**Uroš Anđelković**

uros@chem.bg.ac.rs

Viši naučni saradnik

IHTM – Centar za hemiju

Univerzitet u Beogradu

 **28.12.2017. u 13:00 h**

**Predavaonica 2/II**

**Departman za hemiju, biohemiju i zaštitu životne sredine**

Trg Dositeja Obradovic 3

PMF -Univerzitet u Novom Sadu

**Istraživanje proteoma masenom spektrometrijom**

Sažetak predavanja

Proteini, kao jedna od tri vrste bio-polimera, omogućavaju biološke procese na svim nivoima od ćelije do organizma. Svi proteini u ćeliji tvore visoko organizovanu celinu koju nazivamo proteom. Proteom je dinamičan tj. prilagođava se spoljašnjim i unutrašnjim promenama. Funkcionalno stanje ćelije definisano je strukturom i stanjem njenog proteoma, tj. eksprimiranim proteinima, njihovom koncentracijom, dinamikom promene koncentracije, lokalizacijom, prometom, međusobnim interakcijama, organizacijom u komplekse i organele. Kompleksnost proteoma omeđana osnovnom genomskom informacijom, višestruko je uvećana posttranslacionim procesima (alternativno spajanje RNA, obrada proteina, posttranslacione modifikacije). Oni su indirektno kodirani genomom, ali podložni i negenomskim faktorima. Trenutno procenjen broj činilaca ljudskog proteoma tj. različitih proteinskih formi (proteoformi) je veći od milion.

Glavna pitanja koja će biti razmatrana na ovom predavanju su: Možemo li današnjom tehnologijom postići analizu ovako kompleksnog sistema? Kako nam masena spektrometrija može ovde pomoći? Koje su najčešće strategije maseno spektrometrijske analize proteoma? Koliko trenutno možemo biti efikasni u analizi proteoma masenom spektrometrijom? Šta je neophodno kako bismo pravilno primenili tehnologiju masene spektrometrije u analizi proteoma? Kako uraditi validaciju rezultata dobijenih masenom spektrometrijom?