



ELIXIR MAGYARORSZÁG



Tisztelt Olvasó!

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



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

Az ELIXIR három lehetőséget biztosít az egyes résztvevő kutatók szintjén:

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

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

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

Budapest, 2020. június 2.

Dr. Györfly Balázs

egyetemi tanár, az MTA doktora
az ELIXIR Magyarország konzorcium vezetője

TARTALOMJEGYZÉK

6. oldal	ELIXIR EUROPE
10. oldal	AZ ELIXIR MAGYARORSZÁG KONZORCIUM TÖRTÉNETE
13. oldal	AZ ELIXIR MAGYARORSZÁG KONZORCIUM VEZETŐSÉGE
14. oldal	VEZETŐ KUTATÓK
21. oldal	A KONZORCIUMI TANÁCS KAPCSOLATTARTÓI
25. oldal	PHD-HALLGATÓK
30. oldal	NYITOTT PHD-TÉMÁK
32. oldal	ELIXIR-CONVERGE
34. oldal	ONKOLÓGIAI KUTATÁSOK AZ ELIXIR MAGYARORSZÁG KONZORCIUM KUTATÓCSOPORTJAIBAN
36. oldal	COVID-19-KUTATÁSOK AZ ELIXIR MAGYARORSZÁG KONZORCIUM KUTATÓCSOPORTJAIBAN
38. oldal	SZOLGÁLTATÁS: GALAXY SZERVER
39. oldal	SZERVER: EGA
40. oldal	EURÓPAI LEVELEZŐLISTÁK
41. oldal	MAGYAR ELIXIR-ESEMÉNYEK (2015–2019)
43. oldal	2019/20-BAN MEGRENDEZETT BIOINFORMATIKAI KURZUSOK



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

Egy ország versenyképességének meghatározó tényezője, hogy milyen mértékben képes kihasználni a tudományos és technológiai innovációban rejlő lehetőségeket. Ebben a soktényezős küzdelemben – a nemzetközileg is elismert, kiemelkedő színvonalú oktatási és kutatási intézmények mellett – kulcsszerepet játszanak a kutatási infrastruktúrák. Azon túl, hogy az alapkutatások, felfedező kutatások nélkülözhetetlen bázisát képezik, jelentős társadalmi és gazdaságformáló szereppel is bírnak.

A nemzetközi szinten jelentős kutatási infrastruktúrákban való részvételünk komoly lehetőséget teremt a hazai kutatóknak a szakmai fejlődésre, segíti a nemzetközi hálózatokhoz való csatlakozást és támogatja a multidiszciplináris együttműködések kialakítását. Ennek ösztönzésére a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Hivatal (NKFIH) az elmúlt években több nemzetközi kutatási infrastruktúrához (ld. <https://nkfi.gov.hu/nemzeti-kutatasi-infrastruktura-utiter>) csatlakozott, hogy ezzel is segítse a kutatás-fejlesztés és az innováció területén dolgozó hazai szakemberek bekapcsolódását a nemzetközi vérkeringésbe. Ezen infrastruktúrák egyik kiemelt képviselője az ELIXIR, amely a nemzeti szintű központok, centrumok és szolgáltatók meghatározó bioinformatikai erőforrásait kapcsolja be egy elosztott, nemzetközi kutatási infrastruktúrába.

A kutatási infrastruktúrák kiemelt szereplői a felsőoktatási intézmények, akadémiai kutatóhelyek, állami tulajdonú nonprofit kutatóhelyek, egyéb közfinanszírozású kutatóhelyek, illetve kutató- és technológiai központok, nagyvállalatok, valamint mikro-, kis- és közepes vállalkozások közötti KFI-együttműködéseknek is. A közfinanszírozású kutatóhelyeken működő kutatási infrastruktúrák, illetve a hozzá kapcsolódó kutatási szolgáltatások igénybevétele lehetőséget teremthet egyéni vállalkozások, KKV-k és az ipar valamennyi szereplőjének új technológiák, termékek és szolgáltatások kifejlesztésére. Megfelelő stratégia mentén ezek az ipar-akadémia együttműködések belső motorjává válhatnak egy-egy térség gazdasági növekedésének, segíthetik a „nyitott laboratórium” kezdeményezéseket, valamint fontos szerepet tölthetnek be a „nyílt innovációs” törekvések megvalósításában. A különböző célzott, pályázati formában működő támogatási programokkal és konstrukciókkal jelentős fejlesztések valósulnak meg jelenleg is a hazai kutatási infrastruktúrák területén.

Ahhoz, hogy a kutatási infrastruktúrák a leghatékonyabban tudják szolgálni a „tudástermelést” és annak pozitív társadalmi hatásait az oktatás, a gazdaságélénkítés és a társadalmi kihívások területein, a kutatási infrastruktúrák további fejlesztése szükséges. E többdimenziós szerepük leghatékonyabban hálózatokban együttműködve tud kibontakozni, amelyre hazai viszonylatban példaértékű megvalósulást láthatunk a tizenkét egyetemet és kutatóintézetet magában foglaló magyar ELIXIR Konzorcium esetében.

Budapest, 2020. június 2.

Dr. Szabó István

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

ELIXIR EUROPE

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

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



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

élettudományi adatok sokféle formátumban léteznek, illetve különféle módon vannak közzételve. Ez megnehezíti az adatkészletek egyesítését és elemzését. Az ELIXIR Interoperabilitási Platformja módszereket fejleszt az adatformátumok és annotációk egységsítésére.

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

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

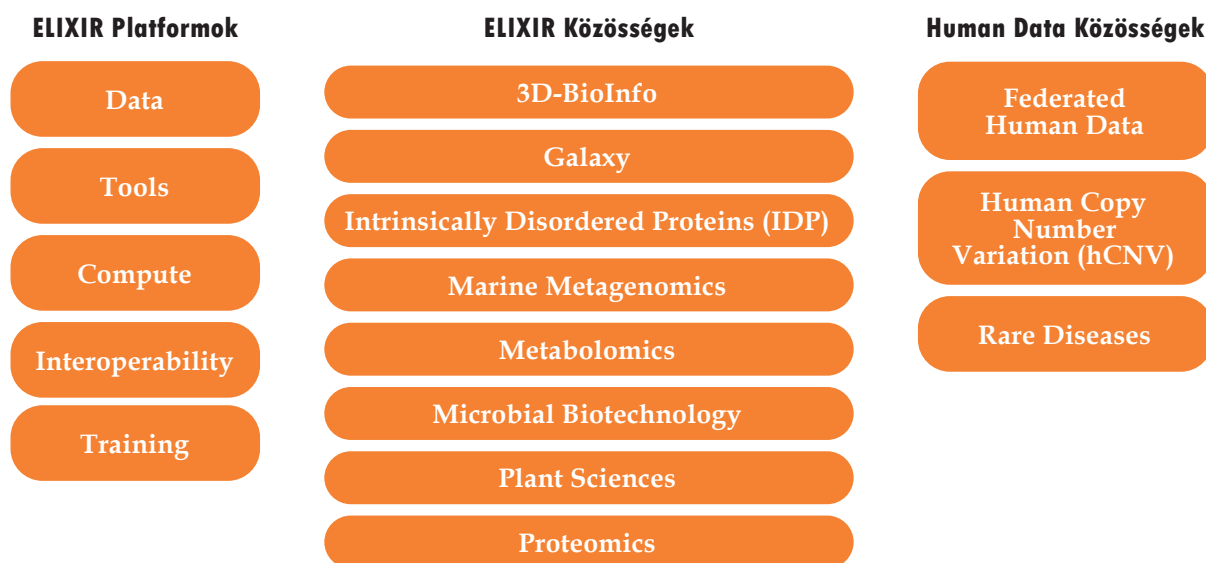
A felhalmozott tudás felhasználásának elősegítése az innovációs szereplők és az ipar által az ELIXIR egyik fontos célkitűzése. Az élettudományban jelenleg előállított nagy mennyiségű adat kezelésére és elemzésére gyakran nagyobb az erőforrásigény, mint ami az agrár-üzleti és a biotechnológiai cégeknek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

Az ELIXIR-en belüli tevékenységek három csoportban szerveződnek:

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

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

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



Az ELIXIR szervezeti egységei

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

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

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

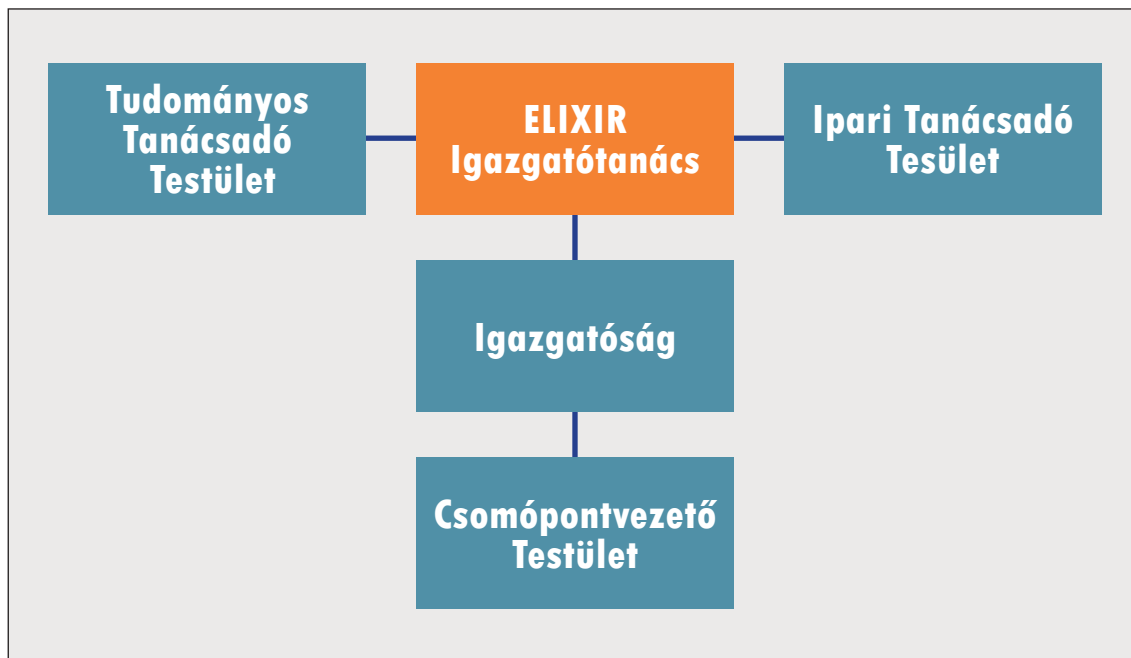
ELIXIR Igazgatótanács (ELIXIR Board): Az ELIXIR legfelsőbb rangú döntéshozó testülete, a tagállamok képviselőiből áll. Az ELIXIR Igazgatótanácsban Magyarországot tudományos delegáltként dr. Patthy László (TTK), adminisztratív delegáltként dr. Tóth Gábor (NKFIH) képviseli.

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

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

Igazgató (Director): Felelős az ELIXIR tudományos munkájának végrehajtásáért, a Csomópontvezető Testület (Heads of Nodes Committee) vezetője. Az ELIXIR igazgatója dr. Niklas Blomberg.

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



Az ELIXIR gazdálkodása

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

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

Infrastruktúra-szolgáltatások (Infrastructure Services): Hosszú távú fejlesztésekhez kapcsolódó feladatok.

Az ELIXIR működési felépítése

A Csomópontok működését a csomópontvezető fogja össze két segítőtől:

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

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

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



AZ ELIXIR MAGYARORSZÁG KONZORCIUM TÖRTÉNETE

2017. JANUÁR 13.

ELIXIR Konzorcium aláírása
Dr. Pálinkás József (NKFIH) által.
Magyarország az ELIXIR tagja lett.

2017. MÁJUS 31.

Első Csomópont-megbeszélés
az MTA Természettudományi
Kutatóközpontban.
Meghatározták a feladatokat
és megválasztották a vezetőség
tagjait.

2017. SZEPTEMBER 18.

Első ELIXIR Csomópontvezetői
konferencián való részvétel
Bázelben.

2017. NOVEMBER 13.

Az ELIXIR Board konferencián
Párizsban a Csomópont
megtervezésének folyamatáról
tartottak rövid áttekintést.

2018. JANUÁR 10.

A magyar Csomópont
jelentkezésének a benyújtása,
amely a csatlakozni vágyó
magyar kutatóintézeteket és
azok szolgáltatásait tartalmazza.

2018. FEBRUÁR 2.

Dr. Györfly Balázs ismerteti
a Csomópont jelentkezési
szándékát a SAB Konferencián
Hinntonban.

2018. ÁPRILIS 24.

Az ELIXIR Igazgatótanácsának
konferenciáján Tel-Avivban
elfogadták a Magyar Csomópont
jelentkezését.

2018. MÁJUS 22.

ELIXIR Csomópont és Oktatás
megbeszélés a Magyar
Tudományos Akadémia
Természettudományi
Kutatóközpontjában.

2019. SZEPTEMBER 16.

Az ELIXIR Hungary vezető kutatóinak találkozója, megbeszélése.

2019. NOVEMBER 23.

Az ELIXIR Igazgatótanácsa jóváhagyta az Együttműködési Szerződést, ezzel többéves szervezés után létrejött a Magyar Csomópont.

2020. JANUÁR 6.

Az első Magyar Csomópont-részvétellel indult projektek kezdete.

HU-2019-PLATFORMS

HU-2019-hCNV

HU-2020-BIOSCHEMAS

HU-2018-IDP

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

A dokumentum mellékletként tartalmazza:

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

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

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



AZ ELIXIR MAGYARORSZÁG KONZORCIUM VEZETŐSÉGE



Dr. Gyórfy Balázs
csomópontvezető
Természettudományi Kutatóközpont



Dr. Barta Endre
technikai koordinátor
Nemzeti Agrárkutatási és Innovációs Központ



Dr. Gyenesei Attila
technikai koordinátor
Pécsi Tudományegyetem



Dr. Bálint Bálint László
oktatási koordinátor
Debreceni Egyetem



Dr. Dosztányi Zsuzsanna
oktatási koordinátor
Eötvös Loránd Tudományegyetem



Konczili Andrea
adminisztrátor
Természettudományi Kutatóközpont



Némethy Viktória
adminisztrátor
Debreceni Egyetem

VEZETŐ KUTATÓK

Dr. Abari Kálmán

Debreceni Egyetem
BTK Pszichológia Intézet
Debrecen



Kutatási területek: *matematikai statisztika pszichológiai alkalmazásai, a tudásterek elmélete, a statisztikai gépi tanulás, mesterséges intelligencia*

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

Dr. Bagdy György

Semmelweis Egyetem
ÁOK Gyógyszerhatástani Intézet
Budapest



Kutatási területek: *pszichiátriai és neurológiai gyakori betegségek genomikája, transzkriptomikája*

A gyakori, komplex pszichiátriai és neurológiai betegségek kialakulásában résztvevő örökletes és környezeti faktorokat, azok összefüggéseit vizsgáljuk. Azokra a betegségekre koncentrálunk, amelyeket mind az örökletes, mind a környezeti faktorok jelentősen befolyásoltak. Ilyenkor a hagyományos (pl. GWAS) megközelítések kevésbé alkalmazhatóak, így részletes adatokra, komplex modellek felállítására és tesztelésére, hagyományos módszerekre és a mesterséges intelligencia alkalmazására egyaránt szükség van.

Dr. Bálint Bálint László

Debreceni Egyetem
ÁOK Biokémiai és Molekuláris Biológiai Intézet
Debrecen



Kutatási területek: *epigenetika, genomika, transzkripció, biomarkerek*

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

ELIXIR Platform részvétel: *Training, Data*

Dr. Barta Endre

Nemzeti Agrárkutató és Innovációs Központ
Mezőgazdasági Biotechnológiai Kutatóintézet
Gödöllő



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

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

ELIXIR Platform részvétel: *Training, Data, Tools*

Dr. Barta Zoltán

Debreceni Egyetem
TTK Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszék
Debrecen



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

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

Dr. Bödör Csaba

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



Kutatási területek: *onkohematológia, klonális evolúció*

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

ELIXIR Platform részvétel: *Data*

<https://scholar.semmelweis.hu/bodorc/>

Dr. Csabai István

Eötvös Loránd Tudományegyetem
TTK Fizikai Intézet
Budapest



Kutatási területek: *genomika, BigData, mesterséges intelligencia*

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

ELIXIR Platform részvétel: *Data, Tools*

<http://csabaibio.elte.hu/>

Dr. Csősz Éva

Debreceni Egyetem
ÁOK Biokémiai és Molekuláris Biológiai Intézet
Debrecen



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

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

ELIXIR Community részvétel: *Proteomics*

Dr. Dosztányi Zsuzsanna

Eötvös Loránd Tudományegyetem
TTK Biokémia Tanszék
Budapest



Kutatási területek: *bioinformatikai, rendezetlen fehérjék, szerkezeti predikciók*

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

ELIXIR Community részvétel: *Intrinsically Disordered Proteins*

Dr. Emri Tamás

Debreceni Egyetem
TTK Molekuláris Biotechnológiai és Mikrobiológiai Tanszék
Debrecen



Kutatási területek: *fonalas gombák stresszválaszainak vizsgálata, kombinatorikus stresszválaszok, szekunder metabolittermelés*

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

Dr. Garamszegi László Zsolt

Ökológiai Kutatóközpont
Ökológiai és Botanikai Intézet
Vácrátót



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

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

Dr. Gyenesei Attila

Pécsi Tudományegyetem
Szentágotthai János Kutatóközpont
Pécs



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

Dr. Győrffy Balázs

Természettudományi Kutatóközpont
Enzimológiai Intézet
Budapest



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

Dr. Harrach Balázs

Agrártudományi Kutatóközpont
Állatorvos-tudományi Intézet
Budapest



ATK ÁOTI
ÁLLATORVOS-TUDOMÁNYI INTÉZET



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

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

Dr. Kenessey István

Országos Onkológiai Intézet
Budapest



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

Dr. Miklós Dezső

Rényi Alfréd Matematikai Kutató Intézet
Budapest



Kutatási területek: *extremiális kombinatorikai módszerek a bioinformatikában*

A Magyar Bioinformatikai Társaság egyik alapítója, sok éven át alelnöke voltam. Aktívan részt vettem a hazai ELIXIR-program létrejöttében. Fő kutatási területem a bioinformatikai problémákban előforduló extremiális mintázatok keresése. Foglalkozom hálózatelemzésekkel, periodikus mintázatok keresésével.

Dr. Miklós István

Rényi Alfréd Matematikai Kutató Intézet
Budapest



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

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

Dr. Monostory Katalin

Természettudományi Kutatóközpont
Enzimológiai Intézet
Budapest



Kutatási területek: *gyógyszer-metabolizáló enzimek genetikai polimorfizmusa ('single nucleotide polymorphisms' és kópiaszám-változások) és fenotípusos megjelenése, SNP- és CNV-meghatározási metodikák fejlesztése, kópiaszám-változás daganatos sejtekben*

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

ELIXIR Platform részvétel: *Tools*

ELIXIR Community részvétel: *Human Copy Number Variation*

Dr. Simon István

Természettudományi Kutatóközpont
Enzimológiai Intézet
Budapest



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

A magyar Bioinformatikai Társaság elnöke vagyok, aktívan részt vettem a hazai ELIXIR-program létrehozásában. Csoportomban számos, széles körben használt becslő módszer és adatbázis készült. Jelenleg egymást kölcsönösen rendező, monomer formában rendezetlen fehérjék vizsgálatával foglalkozom.

Dr. Solymosi Norbert

Állatorvostudományi Egyetem
Bioinformatikai Központ
Budapest



Kutatási területek: *epidemiológia, genomika*

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

Dr. Sramkó Gábor

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



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

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

ELIXIR Platform részvétel: *Tools, Training*

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

Dr. Patthy László

Természettudományi Kutatóközpont
Enzimológiai Intézet
Budapest



Kutatási területek: *genomevolúció, fehérjeevolúció, funkcionális genomika, bioinformatika*

Az általam vezetett csoport elsősorban genomevolúcióval, genomotációval, a fehérjekódoló gének szerkezetének és a fehérjék funkciójának predikciójával foglalkozik. A bioinformatikai munkák mellett néhány, általunk azonosított, orvosi szempontból fontos fehérje (pl. az izomfejlődés szabályozásában szerepet játszó WFIKK1 és WFIKK2 fehérjék) szerkezetét és funkcióját is vizsgáljuk kísérletes módszerekkel.

Dr. Szász Attila Marcell

Semmelweis Egyetem
ÁOK Bioinformatikai Tanszék
Budapest



Kutatási területek: *szolid tumorok, biomarkerek*

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

ELIXIR Community részvétel: *Proteomics*

Dr. Than Nándor Gábor

Természettudományi Kutatóközpont
Enzimológiai Intézet
Budapest



Kutatási területek: *perinatológia, reprodukzív 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, szabályzási hálózatainak leírása, biomarkerek és gyógyszer-hatáspontok azonosítása.

Dr. Tusnády Gábor

Természettudományi Kutatóközpont
Enzimológiai Intézet
Budapest



Kutatási területek: *bioinformatika, transzmembrán fehérjék, adatbázisok*

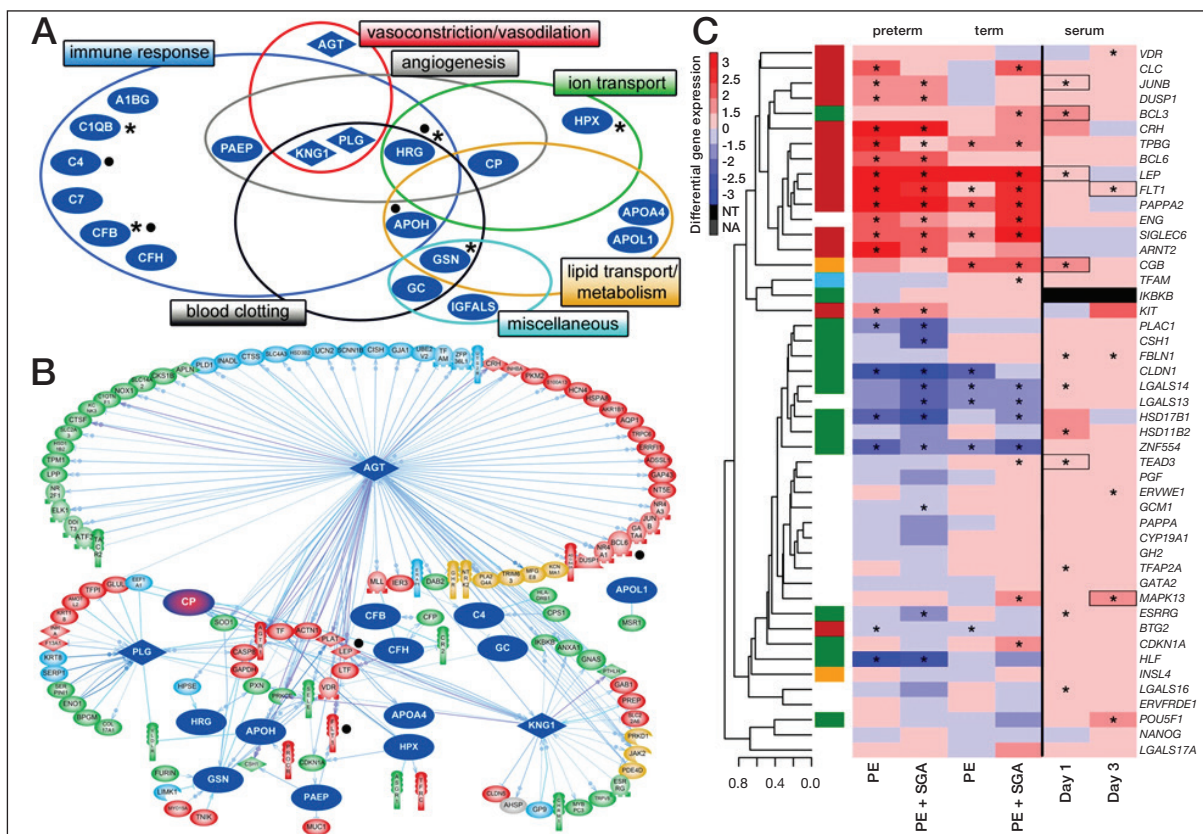
Kutatási területünk a membrán fehérjék topológiájának és 3D-s szerkezetének vizsgálata modern bioinformatikai eljárások kifejlesztésén keresztül (CCTOP, TMFoldRec), valamint adatbázisok létrehozása, amelyek a transzmembrán fehérjék topológiájával és szerkezetével kapcsolatosak (HTP, PDBTM, TOPDB, TOPDOM),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

ELIXIR Community részvétel: *3D BioInfo*

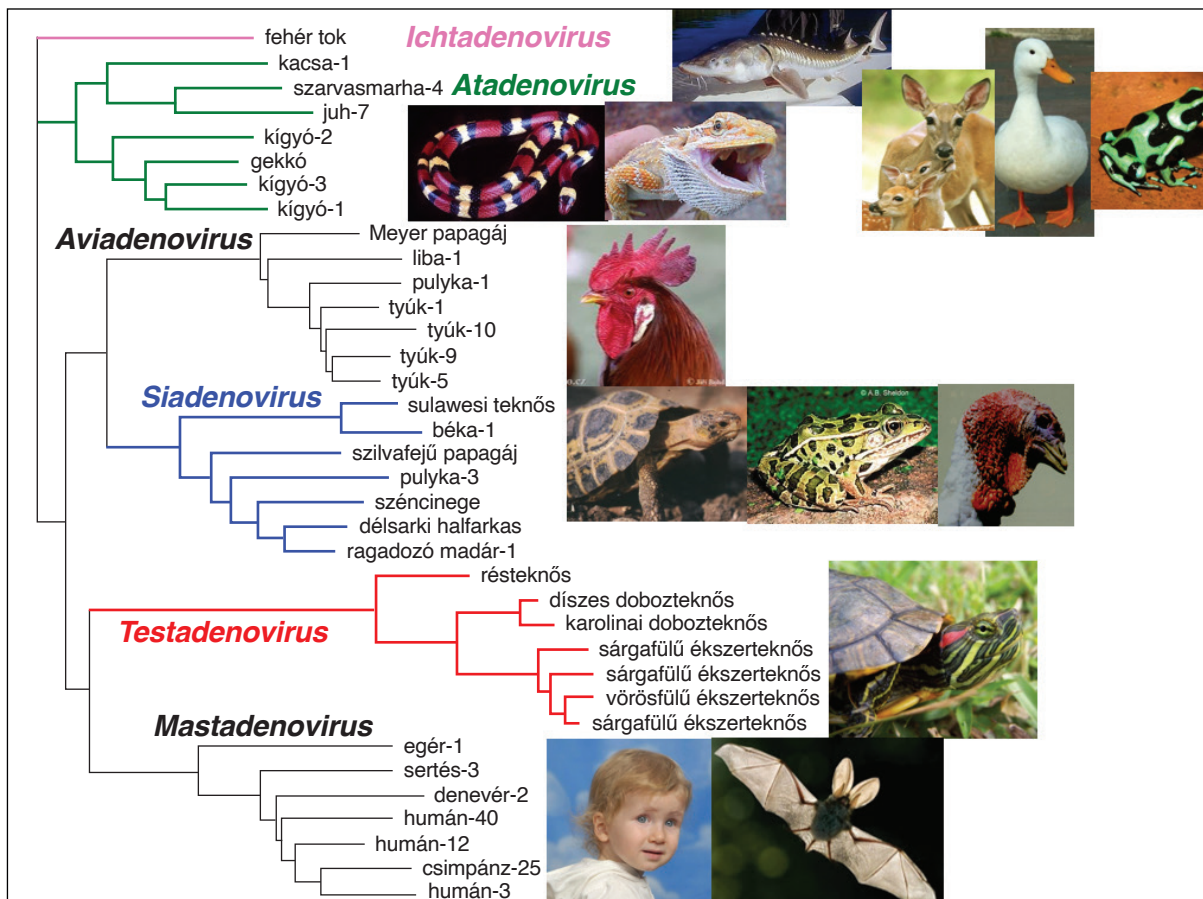
A KONZORCIUMI TANÁCS KAPCSOLATTARTÓI

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

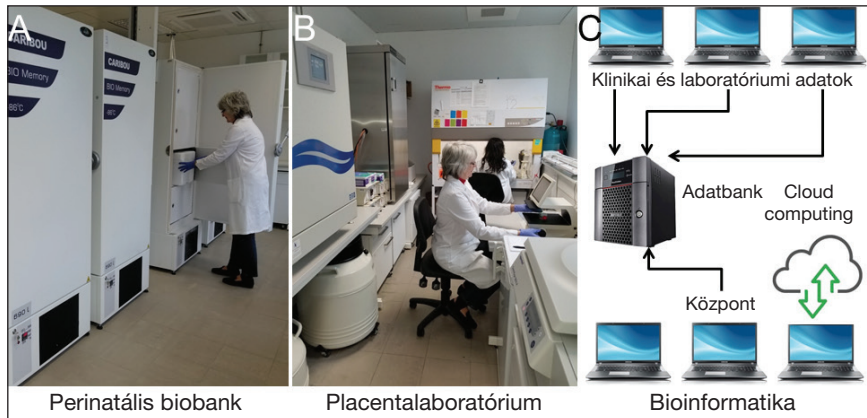




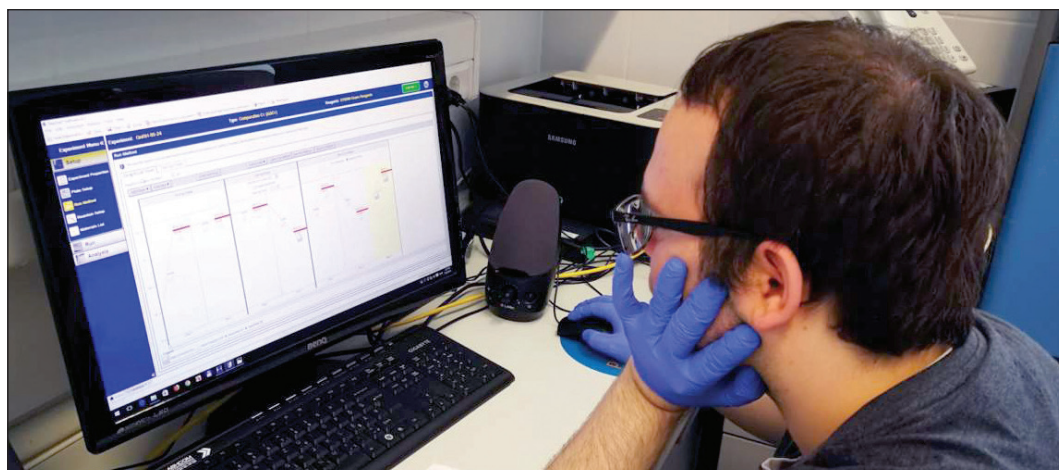
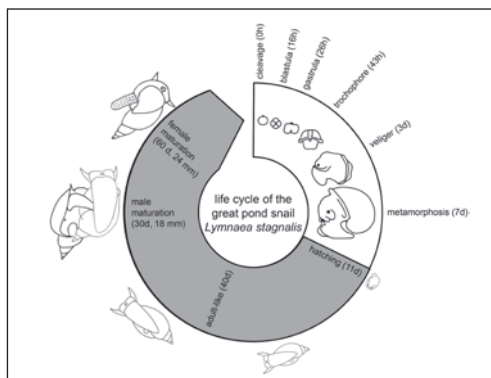
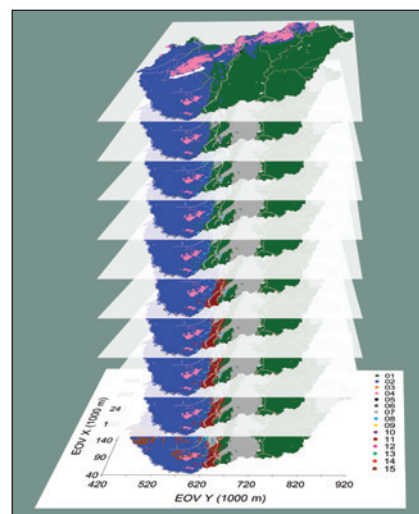
A terhességi toxémia molekuláris útvonalainak rendszerbiológiai vizsgálatai. A dr. Than Nándor Gábor vezette kutatócsoport munkája



A dr. Harrach Balázs vezette kutatócsoport munkája



Dr. Than Nándor Gábor kutatócsoportjának kutatási infrastruktúrája a TTK-ban



A dr. Pirger Zsolt vezette kutatócsoport munkái

PHD-HALLGATÓK

Dr. Bartha Áron
Semmelweis Egyetem
ÁOK Bioinformatika Tanszék
Budapest



Kutatási terület: *transzkriptom alapú adatok elemzése tumoros, normál és metasztatikus szövetminták alapján*
Témavezető: *dr. Györfly Balázs*

Kutatásaim során főképp tumoros, normál és metasztatikus szövetek transzkriptom szintű elemzésével foglalkozom. Munkánk során létrehoztunk egy adatbázist RNS-szekvenálás és génchipvizsgálatok felhasználásával, mely alapjául szolgál egy webes felületnek. A tnmplot.com oldal segítségével lehetővé válik a daganatos, normál és áttétes szövetminták expressziós szintű összehasonlítása több mint 30 tumortípusban mintegy 20.000 génre.

Erdős Edina
Debreceni Egyetem
ÁOK Biokémiai és Molekuláris
Biológiai Intézet
Debrecen



Kutatási terület: *magreceptorok általi kötődésemények genomszintű vizsgálata különböző eredetű daganatsejtekben*

Témavezető: *dr. Bálint Bálint László*

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

Gálik Bence
Pécsi Tudományegyetem
Szentágotthai János Kutatóközpont
Pécs



Kutatási terület: *nem kissejtes tüdőrák (NSCLC) miRNS NGS alapú expressziós profilozása bioinformatikai elemzéssel és biomarker-kutatás a pontosabb diagnosztika és prognózis segítése érdekében*
Témavezetők: *dr. Jacek Nikliński, dr. Gyenesei Attila*

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

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



Kutatási terület: *gyermekkori ALL genomikai és transzkriptomikai profiljának meghatározása NGS-vizsgálatok bioinformatikai elemzésével*
Témavezetők: *dr. Alpár Donát, dr. Sebestyén Endre*

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

Fodor István
Ökológiai Kutatóközpont
Balatoni Limnológiai Intézet
Tihany



Kutatási terület: *gerinctelen neurobiológia, neuro-endokrinológia*
Témavezető: *dr. Pirger Zsolt*

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

Konrád Krisztina Dóra
Ökológiai Kutatóközpont
Balatoni Limnológiai Intézet
Tihany



Kutatási terület: *Magyarország potenciális természetes vegetációjának mintázatelemzése*
Témavezetők: *dr. Somodi Imelda, dr. Bede-Fazekas Ákos*
Kutatásom alapját a Magyarország területére készített, többretegű potenciális természetesvegetáció-becslés jelenti. Ezt felhasználva céloom (1) vegetációs tájbeosztás létrehozása, (2) a potenciális vegetáció szempontjából legtöbb információt hordozó térlepték meghatározása. Érdeklődési körömbe tartozik az R nyelven való programozás, jelen vizsgálataimat ennek segítségével végzem.

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



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

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

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

Laczkó Levente
Debreceni Egyetem
TTK Biológiai és Ökológiai Intézet
Debrecen



Kutatási terület: *növény- és állatfajok filogeográfiai vizsgálata genomi megközelítéssel*
Témavezető: *dr. Sramkó Gábor*

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

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



Kutatási terület: *prognosztikus biomarkerek vizsgálata különböző daganattípusokban*
Témavezető: *dr. Győrffy Balázs*

A munkám során elsősorban prognosztikus biomarkerek azonosításával foglalkozom különböző daganattípusok esetén. A vizsgálataimban célunk az adatbázis-építés, amely új generációs szekvenálási adatokból (többek között RNS-szekvenálási), valamint microarray-gén-chip adatokból tevődik össze. A túléléselemzések során vizsgálom egy génmutáció által befolyásolt transzkriptomikus változások túlélésre kifejtett hatását, valamint közvetlenül a génmutáció vagy a génexpresszió prognosztikus hatását. Mindezek mellett részt veszek a MuTarget rendszer (http://mutarget.com) fejlesztésében, amely segítségével lehetővé válik a génmutációk transzkripcióra gyakorolt hatásának, valamint az egyes génexpressziós eltérések génmutációs változásokkal való összefüggésének a vizsgálata különböző daganattípusok esetén.

Kumar Ajneesh
Debreceni Egyetem
ÁOK Biokémiai és
Molekuláris Biológiai Intézet
Debrecen



Kutatási terület: *antimikrobiális és immunmodulátor peptidok, proteomikai bioinformatika*
Témavezető: *dr. Csósz Éva*

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

Maher Alnajjar
Szent István Egyetem
NAIK Mezőgazdasági és
Biotechnológiai Kutatóintézet
Gödöllő



Kutatási terület: *humán és egér transzkripció faktor kötőhelyek*

Témavezető: *dr. Barta Endre*

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

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



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

Témavezető: *dr. Bödör Csaba*

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

Nagy Nikoletta Andrea
 Debreceni Egyetem
 TTK Biológiai és Ökológiai Intézet
 Debrecen



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

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

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



Kutatási terület: *háziyűl allélspecifikus RNS-expresszió vizsgálata*
Témavezető: *dr. Barta Endre*

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

Udvarnoki Zoltán András
 Eötvös Loránd Tudományegyetem
 TTK Fizikai Intézet
 Budapest



Kutatási terület: *gépi tanulás alkalmazása a bioinformatikában*
Témavezető: *dr. Csabai István*

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

Erdenetseteg Nokhoijav
 Debreceni Egyetem
 ÁOK Biokémiai és Molekuláris Biológiai Intézet
 Debrecen



Kutatási terület: *proteomikai és metabolomikai analízisek nagy populációkat érintő betegségekben*
Témavezető: *dr. Csósz Éva*

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

Pipek Orsolya
 Eötvös Loránd Tudományegyetem
 TTK Fizikai Intézet
 Budapest



Kutatási terület: *bioinformatika, NGS-adatok elemzése, mutációdetektálás*
Témavezető: *dr. Csabai István*

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

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

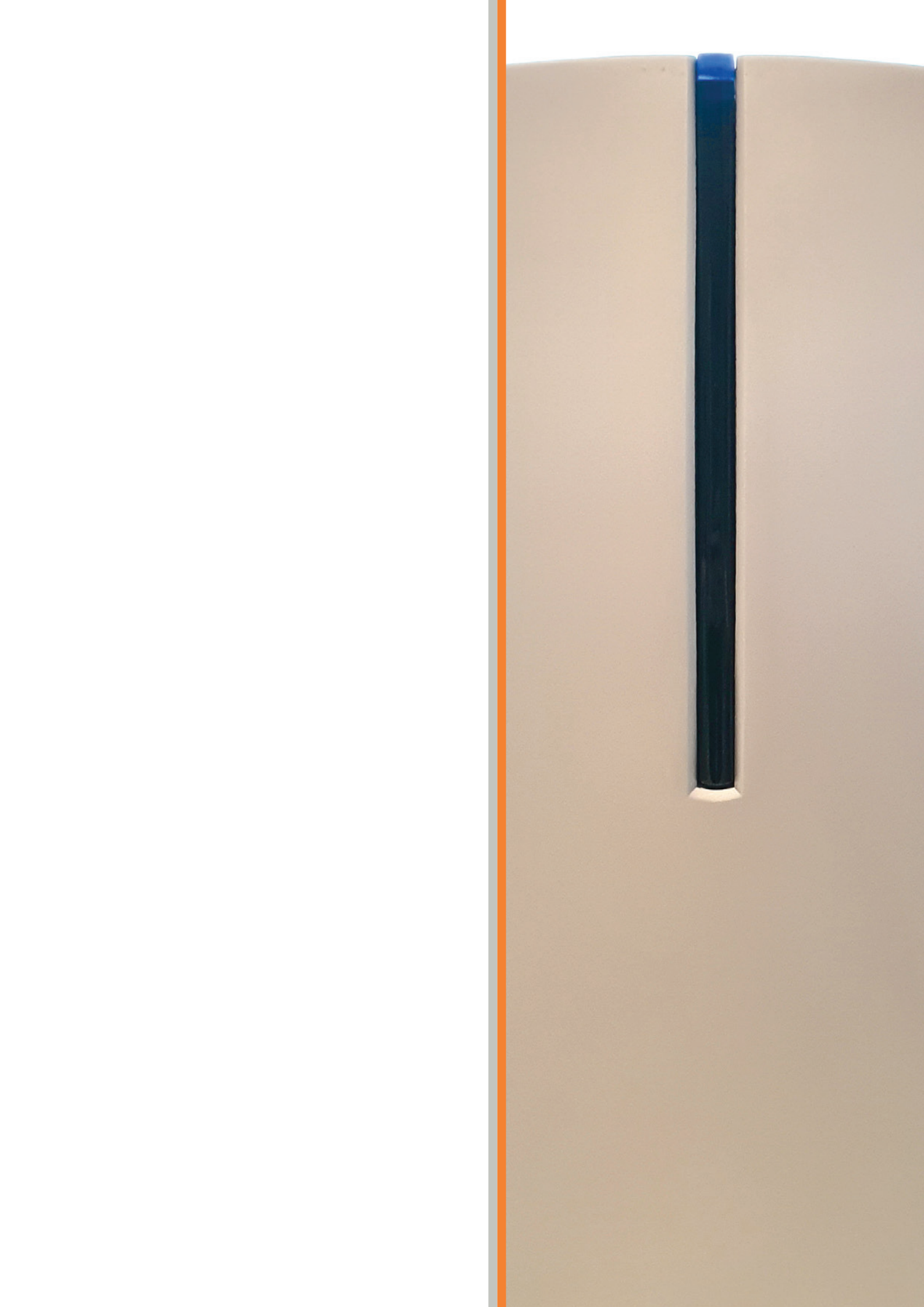


Kutatási terület: *daganatos megbetegedésekben előforduló mutációk biológiai funkciójának vizsgálata rendszerbiológiai módszerekkel*
Témavezető: *dr. Sebestyén Endre*

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

További PhD-hallgatók az ELIXIR kutatócsoportokban

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



NYITOTT PHD TÉMÁK

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

Név	Téma	Intézet, Doktori Iskola	E-mail
Dr. Gyórfy Balázs	Roszzindulatú daganatok heterogenitásának klinikai hatásai	Semmelweis Egyetem	gyorffy.balazs@med.semmelweis-univ.hu
Dr. Gyórfy Balázs	Multi-omika alapú biomarkerek azonosítása szolid tumorokban	Semmelweis Egyetem	gyorffy.balazs@med.semmelweis-univ.hu
Dr. Harrach Balázs	Állati adenovírusok diverzitása és filogenetikája	Állatorvostudományi Egyetem ÁOT Doktori Iskola	harrach.balazs@agrar.mta.hu
Dr. Horváth Péter	3D képanalitikai és gépi tanulási módszerek fejlesztése idegsejtek közötti kommunikáció megértésére	Szegedi Tudományegyetem	horvath.peter@brc.mta.hu
Dr. Horváth Péter	Intelligens mikroszkóprendszerek fejlesztése	Interdiszciplináris Orvostudományok Doktori Iskola	horvath.peter@brc.mta.hu
Dr. Monostory Katalin	Metabolikus gyógyszerkölsönhatások vizsgálata	Semmelweis Egyetem Gyógyszerésztudományok Doktori Iskola	monostory.katalin@ttk.mta.hu
Dr. Pongor Sándor	Bioinformatika, proteomika	Pázmány Péter Katolikus Egyetem	pongor.sandor@itk.ppke.hu
Dr. Sebestyén Endre	Transzkripció adaptáció és minimális génszabályozó hálózatok rákban: rendszerbiológiai modellek és mutáns fenotípusok pontosabb megértéséhez	Semmelweis Egyetem, Patológiai Tudományok Doktori Iskola	simon.istvan@ttk.mta.hu
Dr. Szász Attila Marcell	Biomarkerek szolid daganatokban	Semmelweis Egyetem	szaszam@gmail.com
Dr. Solymosi Norbert	Antimikrobiális rezisztencia mesterségesintelligencia-alapú genomikai vizsgálata	Állatorvostudományi Egyetem ÁOT Doktori Iskola	solymosi.norbert@univet.hu
Dr. Sramkó Gábor	Molekuláris filogenetikai vizsgálatok növény- és állatfajok körében	Debreceni Egyetem Juhász-Nagy Pál Doktori Iskola	sramko.gabor@science.unideb.hu
Dr. Than Nándor Gábor	A nagy születési kórképek patomechanizmusainak korai predikciója és diagnózia	Semmelweis Egyetem	than.gabor@ttk.mta.hu
Dr. Than Nándor Gábor	Az anyai-magzati kapcsolat sejtes és molekuláris szintű immunszabályozása	Eötvös Loránd Tudományegyetem Biológia Doktori Iskola	than.gabor@ttk.mta.hu
Dr. Tózsér József	HIV-1/HIV-2 kettős fertőzés: a virális interferencia és a celluláris proteóm változásának analízise	Debreceni Egyetem Molekuláris Sejt- és Immunbiológia Doktori Iskola	tozser@med.unideb.hu
Dr. Tózsér József	Retrovirális Gag fehérjékkel homológ eukarióta fehérjék jellemzése és a részvételükkel képződő vírusszerű részecskék vizsgálata	Debreceni Egyetem Molekuláris Sejt- és Immunbiológia Doktori Iskola	tozser@med.unideb.hu
Dr. Tusnády Gábor	A transzmembránfehérjék postai címzése	Eötvös Loránd Tudományegyetem Biológia Doktori Iskola	tusnady.gabor@ttk.mta.hu
Dr. Tusnády Gábor	Transzmembrán fehérjék bioinformatikai vizsgálata	Eötvös Loránd Tudományegyetem Biológia Doktori Iskola	tusnady.gabor@ttk.mta.hu

ELIXIR-CONVERGE

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

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

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

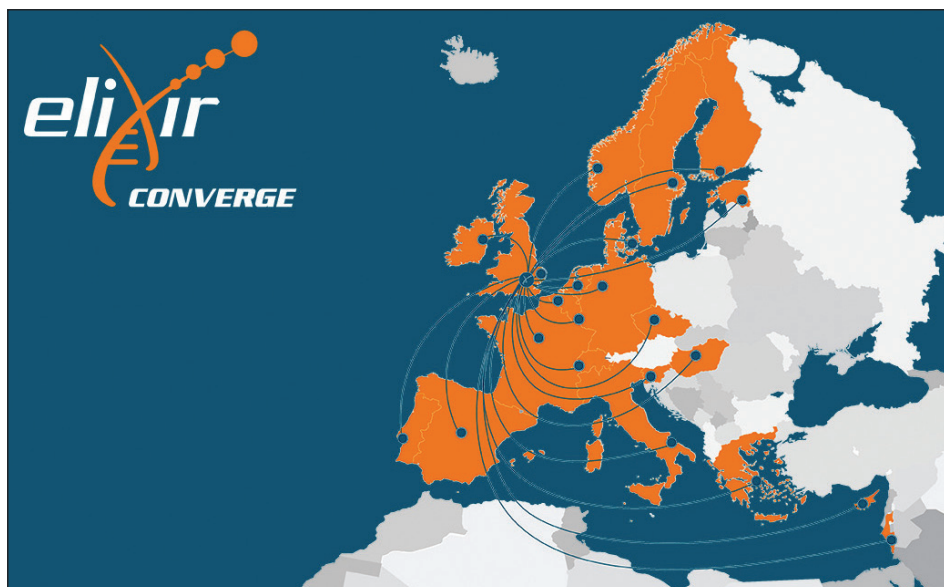
számára, hogy az ismereteikből nyerjék ki az élettudomány nagy, változatos és elosztott adatkészleteit.

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

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

Az ELIXIR-CONVERGE-ben a magyar részvételt koordinálják:

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



Az ELIXIR-CONVERGE célkitűzései:

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

Munkacsomagok (Work Packages/WPs) és vezetőik:

WP1: Szakértői hálózat (Expert network)

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

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

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

WP3: Közös adatmenedzsment eszköztár (Common Data Management Toolkit)

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

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

(Andrew Smith [ELIXIR Hub], Corinne Martin [ELIXIR Hub])

WP5: Hasznosítási projektek (Demonstrator Projects)

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

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

(Juan Arenas Marquez [ELIXIR Hub], Hannah Hurst [ELIXIR Hub])



ONKOLÓGIAI KUTATÁSOK AZ ELIXIR MAGYARORSZÁG KONZORCIUM KUTATÓCSOPORTJAIBAN

Onkológiai Biomarker Kutatócsoport, Természettudományi Kutatóközpont

Csoportvezető: dr. Györfly Balázs

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

Metabolikus Gyógyszer-kölcsönhatások Kutatócsoport, Természettudományi Kutatóközpont

Csoportvezető: dr. Monostory Katalin

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

Személyre szabott Orvoslás Kutatócsoport, Debreceni Egyetem

Csoportvezető: dr. Bálint Bálint László

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

Molekuláris Onkohematológia Kutatócsoport, Semmelweis Egyetem

Csoportvezető: dr. Bödör Csaba

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

Bioinformatika Tanszék, Semmelweis Egyetem

Csoportvezető: dr. Szász Attila Marcell

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

Bioinformatikai Kutatócsoport, Pécsi Tudományegyetem, Szentágotthai János Kutatóközpont

Csoportvezető: dr. Gyenesei Attila

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

Nemzeti Rákregiszter, Országos Onkológiai Intézet

Csoportvezető: *dr. Kenessey István*

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

További információk:

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



Molekuláris Onkohematológia Kutatócsoport, Semmelweis Egyetem



Metabolikus Gyógyszerköcsönhatások Kutatócsoport, Természettudományi Kutatóközpont



Onkológiai Biomarker Kutatócsoport, Természettudományi Kutatóközpont

COVID-19-KUTATÁSOK AZ ELIXIR MAGYARORSZÁG KONZORCIUM KUTATÓCSOPORTJAIBAN

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

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

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

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

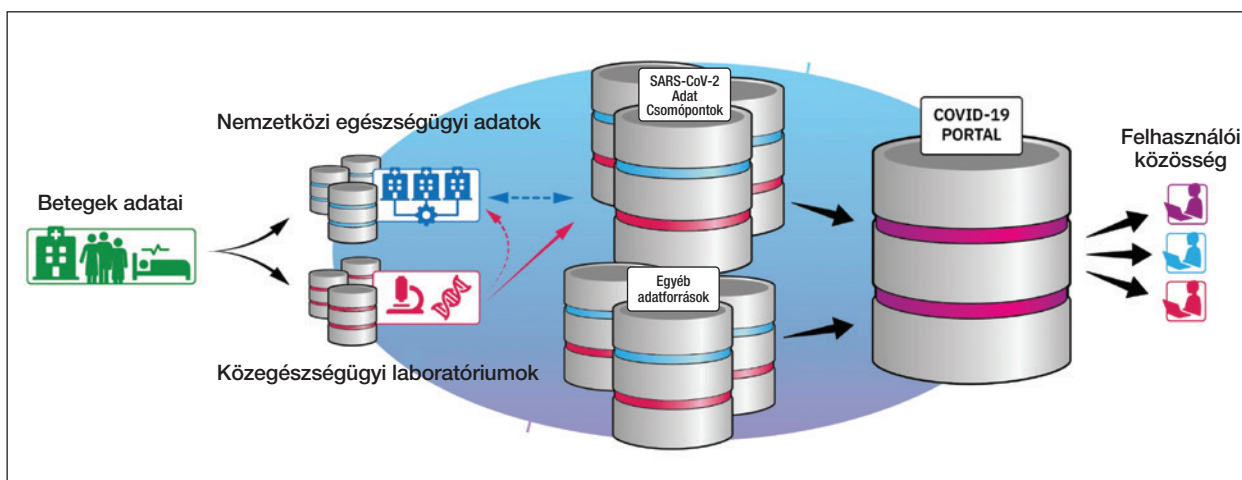
Az európai COVID-19 adatplatform két összekapcsolt részből áll:

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

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

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

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



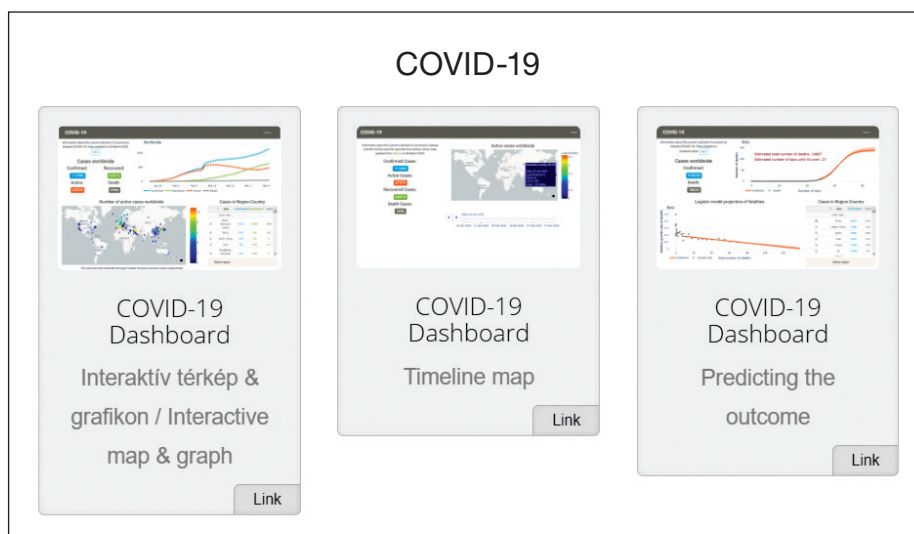
Forrás: <https://www.covid19dataportal.org/partners>

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

Dr. Csabai István és csoportja (Eötvös Loránd Tudományegyetem)

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

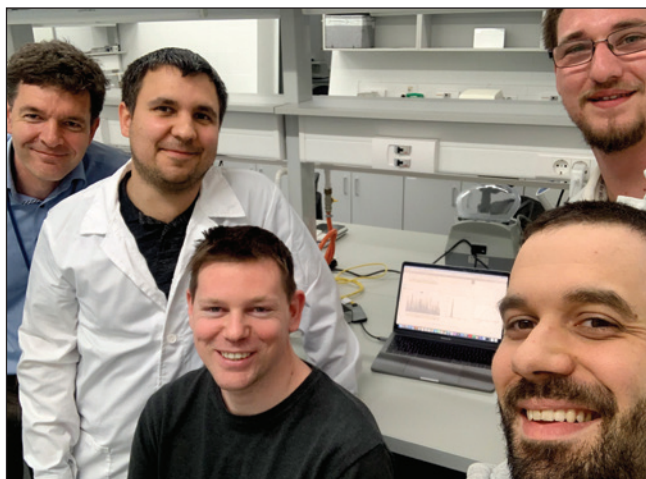
<http://csabaibio.elte.hu/tools/veo/covid19.html>



Bioinformatikai Kutatócsoport (Pécsi Tudományegyetem, Szentágotthai János Kutatóközpont)

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

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



SZOLGÁLTATÁS: GALAXY SZERVER

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

<https://usegalaxy.eu/>

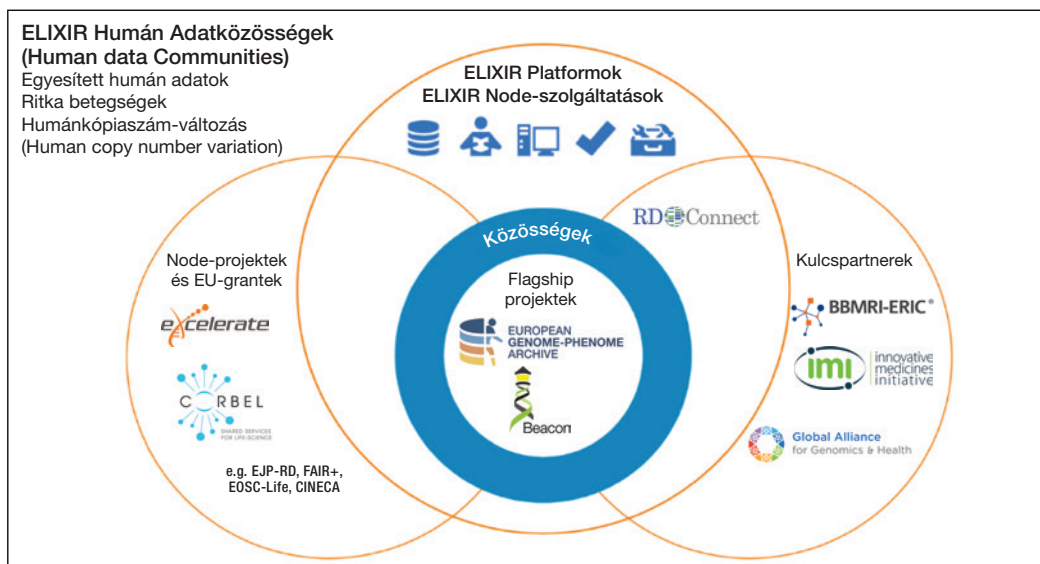
SZERVER: EGA

Az Európai Genomfenom-Archívum (EGA) célja a humán genetikai és fenotípusadatok megosztásának felgyorsítása összhangban a helyi etikai szabályokkal és a nemzetközi szabványokkal, így lehetővé téve a molekuláris orvostudomány fejlődését.

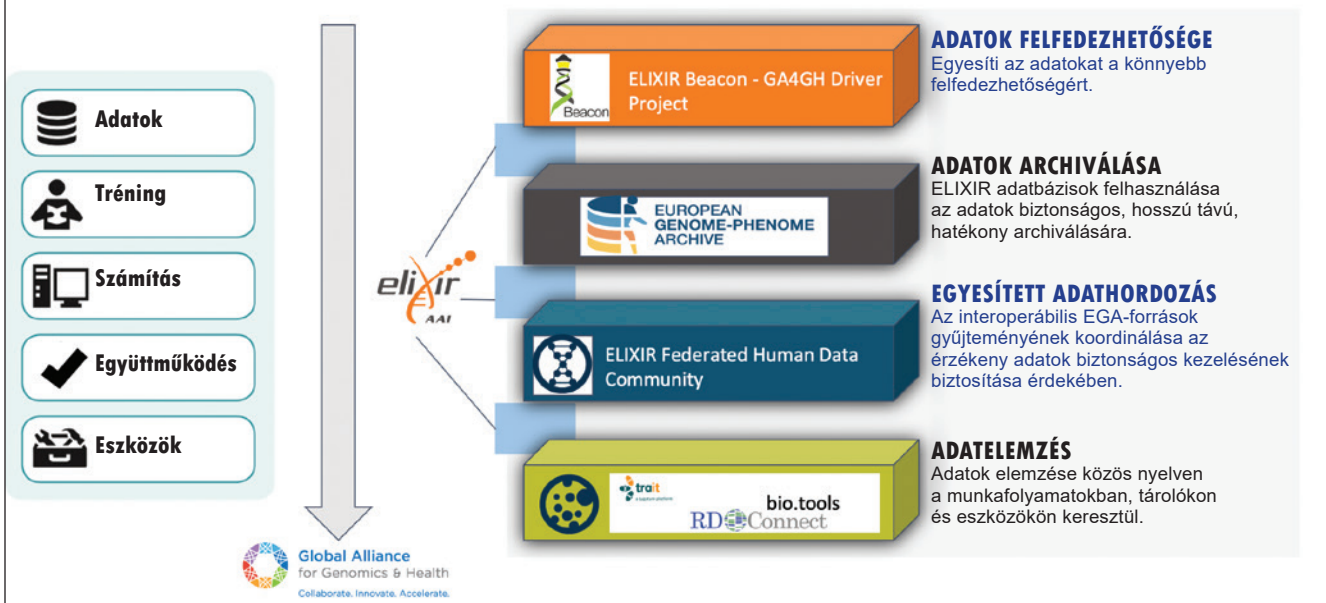
Az EGA erőforrás az orvosbiológiai kutatási projektekből származó, potenciálisan azonosítható, biomolekuláris és fenotípusos adatok bármilyen fajtájának állandó, biztonságos archiválására és megosztására. Az ehhez szükséges adatokat a kutatóközpontok és egészségügyi intézmények szolgáltatják. Az EGA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

Az EGA-t az EBI (European Bioinformatics Institute) hozta létre 2008-ban, jelenlegi célja, hogy az ELIXIR Europe segítségével erősítse az adatmegosztást a személyre szabott orvoslás fejlesztésére.

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



ELIXIR HUMÁN GENOMIKAI & TRANSZLÁCIÓS ADATOK



EURÓPAI LEVELEZŐLISTÁK

Az ELIXIR nagy hangsúlyt fektet a közös munkára a Csomópontok között, ezért létrehoztak egy kiterjedt levelezőlista-rendszert. Az ELIXIR-tagországok kutatói az Intraneten keresztül csatlakozhatnak a különböző, számukra érdekes levelezőlistákra, miután regisztráltak az ELIXIR oldalán. Ezen levelezőlisták a Platform és Közösségek rendszerére épülnek. Az ELIXIR-közösség minden témának felelősöket jelöl meg, akik irányítják a munkát. A témákon belül találhatóak munkacsomagok (Work packages – WP), amelyek konkretizálják az egyes célokhoz szükséges lépéseket. A közös célok megálapítása kulcsfontosságú a munka előrehaladása szempontjából, illetve ezen levelezőlistákat kiegészítve online meetingek is rendszeresek.

Platform csoportok:

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

Community csoportok:

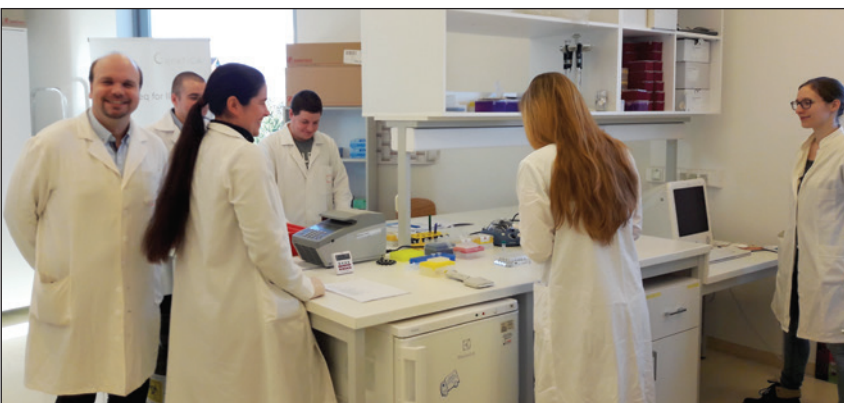
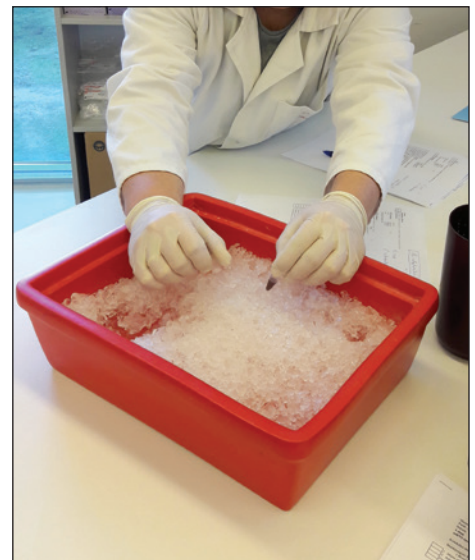
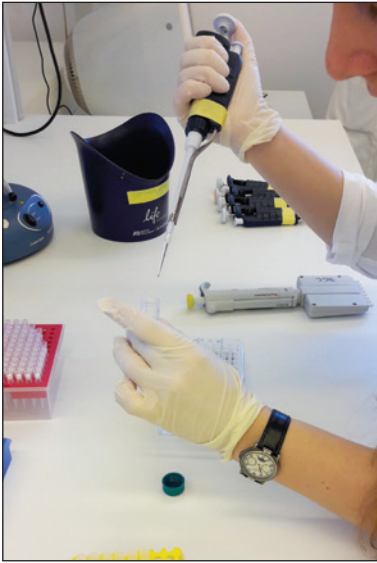
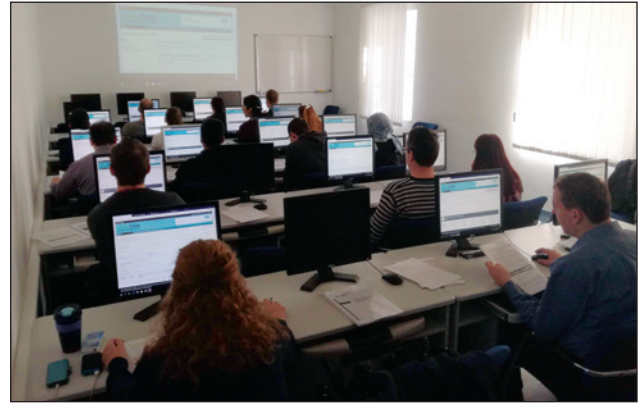
- 3D-BioInfo
- Human Data
- Galaxy
- Human Copy Number Variation (hCNV)
- Human Data: Beacon
- Intrinsically Disordered Protein (IDP)
- Marine Metagenomics
- Metabolomics
- Microbial Biotechnology
- Plant Sciences
- Proteomics
- Rare Diseases

Egyéb csoportok:

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

MAGYAR ELIXIR-ESEMÉNYEK (2015–2019)

Intézmény	Kar, intézet	Esemény neve	Kurszusvezető	Időpont
Semmelweis Egyetem	ÁOK I. Sz. Patológiai és Kísérleti Rákkutató Intézet	Data Carpentry	Dr. Sebestyén Endre	2019. 04. 17–18.
Debreceni Egyetem	ÁOK Biokémiai és Molekuláris Biológiai Intézet	Train the Trainer workshop	Dr. Bálint Bálint László	2019. 02. 18–19.
Debreceni Egyetem	ÁOK Biokémiai és Molekuláris Biológiai Intézet	Bioinformatics Training Tools	Dr. Marko Vidak, Dr. Berenice Batut	2019. 02. 20.
Debreceni Egyetem	ÁOK Biokémiai és Molekuláris Biológiai Intézet	Introduction to R programming (Software Carpentry workshop)	Dr. Marco Chiapello, Dr. Fotis Psomopoulos	2018. 11. 17–18.
Debreceni Egyetem	ÁOK Biokémiai és Molekuláris Biológiai Intézet	RNA Seq Data Analysis by using the Galaxy platform	Dr. Scholtz Beáta	2018. 11. 17–18.
Debreceni Egyetem	ÁOK Biokémiai és Molekuláris Biológiai Intézet	RNS-szekvenálás a gyakorlatban	Dr. Bálint Bálint László	2018. 01. 29. – 02. 02.
Semmelweis Egyetem	ÁOK Genomikai Medicina és Ritka Betegségek Intézete	Alap bioinformatikai ismeretek új generációs szekvenáláshoz	Dr. Molnár Mária Judit	2017. 12. hó
Semmelweis Egyetem	ÁOK Genomikai Medicina és Ritka Betegségek Intézete	OFTEX-kurszus: Bioinformatika	Dr. Molnár Mária Judit	2015. 10. hó



2019/20-BAN MEGRENDEZETT BIOINFORMATIKAI KURZUSOK

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

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

ELTE Biológia MSc angol nyelvű Bioinformatika specializáció kurzusok:

Specializációfelelős: dr. Dosztányi Zsuzsanna

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

Adatintenzív és Nyitott Tudomány Program, Debreceni Egyetem

Koordinátor: dr. Bálint Bálint László

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

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

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

2020. július 2.

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



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