Табела 5.2. Спецификација предмета

Студијски програм : Интегрисане академске студије Медицина
Назив предмета: Протеомикс у медицни
Наставник/наставници: Проф. др Иванка Караџић
Статус предмета: изборни
Број ЕСПБ: 2
Услов: уписана трећа година
Циљ предмета Развој масене спектрометрије протеина као и еруптивни развој биоинформатике су послужили као база за започињање „large scale" аналитичке технологије протеомикса, базиране на познатим концептима протеинске биохемије. Како се протеомикс, још на самом почетку свог развоја, по унутрашњој логици, интегрисао у процес откривања нових лекова, медицина је препознала технологију протеомикса као моћну методу за систематску анализу протеина у циљу проучавања болести и проналажења нових лекова као и дубљег разумевања механизма функционисања лекова. Сем у открићу лекова, методологија протеомикса је у досадашњим истраживањима дала добре, почетне резултате и у раној дијагностици различитих болести. Познавање модерне медицине неизоставно подразумева познавање основних постулата технологије протеомикса, шире разумевање и значај протеомикса и могућности које он нуди у дијагностици, прогнози и терапији болести.
Исход предмета 1**.** Познавање основа технологије проучавања протеома; 2. Познавање и употреба протеомских база података и биоинформатичких алата.
Садржај предмета <u>Предавања</u> 1. Увод у „omics" технологије (основно о геномиксу, транскриптомиксу, протеомиксу, метаболомиксу); 2. 2ДЕ-МС технологија протеомикса, припрема узорка за 2ДЕ и генерисање протеинских мапа; софтверска анализа мапа; припрема узорка за МС; 3. Основно о масеној спектрометрији (МС) протеина (МАЛДИ; ЕСИ принципи, основни појмови); тандем МС, основно о фрагментацији пептида и идентификацији протеина; 4. Биоинформатика у протеомиксу; 5. Општи, диференцијални, "боттом-уп", "топ-down", "схотгун" протеомикс приступи; суб-протеомикс приступи: фосфо-, глико-протеомикс; 6. Методологија проучавања протеома: крвне плазме, урина, канцера, микробни протеомикс; 7. Квантитативни протеомикс; биомаркери. Интегрисани омикс приступи**.** <u>Вежбе</u> 1. Анализа 2D мапа помоћу 2D-PAGE базе података; 2. Претрага УниПрот базе података и параметрисање протеина; 3. Идентификација протеина на основу маса пептида, методом PMF, помоћу MS Fit софтвера; 4. In silico дигестија одређеног протеина помоћу Peptide Mass софтвера и фрагментација одабраних пептида помоћу MS-MS калкулатрора фрагментације; 5. Идентификација фрагментних јона у MS-MS спектру и идентификовање јединственог пептида**.**
Литература 1. Qian L, Sun R, Aebersold R, Bühlmann P, Sander C, Guo T. AI-empowered perturbation proteomics for complex biological systems. Cell Genom. 2024:100691. 2. Yildirim OS, Yildiz P, Karaer A, Calleja-Agius J, Ozcan S. Exploring the protein signature of endometrial cancer: A comprehensive review through diverse samples and mass spectrometry-based proteomics. Eur J Surg Oncol. 2024 Oct 24:108783. 3. Xie Y, Fan Y, Liu X, Li Z, Liu S. 4D-DIA-based Proteomics Analysis Reveals the Protective Effects of

Pidanjiangtang Granules in IGT Rat Model. J Ethnopharmacol. 2024 Oct 29:119012.			
Број часова активне наставе 30	**Теоријска настава: 20**	**Практична настава: 10**	
Методе извођења наставе* 20 часова предавања, 5 часова самостални рад студената и 5 часова практична настава *предмет се може реализовати и *online* на порталу Медицинског факултета Унивезитета у Београду			
Оцена знања (максимални број поена 100)			
Предиспитне обавезе	поена	**Завршни испит**	поена
Домаћи задаци	**30**	Израда и презентација семинарског рада	**70**
Активност у току предавања			
Практична настава			
Колоквијум			
Семинари			
Начин провере знања могу бити различити наведено у табели су само неке опције: (писмени испити, усмени испт, презентација пројекта, семинари итд.....			
*максимална дужна 2 странице А4 формата			