

DOSZTÁNYI ZSUZSANNA



Eötvös Loránd Tudományegyetem,
Természettudományi Kar, Biológiai Intézet

Cím: 1117 Budapest, Pázmány Péter sétány 1/c.

KUTATÁSI TERÜLET BEMUTATÁSA

Dosztányi Zsuzsanna kutatócsoportja rendezetlen fehérjékkel (intrinsically disordered proteins, IDP-k) foglalkozik – ezek olyan fehérjék, amelyek nem rendelkeznek stabil térszerkezettel, mégis kulcsszerepet játszanak a sejten belüli szabályozási és jelátviteli folyamatokban. A hagyományos, „zár és kulcs” elven működő fehérjékkel szemben az IDP-k rugalmasak, és rövid szekvenciamotívumok segítségével számos különböző partnerhez képesek kötődni. Rugalmas működésük miatt fontos szerepük van a sejtekben, de ez egyben sebezhetővé is teszi őket, ezért gyakran kapcsolódnak rákos és idegrendszeri kórképekhez.

A kutatócsoport modern bioinformatikai és mesterséges intelligencia alapú módszerekkel vizsgálja, hogyan járulnak hozzá a rendezetlen fehérjék a sejtek sokrétű működéséhez, mind normál, mind kóros állapotban.

ELSAJÁTÍTHATÓ TECHNIKÁK

A hallgatók betekintést nyernek a modern bioinformatika és mesterséges intelligencia világába, ahol a fehérjék működését számítógépes modellek segítségével vizsgálják. Megtanulják, hogyan lehet AI-alapú előrejelzésekkel feltárni a fehérjék rendezettségét, motívumait és betegségekhez köthető változatait, valamint hogyan használhatók a biológiai adatbázisok és gépi tanulási módszerek a sejtek és az emberi szervezet működésének mélyebb megértésére.

VÁLOGATOTT KÖZLEMÉNYEK

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 Sci** 32(1): e4522.

Erdős, G., & **Dosztányi, Z.** (2024a). AIUPred: combining energy estimation with deep learning for the enhanced prediction of protein disorder. **Nucleic Acids Res** 52(W1): W176–W181.

Erdős, G., & **Dosztányi, Z.** (2024b). Deep learning for intrinsically disordered proteins: From improved predictions to deciphering conformational ensembles. **Curr Opin Struct Biol** 89: 102950.

Kurgan, L., Hu, G., Wang, K., Ghadermarzi, S., Zhao, B., Malhis, N., Erdős, G., Gsponer, J., Uversky, V. N., & **Dosztányi, Z.** (2023). Tutorial: a guide for the selection of fast and accurate computational tools for the prediction of intrinsic disorder in proteins. **Nat Protoc** 18(11): 3157–3172.

Necci, M., Piovesan, D., CAID Predictors, DisProt Curators, & Tosatto, S. C. E. (2021). Critical assessment of protein intrinsic disorder prediction. **Nat Methods** 18(5): 472–481.