**Табела 5.2.** Спецификација предмета

| |
|---|
| **Студијски програм :** Мастер 4.0 Биоинформатика |
| **Назив предмета:** Протеомика са уводом у метаболомику Шифра: 25MBIPU |
| **Наставник/наставници: Тања Ћирковић Величковић, Татјана Симић, Иванка Марковић, Катарина Смиљанић, Весна Ђорић, Станојевић Александра,** |
| **Статус предмета:** Изборни |
| **Број ЕСПБ:** 5 |
| **Услов:** Нема |
| **Циљ предмета**<br>Курс је намењен полазницима различитих профила који желе да стекну знања и практичну обуку за информатичку обраду резултата мерења који се добијају применом аналитичких метода протеомике и метаболомике, као и примере примена ових метода у биомедицинским наукама ради откривања биомаркера, одређивања структуре и модификација протеина, откривања имунолошки релевантних протеина (антигена и алергена), као и како се резултати ових анализа користе за разумевање биолошких процеса на молекуларном нивоу, што су вештине потребне за рад у фармацеутској индустрији, истраживачким лабораторијама и биотехнолошким компанијама. |
| **Исход предмета**<br>Након завршетка курса студенти ће бити оспособљени да:<br>● разумеју циљ протеомике и метаболомике као мултидисциплинарне науке;<br>● разумеју основни концепт аналитичких платформи (хроматографија, масена спектрометрија, дводимензионална електрофореза) које се користе за протеомику и метаболомику;<br>● информатички обрађују резултате добијене применом метода протеомике.<br>● разумеју основе мултиваријантне анализе података у метаболомици.<br>● упознају се са основним применама протеомике и метаболомике у истраживању биомаркера у биомедицинским наукама<br>● дизајнирају и спроводе експерименте у области протеомике и метаболомике и правилно интерпретирају добијене податке. |
| **Садржај предмета**<br>*Теоријска настава*<br>1. Увод у технике протеомике и метаболомике.<br>2. Припрема биолошких узорака за даљу анализу коришћењем метода протеомике и метаболомике.<br>3. Методе спрегнуте са масеном спектрометријом у протеомици: дводимензионална електрофореза.<br>4. Методе спрегнуте са масеном спектрометријом у протеомици: течна хроматографија (ХПЛЦ) на нано скали и капиларна електрофореза<br>5. "Bottom up proteomics": идентификација и карактеризација протеина методом мапирања пептида. Избор базе података за анализу.<br>6. *De novo* секвенцирање протеина масеном спектрометријом и анализа пост-транслационих модификација глобалном протеомичком анализом посттранслационих модификација протеина.<br>7. Мапирање дисулфида и редокс протеомика,квантификација протеина (методама SILAC, iTRAQ, квантификација без обележавања),<br>8. Анализа мултипротеинских комплекса и ћелијских органела.<br>9. Методе имунопротеомике – примена у откривању антигена и алергена<br>10. "Top down protomics": одређивање егзактне масе протеина и пептида, анализа пост-транслационих модификација (гликозилација,фосфорилација).<br>11. Примена масене спектрометрије за квантификацију протеина у комплексним узорцима и биолошким течностима. |

12. Примена протеомике: нанозими (вештачки ензими) за “middle down” примену у протеомици, примена у ветеринарској медици, гликомика и гликопротеомика. (Предавачи по позиву из иностранства – Татјна Парац-Вогт, Паола Ронкада, Гордан Лауц).
13. Методе масене спектрометрије у метаболомици и анализа малих молекула.
14. Метаболичке модификације малих молекула.
15. Примери примена метаболомике у фармакодинамским испитивањима.
16. Примена протеомике у истраживањима биомаркера различитих обољења човека
17. Примена metаболомика у неуроинфламацији и ћелијској сигнализацији: Путеви до нових терапијских мета (Предавачи по позиву из иностранства; Д. Миловановић, Е Манолакос)

Проучавање литературе ће бити спроведено по моделу „Journal club“, односно дискусиони форум, где студенти заједено са наставницима анализирају актуелне научне публикације релевантне за предмет.
*Практична настава*

1. Формати података у протемици и њихова конверзија (mzML, mzXML, pepXML, protXML).
2. Одређивање егкзактне масе протеина масеном спектрометријом – обрада спектара у циљу одређивања егзактне масе
3. Припрема и руковање базама података за протоемичку анализу. *In house* базе података и базе контаминаната (cRAP). PeptideAtlas, SBEAMS, SRMAtlas
4. Пептидно мапирање (ПМФ) протеина и протеомикс - анализа масених спектара уз помоћ различитих “open” софтвера и алгоритама: Mascot, Sequest, X!tandem.
5. Пептидно мапирање (ПМФ) протеина и протеомикс - анализа масених спектара уз помоћ софтвера MS Fragger, Proteome Discoverer 4.2 и Peaks Studio X Pro.
6. *De* novo секвенцирање и откривање мутација у протеинима употребом софтвера Peaks Studio
7. Глобално протеомичко профилисање пост-транслационих модификација употребом софтвера Peaks Studio X Pro.
8. Одређивање пост-траслационих модификација протеина. - Хидроксилација и фосфорилација.
9. Одређивање положаја дисулфидних мостова у протеинима и редокс протеомика анализом спектара.
10. Квантитативна протеомика – LFQ квантификација протеина употребом софтвера Peaks Studio
11. Анализа протеомичких података добијених методама shotgun протеомике (класификација протеина према функцији, GO…).
12. Репозиторијуми протеомичких података (ProteomeExchange, Pride). Депозиција спектара у репозиторијуме података.
13. Обрада резултата метаболомике у софтверу Compound Discoverer и мултиваријантном анализом података. Основне методе мултиваријантне анализе података у метаболомици - PCA, OPLS, OPLS-DA.
14. Функционалне анализе у протеомским истраживањима биомаркера помоћу софтвера Reactome и Metscape („enrichment“ анализа, функционална анотација и функционална класификација).
15. Обрада резултата одређивања квалитета биомаркера помоћу Receiver Operating Curve (ROC) анализе.
16. Графички приказ резултата протеомских и метаболомских анализа

**Литература**


- J. Throck Watson, O. D. Sparkman: *Introduction to mass spectrometry*, Wiley 2007.
- J. Lovric: *Introducing Proteomics: From concepts to sample separation, mass spectrometry and data analysis*, Wiley, 2011.
- Pedrioli et al., Nature Biotechnology, 22, 1459-66, 2004
- A.I. Nesvizhskii, O. Vitek, R. Aebersold Analysis and validation of proteomic data generated by tandem mass spectrometry Nature Methods 4, 787-97 (2007)
- Silas G. Villas-Boas, Ute Roessner, Michael A. E. Hansen, Jorn Smedsgaard, Jens Nielsen: *Metabolome analysis - an introduction*, John Wiley & Sons, Inc.
- *Multi- and Megavariate Data Analysis, Part I: Basic Principles and Applications*, Umetrics AB
- FDA-NIH Biomarker Working Group. BEST (Biomarkers, EndpointS, and other Tools) Resource. Food and Drug Administration (US); 2016. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK326791/
- Материјали са предавања и вежби

| | | |
|---|---|---|
| **Број часова активне наставе** | **Теоријска настава:** 2 | **Практична настава:** 2 |

**Методе извођења наставе**

Предавања, теоријске вежбе, колоквијуми.

**Оцена знања (максимални број поена 100)**

| **Предиспитне обавезе** | поена | **Завршни испит** | поена |
|---|---|---|---|
| активност у току предавања | **10** | писмени испит | *50* |
| практична настава | **20** | усмени испт | |
| колоквијум-и | **20** | ..... | |
| семинар-и | | | |