

TUSNÁDY GÁBOR



HUN-REN Természettudományi Kutatóközpont
Molekuláris Élettudományi Intézet

Cím: 1117 Budapest, Magyar Tudósok körútja 2.

KUTATÁSI TERÜLET BEMUTATÁSA

Kutatócsoportunk fő vizsgálati területe a transzmembrán fehérjék. E kísérletesen igen nehezen vizsgálható fehérjék vizsgálatához elsősorban bioinformatikai eszközöket, újabban a mesterséges intelligencia alapú módszereket fejlesztünk, amelyekkel a transzmembrán fehérjék szerkezetét, előfordulását, kölcsönhatásait illetve egyéb tulajdonságait lehet becsülni. A módszerek fejlesztéséhez, fontos, hogy megbízható, naprakész, pontos adatokat tartalmazó adatbázisokból induljunk ki, ezért számos ilyen adatbázist állítottunk össze és tartunk naprakészen. A bioinformatikai eszközök mellett több olyan laboratóriumi fejlesztést is csinálunk, amelyek segítségével egyszerre több száz, akár ezer transzmembrán fehérjéről kaphatunk topológiai információt, vagy a sejtfelszínen való előfordulásuk pontos mennyiségét lehet meghatározni. Ezen fejlesztések rendkívül fontosak lehetnek új immunterápiás célpontok meghatározásában, illetve különböző patogének elleni küzdelemben.

ELSAJÁTÍTHATÓ TECHNIKÁK

Programozás (python, C++, Php), adatbázis (MySQL) kezelés, mesterséges intelligencia alapú eljárások, sejtenyésztés, sejtfelszín jelölési eljárások, tömegspektrometria.

VÁLOGATOTT KÖZLEMÉNYEK

Bajtai, E., Kiss, C., Bakos, É., Langó, T., Lovrics, A., Schád, É., Tisza, V., Hegedűs, K., Fürjes, P., Szabó, Z., **Tusnady, G. E.**, Szakács, G., Tantos, Á., Spisák, S., Tóvári, J., & Füredi, A. (2025). Therapy-induced senescence is a transient drug resistance mechanism in breast cancer. *Mol Cancer* **24**(1): 128.

Tusnady, G. E., & Gerdán, C. (2025). TmDet 4.0: determining membrane orientation of transmembrane proteins from 3D structure. *Nucleic Acids Res* **53**:(W1), W542–W546.

Dobson, L., Gerdán, C., Tusnady, S., Szekeres, L., Kuffa, K., Langó, T., Zeke, A., & **Tusnady, G. E.** (2024). UniTmp: unified resources for transmembrane proteins. *Nucleic Acids Res* **52**:(D1), D572–D578.

Dobson, L., Szekeres, L. I., Gerdán, C., Langó, T., Zeke, A., & **Tusnady, G. E.** (2023). TmAlphaFold database: membrane localization and evaluation of AlphaFold2 predicted alpha-helical transmembrane protein structures. *Nucleic Acids Res* **51**:(D1), D517–D522.

Dobson, L., & **Tusnady, G. E.** (2021). MemDis: Predicting Disordered Regions in Transmembrane Proteins. *Int J Mol Sci* **22**(22): 12270.