

CURRICULUM VITAE

Név: Dr Gyórfy Balázs
Telefon: +36 30 514 2822
E-mail: zsalab2@yahoo.com
Szül. idő: 1974. Szeptember 14.
Szül. Hely: Budapest
Nyelvek: Német, angol, magyar

Scientometriai adatok:

Összes IF (peer reviewed) 571,3
Összes idézettség (Google tudós): 3'169
Összes idézettség (MTMT): 2'934
Független idézettség (MTMT): 2'561
H-index: 30

Pozíció:

- **Jelenlegi pozíció:**
 - Lendület kutatócsoport vezető, MTA TTK Lendület Onkológiai Biomarker Kutatócsoport, 2014.VII.1. óta
 - Tudományos főmunkatárs (részmunkaidőben), II. Gyermekgyógyászati Klinika, Semmelweis Egyetem, 2015.I.1. óta.
- **OTKA posztdoktori ösztöndíjas**, SE I. Gyermekgyógyászati Klinika, 2011-2014.
- **Tudományos főmunkatárs**, Magyar Tudományos Akadémia és Semmelweis Egyetem közös kutatócsoportja, Semmelweis Egyetem I. Gyermekklinika, 2007-2010.
- **HAESF Senior Leaders Fellowship**, Children's Hospital Informatics Program, Harvard Medical School, Boston, Massachusetts, USA, 2008.
- **Magyar Zoltán posztdoktori ösztöndíjas**, Semmelweis Egyetem I. Gyermekgyógyászati Klinika, *téma:* Új módszerek fejlesztése a malignus gastrointestinalis és tüdődaganatok kemoterápiára adott válaszánaak előrejelzésére, 2006. IX. – 2007. VIII.
- Kutatóorvos, **Szentágothai János Tudásközpont, Semmelweis Egyetem Budapest**, 2005. V. – 2006. VIII.
- Kutatóorvos, **Semmelweis Egyetem, 2. Belgyógyászati Klinika**, 2005. I – IV.
- **Stiferverband für die deutsche Wissenschaft ösztöndíjasa**, Pathológia Intézet, Charité, Universitätsmedizin Berlin, Németország, *téma:* Szignáltranszdukciós utak által szabályozott gének vizsgálata metilációs- és génexpressziós array rendszerekkel, 2004. IX – XII.
- **Marie-Curie posztdoktori ösztöndíjas (Európai Unió):** Pathológia Intézet, Charité, Universitätsmedizin Berlin, Németország, *téma:* Diagnosztikus DNS chip fejlesztése a rák kemoterápiára adott válaszreakciójának az előrejelzésére, 2002. IX. – 2004. VIII.

- **Egyetemi ösztöndíjas kutató**, Ruprecht-Karls University of Heidelberg, Németország, 1998.X.-1999.VII.

Tanulmányok:

- **Semmelweis Egyetem Egészségügyi Menedzser MSc Program**, 2009-2011, szakdolgozat címe: "Új diagnosztikai eszköz az onkológiai terápia hatásosságának előrejelzésére", diploma száma: M-2/2011, dátuma: 2011.11.17., minősítése: „kiváló”.
- **Semmelweis Egyetem Doktori Iskola**, Budapest, 2000-2005, PhD tézisek: “A D-vitamin receptor génpolimorfizmusainak jelentősége krónikus betegségek kialakulásában” Diploma száma: 802/2005. dátuma: 2005.11.05, minősítése: „Summa cum laude”.
- **Semmelweis Egyetem (SOTE), Általános Orvostudományi Kar**, Budapest, 1993-2000, Orvosi pecsétszám: A/59537. Diploma dátuma: 2000.09.23, száma: 121/2000.
- **Ruprecht-Karls University of Heidelberg, Németország, Általános Orvostudományi Kar**, WS-SS: 1998-1999

Tudományos cikkek (angol nyelvű):

1. *Harami-Papp H, Pongor LS, Munkácsy G, Horváth G, Nagy ÁM, Ambrus A, Hauser P, Szabó A, Tretter L, Gyórfy B. TP53 mutation hits energy metabolism and increases glycolysis in breast cancer. *Oncotarget*. 2016 Aug 25. doi: 10.18632/oncotarget.11594. [Epub ahead of print]
2. *Szász AM, Lániczky A, Nagy Á, Förster S, Hark K, Green JE, Boussioutas A, Busuttill R, Szabó A, Gyórfy B. Cross-validation of survival associated biomarkers in gastric cancer using transcriptomic data of 1,065 patients. *Oncotarget*. 2016 Jun 30. doi: 10.18632/oncotarget.10337. [Epub ahead of print]
3. *Gyórfy B, Bottai G, Fleischer T, Munkácsy G, Budczies J, Paladini L, Børresen-Dale AL, Kristensen VN, Santarpia L. Aberrant DNA methylation impacts gene expression and prognosis in breast cancer subtypes. **Int J Cancer**. 2016 Jan 1;138(1):87-97. doi: 10.1002/ijc.29684.
4. Xue X, Ramakrishnan SK, Weisz K, Triner D, Xie L, Attili D, Pant A, Gyórfy B, Zhan M, Carter-Su C, Hardiman KM, Wang TD, Dame MK, Varani J, Brenner D, Fearon ER, Shah YM. Iron Uptake via DMT1 Integrates Cell Cycle with JAK-STAT3 Signaling to Promote Colorectal Tumorigenesis. *Cell Metab*. 2016 Aug 17. pii:S1550-4131(16)30361-8. doi: 10.1016/j.cmet.2016.07.015. [Epub ahead of print]
5. Szász AM, Gyórfy B, Marko-Varga G. Cancer heterogeneity determined by functional proteomics. *Semin Cell Dev Biol*. 2016 Aug 26. pii:S1084-9521(16)30270-1. doi: 10.1016/j.semcdb.2016.08.026. [Epub ahead of print]
6. Kang MH, Jeong KJ, Kim WY, Lee HJ, Gong G, Suh N, Gyórfy B, Kim S, Jeong SY, Mills GB, Park YY. Musashi RNA-binding protein 2 regulates estrogen receptor 1 function in breast cancer. *Oncogene*. 2016 Sep 5. doi: 10.1038/onc.2016.327. [Epub ahead of print]

7. Santarpia L, Bottai G, Kelly CM, Gyórfy B, Székely B, Pusztai L. Deciphering and Targeting Oncogenic Mutations and Pathways in Breast Cancer. **Oncologist**. 2016 Jul 6. [Epub ahead of print]
8. Sadik H, Korangath P, Nguyen N, Gyórfy B, Kumar R, Hedayati M, Teo WW, Park S, Panday H, Gonzalez Munoz T, Menyhart O, Shah N, Pandita RK, Chang JC, DeWeese TL, Chang HY, Pandita TK, Sukumar S. HOXC10 expression supports the development of chemotherapy resistance by fine tuning DNA repair in breast cancer cells. **Cancer Res**. 2016 Jun 14. [Epub ahead of print]
9. Patel H, Abduljabbar R, Lai CF, Periyasamy M, Harrod A, Gemma C, Steel J, Patel N, Busonero C, Jerjees D, Remenyi J, Smith S, Gomm JJ, Magnani L, Gyorffy B, Jones JL, Fuller-Pace FV, Shousha S, Buluwela L, Rakha EA, Ellis IO, Coombes RC, Ali S. CDK7, cyclin H and MAT1 is elevated in breast cancer and is prognostic in estrogen receptor-positive breast cancer. **Clin Cancer Res**. 2016 Jun 14. [Epub ahead of print]
10. Szendrői A, Szász AM, Kardos M, Tőkés AM, Idan R, Szűcs M, Kulka J, Nyirády P, Szendrői M, Szállási Z, Gyórfy B, Tímár J. Opposite prognostic roles of HIF1 α and HIF2 α expressions in bone metastatic clear cell renal cell cancer. **Oncotarget**. 2016 May 27. [Epub ahead of print]
11. Hitti E, Bakheet T, Al-Souhibani N, Moghrabi W, Al-Yahya S, Al-Ghamdi M, Al-Saif M, Shoukri MM, Lánckzy A, Grépin R, Gyórfy B, Pagès G, Khabar KS. Systematic Analysis of AU-Rich Element Expression in Cancer Reveals Common Functional Clusters Regulated by Key RNA-Binding Proteins. **Cancer Res**. 2016 May 17. [Epub ahead of print]
12. Han Y, Lian S, Cui X, Meng K, Gyórfy B, Jin T, Huang D. Potential options for managing LOX+ ER- breast cancer patients. **Oncotarget**. 2016 Apr 28. [Epub ahead of print]
13. Rai R, Zhang F, Colavita K, Leu NA, Kurosaka S, Kumar A, Birnbaum MD, Gyórfy B, Dong DW, Shtutman M, Kashina A. Arginyltransferase suppresses cell tumorigenic potential and inversely correlates with metastases in human cancers. **Oncogene**. 2015 Dec 21. [Epub ahead of print]
14. Ágoston EI, Micsik T, Ács B, Fekete K, Hahn O, Baranyai Z, Dede K, Bodoky G, Bursics A, Kulka J, Krenács T, Gyórfy B, Harsányi L, Szász AM. In depth evaluation of the prognostic and predictive utility of PTEN immunohistochemistry in colorectal carcinomas: performance of three antibodies with emphasis on intracellular and intratumoral heterogeneity. **Diagn Pathol**. 2016 Jul 8;11(1):61. doi: 10.1186/s13000-016-0508-0.
15. Kulka J, Székely B, Lukács LV, Kiss O, Tőkés AM, Vincze E, Turányi E, Fillinger J, Hanzély Z, Arató G, Szendrői M, Gyórfy B, Szász AM. Comparison of Predictive Immunohistochemical Marker Expression of Primary Breast Cancer and Paired Distant Metastasis using Surgical Material: A Practice-Based Study. **J Histochem Cytochem**. 2016 Apr;64(4):256-67. doi: 10.1369/0022155416639013.
16. Xue X, Jungles K, Onder G, Samhoun J, Gyórfy B, Hardiman KM. HIF-3 α 1 promotes colorectal tumor cell growth by activation of JAK-STAT3 signaling. **Oncotarget**. 2016 Mar 8;7(10):11567-79. doi: 10.18632/oncotarget.7272.

17. Adams BD, Wali VB, Cheng CJ, Inukai S, Booth CJ, Agarwal S, Rimm DL, Gyórfy B, Santarpia L, Pusztai L, Saltzman WM, Slack FJ. miR-34a Silences c-SRC to Attenuate Tumor Growth in Triple-Negative Breast Cancer. **Cancer Res.** 2016 Feb 15;76(4):927-39. doi: 10.1158/0008-5472.CAN-15-2321.
18. Catalano S, Campana A, Giordano C, Gyórfy B, Tarallo R, Rinaldi A, Bruno G, Ferraro A, Romeo F, Lanzino M, Naro F, Bonofiglio D, Andò S, Barone I. Expression and Function of Phosphodiesterase Type 5 in Human Breast Cancer Cell Lines and Tissues: Implications for Targeted Therapy. **Clin Cancer Res.** 2016 May 1;22(9):2271-82. doi: 10.1158/1078-0432.CCR-15-1900.
19. Madaras L, Bálint N, Gyórfy B, Tökés AM, Barshack I, Yosepovich A, Friedman E, Paluch-Shimon S, Zippel D, Baghy K, Timár J, Kovalszky I, Kulka J, Szász AM. BRCA Mutation-Related and Claudin-Low Breast Cancer: Blood Relatives or Stepsisters. **Pathobiology.** 2016;83(1):1-12. doi: 10.1159/000439135.
20. Giordano C, Chemi F, Panza S, Barone I, Bonofiglio D, Lanzino M, Cordella A, Campana A, Hashim A, Rizza P, Leggio A, Gyórfy B, Simões BM, Clarke RB, Weisz A, Catalano S, Andò S. Leptin as a mediator of tumor-stromal interactions promotes breast cancer stem cell activity. **Oncotarget.** 2016 Jan 12;7(2):1262-75. doi: 10.18632/oncotarget.6014.
21. Gyórfy B, Stelnic-Klotz I, Sigler C, Kasack K, Redmer T, Qian Y, Schäfer R. Effects of RAL signal transduction in KRAS- and BRAF-mutated cells and prognostic potential of the RAL signature in colorectal cancer, **Oncotarget.** 2015 May 30;6(15):13334-46. PMID: 26033452.
22. Gyórfy B, Hatzis C, Sanft T, Hofstatter E, Aktas B, Pusztai L. Multigene prognostic tests in breast cancer: past, present, future. **Breast Cancer Res.** 2015 Dec;17(1):514. PubMed PMID: 25778354.
23. Gyórfy B, Karn T, Sztupinszki Z, Weltz B, Müller V, Pusztai L. Dynamic classification using case-specific training cohorts outperforms static gene expression signatures in breast cancer. **Int J Cancer.** 2015 May 1;136(9):2091-8. PMID: 25274406.
24. Pongor L, Kormos M, Hatzis C, Pusztai L, Szabó A, Gyórfy B. A genome-wide approach to link genotype to clinical outcome by utilizing next generation sequencing and gene chip data of 6,697 breast cancer patients. **Genome Med.** 2015 Oct 16;7(1):104. doi: 10.1186/s13073-015-0228-1. PubMed PMID: 26474971.
25. Menyhárt O, Santarpia L, Gyórfy B. A Comprehensive Outline of Trastuzumab Resistance Biomarkers in HER2 Overexpressing Breast Cancer. **Curr Cancer Drug Targets.** 2015;15(8):665-83. PubMed PMID: 26452383.
26. Ligeti B, Péntzváltó Z, Vera R, Pongor S, Gyórfy B. A network-based Target Overlap Score for characterizing Drug Combinations: High Correlation with Cancer Clinical Trial Results, **PLoS One.** 2015 Jun 5;10(6):e0129267. doi: 10.1371/journal.pone.0129267. eCollection 2015. PMID: 26047322.
27. Nguyen VT, Barozzi I, Faronato M, Lombardo Y, Steel JH, Patel N, Darbre P, Castellano L, Gyórfy B, Woodley L, Meira A, Patten DK, Vircillo V, Periyasamy M, Ali S, Frige G,

- Minucci S, Coombes RC, Magnani L. Differential epigenetic reprogramming in response to specific endocrine therapies promotes cholesterol biosynthesis and cellular invasion. **Nat Commun**. 2015 Nov 27;6:10044. doi: 10.1038/ncomms10044.
28. Moor AE, Anderle P, Cantù C, Rodriguez P, Wiedemann N, Baruthio F, Deka J, André S, Valenta T, Moor MB, Gyórrffy B, Barras D, Delorenzi M, Basler K, Aguet M. BCL9/9L- β -catenin Signaling is Associated With Poor Outcome in Colorectal Cancer. **EBioMedicine**. 2015 Oct 30;2(12):1932-43. doi: 10.1016/j.ebiom.2015.10.030.eCollection 2015 Dec.
29. Budczies J, Bockmayr M, Denkert C, Klauschen F, Lennerz JK, Gyórrffy B, Dietel M, Loibl S, Weichert W, Stenzinger A. Classical pathology and mutational load of breast cancer – integration of two worlds. **Journal of Pathology: Clinical Research**. 2015;1(4):225-238.
30. Peiris-Pagès M, Smith DL, Gyórrffy B, Sotgia F, Lisanti MP. Proteomic identification of prognostic tumour biomarkers, using chemotherapy-induced cancer-associated fibroblasts. **Aging** (Albany NY). 2015 Oct;7(10):816-38. PubMed PMID: 26539730.
31. Fan JB, Miyauchi-Ishida S, Arimoto K, Liu D, Yan M, Liu CW, Gyórrffy B, Zhang DE. Type I IFN induces protein ISGylation to enhance cytokine expression and augments colonic inflammation. **Proc Natl Acad Sci U S A**. 2015 Nov 17;112(46):14313-8. doi: 10.1073/pnas.1505690112. Epub 2015 Oct 29. PubMed PMID: 26515094.
32. Broude EV, Gyórrffy B, Chumanevich AA, Chen M, McDermott MS, Shtutman M, Catropo JF, Roninson IB. Expression of CDK8 and CDK8-interacting Genes as Potential Biomarkers in Breast Cancer. **Curr Cancer Drug Targets**. 2015;15(8):739-49. PubMed PMID: 26452386.
33. Zhang H, Ramakrishnan SK, Triner D, Centofanti B, Maitra D, Gyórrffy B, Sebolt-Leopold JS, Dame MK, Varani J, Brenner DE, Fearon ER, Omary MB, Shah YM. Tumor-selective proteotoxicity of verteporfin inhibits colon cancer progression independently of YAP1. **Sci Signal**. 2015 Oct 6;8(397):ra98. doi: 10.1126/scisignal.aac5418. PubMed PMID: 26443705.
34. Periyasamy M, Patel H, Lai CF, Nguyen VT, Nevedomskaya E, Harrod A, Russell R, Remenyi J, Ochocka AM, Thomas RS, Fuller-Pace F, Gyórrffy B, Caldas C, Navaratnam N, Carroll JS, Zwart W, Coombes RC, Magnani L, Buluwela L, Ali S. APOBEC3B-Mediated Cytidine Deamination Is Required for Estrogen Receptor Action in Breast Cancer. **Cell Rep**. 2015 Oct 6;13(1):108-21. doi: 10.1016/j.celrep.2015.08.066. Epub 2015 Sep 24. PubMed PMID: 26411678.
35. Magnani L, Patten DK, Nguyen VT, Hong SP, Steel JH, Patel N, Lombardo Y, Faronato M, Gomes AR, Woodley L, Page K, Guttery D, Primrose L, Fernandez Garcia D, Shaw J, Viola P, Green A, Nolan C, Ellis IO, Rakha EA, Shousha S, Lam EW, Gyórrffy B, Lupien M, Coombes RC. The pioneer factor PBX1 is a novel driver of metastatic progression in ER α -positive breast cancer. **Oncotarget**. 2015 Sep 8;6(26):21878-91. PubMed PMID: 26215677.
36. Jin K, Park S, Teo WW, Korangath P, Cho SS, Yoshida T, Gyórrffy B, Goswami CP, Nakshatri H, Cruz LA, Zhou W, Ji H, Su Y, Ekram M, Wu Z, Zhu T, Polyak K, Sukumar S. HOXB7 Is an ER α Cofactor in the Activation of HER2 and Multiple ER Target Genes Leading to Endocrine Resistance. **Cancer Discov**. 2015 Sep;5(9):944-59. doi: 10.1158/2159-8290.CD-15-0090. Epub 2015 Jul 15. PubMed PMID: 26180042;

37. Deng L, Gyórfy B, Na F, Chen B, Lan J, Xue J, Zhou L, Lu Y. Association of PDCD1 and CTLA-4 gene expression with clinicopathological factors and survival in non-small cell lung cancer: results from a large and pooled microarray database, **J Thorac Oncol** 2015 Jul;10(7):1020-6. PMID: 26134222.
38. Lan L, Holland JD, Qi J, Grosskopf S, Vogel R, Gyórfy B, Wulf-Goldenberg A, Birchmeier W. Shp2 signaling suppresses senescence in PyMT-induced mammary gland cancer in mice. **EMBO J**. 2015 Jun 3;34(11):1493-508. PMID: 25736378.
39. Grabner B, Schramek D, Mueller KM, Moll HP, Svinka J, Hoffmann T, Bauer E, Blaas L, Hruschka N, Zboray K, Stiedl P, Nivarthi H, Bogner E, Gruber W, Mohr T, Zwick RH, Kenner L, Poli V, Aberger F, Stoiber D, Egger G, Esterbauer H, Zuber J, Moriggl R, Eferl R, Gyórfy B, Penninger JM, Popper H, Casanova E. Disruption of STAT3 signalling promotes KRAS-induced lung tumorigenesis. **Nat Commun**. 2015 Mar 3;6:6285. PubMed PMID: 25734337.
40. Budczies J, Pfitzner BM, Gyórfy B, Winzer KJ, Radke C, Dietel M, Fiehn O, Denkert C. Glutamate enrichment as new diagnostic opportunity in breast cancer. **Int J Cancer**. 2015 Apr;136(7):1619-28. PMID: 25155347.
41. Labidi-Galy SI, Clauss A, Ng V, Duraisamy S, Elias KM, Piao HY, Bilal E, Davidowitz RA, Lu Y, Badalian-Very G, Gyórfy B, Kang UB, Ficarro S, Ganesan S, Mills GB, Marto JA, Drapkin R. Elafin drives poor outcome in high-grade serous ovarian cancers and basal-like breast tumors. **Oncogene**. 2015 Jan 15;34(3):373-83. PMID: 24469047.
42. Sängler N, Ruckhäberle E, Gyórfy B, Engels K, Heinrich T, Fehm T, Graf A, Holtrich U, Becker S, Karn T. Acid ceramidase is associated with an improved prognosis in both DCIS and invasive breast cancer. **Mol Oncol**. 2015 Jan;9(1):58-67. PMID: 25131496.
43. *Gyórfy B, Bottai G, Lehmann-Che J, Kéri G, Órfi L, Iwamoto T, Desmedt C, Bianchini G, Turner NC, de Thè' H, André F, Sotiriou C, Hortobagyi GN, Di Leo A, Pusztai L, Santarpia L. TP53 mutation-modulated genes predict the risk of tumor relapse and identify MPS1 as a potential therapeutic kinase in TP53-mutated breast cancers , **Mol Oncol**, 2014 May;8(3):508-19.
44. *Pénzváltó Z, Lánckzy A, Lénárt J, Meggyesházi N, Krenács T, Szoboszlai N, Denkert C, Pete I, Gyórfy B. MEK1 is associated with carboplatin resistance and is a prognostic biomarker in epithelial ovarian cancer. **BMC Cancer**. 2014 Nov 18;14:837.
45. *Pénzváltó Z, Surowiak P, Gyórfy B. Biomarkers for Systemic Therapy in Ovarian Cancer, **Curr Cancer Drug Targets**, 2014 Mar;14(3):259-73
46. Nguyen NT, Vendrell JA, Poulard C, Gyórfy B, Goddard-Léon S, Biècheg I, Corbo L, Le Romancer M, Bachelot T, Treilleux I, Cohen PA. A functional interplay between ZNF217 and Estrogen Receptor alpha exists in luminal breast cancers, **Mol Oncol** 2014 Dec;8(8):1441-57.
47. Teleki I, Szász AM, Maros ME, Gyórfy B, Kulka J, Meggyeshazi N, Kiszner G, Balla P, Samu A, Krenács T. Correlations of differentially expressed gap junction connexins Cx26,

- Cx30, Cx32, Cx43 and Cx46 with breast cancer progression and prognosis. **PLoS One**. 2014 Nov 10;9(11):e112541. doi: 10.1371/journal.pone.0112541.
48. Petrič I, Oláh B, Gyórrffy B, Pongor S. Biomedical Hypothesis Generation by Text Mining and Gene Prioritization. **Protein & Peptide Letters**, 2014;21(8):847-57.
49. Shi W, Balazs B, Qi Y, Gyórrffy B, Wang B, Liu CG, Shiang CY, Valero V, Moulder-Thompson S, Avritscher R, Powis G, Hortobagyi GN, Natowicz R, Weinstein J, Symmans WF, Pusztai L. Combined analysis of gene expression, DNA copy number and mutation profiling data to display biological process anomalies in individual cancers. **Breast Cancer Res Treat**, 2014 Apr;144(3):561-8.
50. Sánchez-Tilló E, Fanlo L, Siles L, Montes-Moreno S, Moros A, Chiva-Blanch G, Estruch R, Martínez A, Colomer D, Gyórrffy B, Roué G, Postigo A. The EMT activator ZEB1 promotes tumor growth and determines differential response to chemotherapy in mantle cell lymphoma. **Cell Death Differ**. 2014 Feb;21(2):247-57.
51. Gyórrffy A, Kormos M, Bartha L, Szabó A, Gyórrffy B, Budczies J, Vásárhelyi B. Validation of biomarkers in gene expression datasets of inflammatory bowel disease: IL13RA2, PTGS2 and WNT5A as predictors of responsiveness to infliximab therapy **J Proteomics Bioinform** 2014; 7(9):272-277.
52. *Gyórrffy B, Surowiak P, Budczies J, Lánczky A. Online survival analysis software to assess the prognostic value of biomarkers using transcriptomic data in non-small-cell lung cancer. **PLoS One**. 2013 Dec 18;8(12):e82241. doi: 10.1371/journal.pone.0082241. PubMed PMID: 24367507; PubMed Central PMCID: PMC3867325.
53. *Mihály Zs, Kormos M, Lánczky A, Dank M, Budczies J, Szász AM, Gyórrffy B. A meta-analysis of gene expression based biomarkers predicting outcome after tamoxifen treatment in breast cancer. **Breast Cancer Res Treat**, 2013 Jul;140(2):219-32. doi: 10.1007/s10549-013-2622-y.
54. *Pénzváltó Zs, Tegze B, Szász AM, Sztupinszki Zs, Likó I, Szendrői A, Schäfer R, Gyórrffy B. Identifying Resistance Mechanisms against five Tyrosine Kinase Inhibitors Targeting the ERBB/RAS Pathway in 45 Cancer Cell Lines. **PLoS One**, 2013;8(3):e59503. doi: 10.1371/journal.pone.0059503.
55. *Mihály Zs, Gyórrffy B. Improving Pathological Assessment of Breast Cancer by Employing Array-Based Transcriptome Analysis, **Microarrays** 2013, 2(3), 228-242; doi: 10.3390/microarrays2030228
56. Magnani L, Stoeck A, Zhang X, Lánczky A, Mirabella AC, Wang TL, Gyórrffy B, Lupien M. Genome-wide reprogramming of the chromatin landscape underlies endocrine therapy resistance in breast cancer. **Proc Natl Acad Sci U S A**. 2013 Apr 16;110(16):E1490-9. doi: 10.1073/pnas.1219992110
57. Staiger C, Cadot S, Gyórrffy B, Wessels LF, Klau GW. Current composite-feature classification methods do not outperform simple single-genes classifiers in breast cancer prognosis. **Front Genet**. 2013 Dec 23;4:289. doi: 10.3389/fgene.2013.00289. PubMed PMID: 24391662; PubMed Central PMCID: PMC3870302

58. Holland JD, Gyórrffy B, Vogel R, Eckert K, Valenti G, Fang L, Lohneis P, Elez Kurtaj S, Ziebold U, Birchmeier W. Combined Wnt/ β -Catenin, Met, and CXCL12/CXCR4 Signals Characterize Basal Breast Cancer and Predict Disease Outcome. **Cell Rep.** 2013 Dec 12;5(5):1214-27. doi: 10.1016/j.celrep.2013.11.001
59. Bockmayr M, Klauschen F, Gyórrffy B, Denkert C, Budczies J. New network topology approaches reveal differential correlation patterns in breast cancer. **BMC Syst Biol.** 2013 Aug 15;7:78. doi: 10.1186/1752-0509-7-78
60. Malek A, Gyórrffy B, Catapano CV, Schäfer R. Selection of optimal combinations of target genes for therapeutic multi-gene silencing based on miRNA co-regulation. **Cancer Gene Therapy**, 2013 May;20(5):326-9. doi: 10.1038/cgt.2013.20
61. Maciejczyk A, Szelachowska J, Czapiga B, Matkowski R, Halon A, Gyórrffy B, Surowiak P. Elevated BUBR1 Expression Is Associated with Poor Survival in Early Breast Cancer Patients--16 Years Follow-up Analysis. **J Histochem Cytochem.** 2013 May;61(5):330-9. doi: 10.1369/0022155413480148.
62. Szász AM, Eklund AC, Li Q, Sztupinszki Z, Tóké AM, Rowan A, Székely B, Kiss A, Szendrői M, Gyórrffy B, Szállási Z, Swanton C, Kulka J. The CIN4 chromosomal instability qPCR classifier defines tumour aneuploidy and stratifies outcome in grade 2 breast cancer. **PLoS One**, 2013;8(2):e56707. doi: 10.1371/journal.pone.0056707.
63. Nagy GR, Gyórrffy B, Nagy B, Rigó J Jr. Lower risk for Down syndrome associated with longer oral contraceptive use: a case-control study of women of advanced maternal age presenting for prenatal diagnosis. **Contraception.** 2013 Apr;87(4):455-8. doi: 10.1016/j.contraception.2012.08.040.
64. Maciejczyk A, Lacko A, Ekiert M, Jagoda E, Wysocka T, Matkowski R, Halon A, Gyórrffy B, Lage H, Surowiak P. Elevated nuclear S100P expression is associated with poor survival in early breast cancer patients. **Histology and Histopathology**, 2013 Apr;28(4):513-24.
65. Mihály Z, Sztupinszki Z, Surowiak P, Gyórrffy B. A comprehensive overview of targeted therapy in metastatic renal cell carcinoma. **Curr Cancer Drug Targets.** 2012 Sep 1;12(7):857-72.
66. Gyórrffy B, Lánckzy A, Szállási Z. Implementing an online tool for genome-wide validation of survival-associated biomarkers in ovarian-cancer using microarray data of 1287 patients, **Endocrine-Related Cancer.** 2012 Apr 10;19(2):197-208.
67. Gyórrffy B, Benke Z, Lánckzy A, Balázs B, Szállási Z, Timár J, Schäfer R. RecurrenceOnline: an online analysis tool to determine breast cancer recurrence and hormone receptor status using microarray data, **Breast Cancer Res Treat**, 2012;132:1025–1034.
68. Fekete T, Rásó E, Pete I, Tegze B, Liko I, Munkácsy G, Sipos N, Rigó J, Gyórrffy B. Meta-analysis of gene expression profiles associated with histological classification and survival in 829 ovarian cancer samples. **Int J Cancer**, 2012 Jul 1;131(1):95-105. doi: 10.1002/ijc.26364.

69. Tegze B, Szállási Z, Haltrich I, Pénczvártó Z, Tóth Z, Likó I, Gyórfy B. Parallel Evolution under Chemotherapy Pressure in 29 Breast Cancer Cell Lines Results in Dissimilar Mechanisms of Resistance. **PLoS One**. 2012;7(2):e30804. Epub 2012 Feb 2.
70. Porter DC, Farmaki E, Altilia S, Schools GP, West DK, Chen M, Chang DB, Puzyrev AT, Lim C, Rokow-Kittell R, Friedhoff RT, Papavassiliou AG, Kalurupalle S, Hurteau G, Shi J, Baran PS, Gyórfy B, Wentland MP, Broude EV, Kiaris H, Roninson IB. CDK8 mediates chemotherapy-induced tumor-promoting paracrine activities. **Proc Natl Acad Sci U S A**. 2012 Aug 21;109(34):13799-804.
71. Budczies J, Klauschen F, Sinn BV, Gyórfy B, Schmitt WD, Darb-Esfahani S, Denkert C. Cutoff finder: a comprehensive and straightforward web application enabling rapid biomarker cutoff optimization. **PLoS One**. 2012;7(12):e51862. doi: 10.1371/journal.pone.0051862.
72. Budczies J, Denkert C, Müller BM, Brockmüller SF, Klauschen F, Gyórfy B, Dietel M, Richter-Ehrenstein C, Marten U, Salek RM, Griffin JL, Hilvo M, Orešič M, Wohlgemuth G, Fiehn O. Remodeling of central metabolism in invasive breast cancer compared to normal breast tissue - a GC-TOFMS based metabolomics study. **BMC Genomics**. 2012 Jul 23;13:334.
73. Halon A, Nowak-Markwitz E, Donizy P, Matkowski R, Maciejczyk A, Gansukh T, Gyórfy B, Spaczynski M, Zabel M, Lage H, Surowiak P. Enhanced Immunoreactivity of TIMP-2 in the Stromal Compartment of Tumor as a Marker of Favorable Prognosis in Ovarian Cancer Patients. **J Histochem Cytochem**. 2012 Jul;60(7):491-501.
74. Li Q, Birckbak NJ, Gyórfy B, Szallasi Z, Eklund AC. Jetset: selecting the optimal microarray probe set to represent a gene, **BMC Bioinformatics**, 2011 Dec 15;12:474.
75. Maciejczyk A, Jagoda E, Wysocka T, Matkowski R, Gyórfy B, Lage H, Surowiak P. ABC2 (MRP2, cMOAT) Localized in the Nuclear Envelope of Breast Carcinoma Cells Correlates with Poor Clinical Outcome. **Pathol Oncol Res**. 2012 Apr;18(2):331-42.
76. Szász AM, Németh Z, Gyórfy B, Micsinai M, Krenács T, Baranyai Z, Harsányi L, Kiss A, Schaff Z, Tóké AM, Kulka J. Identification of a claudin-4/E-cadherin score (CURIO) to predict prognosis in breast cancer. **Cancer Sci**. 2011 Dec;102(12):2248-2254.
77. Halon A, Nowak-Markwitz E, Maciejczyk A, Pudenko M, Gansukh T, Gyórfy B, Donizy P, Murawa D, Matkowski R, Spaczynski M, Lage H, Surowiak P. Loss of estrogen receptor beta expression correlates with shorter overall survival and lack of clinical response to chemotherapy in ovarian cancer patients. **Anticancer Res**. 2011 Feb;31(2):711-8.
78. Gyórfy B, Schäfer R. Biomarkers Downstream of RAS: A Search for Robust Transcriptional Targets. **Curr Cancer Drug Targets**. 2010 Dec 1;10(8):858-68.
79. Gyórfy B, Lanczky A, Eklund AC, Denkert C, Budczies J, Li Q, Szallasi Z. An online survival analysis tool to rapidly assess the effect of 22,277 genes on breast cancer prognosis using microarray data of 1809 patients, **Breast Cancer Res Treatment**, 2010 Oct;123(3):725-31.
80. Tchernitsa O, Kasajima A, Schäfer R, Kuban RJ, Ungethüm U, Gyórfy B, Neumann U, Simon E, Weichert W, Ebert MP, Röcken C. Systematic evaluation of the miRNA-ome and its downstream effects on mRNA expression identifies gastric cancer progression. **J Pathol**. 2010 Nov;222(3):310-9.

81. Swanton C, Larkin JM, Gerlinger M, Eklund AC, Howell M, Stamp G, Downward J, Gore M, Futreal PA, Escudier B, Andre F, Albiges L, Beuselinck B, Oudard S, Hoffmann J, Gyórrffy B, Torrance C, Boehme KA, Volkmer H, Toschi L, Nicke B, Beck M, Szallasi Z. Predictive biomarker discovery through the parallel integration of clinical trial and functional genomics datasets. **Genome Med.** 2010 Aug 11;2(8):53.
82. Tímár J, Gyórrffy B, Rásó E. Gene signature of the metastatic potential of cutaneous melanoma: too much for too little? **Clin Exp Metastasis.** 2010 Aug;27(6):371-87.
83. Darb-Esfahani S, Sinn BV, Weichert W, Budczies J, Lehmann A, Noske A, Buckendahl AC, Müller BM, Sehouli J, Koensgen D, Gyórrffy B, Dietel M, Denkert C. Expression of classical NF-kappaB pathway effectors in human ovarian carcinoma. **Histopathology.** 2010 May;56(6):727-39.
84. Munkácsy G, Abdul-Ghani R, Mihály Z, Tegze B, Tchernitsa O, Surowiak P, Schäfer R, Gyórrffy B. PSMB7 is associated with anthracycline resistance and is a prognostic biomarker in breast cancer, **Br J Cancer.** 2010 Jan 19;102(2):361-8.
85. Gyórrffy B, Schafer R. Meta-analysis of gene expression profiles related to relapse-free survival in 1079 breast cancer patients, **Breast Cancer Res Treatment,** 2009 Dec;118(3):433-41.
86. Gyórrffy B, Molnar B, Lage H, Szallasi Z, Eklund A. Evaluation of Microarray Preprocessing Algorithms Based on Concordance with RT-PCR in Clinical Samples, **PLoS One,** 2009 May 21;4(5):e5645.
87. Denkert C, Budczies J, Darb-Esfahani S, Gyórrffy B, Sehouli J, Könsgen D, Zeillinger R, Weichert W, Noske A, Buckendahl AC, Müller BM, Dietel M, Lage H. A prognostic gene expression index in ovarian cancer-validation across different independent data sets. **J Pathol.** 2009 Jun;218(2):273-80.
88. Gyórrffy B, Dietel M, Fekete T, Lage H. A snap shot of microarray-generated gene expression signatures associated with ovarian carcinoma, **Int J Gynecol Cancer.** 2008 Nov-Dec;18(6):1215-33.
89. Gosepath EM, Eckstein N, Hamacher A, Servan K, Jonquieres G, Royer HD, Lage H, Gyórrffy B, Kassack MU. Acquired cisplatin resistance in the head-neck cancer cell line Cal27 is associated with decreased DKK1 expression and can partially be reversed by overexpression of DKK1. **Int J Cancer.** 2008 Nov 1;123(9):2013-9.
90. Gyórrffy B, Galamb O, Sipos F, Spisák S, Németh AM, Miheller P, Tulassay Z, Dinya E, Molnár B. Inflammation, adenoma and cancer: objective classification of colon biopsy specimens with gene expression signature **Dis Markers.** 2008;25(1):1-16.
91. Gyórrffy A, Baranyai Z, Cseh A, Munkácsy G, Jakab F, Tulassay Z, Gyórrffy B. Promoter analysis suggests the implication of NFkB/C-Rel transcription factors in biliary atresia **Hepatogastroenterology.** 2008 Jul-Aug;55(85):1189-92.
92. Galamb O, Gyórrffy B, Sipos F, Dinya E, Krenács T, Berczi L, Szőke D, Spisák S, Solymosi N, Németh AM, Juhász M, Molnár B, Tulassay Z. Helicobacter pylori and antrum erosion-specific gene expression patterns: the discriminative role of CXCL13 and VCAM1 transcripts. **Helicobacter.** 2008 Apr;13(2):112-26.

93. Szoke D, Gyórrffy A, Surowiak P, Tulassay Z, Dietel M, Gyórrffy B. Identification of consensus genes and key regulatory elements in 5-fluorouracil resistance in gastric and colon cancer. **Onkologie**. 2007 Sep;30(8-9):421-6.
94. Gyórrffy A, Surowiak P, Tulassay Z, Gyórrffy B. Highly expressed genes are associated with inverse antisense transcription in mouse. **J Genet**. 2007 Aug;86(2):103-9.
95. Schafer R, Tchernitsa OI, Gyórrffy B, Serra V, Abdul-Ghani R, Lund P, Sers C. Functional transcriptomics: an experimental basis for understanding the systems biology for cancer cells. **Adv Enzyme Regul**. 2007;47:41-62.
96. Gyórrffy B, Lage H. A Web-Based Data Warehouse on Gene Expression in Human Malignant Melanoma. **J Invest Dermatol**. 2007 Feb;127(2):394-9.
97. Gyórrffy A, Tulassay Z, Surowiak P, Gyórrffy B. Computational analysis reveals 43% antisense transcription in 1182 transcripts in mouse muscle, **DNA Sequence** 2006 Dec;17(6):422-30.
98. Nagy GR, Gyórrffy B, Galamb O, Molnar B, Nagy B, Papp Z. Use of routinely collected amniotic fluid for whole-genome expression analysis of polygenic disorders. **Clin Chem**. 2006 Nov;52(11):2013-20.
99. Surowiak P, Materna V, Gyórrffy B, Matkowski R, Wojnar A, Maciejczyk A, Paluchowski P, Dziegiel P, Pudelko M, Kornafel J, Dietel M, Kristiansen G, Zabel M, Lage H. Multivariate analysis of estrogen receptor alpha, pS2, metallothionein and CD24 expression in invasive breast cancers. **Brit J Cancer**, 2006 Aug 7;95(3):339-46.
100. Gyórrffy A, Vasarhelyi B, Szoke D, Dietel M, Tulassay T, Gyórrffy B. Comparative promoter analysis of doxorubicin resistance associated genes suggests e47 as a key regulatory element. **Anticancer Res**, 2006 Jul-Aug;26(4B):2971-6.
101. Surowiak P, Suchocki S, Gyórrffy B, Gansukh T, Wojnar A, Maciejczyk A, Pudelko M, Zabel M. Stromal myofibroblasts in breast cancer: relations between their occurrence, tumor grade and expression of some tumor markers. **Folia Histochem Cytobiol**, 2006;44(2):111-6.
102. Gyórrffy B, Serra V, Materna V, Schafer R, Dietel M, Schadendorf D, Lage H. Analysis of gene expression profiles in melanoma cells with acquired resistance against antineoplastic drugs. **Melanoma Res**. 2006 Apr;16(2):147-155.
103. Gyórrffy B, Surowiak P, Kiesslich O, Denkert C, Schafer R, Dietel M, Lage H. Gene expression profiling of 30 cancer cell lines predicts resistance towards 11 anticancer drugs at clinically achieved concentrations. **Int J Cancer**. 2006 Apr 1;118(7):1699-712.
104. Abdul-Ghani R, Serra V, Gyórrffy B, Jurchott K, Solf A, Dietel M, Schafer R. The PI3K inhibitor LY294002 blocks drug export from resistant colon carcinoma cells overexpressing MRP1. **Oncogene**. 2006 Mar 16;25(12):1743-52.
105. Vannay A, Vasarhelyi B, Kornyei M, Treszl A, Kozma G, Gyórrffy B, Tulassay T, Sulyok E. Single-nucleotide polymorphisms of VEGF gene are associated with risk of congenital valvuloseptal heart defects. **Am Heart J**. 2006 Apr;151(4):878-81.

106. Vasarhelyi B, Cseh A, Kocsis I, Treszl A, Gyórfy B, Rigo J Jr. Three mechanisms in the pathogenesis of pre-eclampsia suggested by over-represented transcription factor-binding sites detected with comparative promoter analysis. **Mol Hum Reprod.** 2006 Jan;12(1):31-4.
107. Gyórfy B, Serra V, Jürchott K, Abdul-Ghani R, Garber M, Stein U, Petersen I, Lage H, Dietel M, Schäfer R: Prediction of Doxorubicin Sensitivity in Breast Tumors Based on Gene Expression Profiles of Drug Resistant Cell Lines Correlates with Patient Survival, **Oncogene.** 2005;24(51):7542-51.
108. Gyórfy B, Surowiak P, Lage H: Application of Microarrays for the Prediction of Therapy Response in Breast Cancer, **Cancer Genomics and Proteomics**, 2005,2:255-264.
109. Surowiak P, Matkowski R, Materna V, Gyórfy B, Wojnar A, Pudielko M, Dziegiel P, Kornafel J, Zabel M. Elevated metallothionein (MT) expression in invasive ductal breast cancers predicts tamoxifen resistance. **Histol Histopathol.** 2005 Oct;20(4):1037-44.
110. Kocsis I, Vásárhelyi B, Gyórfy A, Gyórfy B: Reanalysis of genotype distributions published in Neurology between 1999 and 2002, **Neurology**, 2004 Jul 27;63(2):357-8.
111. Kocsis I, Gyórfy B, Vásárhelyi B: Examination of Hardy-Weinberg equilibrium in papers of Kidney International: an underused tool, **Kidney Int**, 2004 May;65(5):1956-1958.
112. Gyórfy B, Kocsis I, Vásárhelyi B: Missed calculations and new conclusions: re-calculation of genotype distribution data published in J Invest Dermatol, 1998-2003, **J Invest Dermatol**, 2004 Mar;122(3):644-6.
113. Gyórfy B, Kocsis I, Vásárhelyi B: Biallelic genotype distributions in papers published in Gut between 1998 and 2003: altered conclusions after re-calculating the Hardy-Weinberg equilibrium, **Gut**, 2004 Apr;53(4):614-5.
114. Németh É, Vásárhelyi B, Gyórfy B, Kocsis I: Prevalence of unreported skewness of genotype distributions in papers published in Critical Care Medicine between 1999 and 2003. **Crit Care Med**, 2004 Jun;32(6):1431-3.
115. Bardóczy Zs, Gyórfy B, Kocsis I, Vásárhelyi B: Re-calculated Hardy-Weinberg values in papers published in Atherosclerosis between 1995 and 2003. **Atherosclerosis** 2004 Mar;173(1):141-3.
116. Gyórfy B, Vásárhelyi B, Krikovszky D, Madácsy L, Tordai A, Tulassay T, Szabó A: Gender-specific association of vitamin D receptor polymorphism combinations with type 1 diabetes mellitus. **Eur J Endocrinol** 2002 Dec;147(6):803-8.

Tudományos cikkek (magyar nyelvű):

117. Mihály Zs, Gyórfy B. HER2 pozitív emlőtumorok célzott terápiájában alkalmazott szerek és a terápiás válasz előrejelzése. **Magy Onkol**, 2013 Jun;57(2):79-83.
118. Mihály Z, Gyórfy B. Next generation sequencing technologies (NGST) -- development and applications **Orv Hetil.** 2011 Jan 9;152(2):55-62.
119. Pénezváltó Z, Mihály Z, Gyórfy B. [Gene expression based multigene prognostic and predictive tests in breast cancer.] **Magy Onkol.** 2009 Dec;53(4):351-9.

120. Munkácsy G, Tulassay Z, Gyórfy B. RNA interference and its clinical applications. **Orv Hetil.** 2007 Nov 25;148(47):2235-40.
121. Gyórfy B, Rosivall L, Prohaszka Z, Falus A, Fust G, Munkacsy G, Tulassay T. The Danubian Biobank Initiative: synchronizing the biobanking activities of the Danube universities **Orv Hetil.** 2007 Oct 21;148(42):1999-2002.
122. Galamb O, Gyórfy B, Sipos F, Spisak S, Nemeth AM, Miheller P, Dinya E, Molnar B, Tulassay Z. Identification of colorectal cancer, adenoma, and inflammatory bowel disease specific gene expression patterns using whole genomic oligonucleotide microarray system. **Orv Hetil.** 2007 Nov 4;148(44):2067-79.
123. Vasarhelyi B, Bencsik P, Szmolenszky A, Molnar MJ, Gyórfy B, Kosztolanyi G, Tulassay T, Falus A. Internet-based biobank-registers in Hungary, **Orv Hetil.** 2007 May 20;148(20):939-43.
124. Tegze B, Tulassay Z, Gyórfy B. Chemotherapy agents, response rates and mechanisms of resistance in the therapy of the colorectal carcinoma **Magy Onkol.** 2006;50(4):315-23.
125. Gyórfy A, Makai D, Gyórfy B, Harsanyi G, Tulassay Z. Microelectrodes and their application in diagnostic medicine **Orv Hetil.** 2006 Sep 3;147(35):1703-8.
126. Gyórfy A, Gyórfy B, Molnár B, Tulassay Zs: A hibridizáció és alkalmazása DNS array rendszerekben, **Orv Hetil.** 2005;146(27):1447-52.
127. Gyórfy B, Gyórfy A, Tulassay Zs: A “multiple testing” problémája és a genomialis kísérletekre alkalmazott megoldások, **Orv Hetil**, 2005;146(12):559-563.
128. Gyórfy B: Statisztikai módszerek nagyfelbontású array rendszerek kiértékelésére, **Klin Kísérlet Lab Med**, 2003;30(4):135-139.
129. Gyórfy B, Szabó A, Vásárhelyi B:A D-vitamin receptor genetikai polimorfizmusok populációgenetikai összefüggései klinikai kórállapotokkal. **Orv Hetil**, 2003, 144(41):2011-2015.

Könyvfejezetek:

130. Tímár J, Barbai T, Gyórfy B, Rásó E. Understanding Melanoma Progression by Gene Expression Signatures, **Cancer Genomics: Molecular Classification, Prognosis and Response Prediction**, DOI 10.1007/978-94-007-5842-1 2, *Springer Science + Business Media, Dordrecht*, 2013; 47-78, ISBN: 978-94-007-5841-4.
131. Fekete A, Szabó AJ, Bánki NF, Gyórfy B, Tulassay T, Vásárhelyi B. Pooling analysis of genetic data: heat shock protein HSPA1B (1267)G allele: a possible selection factor for civilization diseases?! **Heat Shock Proteins: New Research**, Nova Science Publishers, Inc. 2008
132. Gyórfy B. Resistance-Associated Signatures in Breast Cancer, **Targeted Therapies in Oncology, Recent Results in Cancer Research**, *Springer-Verlag Berlin Heidelberg*, 2007;176:37-50.

Vezetésével készült doktori értekezések:

1. **Dr. Pénczvártó Zsófia:** *Génexpresszió alapú prediktív biomarkerek a szolid tumorok szisztémás terápiájában*, Semmelweis Egyetem Patológiai Tudományok Doktori Iskola, 2015
2. **Dr. Tegze Bálint:** *A függetlenül kialakuló rezisztencia vizsgálata 29 kemorezisztens sejtvonalon*, Semmelweis Egyetem Patológiai Tudományok Doktori Iskola, 2013
3. **Dr. Fekete Tibor:** *Az petefészekdaganatok prognózisának előrejelzése microarray génexpressziós adatok felhasználásával*, Semmelweis Egyetem Patológiai Tudományok Doktori Iskola, 2013
4. **Dr. Munkácsy Gyöngyi:** *A PSMB7 gén mint prognosztikus marker az emlőrák terápiájában*, Semmelweis Egyetem Patológiai Tudományok Doktori Iskola, 2012
5. **Dr. Gyórfy András:** *Rendszerbiológia: génexpressziós mintázatok és a transzkripció szabályozása*, Semmelweis Egyetem Klinikai Orvostudományok Doktori Iskola, 2007

Vezetésével készült szakdolgozatok:

1. **Csonka Gábor:** *Összetett heterogenitásvizsgálat melanoma malignum esetén következő generációs szekvenálási adatok felhasználásával*, Pázmány Péter Katolikus Egyetem Információs Technológiai és Bionikai Kar, 2016.
2. **Homonnay Csilla:** *Célzott daganat-terápiás kezelésben alkalmazható új célgének vizsgálata tumor sejtkultúrákon*, Pázmány Péter Katolikus Egyetem Információs Technológiai és Bionikai Kar, 2016.
3. **Bartha Luca:** *Új génexpresszió alapú rezisztenciabiomarker azonosítása a HER2pozitív tumorok célzott terápiájában*, Semmelweis Egyetem Általános Orvostudományi Kar, 2016
4. **Lénárt Júlia:** *Rosszindulatú tumorok kemoterápiával szembeni rezisztencia kialakulásának vizsgálata sejtkultúrás modellben*, Semmelweis Egyetem Általános Orvostudományi Kar, 2015
5. **Kalmár Boglárka:** *Funkcionális vizsgálatok a párhuzamos evolúció sejtkultúrás modelljével*, Pázmány Péter Katolikus Egyetem Információs Technológiai és Bionikai Kar, 2014.
6. **Kormos Máté:** *Minőségellenőrzési funkciók fejlesztése gén chip adatokat használó, klinikai eredményt előrejelző online rendszerhez*, Pázmány Péter Katolikus Egyetem Információs Technológiai és Bionikai Kar, 2014.
7. **Bálint László:** *A HER2-ellenes terápia gyógyszereivel szembeni rezisztencia lehetséges biomarkereinek vizsgálata*, Pázmány Péter Katolikus Egyetem Információs Technológiai és Bionikai Kar, 2014.
8. **Kiss Ádám:** *Normál tüdőszövet öregedésének előrejelzése transzkriptom szintű adatok felhasználásával*, Pázmány Péter Katolikus Egyetem Információs Technológiai és Bionikai Kar, 2014.
9. **Sztupinszki Zsófia:** *Első díjas rektori pályázat szakdolgozatként elfogadva*, Semmelweis Egyetem Általános Orvostudományi Kar, 2013

10. **Weltz Boglárka:** *Osztályozó algoritmus fejlesztés emlőtumoros beteg túlélésének előrejelzésére*, Pázmány Péter Katolikus Egyetem Információs Technológiai Kar, 2012.
11. **Tilesch Eszter:** *Gének rendszerezése hierarchikus struktúrában biológiai funkció alapján*, Pázmány Péter Katolikus Egyetem Információs Technológiai és Bionikai Kar, 2012.
12. **Viktor Attila:** *Bioinformatikai módszer kidolgozása génszekvencia alapú orvosi osztályozó rendszerhez*, Pázmány Péter Katolikus Egyetem Információs Technológiai és Bionikai Kar, 2012.
13. **Kokas Márton:** *Tirozin kináz inhibitorok elleni rezisztencia mechanizmusok szolid tumorokban*, Semmelweis Egyetem Gyógyszerésztudományi Kar, 2012.
14. **Mihály Zsuzsanna:** *Elsőszerzős cikk szakdolgozatként elfogadva*, Semmelweis Egyetem Általános Orvostudományi Kar, 2012
15. **Balázs Bálint:** *Celmetrix: Comprehensive online pre-processing for microarray les*, Pázmány Péter Katolikus Egyetem Információs Technológiai és Bionikai Kar, 2011.
16. **Lánczky András:** *Ismeretlen eredetű tumorok osztályozása microarray adatok alapján klasszifikációs algoritmusok felhasználásával*, Pázmány Péter Katolikus Egyetem Információs Technológiai és Bionikai Kar, 2010.
17. **Benke Zsombor:** *Microarray alapú klasszifikációs algoritmus adaptálása emlőrákos páciensek relapszusmentes túlélésének előrejelzésére*, Pázmány Péter Katolikus Egyetem Információs Technológiai és Bionikai Kar, 2010.
18. **Pénzváltó Zsófia:** *Microarray alapú génexpressziós mintázatok alkalmazása sejtvonal-panelen a célzott terápiával szembeni rezisztencia előrejelzésére*, Eötvös Loránd Tudományegyetem Természettudományi Kar, 2010
19. **Tegze Bálint:** *Első díjas rektori pályázat szakdolgozatként elfogadva*, Semmelweis Egyetem Általános Orvostudományi Kar, 2008

Tudományos díjak:

- Huzella Tivadar díj, Semmelweis Egyetem, 2016
- Pro optimo merito in pancreatico-oncologia díj, Simor Pál Rákkutató Alapítvány, 2013
- Nancy Brinker Díj, Susan G. Komen Alapítvány, 2012
- Az év fiatal biostatistikusa, Klinikai Biostatistikai Társaság, 2011
- Junior Science Award, Hungarian Academy of Sciences, 2008
- Markusovszky Lajos Prize, Orvosi Hetilap Szerkesztőbizottsága, 2008, kapcsolódó közlemény: Galamb O, Gyorffy B, Sipos F, Spisak S, Nemeth AM, Miheller P, Dinya E, Molnar B, Tulassay Z. Orv Hetil. 2007 Nov 4;148(44):2067-79.
- Hungarian Oncology Association, Poster Prize, 2007
- Pro Optimo Merito in Pancreatico-Oncologia Ifjúsági Díj, Simor Pál Rákkutató Alapítvány, 2007
- Magyar Klinikai Onkológiai Társaság, Első helyezés, 2005
- Az év Nephrológiai Közleménye, Magyar Hipertónia Társaság, 2005, kapcsolódó közlemény: Kocsis I, Gyórfy B, Vásárhelyi B: Kidney Int, 2004 May;65(5):1956-1958.
- Magyar Endokrinológiai és Anyagcsere Társaság Ifjúsági különdíja, 2004, kapcsolódó közlemény: Gyórfy B, Vásárhelyi B, Krikovszky D, Madácsy L, Tordai A, Tulassay T, Szabó A: Eur J Endocrinol 2002, 147: 803- 808.

- McGill Journal of Medicine különdija: 1999, European Student's Conference, Berlin, Németország, Kapcsolódó közlemény: Gyórfy B, Toth J, El-Shakmak A, Szabó A: McGill J Med, 1999, 5(1): 42-45
- Semmelweis Egyetem TDK konferencia: első díj: 1997, rektori dicséret: 1997, 1998
- Rektori pályázat: első díj: 1997, *"The control of the Na⁺/K⁺ homeostasis in preterm infants"*, második díj: 1999, *"Parameters of the bone metabolism in children with renal impairment"*
- Köztársasági ösztöndíj: 1997-1998

Tudományos előadások (csak elsőszerzős):

1. Vitamin K: possible effects on the bone density in experimental renal failure. Vitamin K: effects on bone metabolism in experimental renal failure. ESC Kongresszus, Berlin, 1999.
2. Vitamin K: effects on bone metabolism in experimental renal failure. ERA-EDTA Kongresszus, Bécs, 2001.
3. Bone turnover: independent changes of PTH and bone remodelling markers in experimental renal failure. ERA-EDTA Kongresszus, Koppenhága, 2002.
4. Vitamin D receptor polymorphisms: effect on development of type I diabetes in Hungarian children, European Society for Pediatric Nephrology, Bilbao, 2002.
5. Parathyroid Function and Vitamin D Receptor Polymorphisms in Hemodialysed Uremic Patients, ERA-EDTA Kongresszus, Berlin, 2003.
6. Prediction of Chemosensitivity in Breast Tumors using Gene Expression Profiles, Deutsche Gesellschaft für Senologie, Freiburg, 2004.
7. Összehasonlító promotor elemzés négy transzkripciós faktor szerepét valószínűsíti gyomorrák 5-fluoruracil rezisztenciájában, Magyar Gasztroenterológiai Társaság, Budapest, 2005.
8. Resistance-Associated Gene Expression Signatures in Breast Cancer, Berliner Krebsgesellschaft, Berlin, 2005.
9. Transzkripció-regulációs hálózatok azonosítása, Budapest Technical University, Budapest, 2006.
10. Microarray mérések bioinformatikai kiértékelése, V. Magyar Sejtanalitikai Konferencia, Budapest, 2006.
11. Összehasonlító promotor elemzés az NFκB transzkripciós faktor szerepét valószínűsíti az adenoma és carcinoma közötti átmenetben, Magyar Gasztroenterológiai Társaság, Budapest, 2006.
12. NF Kappa B transcription factor represents a key element in a putative transcription regulatory network responsible for the transition between adenoma and carcinoma, DDW Kongresszus, Los Angeles, 2006.
13. Új módszerek fejlesztése a malignus gastrointestinalis daganatok kemoterápiára adott válaszreakciójának előrejelzésére, Magyar Klinikai Onkológiai Társaság Kongresszusa, 2006.
14. Comparison of gene expression signatures correlated with drug resistance and treatment identifies new genes associated with inefficient anthracycline therapy response, American Association for Cancer Research Annual Meeting, Los Angeles, 2007.
15. Antraciklin terápiás válasz: különböző génexpressziós mintázat korrelál terápiarezisztenciával és terápiás válasszal. Magyar Onkológusok Társasága, Budapest, 2007.

16. Prediction of Anthracycline-Resistance using Gene Expression Profiles: from Cell Culture Models to Prognostic Markers, Deutsche Gesellschaft für Senologie, Freiburg, 2007.
17. Evaluation of normalization algorithms using an extensive list of matched quantitative RT-PCR and clinical microarray based gene expression measurements, Cambridge Healthtech Institute Providence, Rhode Island, USA, 2008.
18. Evaluation of normalization algorithms using an extensive list of matched quantitative RT-PCR and clinical microarray based gene expression measurements, Select Biosciences, Lisszabon, 2008.
19. Probe-level expression pattern in melanoma metastases show increased number of predicted new splicing events compared to primary tumors, AEK Kongresszus, Berlin, 2009.
20. 22.284 gén emlőrák-prognózist befolyásoló képességének mérésére online Kaplan-Meier rajzoló fejlesztése, MOT Kongresszus, Budapest, 2009.
21. An online analysis tool to compute breast cancer recurrence score using microarray data, Humboldt Konferencia, Freiberg, 2010.
22. Developing a bioinformatic tool for the preliminary assesment of cancer biomarkers using publicly available microarray datasets, ESPCR Kongresszus, Pozsony, 2010.
23. Online diagnosztikai eszköz az emlőtumor kezelésében alkalmazott terápia hatásosságának előrejelzésére, Magyar Innovációs Techshow, Budapest, 2011.
24. Parallel development of 29 resistant breast cancer cell line derivatives show distinctive characteristics of resistance against 4 chemotherapy agents, Beatson Cancer Conference, Glasgow, 2011.
25. Az emlőtumor progressziójának és receptorstátuszának előrejelzése microarray adatok alapján 70. Magyar Patológus Kongresszus, Siófok, 2011.
26. Recurrenceonline: online diagnosztikai eszköz az emlőtumor progressziójának és receptorstátuszának előrejelzésére. MOT Kongresszus, Budapest, 2011.
27. Expanding an online tool for genome-Wide validation of Survival-associated biomarkers in breast and ovarian Cancer using microarray Data of 3,862 patients. CTRC-AACR San Antonio Breast Cancer Symposium, 2011.
28. Recurrenceonline: az emlőtumor mono- és multigénes biomarkereinek integrálása egy online elérhető diagnosztikai rendszerbe, MAGYOT kongresszus, Budapest, 2012
29. Extending an online tool for validation of survival-associated biomarkers in breast and ovarian cancer using large-scale microarray data, Pannon Pathology Congress, Siófok, 2012.
30. Online biomarker validation of survival-associated biomarkers in breast and ovarian cancer using microarray data of 3,862 patients, ASCO, Chicago, 2012.
31. Biomarker-validáció az emlőtumor molekuláris altípusaiban: chip alapú osztályozás szenzitivitása és specificitása 983 beteg adatai alapján. MHGT IX. Kongresszusa, Szeged, 2012.
32. Világhálón keresztüli emlődiagnosztika: a RecurrenceOnline független tesztelése 1.638 microarray minta felhasználásával, FIOSZ I. Kongresszusa, Budapest, 2012.
33. Génkópiaszám-variációk glioblasztómában és ezek összefüggése a várható túléléssel, MANOT Kongresszus, Siófok, 2012.
34. Világhálón keresztül elérhető orvosi bioinformatikai eszközök az onkológiában, Magyar Bioinformatikai Társaság Kongresszusa, Budapest, 2012.
35. Activation of specific genes in p53 mutant tumors correlates with shorter survival in breast cancer patients, MKOT Kongresszus, Budapest, 2012.
36. Enabling biomarker validation in breast cancer molecular subtypes: sensitivity and specificity of array-based subtype classification in 983 patients, CTRC-AACR San Antonio Breast Cancer Symposium, San Antonio, USA, 2012.

37. Independent validation of recurrence online using 1,638 breast cancer microarray samples, CTRC-AACR San Antonio Breast Cancer Symposium, San Antonio, USA, 2012.
38. Role of CDK8 gene complex in breast cancer progression and treatment outcome, AEK Cancer Congress, Heidelberg, Germany, 2013
39. An online tool for the validation of survival-predicting biomarkers in non small-cell lung cancer using microarray data of 1,329 patients, AACR Annual Meeting, Washington DC, USA, 2013
40. A tamoxifen kezelés utáni várható túlélés biomarkereinek metaanalízise transzkriptomikus adatok felhasználásával MAGYOT Kongresszus, Budapest, 2013
41. Combined use of estrogen receptor status and p53 mutation status regulated gene expression data to predict risk of relapse in neoadjuvant chemotherapy treated breast cancer patients, ESMO Congress, Amsterdam, Netherlands, 2013.
42. Online validation of survival-associated biomarkers in non-small-cell lung cancer using transcriptomic data of 1,715 patients, ESMO Congress, Amsterdam, Netherlands, 2013.
43. Classification using dynamic re-discovery of the strongest prognostic features in each analysis outperforms static gene expression signatures for prognostic prediction in breast cancer, CTRC-AACR San Antonio Breast Cancer Symposium, San Antonio, USA, 2013.
44. Determination of lymph node status using the primary tumor's gene expression signature, CTRC-AACR San Antonio Breast Cancer Symposium, San Antonio, USA, 2013.
45. The utilization of case-specific training cohorts in a dynamic classification of breast cancer patients outperforms static prognostic gene expression signatures, MOT Kongresszus, Pécs, 2013.
46. Utilization of case-specific training cohorts in a dynamic classification of breast cancer patients outperforms static prognostic gene expression signatures, Kyoto Breast Cancer Consensus Conference, Kyoto, Japan, 2014.
47. Application of a dynamic retraining for each patient using case-specific training cohorts to predict survival in breast cancer patients, ASCO Conference, Chicago, USA, 2014.
48. Inhibition of MEK1 increases carboplatin sensitivity in ovarian cancer. ASCO Conference, Chicago, USA, 2014.
49. Epigenetikai szabályozás által befolyásolt gének prognosztikai jelentősége emlőrákban, MHGT Konferencia, Budapest, 2014
50. Genotípus összekapcsolása klinikai kimenettel következő generációs szekvenálás és gén chipek felhasználásával, MKOT Konferencia, Budapest, 2014.
51. A large integrated-gene profiling analysis identifies prognostic microRNAs and correlated DNA repair genes in estrogen receptor positive and negative breast cancers, CTRC-AACR San Antonio Breast Cancer Symposium, San Antonio, USA, 2014.
52. Linking genotype to clinical outcome in breast cancer by combining NGS and gene chip data, CTRC-AACR San Antonio Breast Cancer Symposium, San Antonio, USA, 2014.
53. A genome-wide approach to link genotype to clinical outcome by utilizing next generation sequencing and gene chip data of breast cancer patients, Magyar Élettudományi Konferencia, Eger, 2015
54. A DUSP4 kapcsolata a HER2 ellenes terápiával szembeni rezisztenciával, MAGYOT Konferencia, Budapest, 2015
55. Dual-specificity phosphatases and resistance against anti-HER2 therapy in breast cancer, Straub napok, Szeged, 2015
56. A teljes túléléssel összefüggést mutató miRNS-ek azonosítása 1.849 emlőrákos minta gén chip adatai alapján, Magyar Szenológiai Társaság konferenciája, Hévíz, 2015

57. Combination of next generation sequencing and gene chip data to link survival and genotype in breast cancer, European Cancer Congress, Bécs, Ausztria, 2015
58. Aberrant DNA methylation impacts gene expression and prognosis in breast cancer subtypes, European Cancer Congress, Bécs, Ausztria, 2015
59. Validation of survival associated biomarkers in solid tumors using publicly available gene chip and next generation sequencing data, 20th World Congress on Advances in Oncology, Athén, Görögország, 2015
60. Computing offtarget-effect by cross-analysis of transcriptome-level data from 1,118 studies, Semmelweis Symposium, Budapest, 2015
61. Emlőrákos betegek várható túlélésének meghatározása mutációk génexpressziós ujjlenyomata alapján, Magyar Onkológusok XXXI. Kongresszusa, Budapest, 2015
62. Somatic mutation patterns differentially affect survival in breast cancer molecular subtypes, CTRC-AACR San Antonio Breast Cancer Symposium, San Antonio, USA, 2015.
63. DUSP4 is associated with increased resistance against anti-HER2 therapy in breast cancer, CTRC-AACR San Antonio Breast Cancer Symposium, San Antonio, USA, 2015.
64. Utilization of genome-level data to predict clinical outcome, Budapest Breast Think Tank, Budapest, 2016.
65. Prediktív és prognosztikus diagnosztika, Magyar Kórházzövetség XXVIII. kongresszusa, Siófok, 2016.
66. Developing an online tool to validate survival-associated miRNAs utilizing expression data from 2,061 breast cancer patients, AACR kongresszus, New Orleans, USA, 2016.
67. Colon cancer molecular subtypes: concordance, effect on survival and selection of most representative preclinical model, AACR kongresszus, New Orleans, USA, 2016.
68. Validation of survival-associated miRNAs by utilizing expression data of 1,053 human miRNAs from 2,060 breast cancer patients, Straub- napok, Szeged, 2016.
69. DNA hypermethylation drives immune escape through downregulation of antigen presentation genes in breast cancer, ASCO kongresszus, Chicago, USA, 2016.
70. Genomszintű adatok alkalmazása onkológiai betegek túlélésének, terápiás válaszána predikciójában, Magyar Személyre Szabott Medicina Társaság éves konferenciája, Herceghalom, 2016.
71. DNA hypermethylation pushes immune escape through downregulation of antigen presentation genes in breast cancer, Magyar Biokémiai Egyesület 2016. évi Vándorgyűlése, Szeged, 2016.

Meghívott előadások:

1. Genomszintű adatok alkalmazása onkológiai betegek túlélésének, terápiás válaszána predikciójában, meghívó: Dr. Molnár Mária Judit, **Magyar Személyre Szabott Medicina Társaság Konferenciája, Herceghalom, 2016**
1. Utilization of genome-level data to predict survival in solid tumors, meghívó: **Prof. Igor Roninson, University of South Carolina, Columbia, SC, USA, 2015**
2. Survival prediction for solid tumors, meghívó: **Prof. Pusztai Lajos, Yale Egyetem, New Haven, USA, 2015**

3. A genome-wide approach to link genotype to clinical outcome by utilizing next generation sequencing and gene chip data of breast cancer patients, meghívó: **Dr. Haracska Lajos, Magyar Élettudományi Konferencia, Eger, 2015**
4. Validation of survival associated biomarkers in solid tumors using publicly available gene chip and next generation sequencing data, meghívó: **Professor D.A. Spandidos, Athén, Görögország, 2015**
5. A genome-wide approach to link genotype to clinical outcome by utilizing next generation sequencing and gene chip data of breast cancer patients, Charité Berlin, meghívó: **prof. dr.rer.nat. Reinhold Schäfer, Berlin, Németország, 2015**
6. Linking genotype to clinical outcome in breast cancer by combining NGS and gene chip data, meghívó: **prof. dr. Saraswati Sukumar, Johns Hopkins, Baltimore, MD, USA, 2014**
7. Genom-szintű adatok integrálása rosszindulatú daganatos betegek túlélésének és terápiás válaszánaak előrejelzésére, meghívó: **Klinikai Biostatistikai Társaság, X. Biometriai Konferencia, Budapest, Magyarország, 2014**
8. Genomszintű adatok alkalmazása a rosszindulatú daganatos betegek túlélésének előrejelzésére, meghívó: **BME/ELTE/MTA konzorcium, Budapest, Magyarország, 2014**
9. Generate data – use the data, Charité Scientific Symposium, meghívó: **prof. dr. Christine Sers, Berlin, Németország, 2014**
10. Utilization of case - specific training cohorts in a dynamic classification of breast cancer patients outperforms static prognostic gene expression signatures, SABCS Satellite Event, meghívó: **dr. Steven Quay, National Reference Laboratory, San Antonio, USA, 2013**
11. Probe-level expression pattern in melanoma metastases show increased number of predicted new splicing events compared to primary tumors, meghívó: **AEK, Berlin, Németország, 2009**
12. Evaluation of normalization algorithms using an extensive list of matched quantitative RT-PCR and clinical microarray based gene expression measurements, meghívó: **Cambridge Healthtech Institute, Providence, Rhode Island, USA, 2008**
13. Evaluation of normalization algorithms using an extensive list of matched quantitative RT-PCR and clinical microarray based gene expression measurements, meghívó: **Select Biosciences, Lisszabon, Portugália, 2008**
14. Prediction of Anthracycline-Resistance using Gene Expression Profiles: from Cell Culture Models to Prognostic Markers, meghívó: **Deutsche Gesellschaft für Senologie, Freiburg, Németország, 2007**
15. Új módszerek fejlesztése a malignus gastrointestinalis daganatok kemoterápiára adott válaszreakciójának előrejelzésére, meghívó: **Magyar Klinikai Onkológiai Társaság, Budapest, Magyarország, 2006**

16. Bioinformatical evaluation of microarray results, meghívó: **V. Magyar Sejtanalitikai Konferencia, Budapest, Magyarország, 2006**
17. Identification of Transcription Regulatory Networks, meghívó: **Budapest Tech University Budapest, Magyarország, 2006**
18. Prediction of Chemosensitivity in Breast Tumors using Gene Expression Profiles, meghívó: **Deutsche Gesellschaft für Senologie, Freiburg, Németország, 2004**
19. Resistance-Associated Gene Expression Signatures in Breast Cancer, meghívó: **Berliner Krebsgesellschaft, Berlin, Németország, 2005**

Bírálati tevékenység

- **2006:** CMLS, MBR, Oncogene, OTKA, Pharamcogenomics
- **2008:** BMC Med Genomics, Cancer Lett, DARFÜ_TECH
- **2009:** BMC Cancer, CBB, DARFÜ_CCTHERAP, DARFÜ_CELLFOTO, DARFÜ_CYTOBEAM, Genome Med, Int J Cancer, OTKA
- **2010:** BMC Cancer, OTKA
- **2011:** BBA Cancer, JPBS, Paput PhD, POR (3x)
- **2012:** BMC MG, MZFK, OKTA, POR
- **2013:** BMC Medical Genomics, BMC Medicine, Brit J Cancer, Cancer Lett, Cell Death & Disease, Int J Cancer, POR (15x), World J Mta-Anal
- **2014:** BMC Genetics, BMC Med Genom (2x), BMC Medicine, Breast Cancer Res, Int J Cancer, Int J Breast Cancer, Mol Onc, OTKA (3x), PLoS One (3x), POR (10x), PPKE
- **2015:** AJBCR, BMC Cancer (2x), BMC Medicine, DCS, Oncotarget, OTKA K (2x), OTKA NN, OTKA PD (3x), POR (6x), Sci Rep, VKSZ-14 (4x)
- **2016:** GINOP (6x), Lendület, Oncotarget (2x), Scientific Reports (10x), POR (4x)