

Személyes adatok

Név Dr. Vaszkó Tibor
E-mail cím vaszko.tibor@mki.gov.hu

Munkahely

Foglalkozás / beosztás ügyvivő szakértő
Terület Archeogenetikai Kutatóközpont
Munkáltató Magyarságkutató Intézet

Felsőfokú tanulmányok

Időtartam 1995
Végzettség Gyógyszerész
Intézmény neve Semmelweis Orvostudományi Egyetem
Gyógyszerésztudományi Kar

Korábbi munkahelyek

2017-2023. június Bioinformatikus,
Országos Onkológiai Intézet, Pathogenetikai Osztály
2005-2017. Molekuláris genetikus
Országos Onkológiai Intézet, Molekuláris Genetikai Osztály
2001-2005. Fejlesztő gyógyszerész
BÉRES Gyógyszergyár Zrt., Budapest
1999-2001. Fejlesztő gyógyszerész,
Sanofi-Synthelabo Chinoin, Budapest
1995-1999. Fejlesztő gyógyszerész,
ICN Hungary, Tiszavasvári

Nyelvtudás

angol (nyelvvizsga: állami felsőfok, C típus)

Szakmai, kutatási tevékenység

a) Kutatási területek

Az Országos Onkológiai Intézetben végzett tevékenységek leírása:

- emlőrákra hajlamosító, BRCA1 és BRCA2 génekben előforduló csírvonalas variánsok azonosítását célzó módszerek adaptálása, beállítása (Molekuláris Genetikai Osztály)
 - denaturáló HPLC
 - újgenerációs szekvenálás

- BRCA1 és BRCA2 gének diagnosztikai vizsgálatának végrehajtása, az eredmények kiértékelése (Molekuláris Genetikai Osztály)
- emlő, hasnyálmirigy és prosztatata tumor-normál mintapárok teljes exom DNS szekvenálásának bioinformatikai kiértékelése (Pathogenetikai Osztály)
- SARS-CoV-2 elleni vakcinák által kiváltott celluláris immunválasz vizsgálatát célzó kísérletek tervezése (Pathogenetikai Osztály)
- SARS-CoV-2 elleni vakcinák által kiváltott humorális és celluláris immunválasz mérési eredményeinek informatikai és statisztikai értékelése (Pathogenetikai Osztály)

További érdeklődési kör:

- immunológia
- statisztika
- matematika

b, Publikációk

MTMT link:

<https://m2.mtmt.hu/gui2/?type=authors&mode=browse&sel=authors10084891>

Publikációk listája

[1]

A. Bozsik, T. Pócza, J. Papp, T. Vaszkó, H. Butz, A. Patócs, and E. Oláh, “Complex Characterization of Germline Large Genomic Rearrangements of the BRCA1 and BRCA2 Genes in High-Risk Breast Cancer Patients—Novel Variants from a Large National Center,” *INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES*, vol. 21, no. 13, 2020.

[2]

O. Csuka, Z. Doleschall, H. Engi, O. Szakács, T. Vaszkó, and J. Olasz, “Onkogenomikai vizsgálatok emlő-, pankreász- és prosztatadaganatokban,” *MAGYAR ONKOLÓGIA*, vol. 63, no. 1. Szupplementum, pp. 19–20, 2019.

[3]

J. Olasz, T. Vaszkó, Z. Doleschall, Z. Mátrai, and J. Szőke, “Tripla-negatív emlődaganatok genomikai analízise,” *MAGYAR ONKOLÓGIA*, vol. 63, no. 1. Szupplementum, pp. 53–54, 2019.

[4]

A. Bozsik, T. Pócza, J. Papp, T. Vaszkó, T. Gyuris, B. L. Bálint, and E. Oláh, “Génpanelek újgenerációs szekvenálásának (NGS) alkalmazásával kapott variánsok értékelésének problémái – lehetséges megoldások,” *MAGYAR ONKOLÓGIA*, vol. 61, no. 1. Szupplementum, pp. 12–12, 2017.

[5]

J. Lecarpentier, V. Silvestri, K. Kuchenbaecker, D. Barrowdale, J. Dennis, L. McGuffog, P. Soucy, G. Leslie, P. Rizzolo, A. Navazio, V. Valentini, V. Zelli, A. Lee, A. O. A. Amin, J. Tyrer, M. Southey, E. John, T. Conner, D. Goldgar, S. Buys, R. Janavicius, L. Steele, Y. Ding, S. Neuhausen, T. Hansen, A. Osorio, J. Weitzel, A. Toss, V. Medici, L. Cortesi, I. Zanna, D. Palli, P. Radice, S. Manoukian, B. Peissel, J. Azzollini, A. Viel, G. Cini, G. Damante, S. Tommasi, P. Peterlongo, F. Fostira, U. Hamann, D. Evans, A. Henderson, C. Brewer, D. Eccles, J. Cook, K. Ong, L. Walker, L. Side, M. Porteous, R. Davidson, S. Hodgson, D. Frost, J. Adlard, L. Izatt, R.

Eeles, S. Ellis, M. Tischkowitz, EMBRACE, A. Godwin, A. Meindl, A. Gehrig, B. Dworniczak, C. Sutter, C. Engel, D. Niederacher, D. Steinemann, E. Hahnen, J. Hauke, K. Rhiem, K. Kast, N. Arnold, N. Ditsch, S. Wang-Gohrke, B. Wappenschmidt, D. Wand, C. Lasset, D. Stoppa-Lyonnet, M. Belotti, F. Damiola, L. Barjhoux, S. Mazoyer, S. C. GEMO, H. M. Van, B. Poppe, K. De Leeneer, K. Claes, H. M. de la, V. Garcia-Barberan, T. Caldes, S. P. Perez, J. Kiiski, K. Aittomäki, S. Khan, H. Nevanlinna, C. van Asperen, HEBON, T. Vaszko, M. Kasler, E. Olah, J. Balmaña, S. Gutiérrez-Enríquez, O. Diez, A. Teulé, A. Izquierdo, E. Darder, J. Brunet, J. Del Valle, L. Feliubadalo, M. Pujana, C. Lazaro, A. Arason, B. Agnarsson, O. Johannsson, R. Barkardottir, E. Alducci, S. Tognazzo, M. Montagna, M. Teixeira, P. Pinto, A. Spurdle, H. Holland, I. KConFab, J. Lee, M. Lee, J. Lee, S. Kim, E. Kang, Z. Kim, P. Sharma, T. Rebbeck, J. Vijai, M. Robson, A. Lincoln, J. Musinsky, P. Gaddam, Y. Tan, A. Berger, C. Singer, J. Loud, M. Greene, A. Mulligan, G. Glendon, I. Andrulis, A. Toland, L. Senter, A. Bojesen, H. Nielsen, A. Skytte, L. Sunde, U. P. I. K. L. K. T. Jensen, M. Caligo, S. Yoon, S. Teo, A. von Wachenfeldt, D. Huo, S. Nielsen, O. Olopade, K. Nathanson, S. Domchek, C. Lorenchick, R. Jankowitz, I. Campbell, P. James, G. Mitchell, N. Orr, S. Park, M. Thomassen, K. Offit, F. Couch, J. Simard, D. Easton, G. Chenevix-Trench, R. Schmutzler, A. Antoniou, and L. Ottini, “Prediction of Breast and Prostate Cancer Risks in Male BRCA1 and BRCA2 Mutation Carriers Using Polygenic Risk Scores,” *JOURNAL OF CLINICAL ONCOLOGY*, vol. 35, no. 20, pp. 2240–2250, 2017.

[6]

B. A. P. J, V. T, P. T, G. T, B. BL, and O. E, “Deep resequencing of the regions assigned by GWAS reveals new candidate breast cancer susceptibility variants,” *EUROPEAN JOURNAL OF CANCER*, vol. 61, no. Suppl. 1., p. S25, 2016.

[7]

T. Pócza, A. Bozsik, J. Papp, T. Vaszkó, and E. Oláh, “Search for predisposing alleles in Hungarian non-BRCA breast and ovarian cancer families,” *EUROPEAN JOURNAL OF CANCER*, vol. 61, pp. S24–S25, 2016.

[8]

T. Vaszkó, J. Papp, C. Krausz, E. Casamonti, L. Géczi, and E. Olah, “Discrimination of Deletion and Duplication Subtypes of the Deleted in Azoospermia Gene Family in the Context of Frequent Interloci Gene Conversion,” *PLOS ONE*, vol. 11, no. 10, 2016.

[9]

A. Bozsik, J. Papp, T. Vaszkó, T. Gyuris, B. L. Bálint, and E. Oláh, “Új lehetséges hajlamosító gének szerepének felvetése örökletes emlőrákban a GWA tanulmányok által kijelölt kromoszómaregiók NGS szekvenálása alapján,” *MAGYAR ONKOLÓGIA*, vol. 59, no. 1. szupplementum, pp. 10–11, 2015.

[10]

K. Kuchenbaecker, S. Ramus, J. Tyrer, A. Lee, H. Shen, J. Beesley, K. Lawrenson, L. McGuffog, S. Healey, J. Lee, T. Spindler, Y. Lin, T. Pejovic, Y. Bean, Q. Li, S. Coetzee, D. Hazelett, A. Miron, M. Southey, M. Terry, D. Goldgar, S. Buys, R. Janavicius, C. Dorfling, E. van Rensburg, S. Neuhausen, Y. Ding, T. Hansen, L. Jønson, A. Gerdes, B. Ejertsen, D. Barrowdale, J. Dennis, J. Benitez, A. Osorio, M. Garcia, I. Komenaka, J. Weitzel, P. Ganschow, P. Peterlongo, L. Bernard, A. Viel, B. Bonanni, B. Peissel, S. Manoukian, P. Radice, L. Papi, L. Ottini, F. Fostira, I. Konstantopoulou, J. Garber, D. Frost, J. Perkins, R. Platte, S. Ellis, . EMBRACE, A. Godwin, R. Schmutzler, A. Meindl, C. Engel, C. Sutter, O. Sinilnikova, S. C. GEMO, F. Damiola, S. Mazoyer, D. Stoppa-Lyonnet, K. Claes, K. De Leeneer, J. Kirk, G. Rodriguez, M. Piedmonte, D. O’Malley, H. M. de la, T. Caldes, K. Aittomäki, H. Nevanlinna, J. Collée, M. Rookus, J. Oosterwijk, C. F. R. Breast, L. Tihomirova, N. Tung, U. Hamann, C. Isaccs, M. Tischkowitz, E. Imyanitov, M. Caligo, I. Campbell, F. Hogervorst, . HEBON, E. Olah, O. Diez, I. Blanco, J. Brunet, C. Lazaro, M. Pujana, A. Jakubowska, J. Gronwald, J. Lubinski, G. Sukiennicki, R. Barkardottir, M. Plante, J. Simard, P. Soucy, M. Montagna, S. Tognazzo, M. Teixeira, I.

KConFab, V. Pankratz, X. Wang, N. Lindor, C. Szabo, N. Kauff, J. Vijai, C. Aghajanian, G. Pfeiler, A. Berger, C. Singer, M. Tea, C. Phelan, M. Greene, P. Mai, G. Rennert, A. Mulligan, S. Tchatchou, I. Andrulis, G. Glendon, A. Toland, U. Jensen, T. Kruse, M. Thomassen, A. Bojesen, J. Zidan, E. Friedman, Y. Laitman, M. Soller, A. Liljegren, B. Arver, Z. Einbeigi, M. Stenmark-Askmal, O. Olopade, R. Nussbaum, T. Rebbeck, K. Nathanson, S. Domchek, K. Lu, B. Karlan, C. Walsh, J. Lester, C. S. (Ovarian C. I. Australian, O. C. S. G. Australian, A. Hein, A. Ekici, M. Beckmann, P. Fasching, D. Lambrechts, N. E. Van, I. Vergote, S. Lambrechts, E. Dicks, J. Doherty, K. Wicklund, M. Rossing, A. Rudolph, J. Chang-Claude, S. Wang-Gohrke, U. Eilber, K. Moysich, K. Odunsi, L. Sucheston, S. Lele, L. Wilkens, M. Goodman, P. Thompson, Y. Shvetsov, I. Runnebaum, M. Dürst, P. Hillemanns, T. Dörk, N. Antonenkova, N. Bogdanova, A. Leminen, L. Peltari, R. Butzow, F. Modugno, J. Kelley, R. Edwards, R. Ness, B. A. du, F. Heitz, I. Schwaab, P. Harter, K. Matsuo, S. Hosono, S. Orsulic, A. Jensen, S. Kjaer, E. Hogdall, H. Hasmad, M. Azmi, S. Teo, Y. Woo, B. Fridley, E. Goode, J. Cunningham, R. Vierkant, F. Bruinsma, G. Giles, D. Liang, M. Hildebrandt, X. Wu, D. Levine, M. Bisogna, A. Berchuck, E. Iversen, J. Schildkraut, P. Concannon, R. Weber, D. Cramer, K. Terry, E. Poole, S. Tworoger, E. Bandera, I. Orlow, S. Olson, C. Krakstad, H. Salvesen, I. Tangen, L. Bjorge, A. van Altena, K. Aben, L. Kiemeny, L. Massuger, M. Kellar, A. Brooks-Wilson, L. Kelemen, L. Cook, N. Le, C. Cybulski, H. Yang, J. Lissowska, L. Brinton, N. Wentzensen, C. Hogdall, L. Lundvall, L. Nedergaard, H. Baker, H. Song, D. Eccles, I. McNeish, J. Paul, K. Carty, N. Siddiqui, R. Glasspool, A. Whittemore, J. Rothstein, V. McGuire, W. Sieh, B. Ji, W. Zheng, X. Shu, Y. Gao, B. Rosen, H. Risch, J. McLaughlin, S. Narod, A. Monteiro, A. Chen, H. Lin, J. Permuth-Wey, T. Sellers, Y. Tsai, Z. Chen, A. Ziogas, H. Anton-Culver, A. Gentry-Maharaj, U. Menon, P. Harrington, A. Lee, A. Wu, C. Pearce, G. Coetzee, M. Pike, A. Dansonka-Mieszkowska, A. Timorek, I. Rzepecka, J. Kupryjanczyk, M. Freedman, H. Noushmehr, D. Easton, K. Offit, F. Couch, S. Gayther, P. Pharoah, A. Antoniou, G. Chenevix-Trench, C. of I. of M. of B. the, . BRCA2, J. Papp, T. Vaszkó, and T. Pócza, “Identification of six new susceptibility loci for invasive epithelial ovarian cancer,” *NATURE GENETICS*, vol. 47, no. 2, pp. 164–171, 2015.

[11]

J. Papp, T. Vaszkó, A. Bozsik, T. Pócza, T. Gyuris, B. L. Bálint, A. Gézsi, P. Antal, and E. Oláh, “BRCA1/2-mutációra negatív emlőrákos esetek újgenerációs szekvenálása az emlőrák kialakulására való örökletes hajlam génjeinek vizsgálatára,” *MAGYAR ONKOLÓGIA*, vol. 59, no. 5, pp. 53–53, 2015.

[12]

J. Papp, T. Vaszkó, T. Pócza, A. Bozsik, and E. Oláh, “A BRCA1/2 gének szerepe az örökletes emlőés petefészek-daganatok kialakulásában: BRCA-mutációk Magyarországon,” *MAGYAR ONKOLÓGIA*, vol. 59, no. 5, pp. 53–53, 2015.

[13]

T. Pócza, A. Bozsik, J. Papp, T. Vaszkó, and E. Oláh, “Kockázatnövelő allélok azonosítása újgenerációs szekvenálással daganathalmozódást mutató családokban,” *MAGYAR ONKOLÓGIA*, vol. 59, no. 5, pp. 55–56, 2015.

[14]

T. Vaszkó, J. Papp, T. Gyuris, B. L. Bálint, T. Pócza, A. Bozsik, and E. Oláh, “MikroRNS-régiókban azonosított variánsokból felépülő, emlőrákra hajlamosító mintázatok keresése,” *MAGYAR ONKOLÓGIA*, vol. 59, no. 5, pp. 76–76, 2015.

[15]

K. Kuchenbaecker, S. Neuhausen, M. Robson, D. Barrowdale, L. McGuffog, A. Mulligan, I. Andrulis, A. Spurdle, M. Schmidt, R. Schmutzler, C. Engel, B. Wappenschmidt, H. Nevanlinna, M. Thomassen, M. Southey, P. Radice, S. Ramus, S. Domchek, K. Nathanson, A. Lee, S. Healey, R. Nussbaum, T. Rebbeck, B. Arun, P. James, B. Karlan, J. Lester, I. Cass, C. F. R. Breast, M. Terry, M. Daly, D. Goldgar, S. Buys, R. Janavicius, L. Tihomirova, N. Tung, C. Dorfling, E. van

Rensburg, L. Steele, H. T. v O, B. Ejlersen, A. Gerdes, F. Nielsen, J. Dennis, J. Cunningham, S. Hart, S. Slager, A. Osorio, J. Benitez, M. Duran, J. Weitzel, I. Tafur, M. Hander, P. Peterlongo, S. Manoukian, B. Peissel, G. Roversi, G. Scuvera, B. Bonanni, P. Mariani, S. Volorio, R. Dolcetti, L. Varesco, L. Papi, M. Tibiletti, G. Giannini, F. Fostira, I. Konstantopoulou, J. Garber, U. Hamann, A. Donaldson, C. Brewer, C. Foo, D. Evans, D. Frost, D. Eccles, S. EMBRACE, F. Douglas, A. Brady, J. Cook, M. Tischkowitz, J. Adlard, J. Barwell, K. Ong, L. Walker, L. Izatt, L. Side, M. Kennedy, M. Rogers, M. Porteous, P. Morrison, R. Platte, R. Eeles, R. Davidson, S. Hodgson, S. Ellis, A. Godwin, K. Rhiem, A. Meindl, N. Ditsch, N. Arnold, H. Plendl, D. Niederacher, C. Sutter, D. Steinemann, N. Bogdanova-Markov, K. Kast, R. Varon-Mateeva, S. Wang-Gohrke, A. Gehrig, B. Markiefka, B. Buecher, C. Lefol, D. Stoppa-Lyonnet, E. Rouleau, F. Prieur, F. Damiola, S. C. GEMO, L. Barjhoux, L. Faivre, M. Longy, N. Sevenet, O. Sinilnikova, S. Mazoyer, V. Bonadona, V. Caux-Moncoutier, C. Isaacs, M. T. Van, K. Claes, M. Piedmonte, L. Andrews, J. Hays, G. Rodriguez, T. Caldes, H. M. de la, S. Khan, F. Hogervorst, C. Aalfs, J. de Lange, H. Meijers-Heijboer, A. van der Hout, J. Wijnen, K. van Roozendaal, A. Mensenkamp, A. van den Ouweland, C. van Deurzen, R. van der Luijt, . HEBON, E. Olah, O. Diez, C. Lazaro, I. Blanco, A. Teulé, M. Menendez, A. Jakubowska, J. Lubinski, C. Cybulski, J. Gronwald, K. Jaworska-Bieniek, K. Durda, A. Arason, C. Maugard, P. Soucy, M. Montagna, S. Agata, M. Teixeira, I. KConFab, C. Olswold, N. Lindor, V. Pankratz, E. Hallberg, X. Wang, C. Szabo, J. Vijai, L. Jacobs, M. Corines, A. Lincoln, A. Berger, A. Fink-Retter, C. Singer, C. Rappaport, D. Kaulich, G. Pfeiler, M. Tea, C. Phelan, P. Mai, M. Greene, G. Rennert, E. Imyanitov, G. Glendon, A. Toland, A. Bojesen, I. Pedersen, U. Jensen, M. Caligo, E. Friedman, R. Berger, Y. Laitman, J. Rantala, B. Arver, N. Loman, A. Borg, H. Ehrencrona, O. Olopade, J. Simard, D. Easton, G. Chenevix-Trench, K. Offit, F. Couch, A. Antoniou, . CIMBA, J. Papp, T. Vaszkó, A. Bozsik, and T. Pócza, “Associations of common breast cancer susceptibility alleles with risk of breast cancer subtypes in BRCA1 and BRCA2 mutation carriers,” *BREAST CANCER RESEARCH*, vol. 16, no. 6, 2014.

[16]

J. Papp, T. Vaszkó, A. Bozsik, T. Pócza, T. Gyuris, B. L. Bálint, A. Gézsi, P. Antal, and E. Oláh, “Az emlőrák kialakulására való örökletes hajlam génjeinek vizsgálata BRCA1/2 mutációra negatív női és férfi emlőrákos esetekben,” *ORVOSKÉPZÉS*, vol. 89, no. 4, pp. 479–480, 2014.

[17]

J. Papp, T. Vaszkó, A. Bozsik, T. Pócza, T. Gyuris, B. L. Bálint, A. Gézsi, P. Antal, and E. Oláh, “A nem kódoló genom lehetséges szerepe az emlőrákra való örökletes hajlam kialakításában: mikroRNS régiók vizsgálata újgenerációs szekvenálással,” *ORVOSKÉPZÉS*, vol. 89, no. 4, pp. 451–451, 2014.

[18]

T. Pócza, A. Bozsik, J. Papp, T. Vaszkó, and E. Oláh, “Új kockáztnövelő allélok azonosítása új generációs szekvenálással familiáris daganatos megbetegedésekben,” *ORVOSKÉPZÉS*, vol. 89, no. 4, pp. 481–481, 2014.

[19]

T. Vaszkó, J. Papp, T. Pócza, A. Bozsik, and E. Oláh, “A bioinformatikai kiértékelés optimalizálása kritikus a klinikai diagnosztikai célú új-generációs szekvenálások esetében: a BRCA1 és BRCA2 gének példája,” *ORVOSKÉPZÉS*, vol. 89, no. 4, pp. 480–481, 2014.

[20]

T. Vaszkó, J. Papp, T. Gyuris, B. L. Bálint, T. Pócza, A. Bozsik, and E. Oláh, “MikroRNS régiókban azonosított variánsokból felépülő, emlőrákra hajlamosító mintázatok keresése,” *ORVOSKÉPZÉS*, vol. 89, no. 4, pp. 452–452, 2014.

[21]

F. Couch, X. Wang, L. McGuffog, A. Lee, C. Olswold, K. Kuchenbaecker, P. Soucy, Z.

Fredericksen, D. Barrowdale, J. Dennis, M. Gaudet, E. Dicks, M. Kosel, S. Healey, O. Sinilnikova, A. Lee, F. Bacot, D. Vincent, F. Hogervorst, S. Peock, D. Stoppa-Lyonnet, A. Jakubowska, I. kConFab, P. Radice, R. Schmutzler, SWE-BRCA, S. Domchek, M. Piedmonte, C. Singer, E. Friedman, M. Thomassen, C. G. N. Ontario, T. Hansen, S. Neuhausen, C. Szabo, I. Blanco, M. Greene, B. Karlan, J. Garber, C. Phelan, J. Weitzel, M. Montagna, E. Olah, I. Andrulis, A. Godwin, D. Yannoukakos, D. Goldgar, T. Caldes, H. Nevanlinna, A. Osorio, M. Terry, M. Daly, E. van Rensburg, U. Hamann, S. Ramus, A. Toland, M. Caligo, O. Olopade, N. Tung, K. Claes, M. Beattie, M. Southey, E. Imyanitov, M. Tischkowitz, R. Janavicius, E. John, A. Kwong, O. Diez, J. Balmana, R. Barkardottir, B. Arun, G. Rennert, S. Teo, P. Ganz, I. Campbell, A. van der Hout, C. van Deurzen, C. Seynaeve, G. E. Gomez, F. van Leeuwen, H. Meijers-Heijboer, J. Gille, M. Ausems, M. Blok, M. Ligtenberg, M. Rookus, P. Devilee, S. Verhoef, T. van Os, J. Wijnen, HEBON, EMBRACE, D. Frost, S. Ellis, E. Fineberg, R. Platte, D. Evans, L. Izatt, R. Eeles, J. Adlard, D. Eccles, J. Cook, C. Brewer, F. Douglas, S. Hodgson, P. Morrison, L. Side, A. Donaldson, C. Houghton, M. Rogers, H. Dorkins, J. Eason, H. Gregory, E. McCann, A. Murray, A. Calender, A. Hardouin, P. Berthet, C. Delnatte, C. Nogues, C. Lasset, C. Houdayer, D. Leroux, E. Rouleau, F. Prieur, F. Damiola, H. Sobol, I. Coupier, L. Venat-Bouvet, L. Castera, M. Gauthier-Villars, M. Léoné, P. Pujol, S. Mazoyer, Y. Bignon, S. C. GEMO, E. Złowocka-Perłowska, J. Gronwald, J. Lubinski, K. Durda, K. Jaworska, T. Huzarski, A. Spurdle, A. Viel, B. Peissel, B. Bonanni, G. Melloni, L. Ottini, L. Papi, L. Varesco, M. Tibiletti, P. Peterlongo, S. Volorio, S. Manoukian, V. Pensotti, N. Arnold, C. Engel, H. Deissler, D. Gadzicki, A. Gehrig, K. Kast, K. Rhiem, A. Meindl, D. Niederacher, N. Ditsch, H. Plendl, S. Preisler-Adams, S. Engert, C. Sutter, R. Varon-Mateeva, B. Wappenschmidt, B. Weber, B. Arver, M. Stenmark-Askalm, N. Loman, R. Rosenquist, Z. Einbeigi, K. Nathanson, T. Rebbeck, S. Blank, D. Cohn, G. Rodriguez, L. Small, M. Friedlander, V. Bae-Jump, A. Fink-Retter, C. Rappaport, D. Gschwantler-Kaulich, G. Pfeiler, M. Tea, N. Lindor, B. Kaufman, S. Paluch, Y. Laitman, A. Skytte, A. Gerdes, I. Pedersen, S. Moeller, T. Kruse, U. Jensen, J. Vijai, K. Sarrel, M. Robson, N. Kauff, A. Mulligan, G. Glendon, H. Ozcelik, B. Ejlersen, F. Nielsen, L. Jønson, M. Andersen, Y. Ding, L. Steele, L. Foretova, A. Teulé, C. Lazaro, J. Brunet, M. Pujana, P. Mai, J. Loud, C. Walsh, J. Lester, S. Orsulic, S. Narod, J. Herzog, S. Sand, S. Tognazzo, S. Agata, T. Vaszko, J. Weaver, A. Stavropoulou, S. Buys, A. Romero, H. M. de la, K. Aittomäki, T. Muranen, M. Duran, W. Chung, A. Lasa, C. Dorfling, A. Miron, BCFR, J. Benitez, L. Senter, D. Huo, S. Chan, A. Sokolenko, J. Chiquette, L. Tihomirova, T. Friebel, B. Agnarsson, K. Lu, F. Lejbkowitz, P. James, P. Hall, A. Dunning, D. Tessier, J. Cunningham, S. Slager, C. Wang, S. Hart, K. Stevens, J. Simard, T. Pastinen, V. Pankratz, K. Offit, D. Easton, G. Chenevix-Trench, A. Antoniou, and behalf of C. on, "Genome-Wide Association Study in BRCA1 Mutation Carriers Identifies Novel Loci Associated with Breast and Ovarian Cancer Risk," *PLOS GENETICS*, vol. 9, no. 3, pp. 1–21, 2013.

[22]

S. Ramus, A. Antoniou, K. Kuchenbaecker, P. Soucy, J. Beesley, X. Chen, L. McGuffog, O. Sinilnikova, S. Healey, D. Barrowdale, A. Lee, M. Thomassen, A. Gerdes, T. Kruse, U. Jensen, A. Skytte, M. Caligo, A. Liljegren, A. Lindblom, H. Olsson, U. Kristoffersson, M. Stenmark-Askalm, B. Melin, SWE-BRCA, S. Domchek, K. Nathanson, T. Rebbeck, A. Jakubowska, J. Lubinski, K. Jaworska, K. Durda, E. Złowocka, J. Gronwald, T. Huzarski, T. Byrski, C. Cybulski, A. Toloczko-Grabarek, A. Osorio, J. Benitez, M. Duran, M. Tejada, U. Hamann, M. Rookus, F. van Leeuwen, C. Aalfs, H. Meijers-Heijboer, C. van Asperen, K. van Roozendaal, N. Hoogerbrugge, C. J. Margriet, M. Kriege, R. van der Luijt, HEBON, EMBRACE, S. Peock, D. Frost, S. Ellis, R. Platte, E. Fineberg, D. Evans, F. Lalloo, C. Jacobs, R. Eeles, J. Adlard, R. Davidson, D. Eccles, T. Cole, J. Cook, J. Paterson, F. Douglas, C. Brewer, S. Hodgson, P. Morrison, L. Walker, M. Porteous, M. Kennedy, H. Pathak, A. Godwin, D. Stoppa-Lyonnet, V. Caux-Moncoutier, A. de Pauw, M. Gauthier-Villars, S. Mazoyer, M. Léoné, A. Calender, C. Lasset, V. Bonadona, A. Hardouin, P. Berthet, Y. Bignon, N. Uhrhammer, L. Faivre, C. Loustalot, GEMO, S. Buys, M. Daly, A. Miron, T. M. Beth, W. Chung, E. John, M. Southey, D. Goldgar, C. Singer, M. M. Tea, G. Pfeiler, A. Fink-Retter, T. Hansen, B. Ejlersen, O. Johannsson, K. Offit, T. Kirchoff, M. Gaudet, J. Vijai, M. Robson, M. Piedmonte, K. Phillips, L. L. Van, J. Hoffman, A. Toland, M. Montagna, S. Tognazzo, E. Imyanitov, C. Isaacs, R. Janavicius, C. Lazaro, I.

Blanco, E. Tornero, M. Navarro, K. Moysich, B. Karlan, J. Gross, E. Olah, T. Vaszko, S. Teo, P. Ganz, M. Beattie, C. Dorfling, E. van Rensburg, O. Diez, A. Kwong, R. Schmutzler, B. Wappenschmidt, C. Engel, A. Meindl, N. Ditsch, N. Arnold, S. Heidemann, D. Niederacher, S. Preisler-Adams, D. Gadzicki, R. Varon-Mateeva, H. Deissler, A. Gehrig, C. Sutter, K. Kast, B. Fiebig, D. Schäfer, T. Caldes, H. M. de la, H. Nevanlinna, K. Aittomäki, M. Plante, A. Spurdle, kConFab, S. Neuhausen, Y. Ding, X. Wang, N. Lindor, Z. Fredericksen, V. Pankratz, P. Peterlongo, S. Manoukian, B. Peissel, D. Zaffaroni, B. Bonanni, L. Bernard, R. Dolcetti, L. Papi, L. Ottini, P. Radice, M. Greene, P. Mai, I. Andrulis, G. Glendon, H. Ozelik, OCGN, P. Pharoah, S. Gayther, J. Simard, D. Easton, F. Couch, and G. Chenevix-Trench, "Ovarian cancer susceptibility alleles and risk of ovarian cancer in BRCA1 and BRCA2 mutation carriers," *HUMAN MUTATION*, vol. 33, no. 4, pp. 690–702, 2012.

[23]

E. Oláh, J. Papp, T. Vaszkó, A. Bozsik, É. Szabó, sz Ottó, E. Orosz, L. Tóth, and A. Antoniou, "Genetikailag meghatározott daganatok molekuláris (genetikai és genomikai) elemzése." 2011.

[24]

S. Kökény, J. Papp, G. Weber, T. Vaszkó, P. Carmona-Saez, and E. Oláh, "Ribavirin acts via multiple pathways in inhibition of leukemic cell proliferation," *ANTICANCER RESEARCH*, vol. 29, pp. 1971–1980, 2009.