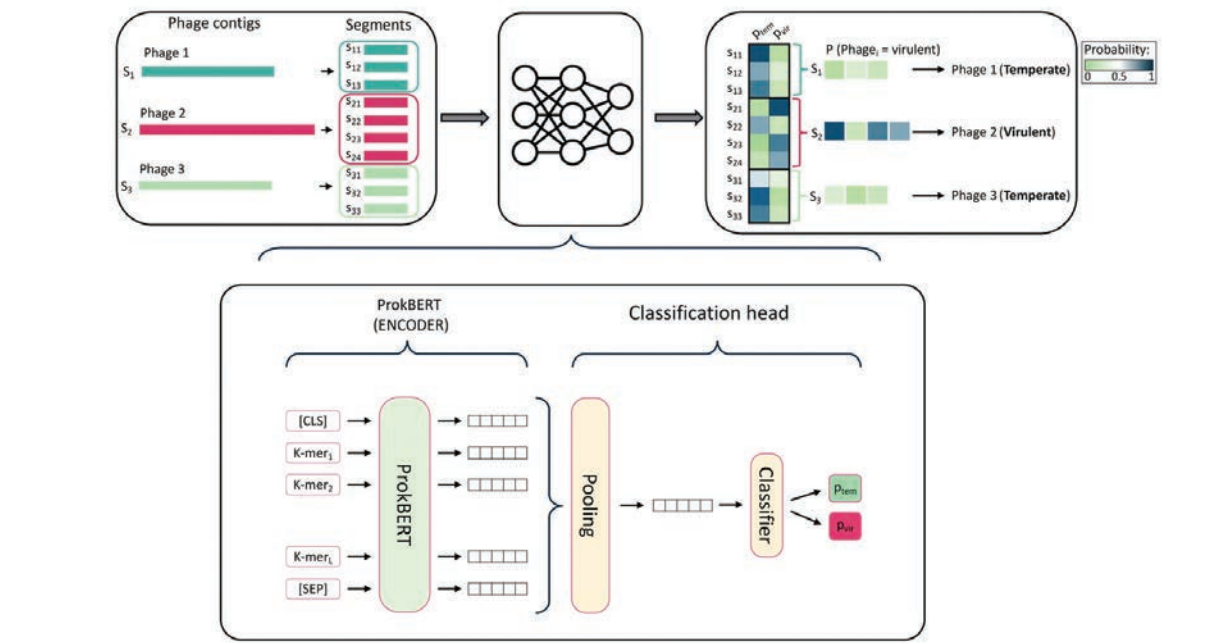
Kép: A nyilvánosan elérhető és az újonnan (de novo) összeállított kövi csík (*Barbatula barbatula*) mitokondriális genomjának szerkezeti összehasonlítása. Az ábra a clinker szoftverrel készült, majd az áttekinthetőség javítása érdekében Inkscape programmal szerkesztették tovább.

Referencia: Laczkó L., Nagy N. A., Nagy Á., Maroda Á., Sály P., An updated reference genome of *Barbatula barbatula* (Linnaeus, 1758), *Scientific Data*, 2025, <https://doi.org/10.1038/s41597-025-04469-z>

ProkBERT PhaStyle: mesterséges intelligencia a bakteriofágok életmódjának pontos előrejelzésére

A bakteriofágok életmódjának – litikus vagy lizogén működésének – pontos meghatározása alapvető jelentőségű a mikrobiális ökológiai kutatásokban és a fágterápia fejlesztésében. A ProkBERT PhaStyle egy új, mélytanuláson alapuló bioinformatikai módszer, amely előre betanított genomi nyelvi modellek segítségével, közvetlenül a DNS-szekvenciák alapján képes osztályozni a bakteriofágokat.

A kutatók több nyilvános adathalmazon igazolták, hogy a módszer pontossága és általánosíthatósága meghaladja számos korábbi algoritmusét. A fejlesztés külön előnye, hogy nem igényel előre meghatározott genetikai markereket, így újonnan felfedezett vagy kevésbé ismert fágok elemzésére is alkalmazható. A ProkBERT PhaStyle hozzájárulhat a nagyléptékű viromikai vizsgálatokhoz és a biztonságosabb fágterápiás megközelítések kialakításához.



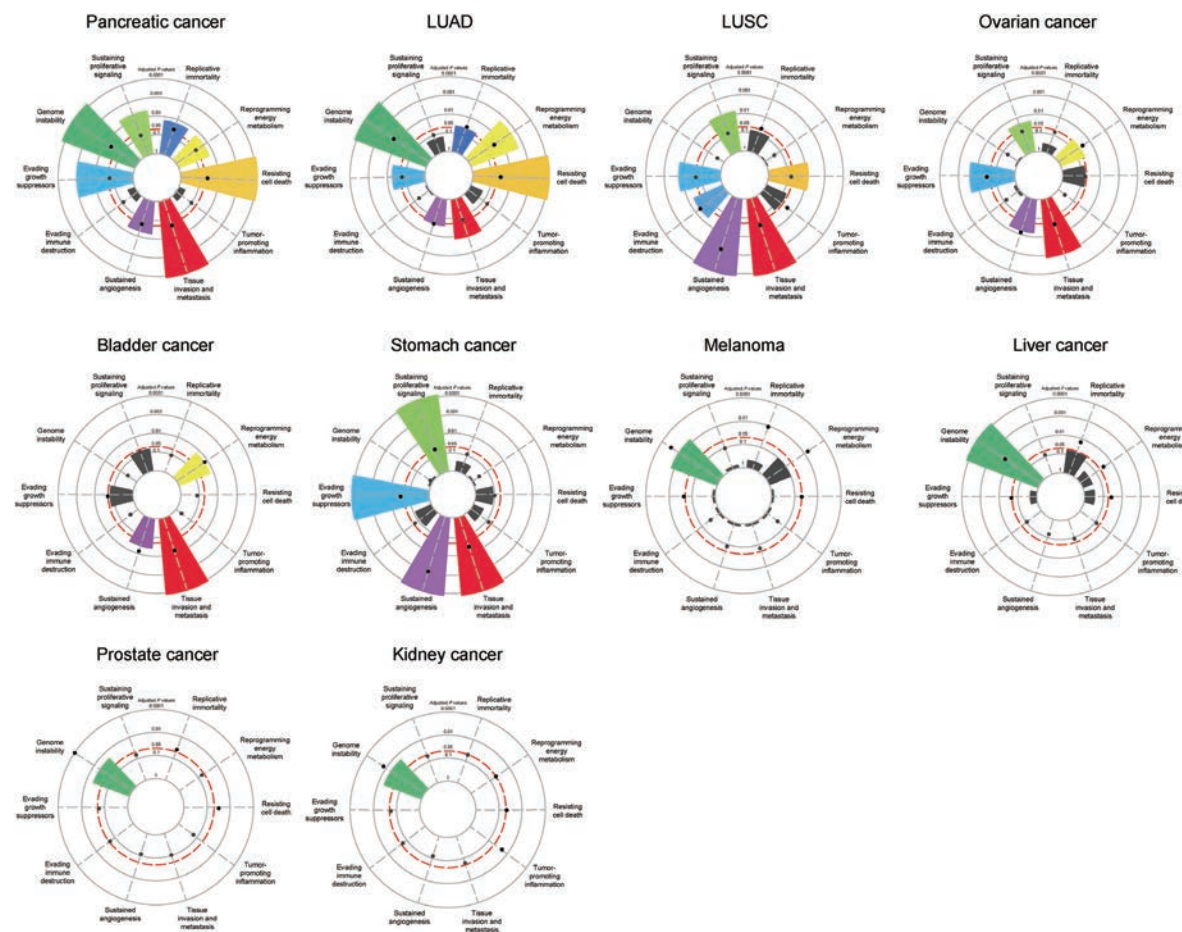
Kép: A ProkBERT-alapú fágéletmód-előrejelzés munkafolyamata. A fág DNS-szekvenciáit kisebb szakaszokra bontják, amelyeket a ProkBERT genomi nyelvi modell elemez. Az egyes szegmensek virulens vagy mérsékelt (temperált) életmódra vonatkozó valószínűségeinek összesítésével a rendszer meghatározza a teljes fág életmódját.

Referencia: Juhász J., Ligeti-Nagy N., Bodnár B., Juhász J., Pongor S., Ligeti B., ProkBERT PhaStyle: accurate phage lifestyle prediction with pretrained genomic language models, *Bioinformatics*, 2025, <https://doi.org/10.1093/bioadv/vbaf188>

A daganat-hallmarkok egységes génalapú vizsgálata és klinikai alkalmazhatósága

A tanulmány egy integrált bioinformatikai megközelítést mutat be, amely a „cancer hallmarks” koncepció alapján 6763, daganatbiológiához kapcsolódó gént rendszerezett 10 funkcionális kategóriába. Az így létrehozott génkészlet lehetővé teszi különböző tumortípusok molekuláris jellemzőinek egységes összehasonlítását.

Az elemzések eltérő hallmark-mintázatokat tártak fel a daganatok között: míg egyes tumorokban az invázió és áttétképzés, másokban a genominstabilitás bizonyult meghatározó folyamatnak. A kutatók egy online elemzőplatformot is fejlesztettek, amely támogatja génlisták funkcionális értelmezését és új terápiás célpontok azonosítását. A módszer hozzájárulhat a daganatbiológiai adatok rendszerszintű elemzéséhez és a precíziós onkológiai kutatásokhoz.



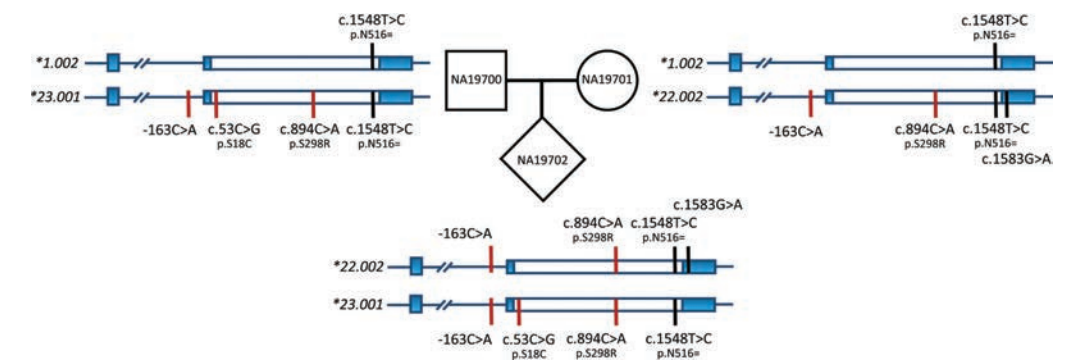
Kép: A kedvezőtlen prognózissal társult gének daganat-hallmark dúsulása 10 tumortípusban. A piros vonal az FDR-korrigált szignifikanciaszintet ($p < 0,05$) jelöli. LUAD: tüdő adenokarcinóma; LUSC: tüdő laphámsejtes karcinóma.

Referencia: Menyhart O., Kothalawala W. J., Györfy B., *A gene set enrichment analysis for cancer hallmarks*, **Journal of Pharmaceutical Analysis**, 2025, <https://doi.org/10.1016/j.jpha.2024.101065>

A CYP1A2 enzim genetikai változatossága és klinikai jelentősége

A CYP1A2 enzim számos gyakran alkalmazott gyógyszer és egyéb vegyület lebontásában vesz részt, aktivitását pedig genetikai és környezeti tényezők egyaránt befolyásolják. Monostory Katalin és munkatársai (PharmVar) GeneFocus tanulmányukban a CYP1A2 genetikai változatosságát elemezték, és új, egységes nevezéktani rendszert dolgoztak ki a génvariánsok pontosabb leírására.

A kutatás kiemelt eredménye a korábban CYP1A21F allélt meghatározó –163C>A variáns újraértelmezése, amely a PharmVar rendszerében CYP1A230 allélcsoportként szerepel. A szerzők több, kombinált genetikai eltérést tartalmazó új allélt is azonosítottak, amelyek pontosabb képet adhatnak az enzim működésének egyéni különbségeiről. Az új katalógus hozzájárulhat a farmakogenetikai vizsgálatok összehangolásához és a személyre szabott gyógyszeres terápiák fejlesztéséhez.



Kép: A CYP1A2 diplotípusok öröklődés alapján történő meghatározása egy Coriell családi trióban. Az öröklődési mintázatok segítségével azonosították a CYP1A222 és CYP1A223 allélokat, amelyek a gyermekben a szülőktől származó variánsok kombinációjaként jelentek meg. Mindkét allél közös jellemzője a -163C>A variáns jelenléte további nemszinonim SNV-kkel együtt.

Referencia: Monostory K, Villapalos Garcia G., Koller D., Adams S., Bousman CA., Tsermpini EE., Whirl-Carrillo M., Turner AJ., Lauschke VM., Nagy M., et al., *PharmVar GeneFocus: CYP1A2—Clinical Impact, Genetic Variation, and Updated Nomenclature*, **Clinical Pharmacology & Therapeutics**, 2026, <https://doi.org/10.1002/cpt.70286>

A krónikus derékfájás társadalmi-gazdasági és egészségi kockázati tényezői Magyarországon az EHIS felmérések alapján (2009, 2014, 2019)

A krónikus derékfájás a mozgásszervi betegségek egyik leggyakoribb formája, amely világszerte a rokkantság vezető okai közé tartozik, és jelentős terhet ró az egészségügyi ellátórendszerekre. Magyarországon a probléma különösen hangsúlyos, mivel a lakosság körében magas prevalencia és kedvezőtlen trendek figyelhetők meg. Lukács és munkatársai a 2009-es, 2014-es és 2019-es Európai Lakossági Egészségfelmérés (ELEF) adatainak elemzésével vizsgálták a krónikus derékfájás előfordulását és annak meghatározó tényezőit, több mint 16 000 felnőtt reprezentatív mintáján.

Az eredmények alapján a krónikus derékfájás előfordulása növekvő tendenciát mutatott az egymást követő felmérések során. A kockázat szignifikánsan magasabb volt idősebb életkorban, különösen a 65 év feletti populációban. Emellett a kedvezőtlen társadalmi-gazdasági helyzet, az alacsonyabb iskolai végzettség, a túlsúly és elhízás, a dohányzás, valamint az önértékelt rossz egészségi állapot mind jelentős rizikófaktorok bizonyultak. A krónikus derékfájás gyakran társult más krónikus betegségekkel, különösen mozgásszervi kórképekkel, például arthrosissal, valamint kardiometabolikus és neurológiai komorbiditásokkal.

A szerzők hangsúlyozzák, hogy a krónikus derékfájás kialakulása komplex, többtényezős folyamat, amelyben biológiai, életmódbeli és társadalmi determinánsok egyaránt szerepet játszanak. Ennek megfelelően a megelőzés és kezelés nem korlátozódhat kizárólag klinikai intervenciókra, hanem integrált népegészségügyi megközelítést igényel, amely figyelembe veszi a társadalmi egyenlőtlenségeket és az életmódbeli kockázatokat is.

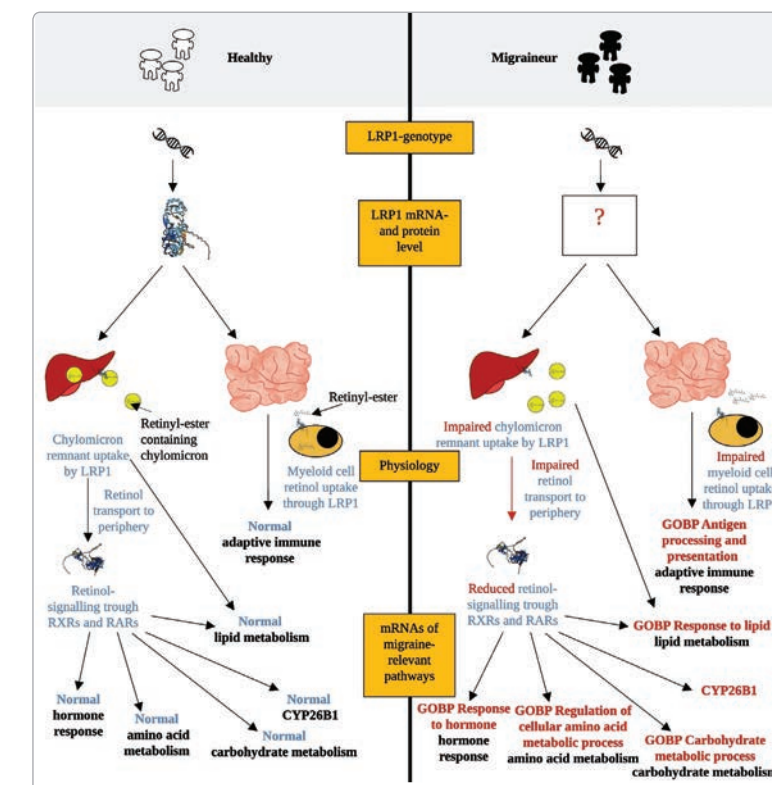
Referencia: Lukács B, Ghanem AS, Molnár J, Veres-Balajti I, Nagy AC. *Factors associated with chronic low back pain in Hungary based on the European Health Interview Surveys conducted in 2009, 2014, and 2019: a repeated cross-sectional study.* **Healthcare.** 2026;14(9):1159.

<https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC13164128/>

A migrén molekuláris hátterének új feltérképezése transzkriptomikai módszerekkel

A *The Journal of Headache and Pain* folyóiratban megjelent tanulmányban Petschner Péter és munkatársai elkészítették az aura nélküli migrén első reprodukálható transzkriptomikai térképét. A 22 migrénes beteg és 30 egészséges kontroll vérmin-táin végzett RNS-szekvenálás 88, migrénhez kapcsolódóan megváltozott biológiai útvonalat azonosított, amelyek főként az anyagcsere, immunválasz, kardiovaszkuláris szabályozás és oxidatív stressz folyamataihoz kapcsolódtak.

A legjelentősebb eltérést a CYP26B1 gén csökkent expressziója jelentette, amely az A-vitaminhoz kapcsolódó retinsav-jelpálya szabályozója. Az LRP1 gén variánsai genetikai kapcsolatot mutattak a migrénnel, ami a retinoidszignalizáció lehetséges szerepére utal a betegség kialakulásában. A kutatás mesterséges intelligenciával támogatott molekuláris elemzése több potenciális terápiás célpontot is azonosított, hozzájárulva a személyre szabott migrénkezelési stratégiák fejlesztéséhez



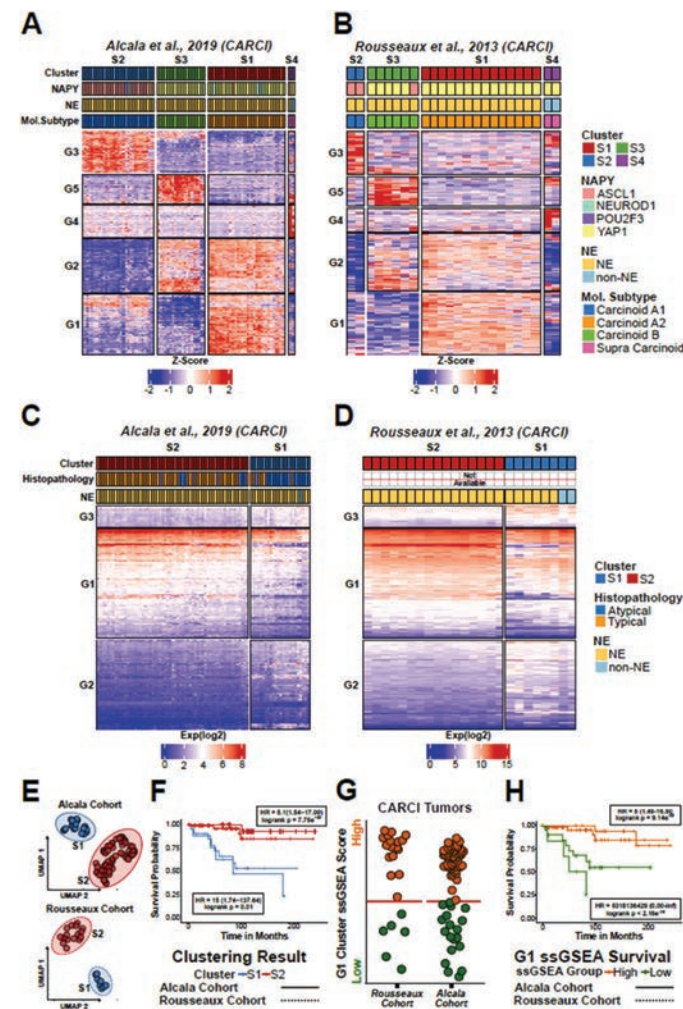
Kép: Az LRP1 génvariánsok hatása az A-vitamin-jelpályára és a migrén kialakulására. Az ábra bemutatja, hogy az LRP1 működésének változása miként befolyásolhatja a retinol felvételét, a CYP26B1 expresszióját és a migrénhez kapcsolódó molekuláris folyamatokat. A vastag betűvel jelölt elemek a vizsgálatban közvetlenül mért változásokat jelölik.

Referencia: Petschner P, Kumar S., Nguyen DA., et al., *The interictal transcriptomic map of migraine without aura, The Journal of Headache and Pain,* 2025, <https://doi.org/10.1186/s10194-025-02033-z>

SurvSig: új bioinformatikai eszköz a tüdő neuroendokrin daganatok vizsgálatára

Pongor Lőrinc vezetésével nemzetközi kutatócsoport fejlesztette ki a **SurvSig (Survival Signature Explorer)** bioinformatikai platformot, amely a tüdő neuroendokrin daganatok génexpressziós adatainak elemzését és túléléssel összefüggő molekuláris mintázatok azonosítását teszi lehetővé.

A több száz beteg adatain alapuló rendszer segítségével kimutatták, hogy a komplex génexpressziós szignatúrák pontosabban jelezhetik a betegek kimenetelét, mint az egyedi biomarkerek. A platform hozzájárulhat új prognosztikai markerek azonosításához, a daganatok molekuláris osztályozásához és a személyre szabott onkológiai kezelések fejlesztéséhez.



Kép: A karcinoid daganatok génexpressziós mintázatai alapján jól elkülöníthetők a tipikus (TC) és atípusos (AC) alcsoportok. A molekuláris klaszterek és a G1 génszignatúra aktivitása szoros összefüggést mutat a betegek túlélésével.

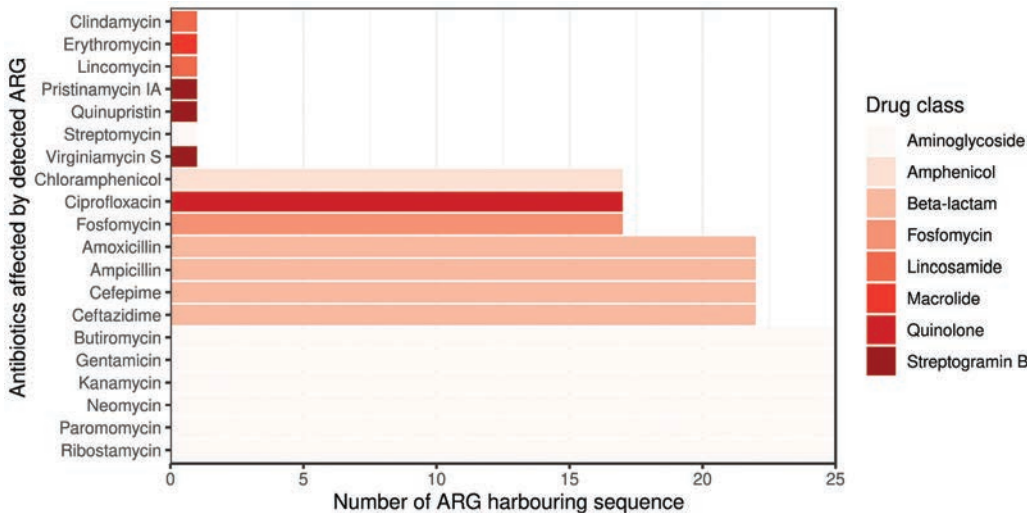
Referencia: Nemes K., Mihalekné Fűr G., Benő A., Schultz C. W., Topolcsányi P., Magó É., Desai P., Takahashi N., Aladjem M. I., Reinhold W., Pommier Y., Thomas A., **Pongor L. S.**, *SurvSig: Harnessing Gene Expression Signatures to Uncover Heterogeneity in Lung Neuroendocrine Neoplasms*, **Computational and Structural Biotechnology Journal**, 2025, DOI: 10.1016/j.csbj.2025.06.010

Antimikrobiális rezisztencia potenciál komplex mikrobiológiai mintákban – metagenomikai megközelítések és klinikai értelmezés

Az antimikrobiális rezisztencia (AMR) világszerte komoly közegészségügyi kihívás, amely új diagnosztikai megközelítéseket igényel. A vizsgált tanulmány azt elemzte, hogy a metagenomikai úton azonosított antimikrobiális rezisztenciagének (ARG-k) mennyire pontosan jelzik előre a fenotípusos antibiotikum-érzékenységet.

A kutatók 574 Escherichia coli törzs adatait vizsgálták, és megállapították, hogy az ARG-alapú előrejelzések az antibiotikumok jelentős részénél magas megbízhatóságot mutattak. A genotípusos adatok különösen a fenotípusosan érzékeny törzsek azonosításában bizonyultak pontosnak, és több esetben klinikailag releváns pontossággal jelezték a rezisztenciát is.

Az eredmények azt mutatják, hogy a metagenomikai rezisztenciaprofilok hozzájárulhatnak a precíziós antibiotikum-terápia fejlesztéséhez, különösen olyan komplex mikrobiális közösségekben, ahol a hagyományos tenyésztési módszerek korlátozott információt nyújtanak. A megközelítés új lehetőséget teremthet a gyorsabb és célzottabb terápiás döntéshozatalban.



Kép: A kutya külső hallójárat-gyulladásából származó metagenomban azonosított antibiotikum-rezisztencia gének (ARG-k). A vízszintes oszlopok az egyes antibiotikum-hatóanyagokkal szembeni rezisztenciagéneket hordozó szekvenciák számát mutatják, az oszlopok színe pedig az adott antibiotikum gyógyszerészeti osztályát jelöli.

Referencia: Solymosi N., Tóth A. G., Nagy S. Á., Csabai I., Feczko C., Reibling T., Németh T., *Clinical considerations on antimicrobial resistance potential of complex microbiological samples*, **PeerJ**, 2025, <https://doi.org/10.7717/peerj.18802>

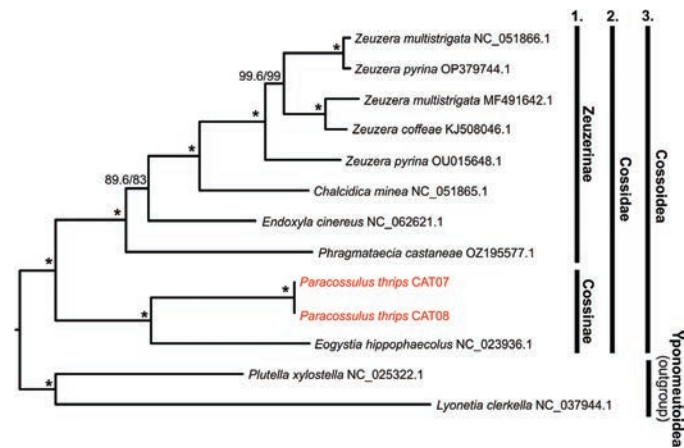
A pusztai farontó lepke (*Paracossulus thrips*) mitokondriális genomjának feltárása és evolúciós jelentősége

Dr. Sramkó Gábor vezetésével a Debreceni Egyetem és a Konzervációbiológiai Kutatócsoport munkatársai elsőként határozták meg teljes egészében a fokozott természetvédelmi jelentőségű pusztai farontó lepke (*Paracossulus thrips*) mitokondriális genomját. A kutatás célja a faj genetikai sajátosságainak feltárása, valamint rokonsági kapcsolatainak pontosabb meghatározása volt modern genomikai módszerek alkalmazásával.

A vizsgálatok során a kutatók nagy áteresztőképességű szekvenálási technológiák segítségével állították össze és elemezték a mitokondriális genom teljes nukleotidsorrendjét. Az eredmények igazolták, hogy a genom szerkezete megfelel a lepkékre általánosan jellemző felépítésnek, ugyanakkor több olyan sajátosságot is azonosítottak, amelyek hozzájárulnak a Cossidae család evolúciós történetének jobb megértéséhez. A génkészlet és a génelrendeződés részletes elemzése lehetővé tette a faj filogenetikai helyzetének pontosabb meghatározását, valamint a közeli rokon taxonokkal való összehasonlítását.

A kutatás kiemelkedő jelentőségű a természetvédelmi genetika szempontjából is. A teljes mitokondriális genom referenciaadatbázisként szolgálhat a jövőbeni populációgenetikai, biodiverzitási és természetvédelmi vizsgálatok számára. Az eredmények hozzájárulnak a veszélyeztetett lepkéfajok genetikai erőforrásainak megőrzéséhez, valamint a molekuláris alapú fajazonosítás és evolúciós kutatások fejlesztéséhez.

A munka jól példázza, hogy a korszerű genomikai technológiák miként segíthetik a biológiai sokféleség feltárását és a természetvédelmi döntéshozatal tudományos megalapozását.



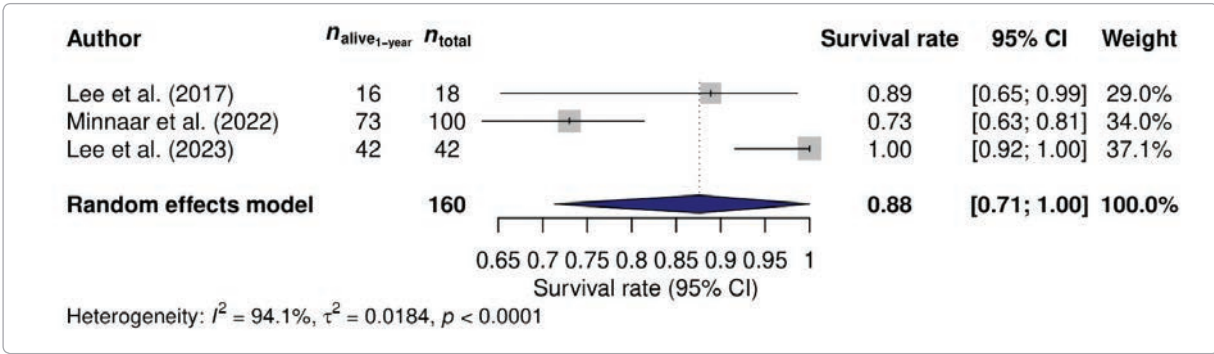
Kép: A Cossioidea öregcsalád fajainak mitokondriális génjei alapján rekonstruált filogenetikai törzsfája, amely bemutatja az egyes alcsaládok, családok és a teljes csoport evolúciós rokonsági viszonyait. Az elemzés megerősítette a pusztai farontó lepke (*Paracossulus thrips*) rendszertani helyzetét, valamint a vizsgált taxonok közötti leszármazási kapcsolatokat.

Referencia: Jordán S., Laczkó L., Pólska Sz., Korompai T., Sramkó G., *The mitochondrial genome of the steppe carpenter moth (*Paracossulus thrips* Hübner, 1818): Structural analysis and phylogenetic implications*, *Scientific Reports*, 2025, <https://doi.org/10.1038/s41598-025-93646-6>

Modulált elektrohipertermia (mEHT) alkalmazása előrehaladott cervix- és ovariumcarcinómában: pilot vizsgálat és metaanalízis eredményei

A tanulmány a modulált elektrohipertermia (mEHT) kiegészítő kezelésének hatását vizsgálta előrehaladott cervix- és ovariumcarcinómában. A retrospektív beteganyag-elemzés és metaanalízis alapján a standard terápiák mellett alkalmazott mEHT cervixcarcinómában kedvezőbb túlélési eredményekkel társult, míg ovariumdaganat esetén az adatok korlátozottabbak voltak.

A Semmelweis Egyetem és az Országos Onkológiai Intézet beteganyaga alapján a kezelés jól tolerálhatónak bizonyult, a mellékhatások enyhék és főként lokális jellegűek voltak. A feltételezett hatásmechanizmusok közé tartozik a tumorsejtek hőstressz-indukált károsítása és az immunválasz fokozása. Az eredmények alapján a módszer ígéretes kiegészítő terápiás lehetőség lehet, ugyanakkor alkalmazásának megerősítéséhez további prospektív klinikai vizsgálatok szükségesek.



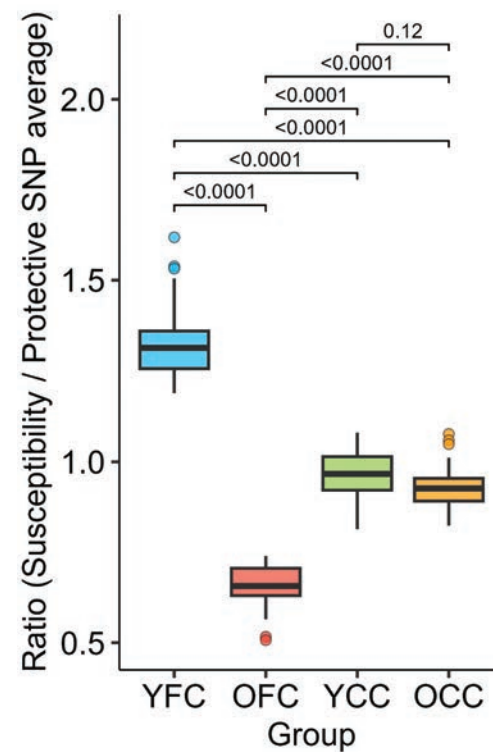
Kép: Ovarium carcinómában szenvedő betegek túlélési arányai mEHT-val kombinált kezelés mellett 1 és 2 éves követésben 45% és 33% voltak. CI: konfidenciaintervallum; log(HR): a hazard ráta logaritmikus értéke; n: betegszám; SE: standard hiba; [22–26].

Referencia: Panczel I., Herold M., Borbényi E., Horányi D., Novák Z., Dank M., Szász A. M., Herold Z., *Survival Difference in Advanced-Stage Cervical and Ovarian Cancer Patients Treated with Concomitant Modulated Electro-Hyperthermia in Comparison to Classic Treatment Modalities: Results of a Pilot Study and Meta-Analysis*, *Medical Sciences*, 2026, <https://doi.org/10.3390/medsci14010105>

A mesterséges intelligencia alapú betegstratifikáció és genetikai hajlamosító tényezők azonosítása COVID-19 súlyos lefolyásában

A tanulmány magyar populációban vizsgálta a súlyos COVID-19 kialakulásával összefüggő genetikai tényezőket teljes exom szekvenálási (WES) adatok és gépi tanulási módszerek integrálásával. A kutatók egy 30 génből álló minimalizált génpanelt azonosítottak, amely a vizsgált kohorszban hatékonyan jelezte előre a betegség súlyosságának kockázatát.

Az eredmények hozzájárulnak a COVID-19 immunológiai és gyulladásos hátterének jobb megértéséhez, valamint rámutatnak a genetikai rizikóprofilok lehetséges szerepére a precíziós betegstratifikációban. A modell klinikai alkalmazhatóságának megerősítéséhez további, független populációkon végzett validáció szükséges.



Kép: A fogékonysági és védő hatású SNP-k arányának összehasonlítása a vizsgált csoportokban. A dobozdiagramok igazolják, hogy a génkategorizálás iránya egyéni szinten is megmarad: a fiatal női kontrollokban magasabb, míg az idős női kontrollokban alacsonyabb a fogékonysági SNP-k aránya a védő SNP-khez viszonyítva.

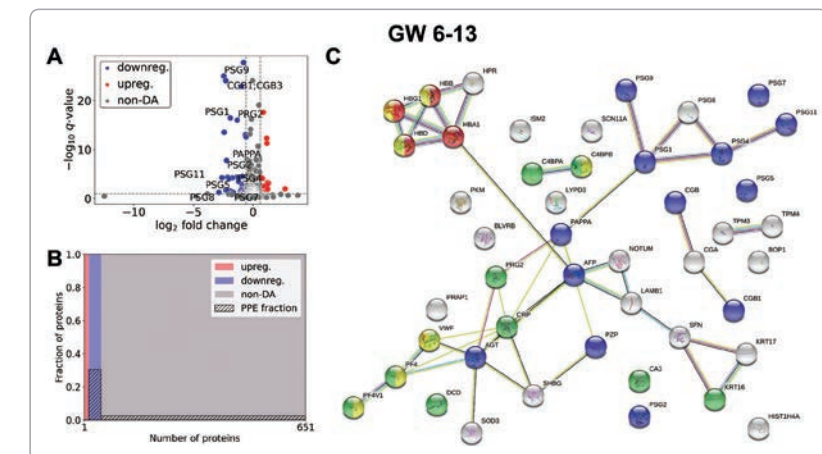
Referencia: Neller A., Bukva M., Gálik B., Kun J., Nagy N., Somogyvári F., Endrész V., Pál M., Bokor B. A., Blazovich Z., Visnyovszky Á., Bende B., Urbán P., Kovácsné Levang Sz., Péterfi Z., Kovács G. L., Gombos K., **Gyenesi A., Széll M.**, *A Unique Patient Stratification Method Combined with a Machine Learning Approach Identifies Novel Genetic Susceptibility and Protective Factors*, **International Journal of Molecular Sciences**, 2026, <https://doi.org/10.3390/ijms27052358>

A habituális vetélések újonnan azonosított proteomikai biomarkerei az anyai–magzati határfelületen zajló immunológiai kórfolyamatokat tükrözik

A habituális vetélés a felismert terhességek 1–5%-ában fordul elő, azonban kialakulásának molekuláris mechanizmusai még nem teljesen tisztázottak. Vizsgálatunk célja új proteomikai biomarkerek azonosítása volt nagyfelbontású tömegspektrometriás módszerekkel, különös tekintettel az anyai–magzati határfelületen zajló immunológiai és élettani folyamatokra.

Eredményeink alapján a korai (6–9. hét) és késői (9–13. hét) habituális vetélés eltérő molekuláris mintázatokkal jellemezhető. A korai forma esetében elsősorban a placenta fejlődésének és az immunregulációnak a zavarai domináltak, míg a késői formában az oxidatív stresszel, a vaszkuláris folyamatokkal és a placenta működésének károsodásával összefüggő eltérések is megjelentek.

Számos placenta-specifikus és immunmoduláló fehérjét azonosítottunk, amelyek potenciális folyékony biopsziás biomarkerként szolgálhatnak, és a jövőben diagnosztikai vagy akár terápiás célpontként is hasznosíthatók lehetnek. Eredményeink hozzájárulnak a terhességi kórképek rendszerszintű molekuláris megértéséhez és a placenta központi szerepének jobb megismeréséhez az egészséges terhesség fenntartásában.



Kép: Proteomikai elemzés 43 eltérően expresszált fehérjét azonosított habituális vetélésben érintett nők vérében. A placentaeredetű fehérjék főként a placenta fejlődéséhez és az anyai–magzati immunszabályozáshoz kapcsolódó folyamatokban vesznek részt.

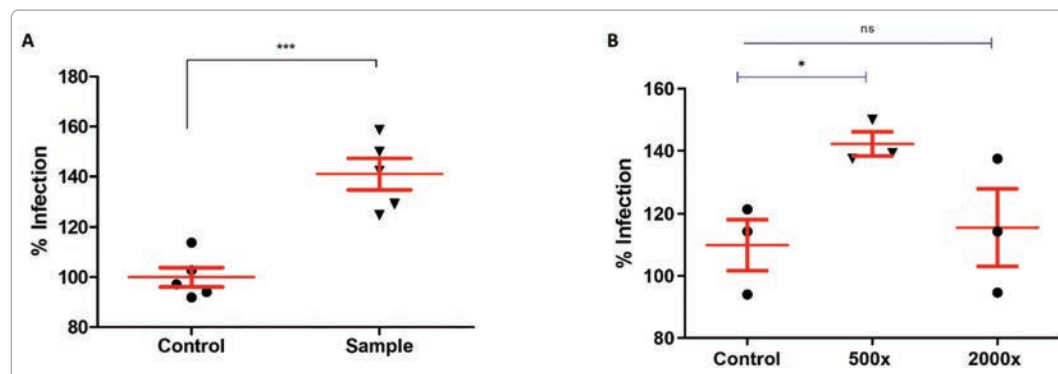
Referencia: Tóth E., Posta M., Györffy D., Oravecz O., Farkas E., Balogh A., Escher C., Bober M., Szilágyi A., Hupuczi P., Veress L., Török O., Nagy S., Rinner O., Erez O., Papp Z., Ács N., **Than NG.**, *Novel proteomics biomarkers of recurrent pregnancy loss reflect the dysregulation of immune interactions at the maternal–fetal interface*, **Frontiers in Immunology**, 2025, <https://doi.org/10.3389/fimmu.2025.1621168>

Immunológiai és virológiai válaszok szerepe a SARS-CoV-2 korai variánsainak semlegesítésében

A Frontiers in Immunology folyóiratban megjelent tanulmány a SARS-CoV-2 korai pandémiás variánsai elleni humorális immunválaszok hatékonyságát vizsgálja, különös tekintettel a korai fertőzésekből származó humán szérum-minták neutralizációs képességére. A kutatás célja annak feltérképezése volt, hogy a kezdeti vírusvariánsokkal szemben kialakult antitestválasz mennyiben képes kereszttvédelmet biztosítani későbbi variánsok ellen, valamint hogyan változik a neutralizációs potenciál az antigénikus drift előrehaladtával.

A vizsgálat során különböző korai SARS-CoV-2 variánsokkal fertőzött egyének szérummintáit elemezték *in vitro* neutralizációs assay-k segítségével. Az eredmények arra utalnak, hogy a korai törzsek ellen kialakult antitestválasz erősen variábilis keresztnutralizációs aktivitást mutatott, amelyet jelentősen befolyásolt a vírus tüskefehérjéjének mutációs mintázata. A tanulmány kiemeli, hogy bizonyos variánsok esetében az antitestek kötődési affinitása és neutralizációs hatékonysága szignifikánsan csökkent, ami rámutat az immunmunkülés (immune escape) jelenségének kulcsszerepére a járvány dinamikájában.

A kutatás eredményei fontos immunológiai és járványtani következményekkel bírnak, mivel hozzájárulnak annak megértéséhez, hogy a természetes fertőzés által kiváltott immunitás milyen mértékben nyújt védelmet az újonnan megjelenő SARS-CoV-2 variánsokkal szemben. Ez az információ különösen releváns a vakcinafejlesztési stratégiák és a jövőbeli booster oltások optimalizálása szempontjából.



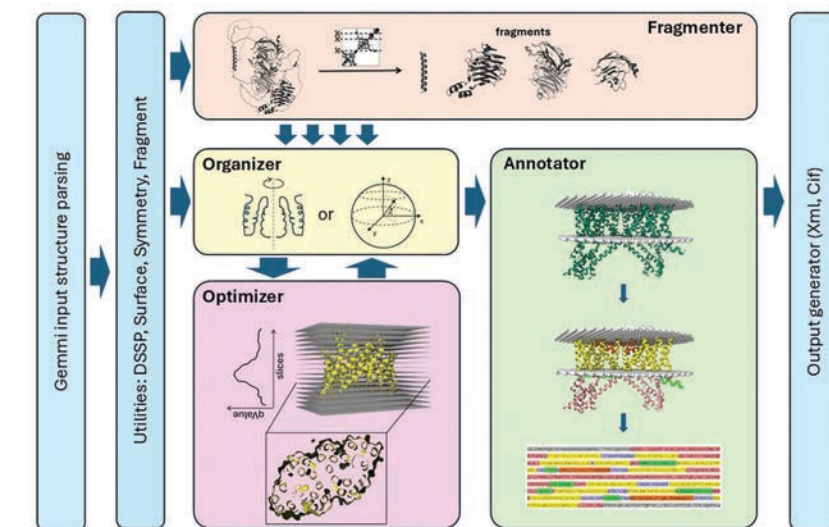
Kép: A SARS-CoV-2 variánsok semlegesítése az oltottsági és korábbi fertőzöttségi státusz szerint. Az ábra a Wuhan-Hu-1 tüskefehérjét alkalmazó neutralizációs vizsgálatok eredményeit mutatja korábban igazoltan fertőzött egyének mintáiban, összehasonlítva az immunstátusz hatását a semlegesítő aktivitásra.

Referencia: Al-Mufti A., Mahdi M., Tozser J., et al., *Retrospective neutralization analysis of SARS-CoV-2 variants in early pandemic sera*, *Frontiers in Immunology*, 2026, <https://doi.org/10.3389/fimmu.2026.1797240>

A TmDet 4.0 webes eszköz szerepe a transzmembrán fehérjék membránbeli orientációjának meghatározásában

A transzmembrán fehérjék szerkezetének értelmezésében kulcsfontosságú a membránhoz viszonyított térbeli orientáció meghatározása. A TmDet 4.0 egy új, webalapú bioinformatikai eszköz, amely krio-EM-mel meghatározott vagy AlphaFold által prediktált fehérjeszerkezetek alapján képes a membránpozíció és topológia automatikus elemzésére.

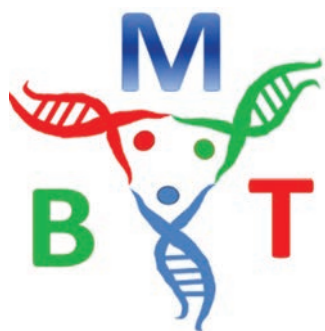
Az új verzió már görbült és kettős membránrendszereket is kezel, valamint annotálja a transzmembrán hélixeket és egyéb szerkezeti elemeket. Validációs eredményei alapján nagy pontossággal határozza meg a membránfehérjék orientációját, így értékes eszközt jelenthet funkcionális vizsgálatokban, gyógyszer-célpont-azonosításban és szerkezeti bioinformatikai elemzésekben.



Kép: A TmDet algoritmus a fehérjeszerkezet beolvasása után azonosítja a másodlagos szerkezeti elemeket és a fehérje felszínét. Ezután meghatározza a membrán optimális orientációját, felismeri a szerkezeti elemeket, majd szükség esetén a modellszerkezetet kisebb részekre bontva külön elemzi a pontosabb eredmény érdekében.

Referencia: Tusnady G, Gerdán C., *TmDet 4.0: determining membrane orientation of transmembrane proteins from 3D structure*, *Nucleic Acids Research*, 2025, <https://doi.org/10.1093/nar/gkaf338>

A Magyar Bioinformatikai Társaság



A 2007-ben alapított Magyar Bioinformatikai Társaság (MABIT) célja a hazai bioinformatikai kutatások és szakmai együttműködések erősítése. A bioinformatika olyan multidiszciplináris tudományterület, amely a biológia, az informatika, a matematika, a fizika, a farmakológia és az orvostudomány módszereit ötvözi a biológiai adatok elemzésére és értelmezésére. A Társaság egyik legfontosabb küldetése, hogy kapcsolatot teremtsen e különböző szakterületek kutatói között, elősegítve az új kutatási együttműködések kialakulását és a korszerű bioinformatikai ismeretek terjedését.

A MABIT rendszeresen szervez tudományos szemináriumokat, szakmai találkozókat és konferenciákat. Legjelentősebb rendezvénye a Magyar Tudomány Ünnepehez kapcsolódó, évente megrendezett Bioinformatika konferencia, amely fórumot biztosít a hazai kutatók számára legújabb eredményeik bemutatására. A rendezvény különös figyelmet fordít a fiatal kutatók és PhD-hallgatók támogatására, akik a vezető kutatókkal együtt ismertethetik munkáikat. A Társaság emellett 2023 óta önálló szekcióval vesz részt a Hungarian Molecular Life Sciences konferencián is.

A fiatal tehetségek ösztönzését szolgálja a 2020-ban alapított Bioinformatika TDK Különdíj, amely a hazai egyetemeken készülő kiemelkedő bioinformatikai témájú tudományos diákköri munkákat ismeri el. A díjazott hallgatók lehetőséget kapnak kutatásaik bemutatására a Bioinformatika konferencián, ezáltal bekapcsolódhatnak a magyar bioinformatikai közösség szakmai életébe. A Társaság fontosnak tartja a tudományos ismeretterjesztést és az eredmények széles körű hozzáférhetőségét is: rendezvényeinek előadásai a MABIT YouTube-csatornáján szabadon visszanezézhetők. Ennek köszönhetően a Magyar Bioinformatikai Társaság mára a hazai bioinformatikai közösség egyik legfontosabb szakmai fórumává vált.



MTA Bioinformatikai Osztályközi Tudományos Bizottság

Az MTA 2021-ben megalakult Bioinformatikai Osztályközi Tudományos Bizottsága a bioinformatikát önálló szakterületként ismeri el, és célja a hazai bioinformatikai közösség szervezése, valamint az MTA köztestületébe történő integráció támogatása. A Bizottság a minősített kutatók mellett a fiatal kutatók, PhD-hallgatók és hallgatók közösségét is összefogja, együttműködésben a Magyar Bioinformatikai Társasággal és az ELIXIR Magyarország Csomóponttal.

A Bizottság elnöke Prof. Dr. Pongor Sándor bioinformatikus, a Pázmány Péter Katolikus Egyetem professzora. A testület aktívan támogatja a bioinformatika tudományos elismertségének növelését, többek között MTA doktora címek megszerzésének elősegítésével és a köztestületi tagság bővítésével.

A Bioinformatikai Osztályközi Tudományos Bizottság tagjairól itt olvashat:



A tagfelvétel az MTA vonatkozó szabályai szerint történik. A köztestületi tagok – az akadémikusok kivételével – egy tudományos bizottság köztestületébe választhatók, ahol szavazati és választhatósági joggal rendelkeznek.

Más bizottságban már tagsággal rendelkezők átlépési szándékukat a VIII. osztály titkárának, Kakuszi Andreának jelezhetik. Új köztestületi jelentkezők az MTA eljárásrendje szerint pályázhatnak, a bizottságba történő felvételről a bizottság szavazással dönt.



Magyar Bioinformatikai Társaság
Honlap: <https://www.mabit.org.hu/>
Kapcsolat: Dr. Tusnády Gábor főtitkár
E-mail: mabit@mabit.org.hu

MTA Bioinformatikai Osztályközi Tudományos Bizottság
Honlap: https://mta.hu/viii-osztaly/osztalykozi-tudomanyos-bizottsagok-105594#bioinformatikai_osztalykozi_allando_bizottsag
Kapcsolat: Prof. Dr. Pongor Sándor elnök
E-mail: pongor.sandor@itk.ppke.hu



2024-ben a HCEMM Nonprofit Kft. (Hungarian Centre of Excellence for Molecular Medicine) csatlakozott az ELIXIR Magyarország infrastruktúrához. A HCEMM-et a Szegedi Tudományegyetem, a Semmelweis Egyetem és a Szegedi Biológiai Kutatóközpont hozta létre azzal a céllal, hogy nemzetközi színvonalú molekuláris medicina kutatásokkal támogassa az innovatív biológiai és orvosbiológiai fejlesztéseket, valamint a személyre szabott orvoslás előmozdítását.

A HCEMM kutatási infrastruktúrájának meghatározó eleme a Scientific Computing Advanced Core Facility (ACF), amely korszerű nagy teljesítményű számítástechnikai (HPC) környezetet biztosít bioinformatikai és biomedicinális kutatásokhoz. A 2024-ben üzembe helyezett rendszer több mint húsz számítási szervert, GPU-gyorsított erőforrásokat, több mint 11 TB memóriakapacitást és közel 2 PB tárhelyet biztosít nagyméretű genomikai, transzkriptomikai, proteomikai és egyéb multiomikai adatok feldolgozásához.

Az ACF támogatja a teljes adatéletről az adatfeldolgozástól és integrációtól kezdve a nagy léptékű számításokon, gépi tanulási elemzéseken és vizualizáción át. A biztonságos adatkezelést redundáns tárolási megoldások és a nemzetközi adatvédelmi követelményeknek megfelelő működés biztosítja. Az infrastruktúra bioinformatikai elemzésekhez, munkafolyamat-fejlesztéshez, statisztikai modellezéshez és számítógépes szimulációkhoz is szakmai támogatást nyújt, így az ELIXIR-tagság révén a teljes hazai kutatói közösség számára értékes erőforrást jelent.

Dr. João Sequeira, a Scientific Computing ACF vezetőjének közreműködésével megkezdődött egy helyi Galaxy szerverpéldány bevezetése is, amely a PULI szerveren futó SLURM rendszerhez kapcsolódva támogatja a bioinformatikai munkafolyamatok hatékonyabb és nagyobb áteresztőképességű futtatását.

Az aktuális szerverpéldány a galaxy.hcemm.eu címen érhető el. Kérjük, forduljanak hozzánk bizalommal, amennyiben kérdésük, javaslatuk vagy konkrét workflow-igényük merül fel.

<https://galaxy.hcemm.eu>



Magyarország egyik legnagyobb és legsikeresebb informatikai kutatóintézete, a SZTAKI több mint hat évtizede végez világszínvonalú kutatásokat az informatikai és automatizálási módszerek területén. A 2026-os ELIXIR Hungary csatlakozás új lehetőségeket teremt a biológiai adatok elemzésében, az AI-alapú bioinformatikai fejlesztésekben és a nemzetközi együttműködésekben.

A SZTAKI kiemelt kutatási területe az öregedés és megfiatalodás bioinformatikája, amelynek keretében mesterséges intelligenciára épülő epigenetikai öregedésszámítások és digitális egészségügyi megoldások fejlesztésén dolgoznak. Ezek a módszerek a biológiai életkor pontosabb mérését, az egészséges öregedés nyomon követését és a személyre szabott orvoslás támogatását célozzák.

Az intézet aktív szerepet vállal az „AI Scientist” és agentikus mesterséges intelligencia-rendszerek fejlesztésében is, amelyek a kutatási folyamat számos lépését – az adatfeldolgozástól a hipotézisgenerálásig – képesek támogatni. Ezek a technológiák különösen fontosak lehetnek a genomika, a bioinformatika és a precíziós orvoslás adatintenzív kihívásainak kezelésében.

A SZTAKI ELIXIR Hungary-hez való csatlakozása jelentős lépés az informatikai innováció és az élettudományi kutatások összekapcsolásában, hozzájárulva Magyarország szerepének erősítéséhez az európai bioinformatikai és digitális egészségügyi ökoszisztémában.



<https://sztaki.hun-ren.hu/>

1. Ács-Szabo L, Pfliegler WP, **Miklós I**, Péter G, Pusztahelyi T, Pócsi I. Striking mycotoxin tolerance and zearalenone elimination capacity of the decaying wood associated yeast *Sugiyamaella novakii* (Trichomonascaceae). **BMC Microbiol.** **2025 Jul 7;25(1):422.**
2. Ádám É, Leitgeb B, Danis J, ... **Széll M**. Truncating CYLD pathogenic variants in CYLD cutaneous syndrome distinctly influence CYLD proteostasis and NF-κB signaling. **J Invest Dermatol.** **2025 Feb 7:S0022-202X(25)00089-2.**
3. Aiello LM, Vybornova A, Juhász S, **Széll M**, Bokányi E. Urban highways are barriers to social ties. **Proc Natl Acad Sci U S A.** **2025 Mar 11;122(10):e2408937122.**
4. Albert E, Biksi I, **Laczkó L** et al. Streptococcus hillyeri isolated from septic pleuritis in a horse. **J Vet Diagn Invest.** **2025 Jan 7:10406387241306724.**
5. Al-Mufti AS, Kiarie IW, Tózsér J, Mahdi M. Modulation of transferrin receptor by HIV-2. **Virol J.** **2025 Nov 21;22(1):382.**
6. Alnajjar M, Fekete Z, Nagy T, ... **Barta E**. A New Family-Based Approach for Detecting Allele-Specific Expression and for Mapping Possible eQTLs. **Animals (Basel).** **2025 Sep 22;15(18):2766.**
7. Andresen IJ, Romero R, Westerberg AC, **Than NG** et al. Large-Scale Proteomics Reveals New Candidate Biomarkers for Late-Onset Preeclampsia. **Hypertension.** **2025 Oct 1.**
8. Antal R, Benyó Z, ... **Györffy B**, Kovács KA. Recent advances in treating age-related macular degeneration and diabetic retinopathy: Current therapies and emerging novel approaches. **Geroscience.** **2025 Oct 12.**
9. Bajtai E, Kiss C, ... **Tusnády G** et al. Therapy-induced senescence is a transient drug resistance mechanism in breast cancer. **Mol Cancer.** **2025 May 1;24(1):128.**
10. Baksa D, Eszlari N, Torok D, Hullam G, **Bagdy Gy**, Juhasz G. Evening Chronotype Associates With Worse Physical and Mental Health and Headache-Related Disability Among Migraine Patients. **J Sleep Res.** **2025 Apr 10:e70066.**
11. Balogh GM, Koncz B, Asztalos L, **Ari E**, ... Manczinger M. C > U mutations generate immunogenic peptides in SARS-CoV-2. **Nat Commun.** **2025 Nov 19;16(1):10156.**
12. Barabás Á, Erdei RJ, ... **Nagy AC**, Kiss OP, Takács P. Health Behavior of Young People Aged 12-18 with Autism Spectrum Disorder and Intellectual Disabilities in Hungary. **Children (Basel).** **2025 Jun 10;12(6):753.**
13. Bartak BK, Nagy ZB, ... **Csabai I**, Sydo N, Csulak E, Merkely B, Takacs I, Molnar B. Examination of Genetic and Epigenetic Characteristics of Patients with Hyperhomocysteinemia Following High-Dose Folic Acid Consumption. **Nutrients.** **2025 Jun 27;17(13):2133.**
14. Bartha Á, Weltz B, ... **Szász AM**, ... **Györffy B**. Melanoma Proteomics Unveiled: Harmonizing Diverse Data Sets for Biomarker Discovery and Clinical Insights via MEL-PLOT. **J Proteome Res.** **2025 May 5.**
15. Bata R, Ghanem AS, **Nagy AC**. Feature Selection and Model Optimization for Survival Prediction in Patients with Angina Pectoris. **J Clin Med.** **2025 Nov 16;14(22):8111.**
16. Bata R, Ghanem AS, Vargáné Faludi E, Sztanek F, **Nagy AC**. Association rule mining of time-based patterns in diabetes-related comorbidities on imbalanced data: a pre- and post-diagnosis study. **BMC Med Inform Decis Mak.** **2025 Sep 29;25(1):352.**
17. Becsei Á, Stéger J, Visontai D, Munk P, Aarestrup FM, **Csabai I**, Papp K. A case study using sewage metagenomic data for assessment of text-to-SQL capabilities in large language models. **Sci Rep.** **2025 Nov 22;15(1):44557.**
18. Bedőházi Z, Biricz A, Foster N, Lin YE, **Csabai I**. Streamlining tuberculosis detection with foundation model-based weakly supervised transformer. **Comput Biol Med.** **2025 Sep;195:110554.**
19. Bekken MAH, Vatne A, ... **Horváth P**, Bryn A, Pirk N. Carbon dynamics of a controlled peatland rewetting experiment in the Norwegian boreal zone. **Sci Rep.** **2025 Dec 17.**
20. Béres D, Felső R, Herczeg R, **Gyenesei A**, Bokor S, Molnár D. C-reactive protein and metabolic syndrome in obese and normal weight Hungarian children. **Ann Nutr Metab.** **2025 Mar 28:1-17.**
21. Bertalan PM, Nokhojav E, ... **Csősz É**. Comprehensive Insights into Obesity and Type 2 Diabetes from Protein Network, Canonical Pathway, Phosphorylation and Antimicrobial Peptide Signatures of Human Serum. **Proteomes.** **2025 Dec 17;13(4):67.**
22. Biricz A, Magyar D, ... **Csabai I**, Pollner P. Efficient and scalable training set generation for automated pollen monitoring with Hirst-type samplers. **Sci Rep.** **2025 Dec 17.**
23. Blondeel E, Ernst S, De Vuyst F, Diószdi Á, Pinheiro C, ... **Horváth P** et al. Sequential orthogonal assays for longitudinal and endpoint characterization of three-dimensional spheroids. **Nat Protoc.** **2025 Apr 8.**
24. Bokor BA, Abdolreza A, Kaptás F, Pál M, Battyani Z, **Széll M**, Nagy N. Novel Variants in Medium and Low Penetrance Predisposing Genes in a Hungarian Malignant Melanoma Cohort With Increased Risk. **Pigment Cell Melanoma Res.** **2025 Jan;38(1):e13214.**
25. Bokor BA, Abdolreza A, Pál M, Battyani Z, **Széll M**, Nagy N. A Novel Germline Frameshift Variant in the Tumor Suppressor Gene OBSCN in a Melanoma Patient. **Int J Mol Sci.** **2025 Oct 30;26(21):10553.**
26. Buzgó L, Kiss Z, Göbhardtter D, **Laczkó L**, Damjanova I, Kardos G, Tóth Á. High Prevalence of Cefiderocol Resistance Among New Delhi Metallo-β-Lactamase Producing *Klebsiella pneumoniae* High-Risk Clones in Hungary. **Antibiotics (Basel).** Búdi L, Hammer D, ... Horváth P. Anti-ceramide antibody and sphingosine-1-phosphate as potential biomarkers of unresectable non-small cell lung cancer. **Pathol Oncol Res.** **2025 Jan 6;30:1611929.**
27. Callari M, Dugo M, Barreca M, **Györffy B** et al. Determinants of response and molecular dynamics in HER2+ER+ breast cancers from the NA-PHER2 trial receiving HER2-targeted and endocrine therapies. **Nat Commun.** **2025 Mar 4;16(1):2195.**
28. Caruso A, Accattatis FM, ... **Györffy B** et al. Adipocyte/Tumor cell crosstalk via IGF-1/TXNIP axis promotes malignancy and endocrine resistance in breast cancer. **Cell Commun Signal.** **2025 Jun 3;23(1):262.**
29. Csatári-Kovács R, Röszer T, **Csősz É**. Comparative Analysis of Omega-3, Omega-6, and Endocannabinoid Content of Human, Cattle, Goat, and Formula Milk. **Foods.** **2025 May 17;14(10):1786.**
30. Danis J, Kelemen E, Balogh F, Szabó K, Fodor GH, Ádám É, **Széll M**. Nucleic acid-induced chemokine expression in keratinocytes: Implications for skin inflammation. **PLoS One.** **2025 Nov 20;20(11):e0336901.**

31. Danis J, Széll M. Long Non-Coding RNAs in Psoriasis: A Comprehensive Review of Expression Profiles, Mechanistic Insights, Genetic Associations, and Their Clinical Implications. **Noncoding RNA**. 2025 Sep 19;11(5):69.
32. Darida M, Rubovszky G, ... Kenessey I, Wéber A et al. Improvement in breast cancer survival across molecular subtypes in Hungary between 2011 and 2020: a nationwide, retrospective study. **Front Oncol**. 2025 Mar 31;15:1465511.
33. Deézsi-Magyar N, Novák B, Zsidei G, Solymosi N et al. Phenotypic and genetic changes of Crimean-Congo hemorrhagic fever virus during serial passage in susceptible cell lines. **Arch Virol**. 2025 Nov 7;170(12):240.
34. Ding Y, Potor L, ... Csősz É, Póliska S, Patsalos A, Debus ES, Nagy L, Balla G, Balla J. Oxidation of hemoglobin to ferryl hemoglobin contributes to remodeling of the artery wall in abdominal aortic aneurysm. **Redox Biol**. 2025 Oct 28;88:103908.
35. Diosdi A, Piccinini F, ... Horváth P, Harmati M. Single-cell light-sheet fluorescence 3D images of tumour-stroma spheroid multicultures. **Sci Data**. 2025 Mar 24;12(1):492.
36. Diosdi A, Toth T, ... Horváth P. HCS-3DX, a next-generation AI-driven automated 3D-oid high-content screening system. **Nat Commun**. 2025 Oct 7;16(1):8897.
37. Dobai T, Baksa D, Gonda X, Juhasz G, Eszlari N, Bagdy Gy. Consumption of High-Energy Food and Sugar Shows a Strong Positive Association with Low Mood in Control Subjects and Depressed Patients. **Nutrients**. 2025 Aug 9;17(16):2594.
38. Dobra G, Gyukity-Sebestyen E, ... Széll M, Buzas K. Proteomic profiling of serum small extracellular vesicles predicts post-COVID syndrome development. **Clin Immunol**. 2025 May 24:110532.
39. Dobson L, Tusnády GE, Tompa P. Regularly updated benchmark sets for statistically correct evaluations of AlphaFold applications. **Brief Bioinform**. 2025 Mar 4;26(2):bbaf104.2025 May 8;14(5):475.
40. Erdelyi-Hamza B, Torok D, ... Bagdy Gy, Juhasz G, Gonda X. Disentangling nature and nurture: Exploring the genetic background of depressive symptoms in the absence of recent stress exposure using a GWAS approach. **J Affect Disord**. 2025 Nov 1;388:119731.
41. Erdelyi-Hamza B, Torok D, Eszlari N, Bagdy Gy, Juhasz G, Gonda X. Three shades of gloom: investigating the genetic background of current depressive symptoms associated with different severity of current stress exposure in a general population. **Eur Neuropsychopharmacol**. 2026 Jan;102:17-25.
42. Erdős G, Deutsch N, Dosztányi Zs. AIUPred - Binding: Energy Embedding to Identify Disordered Binding Regions. **J Mol Biol**. 2025 Mar 5:169071.
43. Faludi Vargáné E, Ghanem AS, Nguyen CM, Pataki J, Szöllősi GJ, Nagy AC. Influencing factors on attendance in cervical cancer screening among women with diabetes in Hungary: a cross-sectional study using European Health Interview Surveys 2009-2019. **Front Oncol**. 2025 Apr 29;15:1501654.
44. Fekete JT, Gyórfy B. MetaAnalysisOnline.com: Web-Based Tool for the Rapid Meta-Analysis of Clinical and Epidemiological Studies. **J Med Internet Res**. 2025 Mar 6;27:e64016.
45. Fekete M, Varga P, Ungvari Z, Fekete JT, ... Menyhart O, ... Gyórfy B. The role of the Mediterranean diet in reducing the risk of cognitive impairment, dementia, and Alzheimer's disease: a meta-analysis. **Geroscience**. 2025 Jan 11.
46. Fekete R, Simats A, Bíró E, ... Csikász-Nagy A et al. Microglia dysfunction, neurovascular inflammation and focal neuropathologies are linked to IL-1- and IL-6-related systemic inflammation in COVID-19. **Nat Neurosci**. 2025 Mar 6.
47. Fekete Z, Németh Z, Ninausz N, Fehér P, Schiller M, ... Barta E. Whole-Genome Sequencing-Based Population Genetic Analysis of Wild and Domestic Rabbit Breeds. **Animals (Basel)**. 2025 Mar 9;15(6):775.
48. Ferenczi K, Nagy ZF, Istenes I, Eid H, Bödör Cs, Timár B, Demeter J. Successful treatment of hairy cell leukaemia with pegylated interferon-alpha-2A. **Pathol Oncol Res**. 2025 May 21;31:1612108.
49. Fernandes SA, Pan J, ... Széll M et al. The tumor suppressor CYLD acts as a deubiquitinase for mTOR to constrain its activity. **bioRxiv [Preprint]**. 2025 Sep 2:2025.09.01.673523.
50. Fichó E, Pancsa R, Magyar C, ... Tusnády GE. MFIB 2.0: a major update of the database of protein complexes formed by mutual folding of the constituting protein chains. **Nucleic Acids Res**. 2025 Jan 6;53(D1):D487-D494.
51. Firsova AB, Marco Salas S, ... Horváth P et al. Spatial single-cell atlas reveals regional variations in healthy and diseased human lung. **Nat Commun**. 2025 Nov 5;16(1):9745.
52. Forró B, Kajtár B, ... Gyenesei A, Kosztolányi S, Kehl D, Jáksó P. Multiparameter flow cytometric and transcriptional analysis of CD20 positive T-cells in bone marrow in patients of multiple myeloma and monoclonal gammopathy of undetermined significance. **Front Immunol**. 2025 Feb 26;16:1464940.
53. Gafko C, Hollandi R, ... Horváth P, Kutay U. Establishment of an imaging-based screening pipeline for the identification of human ribosome biogenesis inhibitors. **BMC Biol**. 2025 Oct 21;23(1):315.
54. Gáspári Z, Kálmán ZE, Sánta A. Deep learning-assisted tools to understand the structural biology of the synapse. **Biomed Eng Lett**. 2025 Oct 21;15(6):1051-1064.
55. Ghanem AS, Bata R, Kovács N, Nagy AC. Sociodemographic inequalities in the global burden trends and machine learning-based projections of periodontitis from 1990 to 2030 across different development levels. **Front Oral Health**. 2025 Jun 17;6:1609961.
56. Ghanem AS, Faludi EV, Bata R, ... Nagy AC. Cancer prevalence and its determinants in Hungary: Analyzing data from the 2009, 2014, and 2019 European Health Interview Surveys. **PLoS One**. 2025 Feb 13;20(2):e0315689.
57. Ghanem AS, Hajzer ZE, ... Nagy AC, Tóth Á. Associations Between Diverse Beverage Consumption Patterns and Oral Health: Evidence from a National Survey in Hungary. **Nutrients**. 2025 Aug 7;17(15):2572.
58. Ghanem AS, Móré M, Nagy AC. Analysis of Molecular Aspects of Periodontitis as a Risk Factor for Neurodegenerative Diseases: A Single-Center 10-Year Retrospective Cohort Study. **Int J Mol Sci**. 2025 Mar 7;26(6):2382.
59. Ghanem AS, Sipos K, Tóth Á, Nagy AC. Inflammatory Biomarkers and Oral Health Disorders as Predictors of Head and Neck Cancer: A Retrospective Longitudinal Study. **Int J Mol Sci**. 2025 Mar 4;26(5):2279.
60. Ghanem AS, Tóth Á, Nagy AC. Socio-demographic disparities in global trends of lip and oral cavity neoplasms from 1990 to 2021. **Sci Rep**. 2025 Feb 4;15(1):4230.
61. Ghanem AS, Tóth Á, Takács P, Ulambayar B, Móré M, Nagy AC. Flexible Parametric Survival Modeling of Transaminases as Predictive Biomarkers for Non-Alcoholic Fatty Liver Disease: A Retrospective Longitudinal Study (2012-2022). **Int J Mol Sci**. 2025 May 24;26(11):5057.

62. Ghanem AS, Trefan L, Márton I, Fadgyas-Freyler P, **Nagy AC**, Móré M. Oral cancer in Hungary: An epidemiological profile (2015-2019). **PLoS One**. **2025 Jul 3;20(7):e0327566**.
63. Gubán R, Parrag P, Kispál MT, Czirbesz K, Danyi T, Kenessey I, Liskay G. Characterization of Melanoma in Hungary Based on a Retrospective Single-Center Study Between 2001 and 2018. **Cancers (Basel)**. **2025 Jun 27;17(13):2171**.
64. Guedes J, Szadai L, ... **Szász AM**, Vereb Z et al. The melanoma MEGA-study: Integrating proteogenomics, digital pathology, and AI-analytics for precision oncology. **J Proteomics**. **2025 Aug 15;319:105482**.
65. Guedes J, Woldmar N, **Szász AM**, Wieslander E, Pawłowski K, et al. A perspective on integrating digital pathology, proteomics, clinical data and AI analytics in cancer research. **J Proteomics**. **2025 Jul 16;320:105493**.
66. Gyányi S, Szabolcsi R, Varga PJ, Horváth G, **Horváth P**, Wühl T. Micro-Vibrations Analysis in LEO CubeSats Using MEMS Accelerometers. **Sensors (Basel)**. **2025 Sep 22;25(18):5917**.
67. Habenicht L, Hassan N, ... **Gyórfy B** et al. The Role of the Cell Surface Heparan Sulfate Proteoglycan Syndecan-3 in Breast Cancer Pathophysiology. **Cells**. **2025 Oct 17;14(20):1612**.
68. Hegedüs B, Sahu N, ... **Gyenesei A**, Freitag M, Grigoriev IV, Nagy LG. Morphogenesis, starvation, and light responses in a mushroom-forming fungus revealed by long-read sequencing and extensive expression profiling. **Cell Genom**. **2025 Apr 17:100853**.
69. Herold Z, Herold M, ... **Szász AM**, Dank M. Are Calculated Immune Markers with or Without Comorbidities Good Predictors of Colorectal Cancer Survival? The Results of a Longitudinal Study. **Med Sci (Basel)**. **2025 Aug 1;13(3):108**.
70. **Horváth P**, Coscia F. Spatial proteomics in translational and clinical research. **Mol Syst Biol**. **2025 Apr 14**.
71. Hrubí E, Tóth F, Nagy G, **Tózsér J**, Hegedüs C. Evaluation of Human Dental Pulp Stem Cells Expressing BMP2/7 Heterodimers in a Doxycycline-Inducible Manner. **Biomolecules**. **2025 Dec 6;15(12):1704**.
72. Jablonszky M, Laczi M, Nagy G, Tóth Z, Zsebők S, **Garamszegi LZ**. Close Males Sing With Dissimilar Minimum Frequency and Repertoire Size in a Wild Passerine. **Ecol Evol**. **2025 Apr 15;15(4):e71044**.
73. Jorda A, Ensle D, Eser H, Glözl F, Riedl B, **Széll M** et al. Real-world effectiveness of nirmatrelvir-ritonavir and molnupiravir in non-hospitalized adults with COVID-19: a population-based, retrospective cohort study. **Clin Microbiol Infect**. **2025 Mar;31(3):451-458**.
74. Jordán S, Laczkó L, Póliska S, Korompai T, **Sramkó G**. The mitochondrial genome of the steppe carpenter moth (*Paracossulus thrips* Hübner, 1818): Structural analysis and phylogenetic implications. **Sci Rep**. **2025 Mar 11;15(1):8393**.
75. Juhász J, Ligeti-Nagy N, ... **Pongor S**, Ligeti B. ProkBERT PhaStyle: accurate phage lifestyle prediction with pretrained genomic language models. **Bioinform Adv**. **2025 Nov 9;5(1):vbaf188**.
76. Juhász J, Ligeti-Nagy N, Bodnár B, Juhász J, **Pongor S**, Ligeti B. ProkBERT PhaStyle: accurate phage lifestyle prediction with pretrained genomic language models. **Bioinform Adv**. **2025 Nov 9;5(1):vbaf188**.
77. Kálmán ZE, Czajlik A, ... **Gáspári Z**, Péterfia B. Structural Modeling and Dynamics of the Full-Length Homer1 Multimer. **Proteins**. **2025 Nov 21**.
78. Kárteszi J, Nagy N, **Széll M** et al. Timely recognition of a probably life-threatening genodermatosis: familial case report of hereditary leiomyomatosis and renal cell cancer. **Pathol Oncol Res**. **2025 Apr 8;31:1612086**.
79. Kaya F, Bewicke-Copley F, ... **Bödör Cs** et al. DEK::NUP214 acts as an XPO1-dependent transcriptional activator of essential leukemia genes. **Leukemia**. **2025 Apr 9**.
80. Kelemen H, Balla Gy, ... **Bödör Cs** et al. Inflammatory mechanisms contribute to long-term cognitive deficits induced by perinatal asphyxia via interleukin-1. **Neuropsychopharmacology**. **2025 Oct 2**.
81. Keller J, Danis J, ... **Széll M** et al. LL37 complexed to double-stranded RNA induces RIG-I-like receptor signalling and Gasdermin E activation facilitating IL-36γ release from keratinocytes. **Cell Death Dis**. **2025 Mar 22;16(1):198**.
82. Kemény Á, Horváth S, ... **Gyenesei A** et al. TRPA1 ion channel activation context-dependently regulates gene expression in normal and psoriatic human skin. **Br J Pharmacol**. **2025 Aug 6**.
83. Kenéz B, Koplányi G, Decsi B, Molnár Z, **Horváth P**, Katona G, Balogh GT, Balogh-Weiser D. Development of a Novel Human Serum Albumin-Based Tool for Effective Drug Discovery: The Investigation of Protein Quality and Immobilization. **J Med Chem**. **2025 Jan 15**.
84. Keskitalo S, Zambo B, ... **Dosztányi Zs**, Varjosalo M, Gogl G. The non-catalytic DNA polymerase ε subunit is an NPF motif recognition protein. **Nat Commun**. **2025 Dec 13**.
85. Keve G, Tóth AG, ... **Solymosi N**. First record of *Argulus japonicus* infestation on *Cyprinus carpio* in Hungary, and the first description of *Argulus japonicus europaeus* subsp. nov. Keve, 2025. **Parasit Vectors**. **2025 Nov 21;18(1):480**.
86. Kilim O, Olar A, Biricz A, Madaras L, Pollner P, Szállási Z, Sztupinszki Z, **Csabai I**. Histopathology and proteomics are synergistic for high-grade serous ovarian cancer platinum response prediction. **NPJ Precis Oncol**. **2025 Jan 26;9(1):27**.
87. Kim Y, Doma V, ... **Szász AM** et al. Mitochondrial proteome landscape unveils key insights into melanoma severity and treatment strategies. **Cancer**. **2025 Jul 1;131(13):e35897**.
88. Kiss Z, Berki TL, ... **Kenessey I** et al. Overall Survival of Hungarian Cancer Patients Diagnosed Between 2011 and 2019, Based on the Health Insurance Fund Database. **Cancers (Basel)**. **2025 May 15;17(10):1670**.
89. Kiss Z, Maráz A, ... **Kenessey I** et al. Improvements in cancer survival in Hungary: a nationwide epidemiology study between 2011-2019 based on a health insurance fund database. **Front Oncol**. **2025 Apr 3;15:1446611**.
90. Kleiner D, Haghverdi F, ... **Monostory K** et al. How to manage the overwhelming amount of database-detected interactions? A focus group meeting study on the management of database-detected risks of drug interactions. **Eur J Hosp Pharm**. **2025 Jul 8**.
91. Koopmans M, **Csabai I**, Remondini D, Snary E, Aarestrup F. Artificial intelligence and One Health: potential for spillover prediction? **Lancet Infect Dis**. **2025 Sep 16**.
92. Kotowska D, Báldi A, Dobosy P, Felföldi T, **Garamszegi LZ** et al. Aligning land use with sustainability: Context-sensitive pathways forward. **J Environ Manage**. **2025 Sep 16;394:127252**.

93. Kovács KA, Kerepesi C, ... **Szász AM**, Kulka J, Tóké AM. Machine learning prediction of breast cancer local recurrence localization, and distant metastasis after local recurrences. **Sci Rep. 2025 Feb 10;15(1):4868.**
94. Kovács SA, Kovács T, ... **Fekete JT, Györffy B**. Unlocking the power of immune checkpoint inhibitors: Targeting YAP1 reduces anti-PD1 resistance in skin cutaneous melanoma. **Br J Pharmacol. 2025 May 5.**
95. Kraberger S, Custer JM, ... **Harrach B**, McGraw KJ, Varsani A. Incidence and diversity of circoviruses, polyomaviruses, and adenoviruses in exotic free-roaming rosy-faced lovebirds from Phoenix, Arizona, USA. **Virology. 2025 Oct;611:110640.**
96. Krajsovsky G, Piros L, ... **Horváth P**, Mándity IM. Synthesis of Novel Anion Recognition Molecules as Quinazoline Precursors. **Int J Mol Sci. 2025 Dec 12;26(24):11975.**
97. Krause S, Torok D, **Bagdy Gy**, Juhasz G, Gonda X. Genome-wide by trait interaction analyses with neuroticism reveal chronic pain-associated depression as a distinct genetic subtype. **Transl Psychiatry. 2025 Mar 29;15(1):108.**
98. Krenhardt K, Jablonszky M, Barta KA, Laczi M, Nagy G, Zsebők S, **Garamszegi LZ**. Birdsong as an Indicator of Habitat Structure and Quality. **Ecol Evol. 2025 Jun 4;15(6):e71510.**
99. Krishnan SV, Anaswara PA, ... **Miklós I**, Király S, Pócsi I, Pusztahelyi T. Unveiling the Perspective on *Weissella confusa* as a Promising Biocontrol Agent Against Fusaria. **Microorganisms. 2025 Mar 15;13(3):666.**
100. Kuffa K, Langó T, Czirók A, Tárnoki-Zách J, Bősze S, **Tusnady GE**, Szabó Z. Optimization of Methods for the Quantitative Analysis of Global Cell Surface Proteome and Cell Surface Polarization. **Int J Mol Sci. 2025 Nov 28;26(23):11570.**
101. Kuras M, Betancourt LH, Hong R, ... **Szász AM** et al. Proteogenomic Profiling of Treatment-Naïve Metastatic Malignant Melanoma. **Cancers (Basel). 2025 Feb 27;17(5):832.**
102. **Laczkó L, Nagy NA**, Nagy Á, Maroda Á, Sály P. An updated reference genome of *Barbatula barbatula* (Linnaeus, 1758). **Sci Data. 2025 Jan 22;12(1):137.**
103. Lan A, Torok D, Einat H, **Bagdy Gy**, Juhasz G, Gonda X. Chronotypes are significantly associated with emotional well-being in a general population cohort in Hungary. **Sci Rep. 2025 May 8;15(1):16054.**
104. László T, Pinczés LI, Báta B, Varga L, ... **Bödör Cs**. Resistance mechanisms and clonal dynamics in mantle cell lymphoma treated with sequential BTKi and venetoclax therapy. **J Pathol. 2025 May 15.**
105. Lehoczki A, **Menyhart O**, Andrikovics H, Fekete M, Kiss C, Mikala G, Ungvari Z, **Györffy B**. Prognostic impact of a senescence gene signature in multiple myeloma. **Geroscience. 2025 Mar 25.**
106. Leprince A, Lefrançois J, ... **Horváth P** et al. Strengthening phage resistance of *Streptococcus thermophilus* by leveraging complementary defense systems. **Nat Commun. 2025 Aug 4;16(1):7142.**
107. Lonardi A, **Széll M**, De Bacco C. Cohesive urban bicycle infrastructure design through optimal transport routing in multilayer networks. **J R Soc Interface. 2025 Feb;22(223):20240532.**
108. López-Cade I, Gómez-Sanz A, ... **Györffy B**, Ocaña A, de la Hoya M, García-Barberán V. Comparative Evaluation of Mutect2, Strelka2, and FreeBayes for Somatic SNV Detection in Synthetic and Clinical Whole-Exome Sequencing Data. **Biomolecules. 2025 Oct 30;15(11):1532.**
109. Mahdi M, Kiarie IW, Mótyán JA, Hoffka G, Al-Muffti AS, Tóth A, **Tózsér J**. Receptor Binding for the Entry Mechanisms of SARS-CoV-2: Insights from the Original Strain and Emerging Variants. **Viruses. 2025 May 10;17(5):691.**
110. Majcher A, Karsai G, ... **Horváth P** et al. Very long-chain fatty acids drive 1-deoxySphingolipid toxicity. **Nat Commun. 2025 Nov 26;16(1):11650.**
111. Major E, Lin KH, Lee SC, Káldi K, **Györffy B**, Tigyi GJ, Benyó Z. LPA suppresses HLA-DR expression in human melanoma cells: a potential immune escape mechanism involving LPAR1 and DR6-mediated release of IL-10. **Acta Pharmacol Sin. 2025 Jan;46(1):222-230.**
112. Martiny HM, Munk P, ... **Csabai I**, Aarestrup FM. Geographics and bacterial networks differently shape the acquired and latent global sewage resistomes. **Nat Commun. 2025 Nov 21;16(1):10278.**
113. Meinhardt G, Waldhäusl H, ... **Than NG** et al. The multifaceted roles of the transcriptional coactivator TAZ in extravillous trophoblast development of the human placenta. **Proc Natl Acad Sci U S A. 2025 Apr 22;122(16):e2426385122.**
114. Menus Á, Kiss Á, Csukly G, Bitter I, **Monostory K**, M Réthely J. Association of propranolol with treatment-emergent akathisia during aripiprazole treatment. **Ideggyogy Sz. 2025 Nov 30;78(11-12):395-404.**
115. **Menyhart O, Györffy B**. Multiplicity corrections in life sciences: challenges and consequences. **Int J Epidemiol. 2025 Jun 11;54(4):dyaf098.**
116. **Menyhart O**, Kothalawala WJ, **Györffy B**. A gene set enrichment analysis for cancer hallmarks. **J Pharm Anal. 2025 May;15(5):101065.**
117. Mester B, Lipták Z, ... **Bödör Cs**, Kovács A, Merkely B, Szűcs A. Inherited Hypertrabeculation? Genetic and Clinical Insights in Blood Relatives of Genetically Affected Left Ventricular Excessive Trabeculation Patients. **Life (Basel). 2025 Jan 22;15(2):150.**
118. Meyer EH, Pavlova A, ... **Miklós D**, Rezvani A, Shiraz P, Sidana S, Shizuru J, Weng WK, Agrawal V, Putnam A, Fernhoff N, Tamarisis J, Lu Y, Pawar RD, McClellan JS, Lowsky R, Negrin RS. Donor regulatory T-cell therapy to prevent graft-versus-host disease. **Blood. 2025 May 1;145(18):2012-2024.**
119. Mohamed FA, Timmer B, ... **Gyenesei A**, Sonnevend Á. Hypervirulent *Klebsiella pneumoniae* causing bloodstream infections in Hungary. **Microbiol Spectr. 2025 Sep 2;13(9):e0003125.**
120. Mótyán JA, Nagy T, Nagyné Veres Á, Golda M, Mahdi M, **Tózsér J**. Identification of SARS-CoV-2 Main Protease Cleavage Sites in Bovine β -Casein. **Int J Mol Sci. 2025 Jun 18;26(12):5829.**
121. Mótyán JA, Veres ÁN, **Tózsér J**. Characterization of the E26H Mutant *Schistosoma japonicum* Glutathione S-Transferase. **Proteins. 2025 May;93(5):1054-1066.**
122. Munkácsy Gy, Santarpia L, **Györffy B**. Exploring immune activation patterns in HER2-low and HER2-ultralow breast cancer subtypes. **Oncologist. 2025 Jun 4;30(6):oyaf081.**
123. Murányi M, Domoszlai A, **Nagy AC**, Flaskó T. Comparing functional outcomes of glansectomy with or without glans reconstruction. **Can J Urol. 2025 Apr 30;32(2):119-127.**
124. Murmu A, **Györffy B**. Targeting the HMGB1-IL32 pathway to alleviate T cell exhaustion in epithelial ovarian cancer. **Geroscience. 2025 Nov 15.**

125. Müller D, **Győrffy B**. EpigenPlot: An interactive web platform for DNA methylation-based biomarker and drug target discovery in colorectal cancer. **Br J Pharmacol.** **2025 Apr;182(7):1452-1465.**
126. Nagy N, Abdolreza A, Pál M, ... **Széll M**. Oculocutaneous albinism type 1B associated with allelic combination of a risk haplotype. **J Dermatol Sci.** **2025 Apr 17:S0923-1811(25)00061-1.**
127. Nagy N, Szalenko-Tóké Á, ... **Széll M**. Novel Pathogenic Variant of the TRRAP Gene Detected in a Hungarian Family with Autosomal Dominant Non-Syndromic Hearing Loss. **Int J Mol Sci.** **2025 Feb 13;26(4):1583.**
128. Nagy SÁ, **Csabai I**, Varga T, Póth-Szebenyi B, Gábor G, Solymosi N. Neural Network-Aided Milk Somatic Cell Count Increase Prediction. **Vet Sci.** **2025 Apr 29;12(5):420.**
129. Nagy-Kanta E, Kálman ZE, ... **Gáspári Z**, Permi P, Péterfia B. Residual flexibility in the topologically constrained multivalent complex between the GKAP scaffold and LC8 hub proteins. **FEBS J.** **2025 Aug 22.**
130. Nagy-Kanta E, Sánta A, Kálmán ZE, Li JA, Permi P, **Gáspári Z**, Péterfia B. 1H, 13C, and 15N resonance assignment of the C terminal region of the disordered postsynaptic scaffold protein GKAP. **Biomol NMR Assign.** **2025 Nov 5;20(1):2.**
131. Németh A, Gecse K, ... **Bagdy Gy**, Juhász G. Hypothalamic connectivity strength is decreasing with polygenic risk in migraine without aura patients. **Eur J Pharm Sci.** **2025 Jul 1;210:107123.**
132. Németh K, Mezei E, Vörös J, Borka K, Pesti A, **Kenessey I**, Kiss A, Budai A. Subtype-associated complexity and prognostic significance of the NLRP3 inflammasome landscape in pancreatic neoplasms. **J Pathol Clin Res.** **2025 Mar;11(2):e70019.**
133. Nieto-Jiménez C, Garcia-Lorenzo E, ... Munkácsy Gy, **Győrffy B** et al. In silico evaluation of the immunogenic profile of lung cancers with SMARCA4 genetic alterations. **Sci Rep.** **2025 May 22;15(1):17832.**
134. Nieto-Jiménez C, Paniagua-Herranz L, ... **Győrffy B**, Alonso-Moreno C, Bianchini G, Ocana A. Understanding the Chemical Characteristics of Payloads and the Expression of Tumor-Associated Antigens of ADCs in Clinical Development. **ACS Omega.** **2025 Nov 14;10(46):55126-55136.**
135. NIHR Global Health Research Group on Environmentally Sustainable Hospitals in Low- and Middle-income Countries. Global anaesthesia practice using inguinal hernia surgery as a tracer condition: a secondary analysis of an international prospective cohort study. **Anaesthesia.** **2025 Sep 9.**
136. Novák J, Takács T, ... **Than NG**, Buday L, Balogh A, Vas V. The sweet and the bitter sides of galectin-1 in immunity: its role in immune cell functions, apoptosis, and immunotherapies for cancer with a focus on T cells. **Semin Immunopathol.** **2025 Apr 3;47(1):24.**
137. Nugnes MV, Bouhraoua KEA, ... DisProt Consortium et al. DisProt in 2026: enhancing intrinsically disordered proteins accessibility, deposition, and annotation. **Nucleic Acids Res.** **2025 Nov 17:gkaf1175.**
138. Ocana A, Pandiella A, Privat C, Bravo I, Luengo-Oroz M, Amir E, **Győrffy B**. Integrating artificial intelligence in drug discovery and early drug development: a transformative approach. **Biomark Res.** **2025 Mar 14;13(1):45.**
139. Oravec O, Xie Y, ... **Than NG**, Blois SM. Maternal and placental galectins: key players in the feto-maternal symbiotic tango. **Semin Immunopathol.** **2025 Aug 21;47(1):35.**
140. Oskolas H, Nogueira FCN, ... **Szász AM** et al. Comprehensive biobanking strategy with clinical impact at the European Cancer Moonshot Lund Center. **J Proteomics.** **2025 May 30;316:105442.**
141. Pedregal M, Morafrail EC, ... **Győrffy B** et al. Prolonged survival in a patient with pbrm1 mutated metastatic cholangiocarcinoma receiving tazemetostat. **NPJ Precis Oncol.** **2025 Oct 24;9(1):331.**
142. Péterffy B, Krizsán S, ... **Bödör Cs**, Alpár D. Molecular profiling reveals novel gene fusions and genetic markers for refined patient stratification in pediatric acute lymphoblastic leukemia. **Mod Pathol.** **2025 Feb 24:100741.**
143. Piernitzki N, Gao N, ... **Győrffy B**, Mann S, Staufer O. Self-assembly of hybrid 3D cultures by integrating living and synthetic cells. **Nat Commun.** **2025 Dec 10;16(1):11073.**
144. Pla I, Szabolcs BL, ... Bartha Á, ... **Győrffy B**, **Szász AM** et al. Unbiased Drug Target Prediction Reveals Sensitivity to Ferroptosis Inducers, HDAC and RTK Inhibitors in Melanoma Subtypes. **Int J Dermatol.** **2025 May;64(5):870-881.**
145. Polcz P, Reguly IZ, ... **Pongor S**, **Csikász-Nagy A**, Szederkényi G. Smart epidemic control: A hybrid model blending ODEs and agent-based simulations for optimal, real-world intervention planning. **PLoS Comput Biol.** **2025 May 8;21(5):e1013028.**
146. Posta M, **Győrffy B**. Pathway-level mutational signatures predict breast cancer outcomes and reveal therapeutic targets. **Br J Pharmacol.** **2025 Dec;182(23):5734-5747.**
147. Raab M, Gasimli K, **Győrffy B**, Peña-Llopis S, Becker S, Sanhaji M, Strebhardt K. Truncated DAPK Variants Restore Tumor Suppressor Activity and Synergize with Standard Therapies in High-Grade Serous Ovarian Cancer. **Cancers (Basel).** **2025 Jun 8;17(12):1910.**
148. Raab M, **Győrffy B**, Peña-Llopis S, Fietz D et al. Targeted reactivation of the novel tumor suppressor DAPK1, an upstream regulator of p53, in high-grade serous ovarian cancer by mRNA liposomes reduces viability and enhances drug sensitivity in preclinical models. **Cancer Commun (Lond).** **2025 May 20.**
149. Robillard PY, **Than NG** et al. A 2025-update of „historical evolution of ideas on eclampsia/preeclampsia” (2017, workshop reunion 2016). **J Reprod Immunol.** **2025 Sep 6;172:104639.**
150. Ruppert Z, Sárközy M, ... **Horváth P** et al. Overexpression of the human heat shock protein B1 alters obesity-related metabolic changes in a sex-dependent manner in a mouse model of metabolic syndrome. **Biol Sex Differ.** **2025 Aug 25;16(1):65.**
151. Salman ND, Hanker LC, **Győrffy B**, Bartha Á, Proppe L, Götte M. The Prognostic Value of the Hedgehog Signaling Pathway in Ovarian Cancer. **Int J Mol Sci.** **2025 Jun 19;26(12):5888.**
152. Saroff MJ, Haile AA, Baniel A, Kraberger S, Regney M, **Harrach B** et al. Early-life infection dynamics and genomic diversity of adenoviruses in a wild primate (*Theropithecus gelada*). **Microb Genom.** **2025 Dec;11(12):001595.**
153. Sawada Y, Kikugawa T, ... **Győrffy B** et al. CTHRC1 promotes bone metastasis in prostate cancer. **Int J Cancer.** **2025 Jun 21.**
154. Schmalz D, Krabóth Z, Czoma V, Urbán P, **Gyenesei A** et al. Comprehensive Genomic Profiling of Small-Cell Lung Cancer Reveals Frequent Potentially Targetable Alterations. **Int J Mol Sci.** **2025 Nov 27;26(23):11512.**

155. Simon B, Köteles I, Kovács R, Kraszni M, **Horváth P**, Hosztafi S, Mazák K. Synthesis and physicochemical characterization of new potential haptens and their precursors with morphine skeleton. **Eur J Pharm Sci.** 2025 Jun 1;209:107089.
156. Sipos K, Márton I, Móré M, **Nagy AC**, Kiss C. Assessing the factors affecting the accessibility of primary dental care for people with haemophilia. **Haemophilia.** 2025 Jan;31(1):69-77.
157. Sipos K, Márton I, Móré M, **Nagy AC**, Kiss C. The attitudes and treatment practices of Hungarian primary care dentists regarding dental care for patients with haemophilia. **Sci Rep.** 2025 Jul 19;15(1):26261.
158. Smith CJ, Goyal A, ... Miklós D, Bharadwaj S. Lisocabtagene Maraleucel for Richter's Transformation-A Case Series. **EJHaem.** 2025 Mar 10;6(2):e270011.
159. **Solymosi N**, Tóth AG, **Nagy SÁ**, **Csabai I**, Feczko C, Reibling T, Németh T. Clinical considerations on antimicrobial resistance potential of complex microbiological samples. **PeerJ.** 2025 Jan 28;13:e18802.
160. Sonkodi B, Nagy ZF, Keller-Pintér A, Klivényi P, Molnár MJ, **Széll M**. Genetic Variants in SDC3, KCNA2, KCNK1, KCNK16, and Heat Shock Transcription Factor-1 Genes: An Exploratory Analysis Supporting the Piezo2 Channelopathy Hypothesis in Amyotrophic Lateral Sclerosis Onset. **Int J Mol Sci.** 2025.
161. Szabó AL, Nagy-Kanta E, ... **Gáspári Z**. Diffusion-based size determination of solute particles: a method adapted for postsynaptic proteins. **FEBS Open Bio.** 2025 Sep 1.
162. Szabó J, Maróti G, **Solymosi N** et al. Effects of Glucose and Fructose on Production Traits, Organ Weights and Metabolomic Indices in Rats on Different Energy and Nutrient Dense Diets. **Nutrients.** 2025 Aug 25;17(17):2746.
163. Szabó KM, Tóth A, ... **Nagy AC**, Ráduly AP, Borbély A, Barta J, Csanádi Z. Comparable Benefits in Heart Failure Hospitalization and Survival with Sacubitril/Valsartan Therapy in CRT Nonresponders and HFrEF Patients Without CRT Indication. **J Clin Med.** 2025 Aug 28;14(17):6098.
164. Szeitz B, Hagemeijer YP, ... **Szász AM** et al. Distant metastases of melanoma exhibit varying extent of intrapatient proteogenomic heterogeneity. **Clin Transl Med.** 2025 Oct;15(10):e70477.
165. Széles A, Schöll K, Hirka G, **Monostory K**, Renkecz T. Toxicokinetic Characterization of Isopropyl Glycidyl Ether in Rat by a Validated LC-APCI-MS/MS Method Using In-Source Derivatization. **Chem Res Toxicol.** 2025 Mar 17;38(3):380-391.
166. Széles A, Schöll K, Hirka G, **Monostory K**, Renkecz T. Validation and sample bioanalysis of protoporphyrin IX in rat plasma by the surrogate matrix approach. **J Chromatogr B Analyt Technol Biomed Life Sci.** 2025 Sep 22;1267:124799.
167. Szentivanyi T, V González L, Klein Á, Soltész Z, **Garamszegi LZ**. Complementing community science with xenomonitoring: Understanding the eco-epidemiology of *Dirofilaria immitis* infection in dogs and mosquitoes. **Parasit Vectors.** 2025 Jun 20;18(1):233.
168. Szojka ZI, Kunkli B, ... **Tózsér J**, Mahdi M. Transcriptomic Analysis Reveals Key Pathways Influenced by HIV-2 Vpx. **Int J Mol Sci.** 2025 Apr 8;26(8):3460.
169. Szőke P, Sztankovics D, ... **Bödör Cs**, Sebestyén A, Dezső K, Scheich B. EZH2 overexpression is associated with aggressive behavior and promotes cell proliferation in CNS WHO grade 3 meningiomas. **Neurooncol Adv.** 2025 Jun 5;7(1):vdaf112.
170. Sztanek F, Pető A, ... **Nagy AC**. Sex Differences in Cardiovascular Risk and Diabetic Polyneuropathy: A Single-Center Retrospective Study in North-eastern Hungary. **J Clin Med.** 2025 Aug 15;14(16):5780.

171. Sztupinszki Z, Fiam R, Pipek O, Diossy M, Börcsök J, Prosz A, **Csabai I**, Szallasi Z. Polymerase theta expression is correlated with proliferative capacity but not with DNA repair deficiency status in solid tumors. **NPJ Precis Oncol.** 2025 Jun 20;9(1):200.
172. Teszak T, Barcziova T, **Bödör Cs** et al. Donor-Derived Cell-Free DNA Versus Left Ventricular Longitudinal Strain and Strain-Derived Myocardial Work Indices for Identification of Heart Transplant Injury. **Biomedicines.** 2025 Apr 1;13(4):841.
173. Tian L, Jiao X, Wang C, ... **Györffy B** et al. PPARγ acetylation governs mammary adenocarcinoma tumor growth via acetylated residues that determine DNA sequence-specific binding. **Oncogene.** 2025 Sep;44(37):3476-3492.
174. Tompa M, Urbán P, ... **Gyenesei A**, Kálmán B. A new diagnostic service for rare (neurologic) diseases in West-Hungary. **Ideggyogy Sz.** 2025 Sep 30;78(9-10):331-337.
175. Torok D, Hegedus K, Varga H, Gonda X, **Bagdy Gy**, **Petschner P**. Neuroinflammation and Mood: Dissecting the Role of Eotaxin-1 in Depression. **Neuropsychopharmacol Hung.** 2025 Jun;27(2):115-120.
176. Torok D, Krause S, ... **Bagdy Gy**, Gonda X, Juhasz G, **Petschner P**. Interaction of early life stress and NAD+/SIRT1 pathway genetic risk promotes depression. **Transl Psychiatry.** 2025 Nov 12;15(1):509.
177. Tóth AG, Nagy SÁ, Lakatos I, **Solymosi N** et al. Impact of mycotoxins and glyphosate residue on the gut microbiome and resistome of European fallow deer. **iScience.** 2025 Sep 16;28(10):113539.
178. Tóth AG, **Solymosi N**, Tenk M, Káldy Z, Németh T. First Animal Source Metagenome Assembly of *Lawsonella clevelandensis* from Canine External Otitis. **Pathogens.** 2025 May 10;14(5):465.
179. Tóth AG, Tóth DL, Remport L, Tóth I, ... **Solymosi N**. A One Health Approach Metagenomic Study on Antimicrobial Resistance Traits of Canine Saliva. **Antibiotics (Basel).** 2025 Apr 25;14(5):433.
180. Tóth BB, Hegedús G, **Virág E**, Pethő GT, Laczkó L, Fésüs L. In silico analysis of UCP promoters predicts conserved and human specific regulators of adipocyte thermogenesis. **iScience.** 2025 Jun 21;28(7):112969.
181. Tóth E, Posta M, ... **Than NG**. Novel proteomics biomarkers of recurrent pregnancy loss reflect the dysregulation of immune interactions at the maternal-fetal interface. **Front Immunol.** 2025 Aug 28;16:1621168.
182. Tóth LI, Harsányi A, ... **Nagy AC**, Paragh G, Harangi M, Sztanek F. Semaglutide Improves Lipid Subfraction Profiles in Type 2 Diabetes: Insights from a One-Year Follow-Up Study. **Int J Mol Sci.** 2025 Jun 20;26(13):5951.
183. **Tusnády GE**, Gerdán C. TmDet 4.0: determining membrane orientation of transmembrane proteins from 3D structure. **Nucleic Acids Res.** 2025;53(W1):W542-W546.
184. Ulambayar B, Ghanem AS, **Nagy AC**. Effect of Anti-Diabetic Medication Use on Sepsis Risk in Type 2 Diabetes Mellitus: A Multivariate Analysis. **Geriatrics (Basel).** 2025 Aug 7;10(4):108.
185. Ulambayar B, Ghanem AS, **Nagy AC**. Overnutrition in the Elderly Population: Socio-Demographic and Behavioral Risk Factors in Hungary. **Nutrients.** 2025 Jun 8;17(12):1954.
186. Ulambayar B, Ghanem AS, Tóth Á, **Nagy AC**. Impact of Physical Activity and Dietary Habits on Mental Well-Being in Patients with Diabetes Mellitus. **Nutrients.** 2025 Mar 16;17(6):1042.

187. Ulambayar B, Mór  M, **Nagy AC**. Artificial Sweetener Use in Hungary: A Cross-Sectional Study on Socioeconomic and Health Disparities from a Public Health Perspective. **Nutrients**. 2025 Jul 17;17(14):2352.
188. Ulambayar B, **Nagy AC**. Artificial Sweeteners and Cardiovascular Risk in Hungary: Beyond Traditional Risk Factors. **J Clin Med**. 2025 Jun 30;14(13):4641.
189. Ungvari Z, Bartha  , Ungvari A, Fekete M, Bianchini G, **Gy rffy B**. Prognostic impact of glucagon-like peptide-1 receptor (GLP1R) expression on cancer survival and its implications for GLP-1R agonist therapy: an integrative analysis across multiple tumor types. **Geroscience**. 2025 Jan 8.
190. Ungvari Z, **Fekete JT**, ... **Gy rffy B**. Mortality, functional outcome, and bleeding risk after early versus delayed thrombectomy. **Geroscience**. 2025 Oct 16.
191. Ungvari Z, Fekete M, ... **Gy rffy B**. Depression increases cancer mortality by 23-83%: a meta-analysis of 65 studies across five major cancer types. **Geroscience**. 2025 May 2.
192. Ungvari Z, Fekete M, ... Munk csy Gy, **Fekete JT**, ... **Gy rffy B**. Association between red and processed meat consumption and colorectal cancer risk: a comprehensive meta-analysis of prospective studies. **Geroscience**. 2025 Apr 10.
193. Ungvari Z, Fekete M, Buda A, Lehoczki A, **Fekete JT**, Munk csy Gy, Varga P, Ungvari A, **Gy rffy B**. No detectable impact of short-term treatment delays on lung cancer survival. **Geroscience**. 2025 May 7.
194. Ungvari Z, Fekete M, Buda A, Lehoczki A, Munk csy Gy, Scaffidi P, Bonaldi T, **Fekete JT**, Bianchini G, Varga P, Ungvari A, **Gy rffy B**. Quantifying the impact of treatment delays on breast cancer survival outcomes: a comprehensive meta-analysis. **Geroscience**. 2025 Jun 10.
195. Ungvari Z, Fekete M, **Fekete JT**, ... Munk csy Gy, Varga P, Ungvari A, **Gy rffy B**. Treatment delay significantly increases mortality in colorectal cancer: a meta-analysis. **Geroscience**. 2025 Apr 8.
196. Ungvari Z, Fekete M, **Fekete JT**, Grosso G, Ungvari A, **Gy rffy B**. Adherence to the Mediterranean diet and its protective effects against colorectal cancer: a meta-analysis of 26 studies with 2,217,404 participants. **Geroscience**. 2025;47(1):1105-1121.
197. Ungvari Z, Fekete M, Lehoczki A, Munk csy Gy, **Fekete JT**, ... **Gy rffy B**. Inadequate sleep increases stroke risk: evidence from a comprehensive meta-analysis of incidence and mortality. **Geroscience**. 2025 Mar 12.
198. Ungvari Z, Fekete M, Lehoczki A, Munk csy Gy, **Fekete JT**, ... **Gy rffy B**. Sleep disorders increase the risk of dementia, Alzheimer's disease, and cognitive decline: a meta-analysis. **Geroscience**. 2025 Apr 11.
199. Ungvari Z, Fekete M, Varga P, **Fekete JT**, ... **Gy rffy B**. Imbalanced sleep increases mortality risk by 14-34%: a meta-analysis. **Geroscience**. 2025 Mar 12.
200. Ungvari Z, Fekete M, Varga P, Munk csy Gy, **Fekete JT**, ... **Gy rffy B**. Impact of adherence to the Mediterranean diet on stroke risk. **Geroscience**. 2025 Jan 7.
201. Ungvari Z, Fekete M, Varga P, Munk csy Gy, **Fekete JT**, ... **Gy rffy B**. Exercise and survival benefit in cancer patients: evidence from a comprehensive meta-analysis. **Geroscience**. 2025 Apr 12.
202. Ungvari Z, **Menyhart O**, Lehoczki A, Fekete M, Bianchini G, **Gy rffy B**. PCSK9 expression and cancer survival: a prognostic biomarker at the intersection of oncology and geroscience. **Geroscience**. 2025 Jun 27.
203. Ungvari Z, **Menyhart O**, Lehoczki A, Fekete M, Fazekas-Pongor V, Ocana A, Varga P, **Gy rffy B**. NRF2 pathway activation predicts poor prognosis in lung cancer: a cautionary note on antioxidant interventions. **Geroscience**. 2025 Jun 19.
204. Ungv ri Z, **Menyhart O**, Ocana A, Fekete M, Lehoczki A, **Gy rffy B**. Senescence-associated gene signatures predict survival in lung cancer: a multi-cohort analysis. **Geroscience**. 2025 Sep 27.
205. Varga S, Kaasen JM, **G sp ri Z**, P terfia BF, Mulder FAA. Resonance assignment of the intrinsically disordered actin-binding region of Drebrin. **Biomol NMR Assign**. 2025 Jun 14.
206. Varga S, P terfia BF, Dudola D, Farkas V, Jeffries CM, Permi P, **G sp ri Z**. Dynamic Interchange of Local Residue-Residue Interactions in the Largely Extended Single Alpha-Helix in Drebrin. **Biochem J**. 2025 Apr 1.
207. Vesterdal Tjessem I, **Horv th P**, F lling Volden IK, Eindride Naas A, Torma M, Bryn A. A century of treeline and forest line data for *Betula pubescens* subsp. *czerepanovii* across high elevations in Norway. **Biodivers Data J**. 2025 Nov 10;13:e160358.
208. Vidovszky MZ, Kaj n GL, B sz rm nyi KP, ... **Harrach B**. Comprehensive phylogenetic analysis of newly detected rodent adenoviruses sheds light on ancient host-switches. **Mol Phylogenet Evol**. 2025 Jan 16;204:108287.
209. **Vir g E**, Heged s G, Nagy  , Pallos JP, Kutasy B. Temporal Shifts in Hormone-Signaling Networks Orchestrate Soybean Floral Development Under Field Conditions: An RNA-Seq Study. **Int J Mol Sci**. 2025 Jul 4;26(13):6455.
210. W ber A, Bray F, ... **Kenessey I**, Polg r C. Half a century of cancer transition in Hungary: A visualization and assessment of mortality dynamics in the Lexis diagram, 1970-2020. **Cancer Epidemiol**. 2025 Sep 11;99:102925.
211. W ber A, Vok  Z, Kiss Z, Szatm ri I, ... **Kenessey I**. The impact of life tables on age standardized net survival of real-life example databases. **BMC Med Res Methodol**. 2025 May 26;25(1):145.
212. Wolf H, Vier  AR, **Sz ll M**. CoolWalks for active mobility in urban street networks. **Sci Rep**. 2025 Apr 28;15(1):14911.
213. Worp N, Nieuwenhuijse DF, Izquierdo-Lara RW, Schapendonk CME, Brinch C, Jensen EEB, Munk P, Hendriksen RS; Global Sewage Surveillance Consortium; Aarestrup F, Oude Munnink BB, Koopmans MPG, de Graaf M. Unveiling the global urban virome through wastewater metagenomics. **Nat Commun**. 2025 Nov 28;16(1):10707.
214. Xiao SA, Chen CC, **Horv th P** et al. Concerted actions of distinct serotonin neurons orchestrate female pup care behavior. *bioRxiv* [Preprint]. 2025 Aug 1.
215. Yamazaki H, Csire G, ... **Gy rffy B**, Takagi H,  jfalussy B. Quantum Size Effects on Andreev Transport in Nb/Au/Nb Josephson Junctions: A Combined Ab Initio and Experimental Study. **Phys Rev Lett**. 2025 May 16;134(19):196002.
216. Zd rsky B, Edtmayer S, ... **Gy rffy B**, Moriggl R, Stoiber D. Loss of STAT3 in acute myeloid leukemia favors tissue infiltration linked to CXCR4 signaling. **Blood Neoplasia**. 2025 Aug 4;2(4):100158.
217. Zsichla L, Adravec  L, ... **Ari E** et al. Molecular epidemiology of HIV-1 in Hungary: an evolving contact zone of colliding virus subtypes. **Front Microbiol**. 2025 Dec 16;16:1732254.



Az ELIXIR All Hands az ELIXIR-közösség éves kiemelt szakmai rendezvénye, amely az európai nemzeti csomópontok, partnerintézmények és kapcsolódó szervezetek képviselőit hozza össze. A találkozó célja az elmúlt időszak eredményeinek áttekintése, a tapasztalatok megosztása, valamint az élettudományi adatkezelés és bioinformatikai infrastruktúrák jövőbeli fejlesztési irányainak meghatározása.

A rendezvény fontos szerepet tölt be az ELIXIR-hálózaton belüli tudományos és technológiai együttműködések erősítésében. A program során bemutatásra kerülnek a közösség fejlesztései a bioinformatikai szolgáltatások, képzési programok, adatkezelési szabványok, eszközfejlesztések és nyílt tudományos kezdeményezések területén. Az All Hands egyben stratégiai fórumként is szolgál az egységes, interoperabilis európai élettudományi adatinfrastruktúra kialakításának támogatására.

A 12. ELIXIR All Hands találkozót 2026. június 8–10. között rendezték meg a franciaországi Lyonban. Az eseményen az ELIXIR nemzeti csomópontjainak és partnerintézményeinek képviselői az elmúlt időszak eredményeit, a folyamatban lévő fejlesztéseket, valamint a 2027–2029 közötti stratégiai célokat vitatták meg.

Intézményünket **Prof. Dr. Gáspári Zoltán** és **Dr. Barta Endre** képviselte, akik aktívan részt vettek a plenáris előadásokon, szakmai szekciókon és workshopokon. A kiemelt témák között szerepelt az ELIXIR jövőbeli működési stratégiája, a nemzeti csomópontok szerepének erősítése, az oktatási és képzési programok fejlesztése, valamint az értékelési és visszajelzési rendszerek továbbfejlesztése.

A szakmai program hangsúlyosan foglalkozott a FAIR adatkezelési alapelvek gyakorlati megvalósításával, az adatbiztonsággal, valamint a mesterséges intelligencia megbízható alkalmazásának lehetőségeivel az élettudományi kutatásokban. Kiemelt figyelmet kaptak továbbá a genomikai infrastruktúrák fejlesztései, többek között az Integrated Genome Database (IGD), az 1+ Million Genomes (1+MG) kezdeményezés és az European Open Science Cloud (EOSC) szerepe.



Az ELIXIR All Hands találkozó Lyonban, 2026 júniusában

A találkozó egyik fontos eseménye volt **Prof. Dr. Tim Hubbard**, az ELIXIR leköszönő elnökének búcsúztatása, akinek a közösség az elmúlt években végzett munkáját méltatta. A konferencia zárásának kiemelkedő pillanataként **Prof. Dr. Gáspári Zoltán** bejelentette, hogy a 2027-es ELIXIR All Hands konferencia házigazdája Budapest lesz.

A rendezvény jelentősen hozzájárult a magyar bioinformatikai közösség nemzetközi kapcsolatainak erősítéséhez, valamint ahhoz, hogy kutatóink naprakész ismereteket szerezzenek az európai bioinformatikai infrastruktúrák fejlődéséről és a jövőbeli együttműködési lehetőségekről.

ELIXIR All Hands 2027 - Budapest



A 13. ELIXIR All Hands konferencia 2027-ben Magyarországon, Budapesten kerül megrendezésre 2027. június 7–10. között. Az ELIXIR közösség kiemelt nemzetközi eseménye évente biztosít fórumot az európai élettudományi és bioinformatikai infrastruktúrák, kutatók és szakmai partnerek számára az együttműködések erősítésére, az eredmények bemutatására és a jövőbeli fejlesztési irányok megvitatására. A budapesti helyszín jelentős mérföldkő az ELIXIR Magyarország számára, amely tovább erősíti hazánk szerepét a nemzetközi bioinformatikai és élettudományi együttműködésekben. A konferenciával kapcsolatos részletes információk lesznek elérhetőek.



Prof. Dr. Gáspári Zoltán a 2026-os All Hands Konferencián bejelenti, hogy Budapest ad helyszínt a 2027-es All Hands konferenciának

<https://elixir-europe.org/events/all-hands>



Résztvevők: Prof. Dr. Győrffy Balázs, Dr. Menyhárt Otília, Prof. Dr. Than Nándor Gábor, Dr. Barta Endre, Dr. Erdős Gábor, Dr. Gyenesei Attila, Prof. Dr. Christophe Dessimoz, Dr. Mark Ibberson, Dr. Etienne de Rham, valamint PhD-hallgatóik

A Természettudományi Kutatóközpont vezetésével, a Debreceni Egyetem, a Pécsi Tudományegyetem, a Semmelweis Egyetem, az Eötvös Loránd Tudományegyetem, valamint svájci partnerek bevonásával jelentős nemzetközi együttműködés indult a hazai és svájci kutatási infrastruktúrák összekapcsolásának, valamint a magyar biomedicinális adatinfrastruktúra fejlesztésének támogatására. A FAIRways-HU projekt a Svájci–Magyar Együttműködési Program keretében nyert finanszírozást.

A 2028 végéig tartó program célja olyan szabványosított, interoperábilis és federált molekuláris, valamint klinikai adatszolgáltatási rendszerek kialakítása, amelyek lehetővé teszik a kutatási adatok hatékony megosztását, integrációját és újrafelhasználását. A fejlesztések a FAIR (Findable, Accessible, Interoperable, Reusable) adatkezelési elvekre épülnek, támogatva az adatvezérelt biomedicinális kutatások fejlődését, a precíziós orvoslás előretörését, valamint a közegészségügyi döntéshozatal tudományos megalapozását.

A projekt kiemelt jelentőségű a hazai kutatási infrastruktúrák integrációja szempontjából, mivel egységes keretrendszert teremt a különböző intézményekben keletkező molekuláris és klinikai adatok harmonizált kezelésére és összekapcsolására. Az együttműködés hozzájárul a magyar kutatók nemzetközi láthatóságának növeléséhez, erősíti az európai kutatási hálózatokban való részvételt, és elősegíti a tudás- és technológiatranszfert a svájci és magyar partnerek között.

A FAIRways-HU kezdeményezés fontos mérföldkövet jelent a hazai élettudományi és egészségügyi kutatások digitális transzformációjában, és hosszú távon hozzájárul Magyarország nemzetközi versenyképességének erősítéséhez a biomedicinális kutatások területén.

Természettudományi Kutatóközpont (TTK)

Prof. Dr. Győrffy Balázs

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Prof. Dr. Csabai István

Debreceni Egyetem

Prof. Dr. Tózsér József

Semmelweis Egyetem

Prof. Dr. Bödör Csaba

Pécsi Tudományegyetem

Dr. Gyenesei Attila

Állatorvostudományi Egyetem

Dr. Solymosi Norbert

Országos Onkológiai Intézet

Dr. Kenessey István

Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem

Dr. Barta Endre

Ökológiai Kutatóközpont (ÖK)

Dr. Zsebők Sándor

Állatorvostudományi Kutatóintézet (ÁTKI)

Prof. Dr. Harrach Balázs

Szegedi Biológiai Kutatóközpont (SZBK)

Dr. Horváth Péter

Pázmány Péter Katolikus Egyetem

Prof. Dr. Gáspári Zoltán

Szegedi Tudományegyetem

Dr. Sinka Rita

HCEMM Nonprofit Kft

Ferenczi Judit Janka

Számítástechnikai és Automatizálási Kutatóintézet (SZTAKI)

Dr. Kerepesi Csaba

Prof. Dr. Győrffy Balázs

ELIXIR konzorciumvezető

Természettudományi Kutatóközpont

1117 Budapest, Magyar tudósok krt. 2.

E-mail: gyorffy.balazs@ttk.hu

Letenyei Márta

ELIXIR csomópont koordinátor

Természettudományi Kutatóközpont

1117 Budapest, Magyar tudósok krt. 2.

E-mail: letenyei.marta@ttk.hu



Kiadja: ELIXIR Magyarország

Felelős kiadó: Prof. Dr. Győrffy Balázs

Felelős szerkesztő: Letenyei Márta

Tördelőszerkesztő: Müller Katalin

2026. szeptember

www.bioinformatics.hu



www.bioinformatics.hu