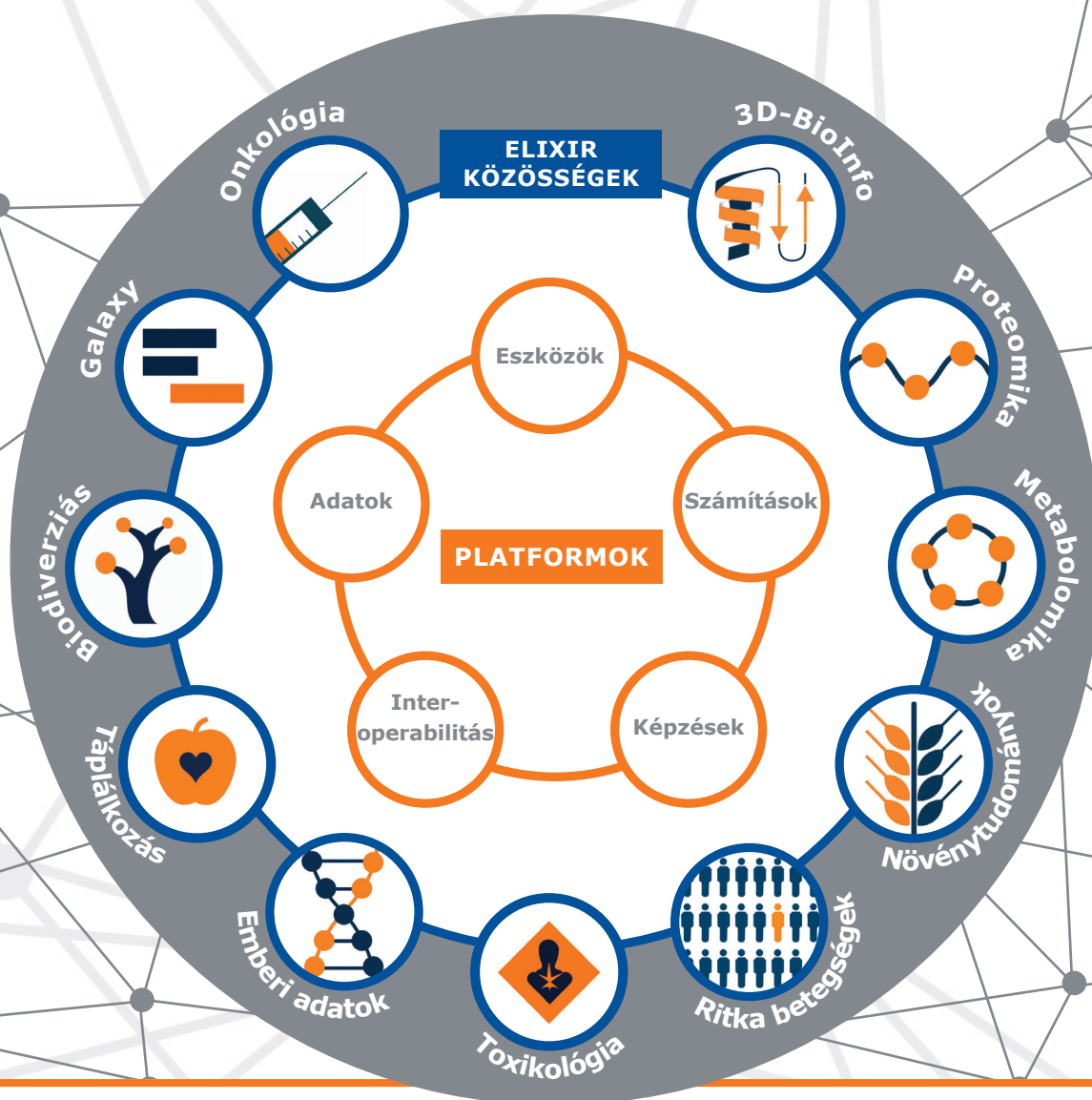


BIOINFORMATIKA

A jövő új tudományága



KÖSZÖNTŐ

Tisztelt Olvasó!

Öt éve indult az ELIXIR Magyarország konzorcium munkája. Tekintsük át, hogy hova jutottunk ennyi idő alatt:

- Az ELIXIR Magyarország **tíz kollaborációs projektbe került be**, amelyek révén magyar kutatók más országok ELIXIR-es kutatóival tudtak együttműködni.
- Összefogtuk a Magyarországon kifejlesztett **bioinformatikai eszközöket és adatbázisokat**, amelyeket jelen kiadványunkban külön is listázunk.
- A bioinformatika végre Magyarországon is **önálló tudományágként lett elismertve**, megalakult az MTA Bioinformatikai Osztályközi Tudományos Bizottsága, megtörtént az első bioinformatikai MTA doktora cím védelme.
- **Az egyetemi képzések palettája** jelentősen kiszélesedett, jelenleg nyolc magyar egyetemen folyik bioinformatika témájú oktatás.
- Minden évben megszerveztünk egy **ELIXIR konferenciát** és egy **MABIT konferenciát**, ahol lehetőséget kaptak a vezető kutatók és a PhD hallgatók bioinformatikai projektjeik bemutatására.
- Az ELIXIR Magyarország vezető kutatóinak részvételével évente kb. kétszáz bioinformatikai elemzést vagy módszert tartalmazó **tudományos közlemény** jelent meg.



Meg kell itt azt is említenünk, amit nem tudtunk elérni: az ELIXIR csomópontok közül mindössze kettő (a magyar és az ír) nem rendelkezik nemzeti forrásból származó saját költségvetéssel. Folyamatosan keressük a lehetőséget, hogy az eszközök és adatbázisok fenntartására, az új fejlesztésekre, a tudományos konferenciákra, a képzési programokra, valamint a tudományos projektekre anyagi forrást tudjunk szerezni.

Szeretném felhívni a figyelmet a www.bioinformatics.hu címen elérhető honlapunkra, ahol az aktuális hírek és események folyamatosan nyomon követhetőek.

Kérem, írjon nekem, amennyiben kérdése vagy javaslata van a hazai bioinformatikai kutatások további fejlesztéséhez!

Budapest, 2023. szeptember 1.

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

KÖSZÖNTŐ 1

**A NEMZETI KUTATÁSI, FEJLESZTÉSI ÉS INNOVÁCIÓS HIVATAL
(NKFIH) ELNÖKHELYETTESÉNEK AJÁNLÁSA** 4

1. MIT TARTALMAZ A BIOINFORMATIKA? 5

2. ELIXIR MAGYARORSZÁG 6

2.1. AZ ELIXIR MAGYARORSZÁG CSOMÓPONT 6

2.2. AZ ELIXIR MAGYARORSZÁG KONZORCIUM VEZETŐSÉGE 7

3. AZ ELIXIR KUTATÁSI INFRASTRUKTÚRA 9

3.1. AZ ELIXIR KUTATÁSI INFRASTRUKTÚRA SEMATIKUS FELÉPÍTÉSE 9

3.2. ELIXIR SZAKMAI KÖZÖSSÉGEK 10

3.3. ELIXIR NEMZETI CSOMÓPONTOK VEZETŐI 13

3.4. ELIXIR BOARD TAGJAI 14

3.5. ELIXIR KÖLTSÉGVETÉSBE BEFIZETETT TAGDÍJAK 15

3.6. IPARI KAPCSOLATOK 16

4. A MAGYAR BIOINFORMATIKAI TÁRSASÁG (MABIT) 17

**5. MTA BIOINFORMATIKAI OSZTÁLYKÖZI
TUDOMÁNYOS BIZOTTSÁG** 18

5.1. ÚJ BIOINFORMATIKUS KÖZGYŰLÉSI TAGOK FELVÉTELE 19

**6. MAGYARORSZÁGON KIFEJLESZTETT
BIOINFORMATIKAI ESZKÖZÖK** 20

7. MAGYAR BIOINFORMATIKAI ADATBÁZISOK 24

8. ELIXIR VEZETŐ KUTATÓK 26

**9. ÉVENTE MEGHIRDETETT EGYETEMI
BIOINFORMATIKA KURZUSOK** 42

10. PHD KÉPZÉS 45

10.1. NYITOTT PHD TÉMÁK 45

10.2. PHD HALLGATÓK 47

10.3. TeSS - ELIXIR KÉPZÉSI PORTÁL 62

11. ELIXIR ÁLTAL TÁMOGATOTT PROJEKTEK 63

11.1. MAGYAR GENOM PROGRAM 63

11.2. SEMMELWEIS GALAXY SERVER 64

11.3. SEMMELWEIS ONKOBANK 65

**12. A MAGYAR ELIXIR KÖZÖS PROJEKTJEI
MÁS ELIXIR CSOMÓPONTOKKAL** 66

12.1. HU-2021 PROTEOMICS 66

12.2. HU-2021-IDPTOOLS 67

12.3. HU-2022-STRATEGIC 67

12.4. HU-2019-HCNV 68

12.5. EURÓPAI ADATFÖDERÁCIÓ LÉTREHOZÁSA
AZ ÉLETTUDOMÁNYOK SZÁMÁRA 69

**13. JELENTŐSEBB BIOINFORMATIKAI TUDOMÁNYOS
KÖZLEMÉNYEK AZ ELMÚLT ÉVBŐL** 70

Prof. Dr. Bagdy György 70

Dr. Bálint Bálint László 71

Dr. Barta Endre 72

Prof. Dr. Barta Zoltán 74

Dr. Bartha Áron 75

Prof. Dr. Bödör Csaba 76

Prof. Dr. Csabai István 77

Prof. Csikász-Nagy Attila 79

Prof. Dr. Csósz Éva 80

Dr. Dosztányi Zsuzsanna 82

Dr. Fekete János Tibor 84

Dr. Garamszegi László Zsolt 85

Prof. Dr. Gáspári Zoltán 86

Dr. Gyenesei Attila 87

Prof. Dr. Györffy Balázs 88

Prof. Dr. Harrach Balázs 90

Prof. Dr. Horváth Péter 91

Dr. Kenessey István 93

Dr. Kós Péter 94

Dr. Menyhart Otília 96

Dr. Miklós István 97

Dr. Monostory Katalin 98

Dr. Nagy Attila Csaba 99

Prof. Dr. Pongor Sándor 100

Prof. Dr. Simon István 102

Dr. Sramkó Gábor 102

Dr. Szász Attila Marcell 104

Prof. Dr. Széll Márta 106

Prof. Dr. Than Nándor Gábor 107

Prof. Dr. Tózsér József 108

Dr. Tusnády Gábor 110

14. ÉVES ELIXIR KONFERENCIÁK 111

14.1. ELIXIR TAVASZI BIOINFORMATIKAI KONFERENCIA 111

14.2. ALL HANDS KONFERENCIA 113

15. INTÉZMÉNYI KAPCSOLATTARTÓK 114

16. ELIXIR MAGYARORSZÁG KAPCSOLATTARTÓK 115

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



Amennyire elcsépelet, annyira igaz: kihívásokkal teli időköt élünk. Mégis más, ha így tekintjük: lehetőségekkel teli időköt tapasztalunk. Gazdaságainkat és társadalmainkat napról napra újabb kutatási és fejlesztési lépések elé állítja a zöld átállás igénye, a digitalizáció szélesebb terjedése, értékláncaink és termelési rendszereink stratégiai újragondolásának szükségessége.

A globális gazdasági és társadalmi fejlődési igények kezelése érdekében megfogalmazott ambiciózus célokot érdemi innovációs lépések támogatják. Az Európai Unió új innovációs menetrendje is helytállóan az innovációt helyezi a szakpolitikák középpontjába. A termelési és fogyasztási rendszerek mélyreható átalakulása kiváló táptalajt biztosíthat az innovációhoz, a sikerhez azonban elengedhetetlen a tudás, a szakértelem, az erőforrások megosztása, a közös gondolkodás és értékteremtés, egyszóval a partnerség.

Az ELIXIR Magyarország konzorcium, az ELIXIR európai kutatási infrastruktúra hálózat hazai csomópontjaként kiváló példája ennek az értékteremtő együttműködésnek, melyben egyszerre érhető tetten a hálózatosodás révén elérhető előnyök és szinergiák hasznosításának előremutató gyakorlata és a globális kihívásokkal kapcsolatos tudományos válaszok megfogalmazása iránti elkötelezettség.

Miként azt jelen kiadványt forgatva maga az olvasó is megállapíthatja, az ELIXIR Magyarország 14 tagintézményt tömörítő konzorciuma számos kutatási projektben vett és vesz részt jelenleg is. Példaként említhető a magyar populáció genetikai jellemzőit meghatározni kívánó Magyar Genom Program, vagy a Semmelweis Egyetem klinikáin kezelt, rosszindulatú daganatos megbetegedésekben szenvedő betegek biológiai mintáinak gyűjtését és tárolását, valamint klinikai adatainak hosszútávú utánkövetését támogató Semmelweis OnkoBank projekt.

A kiadvány beszámol a magyar konzorcium más ELIXIR csomópontokkal karöltve végzett közös ELIXIR projektjeiről, valamint az élettudományi adatok kezelése egységesítést célzó Convergence kezdeményezéséről is, illetve értékes gyűjteményben szemléli az elmúlt időszak legfontosabb bioinformatikai kutatási eredményeit.

Ahogy azt már más helyütt találóan megjegyezték, az adat az új olaj. A bioinformatika pedig informatikai eszközöket és módszereket – azon belül is olyan élvonalbeli technológiákat, mint a mesterséges intelligencia és a nagy adathalmazok elemzése – alkalmaz e folyamatosan gyarapodó adatvagyron gyűjtése, elemzése és modellezése céljából. Az ELIXIR Magyarország bioinformatikai kutatásai révén tevékenyen hozzájárul a bevezetőben említett küldetés teljesítéséhez és az innováció erejét hasznosítva igyekszik reflektálni világunk égető kihívásaira, melyhez a jövőben is kitartást és sok sikert kívánunk.

Budapest, 2023. szeptember 1.

Prof. Dr. Lengyel László

Egyetemi tanár, az MTA doktora,
a Nemzeti Kutatási, Fejlesztési és Innovációs Hivatal elnökhelyettese

1.

MIT TARTALMAZ A BIOINFORMATIKA?

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

És ekkor kerül a képbe a Bioinformatika.

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

A Bioinformatika magában foglalja:

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

2. ELIXIR MAGYARORSZÁG

2.1. AZ ELIXIR MAGYARORSZÁG CSOMÓPONT

Az ELIXIR Hungary az ELIXIR szervezetének magyarországi Node-ja, vagyis csomópontja, amely 2019-ben jött létre. Eredetileg 12 tag: nyolc egyetem és négy kutatóintézet volt a konzorcium tagja, ami azóta két új taggal bővült, így már 14 tagintézményünk van.

A csomópont tevékenységi körébe tartozik a molekuláris biológia, biológiai adatbázisok, genomika, proteomika, multi-omika, algoritmusok, programok, számítástechnika, mesterséges intelligencia, adatbázisok létrehozása és alkalmazása, valamint a bioinformatika oktatása.

Jelenleg nyolc magyar egyetemen folyik bioinformatika oktatás BSc, MSc vagy PhD képzés keretében. 2020-ban elindult az Eötvös Loránd Tudományegyetem Biológia MSc-n belül a Bioinformatika specializáció, a Semmelweis Egyetemen pedig a Bioinformatika Tanszék.

A résztvevő intézmények az ELIXIR-konzorciumon keresztül pályázhatnak Európai Unió forrásokra. Eddig a tagintézmények tíz olyan európai uniós projektben vettek részt, melyekben az EU teljes vagy részleges támogatást nyújtott.

Az ELIXIR MAGYARORSZÁG konzorcium tagjai:



2.2. AZ ELIXIR MAGYARORSZÁG KONZORCIUM VEZETŐSÉGE



Prof. Dr. Csősz Éva
Debreceni Egyetem,
Képzési koordinátor



Prof. Dr. Györffy Balázs
Természettudományi
Kutatóközpont,
Csomópontvezető



Dr. Gyenesei Attila
Pécsi Tudományegyetem,
Technikai koordinátor



Dr. Bálint Bálint László
Debreceni Egyetem,
Képzési koordinátor



Dr. Barta Endre
Magyar Agrár- és
Élettudományi Egyetem,
Technikai koordinátor

3. AZ ELIXIR KUTATÁSI INFRASTRUKTÚRA

3.1. AZ ELIXIR KUTATÁSI INFRASTRUKTÚRA SEMATIKUS FELÉPÍTÉSE



Dr. Dosztányi Zsuzsanna (ELTE Biokémia Tanszék)
ELIXIR Board tudományos képviselő és alelnök

Az ELIXIR igazgatótanácsa (Board) az ELIXIR döntéshozó szerve, ami az egyes ELIXIR-tagállamok és az EMBL tudományos és adminisztratív képviselőiből áll, akik jogosultak tanácskozni, tárgyalni és dönteni az adott tagok nevében. Magyar részről, mint tudományos képviselő és testületi tag, feladataim közé tartozik jóváhagyni az ELIXIR költségvetését és a tudományos programját, kinevezni az ELIXIR igazgatókat és a SAB (Tudományos Tanácsadó Testület) tagjait és felügyelni az ELIXIR csomópontokat. Emellett ellátom a Board alelnöki feladatait is.



Dr. Horváth Klára
NKFIH felügyelő-bizottsági tag

Az ELTE fizikus szakán végeztem 2001-ben. 2014 óta a Nemzeti Kutatási Fejlesztési és Innovációs Hivatalban nemzetközi, európai uniós programokkal foglalkozom az egészségügy területén. A Horizont Európa program egészségügyi klaszterének programbizottsági tagja vagyok, nemzeti kapcsolattartó (NCP), számos európai uniós projektben, programban és partnerségben képviselem Magyarországot. 2021 óta az ELIXIR Management Board adminisztratív delegáltjaként segítem az ELIXIR munkáját.



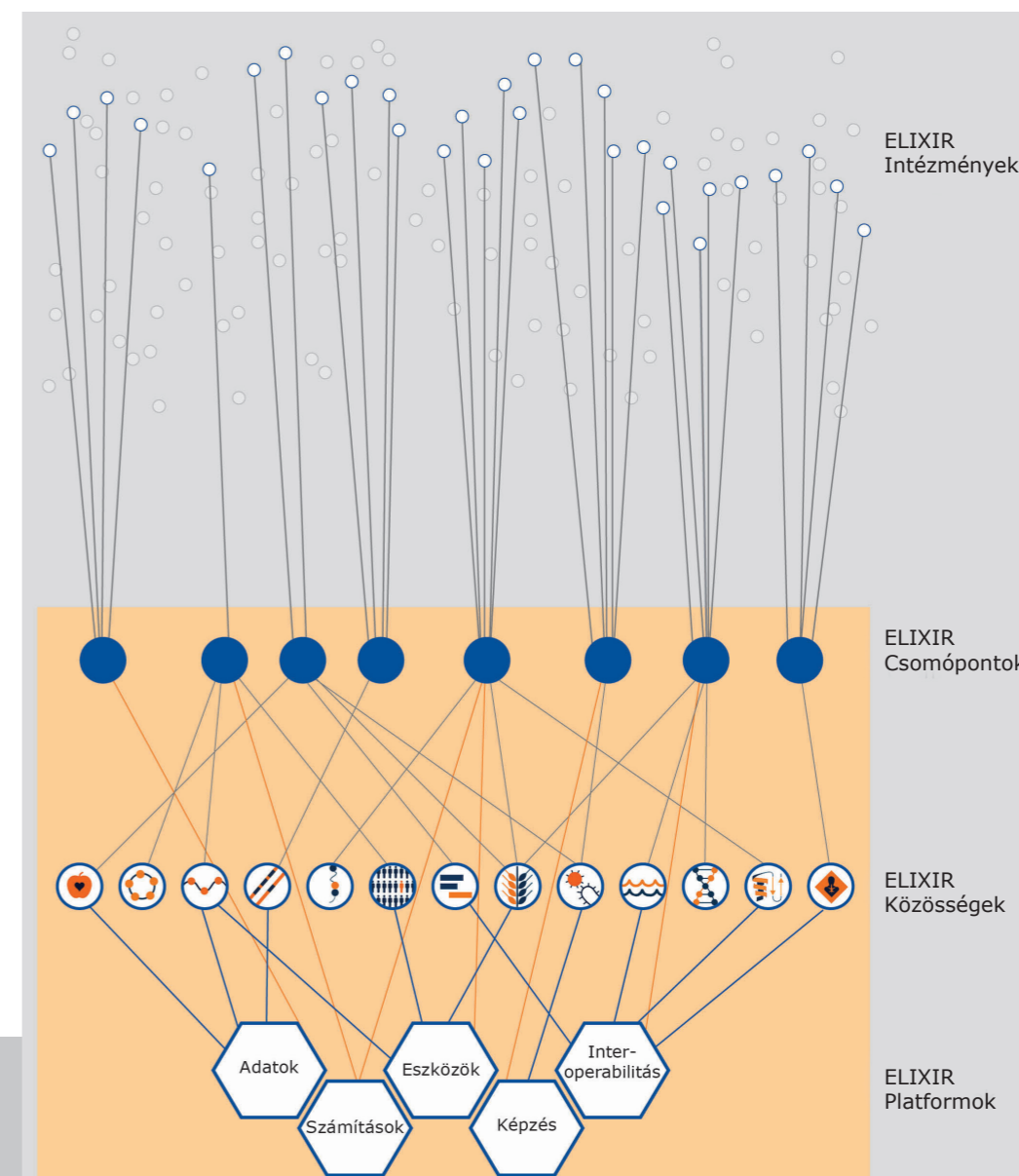
Lakatos Viktória
ELIXIR titkár

A Károli Gáspár Református Egyetemen végeztem angol nyelvészet és irodalom szakon 2004-ben. Néhány év tanítás után az üzleti asszisztencia és belső kommunikáció területén szereztem tapasztalatot céges és állami környezetben egyaránt. 2022 január óta az ELIXIR Magyarország titkáráként feladataim közé tartozik a bioinformatics.hu honlap rendszeres tartalommal való feltöltése, az éves ELIXIR bioinformatikai kiadvány összeállítása, ELIXIR projektek koordinációja a Projekt osztállyal együttműködve, angol nyelvű közlemények lektorálása, konferenciaszervezés, kapcsolattartás hazai és nemzetközi ELIXIR partnerekkel és egyes MABIT titkári teendők elvégzése.

Az ELIXIR infrastruktúrának 24 ország a tagja, amelyek úgynevezett **csomópontokat** (Node) képeznek.

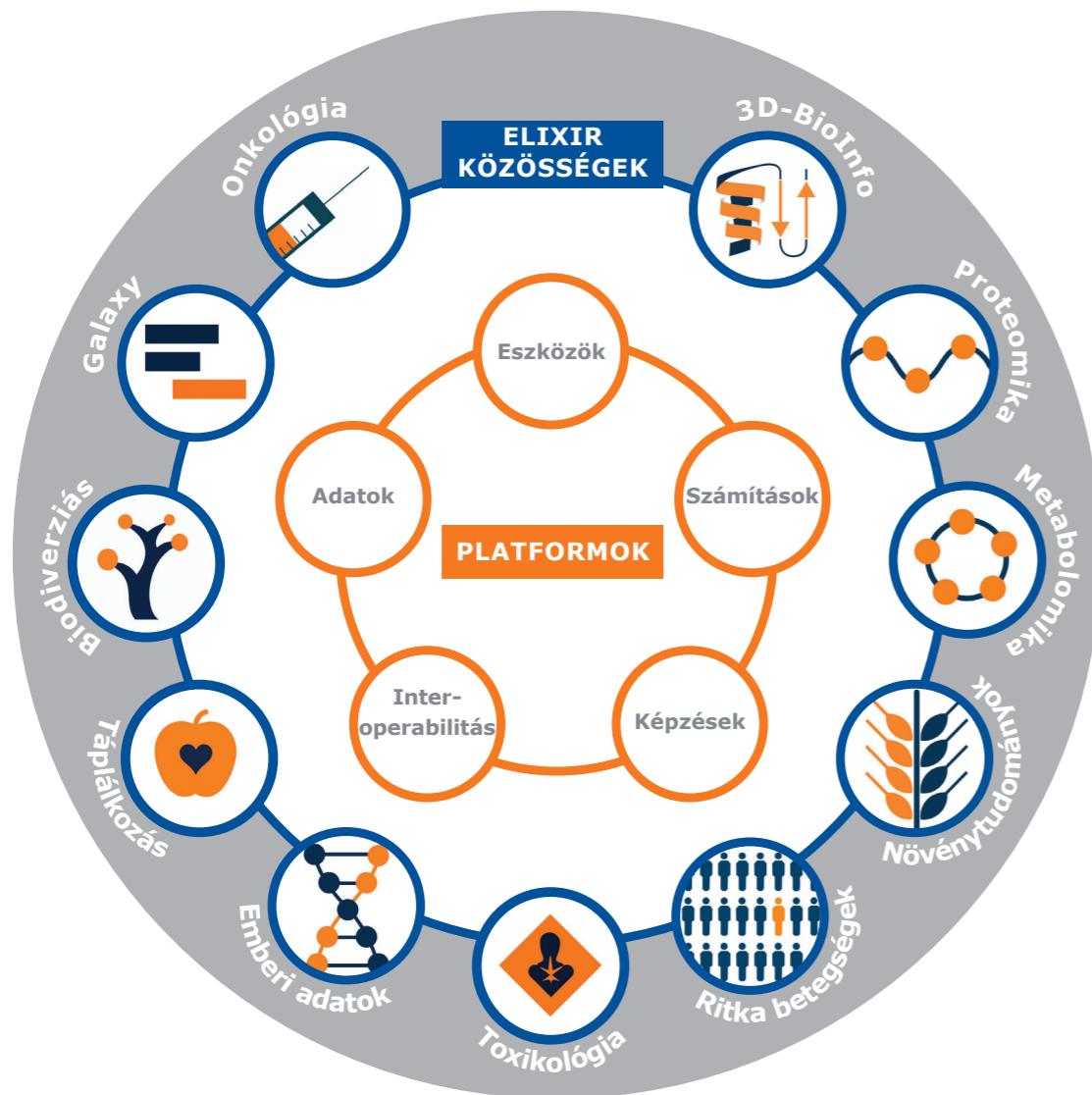
Egy ELIXIR csomópontban egy tagországon belül több **intézmény**: egyetem és kutatóintézet tartozik. Az ELIXIR-csomópontok valósítják meg az ELIXIR vezetősége által meghatározott közös célokat a platformok mentén.

A csomópontok tevékenységei 5 különböző **platform** köré csoportosíthatók, melyek célja az ELIXIR jövőbeli céljainak kidolgozása és a meghatározott technikai területeken végzett tevékenységek koordinálása. Az öt platform: **Adatok, Eszközök, Interoperabilitás, Számítások** és **Képzések**. A platformokhoz különböző szakmai **Közösségek** tartoznak.



3.2. ELIXIR SZAKMAI KÖZÖSSÉGEK

Az ELIXIR Közösségek az ELIXIR egyes élettudományi területeken dolgozó szakértőit tömörítik. Ilyen közösségek például: 3DBioinfo, Galaxy, IDP (Eredendően rendezetlen fehérjék), Metabolomika, Növénytudomány, Egycsejt omika, Rendszerbiológia, Proteomika és Ritka betegségek. A közösségek rendszeres online és offline találkozókra beszélnek meg az aktualitásokról, elérhető pályázatokról, illetve képzéseket tartanak.



A közösségekhez bárki csatlakozhat, aki a Magyarországi ELIXIR valamely tagintézményével kapcsolatban áll és ezt jelzi az intézményi kapcsolattartóknak.

AZ ELIXIR szakmai közösségekről itt talál több információt:

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



3D-BioInfo

A makromolekulák, például a fehérjék és a DNS 3D szerkezetét vizsgálják.

Dr. Dosztányi Zsuzsa, ELTE

Dr. Tusnády Gábor, TTK



Biodiverziás

A biológiai sokféleség megértése és annak reakciója a környezeti változásokra.

Prof. Dr. Barta Zoltán, DE,

Dr. Garamszegi László Zsolt, ÖK



Ételek és táplálkozás

Az ételmiszer-választás hatását vizsgálja az emberi egészségre.



Galaxy

Elősegíti egy Galaxy platformot használó közösség létrejöttét és működését Európában, erőforrásokkal és képzésekkel.

Dr. Fekete János Tibor, SE

Dr. Bálint B. László, DE, SE



Eredendően rendezetlen fehérjék

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

Dr. Dosztányi Zsuzsa, ELTE



Tengeri metagenomika

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



Metabolomika

Forrásokat, elemzési eszközöket és infrastruktúrát biztosít a metabolitok azonosításához.

Prof. Dr. Csősz Éva, DE








Mikrobiális biotechnológia

Mikróbákra és biológiai rendszerekre vonatkozó célzott beavatkozások.

Prof. Dr. Csikász-Nagy Attila, PPKE

3.3. ELIXIR NEMZETI CSOMÓPONTOK VEZETŐI

	Növény-tudományok	Infrastruktúra kifejlesztése a növény- és fajok genotípus-fenotípus elemzésének megkönnyítésére. Dr. Barta Endre, MATE Dr. Sramkó Gábor, DE
	Proteomika	Proteomikai eszközök és adatforrások kifejlesztése és fenntartása. Prof. Dr. Csősz Éva, DE Dr. Bartha Áron, SE
	Egysejt omika	Az egysejt és térbeli omika területén felmerülő kihívások azonosítása és kezelése. Dr. Menyhart Otília, SE
	Toxicológia	Szabványok, eszközök és erőforrások integrációja a toxicológiai kutatási projektek támogatása érdekében.
	Rendszerbiológia	Célja, hogy a rendszerbiológiai modellezést a biológiai kutatás központi pillérévé tegye. Prof. Dr. Csikász-Nagy Attila, PPKE
	Egységes humán adatok	Célja hosszútávú stratégiák kidolgozása az érzékeny humán adatok kezeléséhez és az azokhoz való hozzáféréshez. Dr. Gyenesei Attila, PTE; Prof. Dr. Csabai István, ELTE; Dr. Nagy Attila Csaba, DE
	Emberi kópiaszám változások	Célja, hogy megkönnyítse a humán kópiaszám-változások (hCNV-k) kimutatását, annotálását és értelmezését. Dr. Monostory Katalin, TTK
	Ritka betegségek	Új terápiák kifejlesztése ritka betegségekre. Dr. Bálint B. László, DE, SE Prof. Dr. Széll Márta, SZTE

ELIXIR nemzeti csomópontok (node)	Csomópont-vezetők
BELGIUM	Dr. Frederik Coppens
CIPRUS	(csatlakozás folyamatban)
CSEHORSZÁG	Dr. Jiri Vondrasek
DÁNIA	Dr. Katharina Eberth
EGYESÜLT KIRÁLYSÁG	Dr. Carole Goble, Dr. Neil Hall
EMBL-EBI	Dr. Johanna McEntyre, Dr. Ewan Birney
ÉSZTORSZÁG	Dr. Hedi Peterson
FINNORSZÁG	Dr. Tommi Nyrönen
FRANCIAORSZÁG	Dr. Claudine Medigue, Dr. Jacques van Helden
GÖRÖGORSZÁG	Dr. Martin Reczko
HOLLANDIA	Dr. Jaap Heringa
ÍRORSZÁG	Dr. Denis Shields
IZRAEL	Dr. Danny Ben-Avraham
LUXEMBURG	Dr. Reinhard Schneider
MAGYARORSZÁG	Dr. Gyórfy Balázs
NÉMETORSZÁG	Dr. Rolf Backofen
NORVÉGIA	Dr. Sushma Grellscheid
OLASZORSZÁG	Dr. Graziano Pesole
PORTUGÁLIA	Dr. Ana Teresa Freitas
SPANYOLORSZÁG	Dr. Alfonso Valencia
SVÁJC	Dr. Christophe Dessimoz
SVÉDORSZÁG	Dr. Bengt Persson
SZLOVÉNIA	Dr. Brane Leskošek

3.4. ELIXIR BOARD TAGJAI

Elnök: Prof. Ferran Sanz (ES)

Alelnökök: Dr. Dosztányi Zsuzsanna (HU) és Prof. Alexander Goesmann (DE)

ELIXIR nemzeti csomópontok (node)	Adminisztratív delegált	Tudományos delegált
BELGIUM	Dr. Michele Oleo	Dr. Virginie Storms
CSEHORSZÁG	Dr. Jan Burianek	Dr. Luděk Matyska
DÁNIA	Dr. Nynne Lucca Christiansen	Dr. Anders Krogh
EGYESÜLT KIRÁLYSÁG	Dr. Mark Palmer, Dr. Amanda Collis	Dr. Christine Orengo
EMBL-EBI	Dr. Plamena Markova-Anderson	Dr. Alvis Brazma, Dr. Edith Heard
ÉSZTORSZÁG	Dr. Toivo Räm, Dr. Priit Tamm	Dr. Lili Milani
FINNORSZÁG	Dr. Riina Vuorento, Dr. Sirpa Nuotio	Dr. Per Öster
FRANCIAORSZÁG	Dr. Eric Guittet	Dr. Hugues Roest Crollius
GÖRÖGORSZÁG	Dr. Argyro Karachaliou	Dr. Babis Savakis
HOLLANDIA	Dr. Ana de Castro	Dr. Ruben Kok
ÍRORSZÁG	Dr. Noelle Waldron	Dr. Maria Nash
IZRAEL	Barak Gatenyo	Dr. Iris Eisenberg
LUXEBURG	Dr. Romain Martin, Dr. Bruno Rodrigues	Dr. Regina Becker
MAGYARORSZÁG	Dr. Horváth Klára	Dr. Dosztányi Zsuzsanna
NÉMETORSZÁG	Dr. Annette Kremser	Dr. Alexander Goesmann, Dr. Rolf Backofen
NORVÉGIA	-	Dr. Rein Aasland, Dr. Stig Omholt
OLASZORSZÁG	Dr. Mauro Bertelletti	Dr. Rita Casadio
PORTUGÁLIA	Dr. Andreia Feijão, Dr. Tiago Saborida	Dr. Isabel Rocha
SPANYOLORSZÁG	Dr. Ignacio Baanante, Dr. Cristina Bauluz	Dr. Ferran Sanz
SVÁJC	Dr. Doris Wohlfender-Bühler	Dr. Christian von Mering
SVÉDORSZÁG	Dr. Malin Sandström	Dr. Björn Andersson
SZLOVÉNIA	Dr. Albin Kralj	Dr. Damjana Rozman

3.5. ELIXIR KÖLTSÉGVETÉSBE BEFIZETETT TAGDÍJAK

ELIXIR nemzeti csomópontok (node)	2021/ Ezer EUR	2022/ Ezer EUR
BELGIUM	203	207
CIPRUS	3	3
CSEHORSZÁG	71	73
DÁNIA	139	142
EGYESÜLT KIRÁLYSÁG	1225	1249
EMBL-EBI		
ÉSZTORSZÁG	10	10
FINNORSZÁG	100	102
FRANCIAORSZÁG	1126	1149
GÖRÖGORSZÁG	90	92
HOLLANDIA	352	359
ÍRORSZÁG	83	85
IZRAEL	129	132
LUXEBURG	15	16
MAGYARORSZÁG	47	48
NÉMETORSZÁG	1560	1591
NORVÉGIA	203	207
OLASZORSZÁG	833	849
PORTUGÁLIA	85	87
SPANYOLORSZÁG	547	558
SVÁJC	307	313
SVÉDORSZÁG	232	237
SZLOVÉNIA	18	18
Összesen	7378	7526

3.6. IPARI KAPCSOLATOK

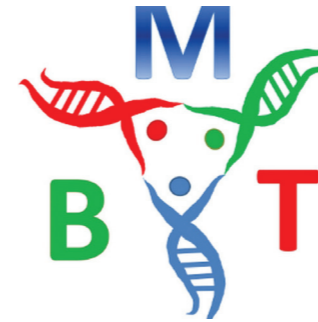
Az ipari szereplőkkel való aktív együttműködéseket az alábbi térkép foglalja össze.



A csomópontok iparral való együttműködésének nyomonkövetése segít megérteni az ELIXIR eredményeit. A fenti térképen az ELIXIR 14 országának az iparral való együttműködése van ábrázolva: **narancssárga** – akik aktívan együttműködnek az ipari szereplőkkel; **kék** – azok az országok, ahol kevesebb az ipari szereplőkkel, kis- és középvállalkozásokkal való együttműködés. A térkép a következő adatok alapján készült: az ELIXIR ipari stratégiájának az alkalmazása, az egyes csomópontokon belül az akadémiai szektor és az ipari szektor közötti együttműködések, ELIXIR Ipari Tanácsadó Bizottság, valamint a köz- és magánszféra közötti partnerségek.

4.

A MAGYAR BIOINFORMATIKAI TÁRSASÁG (MABIT)



vagy külföldi kutatóhelyeken, illetve akik valamilyen új bioinformatika technikát, algoritmust, programozási nyelvet mutatnak be.

A Társaság által szervezett előadások, szemináriumok és konferenciák előadásai felkerülnek a társaság **Youtube csatornájára**, ahol az előadások szabadon visszanezhetők. A Társaság 2020-ban hozta létre a **Bioinformatika TDK különdíjat**, amelynek célja, hogy a hazai egyetemeken folyó bioinformatikai kutatásokkal kapcsolatos TDK dolgozatok szerzőit elismerje és ezáltal motiválja. A díj nem jár anyagi támogatással, de lehetőséget ad az azt elnyerő fiatal hallgatóknak, hogy az éves Bioinformatika konferencián bemutathassák a munkájukat, és ezáltal a magyar bioinformatikai társadalom előtt ismertté váljanak. Eddig a következő hazai egyetemek kapcsolódtak be a programba: Állatorvostudományi Egyetem, Debreceni Egyetem, Eötvös Loránd Tudományegyetem, Pázmány Péter Katolikus Egyetem, Semmelweis Egyetem, Szegedi Tudományegyetem.

A MABIT célja, hogy erősítse a bioinformatikai kutatásokat Magyarországon azáltal, hogy hidat épít a matematikusok, informatikusok, biológusok és farmakológusok közé. A társaság ezért különböző **szemináriumokat, találkozót és konferenciákat szervez** és aktívan részt vesz a bioinformatika tanításában Magyarországon.

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

Az elmúlt évek során a Magyar Tudomány Ünnepe alkalmával rendezi meg a Társaság a **Bioinformatika Éves Konferenciát**, amin a szenior előadók mellett a fiatal PhD hallgatók is bemutatják legújabb bioinformatika témájú kutatásaik eredményeit. Emellett rendszeresen szervez a Társaság szemináriumokat, amelyek előadói olyan magyar kutatók, akik jelentős eredményeket értek el a bioinformatika területén hazai

Magyar Bioinformatikai Társaság

Honlap: <http://mabit.ttk.mta.hu/>

Kapcsolat: **Dr. Tusnady Gábor** főtitkár

Email: tusnady.gabor@ttk.hu

Tel: +36 1 382-6709



Az MTA a magyar tudományos élet talán legnagyobb múlttal rendelkező testülete. Keretein belül 2021-ben alakult meg a Bioinformatikai Osztályközi Tudományos Bizottság. Ezzel az MTA mintegy független szakterületnek ismerete el a bioinformatikát, és így a magyar bioinformatikus közösség szervezése is új, önálló szakaszába lépett. A Bioinformatikai Osztályközi Tudományos Bizottság feladata a minősített PhD, MTA doktora (DSc) címmel vagy akadémiai tagsággal rendelkező kutatók szervezése, akik első lépésben kérhetik felvételüket az MTA köztestületébe, megjelölve a bioinformatikát, mint szakterületet. Az itt elfogadott kutatók már választhatók az akadémia egyes tisztségeire, és amitalán még fontosabb, hogy a PhD fokozattal rendelkező tagjaink szerezhetnek MTA doktora fokozatot a bioinformatika területén.

A Bioinformatikai Osztályközi Tudományos Bizottság elnöke **Prof. Dr. Pongor Sándor** bioinformatikus, egyetemi tanár a Pázmány Péter Katolikus Egyetemen. Az Academia Europaea és a Magyar Tudományos Akadémia tagja, emellett elnöke a Magyar Bioinformatikai Társaságnak is. A bioinformatikusok közössége nemcsak minősített kutatókból áll, hanem beletartoznak a bioinformatikát tanuló, abban diákköröző vagy szakdolgozó diákok és PhD hallgatók is. A Bioinformatikai Osztályközi Tudományos Bizottság a teljes közösség szervezésén, összefogásán dolgozik, együttműködve a Magyar Bioinformatikai Társasággal és az ELIXIR Magyar Node-dal.

A bizottság e beszámoló lezártáig négy MTA doktori habitusvizsgálatot folytatott le, és két jelölt megkapta a doktori fokozatot, elsőként a bioinformatika szakterületén. 2022-ben a bizottság tagjai két szimpóziumot szerveztek a Magyar Tudomány Ünnepeinek keretein belül. Összesen 135 magas minőségű cikkben működtek közre, melyek közül kettő elérte a „Highly Cited” minősítést is. Köztestületünkhöz 10 új bioinformatikus tag csatlakozott.

MTA Bioinformatikai Osztályközi Tudományos Bizottság

Kapcsolat: **Prof. Dr. Pongor Sándor** elnök
Email: pongor.sandor@itk.ppke.hu

5.1. ÚJ BIOINFORMATIKUS KÖZGYŰLÉSI TAGOK FELVÉTELE



A tagfelvétel az MTA szabályai szerint történik.

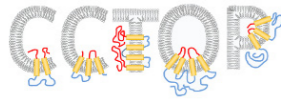
Aki máshol tag, az emailben jelezheti átlépési szándékát a VIII. osztály titkáranak, Kakuszi Andreának (biologia@titkarsag.mta.hu), és ha másik MTA osztályhoz tartozik, akkor az ottani osztálytitkárnak is.

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

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

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





Akronim: **CCTOP**

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

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

Referencia: Dobson, L., Reményi, I., Tusnády, G.E., 2015. CCTOP: a Consensus Constrained TOPology prediction web server. *Nucleic Acids Res* 43, W408-412. <https://doi.org/10.1093/nar/gkv451>



HIGHLY CITED
PAPER



Akronim: **IUPred**

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

Webcím: <https://iupred3.elte.hu/>

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



HIGHLY CITED
PAPER



Akronim: **KMPlot**

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

Webcím: <https://kmplot.com/>

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



HIGHLY CITED
PAPER



Akronim: **IsoMut**

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

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

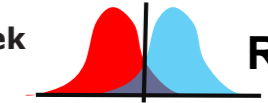
Referencia: Pipek, O., Ribli, D., Molnár, J., Póti, Á., Krzystanek, M., Bodor, A., Tusnády, G.E., Szallasi, Z., Csabai, I., Szüts, D., 2017. Fast and accurate mutation detection in whole genome sequences of multiple isogenic samples with IsoMut. *BMC Bioinformatics* 18, 73. <https://doi.org/10.1186/s12859-017-1492-4>

Akronim: **ROC-plotter**

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

Webcím: <http://www.rocplot.com>

Referencia: Fekete, J.T., Gyórfy, B., 2019. ROCplot.org: Validating predictive biomarkers of chemotherapy/hormonal therapy/anti-HER2 therapy using transcriptomic data of 3,104 breast cancer patients. *Int J Cancer* 145, 3140-3151. <https://doi.org/10.1002/ijc.32369>



ROC-plotter



HIGHLY CITED
PAPER

Akronim: **BiSearch**

Leírás: **Primer Design and Search Tool**

Webcím: <http://bisearch.enzim.hu>

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

Referencia: Arányi, T., Váradí, A., Simon, I., Tusnády, G.E., 2006. The BiSearch web server. *BMC Bioinformatics* 7, 431. <https://doi.org/10.1186/1471-2105-7-431>



Akronim: **CMWeb**

Leírás: **Contact Map WebViewer**

Webcím: <http://cmweb.enzim.hu>

Referencia: Kozma, D., Simon, I., Tusnády, G.E., 2012. CMWeb: an interactive on-line tool for analysing residue-residue contacts and contact prediction methods. *Nucleic Acids Res* 40, W329-333. <https://doi.org/10.1093/nar/gks488>

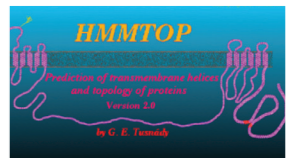
Contact Map WebViewer

Akronim: **HMMTOP**

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

Webcím: <http://www.enzim.hu/hmmtop>

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



HIGHLY CITED
PAPER

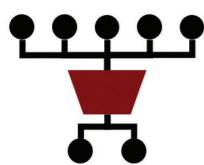
Akronim: **MemDis**

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

Webcím: <http://memdis.ttk.hu>

Referencia: Dobson, L., Tusnády, G.E., 2021. MemDis: Predicting Disordered Regions in Transmembrane Proteins. *Int J Mol Sci* 22, 12270. <https://doi.org/10.3390/ijms222212270>





Akronim: **Multiple Testing Correction**

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

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

Referencia: Menyhart, O., Weltz, B., Gyórfy, B., 2021. *MultipleTesting.com: A tool for life science researchers for multiple hypothesis testing correction. PLoS One* 16, e0245824. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0245824>



Akronim: **PolarProtPred**

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

Webcím: <http://polarprotpred.ttk.hu>

Referencia: Dobson, L., Zeke, A., Tusnády, G.E., 2021. *PolarProtPred: predicting apical and basolateral localization of transmembrane proteins using putative short linear motifs and deep learning. Bioinformatics* 37, 4328–4335. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btab480>



Akronim: **TMCryS**

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

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

Referencia: Varga, J.K., Tusnády, G.E., 2019. *The TMCryS server for supporting crystallization of transmembrane proteins. Bioinformatics* 35, 4203–4204. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btz108>

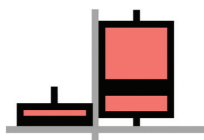


Akronim: **TMDet**

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

Webcím: <http://tmdet.enzim.hu>

Referencia: Tusnády, G.E., Dosztányi, Z., Simon, I., 2005a. *TMDet: web server for detecting transmembrane regions of proteins by using their 3D coordinates. Bioinformatics* 21, 1276–1277. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bti121>



Akronim: **TNMplot**

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

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

Referencia: Bartha, Á., Gyórfy, B., 2021. *TNMplot.com: A Web Tool for the Comparison of Gene Expression in Normal, Tumor and Metastatic Tissues. Int J Mol Sci* 22, 2622. <https://doi.org/10.3390/ijms22052622>



Akronim: **Kooplex**

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

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

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



Akronim: **G-2-O**

Genotype to Outcome

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

Webcím: <http://www.g-2-o.com>

Referencia: Pongor, L., Kormos, M., Hatzis, C., Pusztai, L., Szabó, A., Gyórfy, B., 2015. *A genome-wide approach to link genotype to clinical outcome by utilizing next generation sequencing and gene chip data of 6,697 breast cancer patients. Genome Med* 7, 104. <https://doi.org/10.1186/s13073-015-0228-1>



Akronim: **Recurrence Online**

Leírás: **Transzkriptom alapú emlőtumor diagnosztikai eszköz**

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

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



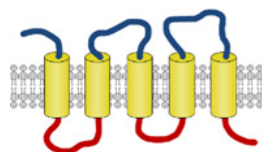
Akronim: **muTarget**

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

Webcím: <https://www.mutarget.com/>

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





Akronim: **HTP**

Leírás: **Emberi transzmembrán proteóm adatbázisa**

Webcím: <http://htp.enzim.hu>

Referencia: Dobson, L., Reményi, I., Tusnády, G.E., 2015b. The human transmembrane proteome. *Biol Direct* 10, 31. <https://doi.org/10.1186/s13062-015-0061-x>



Akronim: **PDBTM**

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

Webcím: <http://pdbtm.enzim.hu>

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



HIGHLY CITED
PAPER



PolarProtDb

Akronim: **PolarProtDb**

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

Webcím: <http://polarprotodb.ttk.hu/>

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



Akronim: **TmAlphaFold**

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

Webcím: <https://tmalphafold.ttk.hu/>

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



Akronim: **TSTMP**

Leírás: **Legfontosabb transzmembrán célfehérjék adatbázisa**

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

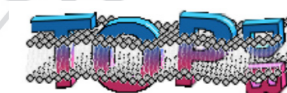
Referencia: Varga, J., Dobson, L., Reményi, I., Tusnády, G.E., 2017. TSTMP: target selection for structural genomics of human transmembrane proteins. *Nucleic Acids Res* 45, D325-D330. <https://doi.org/10.1093/nar/gkw939>

Akronim: **TOPDB**

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

Webcím: <http://topdb.enzim.hu>

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



Akronim: **TFLink**

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

Webcím: <https://tflink.net/>

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



Akronim: **NRR, Nemzeti Rákregiszter**

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

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

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



Akronim: **MÉTA**

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

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

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



MÉTA

Akronim: **ChIPSummitDB**

Leírás: **A humán ChIP-seq kísérletekkel igazolt transzkripció faktor kötőhelyek átfogó adatbázisa**

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

Referencia: Czipa, E., Schiller, M., Nagy, T., Kontra, L., Steiner, L., Koller, J., Pálné-Szén, O., Barta, E., 2020. ChIPSummitDB: a ChIP-seq-based database of human transcription factor binding sites and the topological arrangements of the proteins bound to them. *Database (Oxford)* 2020, baz141. <https://doi.org/10.1093/database/baz141>



SummitDB



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

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

Azokra a betegségekre koncentrálunk, amelyeket mind az örökletes, mind a környezeti faktorok jelentősen befolyásolnak. Ilyenkor a hagyományos (pl. GWAS) megközelítések kevésbé alkalmazhatóak, így részletes adatokra, komplex modellek felállítására és tesztelésére, hagyományos módszerekre és a mesterséges intelligencia alkalmazására egyaránt szükség van. 2022-től a depresszióra és a migrénre fókuszálva a betegségek pathofiziológiájában szerepet játszó új biológiai útvonalak szerepének összehasonlításán dolgozunk.



Dr. Bálint Bálint László
Debreceni Egyetem, Biokémiai és Molekuláris
Biológiai Intézet; Semmelweis Egyetem,
Bioinformatika Tanszék, Budapest

Kutatási terület: **epigenetika, funkcionális genomika**

Az epigenetikai öröklődés fizikai hordozói a kromatin szintjén módosítják a gének kifejeződését. Kutatásaim célja megismerni és kiaknázni a génexpresszió kromatin szintű szabályozásának folyamatait az onkológiai kórképek kialakulásában és kezelésében. Ebből a célból a génexpresszió szabályozásában kritikus elemek jelentőségét vizsgálom daganatos sejtekben és izogenikus sejtekben. Céloom a rendelkezésre álló adatok multi-omikai integrálása és ezáltal a kritikus génexpressziót szabályozó elemek azonosítása.

ELIXIR részvétel: Képzési koordinátor



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

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

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

ELIXIR részvétel: Technikai koordinátor



Prof. 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 nézetrel szemben az utódgondozás során a szülők között jelentős érdekkellentétek 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 adatbányász-módszereket alkalmazva próbáljuk felmérni ezen adathalmaz prediktív alkalmazásának lehetőségét.

ELIXIR részvétel: Biodiverzitás community



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

Kutatási területek: **molekuláris onkohematológia, daganatgenomika**
 A Molekuláris Onkohematológia Kutatócsoport (Semmelweis Egyetem, Patológiai és Kísérleti Rákkutató Intézet) különböző lymphomák és leukémiák esetében végez genomikai és epigenomikai kutatásokat, valamint diagnosztikus fejlesztéseket a legkorszerűbb újgenerációs szekvenálási és bioinformatikai eljárások alkalmazásával. A kutatások célja a betegség lefolyásával és különböző célzott terápiákra adott válaszreakciókkal kapcsolatba hozható biomarkerek azonosítása, valamint a terápiák szelekciós nyomásának hatására kialakuló klonális evolúció időbeli és térbeli aspektusainak feltérképezése.



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

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



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

Fő kutatási területek: **rendszerbiológia, molekuláris hálózatok szimulációja, adatintegráció**
 A Molekuláris és Celluláris Hálózatok Rendszerbiológiája Kutatócsoportban a sejten belüli molekuláris és a sejtek közötti celluláris interakciók hatására lejátszódó folyamatok térbeli és időbeni változásának megértéséhez kombináljuk a számítógépes rendszerbiológiai modellezési technikákat kísérleti módszerekkel. A molekuláris interakciós hálózatok kapcsolási rajzait matematikai egyenletekké alakítjuk, és azokat elemezzük, hogy megértsük a vizsgált rendszer fiziológiai viselkedését. Főleg proteomikai adatokat használunk modelljeink felépítéshez, de multi-omikai adatintegrációt is végzünk. A fő kutatási kérdéseink a sejtnövekedés és a sejtsztódás szabályozásával hozhatóak kapcsolatba. Több kísérleti laboratóriummal együttműködünk, amelyek a modellek felállításához szükséges adatokat és platformot kínálnak modelljeink előrejelzésének tesztelésére. Továbbá, a közelmúltban létrehoztuk saját kísérletes laboratóriumunkat, ahol különböző élesztő törzsek közötti sejt-sejt kölcsönhatásokat vizsgálunk, és ezen eredményeinket kombináljuk legújabb modelljeinkkel.



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



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

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

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

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

ELIXIR részvétel: ELIXIR Board tudományos képviselő, Intrinsically Disordered Proteins community részvétel



Dr. Fekete János Tibor
Semmelweis Egyetem,
Bioinformatika Tanszék,
Budapest

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

A kutatásaim fókuszában a prediktív biomarkerek állnak. A 2019-ben indult ROC Plotter projekt célja az, hogy egy webalkalmazáson keresztül, az adatokat egységes szerkezetben kezelve összefüggéseket keressünk az egyes gének expressziója és a terápiás válasz között. Az alkalmazás emlő-, méhnyak-, kolorektális tumor, valamint glioblasztomás betegek génchip és újgenerációs RNS méréseken alapuló forrásadatait használja. Az alkalmazás segítségével lehetőséget kívántunk biztosítani arra, hogy kísérletes eredmények független, külső validációját biztosítsuk a kutatóközösség számára. A honlap (www.rocplot.org) további szolgáltatása, hogy saját adatokból is lehetséges ROC analízis elvégzése, így további statisztikai szoftverek felhasználása nélkül is lehetséges kísérletes eredmények gyors kiértékelése.

ELIXIR részvétel: GALAXY Platform



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

Kutatócsoport: **Evolúciós Ökológia Kutatócsoport**

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

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



Dr. Gáspári Zoltán
Pázmány Péter Katolikus Egyetem,
Budapest

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



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 mennyiségű adatok, információk feldolgozása, elemzése, továbbá növekedhet a kutatási aktivitás, a kollaborációk száma, nő a pályázatokban való részvételi lehetőség. Mindezek mellett a különböző genetikai és klinikai multi-faktoriális betegségek jellemzésével és biomarker-elemzéssel foglalkozunk, elsősorban hipotézisfüggetlen, adatbányászati és mesterséges intelligencián alapuló eljárások alkalmazásával és fejlesztésével.

ELIXIR részvétel: Technikai koordinátor



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

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

Az onkológiai bioinformatika terén a kutatócsoportunk több mint tíz külföldi egyetemmel folytat együttműködést, köztük a Yale, Stanford, John Hopkins 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, Cell Metabolism, PNAS, EMBO, Cancer Research stb.). A csoport innovatív szemléletének köszönhetően számos szabadon elérhető online adatelemző rendszer került publikálásra (pl. KM-plotter, TNM-plotter, ROC-plotter, scientometrics.org).

ELIXIR részvétel: az ELIXIR Magyarország Csomópontvezetője



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

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

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



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

Főállásban a Szegedi Biológiai Kutatóközpont Biokémiai Intézetének igazgatója vagyok, valamint a Helsinki Egyetemen működő FIMM-ben (Finnish Institute for Molecular Medicine) kutatócsoport-vezető, Finland distinguished professor és a High-content analysis egység igazgatója. A Szegedi Tudományegyetemen szereztem programtervező matematikus diplomát (2003), majd a Nizzai Egyetemen PhD fokozatot (2007), amely során az INRIA-n műholdkép-feldolgozó alkalmazásokat fejlesztettem. A PhD-fokozat elnyerése után 7 évig a Zürichi Műszaki Egyetemen (ETH, Eidgenössische Technische Hochschule) dolgoztam docensként, a számítógépes sejtbiológiai kutatások területén. Hét éve tértem haza, a Szegedi Biológiai Kutatóközpont Biokémiai Intézetébe, és ugyanekkor kezdtem párhuzamosan dolgozni a FIMM-ben. Az elmúlt években megalapítottam a szegedi és a helsinki-beli BIOMAG kutatócsoportokat, amelyekben együttesen mintegy 30 fő dolgozik. Kutatócsoportjaink sejtek nagy felbontású térbeli vizsgálatára alkalmas, általuk kifejlesztett rendszermikroszkópia segítségével biológiai problémákra adunk számítógépes algoritmusokkal támogatott megoldást. Eredményeinket a legmagasabb tudományos fórumokon közlik (Nature Methods, Nature Communications, NRDD, Science stb.). Kutatásainkkal a COVID-19-betegség elleni harcban is aktívan részt veszünk.



Dr. Kenessey István
Országos Onkológiai Intézet,
Budapest

A Nemzeti Rákregiszter és Biostatistikai Központ **a hazai daganatos betegek adatait gyűjti és dolgozza fel.** Célunk mellett, hogy adatokat szolgáltatassunk az onkológiai betegségek epidemiológiai helyzetéről, **visszajelzést adni 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. Kós Péter
Szegedi Tudományegyetem
SZTE Biotechnológiai Tanszék,
Szeged

A Szegedi Tudományegyetem Természettudományi Karán Dr. Rákhely Gábor 2000 körül alapította meg a bioinformatika oktatást tantárgyi keretek között. Az egy-egy féléves elméleti és gyakorlati oktatást az évek során molekuláris evolúcióval, omikai tudományokkal és informatikai jellegű tantárgyakkal kiegészítve elindítottuk egy bioinformatikai szakirány kialakítását a biológus hallgatók számára, aminek fejlesztése jelenleg is zajlik. Az ország különböző egyetemeken folyó bioinformatikai oktatással való harmonizáció, valamint ezen műhelyekkel való kollaboráció érdekében csatlakoztunk az ELIXIR Magyarország node-hoz. Az Egyetemen jelentős bioinformatikai kutatás, és erre szolgáló központi intézmény nincsen; az újgenerációs szekvenálással támogatott humán molekuláris diagnosztika, a mikrobiális genetika, környezeti és orvosi metagenomika stb. tárgyában végzett kutatások és szolgáltatások részeként, azokat segítve alkalmazzuk a bioinformatikai módszereket, egyrészt külön hw/sw megoldásokkal, másrészt az SZBK mesterséges intelligenciát ill. omikákat kutató egységeivel együttműködésben. Az ELIXIR-hez és más nemzetközi konzorciumokhoz való csatlakozással jelenleg azon fáradozunk, hogy kialakítsuk Szegeden a bioinformatikai módszerek kutatásának, oktatásának és felhasználásának egy koherensebb, hatékonyabb és modernebb rendszerét.



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

Kutatási terület: **Kutatási terület: Neurális Bioinformatika, mikrobiom, genomikai-nyelvmodellek**

Kutatócsoportunk fókuszában a nagyméretű **genomikai nyelvmodellek** és **szekvencia-reprezentációk** állnak. Az egyik alapvető kulcskérdés a kvantitatív biológiában, hogy hogyan tudunk új mintázatokat és struktúrákat megismerni: ez alapvető feltétele annak, hogy hatékonyan modellezhessük a komplex rendszereket, előrejelezhessük viselkedésüket, illetve manipulálhassuk azokat.

A **mikroorganizmusok** létfontosságú szerepet játszanak az élet fenntartásában a Földön a hatalmas metabolikus képességeikkel; így működésük megértése különösen fontos olyan problémák kezelésében, mint az antimikrobiális rezisztencia, az éghajlatváltozás és az újfajta patogének megjelenése.

A csoport célja olyan újfajta **neurális és pángenomikai reprezentációk** és ezekre épülő **interpretálható algoritmusok** kidolgozása mikroorganizmusokhoz köthető feladatokra, amelyek képesek a gyorsan növekvő, heterogén adatmennyiséggel lépést tartani; ezt képesek hatékonyan elemezni, mintázatokat azonosítani; valamint robusztusak az olyan problémákkal szemben, mint a kontextusfüggőség, vagy az elérhető címkézett adatok hiánya.



Dr. Menyhart Otilia
Semmelweis Egyetem,
Budapest

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

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



Dr. Miklós Dezső
Rényi Alfréd Matematikai Kutató Intézet,
Budapest

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



Dr. Miklós István
Rényi Alfréd Matematikai Kutató Intézet,
Budapest

Kutatási területek: **sztochasztikus modellek, Markov-lánc Monte-Carlo-metódusok, genomátrendeződési 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. Társszerzője voltam a 2009-es RECOMB Comparative Genomics konferenciának, valamint két, bioinformatikai témákkal is foglalkozó Dagstuhl-szemináriumnak.



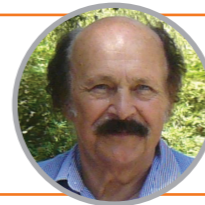
Dr. Monostory Katalin
Természettudományi Kutatóközpont,
Molekuláris Élettudományi Intézet,
Budapest

Kutatási területek: **gyógyszer-metabolizáló enzimek genetikai polimorfizmusa ('single nucleotide polymorphisms' és kópiaszám-változások) és fenotípusos megjelenése, SNP- és CNV-meghatározási módszerek fejlesztése, kópiaszám-változás daganatos sejtekben**
A gyógyszermetabolizmusban résztvevő enzimek genetikai polimorfizmusa és nem-genetikai tényezőknek (életkor, nem, dohányzás, megbetegedések, gyógyszeres terápia) köszönhető fenokonverziója megváltoztatja a hatóanyagok eliminációs sebességét, amely hatás-csökkenéshez vagy fokozott mellékhatás kialakuláshoz vezethet. SNP ('single nucleotide polymorphisms') és CNV ('copy number variations') meghatározásra alkalmas PCR alapú módszereket fejlesztünk a betegek megváltozott gyógyszermetabolizáló képességének azonosítására. Feltárjuk a tumorsejtekben kialakuló terápia-rezisztencia kópiaszám változásokra visszavezethető okait. A genetikai eltérések fenotípusos megjelenésre gyakorolt hatásának megértésével hozzájárulunk a személyre szabott terápia finomításához.
ELIXIR Community részvétel: Emberi Kópiaszám Változások (hCNV) community



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

Kutatási területek: **Biostatistika, Epidemiológia, BigData**
Munkacsoportunk népegészségügyi jelentőséggel bíró megbetegedések adatbázisainak biostatistikai feldolgozásával és értékelésével foglalkozik. Az összefüggések feltárása mellett a nagy mennyiségű értékes strukturálatlan adat hasznosításával, szabad szöveges adatokból értékes információ kinyerésével foglalkozunk.



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

Kutatási területek: **genom evolúció, fehérje evolúció, funkcionális genomika, bioinformatika**
Az általam vezetett csoport elsősorban genomevolúcióval, genomannotációval, a fehérjekódoló gének szerkezetének és a fehérjék funkciójának predikciójával foglalkozik. A bioinformatikai munkák mellett néhány, általunk azonosított, orvosi-biológiai szempontból fontos fehérje (pl. az izomfejlődés szabályozásában szerepet játszó WFIKKN1 és WFIKKN2 fehérjék) szerkezetét és funkcióját is vizsgáljuk kísérletes módszerekkel.



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

Kutatási területek: **sejtek közötti kommunikáció genomikája, ágens alapú modellek, rendszerbiológia**
Kutatócsoportom érdeklődése a baktériumközösségek bioinformatikai leírása, stabilitásuk kritériumai, melyet egyrészt a genomszekvenciák összehasonlító analízisével, másrészt a közösségek ágens alapú modellezésével közelítünk meg. Tágabb érdeklődésünk a rendszerelméletre alapozott molekuláris ismeretábrázolás és annak felhasználása a bioinformatika, a rendszerbiológia és a biológiai adattudományok oktatásában. Jelenleg a Magyar Bioinformatikai Társaság illetve MTA Bioinformatikai Osztályközi Tudományos Bizottságának elnöke vagyok és a PPKE ITK Roska Tamás Doktori Iskola biológiai PhD programjának vezetője. Jelenleg tagja vagyok az Academia Europaeának és a Magyar Tudományos Akadémiának, illetve, szerkesztőbizottsági tagja a Briefings in Bioinformatics, a Database, és a Scientific Reports folyóiratoknak.
A MABIT elnöke



Prof. Dr. Simon István
Természettudományi Kutatóközpont,
Molekuláris Élettudományi Intézet,
Budapest

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

Alapító tagja és éveken át elnöke voltam a Magyar Bioinformatikai Társaságnak. Aktívan részt vettem az MTA Bioinformatikai Bizottságának és 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,
Növénytan Tanszék Evolúciós Genomikai
Kutatócsoport, Debrecen

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

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



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

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

Kutatási megközelítésünkben erős klinikai alapokon, szöveti morfológiai tulajdonságokra építkezve elemezzük DNS, RNS és protein szinten detektálható adatok kapcsolatait, heterogenitását térben és időben az adott betegek esetében. Fókuszunk a betegeken belüli változatosság feltárása, olyan faktorok azonosítása, amely a tumoros folyamatok jobb megértéséhez vezet, továbbá diagnosztikus és terápiás fejlesztéseket is magában rejt.

ELIXIR Community részvétel: Proteomics; részvétel a European CancerMoonshot Programban



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

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



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

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

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



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

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

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



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

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

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

ELIXIR Community részvétel: 3D BioInfo
A MABIT főtitkára

Intézmény	Szervezeti Egység	Kurzus címe	Kurzusvezető
Állatorvostudományi Egyetem	Bioinformatikai Központ	Genomikai Praktikum I-II.	Dr. Solymosi Norbert
Debreceni Egyetem	Biokémiai és Molekuláris Biológiai Intézet	Multi-omikai adatelemzés Galaxy rendszerben	Dr. Scholtz Beáta
Debreceni Egyetem	Biokémiai és Molekuláris Biológiai Intézet	Bioinformatika	Dr. Barta Endre
Debreceni Egyetem	Biokémiai és Molekuláris Biológiai Intézet	Bioinformatics	Dr. Barta Endre
Debreceni Egyetem	Biokémiai és Molekuláris Biológiai Intézet	Genomi bioinformatika	Dr. Barta Endre
Debreceni Egyetem	Biokémiai és Molekuláris Biológiai Intézet	Genomic bioinformatics	Dr. Barta Endre
Debreceni Egyetem	Biokémiai és Molekuláris Biológiai Intézet	R Alapjai	Dr. Abari Kálmán
Debreceni Egyetem	Biokémiai és Molekuláris Biológiai Intézet	Haladó R	Dr. Abari Kálmán
Debreceni Egyetem	Biokémiai és Molekuláris Biológiai Intézet	RNS szekvenálási adatok elemzése Galaxy platformon	Dr. Scholtz Beáta
Debreceni Egyetem	Biokémiai és Molekuláris Biológiai Intézet	Egy sejt RNS szekvenálási adatok elemzése Galaxy platformon	Dr. Scholtz Beáta
Eötvös Loránd Tudományegyetem	Komplex Rendszerek Fizikája Tanszék	Adatexploráció és vizualizáció	Dr. Visontai Dávid
Eötvös Loránd Tudományegyetem	Biológiai Fizika Tanszék	Haladó statisztika és modellezés	Dr. Palla Gergely
Eötvös Loránd Tudományegyetem	Biológiai Fizika Tanszék	Adatmodellek és adatbázisok a tudományban	Dr. Pollner Péter
Eötvös Loránd Tudományegyetem	Komplex Rendszerek Fizikája Tanszék	Adatbányászat és gépi tanulás	Prof. Dr. Csabai István
Eötvös Loránd Tudományegyetem	Komplex Rendszerek Fizikája Tanszék	Adattudomány számítógépes laboratórium	Dr. Visontai Dávid

Eötvös Loránd Tudományegyetem	Biológiai Fizika Tanszék	Tudományos modellezés, számítógépes laboratórium	Dr. Pollner Péter
Eötvös Loránd Tudományegyetem	Biológiai Intézet, Biokémia Tanszék	Computational Biology Algorithms	Dr. Dosztányi Zsuzsanna
Eötvös Loránd Tudományegyetem	Biológiai Intézet, Genetika Tanszék	Analysis of Omics Data PR	Dr. Ari Eszter
Eötvös Loránd Tudományegyetem	Biológiai Intézet, Genetika Tanszék	Bioinformatics L + PR	Dr. Ari Eszter
Eötvös Loránd Tudományegyetem	Biológiai Intézet, Genetika Tanszék	Advanced R Programming for Biologists PR	Dr. Ari Eszter
Eötvös Loránd Tudományegyetem	Biológiai Intézet, Genetika Tanszék	Bioinformatika szemináriumok EA	Dr. Ari Eszter
Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem	Genetika és Biotechnológia Intézet	Bioinformatika	Dr. Posta Katalin, Dr. Juhász Ákos
Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem	Genetika és Biotechnológia Intézet	Bioinformatics	Dr. Posta Katalin, Dr. Barta Endre
Pázmány Péter Katolikus Egyetem	Információs Technológiai és Bionika Kar	Applied Systems Biology	Prof. Dr. Csikász-Nagy Attila
Pázmány Péter Katolikus Egyetem	Információs Technológiai és Bionika Kar	Data Visualization in Bioinformatics and Systems Biology	Prof. Dr. Pongor Sándor, Prof. Dr. Gyórfy Balázs
Pázmány Péter Katolikus Egyetem	Információs Technológiai és Bionika Kar	Integrated Structural Bioinformatics	Dr. Gáspári Zoltán
Pázmány Péter Katolikus Egyetem	Információs Technológiai és Bionika Kar	Quantitative Biology	Prof. Dr. Csikász-Nagy Attila, Dr. Andrea Ciliberto
Pázmány Péter Katolikus Egyetem	Információs Technológiai és Bionika Kar	Számítógépes rendszerbiológia	Prof. Dr. Csikász-Nagy Attila
Pázmány Péter Katolikus Egyetem	Információs Technológiai és Bionika Kar	Data Analysis in Molecular Diagnostics	Dr. Ligeti Balázs

10. PHD KÉPZÉS

10.1. NYITOTT PHD TÉMÁK

Pécsi Tudomány- egyetem	Biológiai Intézet	Bioinformatika	Dr. Putnoky Péter
Semmelweis Egyetem	Bioinformatika Tanszék	Klinikai Bioinformatika	Prof. Dr. Gyórfy Balázs
Semmelweis Egyetem	Bioinformatika Tanszék	Adatok ábrázolása a bioinformatikában és a rendszerbiológiában	Prof. Dr. Gyórfy Balázs
Semmelweis Egyetem	Bioinformatika Tanszék	Alkalmazott bioinformatika az onkológiában	Prof. Dr. Gyórfy Balázs
Semmelweis Egyetem	Élettani Intézet	Adatelemzés és programozás orvosbiológusoknak II.	Dr. Cserző Miklós, Dr. Turu Gábor
Szegedi Tudomány- egyetem	Biológiai Intézet	A bioinformatika alapjai	Dr. Rákhely Gábor
Szegedi Tudomány- egyetem	Biológiai Intézet	Genom oriented bioinformatics	Dr. Kredics László
Szegedi Tudomány- egyetem	Biológiai Intézet	Omika adatok bioinformatikája	Dr. Papp Balázs
Szegedi Tudomány- egyetem	Biotechnológiai Tanszék	Bioinformatics	Dr. Kós Péter
Szegedi Tudomány- egyetem	Biotechnológiai Tanszék	Bioinformatikai gyakorlat	Dr. Kós Péter, Dr. Laczi Krisztián
Szegedi Tudomány- egyetem	Biotechnológiai Tanszék	Bioinformatics – practicals	Dr. Kós Péter, Dr. Laczi Krisztián
Szegedi Tudomány- egyetem	Biotechnológiai Tanszék	Bioinformatics – laboratory practicals	Dr. Kós Péter
Szegedi Tudomány- egyetem	Biotechnológiai Tanszék	Bioinformatika	Dr. Kós Péter
Szegedi Tudomány- egyetem	Biotechnológiai Tanszék	Bioinformatika alapjai	Dr. Rákhely Gábor

Témavezető/Intézmény

PhD témák

Prof. Dr. Bagdy György

Semmelweis Egyetem

bag13638@iif.hu

1. A betegségek, a farmakoterápia, és a biológia összefüggéseinek vizsgálata nagy humán adatbázisok alapján
2. Az alvás-ébrenlét és a biológiai ritmusok fizioiogiás szabályozása és gyógyszeres befolyásolása

Dr. Barta Endre

Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem

barta.endre@unideb.hu

A humán és egér transzkripciós faktorok variáción alapuló kötési affinitásának elemzése

Prof. Dr. Barta Zoltán

Debreceni Egyetem

barta.zoltan@science.unideb.hu

Menekülési távolságot befolyásoló tényezők nappali lepkéknél

Prof. Dr. Bödör Csaba

Semmelweis Egyetem

bodor.csaba1@semmelweis.hu

Lymphomák és leukaemiák genetikai és epigenetikai hátterének vizsgálata

Prof. Dr. Csabai István

Eötvös Loránd Tudományegyetem

csabai@complex.elte.hu

1. Fizikai módszerek a mesterséges intelligenciában – MI módszerek a fizikában
2. A kozmikus háló feltérképezése: szimulációktól a legmélyebb galaxis-felmérésekig

Prof. Dr. Csikász-Nagy Attila

Pázmány Péter Katolikus Egyetem

csikasz-nagy.attila@itk.ppke.hu

Biológiai szabályozó hálózatok dinamikai modellezése

Prof. Dr. Csősz Éva

Debreceni Egyetem

cseva@med.unideb.hu

A rák multi-omikája és a rosszindulatú daganatok vizsgálata rendszerbiológiai szemlélettel

Dr. Dosztányi Zsuzsanna

Eötvös Loránd Tudományegyetem

dosztanyi@caesar.elte.hu

1. Rendezetlen fehérjék jellemzése bioinformatikai és mélytanulási módszerekkel
2. Rendezetlen fehérje kölcsönhatások vizsgálata

Dr. Gáspári Zoltán

Pázmány Péter Katolikus Egyetem

gaspari.zoltan@itk.ppke.hu

1. Szerkezeti bioinformatikai algoritmusok gyorsítása újraprogramozható áramkörökön
2. Idegi jelátvitelben résztvevő fehérjék vizsgálata

Dr. Gyenesei Attila
Pécsi Tudományegyetem
gyenesei.attila@pte.hu

A genomikai adatok vizualizációjának és elemzésének optimalizálása a betegségek személyre szabott diagnosztizálása és kezelése érdekében

Prof. Dr. Gyórfy Balázs
Semmelweis Egyetem
gyorffy.balazs@med.semmelweis-univ.hu

1. Multi-omikai vizsgálatok onkológiában
2. Single-cell adatok elemzése szolid tumorokban
3. Mesterséges intelligencia alkalmazása az onkológiában

Prof. Dr. Horváth Péter
Szegedi Tudományegyetem
horvath.peter@brc.mta.hu

1. Intelligens mikroszkóp rendszerek fejlesztése
2. 3D képanalitikai és gépi tanulási módszerek fejlesztése idegsejtek közötti kommunikáció megértésére

Dr. Kenessey István
Semmelweis Egyetem
kenessey.istvan@oncol.hu

A daganatsejtek és a környező immunelemek kölcsönhatása humán fej-nyaki laphámrákos szövetmintákban

Dr. Menyhart Otília
Semmelweis Egyetem
menyhart.otilia@med.semmelweis-univ.hu

Diagnosztikai eszközök fejlesztése

Dr. Monostory Katalin
Semmelweis Egyetem
monostory.katalin@ttk.hu

Metabolikus gyógyszer-kölcsönhatások vizsgálata

Dr. Nagy Attila Csaba
Debreceni Egyetem
nagy.attila@etk.unideb.hu

1. Nagy mennyiségű (Big Data) kardiometabolikus adat feldolgozása
2. Relationship between metabolic syndrome and cancer

Prof. Dr. Pongor Sándor
Pázmány Péter Katolikus Egyetem
pongor@icgeb.org

1. Bioinformatika, proteomika
2. Mikrobiális közösségek vizsgálata gépi tanulás segítségével

Dr. Solymosi Norbert
Állatorvostudományi Egyetem
solymosi.norbert@univet.hu

Források One Health szemléletű vizsgálata az antimikrobiális rezisztenciagén állat-ember-transzfer folyamatában

Dr. Sramkó Gábor
Debreceni Egyetem
sramko.gabor@science.unideb.hu

1. Veszélyeztetett állat- és növényfajok konzervációgenetikája
2. Növények és állatok molekuláris filogenetikája

Dr. Szász Attila Marcell
Semmelweis Egyetem
szasz.attila_marcell@med.semmelweis-univ.hu

Biomarkerek szolid daganatokban

Prof. Dr. Széll Márta
Szegedi Tudományegyetem
szell.marta@szte.hu

1. Genomikai vizsgálatok multifaktoriális bőrgyógyászati kórképekben
2. Fenotípus módosító faktorok vizsgálata ritka betegségekben

Prof. Dr. Than Nándor Gábor
Semmelweis Egyetem
than.gabor@ttk.hu

A nagy szülészeti kórképek patomechanizmusai, korai predikciója és diagnózisa

Dr. Tusnady Gábor
Eötvös Loránd Tudományegyetem
tusnady.gabor@ttk.hu

Transzmembrán fehérje interaktóm meghatározása mesterséges intelligencia segítségével

10.2. PHD HALLGATÓK



Dr. Bartha Áron
Semmelweis Egyetem,
Bioinformatika Tanszék,
Budapest

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

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

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



Dr. Batai Bence
Semmelweis Egyetem,
Patológiai és Kísérleti Rákkutató Intézet,
Budapest

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

Témavezető: **Prof. Dr. Bödör Csaba**

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



Bedőházi Zsolt
Eötvös Loránd Tudományegyetem,
Komplex Rendszerek Fizikája Tanszék,
Budapest

Kutatási terület: **gépi látás az orvosbiológiai képalkotásban, mesterséges intelligencia algoritmusok és módszerek fejlesztése, adatintenzív digitális**

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

Kutatómunkám fókuszában az orvosi képdiagnosztikában alkalmazható mesterséges intelligencia algoritmusok és technikák kidolgozása, kutatása és alkalmazása áll. A gépi látás legkorszerűbb eredményeire építve több, digitális patológiai képek elemzésével kapcsolatos adatintenzív projekten is dolgozom. Eddigi legjelentősebb eredményeim a mellrák stádiumának becslése és lymphomás betegek Epstein-Barr vírusfertőzöttségének megállapításával kapcsolatosak pusztán gigapixeles patológiai metszetek alapján. Aktívan dolgozom továbbá a digitális patológiai metszetek szegmentálását, gépi tanulással történő elemzéséhez való előkészítését segítő, a teljes folyamatot támogató és a kutatók számára elérhető infrastruktúrán elfogadható időkeretben alkalmazható szoftvercsomagon. Célom az orvosi képalkotó berendezések felvételeinek kiértékelését segítő és gyorsító eljárások kidolgozása az ismétlődő munka kiváltása és a diagnosztikai szolgáltatásminőségének javítása érdekében.



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

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

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

Kutatási témám a hazai akut mieloid leukémiás felnőttek és akut limfoblasztos leukémiában szenvedő gyermekek diagnózis és/vagy relapszuskori mintáinak vizsgálata új-generációs citogenomikai módszerrel, az Optikai Genom Térképezéssel (Optical Genome Mapping, OGM), továbbá az így azonosított strukturális variánsok és kópiaszám eltérések rutin citogenetikai és molekuláris citogenetikai módszerek (kariotipizálás, Fluoreszcens In Situ Hibridizáció) eredményeivel való összehasonlítása, valamint az új technológiával azonosított, eddig le nem írt aberrációk elemzése. Hosszútávú célunk az OGM bevezetése az akut leukémiás betegek rutin diagnosztikai folyamatába.



Diósd Ákos
Szegedi Tudományegyetem,
Biológiai Kutatóközpont,
Szeged

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

Témavezető: **Prof. Dr. Horváth Péter**

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



Fekete Ferenc
Eötvös Loránd Tudományegyetem,
Biológia Doktori Iskola,
Budapest

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

Témavezető: **Dr. Monostory Katalin**

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



Gaizer Tünde
Pázmány Péter Katolikus Egyetem,
Roska Tamás Műszaki és Természettudományi
Doktori Iskola, Budapest

Kutatási terület: **élesztők sejt-sejt kölcsönhatásainak vizsgálata**

Témavezető: **Prof. Dr. Csikász-Nagy Attila**

Célom a természetben is megtalálható élesztő törzsek (*S. cerevisiae*) kommunikációs folyamatainak és kölcsönhatásainak alaposabb megértése. Rendszerbiológiai megközelítéssel vizsgáljuk élesztő törzsek viselkedését, mely során a laboratóriumi molekuláris és mikrobiológiai módszerek eredményeit a kutatócsoportunk által fejlesztett ágens-alapú modell szimulációival vetjük össze.



Gálik Bence
Pécsi Tudományegyetem
Szentágotthai János Kutatóközpont,
Pécs

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

Témavezető: **Dr. Gyenesei Attila**

Példátlanul sok biológiai adat keletkezett azóta, hogy a humán és más genom projektek elindultak. A nyers adatok elemzésére és értelmezésére irányuló hatalmas igényt a bioinformatika fejlődő tudománya szolgálja ki. Munkám során egyedi és optimalizált bioinformatikai adatelemző megoldásokat fejleszték a rákkutatás (pl.: CLL, PCNSL, FL, GBM, NSCLC, DLBCL) és az *in vitro* megtermékenyítés területén. A rákdiagnosztikában a precíziós onkológiai kutatások kiemelt helyen állnak. Ebben jelentős szerepe van az újgenerációs szekvenáláson (NGS) alapuló módszereknek, melyekkel az egyes betegségek mutációs (SNP, INDEL, CNV), metilációs vagy akár mi/mRNS profilját határozhatjuk meg.



Hirling Dominik
Szegedi Tudományegyetem, Informatikai Intézet
Biológiai Kutatóközpont,
Szeged

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

Témavezető: **Prof. Dr. Horváth Péter**

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



Incze Evelyn Erzsébet
Semmelweis Egyetem,
Gyógyszertudományok Doktori Iskola,
Budapest

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

Témavezető: **Dr. Monostory Katalin**

A daganatos megbetegedések kezelése során kialakuló rezisztencia részben farmakokinetikai változásokra vezethető vissza, amelyek közül a gyógyszer-metabolizmusban részt vevő enzimek gén kópiaszámának változására (multiplikáció/deléción) fókuszálunk. A citokróm P450 (CYP) enzimek és a terápia-rezisztencia közötti kapcsolat tisztázását tűztem ki célul nem kissejtes tüdő adenocarcinómában. A CYP génnek tumorban bekövetkező kópiaszám-változásának detektálására nagy-áteresztőképességű qPCR alapú módszert dolgoztunk ki. *In vitro* tüdő adenocarcinoma sejt-modellben (EKVX) vizsgáljuk a nem rezisztens és kísérletesen rezisztensé tett sejtvonalak érzékenységét kemoterápiás hatóanyagokkal szemben.



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

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

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

Kutatásaim során nyílt hozzáférésű adatbázisokon elérhető egyes sejtes transzkriptomikai (single-cell RNA-seq) adathalmazok feldolgozásával, integrálásával és analizálásával foglalkozom. Célom, hogy emlő- és vastagbél-tumoros mintákból nagy mintaszámú, több százezer normál és tumoros sejtet is tartalmazó atlaszt hozzak létre. A tervezett atlasz lehetővé teszi kutatók számára, hogy vizsgálják a sejtípusok összetételét a daganattípusokban, valamint különböző összehasonlításokat végezzenek, például differenciálgénexpresszió vizsgálata normál és tumoros szövet, illetve a sejtípusok csoportjai között.



Kovács Szonja Anna
Semmelweis Egyetem,
Bioinformatika tanszék,
Budapest

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

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

Molekuláris biológusként végeztem 2020-ban a Debreceni Egyetemen, ezt követően kezdtem el PhD tanulmányaimat a Semmelweis Egyetem Bioinformatika Tanszékén. Az első projekt, amibe bekapcsolódtam a Semmelweis OnkoBank létrehozása volt, aminek fenntartásában azóta is részt veszek. Továbbá a betegek klinikai adatait és mintáit gyűjtő adatbázis (REDCap) felépítésében is volt szerepem. PhD kutatásom során az immunellenőrzőpont-gátlószerekre adott terápiás válasz biomarkereit vizsgálom. A publikusan hozzáférhető génexpressziós és klinikai adatokat egy elemzőplatformba (www.rocplot.com/immune) integráltuk, amelynek segítségével lehetőségünk van új biomarkerek felfedezésére. Jelenleg az *in silico* prediktált célpontok validálásán dolgozom FFPE szövetmintákon, illetve szingenikus (allograft) egér modelleken.



Kuffa Katalin Rita
Eötvös Loránd Tudományegyetem,
Biológia Doktori Iskola
Budapest

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

Témavezető: **Dr. Tusnády Gábor**

A kutatómunkám célja olyan hatékony, nagy áteresztő képességű kísérleti módszerek fejlesztése, melyek segítségével a sejtek felszínén lévő fehérjeszégmensek jelölésével, (a sejtek lizálását és membránpreparátumok készítését követően a fehérjék enzimikus emésztésével), majd a jelölt peptidok tisztításával és tömegspektrometriai azonosításával lehetővé válik a fehérjék extracelluláris régióinak, poszt-transzlációs módosulásainak, topológiájának, szerkezetének és mennyiségének, valamint polarizált sejtek esetében a különböző membrán doménekben lévő transzmembrán fehérjék vizsgálata. A kísérletekből kapott adatok felhasználhatóak a kutatócsoportunk által létrehozott/fejlesztett bioinformatikai adatbázisok adatainak bővítésére is. A sejt felszíni fehérjék vizsgálata továbbá segítséget nyújthat számos betegség molekuláris mechanizmusának feltárásában, valamint a különböző rákos és időskori betegségek korai diagnosztizálásában.



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

Kutatási terület: **metabolomika, rendszerbiológia**

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

A PhD témám a bor- és borecet metabolitok annotálására, az azokat eredményező anyagcsereútvonalak feltérképezésére irányul. A szőlőléből kiinduló fermentációs termékek kémiai ujjlenyomata számos élőlény metabolizmusának eredménye. A tandem tömegspektrométerrel mért metabolitok azonosítását követően azoknak eredetéről, biológiai hatásairól publikációs metaadatbázisokból gyűjtök információt adathalász algoritmusok segítségével. A természetes 'fermentlevekre' jellemző egyedi vegyületmintázatot kémiai informatikai módszerekkel (kémiai ujjlenyomattal, kémiai deszkriptorokkal) jellemzem. Rendszerbiológiai megközelítést alkalmazva a kismolekulákat és –az enzimreakciós adatbázisok alapján– a hozzájuk köthető enzimeket, fehérjéket anyagcserehálózatokhoz rendelem, amelyek révén átfogó képet nyerhetünk egy adott minta metabolomjáról.

A PhD mellett az „ELIXIR Proteomics Implementation Study” projektben az SDRF fájl (Sample and Data Relationship file Format) létrehozó és azt bemenetként felhasználó protokollok tesztelésével, az állományok létrehozásával és validálásával foglalkozom.



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

Kutatási terület: **mérhető reziduális betegség és terápiareszisztencia vizsgálata krónikus limfocitás leukémiában**

Témavezető: **Prof. Dr. Bödör Csaba**

Kutatási témám az új célzott terápiákban részesülő, krónikus limfocitás leukémiában (CLL) szenvedő betegek terápiás mélységének meghatározása újgenerációs-szekvenálás alkalmazásával. Mindemellett a CLL-ben, valamint köpenysejtes limfómában alkalmazott célzott kezelések hatására kialakuló rezisztencia-mechanizmusok molekuláris hátterét vizsgálom.



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

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

Témavezető: **Dr. Szász Attila Marcell**

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



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

Kutatási terület: **haplotípus elemzés és becslés a genotípustól egy nagy családban**

Témavezető: **Dr. Barta Endre**

Az öröklés Mendeli törvényeire alapozva az utódok genotípusának összehasonlításával következtetni tudunk a szülői haplotípusokra, és az összehasonlítással a szülői haplotípusai között az utódokban megfigyelhető rekombináció helyeire is következtetni tudunk. A fázisolt haplotípusok magas felbontását érhetjük el, bioinformatikai algoritmusával együtt. Ezenkívül ellenőrizzük a *de novo* mutációkat.



Mangó Katalin
Semmelweis Egyetem,
Természettudományi Kutatóközpont,
Budapest

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

Témavezető: **Dr. Monostory Katalin**

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



Marinkov Jelena
Debreceni Egyetem,
Természettudományi Kar, Növénytani Tanszék,
Debrecen

Kutatási terület: **veszélyeztetett növényfajok konzervációgenetikája**

Témavezető: **Dr. Sramkó Gábor**

A jelenlegi munkám az egyhajúvirág konzervációgenetikai célú kutatása. Az egyhajúvirág (*Colchicum bulbocodium* L.) egy Natura 2000 faj, amely Magyarországon és Szerbiában egyaránt védett. A *Bulbocodium versicolor* L. (syn.: *Colchicum bulbocodium* subsp. *versicolor*) és a *Bulbocodium vernum* L. (syn.: *Colchicum bulbocodium* subsp. *bulbocodium*) között létező taxonómiai bizonytalanságot szeretnék eloszlatni az area nyugati és keleti feléről bevont minták vizsgálatával, másrészt pedig a magyarországi és szerbiai állományok populációgenomikai vizsgálatával szeretnék ennek a veszélyeztetett fajnak a konzervációgenetikai hátterét tisztázni. A vizsgálatokhoz redukált reprezentativitású genomi módszerrel dolgozok (RAD-seq), amely a teljes genomot mintázza és kitűnően alkalmas mind filogenetikai, mind konzervációgenetikai kérdések vizsgálatára nem modell szervezetekben. A tervezett konzervációgenetikai vizsgálatokkal így tisztázható lenne, hogy valóban két taxon van-e Európában, illetve a populációgenomikai eredmények alapján explicit ajánlások adhatók a természetvédelmi kezelők számára a faj lelőhelyein belül, illetve között az ún. „management unit”-ok definiálásához.



Molnár Zsófia
Pázmány Péter Katolikus Egyetem,
Roska Tamás Műszaki és Természettudományi
Doktori Iskola, Budapest

Kutatási terület: **mikrobiális közösségek vizsgálata gépi tanulás segítségével**

Témavezető: **Dr. Ligeti Balázs**

Kutatásom mikrobiális adatok elemzésére alkalmas mélyneurális-hálózat alapú kontextus-függő reprezentációk és tanulási stratégiák (self-supervised learning) kidolgozására összpontosít. A mikrobiom adatok összetett természete – beleértve a kis mintaméretet, a zajos és részben címkézett adatokat – korlátozza a hagyományos gépi tanulási keretrendszerek teljesítményét. Ezen akadályok leküzdése érdekében különböző state-of-the-art technikákat integrálok, többek között transfer- és meta-learning sémákat, amelyek segítségével lehetséges a kis elemszámú kísérletek hatékony és robusztus kiértékelése, jelentősen javítható a diagnosztikai eszközök hatékonysága, valamint lehetségessé válhat a személyre szabott terápiák predikciója minimális mintaszám alapján.



Murmu Ankita
Semmelweis Egyetem,
Bioinformatika tanszék,
Budapest

Kutatási terület: **egysejtes RNS-Seq és rákos betegek klinikai adatainak elemzése**

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

Kutatómunkám középpontjában a nyilvános adattárakban elérhető egysejtes RNA-Seq tumoradatkészletek felhasználása áll, hogy egysejtes szinten elemezhessem a génexpressziós profilokat. Ehhez az adatok előfeldolgozásához és utólagos elemzéséhez R programozást használok. Ezzel párhuzamosan klinikai adatokat használok fel egy olyan gépi tanulási modell kifejlesztésére, amely pontosan előre jelzi a rák kimenetelét és segít a kezelési döntések meghozatalában. Kutatásommal arra töreksem, hogy hozzájáruljak olyan hatékony és eredményes stratégiák kidolgozásához, amelyek a rákos betegek javát szolgálhatják.



Müller Dalma
Semmelweis Egyetem,
Bioinformatika Tanszék,
Budapest

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

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

Kutatásom során többek között vastagbél adenokarcinómában vizsgálom a DNS metilomot, elsősorban microarray technológia felhasználásával készült adatok

elemzése által. Munkám célja a DNS metiláció tumorprogresszióban betöltött szerepének vizsgálata, illetve új, metiláció-alapú biomarker-jelöltek azonosítása. Mindezek mellett az összegyűjtött adatokat egy, a különböző szövetek összehasonlítását szolgáló webes felület létrehozásán dolgozom.



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

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

Témavezető: **Prof. Dr. Csősz Éva**

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



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

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

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

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



Pál Viktor
Szegedi Tudományegyetem,
Biológia Doktori Iskola,
Szeged

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

Témavezető: **Prof. Dr. Horváth Péter**

A projekt célja egy olyan automatizált mikroszkópián alapuló rendszer fejlesztése, amely egy időben képes több idegsejt teljesen automatizált path clamp vizsgálatára. Módszerünkkel arra a ma még csak felületesen ismert kérdésre fogunk válaszolni, hogy különböző fenotípusú és térben elhelyezkedő sejtek hogyan kommunikálnak, és milyen molekuláris változásokat képesek az egységben kommunikáció útján előidézni. Munkánk során a mesterséges intelligencia legmodernebb mélytanuláson alapuló, 3D képeken alkalmazott módszereit kombináljuk robotikával és mikrovezérlőkkel.



Pánczél Iván Ádám
Semmelweis Egyetem, Belgyógyászati
és Onkológiai Klinika, Onkológiai Részleg
Budapest

Kutatási terület: **nőgyógyászati daganat sebészet**

Témavezető: **Dr. Szász Attila Marcell**

Kutató munkám az LAMN (Low-grade Appendix Mucinosus Neoplasia) betegségben szenvedő nők körül íródik. Ezen betegek gyakran jelentkeznek hasüregbe kiterjedt secunder mucinosus elváltozásokkal, amely kezelésének standard eljárása a cytoreductio és a profilaktikus salpingoophorectomia, ezzel megfosztva a hölgyet minden nemi működésétől. Kutatásunk során ezen daganatos betegség infiltratív képességeit igyekszünk felülvizsgálni, ezzel valóban meghatározni a kezelési protokoll hatásosságát és szükségességét. Adott esetben, ha sikerül kimutatni, hogy a daganatos sejtek nem infiltrálják egyéb szervek állományát (pl. Ovarium), esély születhetne organ preservation műtétek használatára, így megkímélve a betegeket a reprodukív képességeiknek való megfosztástól, lehetőséget adva egy egyébként egészséges nő számára a teherbeesésre.



Parrag Petra
Semmelweis Egyetem,
Patológiai Tudományok Iskolája,
Budapest

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

Témavezető: **Dr. Kenessey István**

A rosszindulatú daganatos megbetegedések incidenciájában és mortalitásában világszerte emelkedő tendencia tapasztalható, ráadásul több, az európai országokra vonatkozó összehasonlító szakirodalom Magyarországot azon országok közé sorolja, ahol az egyik legmagasabb a rákos megbetegedések előfordulása és halálozása. Kutatásom a tüdőrák, a melanóma és a fej-nyak régióban jelentkező lap-hámsejtes rosszindulatú daganatok hazai epidemiológiai változásaira fókuszál, összevetve azokat az európai országok trendjével. Az egyes daganatokra jellemző betegkarakterisztika, a hazai regionális eltérések és ezek időbeli változásai mellett tanulmányozom a túlélési mintázatot, mely az onkológiai kezelésre vonatkozó adatokkal is összevetésre kerül.



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

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

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

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



Schmalz Dániel
Pécsi Tudományegyetem,
Szentágotthai János Kutatóközpont,
Pécs

Kutatási terület: **neuroendokrin tumorok komprehenzív genomikai vizsgálata**

Témavezető: **Dr. Gyenesei Attila, Dr. Kajtár Béla**

A Szentágotthai Kutatóközpont munkatársaként, valamint a Pécsi Tudományegyetem Általános Orvostudományi Kar Phd hallgatójaként a doktori munkám során daganatos megbetegedések, azon belül is főképp a neuroendokrin tumorok széleskörű, újgenerációs szekvenálási technológiák segítségével történő genetikai térképezésével, valamint az eredmények bioinformatikai elemzésének fejlesztésével foglalkozom. Kiemelt célunk a fontosabb mutációknak és a tumor mutációs terhelésnek a meghatározása bioinformatikai elemzéssel, melynek segítségével hozzájárulhatunk az immunellenőrzőpont-gátlókra adott kedvező válasz előrejelzéséhez. A kidolgozott módszerek elősegíthetik a betegség kezelésére irányuló kezelés költségeinek, valamint a további esetleges kezelések lehetséges mellékhatásainak csökkentését.



Szabó András László
Pázmány Péter Katolikus Egyetem,
Roska Tamás Műszaki és Természettudományi
Doktori Iskola, Budapest

Kutatási terület: **fehérjék fázisszeparációjának vizsgálata *in vitro* és *in silico* módszerekkel**

Témavezető: **Dr. Gáspári Zoltán**

A központi idegrendszer tanulmányozásának elengedhetetlen eleme, hogy minél részletesebb leírás álljon rendelkezésünkre a szinaptikus jelátvitelhez hozzájáruló folyamatokról és sejtalkotókról. Ezek közé tartozik a poszt-szinaptikus fehérjehálózat is (angol nevén postsynaptic density, avagy PSD), amelyről már korábban kimutatták, hogy dinamikus szerkezeti változásai összefüggésben állnak a jelátvitel erősségével, illetve a szinaptikus plaszticitással. Az eme változásokat előidéző folyamatokban pedig egyes kísérletek szerint szerepe van a PSD-t alkotó fehérjék fázisszeparációjának, amely során bizonyos fehérjék multivalens interakciókkal indítják el fehérjékben gazdag membrán nélküli organellumok reverzibilis kialakulását. Munkám célja ezen folyamat beható tanulmányozása, illetve egy a PSD fehérjék fázisszeparációjának vizsgálatára alkalmas, költséghatékony kísérleti módszer kifejlesztése.



Vadassy Rita
Semmelweis Egyetem,
Bioinformatika tanszék,
Budapest

Kutatási terület: **mesterséges intelligencia alkalmazása orvosi diagnosztikai, illetve döntéstámogató szoftverek fejlesztéséhez, emlőtumoros betegek esetében**

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

Kutatásom során különböző génmutációk hatását vizsgálom. Megkísérlem a több ezer adatot tartalmazó génmutációs adatbázisokban fellelhető klinikai adatok figyelembevételével a betegség prognózisát felállítani, és bonyolultabb tumorgenetikai összefüggéseket találni. Célom egy döntéstámogató és előrejelző platform fejlesztése, melyhez gépi tanulási módszereket használok.



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

Kutatási terület: **diffúz nagy B-sejtes lymphomák molekuláris klasszifikációja korszerű molekuláris és bioinformatikai eszközökkel**

Témavezető: **Prof. Dr. Bödör Csaba**

Kutatási témám a magyarországi diffúz nagy B-sejtes lymphoma (DLBCL) esetek genomikai és transzkriptomikai elemzése újgenerációs szekvenálás segítségével. A cél új prognosztikus markerek beazonosítása, valamint a betegség genomikai hátterének további kutatása molekuláris és bioinformatikai módszerekkel.



Zsupos Vivien
Debreceni Egyetem,
Evolúciós Állattani és Humánbiológiai Tanszék
Debrecen

Kutatási terület: **lepkék felröppenési távolságának vizsgálata**

Témavezető: **Prof. Dr. Barta Zoltán**

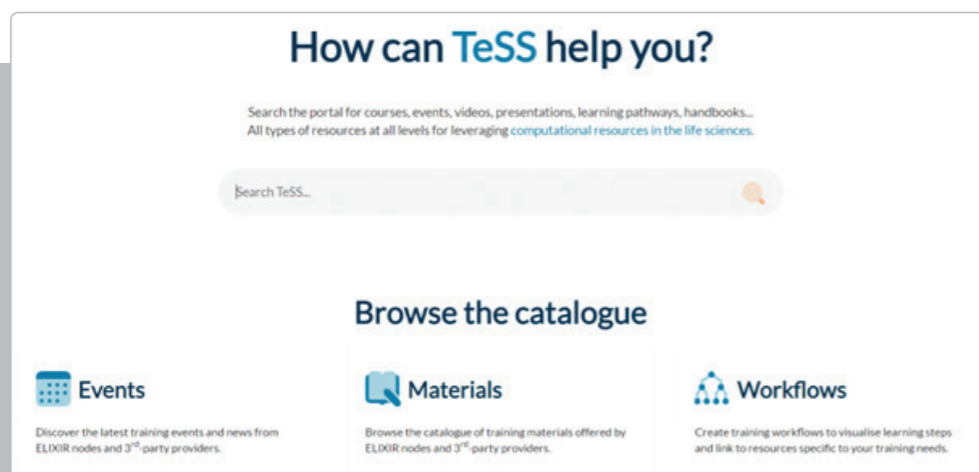
Kutatásom során a lepkék különféle manipulációra adott felröppenési távolságát (FID) vizsgálom. A vizsgálatok során különböző sziluettekkel, illetve urbánus és rurális területek összehasonlításával dolgozom. A felröppenési távolság vizsgálata fontos szerepet játszhat a lepkék *in situ* védelmében.

Az Elixir keretén belül működő **Training eSupport System (TeSS)** egy olyan online platform, amely naprakész információval szolgál a bioinformatikában elmélyülni vágyók számára. A TeSS-t az ELIXIR részeként fejlesztették ki azzal a céllal, hogy a kutatókat felkészítse a rendelkezésre álló számítási infrastruktúrák jobb kihasználására.

A portálon naprakész információk és tartalmak érhetők el online formában, köztük **képzési anyagok, események és interaktív oktatóprogramok** mind a képzők, mind a tanulni vágyók számára. A képzők számára a portál lehetőséget kínál a tananyagokkal és képzési eseményekkel kapcsolatos információk megosztására és tananyagok feltöltésére. A képzésben résztvevők számára felhasználóbarát módon biztosítja a releváns képzési események és források azonosítását, valamint a személyre szabott képzési munkafolyamatokat.

A portál három fő részre osztható. Az **Events/Események** menüpont minden olyan fontos bioinformatika tárgyú

kurzust, konferenciát, képzési és találkozási lehetőséget tartalmaz, amelyen az érdeklődők személyesen vagy online részt vehetnek, tanulhatnak és kapcsolatot építhetnek. A **Materials/Képzési anyagok** részhez feltöltött, online tananyagok szabadon hozzáférhetők az érdeklődők számára és változatos tartalmú, kezdő vagy haladó szintű tananyagot tartalmaznak. Az oldalon jelenleg 67 rangos nemzetközi csoport által készített magas színvonalú oktatási anyag található. Az ún. **Training workflows/Képzési munkamenetek** rész olyan „képzési munkafolyamatokat” tartalmaz, amelyek segítenek az adatok strukturálásában, elemzési stratégiák elsajátításában. A tanulási útvonalak (Learning Path) célja, hogy egyszerű vizuális munkafolyamatokon belül strukturálják a releváns képzési forrásokat a tanulási célok elérése érdekében. Minden modul tartalmazza a tanítási célokat és a tanulási eredményeket. A modul végén feleletválasztós kvízkérdések segítségével lehet ellenőrizni a megértést.



A portál honlapja:
<https://tess.elixir-europe.org/>

11.1. MAGYAR GENOM PROGRAM

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

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

magában: pontosabb diagnosztikához, új orvosi eszközökhöz, gyorsabb klinikai vizsgálatokhoz, új gyógymódokhoz vezethet.

A projekt középpontjában a ritka betegségekben szenvedők és családtagjaik, valamint a rákos betegek állnak. Emellett népegészségügyi vizsgálatokat is végeznek, mely nemcsak az egyes betegek javára válik, de tudományos felfedezésekhez is hozzájárul majd.

A Magyar Nemzeti Genom Program célja, hogy a magyar populáció genetikai jellemzőit meghatározza, valamint betegség-specifikus genetikai panelek fejlesztését és új gyógyszer-célpontok azonosítását segítse elő. A program a magyar lakosságot közvetlenül érinti, jelentősen hozzájárulhat ugyanis a közegészségügyi állapot javításához, hiszen a magyar lakosság genetikai változatosságának megismerésével a magyarok genetikai sajátosságai is figyelembe vehetők az orvoslás során. A megvalósításban részt vesznek akadémiai és piaci partnerek is.



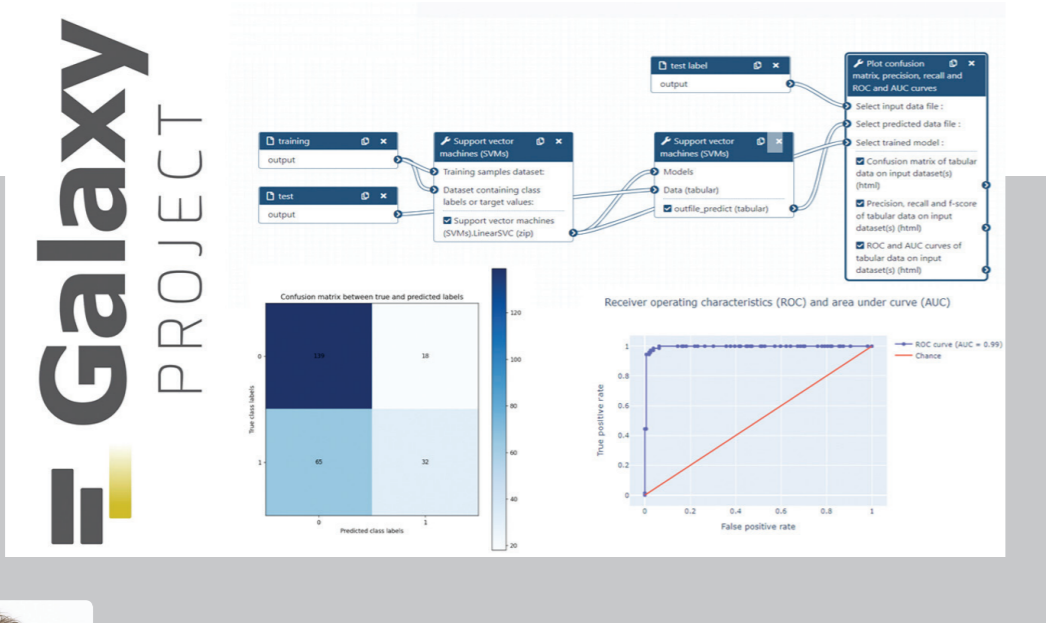
Kapcsolat: **Dr. Gyenesei Attila**, Pécsi Tudományegyetem, Szentágothai János Kutatóközpont, Genomika és Bioinformatika Core Facility
Email: gyenesei.attila@pte.hu
Weboldal: <https://hungen.hu/>

11.2. SEMMELWEIS GALAXY SERVER

A Galaxy egy nyílt forráskódú, könnyen kezelhető grafikus felhasználói felülettel (GUI) rendelkező, böngésző alapú alkalmazás, amely lehetőséget biztosít a kutatóknak arra, hogy bioinformatikai elemzéseket végezzenek anélkül, hogy széleskörű programozási ismeretekkel rendelkeznenek. A GUI segítségével a felhasználó feltölti saját adatait, de elérheti más felhasználók vagy adattárházak megosztott adatait is. Ez az adatmegosztás kiváló lehetőséget biztosít a különböző szakterületeken dolgozó kutatók számára a csapatmunka megvalósítására. A Galaxy szervereken található eszköztár biztosítja a feladatok megoldására használható szoftvercsomagok gyors elérését, paraméterezését, végül az eredményeket, amelyek szintén megoszthatók. Fontos kiemelni, hogy a rendszer használatával biztosíthatjuk,

hogy elemzésünk bármikor reprodukálható legyen.

A Semmelweis Egyetem Bioinformatika Tanszékén először 2020-ban telepítettük a Galaxy platformot, amely elsősorban az Általános Orvostudományi Karon meghirdetett Klinikai bioinformatika kurzus támogatására szolgált. Mivel a kurzusunk a gyakorlati felhasználásra helyezi a hangsúlyt, ezért fontos volt, hogy hallgatónk számára egy olyan, könnyen használható platformfüggetlen eszközt tudjunk ajánlani, amely minimális informatikai tudással is lehetővé teszi a feladatok gyors megoldását és azok ellenőrzését. A bővülő igények kielégítésére 2021-ben egy új szervert üzemeltünk be, amely kiszolgálja a Galaxy platformot is. Jelenleg a szerver regisztrációt követően bárki számára elérhető.



Kapcsolat: **Dr. Fekete János**
Email: fekete.janos@med.semmelweis-univ.hu
Weboldal: <http://galaxy.semmelweis.hu/>

11.3. SEMMELWEIS ONKOBANK

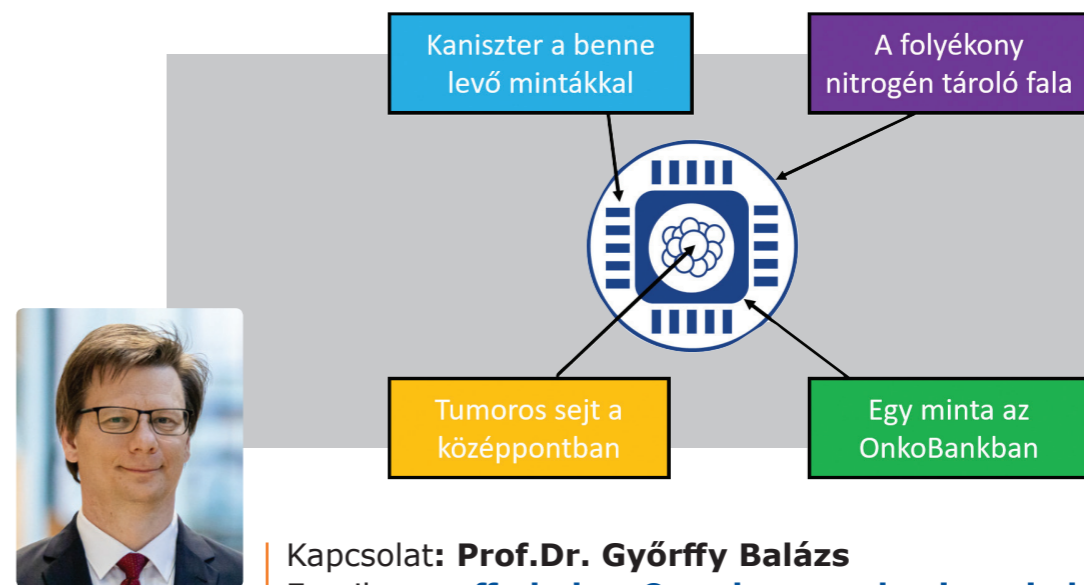
A Semmelweis OnkoBank megalapításával célul tűztük ki a Semmelweis Egyetem klinikáinak ambulanciáin és fekvőbeteg osztályain kezelt, rosszindulatú daganatos megbetegedésekben szenvedő betegek biológiai mintáinak (vér, tumor és normál szövet) gyűjtését és tárolását, valamint klinikai adatainak hosszútávú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

A begyűjtött személyi- és egészségügyi adatokat, a minták adatait, valamint a kutatólaboratóriumban zajló vizsgálatokból származó adatokat a kifejezetten hosszútávú, biztonságos, klinikai adatgyűjtésre kifejlesztett on-

line REDCap adatbázisban rögzítjük. Ezen adatok segítségével információkat kaphatunk a különböző daganatos megbetegedések lefolyásáról, valamint a túlélésről. A biomarkerek, illetve a túlélési adatok ismeretében lehetőségünk nyílik olyan egyéni, „omikai” kombinációk feltárására, amelyek a betegek korai, pontosabb diagnózisát, betegségük lefolyását, illetve a terápiás válaszukat befolyásolhatják.

A megfelelő infrastruktúrát és a személyi feltételeket a Semmelweis OnkoBank biztosítja: dewar edények, folyékony nitrogénnel töltött szállítókanna, -196 °C-os gőzfázisú folyékony nitrogén tároló, -80°C-os ultramélyhűtő, hűthető centrifuga, vonalkód leolvasók és szerver szünetmentes áramforrással. A betegek biológiai mintáit és klinikai adatait a partnerintézetek megbízott orvosai, szakasszisztensei szolgáltatják számunkra. A Semmelweis OnkoBank tevékenységében 15 magyar és egy német intézmény vesz részt.

Az OnkoBank logója sematikusan mutat egy gőzfázisú folyékony nitrogén tárolót, és ebben a minták elhelyezkedését:



Kapcsolat: **Prof. Dr. Gyórfy Balázs**
Email: gyorffy.balazs@med.semmelweis-univ.hu
Weboldal: <https://www.onkobank.com>

12.1. HU-2021 PROTEOMICS


A nyilvános proteomikai adatkészletek translációs értékének növelése: Automatikus metaadat-alapú újraelemzés felhő-alapú infrastruktúrákban

(Increasing the translational value of public proteomics datasets: Automatic metadata-driven reanalysis in cloud infrastructures)

Projektfelelős: Prof. Dr. Csősz Éva, Debreceni Egyetem

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

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

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

12.2. HU-2021-IDPTOOLS


Az IDP-eszközök interoperabilitásának javítása és integrálása az ELIXIR-be

(Improving IDP tools interoperability and integration into ELIXIR)

Projektfelelős: Dr. Dosztányi Zsuzsanna, Eötvös Loránd Tudományegyetem

Az „Improving IDP tools interoperability and integration into ELIXIR” Implementation Study egyik fő célkitűzése az volt, hogy jobb hozzáférést biztosítson azokhoz az eszközökhöz, amelyek meghatározható, hogy mely fehérje részeken jelenik meg a rendezetlenség, illetve a jövőbeli fejlesztések elősegítése érdekében a rendezetlenség különböző

fajtáinak feltérképezése. Fontos feladat volt továbbá a funkció és a rendezetlenség közötti kapcsolat javítása a CAFA-val integráció révén. További célkitűzésként szerepelt hiánypótló eszközök és adatok azonosítása a 3D-Bioinfo és proteomikai közösségekkel együtt, melyek elősegítik ezen közösségek jobb integrációját.

12.3. HU-2022-STRATEGIC


Stratégiaorientált megvalósítási tanulmányok

(Strategy Driven Implementation Studies)

Projektfelelős: Dr. Gyenesei Attila, Pécsi Tudományegyetem

Az elmúlt hónapokban megvizsgáltuk és értékeltük, hogy a másodlagos felhasználásra engedélyezett, érzékeny magyar emberi adatok kezelése hogyan történik egy kiemelt fontosságú infrastruktúrában. A magyar ELIXIR csomópontból összegyűjtöttünk néhány felhasználási esetet az érzékeny emberi adatok kezelésére, amelyek alapján ezeket a felhasználási eseteket a FEGA keretrendszeren keresztül fejlesztésre és támogatásra priorizáljuk. Ezek nagymértékben felhasználásra kerülnek majd

a magyar kezdeményezésű Magyar Genom Program során, amely összhangban van az EU-tagállamok **1+ Millió Genom** kezdeményezésének ritka betegségekre, rákos megbetegedésekre, fertőző betegségekre, valamint gyakori és összetett betegségekre vonatkozó adataival. Bár a fenti feladatokról szóló teljes jelentés még nem készült el teljesen, azt tervezzük, hogy az utolsó hónapokban befejezzük, miután megvitattuk azt a magyar ELIXIR csomópont minden tagjával.

12.4. HU-2019-HCNV

Humán Kópiaszám Variációk

(Human copy Number Variations)

Projektfelelősök: Dr. Monostory Katalin és Dr. Gyenesei Attila

Sikerrel zárult az ELIXIR Europe hCNV (humán kópiaszám variációk) projektje, amelyben az ELIXIR Magyarország részéről Dr. Monostory Katalin és Dr. Gyenesei Attila kutatócsoportja vett részt. A hCNV-k a genom olyan ismétlődő szakaszai, amelyek egyéni eltéréseket mutatnak, és amelyekhez számos megbetegedés köthető. A hCNV-adatok szabványosítása segíthet megérteni egyes megbetegedések kialakulását, és felgyorsíthatja a diagnosztikai tesztek és terápiák kifejlesztését. A 24 hónapos projekt célja a humán kópiaszám-variációkra vonatkozó információk pontosítása és hozzáférhetőségének javítása. A részt vevő tíz ELIXIR-csomópont a humán kópiaszám-variációkra vonatko-

zó adatok tárolásának és elemzésének megfelelőbb szabványosítására tett javaslatot. További cél volt a hCNV szakértelem kiépítése és koordinálása az ELIXIR-en belül. A projekt emellett szoros kapcsolatokat épített ki az ELIXIR-csoportokkal, például a Galaxy, Bio.tools, Beacon, OpenEbench, konténerek és benchmarking csoportokkal, és szoros együttműködött külső szakértői csoportokkal, köztük az EOSC-Pillar, a GA4GH és a TransBioNet csoportokkal. A projekt megnyitotta az utat a továbbfejlesztett szabványok felé a hCNV területén, ami pozitív hatással lesz a kutatásra, a diagnosztikára és végső soron a betegellátásra.



12.5. EURÓPAI ADATFÖDERÁCIÓ LÉTREHOZÁSA AZ ÉLETTUDOMÁNYOK SZÁMÁRA

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

Az ELIXIR, az európai élettudományi infrastruktúra jelentős előrelépést ért el a bioinformatikai szolgáltatások koordinálásában és nyújtásában a nemzeti csomópontokon keresztül. Erre a sikerre építve az ELIXIR-CONVERGE célja, hogy Európa-szerte elosztott helyi támogatást nyújtson az adatkezeléshez, lehetővé téve a kutatók számára, hogy a nemzetközi szabványoknak megfelelően hatékonyan kezeljék és megosszák adataikat. Ez az együttműködési projekt 22 ország 29 kutatóintézetét fogja össze, hogy az élettudományi adatkezelés támogatásának transznacionális modelljét dolgozza ki. Az ELIXIR-CONVERGE célkitűzései közé tartozik az adatkezelési kapacitás erősítése egy átfogó képzési program révén, a nemzeti szabványok és szolgáltatások összehangolása egy adatkezelési eszköztár segítségével, valamint a helyi hatás és a globális befolyás előmozdítása.

A projekt több munkacsoportba szerveződik, amelyeket a terület szakértői vezetnek, és amelyek olyan területeket fednek le, mint a képzés, a közös adatkezelési eszközök, a kommunikáció,

a hatás és a projektmenedzsment. Az ELIXIR-CONVERGE emellett a COVID-19-hez kapcsolódó adatokra összpontosító konkrét kezdeményezéseket is magában foglalja, beleértve a szövetségi európai genom-fenom archívumot (FEGA) és az európai COVID-19 adatplatformot. Az ELIXIR-CONVERGE célja, hogy létrehozzon egy európai adatföderációt, amely megkönnyíti a tudás kinyerését a különböző és megosztott adathalmazokból, miközben egy mintát ad a csomópontok fenntartható működéséhez az országos kutatási infrastruktúrákban.



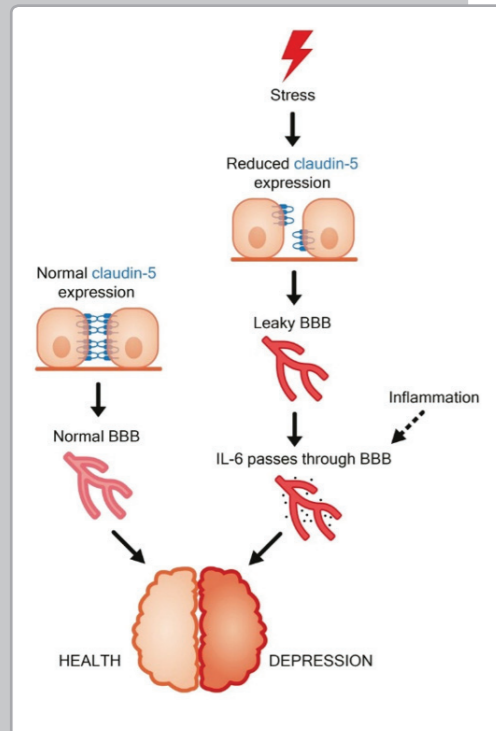
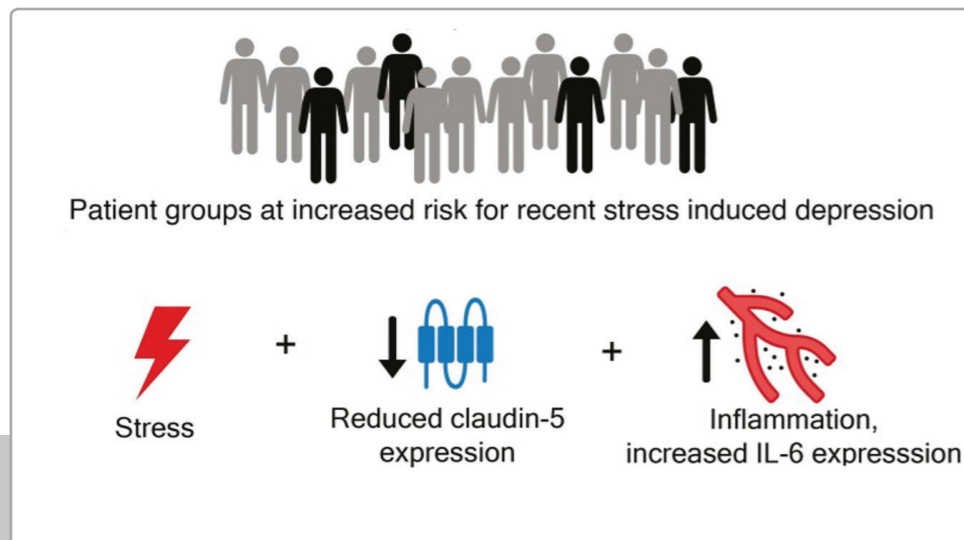
Az ELIXIR-CONVERGE célkitűzései:

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.

• Prof. Dr. Bagdy György

**Gyulladás és vér-agy gát a depresszióban: A CLDN5 és az IL6 gén-
változatok kölcsönhatása a stressz által kiváltott depresszióban**

Kép 1: Öröklött és környezeti tényezők, amelyek a friss stressz-indukált depresszió fokozott kockázatához vezetnek.



Kép 2: Feltételezett egymást követő lépések, amelyek a stressz-indukált depresszióhoz vezetnek. A stressz közvetlenül befolyásolja az agyműködést, megzavarja a claudin-5 expresszióját, ami átjárhatóbb vér-agy gátat (BBB) okoz, és így a perifériás gyulladáscitokinek, mint például az interleukin (IL)-6, bejuthatnak az agyba, ami a depresszió fokozott kockázatát okozza.

Referencia: Gal, Z., Torok, D., Gonda, X., Eszlari, N., Anderson, I.M., Deakin, B., Juhasz, G., **Bagdy, G.**, Petschner, P., 2023. Inflammation and Blood-Brain Barrier in Depression: Interaction of CLDN5 and IL6 Gene Variants in Stress-Induced Depression. *Int J Neuropsychopharmacol* 26, 189–197. <https://doi.org/10.1093/ijnp/pyac079>

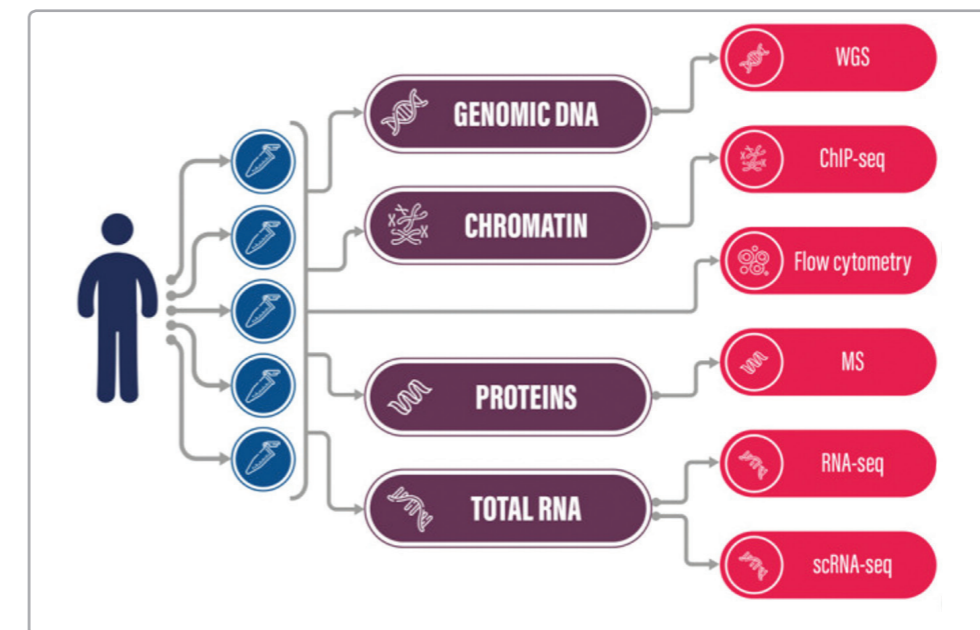
• Dr. Bálint Bálint László

A genetikailag azonos humán B-limfoblasztoid sejtek közötti variabilitás kiterjedt proteom- és funkcionális genomikai profilalkotása

Az élettudományi kutatásokban az izogén B-limfoblasztoid sejtvonalak (LCL-ek) a genetikai stabilitásuk miatt széles körben ismertek és előnyösek. Gyakran használják például mutációk tanulmányozásához, ahol a genetikai stabilitás kulcsfontosságú. Korábban kimutattuk, hogy fenotipikus változékonyság tapasztalható az izogén LCL-ekben. Az izogén LCL-ek jól meghatározott fenotipikus különbségeket mutatnak különböző szinteken, például a génexpresszió vagy a kromatin szintjén. Kutatásaink alapján az izogén LCL-ek fenotipikus változékonyságát bizonyos genetikai változékonyság is kíséri. LCL adathalmazok kompendiumát dolgoztuk ki, amely öt izogén LCL fenotipikus és genetikai változékonyságát mutatja be kombinálva különböző omikai adatszeteket.

Ebben a cikkben bemutatjuk az adathalmazainkat, amelyeket az újgenerációs szekvenálási technikákkal generáltunk genomikus és transzkriptomikus profilokhoz (WGS, RNS-szekvenálás, egy sejts RNS-szekvenálás), fehérje-DNS kölcsönhatásokhoz (ChIP-seq), valamint tömegspektrometriai és áramlási citometriai adathalmazokat a proteomikai változások nyomon követésére. Az adathalmazokat a tudományos közösséggel a FAIR elvek szerint osztjuk meg további vizsgálatok céljából.

Kép: A kísérlet és az adattípusok általános áttekintése

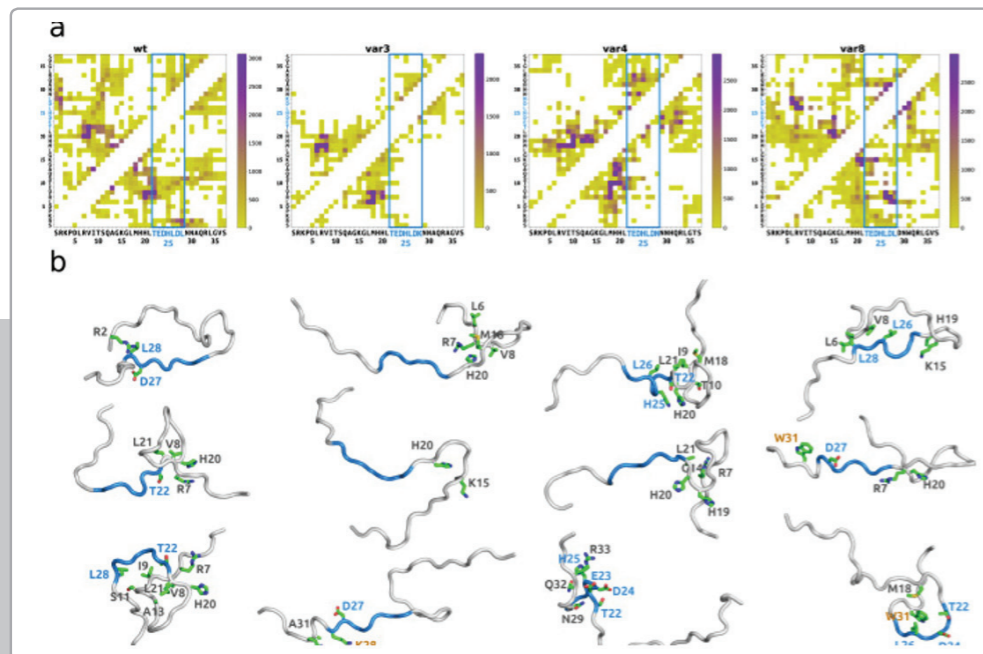


Referencia: Laczik, M., Erdős, E., Ozgyin, L., Hevessy, Z., **Csősz, É.**, Kalló, G., Nagy, T., Barta, E., Póliska, S., Szatmári, I., **Bálint, B.L.**, 2022. Extensive proteome and functional genomic profiling of variability between genetically identical human B-lymphoblastoid cells. *Sci Data* 9, 763. <https://doi.org/10.1038/s41597-022-01871-9>

1. Alternatív módon splicelt exon szabályozza a kontextusfüggő MEF2D magasabb rendű összeszerelődést a miogenezis során

Ez az absztrakt az alternatív módon splicelt β -domain szerepét vizsgálja az izomsejtek differenciálódásában. A β -domén fokozza a Mef2D transzkripcióját, és interakciós elemként szolgálhat a Mef2D magasabb rendű összeszereléséhez. A tanulmány a Mef2D mobilis magkondenzátumokat és szilárd szerű aggregátumokat figyel meg, amelyek korrelálnak a fokozott transzkripció aktivitással és a myotube fejlődéssel. A β -domén változatok, beleértve a merev és rendezetlen formákat is, folyadék-folyadék fázisválasztással segítik elő az aggregátumok kialakulását. Ezek az eredmények arra utalnak, hogy a β -domén finomhangolja a Mef2D összeszerelődést, elősegítve a myogén szabályozó faktorok és a transzkripció apparátus közötti kölcsönhatást az izomfejlődés során.

Kép: Mef2D variáns peptidek reprezentatív szerkezeti jellemzői molekuladinamikai szimulációkból.



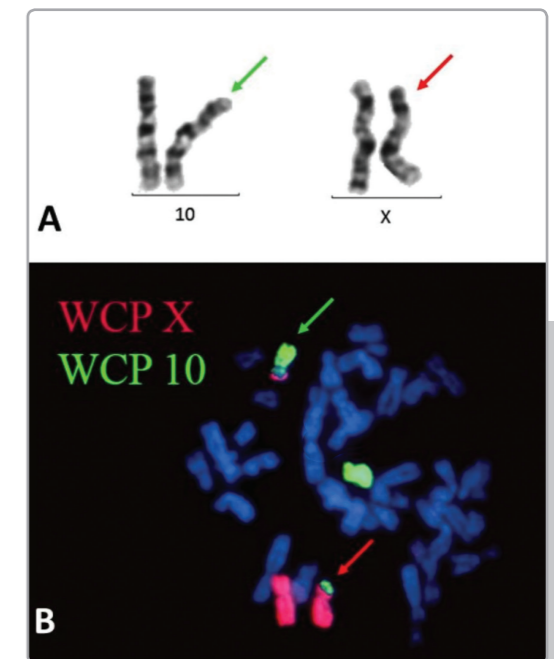
Referencia: Gönczi, M., Teixeira, J.M.C., Barrera-Vilarmau, S., Mediani, L., Antoniani, F., Nagy, T.M., Fehér, K., Ráduly, Z., Ambrus, V., **Tózsér, J., Barta, E.**, Kövér, K.E., Csernoch, L., Carra, S., Fuxreiter, M., 2023. Alternatively spliced exon regulates context-dependent MEF2D higher-order assembly during myogenesis. *Nat Commun* 14, 1329. <https://doi.org/10.1038/s41467-023-37017-7>

2. Egy X-kromoszómás recesszív rendellenesség rendkívül ritka megnyilvánulása: Duchenne izomdisztrófia egy női betegnél

Ez a tanulmány a Duchenne-izomdisztrófia (DMD) szokatlan esetét mutatja be egy női betegnél. A betegnél a DMD-gént érintő transzlokáció volt, és súlyos dystrophiás elváltozásokat, csökkent dystrophin-expressziót és ferde X-inaktivációt mutatott. Ez a ritka megnyilvánulás rávilágít a DMD komplexitására, és bővíti a genetikai mechanizmusok megértését.

Kép: A t(X;10)(p21.1;p12.1) transzlokáció G-kötéses (A) és FISH-mintázata (B). A FISH-képen az X-kromoszómákat piros, a 10-es kromoszómát pedig zöld színű teljes kromoszómafestő szondák (WCP) teszik láthatóvá. A piros nyilak a származékos X, míg a zöld nyilak a származékos 10 kromoszómákat jelzik.

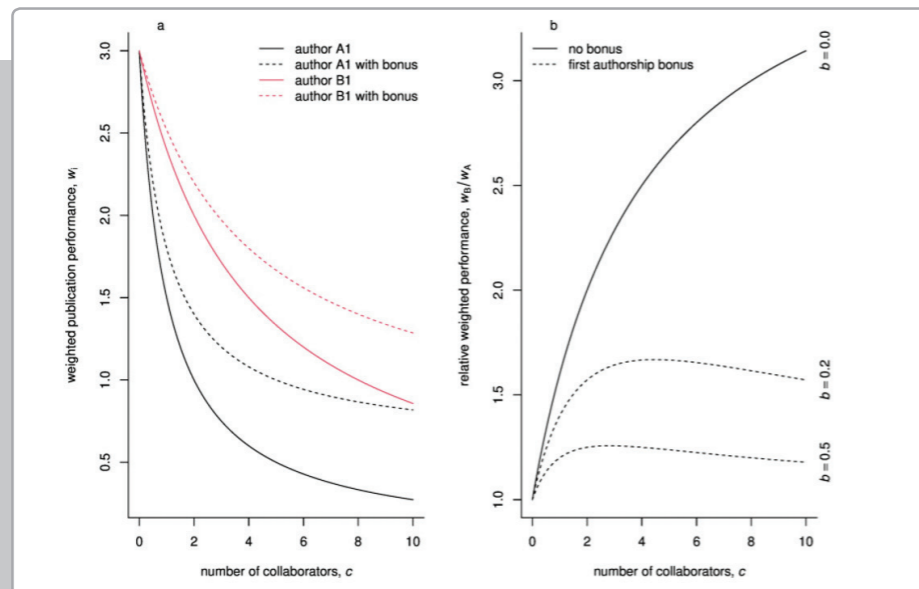
Referencia: Szűcs, Z., Pinti, É., Haltrich, I., Szén, O.P., Nagy, T., **Barta, E.**, Méhes, G., Bidiga, L., Török, O., Ujfalusi, A., Koczok, K., Balogh, I., 2022. An Ultra-Rare Manifestation of an X-Linked Recessive Disorder: Duchenne Muscular Dystrophy in a Female Patient. *Int J Mol Sci* 23, 13076. <https://doi.org/10.3390/ijms232113076>



Publikációs játékok: A kölcsönösség hálójában

A tudományos teljesítménymérés jelenlegi formája arra ösztönzi a kutatókat, hogy minél több cikkben szerepeljenek szerzőként. Ez a nyomás sokszor etikailag kérdéses publikálási gyakorlathoz vezet, mint pl. az ajándék szerzőség, vagy a kierőszakolt szerzőség. A praktikáknak az egyik legkárosabb válfaja a publikációs kartellek alapítása. Egy kartellben néhány kutató tömörül, akik kölcsönösen meghívják egymást, hogy mindennemű érdemi hozzájárulás nélkül legyenek szerzőtársak egymás publikációinál. E cikkben a publikációs folyamat egy egyszerű modellje és szimulációja segítségével azt vizsgáljuk, hogy mennyire előnyös a kartellek létrehozása, és esetleg hogyan lehet ellenük küzdeni. Az eredmények azt mutatják, hogy publikációs kartelleket még akkor is érdemes létrehozni, ha a szerző hozzájárulást korrigáljuk a szerzőszámmal (az $1/n$ szabály). Azonban az $1/n$ szabály alkalmazása jelentős érdekellentétet generálhat mind a kartell tagjai, mind a kartelltagok és a kívülállók között. Ennek révén viszont egy öntisztító folyamat indulhat be, mely segítheti az akadémiai publikációs folyamat öntisztulását.

Kép: Publikációs teljesítmény, amikor a szerzők csoporton kívüli személyekkel dolgoznak együtt.

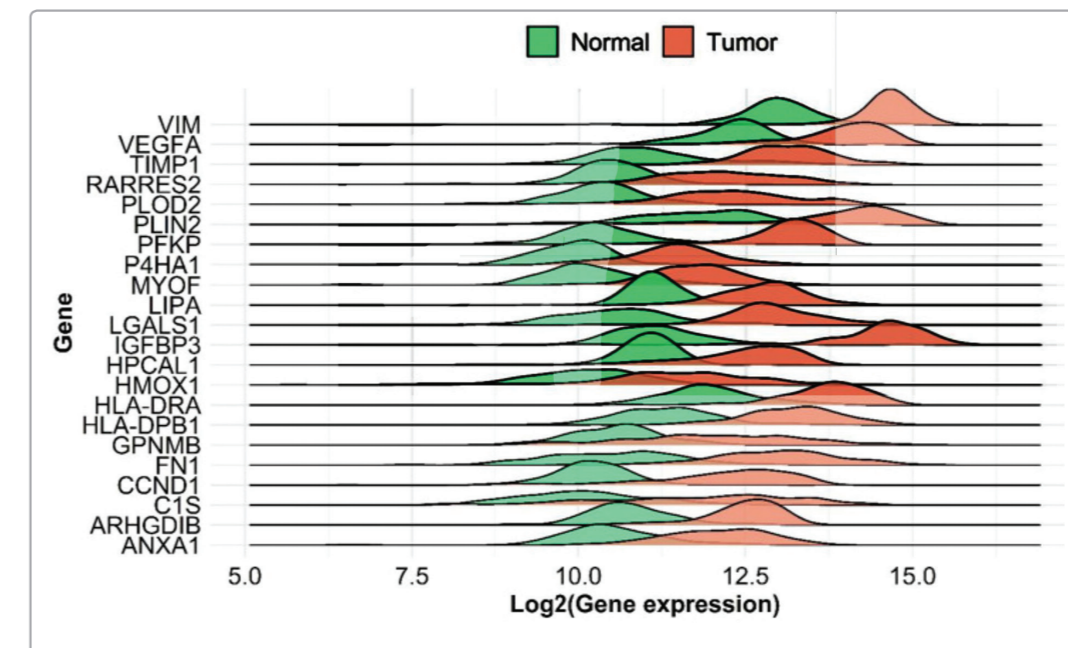


Referencia: Barta, Z., 2022. Publication games: In the web of reciprocity. *PLoS One* 17, e0270618. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0270618>

A tumoros és normális szövetek proteotranszkriptomikai megkülönböztetése vesesejtes karcinómában

Ez a kutatás proteotranszkriptomikai megközelítést alkalmazott a normál és a tumoros szövetek megkülönböztetésére a tiszta sejtes veserák (ccRCC), a veserák leggyakoribb formája esetében. A géntömbökből származó transzkriptomikai adatok elemzésével és a fehérjék bőségének célzott tömegspektrometriás értékelésével a tanulmány azonosította a ccRCC-ben túlréprezentált géneket, köztük az IGFBP3, PLIN2, PLOD2, PFKP, VEGFA és CCND1 géneket. Az eredményeket veseszövetminták nagy adatbázisának felhasználásával validálták, és jelentős klinikai alkalmazási potenciált mutattak ki, mivel specifikus génpanelt kínálnak a ccRCC-szövetek pontos azonosítására. Továbbá a tanulmány azonosította a teljes túléléssel összefüggésbe hozható fehérjéket, és kifejlesztett egy, a fehérje szintű adatokon alapuló osztályozási algoritmust.

Kép: Összehasonlított normál és ccRCC tumorminták differenciális génexpressziója transzkriptomikai adatokból. A differenciálisan expresszált gének Ridge-diagramjai a \log_2 expressziós értékek eloszlását mutatják.

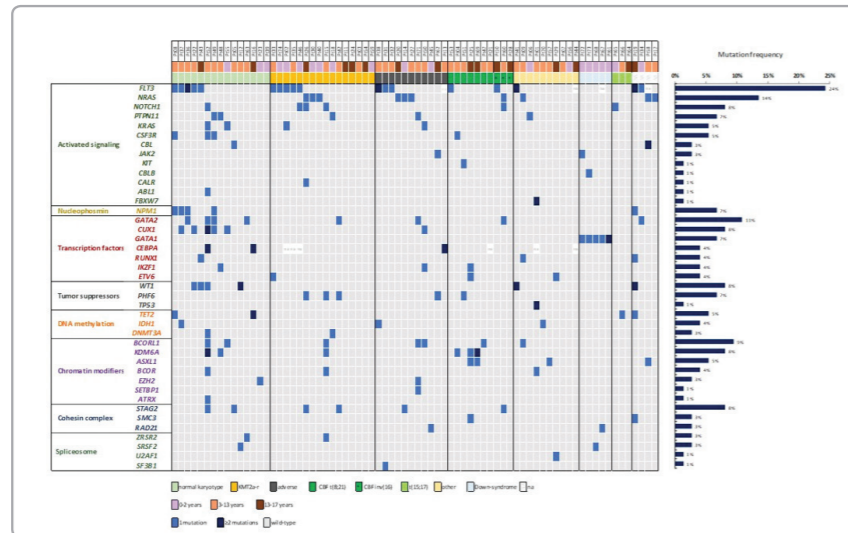


Referencia: Bartha, Á., Darula, Z., Munkácsy, G., Klement, É., Nyirády, P., Gyórfy, B., 2023. Proteotranscriptomic Discrimination of Tumor and Normal Tissues in Renal Cell Carcinoma. *Int J Mol Sci* 24, 4488. <https://doi.org/10.3390/ijms24054488>

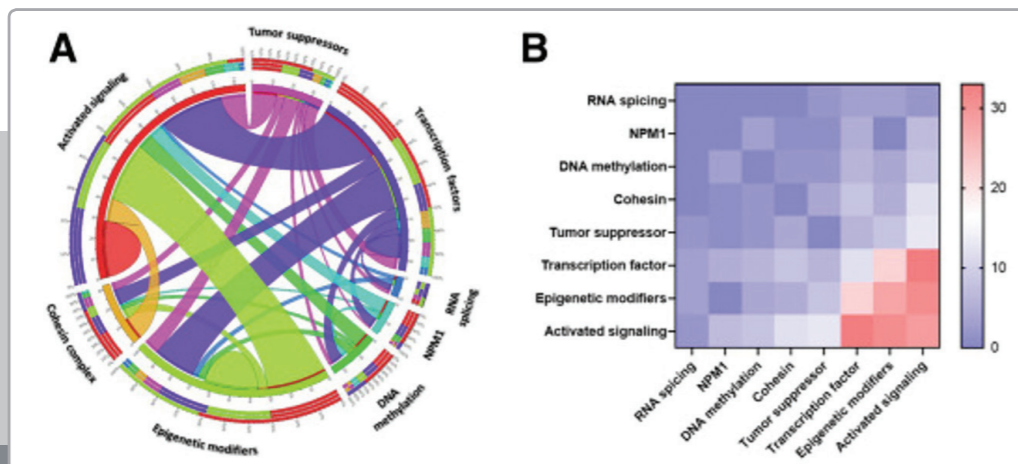
Gyermekkori akut myeloid leukémia genomikai profilozása újgenerációs szekvenálással

A HCEMM-SE Molekuláris Onkohematológiai kutatócsoport egy 75 fős akut myeloid leukémiás (AML) betegcsoport integratív genomikai és citogenetikai analízisét végezte el újgenerációs szekvenálás (NGS) és hagyományos kariotipizálási eljárások kombinációjával. A tanulmány eredményeképpen új mutációs mintázatokat azonosítottak a magyar gyermek AML populációban. A BCORL1 gén új, rekurrens mutációit azonosították a betegek 9%-ában, valamint több tumorszupresszor gén (PHF6, TP53, WT1) mutációinak kapcsolatát tárták fel a rövidebb eseménymentes túléléssel és a betegség progressziójával. Az eredmények további adatokkal szolgálnak a gyermekkori AML genomikai hátterének megértéséhez, valamint rámutatnak a genomikai vizsgálatok jelentőségére a mindennapi diagnosztikus gyakorlatban.

Kép 1.: Hőtérkép, amely a 75 akut myeloid leukémiás gyermekbeteg diagnosztikai mintájában elemzett 54 célgénben kimutatott szomatikus variánsokat mutatja.



Kép 2.: A: A molekuláris aberrációk páronkénti együttes előfordulását szemléltető kördiagram a funkcionális csoportok alapján. B: Az aktivált jelátvitelhez kapcsolódó mutációk gyakran együtt jelennek meg, valamint a transzkripciós faktorokat és epigenetikai módosítókat kódoló gének mutációival. A tumorszupresszor gének mutációi más funkcionális csoportok mutációival egyidejűleg fordulnak elő.

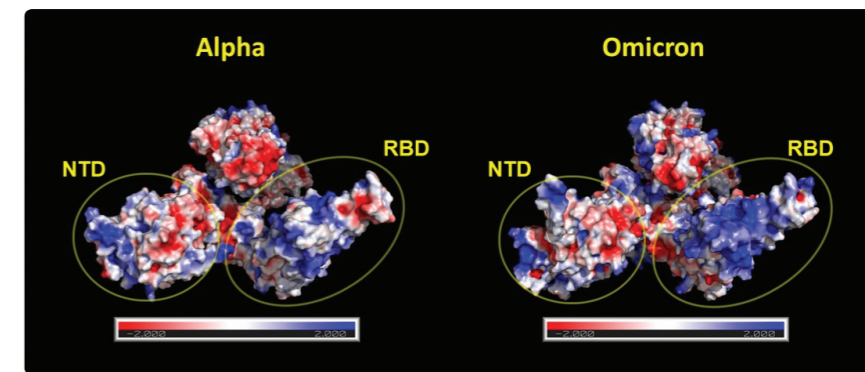


Referencia: Krizsán, S., Péterffy, B., Egyed, B., Nagy, T., Sebestyén, E., Hegyi, L.L., Jakab, Z., Erdélyi, D.J., Müller, J., Péter, G., Csanádi, K., Kállay, K., Kriván, G., Barna, G., Bedics, G., Haltrich, I., Ottóffy, G., Csernus, K., Vojcek, Á., Tiszlavicz, L.G., Gábor, K.M., Kelemen, Á., Hauser, P., Gaál, Z., Szegedi, I., Ujfalusi, A., Kajtár, B., Kiss, C., Matolcsy, A., Tímár, B., Kovács, G., Alpár, D., **Bödör, C.**, 2023. . Next-Generation Sequencing-Based Genomic Profiling of Children with Acute Myeloid Leukemia. **J Mol Diagn** S1525-1578(23)00081-8. <https://doi.org/10.1016/j.jmoldx.2023.04.004>

1. SARS-CoV-2 receptor-kötő domén mélymutációs AlphaFold2 struktúrák

Az AlphaFold2 (AF2) segítségével a fehérjék számítógépes modellezésében elért legújabb eredményeket kihasználva teljes feldolgozott adathalmazt tettünk közzé a 7 fő SARS-CoV-2 törzsből származó összes egyedi mutációról, amelyek 3819X7 = 26733 PDB struktúrát eredményeznek a tüskefehérje receptor-kötő doménjéhez (RBD). Vizualizáltuk a generált struktúrákat, és megmutattuk, hogy az AF2 pLDDT értékei korrelálnak a legkorszerűbb rendezetlenségi közelítésekkel, ami arra utal, hogy a modell bizonyos belső fehérjedinamikát is megragad. A strukturális és fenotípus adatok közös növekvő mutációs lefedettsége a gépi tanulásban elért eredményekkel párosulva felhasználható a virológiai kutatások felgyorsítására, különösen a jövőbeli variáns-előrejelzésre. Reméljük, hogy ez az adatközlés segítséget nyújthat a SARS-CoV-2 helyi és globális mutációs tájképének további megértéséhez, valamint betekintést nyújt abba a biológiai megértésbe, hogy a 3D szerkezet hídként működik a fehérje genotípusa és fenotípusa között.

Kép: Az Omicron némileg eltérő 3D szerkezettel rendelkezik, mint az Alpha. Jelentősebb változás, hogy lényegesen több pozitív töltés (kék) van az RBD-ben.

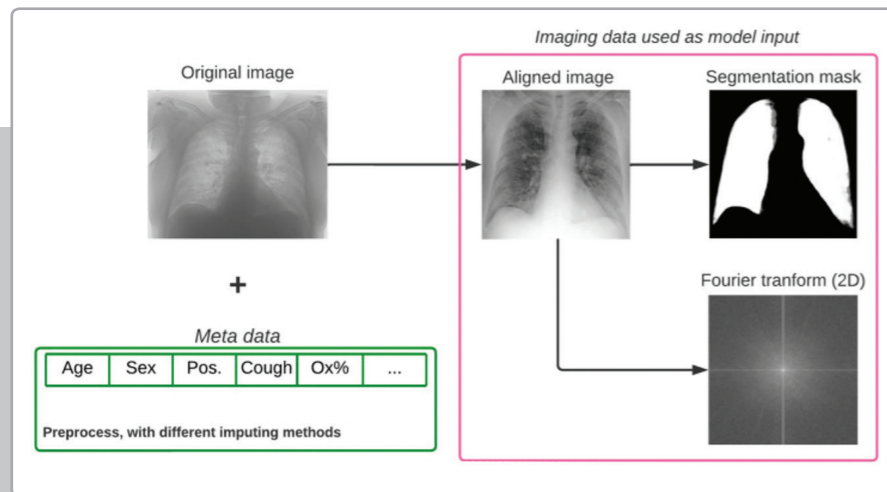


Referencia: Kilim, O., Mentés, A., Pál, B., **Csabai, I.**, Gellért, Á., 2023. SARS-CoV-2 receptor-binding domain deep mutational AlphaFold2 structures. **Sci Data** 10, 134. <https://doi.org/10.1038/s41597-023-02035-z>

2. A COVID-19 súlyosságának automatizált előrejelzése mellkasi röntgenfelvételek és klinikai metaadatok alapján (a pontosság és a megmagyarázhatóság érdekében)

Az Eötvös Loránd Egyetem GÉPI TANULÁSI ÉS ADAT-INTENZÍV TUDOMÁNYOK KUTATÓCSOPORT kutatói Prof. Dr. Csabai István vezetésével egy új képalkotó adatállományt hoztak létre, amely minden egyes kísérő mellkas-röntgenfelvételhez (CXR) további klinikai metaadatokat rendel hozzá.

Kép: Az eredeti bemeneti képek fényereje, kontrasztja és pixeleszlása nagyon eltérő volt, némelyikük invertált volt, és egyéb műtermékeket tartalmazott. Kézzel ellenőriztük és korrigáltuk őket, és a normalizálási folyamat után a BSNNet-et is alkalmaztuk a képek igazítására és szegmentálására. A metaadatokat is szabványosítottuk, és különböző imputációs módszereket alkalmaztunk.



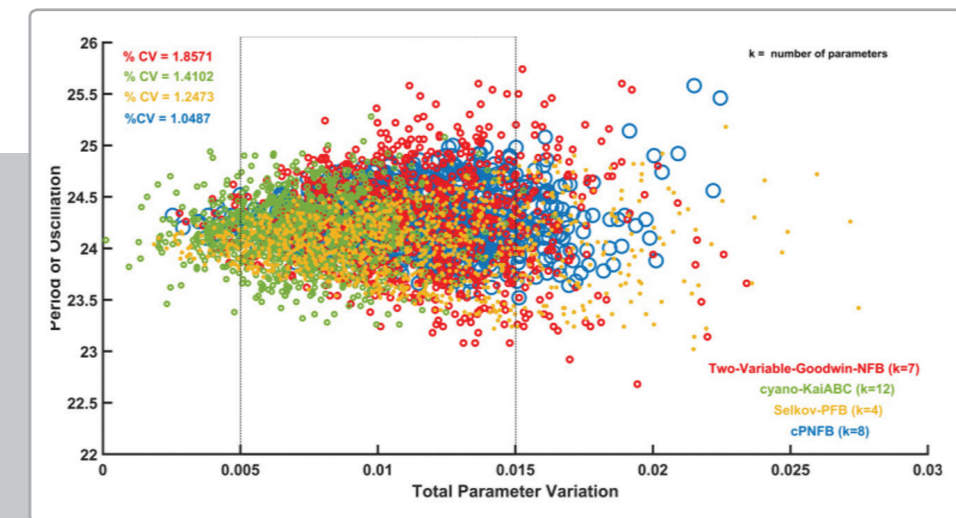
Referencia: Olar, A., Biricz, A., Bedőházi, Z., Sulyok, B., Pollner, P., Csabai, I., 2023. Automated prediction of COVID-19 severity upon admission by chest X-ray images and clinical metadata aiming at accuracy and explainability. *Sci Rep* 13, 4226. <https://doi.org/10.1038/s41598-023-30505-2>

• Prof. Dr. Csikász-Nagy Attila

A negatív és pozitív visszacsatolási hurkok szisztematikus elemzése a cirkadián ritmusok robusztussága és hőmérséklet-kompenzációja érdekében

A szervezetünk napi ritmusát szabályozó molekuláris hálózat az egyedi sejtek szintjén is 24 órás periódust mutat. Ezt a periódusidőt még úgy is fenn tudja tartani a sejt, hogy a rá ható környezeti paraméterek folyamatosan változnak. Különböző modelleket alkottak a szabályozó rendszer működésének megértésére. Ezen modellek legfőbb jellemzőit hasonlítottuk össze ebben a munkában és sikerült beazonosítanunk milyen visszacsatolási hurkok fontosak a napi ritmust szabályzó molekuláris cirkadián óra periódusának pontos fenntartásáért.

Kép: Az oszcillációs periódus a négy különböző típusú oszcillációs hálózat teljes paraméterváltozása függvényében.

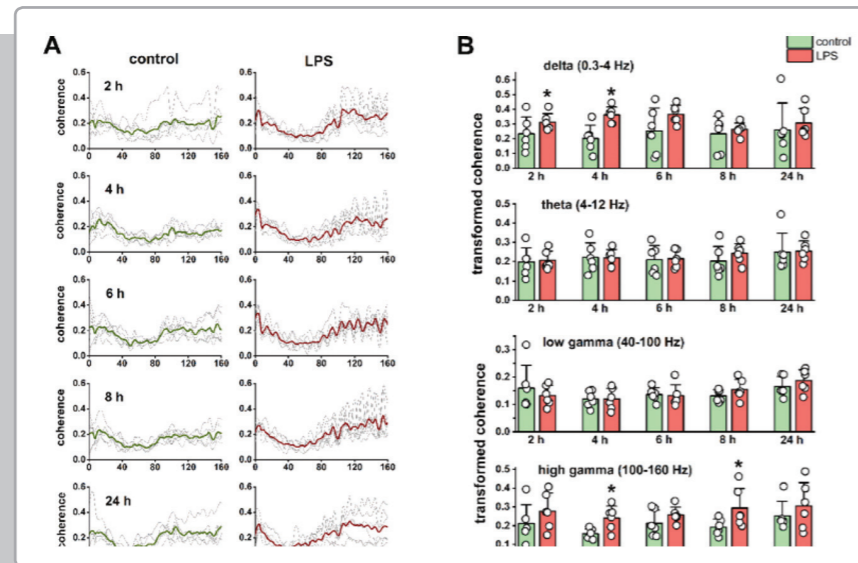


Referencia: Chakravarty, S., Hong, C.I., Csikász-Nagy, A., 2023. Systematic analysis of negative and positive feedback loops for robustness and temperature compensation in circadian rhythms. *NPJ Syst Biol Appl* 9, 5. <https://doi.org/10.1038/s41540-023-00268-7>

1. Az LPS által kiváltott akut neuroinflammáció, amely az interleukin-1 béta jelátvitellel jár, proteomikai, sejt szintű és hálózati szintű változásokhoz vezet egerek prefrontális kérgében

Ez a tanulmány az agyi kognitív funkciókért felelős terület, a prefrontális kéreg perifériás fertőzés okozta akut gyulladás hatására bekövetkező változásait vizsgálta. A kutatók jelentős elektrofiziológiai és molekuláris eltéréseket találtak, ideértve a neuronok gyulladásra adott megváltozott reakcióját, az agyhullám tevékenység módosulását és a szinaptikus fehérjék változásait. Ezek az eredmények betekintést nyújtanak az idegsejtek gyulladásával összefüggő viselkedési és fiziológiai tünetek potenciális mechanizmusába.

Kép: (A) EEG-felvételekből számított fronto-occipitális koherencia-spektrumok különböző időpontokban a sóoldat és az LPS injekció beadása után. (B) A vizsgált EEG-frekvenciasávok átlagos z-transzformált fronto-occipitális koherenciaértékei.

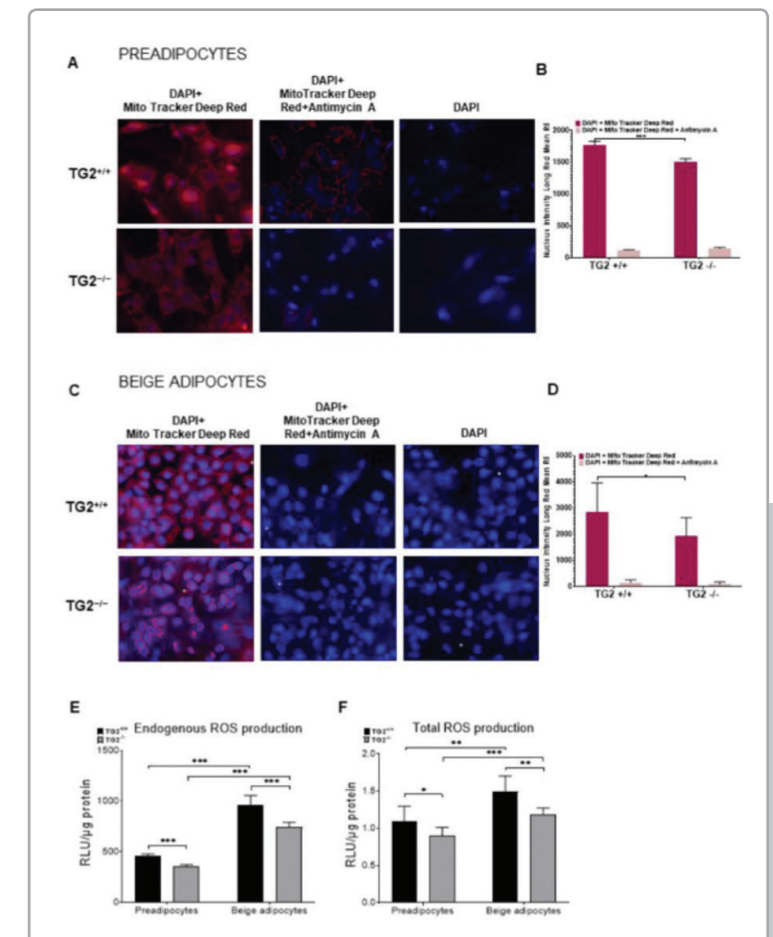


Referencia: Mittli, D., Tukacs, V., Ravasz, L., Csősz, É., Kozma, T., Kardos, J., Juhász, G., Kékesi, K.A., 2023. LPS-induced acute neuroinflammation, involving interleukin-1 beta signaling, leads to proteomic, cellular, and network-level changes in the prefrontal cortex of mice. *Brain Behav Immun Health* 28, 100594. <https://doi.org/10.1016/j.bbih.2023.100594>

2. A szöveti transzglutamináz Knock-Out preadipociták és az epididymális eredetű bézs zsírsejtek csökkent mitokondriális funkcióval rendelkeznek, amelyek a termogenezishez szükségesek

Hideg hatására a fehér zsírszövetben található bézs adipociták barnulással aktiválódnak és termogén tulajdonságokra tesznek szert. Ismert, hogy szöveti transzglutamináz (TG2) hiányában csökkent termogenezis és hidegtűrés jelentkezik. A kutatók azt találták, hogy TG2 hiányában a bézs adipociták több mitokondriális károsodást mutattak, ideértve az elektrontranszport rendszer megváltozását és az UCP1 fehérje mennyiségének csökkenését. Ugyanakkor csökkent az anyagcsere-aktivitásuk és kevesebb kulcsfontosságú transzportfehérjét fejeztek ki. Ezek az eredmények arra utalnak, hogy hidegben, a TG2 nélkülözhetetlen a normál bézs adipociták termogén funkciójához.

Kép: Mitokondriális membránpotenciál szintek és ROS-termelés TG2+/+ és TG2-/- sejtekben: (A) TG2+/+ és TG2-/- preadipociták reprezentatív lézerpásztázó citometriás felvételei; (B) a mitokondriális membránpotenciál mennyiségi elemzése preadipocitákban;

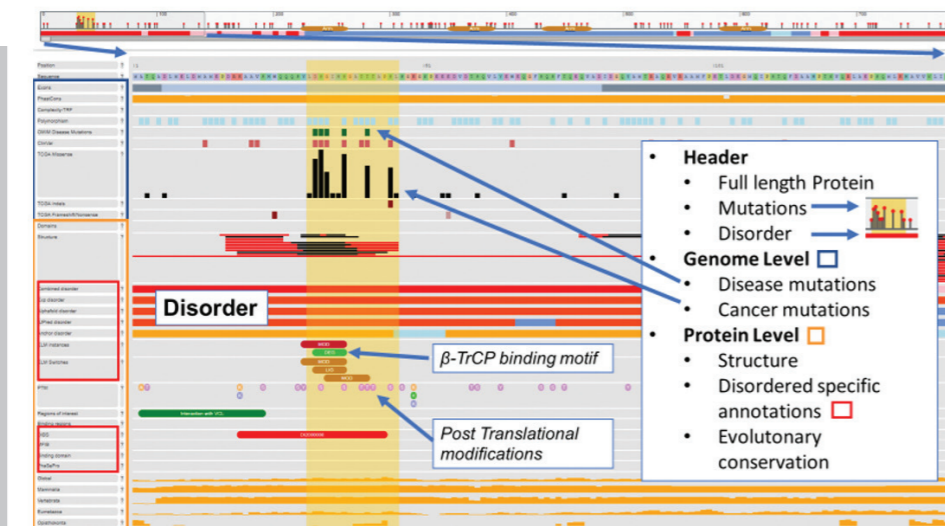


Referencia: Lénárt, K., Bankó, C., Ujlaki, G., Póliska, S., Kis, G., Csősz, É., Antal, M., Bacso, Z., Bai, P., Fésüs, L., Mádi, A., 2022. Tissue Transglutaminase Knock-Out Preadipocytes and Beige Cells of Epididymal Fat Origin Possess Decreased Mitochondrial Functions Required for Thermogenesis. *Int J Mol Sci* 23, 5175. <https://doi.org/10.3390/ijms23095175>

1. DisCanVis: Integrált strukturális és funkcionális annotációk vizualizálása a rendezetlen fehérjékben található rákos mutációk hatásának jobb megértése érdekében

Az eredendően rendezetlen fehérjék (IDP-k) fontos szerepet játszanak a biológiai folyamatok széles skálájában, és számos betegséggel, köztük a rákos megbetegedésekkel is összefüggésbe hozták őket. Az elmúlt néhány évben a rák genom projektek szisztematikusan összegyűjtötték a számos ráktípus háttérében álló genetikai változásokat. Ezzel párhuzamosan a kísérleti módszerekkel jellemzett rendezetlen fehérjék száma és ismert típusai is jelentősen megnöttek. Ennek ellenére az IDP-k szerepe a különböző ráktípusokban még mindig nem tisztázott. Ebben a munkában bemutatjuk a DisCanVis-t, a rákos mutációk újszerű vizualizációs eszközét, ami az IDP-kre fókuszál. A megfigyelt mutációk értelmezésének elősegítése érdekében kombináltuk a genomszintű információkat a fehérjék szerkezeti és funkcionális tulajdonságaira vonatkozó információkkal. A webszerver lehetővé teszi a felhasználók számára egyedi fehérjék vizsgálatát, a fehérjék rendezettségére és kapcsolódó funkciókra vonatkozó annotációkkal rendelkező példák összegyűjtését, vagy a jelenleg még nem jellemzett, de betegség szempontjából valószínűleg releváns példák felfedezését. Egy REST API-interfészen és előre összeállított táblázatokon keresztül az elemzés fehérjék csoportjára is kiterjeszthető. A DisCanVis elérhető a <https://discanvis.elte.hu/> oldalon.

Kép: DisCanVis vizualizációja β -catenin fehérjére, ami az egyik legismertebb példa a rendezetlen részt érintő rákos mutációra.

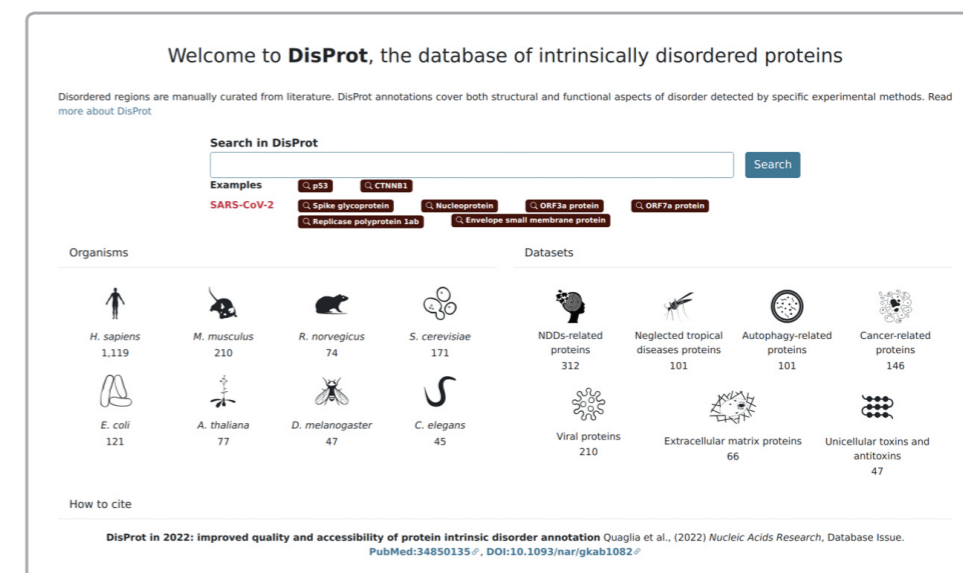


Referencia: Deutsch, N., Pajkos, M., Erdős, G., & **Dosztányi, Z.** (2023). DisCanVis: Visualizing integrated structural and functional annotations to better understand the effect of cancer mutations located within disordered proteins. **Protein science: a publication of the Protein Society**, 32(1), e4522.

2. DisProt 2022: az eredendően rendezetlen fehérjék jobb minőségű és hozzáférhetőbb annotációja

A Database of Intrinsically Disordered Proteins (DisProt, URL: <https://disprot.org>) az eredendően rendezetlen fehérjék és régióinak az irodalomból származó, kézzel kurált annotációinak fő tárháza. A cikkben a DisProt 9-es verziójának legújabb frissítéseiről számolunk be, beleértve az újratervezett webes felületet, az eredendően rendezetlen fehérjék ontológiájának (IDPO) újragondolását, a kurációs folyamat javítását és a tartalom jelentős, mintegy 30%-os növekedését. Az annotációk jobb minőségét és következetességét az újonnan bevezetett felülvizsgálati folyamat és a kurátorok képzése biztosítja.

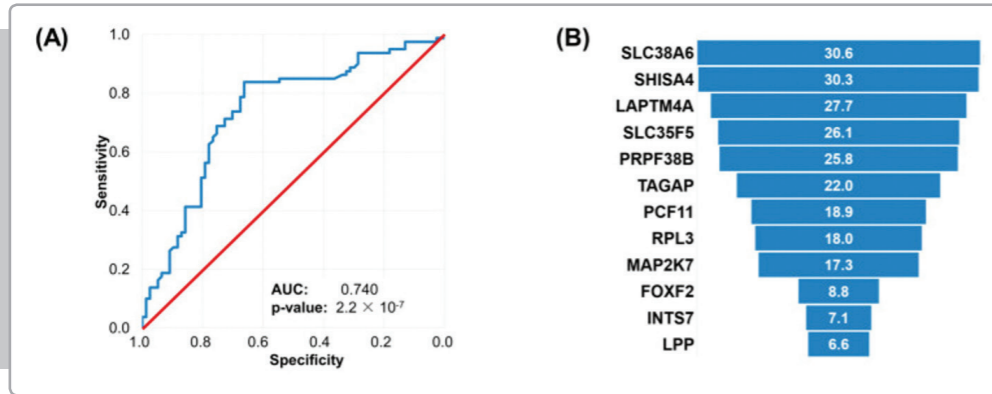
Kép: A DisProt adatbázis kezdőoldala.



Referencia: Quaglia, F., Mészáros, B., Salladini, E., Hatos, A., Pancsa, R., Chemes, L.B., Pajkos, M., Lazar, T., Peña-Díaz, S., Santos, J., Ács, V., Farahi, N., Fichó, E., Aspromonte, M.C., Bassot, C., Chasapi, A., Davey, N.E., Davidović, R., Dobson, L., Elofsson, A., Erdős, G., Gaudet, P., Giglio, M., Glavina, J., Iserte, J., Iglesias, V., Kálmán, Z., Lambrugh, M., Leonardi, E., Longhi, S., Macedo-Ribeiro, S., Maiani, E., Marchetti, J., Marino-Buslje, C., Mészáros, A., Monzon, A.M., Minervini, G., Nadendla, S., Nilsson, J.F., Novotný, M., Ouzounis, C.A., Palopoli, N., Papaleo, E., Pereira, P.J.B., Pozzati, G., Promponas, V.J., Pujols, J., Rocha, A.C.S., Salas, M., Sawicki, L.R., Schad, E., Shenoy, A., Szaniszló, T., Tsirigos, K.D., Veljkovic, N., Parisi, G., Ventura, S., **Dosztányi, Z.**, Tompa, P., Tosatto, S.C.E., Piovesan, D., 2022. DisProt in 2022: improved quality and accessibility of protein intrinsic disorder annotation. **Nucleic Acids Res** 50, D480–D487. <https://doi.org/10.1093/nar/gkab1082>

1. Az 5-fluorouracil rezisztencia új transzkriptomikai biomarkerei

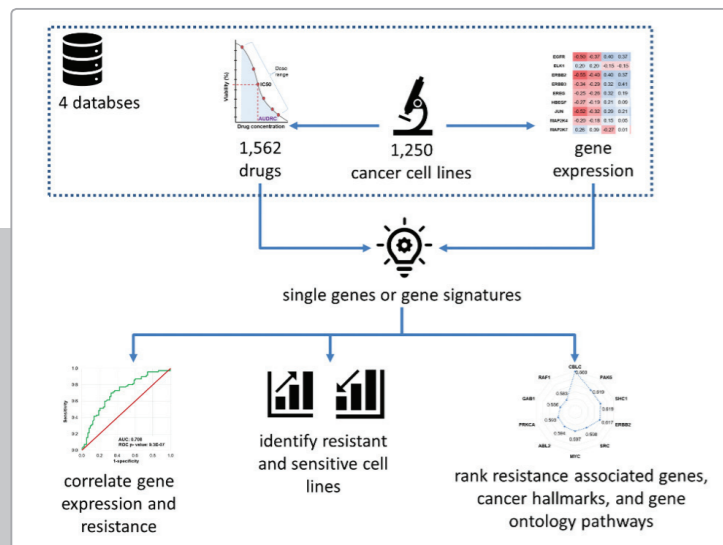
Kép: A random forest alapú integrált prediktor teljesítménye az emberi mintákból álló tesztkészletben. A humán mintákon tesztelt random forest modell ROC-görbéje (A) és a bevont gének random forest modell által meghatározott jellemző fontossága (B). A piros átlós vonal a véletlenszerű osztályozó modellt, míg a kék vonal a mi osztályozó modellünket mutatja.



Referencia: Fekete, J.T., Gyórfy, B., 2023. New Transcriptomic Biomarkers of 5-Fluorouracil Resistance. *Int J Mol Sci* 24, 1508. <https://doi.org/10.3390/ijms24021508>

2. Egységes platform, amely lehetővé teszi a biomarkerek rangsorolását és validálását 1562 gyógyszer esetében 1250 rákos sejtvonal transzkriptomikai adatainak felhasználásával

Az *in vitro* sejtvonalak értékes forrást jelentenek a daganatos betegségek gyógyszeres terápiájában alkalmazható vegyületek vizsgálatához. Az adatok különböző adatbázisokban való széttagolódása miatt azonban ezen források felhasználása nehézkes. A célunk ezért négy nagy adatbázis (depmap, gdsc1, gdsc2, ctrp2) adatainak felhasználásán alapuló alkalmazás létrehozása volt, amely lehetővé teszi a kemorezisztenciával kapcsolatos gének validálását és a sejtvonalak rangsorolását a terápiás válasz szerint.



Referencia: Fekete, J.T., Gyórfy, B., 2022. A unified platform enabling biomarker ranking and validation for 1562 drugs using transcriptomic data of 1250 cancer cell lines. *Comput Struct Biotechnol J* 20, 2885–2894. <https://doi.org/10.1016/j.csbj.2022.06.007>

A madarak fenológiájának időbeli változása az éves ciklusban, gyorsan változó éghajlat mellett: Globális metaanalízis

A kutatók e meta-analitikus elemzésben a klímaváltozás hatásait vizsgálták a madarak költési szokásaira. Az ökológusok közel hétszáz madárfaj költési adatainak értékelése révén kimutatták, hogy a madarak évtizedenként átlagosan két-három nappal korábban kezdik szaporodási tevékenységüket. E jelenség oka, hogy az éghajlatváltozás következtében egyre melegebbé válnak a tavaszok. Azonban nem minden madárfaj reagál egyformán: vannak olyan fajok, amelyeknek költési viselkedését kevésbé befolyásolja az éghajlat átalakulása, másokéra viszont nagyon erőteljes hatást gyakorol. Számos tényező befolyásolhatja az egyes fajok alkalmazkodási képességét a klímaváltozáshoz. Például a téli időszakot is Európában töltő rezidens madarak pontosabban tudják követni a növényzet – és ezáltal az elérhető táplálék – változásait, így e fajok költése még inkább előrébb tolódott az elmúlt évtizedekben, mint a vonuló fajoké. A növényevő vagy generalista (mindenevő) fajok is rugalmasabban alkalmazkodnak a táplálékforrások szezonális eloszlásához, így költési idejük kezdetét előrébb tudják hozni. Ez azért alakul így, mert táplálékosztékuknak köszönhetően ők hatékonyan találnak alternatív élelemforrást a szűkösebb kora tavaszi kínálatban is.

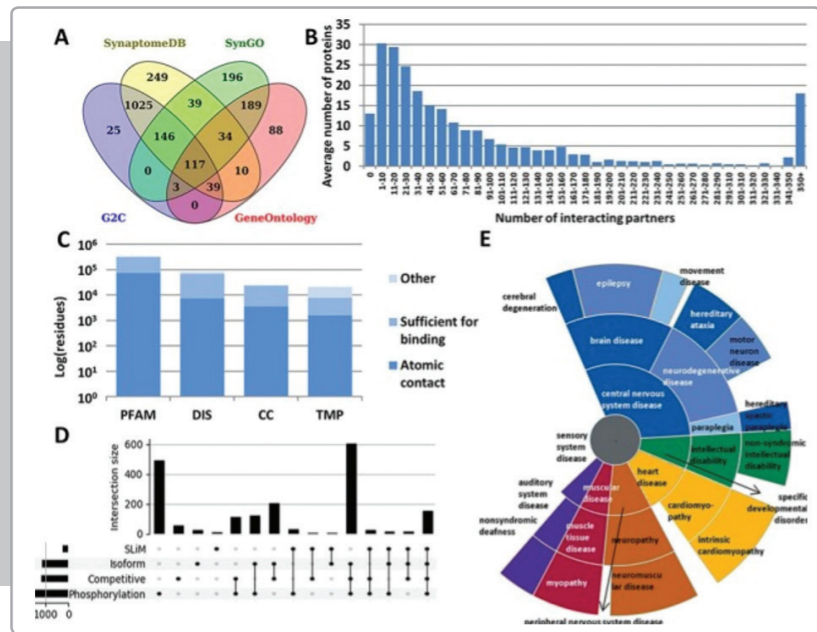


Referencia: Romano, A., Garamszegi, L.Z., Rubolini, D., Ambrosini, R., 2023. Temporal shifts in avian phenology across the circannual cycle in a rapidly changing climate: A global meta-analysis. *Ecological Monographs* 93. <https://doi.org/10.1002/ecm.1552>

1. PSINDB: a posztzinaptikus fehérje-fehérje kölcsönhatási adatbázis

A PSINDB adatbázis a posztzinaptikus jelátvitelben részt vevő fehérjék specifikus interakciós adatbázisa. Az idegi jelátviteli folyamatok, azon belül is a posztzinaptikus denzitás szerveződésének komplexitása szükségessé teszi a célzottan a területre fókuszáló adatbázisok létrehozását. A PSINDB-ben – a más adatbázisokból átvettek mellett – ezres nagyságrendű, máshol ilyen módon nem rendszerezett, manuálisan annotált interakció található meg a terület sztemerdjének megfelelő formában. Az adatbázis kiemelt célja, hogy az interakciók részleteit is bemutassa, ezért, ahol az elérhető, a kötőrégiók annotációja is szerepel. A PSINDB felhasználható fehérjék funkcionális jellemzésének elősegítésére, valamint posztzinaptikus fehérjekomplexek és az azok által alkotott összetett fehérjehálózat számítógépes és kísérletes vizsgálatának tervezésére.

Kép: A PSINDB adatbázis összefoglaló statisztikái: (A) A posztzinaptikus fehérjék száma az egyes forrásadatbázisokból és átfedéseik száma. (B) A posztzinaptikus fehérjék interakciós partnereinek megoszlása. (C) A különböző szerkezeti kötődési régiókban található maradékok aránya, a kötődéshez tartozó maradékról rendelkezésre álló információ szintje szerint színezve (PFAM: Pfam által azonosított fehérjecsaládokhoz tartozó; DIS: rendezetlen; CC: tekerceses tekercs; TMP: transzmembrán fehérje). (D) A szabályozási mechanizmusok eloszlása a PS fehérjékben (SLIM: Short Linear Motif). (E) A PS fehérjékkel kapcsolatos betegségek eloszlása. Minél általánosabb egy kifejezés, annál közelebb van a középponthoz.



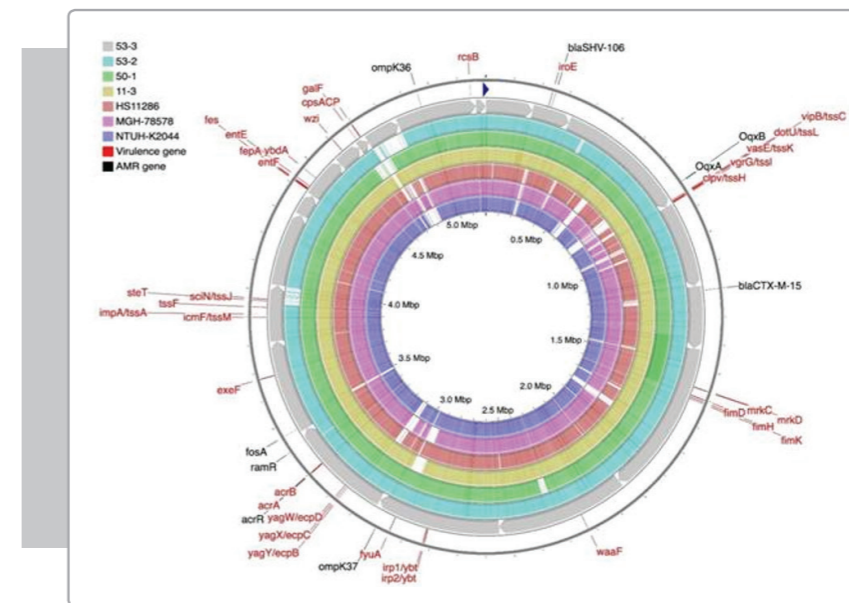
Referencia: Kalman, Z.E., Dudola, D., Mészáros, B., Gáspári, Z., Dobson, L., 2022. PSINDB: the postsynaptic protein-protein interaction database. Database (Oxford) 2022, baac007. <https://doi.org/10.1093/database/baac007>

2. Szabó, A.L., Sánta, A., Pancsa, R., **Gáspári, Z.**, 2022. Charged sequence motifs increase the propensity towards liquid-liquid phase separation. **FEBS Lett** 596, 1013–1028. <https://doi.org/10.1002/1873-3468.14294>

1. A karbapenem-rezisztens ST15 Klebsiella pneumoniae klinikai izolátumainak virulenciajellemzői és molekuláris tipizálása, amelyek a K24 tokos típust birtokolják

A Klebsiella pneumoniae egy oportunista kórokozó, mely gyakran okoz nosocomialis és közösségi fertőzéseket. Eddig korlátozott számú tanulmány fókuszált azoknak a változásoknak a vizsgálatára, melyek a virulencia-jellemzőket befolyásolják. Genotípusos és fenotípusos módszerek használatával 39 klinikai K. pneumoniae izolátum jellemeztünk, mindegyik a pánrezisztens, széles körben elterjedt ST 15 klónhoz tartozott, és expresszálta a K24 tokot. A pulzálatott mezejű gélelektroforézis (PFGE) eredményei alapján az izolátumok 3 megkülönböztethető genomi részre bonthatók. Mindegyik izolátum rendelkezett allS és uge génekkel, melyek hozzájárulnak a K. pneumoniae virulenciájához, és ezek 10,25%-a mutatott hypermucoviszkozitást, 94-87%-a termelt 1-es típusú, 92,3%-a pedig 3-as típusú fimbriát, valamint 92,3%-a volt képes biofilm termelésére. Az *in vivo* perzisztenciát a szérumrezisztencia 46,15%, az enterobaktin (94,87%) és aerobaktin (5,12%) termelés, valamint az INT407 és T24 sejtvonalak inváziója támasztotta alá. A négy reprezentatív törzs (11/3, 50/1, 53/2 és 53/3) teljes genomjának szekvenálása magas szekvenciális homológiát mutatott ki a HS11286 K. pneumoniae törzzsel. Az eredményeink megmutatják a virulencia tulajdonságok divergenciáját az ST 15 klónból nyert izolátumok között, mely evolúciós folyamatként alakult ki a kórházban és közösségben egyaránt.

Kép: Az antibiotikum-rezisztenciák jellemzése átprogramozott bakteriofágokkal támogatott funkcionális metagenomika segítségével klinikai törzsekben



Referencia: Horváth, M., Kovács, T., Kun, J., **Gyenesei, A.**, Damjanova, I., Tigyi, Z., Schneider, G., 2023. Virulence Characteristics and Molecular Typing of Carbapenem-Resistant ST15 Klebsiella pneumoniae Clinical Isolates, Possessing the K24 Capsular Type. **Antibiotics** (Basel) 12, 479. <https://doi.org/10.3390/antibiotics12030479>

2. Az emelkedett 18:0 lizofoszfatidil-kolin hozzájárul a fájdalom kialakulásához szövetsérülés esetén

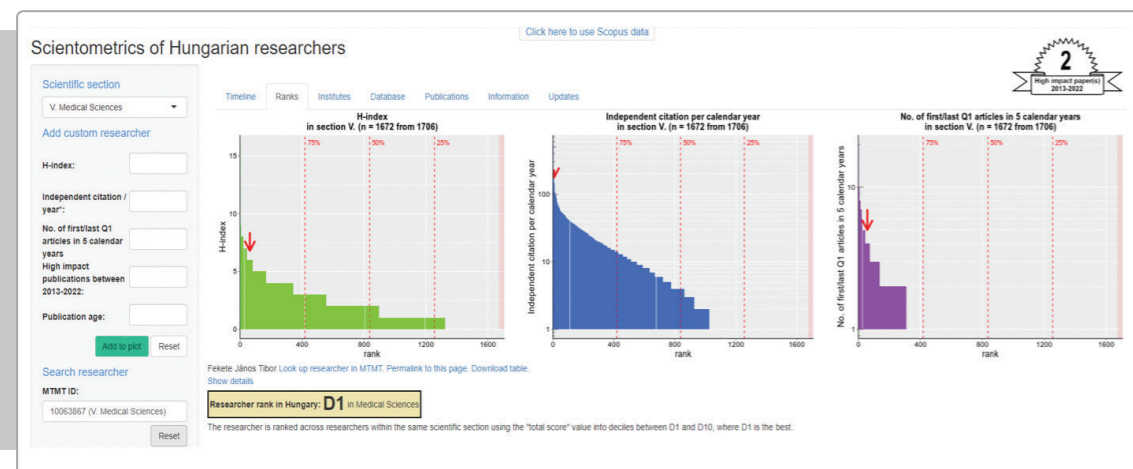
Referencia: Friston, D.A., Cuddihy, J., Souza Luiz, J., Truong, A.H., Ho, L., Basra, M., Santha, P., Oszlacs, O., de Sousa Valente, J., Marczylo, T., Junntila, S., Laycock, H., Collins, D., Vizcaychipi, M., Gyenesei, A., Takats, Z., Jancso, G., Want, E., Nagy, I., 2023. Elevated 18:0 lysophosphatidylcholine contributes to the development of pain in tissue injury. *Pain* 164, e103–e115. <https://doi.org/10.1097/j.pain.0000000000002709>

• Prof. Dr. Györfy Balázs

1. Az egyéni tudományos teljesítmény értékelése a publikációs életkor és a tudományterület szerint normalizálva a Scientometrics.org projekt segítségével

Egy tudós publikációs teljesítményének értékelésekor nemcsak a különböző tudományterületeken a publikációs normák közötti különbségeket kell figyelembe venni, hanem a vizsgált kutató tudományos pályafutásának hosszát is. Itt az volt a célunk, hogy a tudományos teljesítmény rangsorolásához referenciaként alkalmas adatbázist hozzunk létre az azonos tudományos karrierhosszúságú és azonos tudományterületen tevékenykedő kutatók teljesítményének normalizálásával. 17 072 magyar kutató teljes publikációs és idézettségi adatainak felhasználásával létrehoztunk egy olyan keretrendszert, amely lehetővé teszi egy kutató tudományos teljesítményének gyors értékelését négy paraméter (h-index, kapott éves független idézettség, publikációk száma és a nagy hatású publikációk száma) összehasonlításával az azonos tudományterületen tevékenykedő többi kutató életkorának megfelelő értékekkel. A www.scientometrics.org címen elérhető, létrehozott online eszköz felbecsülhetetlen segítséget nyújthat a gyorsabb és bizonyítékokon alapuló támogatási bírálati folyamatokhoz.

Kép: A Scientometrics.org alkalmazás kezdő oldala



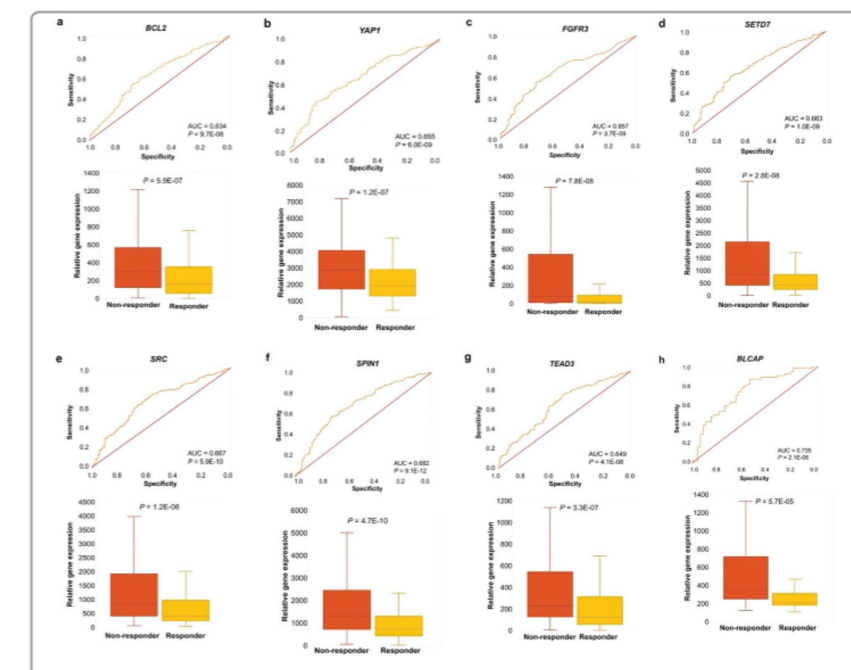
Referencia: Györfy, B., Weltz, B., Munkácsy, G., Herman, P., Szabó, I., 2022. Evaluating individual scientific output normalized to publication age and academic field through the Scientometrics.org project. *Methodology* 18, 278–297. <https://doi.org/10.5964/meth.9463>

2. Az immunterápiás válasz prediktív biomarkerei farmakológiai alkalmazásokkal szolid tumorokban

A tanulmányban a szerzők egy **génexpressziós és klinikai adatokból álló adatbázist** hoztak létre az anti-PD-1 (nivolumab, pembrolizumab), anti-PD-L1 (atezolizumab, durvalumab) és anti-CTLA-4 (ipilimumab) **immunterápiákra adott terápiás válasz biomarkereinek azonosításához**. Ehhez ROC-analízist és Mann-Whitney-tesztet végeztek. Az adatbázis 1434 tumorszövetmintát tartalmaz 19 tanulmányból az alábbi tumortípusokból: melanoma, nyelőcső-, gyomor-, fej-nyak-, tüdő- és urotheliális daganatok.

Az anti-PD-1 rezisztenciával összefüggésbe hozható legerősebb, gyógyszeresen célozható génjelöltek a SPIN1 (AUC=0,682, P=9,1E-12), SRC (AUC=0,667, P=5,9E-10), SETD7 (AUC=0,663, P=1,0E-09), FGFR3 (AUC=0,657, P=3,7E-09), YAP1 (AUC=0,655, P=6,0E-09), TEAD3 (AUC=0,649, P=4,1E-08) és BCL2 (AUC=0,634, P=9,7E-08) voltak. Az anti-CTLA-4 kezelési kohorszban a BLCAP (AUC=0,735, P=2,1E-06) volt a legígéretesebb génjelölt. Az anti-PD-L1 csoportban nem találtak terápiásan releváns célpontot. Az új biomarkerjelöltek további elemzéséhez és validálásához webes platformot hoztak létre, amely a <https://www.rocplot.com/immune> címen érhető el.

Kép: Az anti-PD-1 vagy anti-CTLA-4 rezisztencia legfontosabb génjei

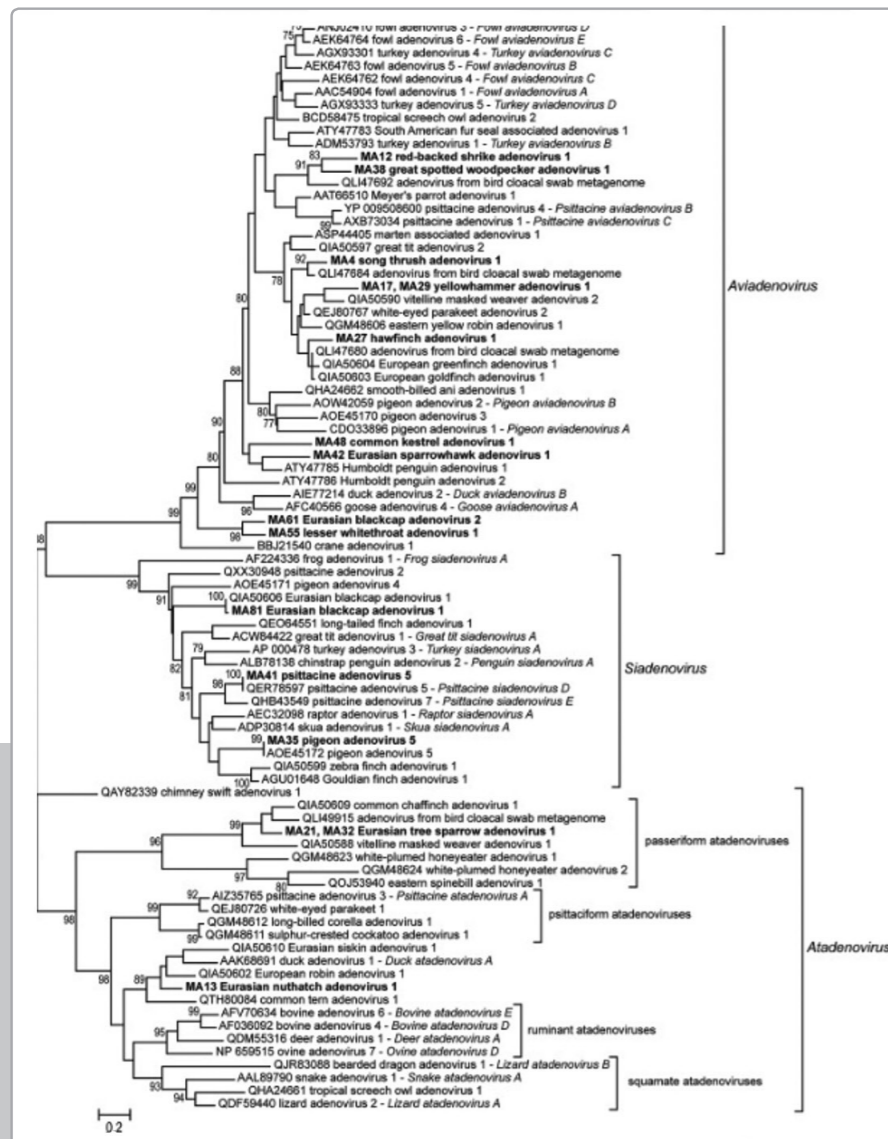


Referencia: Kovács, S.A., Fekete, J.T., Györfy, B., 2023. Predictive biomarkers of immunotherapy response with pharmacological applications in solid tumors. *Acta Pharmacol Sin.* <https://doi.org/10.1038/s41401-023-01079-6>

1. A vadon élő madaraktól vett minták vizsgálata bővíti a madár-adenovírusok biodiverzitásáról szerzett ismereteinket

A vadon élő madarak világszerte veszélyeztetettek az emberi behatások miatt, és az adenovírusok is hozzájárulhatnak ehhez. Ezért fontos feltárni a madár-adenovírusok valós biodiverzitását, mivel sajnos ez a kutatási téma távol áll a prioritásoktól. A pulykák vérzéses bélgyulladás gazdasági jelentőségű betegség, magas arányú elhullást okoz, és a kórokozó siadenovírus csak távoli rokonságban van más madár-siadenovírusokkal a filogenetikai elemzések szerint. A vadmadarak adenovírusainak biodiverzitásáról való ismereteink bővítése és a pulykák vérzéses bélgyulladás vírusa eredetének kikövetkeztetése érdekében számos magyar vadmadár mintát vizsgáltak adenovírusokat keresve PCR segítségével, és a kimutatott törzseket molekulárisan jellemezték. A vizsgálat számos új adenovírus típust tárt fel, köztük új adenovírus fajokat is az *Atadenovirus*, *Aviadenovirus* és *Siadenovirus* nemzetségekben.

Kép: A vadon élő madarak adenovírusainak filogenetikai elemzése. Az újonnan kimutatott adenovírus törzsek vastag betűvel szedve



Referencia: Harrach, B., Megyeri, A., Papp, T., Ursu, K., Boldogh, S.A., Kaján, G.L., 2023. A screening of wild bird samples enhances our knowledge about the biodiversity of avian adenoviruses. *Vet Res Commun* 47, 297–303. <https://doi.org/10.1007/s11259-022-09931-6>

2. A 10-es és 11-es típusú szarvasmarha-adenovírus Európai kontinensen való előfordulásának első DNS-szekvencia bizonyítéka

A kutatás leírja a szarvasmarhák adenovírusainak (BAdV) PCR detektálását és részleges szekvencia jellemzését Nyugat-Magyarországon talált beteg vagy elhullott borjakban. Az eredmények azt mutatják, hogy két új vírustípus, a BAdV-10 és a BAdV-11 jelen van a kontinentális Európában is. Ez jelentős változást jelez a Magyarországon keringő BAdV típusokban. A megbetegedésekben valószínűsíthető ezen vírusok szerepe.

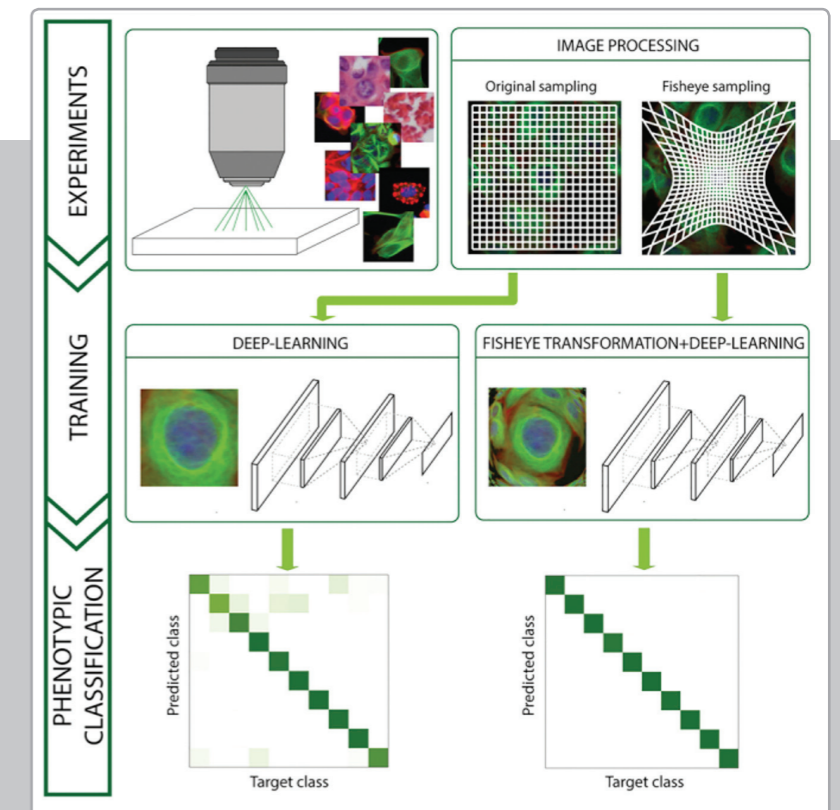
Referencia: Vidovszky, M.Z., Böszörményi, K.P., Surján, A., Varga, T., Dán, Á., Benkő, M., Harrach, B., 2022. First DNA sequence proof for the occurrence of bovine adenovirus types 10 and 11 in continental Europe. *Transbound Emerg Dis* 69, e3479–e3486. <https://doi.org/10.1111/tbed.14752>

1. A halszem-transzformáció a sejtek mikrokozonyzatának bevonásával javítja a mélytanulás-alapú egysejtes fenotipizálást

A biológiai és klinikai kutatások során egyre gyakrabban vizsgálják a mintákat egysejtes szinten. Az erre irányuló megközelítések egyre növekvő és hatékony készlete a képalapú fenotipizálást foglalja magában gépi tanuló algoritmusok alkalmazásával. A sejtosztályozás pontosságának javítása az ilyen módszerekben rendkívül fontos és folyamatos cél a területen. Itt ezt az igényt egy olyan megközelítés kidolgozásával oldjuk meg, amely figyelembe veszi a vizsgált sejt környezetét, és egy halszemszerű transzformációt használ a mélytanulási algoritmussal együtt a sejtosztályozás pontosságának javítására mind a sejt-kultúra-, mind a szövetalapú képeken.

Kép: Grafikai absztrakt

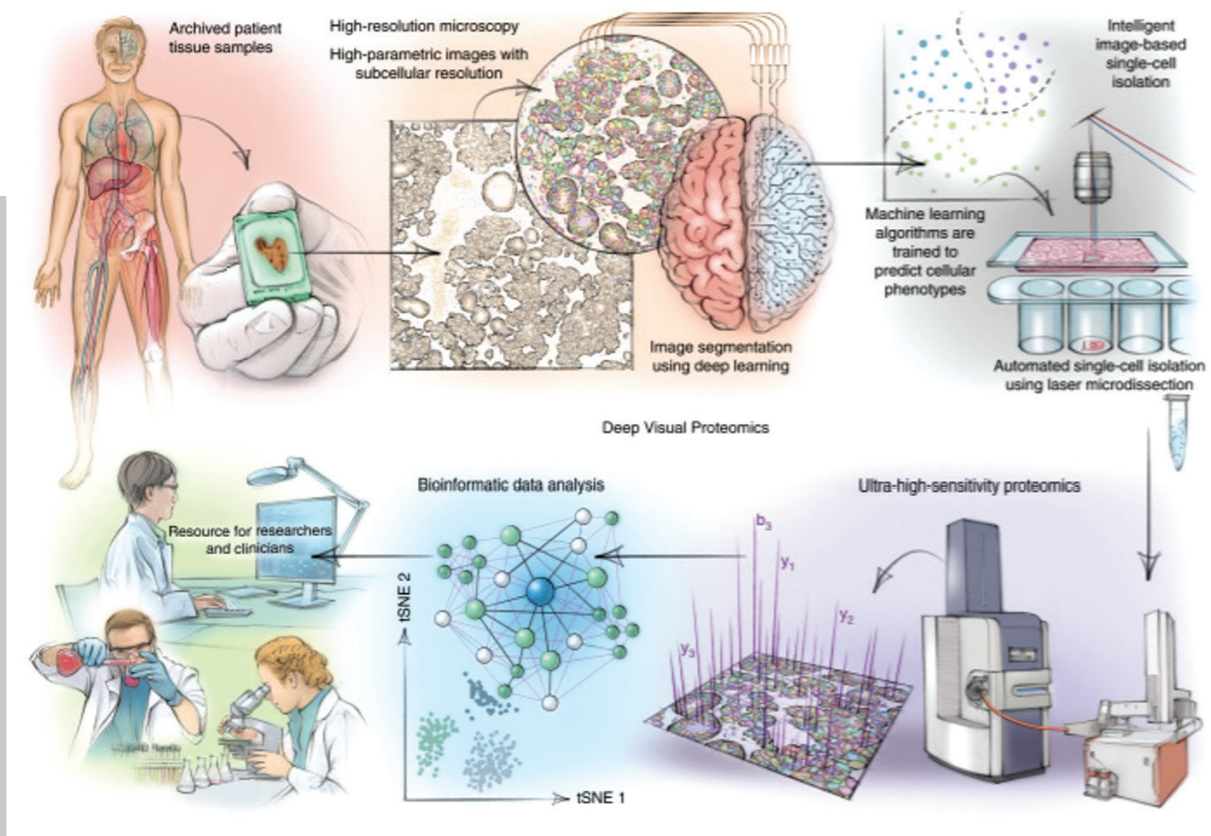
Referencia: Toth, T., Bauer, D., Sukosd, F., Horvath, P., 2022. Fisheye transformation enhances deep-learning-based single-cell phenotyping by including cellular microenvironment. *Cell Rep Methods* 2, 100339. <https://doi.org/10.1016/j.crmeth.2022.100339>



2. A mély vizuális proteomika meghatározza az egyséjtűek identitását és heterogenitását

Ebben a cikkben a Deep Visual Proteomics (DVP) nevű módszert alkalmazzuk, amely a fehérjék mennyiségének mérése és a sejtkepek összekapcsolásának kihívásával foglalkozik egyséjtes felbontásban. A DVP ötvözi a mesterséges intelligencia által vezérelt képelemzést, az automatizált egyséjtes vagy egymagvú lézeres mikrodisszekciót és az ultra-nagy érzékenységű tömegspektrometriát. A DVP-t sejttenyészetekre és archivált melanómaszövetekre alkalmazva sikerült azonosítani a rák progressziója során a sejtek eltérő állapotát és a térbeli felbontású proteomváltozásokat. A módszer megőrzi a térbeli proteomikai információkat a szövetmintákban, ami fontos következményekkel jár a klinikai környezetben végzett molekuláris profilalkotás szempontjából.

Kép: DVP koncepció és munkafolyamat



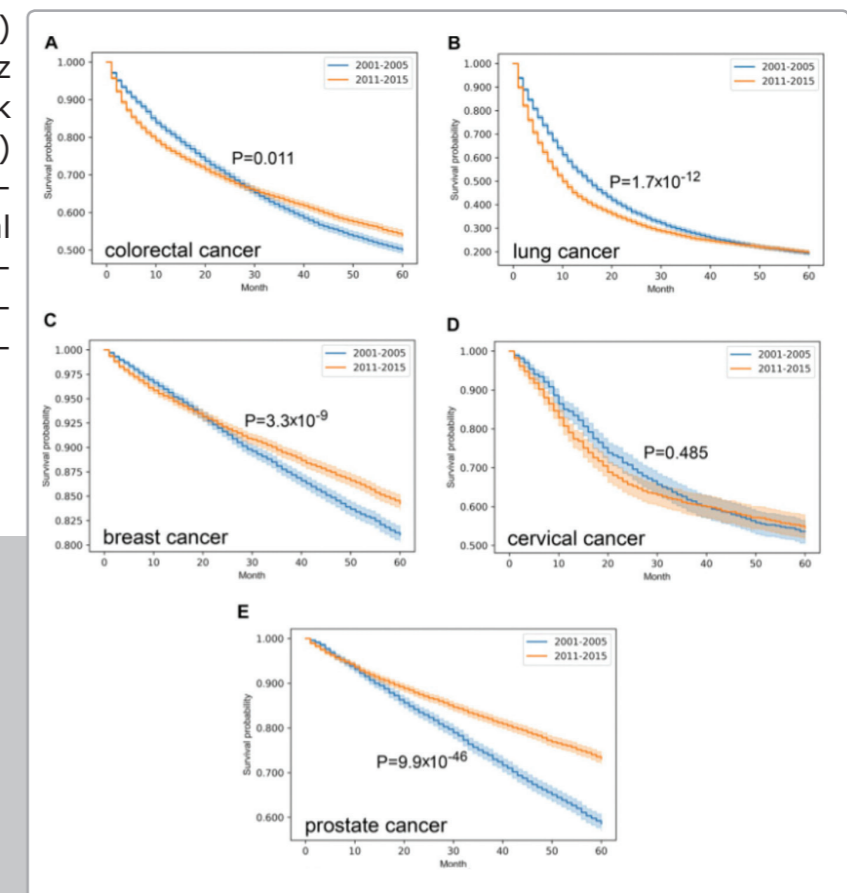
Referencia: Mund, A., Coscia, F., Kriston, A., Hollandi, R., Kovács, F., Brunner, A.-D., Migh, E., Schweizer, L., Santos, A., Bzorek, M., Naimy, S., Rahbek-Gjerdum, L.M., Dyring-Andersen, B., Bulkescher, J., Lukas, C., Eckert, M.A., Lengyel, E., Gnann, C., Lundberg, E., **Horvath, P.**, Mann, M., 2022. Deep Visual Proteomics defines single-cell identity and heterogeneity. *Nat Biotechnol* 40, 1231–1240. <https://doi.org/10.1038/s41587-022-01302-5>

• Dr. Kenessey István

1. A rákos megbetegedések túlélési tendenciáinak összehasonlítása Magyarországon a 2001-2005 és 2011-2015 közötti időszakban egy lakossági rákregiszter alapján

Tekintve, hogy a rosszindulatú daganatos betegség diagnózisa esetén az összes orvos-beteg találkozást jelenteni kell a Nemzeti Rákregiszter részére, az adatbázis kifejezetten alkalmas utánkövetési vizsgálatok kivitelezésére. A kórházi jelentések mellett a Nemzeti Egészségbiztosítási Alapkezelő átadja a regisztrált betegek túlélési információit. Ezek alapján részletesen elemeztük a gyakori megjelenésű szolid tumoros betegek (tüdőrák, emlőrák, vastag- és vébélrák, prosztatarák és méhnyakrák) túlélési mintázatát, fókuszálva a 2001-2005 és a 2011-2015 közötti időszakokra, ezzel reflektálva az onkológiai módszerek fejlődésére. Megállapítottuk, hogy az onkológiai kezelés hatásfokának javulása az összes daganattípus esetén inkább az alacsonyabb stádiumú betegeknél nyilvánul meg, előrehaladott stádiumban a túlélés nem javult. Ezek alapján populációs szinten a daganatos halálozás javulása a szűrőhálózat fejlesztésétől, a korai stádiumban történő diagnózistól várható.

Kép: A kolorektális (C18-C21) (A), a tüdő (C33-C34) (B), az emlő (C50) (C), a méhnyak (C53) (D) és a prosztata (C61) (E) rák teljes túlélése 95%-os konfidenciaintervallummal 2001-2005 és 2011-2015 között a Magyar Nemzeti Rákregiszter lakossági adatbázisában.



Referencia: Kenessey, I., Szőke, G., Dobozi, M., Szatmári, I., Wéber, A., Fogarassy, G., Nagy, P., Kásler, M., Polgár, C., Vathy-Fogarassy, Á., 2022. Comparison of Cancer Survival Trends in Hungary in the Periods 2001-2005 and 2011-2015 According to a Population-Based Cancer Registry. *Pathol Oncol Res* 28, 1610668. <https://doi.org/10.3389/pore.2022.1610668>

2. A Központi Statisztikai Hivatal halálzási adatainak összevetése a Nemzeti Rákregiszter adatbázisával. Egy adatösszekapcsolás tanulságai

Informatikai eszközökkel összevetettük a Rákregiszter adatbázisát a Központi Statisztikai Hivatal halálzási adataival, és rávilágítottunk egymás gyengeségeire és erősségeire. Megállapítottuk, hogy a két adatbázis közötti eltérés adódhat az adatfelvételek metodikai különbségeiből, a jelentési fegyelem problémáiból, a hiányos, pontatlan kitöltésből és a feldolgozási algoritmusok különbözőségéből. Mindazonáltal a vizsgált adatbázisok tartalmának döntő hányada értékes információt tartalmazott, ezért alkalmasak a jövőbeni adattudományi vizsgálatokra.

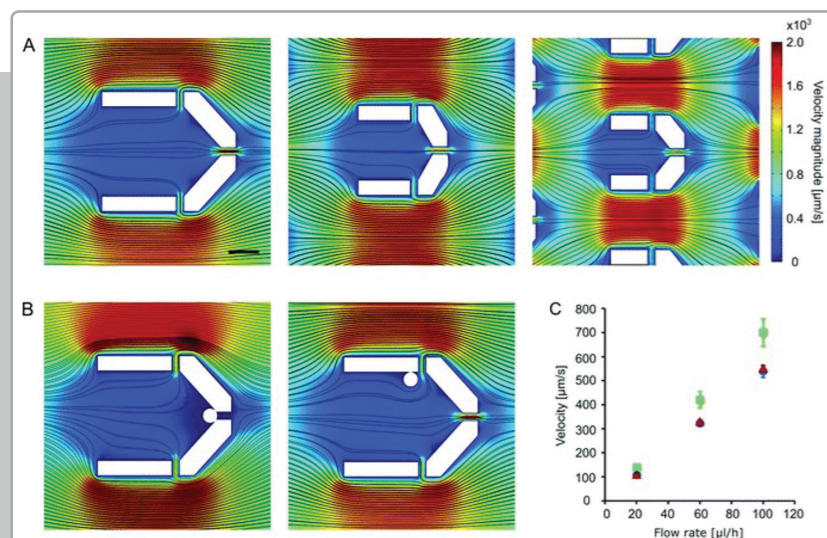
Referencia: Wéber A, Szatmári I, Dobozi M, Hilbert L, Branyiczkiné Géczy G, Nagy P, Kásler M, Polgár C, **Kenessey I.** A Központi Statisztikai Hivatal halálzási adatainak összevetése a Nemzeti Rákregiszter adatbázisával. Egy adatösszekapcsolás tanulságai. *Orv Hetil.* 2022 Sep 11;163(37):1481-1489.

• Dr. Kós Péter

1. A korall endoszimbionta *Symbiodinium spp.* alga életképes protoplasztjainak képzése mikrofluidikai platformon

A Symbiodiniaceae egy fontos dinoflagelláta család, amely endoszimbiózisban él a korallpolipokkal és más zátonyi gerinctelenekkel, ezáltal központi szerepet játszik a holobiontban. A korallzátonyok jelenleg súlyos veszélyben vannak a klímaváltozás miatt, ezért sürgősen szükség van a *Symbiodinium spp.* stressztűrő képességének és stressz elkerülési mechanizmusainak jobb megértésére. A reaktív oxigénfajták (ROS), mint például a szinglet oxigén, központi szerepet játszanak a különböző stresszválaszok közvetítésében.

Mikrofluidikai platformot használtunk protoplasztok előállítására, amely lehetővé tette az intracelluláris stressz követését, valamint célszerűen tervezett DNS szakaszok bejuttatását a sejtbe genetikai változtatások elérése érdekében. Ez a kutatás új lehetőségeket nyit a stressz tanulmányozásában a Symbiodiniaceae családban.



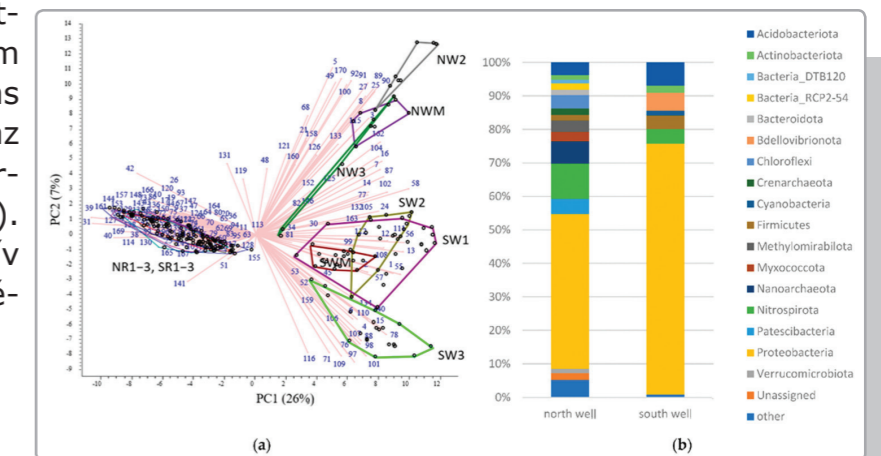
Kép: Számított áramlási mezők a sejtcsapdák körül és azokon belül. A) Áramlási mezők a mikrofluidikai eszközökben használt három különböző méretű csapda esetén 60 $\mu\text{L h}^{-1}$ teljes áramlási sebesség esetén az eszközben. A skálásáv 20 μm . B) A legnagyobb csapda áramlási mezői a sejteket reprezentáló 10 μm átmérőjű kör alakú részecskékkel.

Referencia: Bashir, F., Kovács, S., Ábrahám, Á., Nagy, K., Ayaydin, F., Valkony-Kelemen, I., Ferenc, G., Galajda, P., Tóth, S.Z., Sass, L., **Kós, P.B.**, Vass, I., Szabó, M., 2022. Viable protoplast formation of the coral endosymbiont alga *Symbiodinium spp.* in a microfluidics platform. *Lab Chip* 22, 2986–2999. <https://doi.org/10.1039/d2lc00130f>

2. A forrástól a csapig: A mikrobiális diverzitás nyomon követése egy folyóparti szűrősen alapuló ivóvízellátó rendszerben változó hidrológiai rendszerek mellett

Felszíni vizeink mikroba közössége alapvető eleme a környezetünknek. Az egész bioszféra működése szempontjából létfontosságú e közösségek kiegyensúlyozott összetételén alapuló egészséges élete az urbanizációs hatások és állandóan változó környezeti paraméterek között, így humán egészségügyi és környezetbiológiai szempontból egyaránt fontos tanulmányozni e mikroba közösségeket a legkorszerűbb módszerekkel. A minták taxonómiai összetételét metagenomikai, újgenerációs szekvenálási technikákkal vizsgáljuk. „A forrástól a csapig: A mikrobiális diverzitás nyomon követése egy folyóparti szűrősen alapuló ivóvízellátó rendszerben változó hidrológiai rendszerek mellett” című közleményben a csapvíz előállítás technológiáját követjük végig. Egy ivóvízellátó rendszerben a folyóból, a kutakból, a kezelés során és fogyasztói csapból származó minták mikrobiális közösségeit vizsgáltuk egy éven keresztül, majd a metagenomikai adatokat a fizikai-, kémiai- és hidrológiai paraméterekkel vetettük össze. A mikrobiális összetétel így feltárt kapcsolatainak ismerete a technológiai lépésekkel és környezeti paraméterekkel kulcsfontosságú tényező lehet a jelen változó éghajlati és hidrológiai viszonyok között a biztonságos és fenntartható ivóvíztermelésben.

Kép: A Duna különböző pontjain vett minták baktérium összetételének főkomponens analízise. A sokszögek az egyes mintavételi helyhez tartozó mintákat kötik össze (a). A baktérium törzsek relatív megoszlása egyes közösségekben (b).



Referencia: Vargha, M., Róka, E., Erdélyi, N., Németh, K., Nagy-Kovács, Z., **Kós, P.B.**, Engloner, A.I., 2023. From Source to Tap: Tracking Microbial Diversity in a Riverbank Filtration-Based Drinking Water Supply System under Changing Hydrological Regimes. *Diversity* 15, 621. <https://doi.org/10.3390/d15050621>

Multi-omikai megközelítések alkalmazhatósága a rosszindulatú daganatos megbetegedések altípusmeghatározására, valamint a diagnózis és a prognózis felállítására

A nagy áteresztőképességű molekuláris technológiák hatalmas adatmennyiséget szolgáltatnak, azonban a különálló adatrétegek elemzése ritkán tár fel ok-okozati összefüggéseket. A több adatszintet, mint például a genomikai, epigenomikai, transzkriptomikai, proteomikai, metabolomikai és mikrobiomikai adatokat integráló stratégiák, páratlan lehetőséget kínálnak egyes komplex megbetegedések, köztük a rosszindulatú daganatok kialakulása és progressziója mögött álló mechanizmusok megértéséhez. Összefoglaló tanulmányunkban áttekintjük a leggyakrabban használt adatintegrációs módszereket, és bemutatjuk azokat a kutatási területeket, ahol a multi-omika szignifikánsan hozzájárul a rosszindulatú megbetegedések megértéséhez. Részletes összefoglalót nyújtunk a multi-omika jelentőségéről különös tekintettel a klinikai kontextusra, és ismertetjük a mindennapi klinikai gyakorlatban való elterjedésével szembeni fő kihívásokat. Komoly probléma a különböző omikai megközelítések egyenlőtlen érettsége, valamint az óriási adatmennyiség generálása és feldolgozási képessége közötti különbség.

Kép: Különböző módszerek a multi-omikai adatintegrációhoz

Table 1. Selected methods for multi-omics data integration.

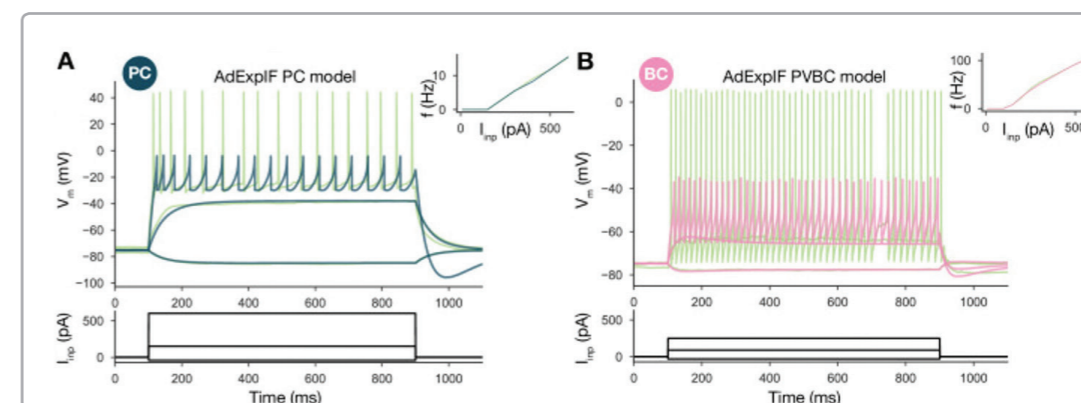
Name	Category	Method	Example (cancer type)	Results of data integration	Data type	User-friendliness
Joint NMF	unsupervised	matrix factorization	ovarian cancer	cancer subtyping	Multi-data	difficult
iCluster+	unsupervised	matrix factorization	colorectal carcinoma	cancer subtyping	Multi-data	difficult
iClusterBayes	unsupervised	matrix factorization	glioblastoma, kidney cancer	cancer subtyping, disease drivers	Multi-data	difficult
moCluster	unsupervised	matrix factorization	colorectal carcinoma	cancer subtyping	Multi-data	difficult
JIVE	unsupervised	matrix factorization	glioblastoma	cancer subtyping	Multi-data	difficult
MOFA	unsupervised	PCA	chronic lymphocytic leukemia	novel disease drivers	Multi-data	difficult
rMKL-LPP	unsupervised	multiple kernel learning, similarity-based	glioblastoma	cancer subtyping	Multi-data	difficult

Referencia: Menyhárt, O., Györffy, B., 2021. Multi-omics approaches in cancer research with applications in tumor subtyping, prognosis, and diagnosis. *Comput Struct Biotechnol J* 19, 949–960. <https://doi.org/10.1016/j.csbj.2021.01.009>

A hippocampusz éles hullám-ripppek és a hozzájuk kapcsolódó szekvencia-visszajátszás a CA3 terület hálózati modelljében strukturált szinaptikus kölcsönhatásokból alakul ki

A hippocampusz helysejtjei egymás után aktiválódnak, ahogy az állat felfedezi a környezetét. Ezek az aktivitási szekvenciák belsőleg újrateremtődnek („újrjátszódnak”), akár ugyanabban, akár fordított sorrendben, az alvás és az éber pihenés során előforduló aktivitási kitörések (éles hullám-ripppek [SWR]) során. Az SWR-hez kapcsolódó újrjátszás feltehetően kritikus fontosságú a hosszú távú memória létrehozásában és fenntartásában. Az SWR-ek és az újrjátszás sejtszintű és hálózati mechanizmusainak azonosítása érdekében a hippocampusz CA3 területének adatvezérelt modelljét építettük fel és szimuláltuk. Eredményeink azt mutatják, hogy a tanulás során kialakuló rekurrens gerjesztő kölcsönhatások láncszerű szerkezete nemcsak az újrjátszás tartalmát határozza meg, hanem az SWR-ek létrehozásához is elengedhetetlen. Úgy találjuk, hogy a kétirányú visszajátszás a kísérletileg igazolt, időszimmetrikus plaszticitási szabály és a sejt adaptáció kölcsönhatását igényli. Modellünk egységesítő keretet biztosít a hippocampusz plaszticitását, reprezentációit és dinamikáját érintő különböző jelenségekhez, és azt sugallja, hogy a tanulás által indukált strukturált neurális kódok nagyobb befolyással lehetnek az agykérgi hálózati állapotokra, mint azt korábban becsülték.

Kép: Egysejttes modellek. (A) Az illesztett AdExpIF piramisajt (PC) modell (kék) és a kísérleti nyomvonalak (zöld) a felső panelben láthatóak. Az alul látható 800 ms hosszúságú lépésáram-injekciók amplitúdói a következők voltak: -0,04, 0,15 és 0,6 nA. (B) Az illesztett ExpIF parvalbumin-tartalmú kosarsejt (PVBC) modell (rózsaszín) és a kísérleti nyomvonalak (zöld) a felső panelben láthatóak.

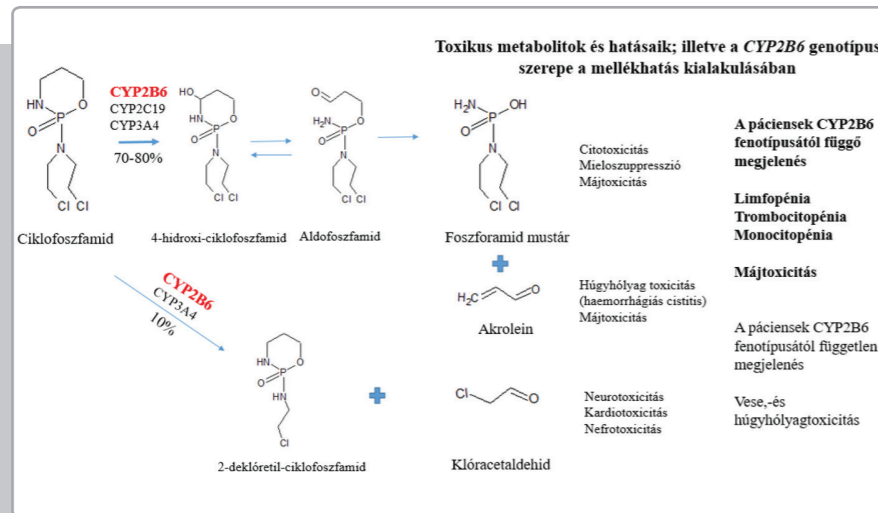


Referencia: Ecker, A., Bagi, B., Vértes, E., Steinbach-Németh, O., Karlócai, M.R., Papp, O.I., Miklós, I., Hájos, N., Freund, T.F., Gulyás, A.I., Káli, S., 2022. Hippocampal sharp wave-ripples and the associated sequence replay emerge from structured synaptic interactions in a network model of area CA3. *Elife* 11, e71850. <https://doi.org/10.7554/eLife.71850>

CYP2B6 genetikai variabilitása és a ciklofoszfamid terápia közötti összefüggés vizsgálata neuroblasztómával diagnosztizált páciensekben

A neuroblasztóma a csecsemőket és kisgyermeket érintő egyik legelterjedtebb szolid daganatos megbetegedés, amelynek kezelésében gyakran alkalmazzák a ciklofoszfamid prodrugot. A ciklofoszfamid bioaktivációs és inaktivációs útvonalában a citokróm P450 2B6 (CYP2B6) az elsődleges katalizátor, a másodlagos enzim pedig a CYP2C19. A CYP metabolizmus hozzájárulhat a ciklofoszfamid nagyfokú farmakokinetikai variabilitásához, amely kedvezőtlen terápia kimenetelhez és klinikailag jelentős mellékhatások kialakulásához vezethet. Vizsgálatunk célja, hogy feltárjuk a CYP2B6 és CYP2C19 farmakogenetikai variabilitásának szerepét a terápiás hatékonyságban, valamint a ciklofoszfamid által kiváltott mellékhatások megjelenésében ciklofoszfamid terápia alatt álló neuroblasztómás gyermekeknél (N=50). Vizsgálatunkban a ciklofoszfamid által kiváltott hematológiai toxicitás minden beteget érintett és nagymértékű volt, míg csak néhány beteg esetében alakult ki mérsékelt hepatorenális toxicitás. Kimutattuk, hogy a normál/rapid CYP2B6 fenotípussal rendelkező betegek körében szignifikánsan gyakrabban fordult elő limfopénia, trombocitopénia és monocitopénia, valamint májtoxicitás, míg a vese-, illetve húgyhólyag toxicitás (haemorrhágiás cystitis) nem mutatott CYP2B6-függést (1. ábra). Továbbá, a kezelés kimenetelében szignifikáns prognosztikai tényezőnek bizonyult a betegek életkora (<1,5 év, P=0,03) és női nem (P≤0,02), azonban a betegek CYP2B6 vagy CYP2C19 fenotípusával nem mutattunk ki összefüggést. Összegezve, eredményeink hozzájárulhatnak a CYP2B6 variabilitás szerepének megértéséhez a ciklofoszfamid terápiát követő mellékhatások kialakulásában.

Kép: CYP2B6 szerepe a ciklofoszfamid toxikus metabolitjainak kialakulásában

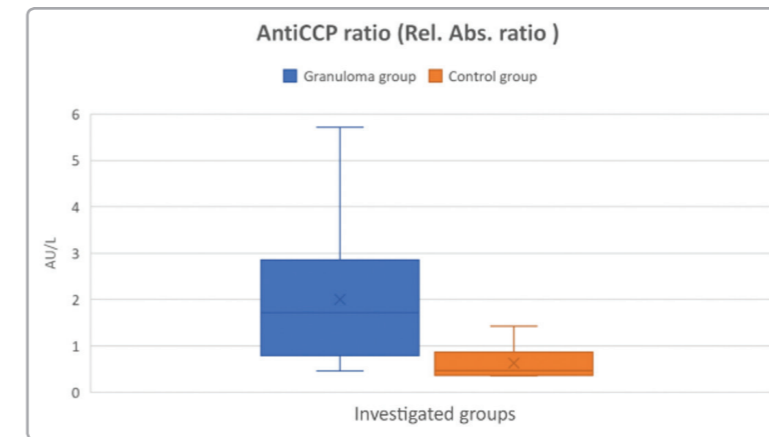


Referencia: Mangó, K., Fekete F., Kiss Á.F., Erdős, R., Fekete, J. T., Búdi, T., Bruckner, E., Garami, M., Micsik, T., Monostory, K., 2023. Association between CYP2B6 genetic variability and cyclophosphamide therapy in pediatric patients with neuroblastoma. *Sci Rep* 13,11770. <https://doi.org/10.1038/s41598-023-38983-0>

Hypercitruináció és anti-citruinált fehérje antitestek krónikus apikális periodontitisben, laboratóriumi vizsgálat. Hozzájárul-e az autoimmunitás a patogenezishez?

A tanulmány azt vizsgálta, hogy citruinált fehérjék és az ellenük termelt antitestek jelen vannak-e a krónikus apikális periodontitisben és az egészséges kontrollszövetekben. Az eredmények szerint a periapikális granulomákban szignifikáns citruináció mutatható ki, 68%-uk pozitívnak bizonyult az ACPA jelenlétére, míg a kontroll mintákban csak 17%-ban volt tapasztalható ilyen jelenség. Az eredmények szerint az autoimmun reakciók jelen vannak a krónikus apikális periodontitis patogenezisében és fennmaradásában.

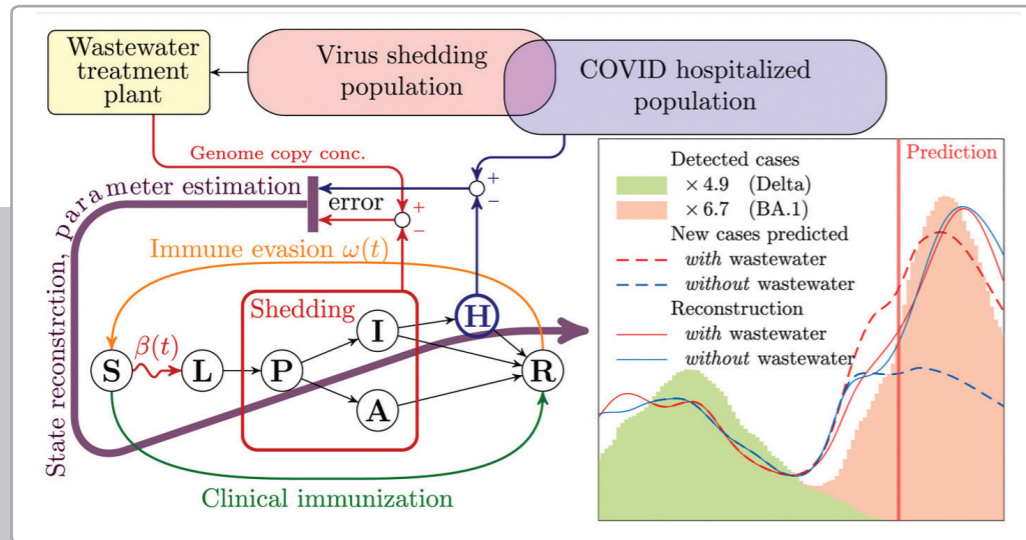
Kép: Az ACPA szintjének vizsgálata krónikus apikális periodontitisben és kontrollcsoportokban. Az anti-CCP arányt relatív abszorbancia-arányként (y tengely) ábrázoltuk a krónikus apikális periodontitis és a kontrollcsoportokban (x tengely).



Referencia: Martos, R., Tar, I., Nagy, A.C., Csősz, É., Kiss, C., Márton, I., 2023. Hypercitruination and anti-citrullinated protein antibodies in chronic apical periodontitis, a laboratory investigation. Does autoimmunity contribute to the pathogenesis? *Int Endod J* 56, 584–592. <https://doi.org/10.1111/iej.13903>

1. A magyarországi COVID-19 járvány szennyvízalapú modellezése

A COVID-19 világjárvány során kiderült, hogy egy nagyobb populáció fertőzöttségi viszonyairól a megfelelően feldolgozott szennyvíz-adatok segítségével pontosabb képet lehet alkotni, mint az akár tömeges egyéni tesztek eredményeiből. A tanulmány egy olyan módszertant ismertet, amely a kórházi adatok és a szennyvízben található vírusrészecskék koncentrációi alapján egy dinamikus (kompartimentális) matematikai modell felhasználásával alkalmas az aktuális és múltbeli fertőzöttségi állapot becslésére, valamint a járvány jövőbeli lefolyásának predikciójára is. A modell képes követni a lakosság immunitásának időbeli változását – figyelembe véve az oltásokat és az új vírusvariánsok megjelenését is –, és lehetővé teszi közvetlenül nem mérhető változók becslését is, mint amilyen pl. terjedési sebesség, tünetmentes vagy preszimptomatikus populáció létszáma. A szennyvíz-adatok felhasználása lényegesen javítja a becslések és predikciók minőségét, ami hasznos és költséghatékony döntéstámogatási eszköz lehet járványügyi intézkedések tervezéséhez és azok hatékonyságának utólagos kiértékeléséhez.

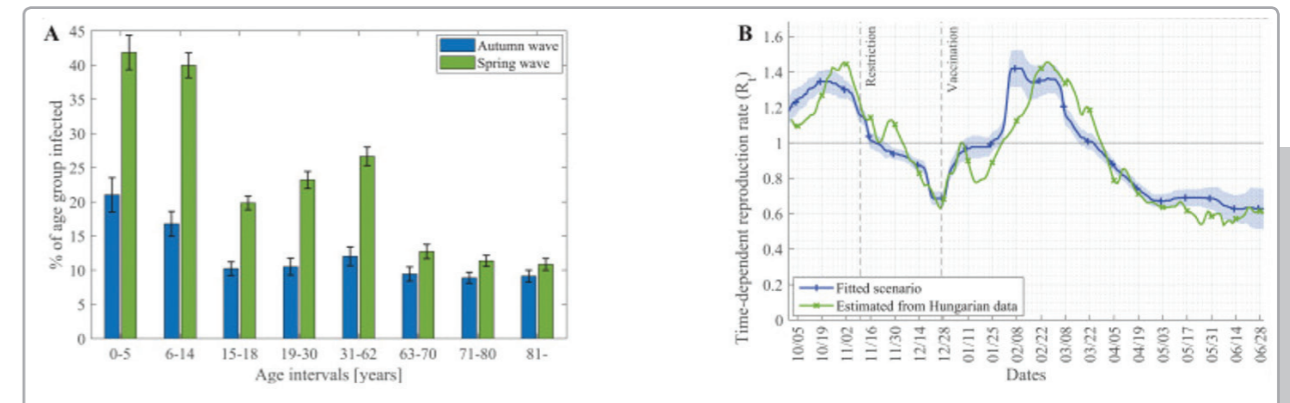


Referencia: Polcz, P., Tornai, K., Juhász, J., Cserey, G., Surján, G., Pándics, T., Róka, E., Vargha, M., Reguly, I.Z., **Csikász-Nagy, A., Pongor, S., Szederkényi, G., 2023. Wastewater-based modeling, reconstruction, and prediction for COVID-19 outbreaks in Hungary caused by highly immune evasive variants. *Water Res* 241, 120098. <https://doi.org/10.1016/j.watres.2023.120098>**

2. A COVID-19 kezelési stratégiák mikroszimuláción alapuló mennyiségi elemzése

Kidolgoztuk a PanSim-et, egy ágensalapú mikroszimulációs keretrendszert a betegség terjedésének előrejelzésére és ellenőrzésére a COVID-19 világjárvány során. Valóságghű adatok felhasználásával különböző ellenőrzési intézkedéseket teszteltünk egy város méretű társadalmi környezetben. Eredményeink azt mutatják, hogy a foglalkozási kockázati csoportok oltási prioritásként való kezelése csökkenti a fertőzéseket, de növeli a halálozást, míg a veszélyeztetett csoportok prioritásként való kezelése minimalizálja a halálozást, de növeli a fertőzési arányt. A nem gyógyszeres beavatkozásokkal kombinált intenzív vakcinázás hatékonyan visszaszorítja a vírus terjedését, de az alacsony vakcinázási arány és a korai újrainytás kontrollálatlan járványokhoz vezethet. Elemzésünkben kiderül, hogy bár a védőoltás megvédi az időseket, a gyermekek jelentős része még mindig megfertőződhet a vírussal. Bemutatjuk továbbá a különböző karantén- és vizsgálati stratégiák előnyeit és korlátait. A PanSim részletes felbontása lehetővé teszi a célzott beavatkozások tervezését és értékelését dinamikus körülmények között.

Kép: (A) A különböző korcsoportok százalékos aránya a fertőzésben az őszi és a tavaszi hullám során (a hibasávok 20 szimuláció bizonytalanságát mutatják). (B) A vírus szaporodási számának változása.

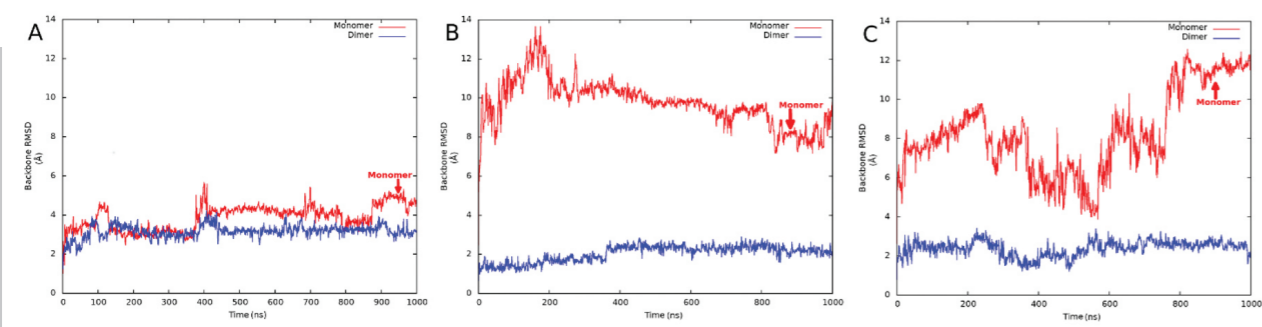


Referencia: Reguly, I.Z., Csercsik, D., Juhász, J., Tornai, K., Bujtár, Z., Horváth, G., Keömley-Horváth, B., Kós, T., Cserey, G., Iván, K., **Pongor, S., Szederkényi, G., Röst, G., Csikász-Nagy, A., 2022. Microsimulation based quantitative analysis of COVID-19 management strategies. *PLoS Comput Biol* 18, e1009693. <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1009693>**

Molekuláris dinamikai szimuláció mint eszköz a kölcsönösen együttműködve feltekeredő fehérjék azonosítására

Jelenleg folyó projektünkben rámutattunk arra, hogy míg a „hagyományos” rendezetlen fehérjék közismerten csak rendezett makromolekulával kölcsönhatva rendeződhetnek, létezik a rendezetlen fehérjék egy jól elkülönülő alosztálya, az egymást kölcsönösen segítve feltekeredő (Mutual Synergistic Folding) fehérjék, az MSF fehérjék, amelynek rendeződéséhez nincs szükség stabil támaszra. Az elmúlt években meghatároztuk az egymással kölcsönhatva rendeződő fehérjék monomer formában tapasztalható rendezetlenségének és a kölcsönhatások következtében történő rendeződésének, a peptidkötések hidratálhatóságára, valamint az aminosav sorrendek entrópiájára alapuló fizikai elveket, és a közelmúltban kidolgoztuk az első módszert az MSF fehérjék *in silico* azonosítására. A módszer, a mellékelt ábrán példaként mutatott, molekula dinamika (MD) szimulációkon alapul.

Kép: A dimer fehérjék MD szimulációjából kapott RMS értékek kézzel, míg az egyik polipeptid-lánc eltávolításával kapott hipotetikus monomerekre kapott értékek pirossal vannak ábrázolva.



Referencia: Magyar, C., Németh, B.Z., Cserző, M., **Simon, I.**, 2023. *Molecular Dynamics Simulation as a Tool to Identify Mutual Synergistic Folding Proteins. Int J Mol Sci* 24, 1790. <https://doi.org/10.3390/ijms24021790>

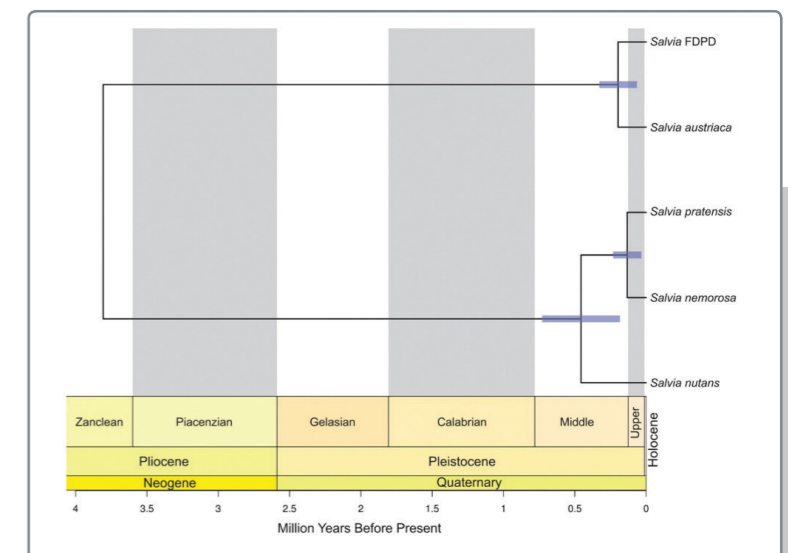
• Dr. Sramkó Gábor

Új edényes növényfaj leírása a pontuszi sztyeppéről genomikai módszerek segítségével

Erdélyi botanikus kollégaink keresték meg kutatócsoportunkat, hogy tudunk-e segíteni egy olyan dobudzsai (azaz Románia DK-i és Bulgária ÉK-i részén elterülő tájegység) lelőhelyről származó zsálya (Salvia) faj genetikai karakterizálásában, amely megszólalásig hasonlít a régiókban elterjedt osztrák zsályára (Salvia austriaca), de egy kulcsfontosságú tulajdonságában (a porzók állásában) eltér tőle. Mivel nagyon közeli rokon fajokról lehet szó, kutatócsoportunk a redukált reprezentativitású genomikai könyvtár megközelítést alkalmazó RADseq módszerrel vizsgálta meg a kérdéses növényt, valamint számos közeli

rokon faj genomját. Az osztrák zsálya, a „dobudzsai zsálya”, a bókoló zsálya, a mezei zsálya, valamint a berki zsálya fajok mintáiból származó RADseq olvasatokot egy nyilvánosan elérhető rokonfaj genomjára térképeztük vissza, majd a lókuszek szekvenciáit filogenomikai elemzéseknek vettettük alá. Ebből kivilágolt, hogy a dobudzsai növény genetikailag jól elkülönül a legközelebbi rokonától, az osztrák zsályától, és ennek az elkülönülésnek a mértéke összevethető a berki zsálya és mezei zsálya fajtár elkülönülésével, amelyek faji önállóságát a botanikusok nem vitatják. Emellett Bayes-i faktorokon alapuló statisztikai faj-lehatárolást is alkalmaztunk, amely világosan alátámasztotta a dobudzsai növény önálló faji státuszát. Ennek eredményeképp írtuk le az erdélyi kollégák által megfigyelt növényt önálló fajként, amely a „keresztsgben” a pontuszi zsálya (Salvia revelata) nevet kapta, magyar nevében utalva a fő elterjedési területére, a Volga és a Duna között húzódó pontuszi sztyeppére.

Kép 1: A vizsgált zsályafajok közötti evolúciós viszony rekonstrukciója genomikai adatok alapján. A fenti törzsfá egy kronogram, ahol az elválás arányos az idővel. Ez alapján a leírásra került faj (az ábrán Salvia FDPD névvel jelölve) középső Pleisztocén végén vált el a legközelebbi rokonától, az osztrák zsályától (Salvia austriaca).



Kép 2: A pontuszi zsálya (Salvia revelata) virága, ahol jól látszanak az osztrák zsályáétól eltérő állású porzók. Ez kulcsfontosságú különbség, mert más rovarfajok megporzását teszi csak lehetővé, ami fajképződéshez vezetett.



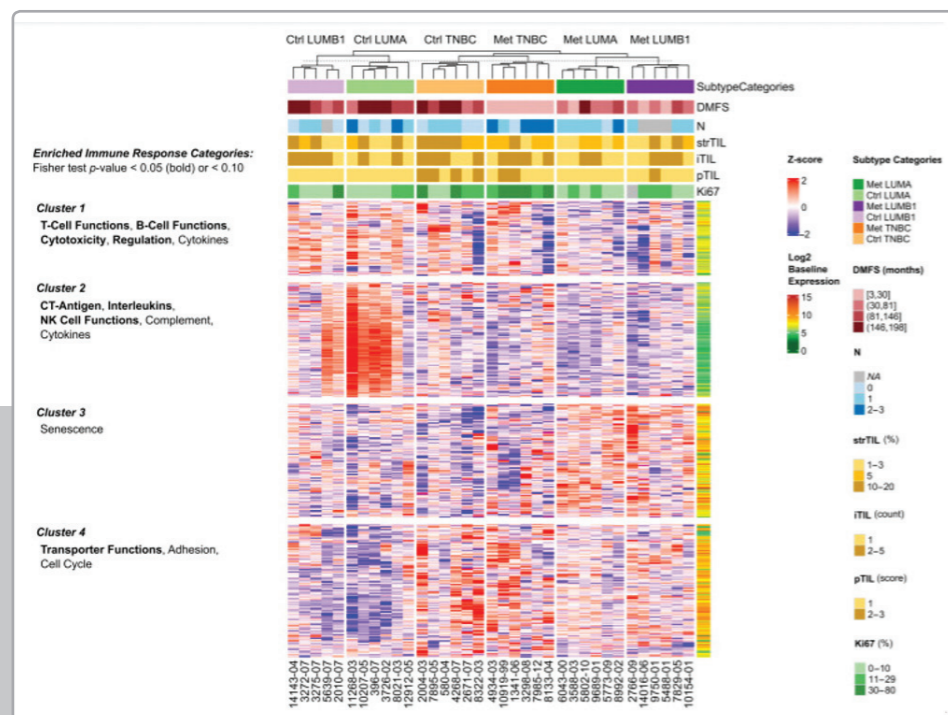
Referencia: Mátis, A., Malkócs, T., Kuhn, T., Laczkó, L., Moysiyenko, I., Szabó, A., Bădărău, A.S., **Sramkó, G.**, 2023. *Hiding in plain sight: Integrative analyses uncover a cryptic Salvia species in Europe. TAXON* 72, 78–97. <https://doi.org/10.1002/tax.12818>

1. A daganatos immunmikrokörnyezet és az immungén-összetétel prognosztikai jelentőségének vizsgálata emlőkarcinóma altípusaiban

Feltételeztük, hogy a különböző emlőrák altípusokat térben elkülönülő tumorimmun mikrokörnyezet (TIME) jellemzi, és hogy a metasztatikus és nem metasztatikus daganatok immungenitása altípusonként eltérő. A peritumorális, stromális és intratumorális tumor infiltráló limfocitákat TIL-t értékeltük. Meghatároztuk a „meleg”, „hideg” és immun-kizárt csoportokat, és értékeltük ennek a besorolásnak a prognosztikai szerepét. A CD4+/CD8+ pozitivitást elemeztük négy szisztematikusan előre meghatározott tumorregióban. A HER2-negatív emlőrák immungénexpresszióját NanoString nCounter technológiával hasonlítottuk össze.

A TIL infiltráció mértéke nagymértékben változott az összes altípuson belül. Az esetek kétharmada „hideg” tumor volt, a túlélésben nem volt szignifikáns különbség a „meleg” tumorokhoz képest. Az alacsonyabb CD4+/CD8+ arány a stroma belső tumorregiójában szignifikánsan összefüggött a hosszabb távoli metasztázis-mentes túléléssel. Az immungének a vizsgált emlőrák altípusok között változtak, a TNBC a lúminális altípusoktól eltérő tulajdonságokat mutatott. A TIL-ek alacsony szintje nem egyenlő a betegség progressziójával. Az áttétet képző és nem formáló emlőkarcinómák között megfigyelt immungén-expressziós különbségek a megváltozott immunfunkciók fontos szerepére hívják fel a figyelmet a BC progressziójában.

Kép: A 730 immungén normalizált expressziójának nem felügyelt klaszterezése: A mintákat (n = 35) az altípus kategóriák szerint csoportosítottuk, és a négy gén-klasztert feldúsított immun-válasz-kategóriákkal annotáltuk (egyoldalú Fisher-féle egzakt teszt). A gének log2 alapszintű expressziója a hőtérkép jobb oldalán látható.



Referencia: Szeitz, B., Pipek, O., Kulka, J., Szundi, C., Rusz, O., Tőkés, T., Szász, A.M., Kovács, K.A., Pesti, A., Ben Arie, T.B., Gángó, A., Fülöp, Z., Drágus, E., Vári-Kakas, S.A., Tőkés, A.M., 2022. Investigating the Prognostic Relevance of Tumor Immune Microenvironment and Immune Gene Assembly in Breast Carcinoma Subtypes. *Cancers* (Basel) 14, 1942. <https://doi.org/10.3390/cancers14081942>

2. Az agyi áttétes tüdő adenokarcinóma proteomikai elemzése tumorok közötti heterogenitást és az agyi áttétek időzítésével összefüggő specifikus elváltozásokat tár fel

Az agyi metasztázisok jelentős negatív hatással vannak a tüdő adenokarcinómás (LADC) betegek kimenetelére. Itt megvizsgáltuk a primer LADC-k és a párhuzamos agyi metasztázisok proteomikus profilját. 20, sebészileg eltávolított primer és agyi metasztatikus LADC mintán shotgun proteomika segítségével elemeztük a peptideket Ultimate 3000 pumpával, amely QExactive HF-X tömegspektro-méterhez volt kapcsolva. A nyers adatokat a PD 2.4 segítségével kerestük. További adatelemzéseket Perseus, RStudio és GraphPad Prism segítségével végeztünk. A proteomikai adatok összefüggést mutattak a klinikai és kórszövettani paraméterekkel, valamint az agyi metasztázisok kialakulásának idejével. A tömegspektrometrián alapuló proteomikai adatok a ProteomeXchange szolgáltatáson keresztül érhetőek el PXD027259 azonosítóval.

Az azonosított és számszerűsített 6821 fehérje közül 1496 fehérje expresszálódott eltérően az elsődleges LADC-k és a megfelelő agyi metasztázisok között. Az immunrendszerrel, a sejt-sejt/mátrix kölcsönhatásokkal és a migrációval kapcsolatos utak túlnyomórészt aktiválódtak a primer tumorokban, míg az anyagcserevel, transzlációval vagy „budding” formációval kapcsolatos útvonalak felülreprezentáltak a metasztatikus daganatokban. A gyorsan és lassan progrediáló betegek összehasonlításakor 454, illetve 298 eltérően expresszálódó fehérjét találtunk az elsődleges daganatokban, illetve az agyi áttétekben. Az anyagcsere-átprogramozás és a riboszomális aktivitás kiemelkedően felülreprezentáltak a gyorsan előrehaladó tumorral rendelkező betegekben (a lassú progresszióval szemben), míg a sejt-sejt interakcióval és az immunrendszerrel kapcsolatos utak kifejeződése csökkent ezekben a betegekben és azokban, akiknél többszörös agyi áttétek alakultak ki.

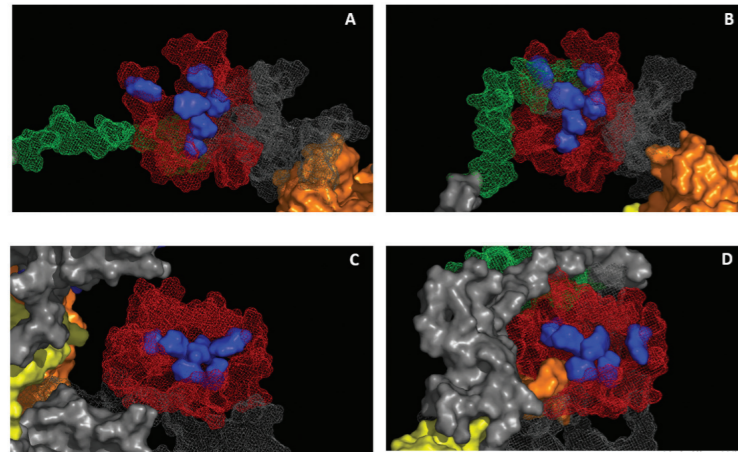
Referencia: Woldmar, N., Schwendenwein, A., Kuras, M., Szeitz, B., Boettiger, K., Tisza, A., László, V., Reiniger, L., Bagó, A.G., Szállási, Z., Moldvay, J., Szász, A.M., Malm, J., Horvatovich, P., Pizzatti, L., Domont, G.B., Rényi-Vámos, F., Hoetzenecker, K., Hoda, M.A., Marko-Varga, G., Schelch, K., Megyesfalvi, Z., Rezeli, M., Döme, B., 2023. Proteomic analysis of brain metastatic lung adenocarcinoma reveals intertumoral heterogeneity and specific alterations associated with the timing of brain metastases. *ESMO Open* 8, 100741. <https://doi.org/10.1016/j.esmoop.2022.100741>

1. A CYLD cutan szindrómában szenvedő betegekből azonosított eltérő CYLD gén mutációk különböző módon befolyásolják a CYLD fehérje stabilitását és az NF-κB jelátvitelt

A CYLD cutan szindróma (CCS) egy ritka genetikai bőrbetegség, amely 100 000 emberből 1-et érint világszerte. A CCS-ben szenvedő betegek egy tumorsuppresszor gén, a cylindromatosis (CYLD) csírvonalbeli patogén variánsait hordozzák. Kutatásaink során a CYLD gén magyar CCS családokban azonosított három patogén variánsának molekuláris és celluláris következményeit vizsgáltuk.

Megállapítottuk, hogy a mutációk specifikus eltéréseket okoznak a CYLD fehérje stabilitásában. Bioinformatikai elemzések a mutáns CYLD-származékok eltérő háromdimenziós szerkezetét is feltárták, ami eltérő hozzáférhetőséget eredményez a NEMO kölcsönható fehérjemolekula számára. Kimutattuk, hogy az enzimatikusan aktív deubikvitináz domén különböző részeit nélkülöző CYLD fehérjék különböznek az NF-κB jelátvitelre gyakorolt hatásukban.

Összefoglalva, eredményeink arra utalnak, hogy a CYLD fehérje eltérő mértékben csonkolt változatai különböző módon járulnak hozzá a CCS patogenezéséhez. Mivel jelenleg nem áll rendelkezésre gyógyszeres terápia a CCS-betegek számára, eredményeink hozzájárulhatnak a több mögöttes mechanizmuson alapuló új, személyre szabott terápiák kifejlesztéséhez.



Kép: Az (A) CYLD(WT), (B) CYLD(Arg936X), (C) CYLD(Arg758X) és (D) CYLD(Tyr602X) fehérjék doménjeit különböző színekkel ábrázoltuk: pirossal a CAP-Gly 3 fehérje-kötő domént és késsel a kötésben kiemelt szerepet játszó hidrofób aminosavakat (Leu498, Leu503, Phe515, Leu529, Phe530 és Val531).

Referencia: Nagy, N., Dubois, A., Széll, M., Rajan, N., 2021. Genetic Testing in CYLD Cutaneous Syndrome: An Update. *Appl Clin Genet* 14, 427–444. <https://doi.org/10.2147/TACG.S288274>

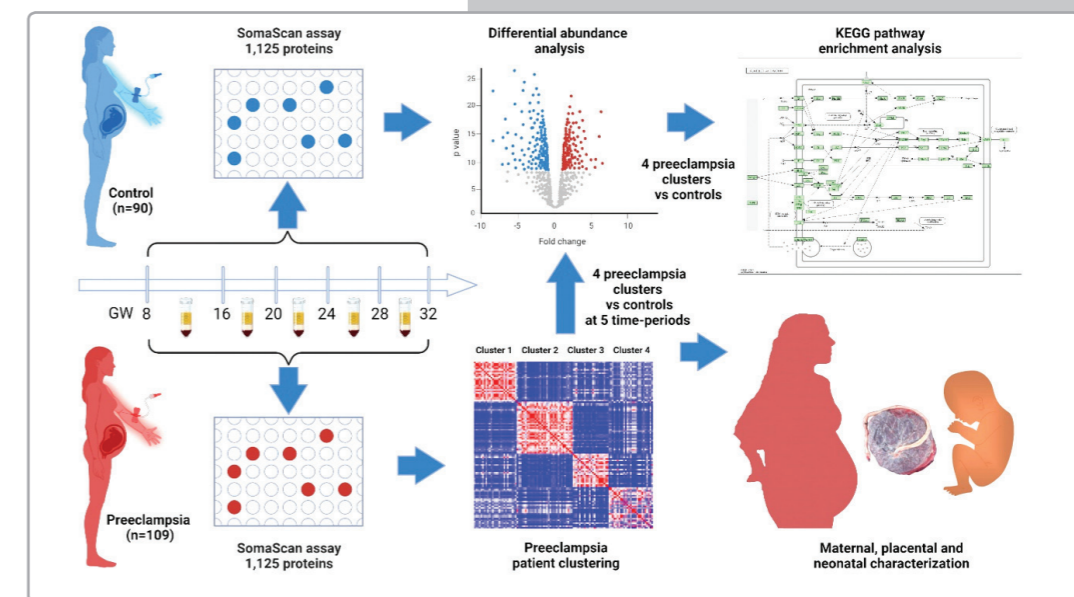
2. A Papillon-Lefèvre vagy Haim-Munk szindróma fenotípus kialakulását befolyásoló feltételezett genetikai módosító tényezők azonosítása

Referencia: Pap, É. M., Farkas, K., Tóth, L., Fábos, B., Széll, M., Németh, G., & Nagy, N. (2020). Identification of putative genetic modifying factors that influence the development of Papillon-Lefèvre or Haim-Munk syndrome phenotypes. *Clinical and Experimental Dermatology*, 45(5), 555–559.

1. A preeclampsia korai útvonalai, biomarkerei és négy különböző molekuláris alosztálya: a klinikai, patológiai és nagydimenziós biológiai vizsgálatok metszéspontja

A preeclampsia az anya és a magzat gyakran súlyos, életveszélyes betegsége. Az összetett, egymással kölcsönhatásban levő betegségútjait érintő ismereteink hiánya eddig megakadályozta a hatékony korai diagnózist és oki megelőző terápiát. Az „omikai” technológiák és rendszerbiológiai megközelítésünk alkalmazása lehetővé tették a preeclampsia mögött húzódó patomechanizmusok és molekuláris útvonalak azonosítását. Egy magyarországi, nagyobb beteganyagban végzett tanulmányunkban a koraterhességi anyai vérminták proteomikai adatainak gépi tanulásos módszerekkel történő elemzése lehetővé tette a preeclampsia négy molekuláris alosztályának felfedezését, amit egy nagy amerikai beteganyagban végzett proteomikai tanulmány adatainak rendszerbiológiai újraelmézésével sikerült validálnunk. Azonosítottuk a betegség-alsztályok molekuláris mechanizmusait és két molekuláris alosztály esetében a lehetséges oki megelőző terápiákat is. Ezen eredményeink elősegíthetik a preeclampsia molekuláris alosztályaira új diagnosztikai eszközök kifejlesztését, amelyek lehetővé teszik a betegek korai szűrését, nyomonkövetését és személyre szabott ellátását.

Kép: A preeclampsia négy molekuláris alosztályának azonosítása, azok betegség útvonalainak, valamint a betegcsoportok anyai, magzati és méhlepényi jellemzőinek feltárása egy amerikai proteomikai adatsor gépi tanulásos módszerrel történt újraelmézésének segítségével.



Referencia: Than, N.G., Posta, M., Györffy, D., Orosz, L., Orosz, G., Rossi, S.W., Ambrus-Aikelin, G., Szilágyi, A., Nagy, S., Hupuczi, P., Török, O., Tarca, A.L., Erez, O., Papp, Z., Romero, R., 2022. Early pathways, biomarkers, and four distinct molecular subclasses of preeclampsia: The intersection of clinical, pathological, and high-dimensional biology studies. *Placenta* 125, 10–19. <https://doi.org/10.1016/j.placenta.2022.03.009>

2. A placenta galektinjei szabályozzák a veleszületett és adaptív immunválaszokat a terhesség során

A vetélésekre és terhességi kórképekre jellemző, hogy kialakulásukban jelentős szerepet játszik az anyai-magzati immuntolerancia megbomlása, ami a magzat kilökődéséhez vezethet. Ennek a komplex immuntolerancia mechanizmusnak molekuláris összetevői között található az általunk korábban felfedezett, csak a méhlepény által termelt galektinek (gal-13, gal-14 és gal-16). A most megjelent tanulmányunkban a gal-13 és gal-14 anyai immunsejtekre kifejtett immunmoduláló hatását vizsgáltuk, azonosítottuk a célsejtjeiket, valamint az immunregulációban szerepet játszó downstream jelátviteli útvonalait. Eredményeink funkcionális bizonyítékot szolgáltatottak arra, hogy ezen placenta-specifikus galektinek a megfelelő immunkörnyezet kialakítását és fenntartását segítik elő egészséges terhességben, csökkent mennyiségük viszont a terhességi kórképek kialakulásához vezethet.

Referencia: Oravecz, O., Romero, R., Tóth, E., Kapitány, J., Posta, M., Gallo, D.M., Rossi, S.W., Tarca, A.L., Erez, O., Papp, Z., Matkó, J., **Than, N.G.**, Balogh, A., 2022. Placental galectins regulate innate and adaptive immune responses in pregnancy. *Front Immunol* 13, 1088024. <https://doi.org/10.3389/fimmu.2022.1088024>

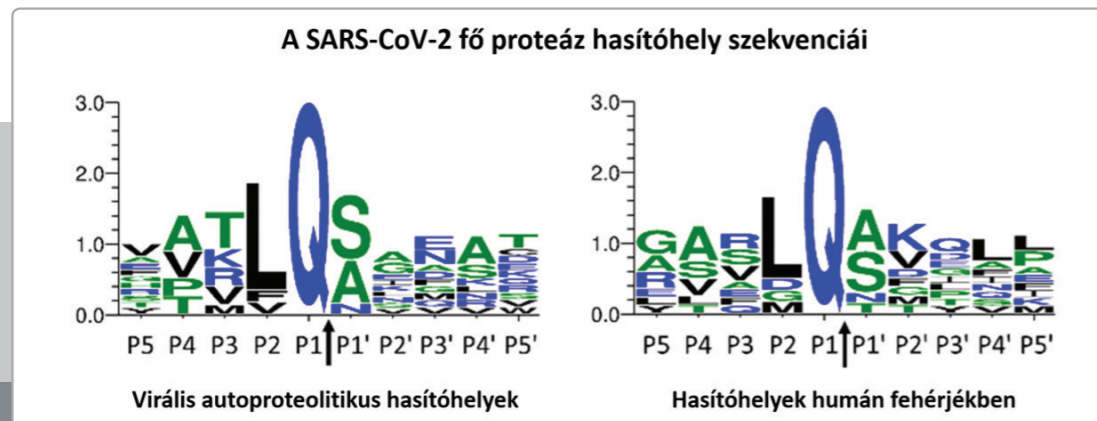
• Prof. Dr. Tózsér József

1. A SARS-CoV-2 fő proteáz (Mpro) hasadási helyek azonosítása kétdimenziós elektroforézissel és *in silico* hasadási helyek előrejelzésével

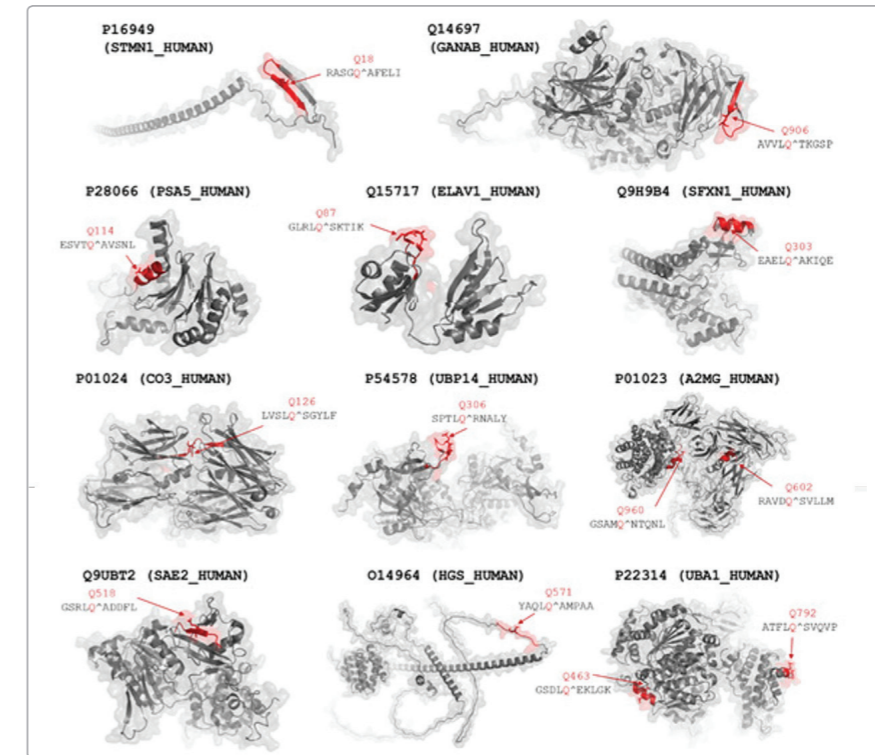
A SARS-CoV-2 fő proteázának celluláris szubsztrátjait azonosítottuk bioinformatikai és experimentális módszerek felhasználásával. A kapott szekvenciákat összevetettük a virális hasítási helyek szekvenciáival (ábra 1), mely erősen konzervált specificitásra utalt.

A súlyos akut légzőszervi szindrómás koronavírus 2 (SARS-CoV-2) fő proteáza (Mpro) döntő szerepet játszik az életciklusában. A vírus polifehérjéinek Mpro által közvetített korlátozott proteolízise szükséges a vírus replikációjához, és a fertőzött sejtek gazdafehérjéinek hasítása hozzájárulhat a vírus patogeneziséhez is, például az immunválaszok kijátszásához vagy a sejttoxicitás kiváltásához. Ezért a vírusproteáz gazdaszubsztrátjainak azonosítása különösen fontos. A SARS-CoV-2 Mpro sejtsubsztrátjainak hasítási helyeinek azonosítása érdekében két-dimenziós gélelektroforézissel határoztuk meg a HEK293T sejtproteom változásait az Mpro expresszióját követően.

Kép1.



Kép 2: A SARS-CoV-2 Mpro potenciális proteolitikus célpontjainak szerkezetei. A NetCorona 1.0 webszerver segítségével azonosított hasadási helyek pirossal vannak kiemelve. A hasadási helyek P1 Gln-maradványait pálcikák ábrázolják és a nyilak mutatják.



Referencia: Miltner, N., Kalló, G., **Csősz, É.**, Miczi, M., Nagy, T., Mahdi, M., Mótyán, J.A., **Tózsér, J.**, 2023. Identification of SARS-CoV-2 Main Protease (Mpro) Cleavage Sites Using Two-Dimensional Electrophoresis and In Silico Cleavage Site Prediction. *Int J Mol Sci* 24, 3236. <https://doi.org/10.3390/ijms24043236>

2. A venezuelai ló-encephalitis vírus (VEEV) nsP2 cisztein-proteázának öngátolt állapota: kristallográfiai és molekuladinamikai elemzés.

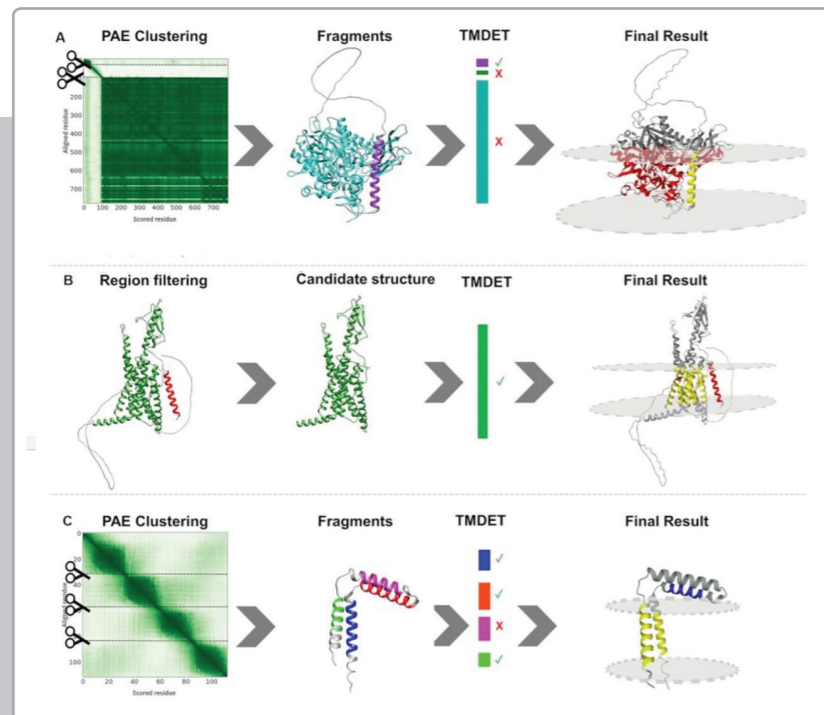
A venezuelai ló encephalitis vírus nsP2 proteolitikus enzimjének szerkezeti analízise rámutatott, hogy a vad típusú proteáz esetében is számolni kell inaktív konformációjú forma megjelenésével.

Referencia: Hoffka, G., Lountos, G.T., Needle, D., Wlodawer, A., Waugh, D.S., **Tózsér, J.**, Mótyán, J.A., 2023. Self-inhibited State of Venezuelan Equine Encephalitis Virus (VEEV) nsP2 Cysteine Protease: A Crystallographic and Molecular Dynamics Analysis. *J Mol Biol* 435, 168012. <https://doi.org/10.1016/j.jmb.2023.168012>

TmAlphaFold adatbázis: AlphaFold2 prediktált alfa-hélix transzmembrán fehérje struktúrák membrán lokalizációja és értékelése

Az AlphaFold2 (AF2) mesterséges intelligencia által vezérelt fehérjeszerkezet-modellező alkalmazás új határokat nyitott a strukturális biológia szinte valamennyi területe előtt. Egy új adatbázisban, a Transmembrane AlphaFold adatbázisban (TmAlphaFold adatbázis) a TMDet-et, egy egyszerű geometria-alapú módszert alkalmazták a membránsík legvalószínűbb helyzetének meghatározására az AF2 szerkezeteket felhasználva. Az eljárás alkalmazása számos olyan paramétert eredményezett, amelyek alkalmasak a fehérje membránban való elhelyezkedésének értékeléséhez. A TmAlphaFold adatbázis azt is megadja, hogy a megjósolt 3D szerkezet reális-e vagy sem.

Kép: Balról jobbra: A szerkezetet a Predicted Alignment Error mátrix alapján potenciális tartományokra szeleteltük; A szerkezet három töredékre esett szét: 2 domén (lila és ciánkék) és egy rugalmas linker (zöld).



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

14. ÉVES ELIXIR KONFERENCIÁK

14.1. ELIXIR TAVASZI BIOINFORMATIKAI KONFERENCIA

Az ELIXIR Magyarország minden évben tavasszal tartja az éves **ELIXIR Bioinformatikai Konferenciáját** a Természettudományi Kutatóközpont előadójában.



A konferencián idén összesen 92 bioinformatikával foglalkozó kutató és PhD hallgató vett részt, akik öt szekción belül (**omika, molekuláris biológia és biokémia, program/algorithm/software bemutató, mesterséges intelligencia és adatbázis bemutató**) összesen 21 előadást tartottak.

A legfontosabb bemutatott témakörök az **újgenerációs szekvenálás és bioinformatikai algoritmusok alkalmazása, onkológiai biomarkerek szerepe, és molekuláris hálózatok szerepe az elhízás és cukorbetegség kutatásában** témák köré csoportosultak. Ezek mellett több adatbázis és software is bemutatásra került: biomarkerek azonosítására alkalmas webes eszköz, többszörös hipotézis teszt korrekciója, valamint a rendezetlen fehérjékben található rákos mutációk vizsgálatát lehetővé tevő programok.

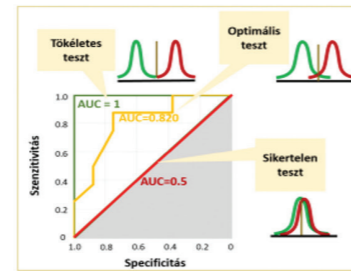
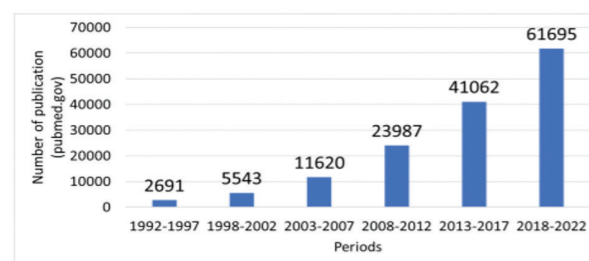
Végül szó volt a **mesterséges intelligencia** alkalmazásáról az orvosbiológiai kutatásokban, a víruskutatásban, a genomikai modellekben és a természetvédelemben is.





ROC elemzés

- Diagnosztikai tesztek hatékonyságának mérése (vágópont meghatározás)
- MI algoritmusok pontosságának számszerűsítése



14.2. ALL HANDS KONFERENCIA

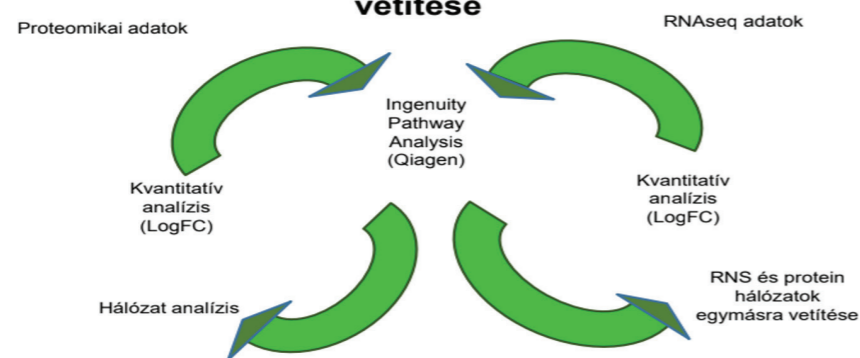
Az ELIXIR All Hands találkozó egy évente megrendezésre kerülő esemény, amely összehozza az ELIXIR tagjait, hogy megosszák egymással az aktualitásokat, új terveket dolgozzanak ki és megerősítsék a személyes kapcsolatokat. Két évnyi virtuális esemény után, a 2023-as ELIXIR All Hands konferencia üdítő visszatérésnek bizonyult a személyes konferenciákhoz. A 2023-as All Hands konferencián a csomópontokból összesen 382 résztvevő regisztrált a találkozóra. Az ELIXIR Magyarországot Dr. Barta Endre (Debreceni Egyetem) technikai koordinátor képviselte. Az előadásokat két nagy presztízsű előadó nyitotta: elsőként Marialuisa Lavitrano, a University of Milano-Bicocca professzora a „Mi a nyílt tudomány és EOSC?” címmel, majd Gerrit A. Meijer, a Holland Rákkutató Intézet kutatási és innovációs igazgatója tartott előadást „Adatvezérelt egészségügy” címmel.



A négy napon keresztül zajló ELIXIR All Hands konferencia építette a közösségi kapcsolatokat a műhelymunkák, plenáris ülések, workshopok és miniszimpóziumok változatos programja révén, melyek az ELIXIR tevékenységének különböző területeit mutatták be. Továbbá a résztvevőknek alkalmuk nyílt arra, hogy új kapcsolatokat alakítsanak ki vagy elmélyítsék a meglévő kapcsolataikat, valamint mindenkinek lehetőséget biztosított arra, hogy megossza a munkáját, ötleteit és eredményeit.



Proteomikai és transzkriptomikai adatok együttes elemzése, a hálózatok egymásra vetítése



Állatorvostudományi Egyetem Budapest

Dr. Solymosi Norbert

Állatorvostudományi Kutatóintézet

Prof. Dr. Harrach Balázs

Debreceni Egyetem

Prof. Dr. Tózsér József

Prof. Dr. Barta Zoltán

Prof. Dr. Csősz Éva

Eötvös Loránd Tudományegyetem

Prof. Dr. Csabai István

Dr. Dosztányi Zsuzsanna

Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem

Dr. Barta Endre

Országos Onkológiai Intézet

Dr. Kenessey István

Ökológiai Kutatóközpont

Dr. Garamszegi László Zsolt

Pázmány Péter Katolikus Egyetem

Dr. Gáspári Zoltán

Pécsi Tudományegyetem

Dr. Gyenesei Attila

Rényi Alfréd Matematikai Kutatóintézet

Dr. Miklós Dezső

Semmelweis Egyetem

Prof. Dr. Bödör Csaba

Prof. Dr. Bagdy György

Dr. Fekete János Tibor

Szegedi Biológiai Kutatóközpont

Prof. Dr. Horváth Péter

Szegedi Tudományegyetem

Prof. Dr. Széll Márta

Természettudományi Kutatóközpont (TTK)

Prof. Dr. Gyórfy Balázs

**Nemzeti Kutatási, Fejlesztési
és Innovációs Hivatal**

Dr. Horváth Kára

Prof. Dr. Gyórfy Balázs

ELIXIR konzorciumvezető

Természettudományi Kutatóközpont

1117 Budapest, Magyar tudósok krt. 2.

Email: gyorffy.balazs@ttk.hu**Lakatos Viktória**

ELIXIR titkár

Természettudományi Kutatóközpont

1117 Budapest, Magyar tudósok krt. 2.

Email: lakatos.viktoria@ttk.hu

Tel: +36 1 3826-745



Kiadja: ELIXIR Magyarország
Felelős kiadó: Prof. Dr. Gyórfy Balázs
Felelős szerkesztő: Lakatos Viktória
Tördelőszerkesztő: Müller Katalin

2023. szeptember

<http://www.bioinformatics.hu>



<http://www.bioinformatics.hu>