Razpored predavanj in seminarjev iz predmeta **Struktura proteinov** za študijsko leto **2012/2013 [3BK]**.

Datum:	Aktivnost:	Seminarje pripravijo:
2.10.2012	Uvod Aminokisliline in aminokislinska analiza	–
9.10.2012	ODPADE (dogovor in razdelitev seminarjev)	–
16.10.2012	Kemijske modifikacije proteinov	–
23.10.2012	Fragmentacija proteinov; Določanje ak zaporedja proteinov z N-konca	–
30.10.2012	Določanje ak zaporedja proteinov s C-konca; Post-translacijske modifikacije proteinov	–
6.11.2012	Analiza strukture proteinov z masno spektroskopijo Seminarji (4 x 22.5')	1. Nejc Perme, Stupar Uroš 2. Taja Karner, Špela Umek*, Škrjanc Monika* 3. Tanja Korpar, Ines Šterbal, Filip Kolenc 4. Andreja Bratovš, Tamara Marič, Matja Zalar
13.11.2012	Seminarji (6 x 22.5')	5. Mitja Crček, Rok Štemberger 6. Eva Knapič, Alja Zottel 7. Teja Banič, Tina Gregorič, Sara Draščič 8. Andrej Vrankar, Dominik Kert, Jernej Mustar 9. Karmen Hrovat, Maja Grdadolnik*, Iza Ogris* 10. Ines Kerin*, Petra Malavašič, Petra Zgaga
20.11.2012	Seminarji (6 x 22.5')	11. Katra Koman, Matevž Ambrožič, Kaja Javoršek 12. Kaja Rupar*, Janja Juvančič 13. Ana Dolinar, Veronika Jarc, Tjasa Goričan 14. Maja Remškar, Jana Verbančič, Špela Pohleven 15. Sandi Botonjič, Marko Radojkovič, Đorđe Dimitrijević 16. Mirjam Kmetič, Ula Štok, Sara Primec
27.11.2012	DT	
4.12.2012	DT	
11.12.2012	DT	
18.12.2012	DT	
25.12.2012	ODPADE	
1.1.2013	ODPADE	
8.1.2013	DT	
15.1.2013	DT	

Seminar bo opravljalo 44 študentov (*študentje, ki niso vpisani v 3. Letnik).

16 seminarских nalog: poročilo-povzetek (1 stran A4) + predstavitev (20` + 2.5` diskusije).

Struktura proteinov [3BK] – Križaj: Seminarji 2012/2013

1. Strategije določanja poteka disulfidnih vezi v proteinih bogatih z disulfidi.

Pripravijo: **Nejc Perme, Stupar Uroš**

Bingham, J.P., Broxton, N.M., Livett, B.G., Down, J.G., Jones, A. and Moczydlowski, E.G. (2005): Optimizing the connectivity in disulfide-rich peptides: α -conotoxin SII as a case study. *Anal. Biochem.* 338, 48-61.

Gray, W.R. (1993): Disulfide structures of highly bridged peptides: a new strategy for analysis. *Protein Sci.* 2, 1732-1748.

2. Multidimenzionalna tehnologija za identifikacijo proteinov - MudPIT.

Pripravijo: **Taja Karner, Špela Umek, Škrjanc Monika**

Kislinger, T. and Emili, A. (2005): Multidimensional protein identification technology: Current status and future prospects. *Exp. Rev. Proteomics* 2, 27-39.

3. Kvantitativna proteomika na osnovi masne spektroskopije.

Pripravijo: **Tanja Korpar, Ines Šterbal, Filip Kolenc**

Ong, S.-E. and Mann, M. (2005): Mass spectrometry-based proteomics turns quantitative. *Nat. Chem. Biol.* 1, 252-262.

4. Analiza proteinskih kompleksov z masno spektroskopijo.

Pripravijo: **Andreja Bratovš, Tamara Marić, Matja Zalar**

Gingras, A.-C., Gstaiger, M., Raught, B. and Aebersold, R. (2007): Analysis of protein complexes using mass spectrometry. *Nat. Rev. Mol. Cell Biol.* 8, 645-654.

5. Dvo-dimenzionalna gelska elektroforeza v proteomiki.

Pripravita: **Mitja Crček, Rok Štemberger**

Rabilloud, T. and Lelong, C. (2011): Two-dimensional gel electrophoresis in proteomics: A tutorial. *J. Proteomics* 74, 1829-1841.

6. Proteomska analiza post-translacijskih modifikacij.

Pripravijo: **Andrej Vrankar, Dominik Kert, Jernej Mustar**

Kamath, K.S., Vasavada, M.S. and Srivastava, S. (2011): Proteomic databases and tools to decipher post-translational modifications. *J. Proteomics* 75, 127-144.

Pripravijo: **Teja Banič, Tina Gregorič, Sara Draščič**

Zhao, Y. and Jensen, O.N. (2009): Modification-specific proteomics: Strategies for characterization of post-translational modifications using enrichment techniques. *Proteomics* 9, 4632-4641.

Pripravita: **Eva Knapič, Alja Zottel**

Witze, E.S., Old, W.M., Resing, K.A. and Ahn, N.G. (2007): Mapping protein post-translational modifications with mass spectrometry. *Nature Meth.* 4, 798-806.

7. Proteomika membranskih proteinov.

Pripravijo: **Karmen Hrovat, Maja Grdadolnik, Iza Ogris**

Gilmore, J.M. and Washburn, M.P. (2010): Advances in shotgun proteomics and the analysis of membrane proteomes. *J. Proteomics* 73, 2078-2091.

8. Upodabljanje tkiv s pomočjo masne spektroskopije.

Pripravijo: **Ines Kerin, Petra Malavašič, Petra Zgaga**

Amstalden van Hove, E.R., Smith, D.F. and Heeren, R.M.A. (2010): A concise review of mass spectrometry imaging. *J. Chromatogr. A* 1217, 3946-3954.

Pripravita: **Katra Koman, Matevž Ambrožič, Kaja Javoršek**

Seeley, E.H. and Caprioli, R.M. (2012): 3D Imaging by Mass Spectrometry: A New Frontier. *Analit. Chem.* 84, 2105-2110.

Pripravita: **Kaja Rupar, Janja Juvančič**

Cornett, D.S., Rezyer, M.L., Chaurand, P. and Caprioli, R.M. (2007): MALDI imaging mass spectrometry: molecular snapshots of biochemical systems. *Nat. Methods* 4, 828-833.

Pripravijo: **Ana Dolinar, Veronika Jarc, Tjasa Goričan**

Schwamborn, K. and Caprioli, R.M. (2010): Molecular imaging by mass spectrometry — looking beyond classical histology. *Nat. Rev. Cancer* 10, 639-646.

9. Masna spektroskopija v medicini.

Pripravijo: **Maja Remškar, Jana Verbančič, Špela Pohleven**

Hanash, L.A.S. and Taguchi, A. (2010): The grand challenge to decipher the cancer proteome. *Nat. Rev. Cancer* 10, 652-660.

Pripravijo: **Sandi Botonjić, Marko Radojković, Đorđe Dimitrijević**

Nomura, D.K., Dix, M.M. and Cravatt, B.F. (2010): Activity-based protein profiling for biochemical pathway discovery in cancer. *Nat. Rev. Cancer* 10, 630-638.

Pripravijo: **Mirjam Kmetec, Ula Štok, Sara Primec**

Meléndez, L.M., Colon, K., Rivera, L., Rodriguez-Franco, E. and Toro-Nieves, D. (2011): Proteomic Analysis of HIV-Infected Macrophages. *J. Neuroimmune Pharmacol.* 6, 89-106.