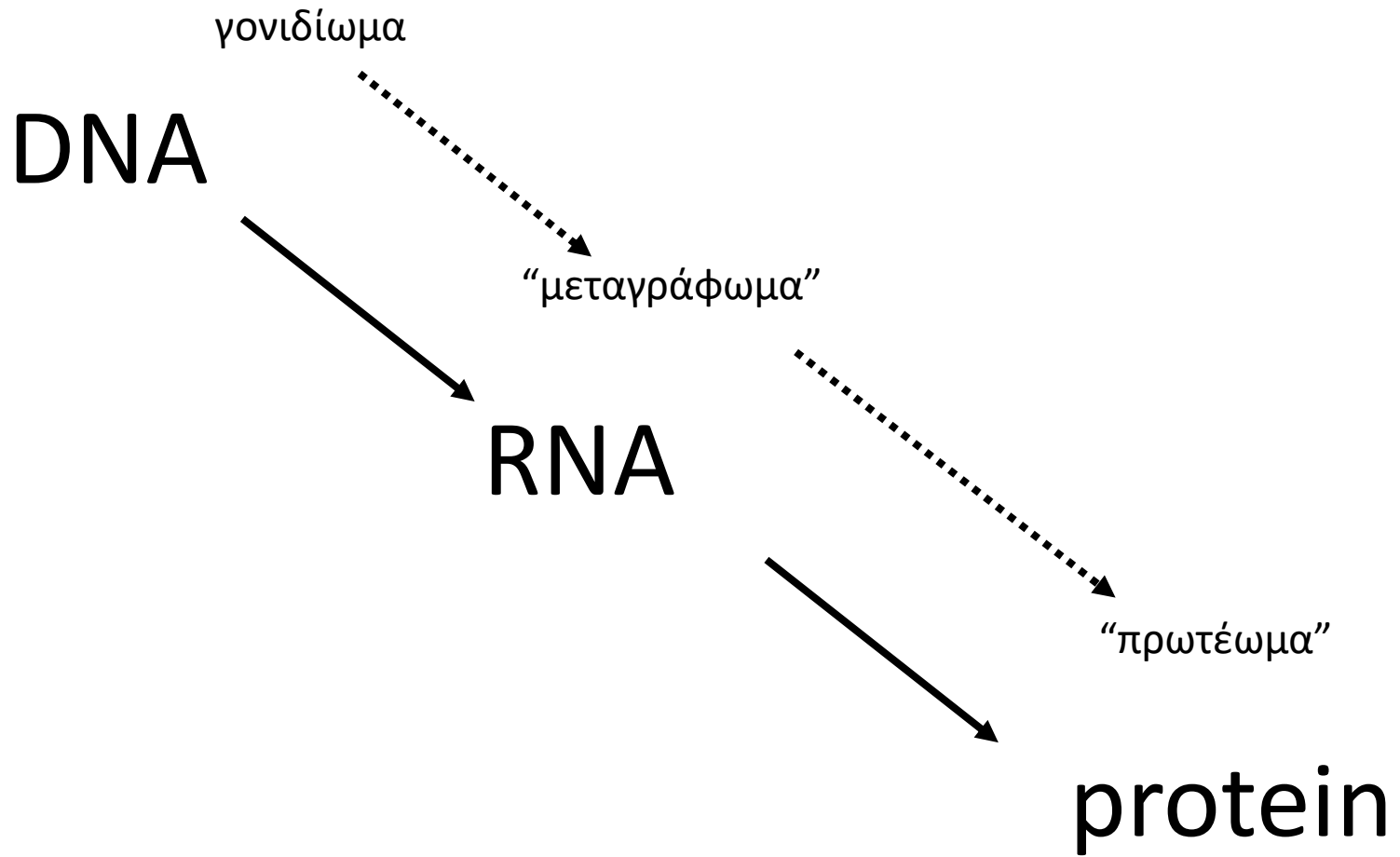


Βιολογία Συστημάτων

Ωμική

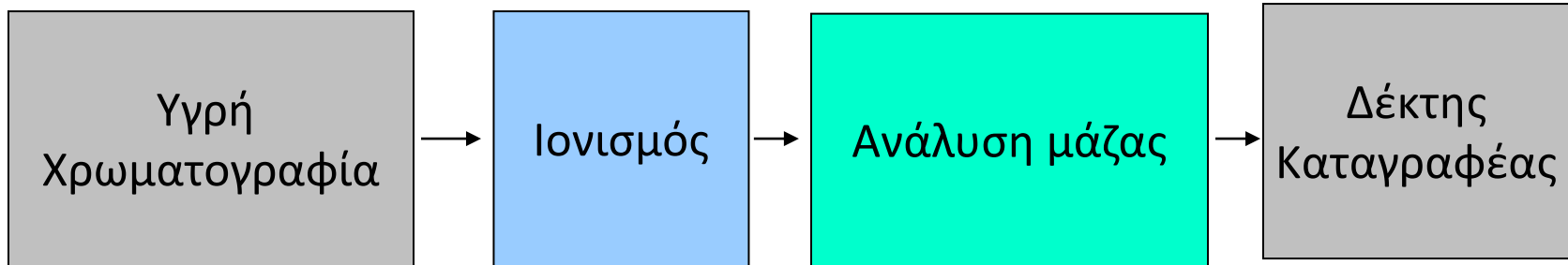




Μορφές βιολογίας συστημάτων

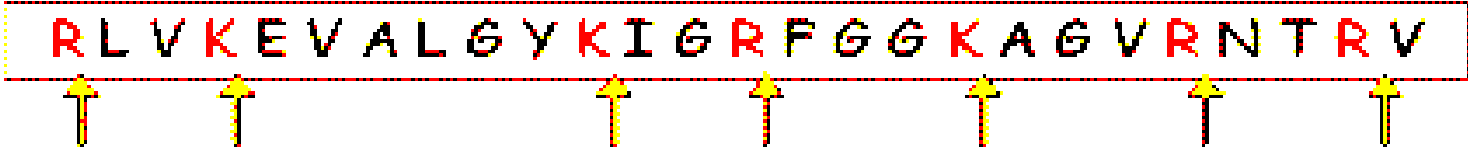
- Πρωτεωμική
- Γονιδιωματική
- Μεταγραφωμική
- Μεταβολωμική
- Λιπιδωμική
-ωμική

Βασική αρχή πρωτεωμικής

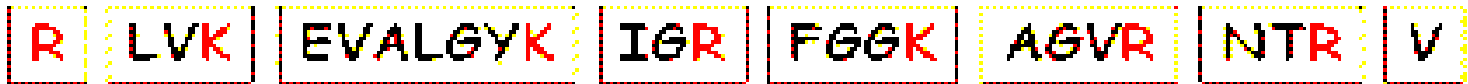


Διασπαση των πρωτεϊνών σε πεπτίδια

Peptide sequence



Digested fragments



Αργινίνη Arginine: R

Lysine: K

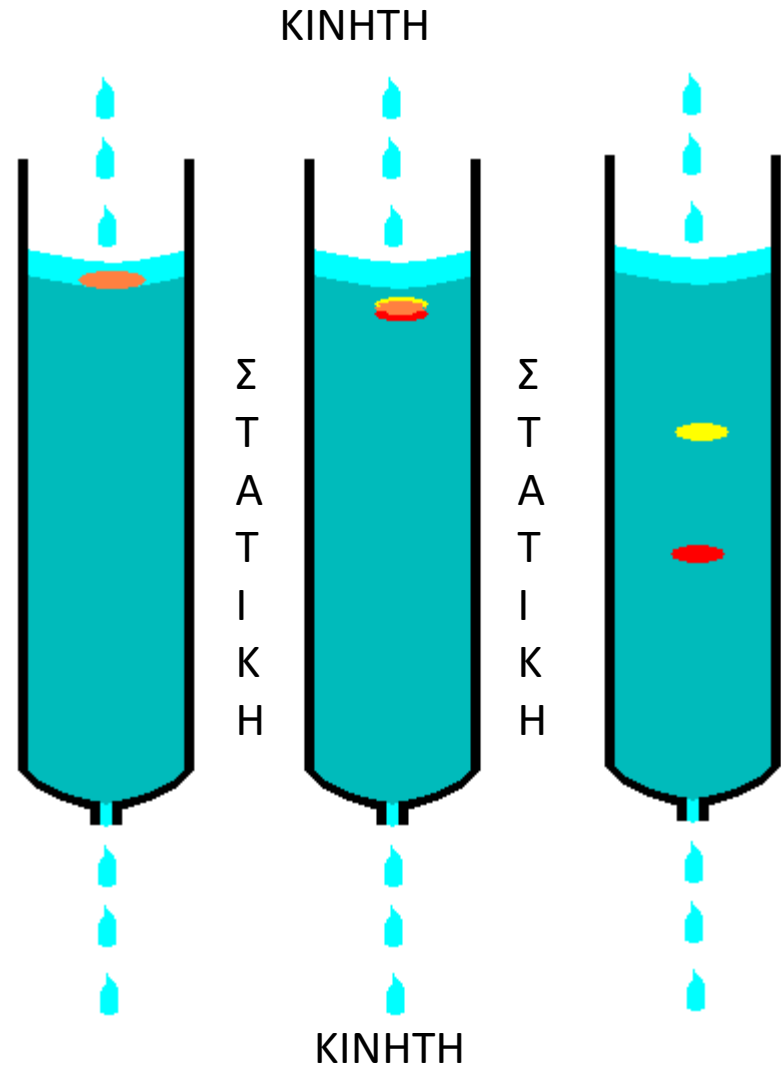
Trypsin cleavage: ↑

Αργινίνη R

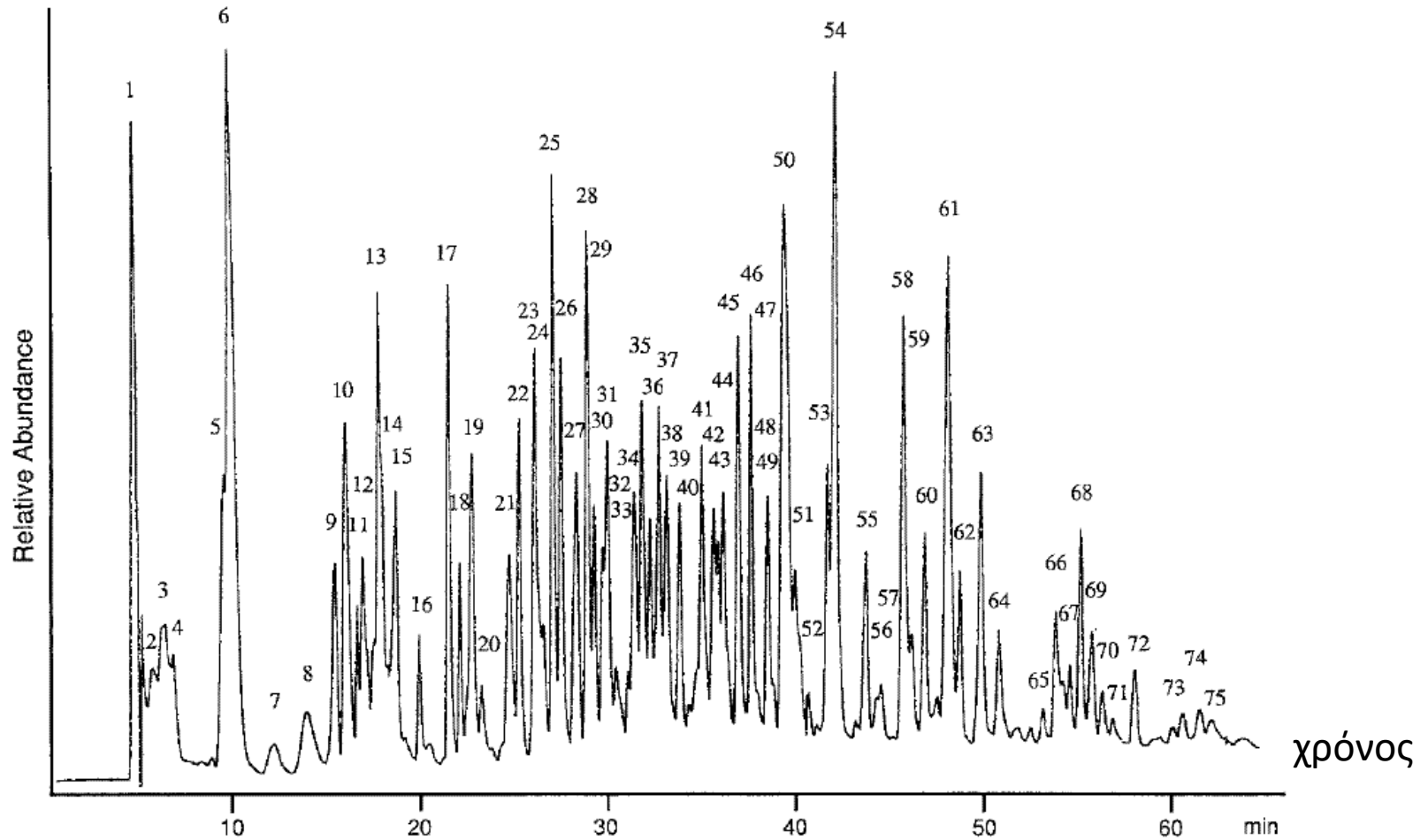
Χρήση τρυψίνης
κόβει όλες τις πρωτεΐνες σε
καλά καθορισμένα πεπτίδια

χρωματογραφία

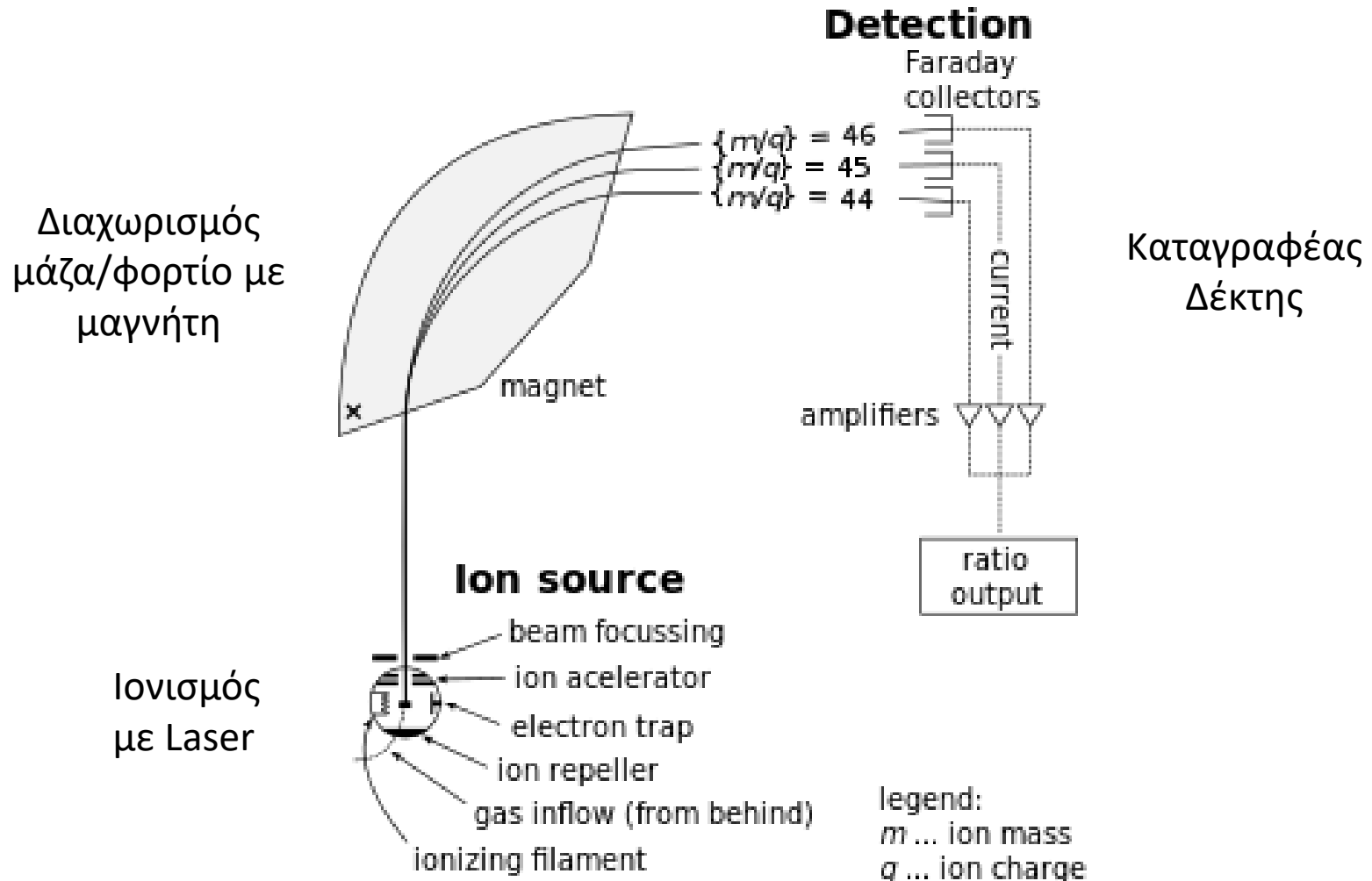
Η χρωματογραφία υψηλής πίεσης ανήκει στις χρωματογραφικές τεχνικές, άρα ο διαχωρισμός είναι αποτέλεσμα της συνδυαστικής δράσης μιας στατικής και μιας κινητής φάσης. Στην HPLC, το δείγμα εισάγεται στη κορυφή της στήλης και με τη βοήθεια της κινητής φάσης, τα συστατικά του μετακινούνται με τη μορφή ζωνών και τελικά εκκλύονται το ένα μετά το άλλο. Οι αναλυόμενες ουσίες κατανέμονται μεταξύ της στατικής και της κινητής φάσης, με αποτέλεσμα να μετακινούνται με διαφορετικές ταχύτητες κατά μήκος της στήλης



Αποτέλεσμα της HPLC η έξοδος σε διαφορετικό χρόνο των διαφορετικών πεπτιδίων

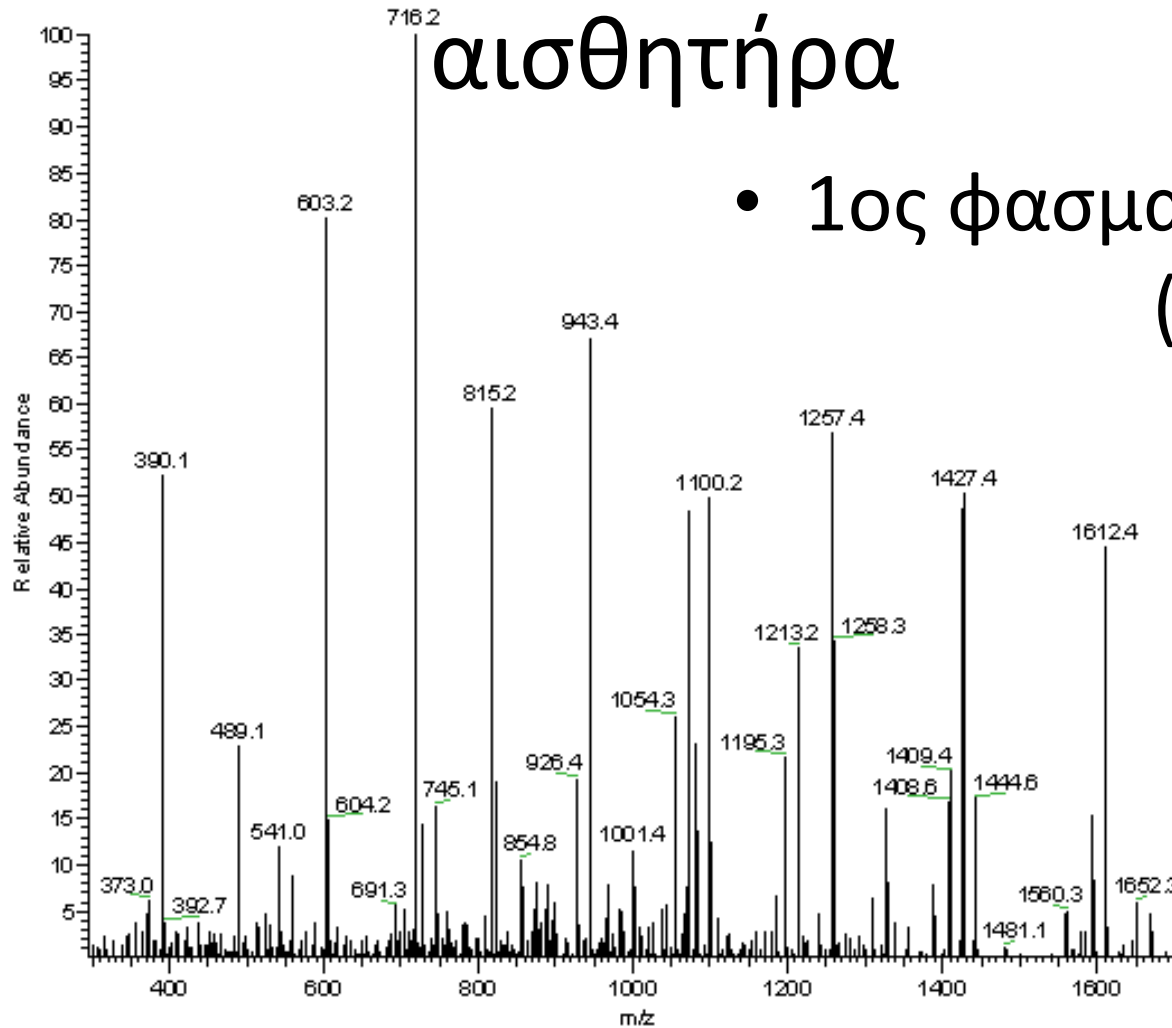


Ιονισμός και μαγνητικός διαχωρισμός των πεπτιδίων



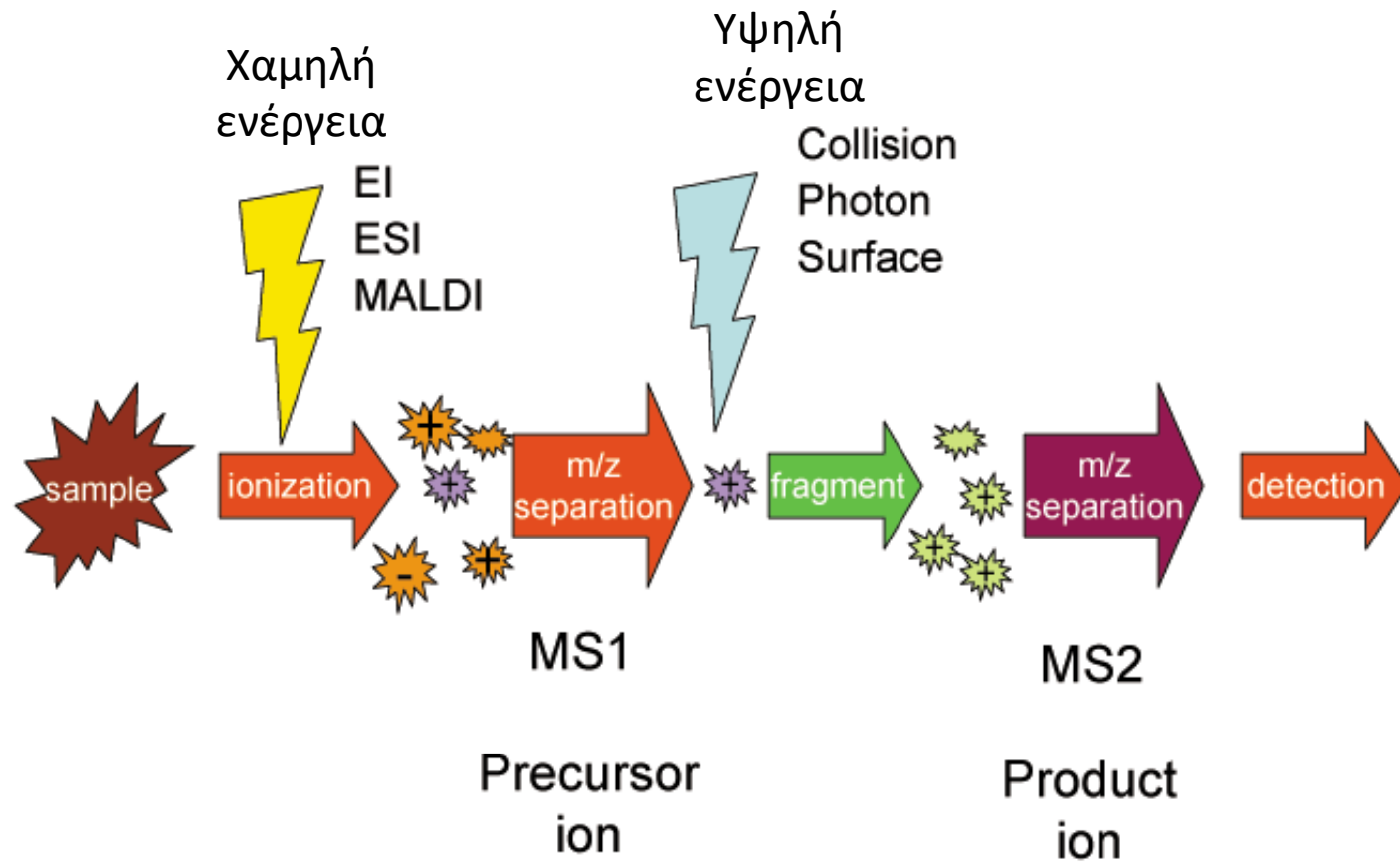
Τα πεπτίδια αναλύονται πάνω στον αισθητήρα

- 1ος φασματοσκόπος (MS)

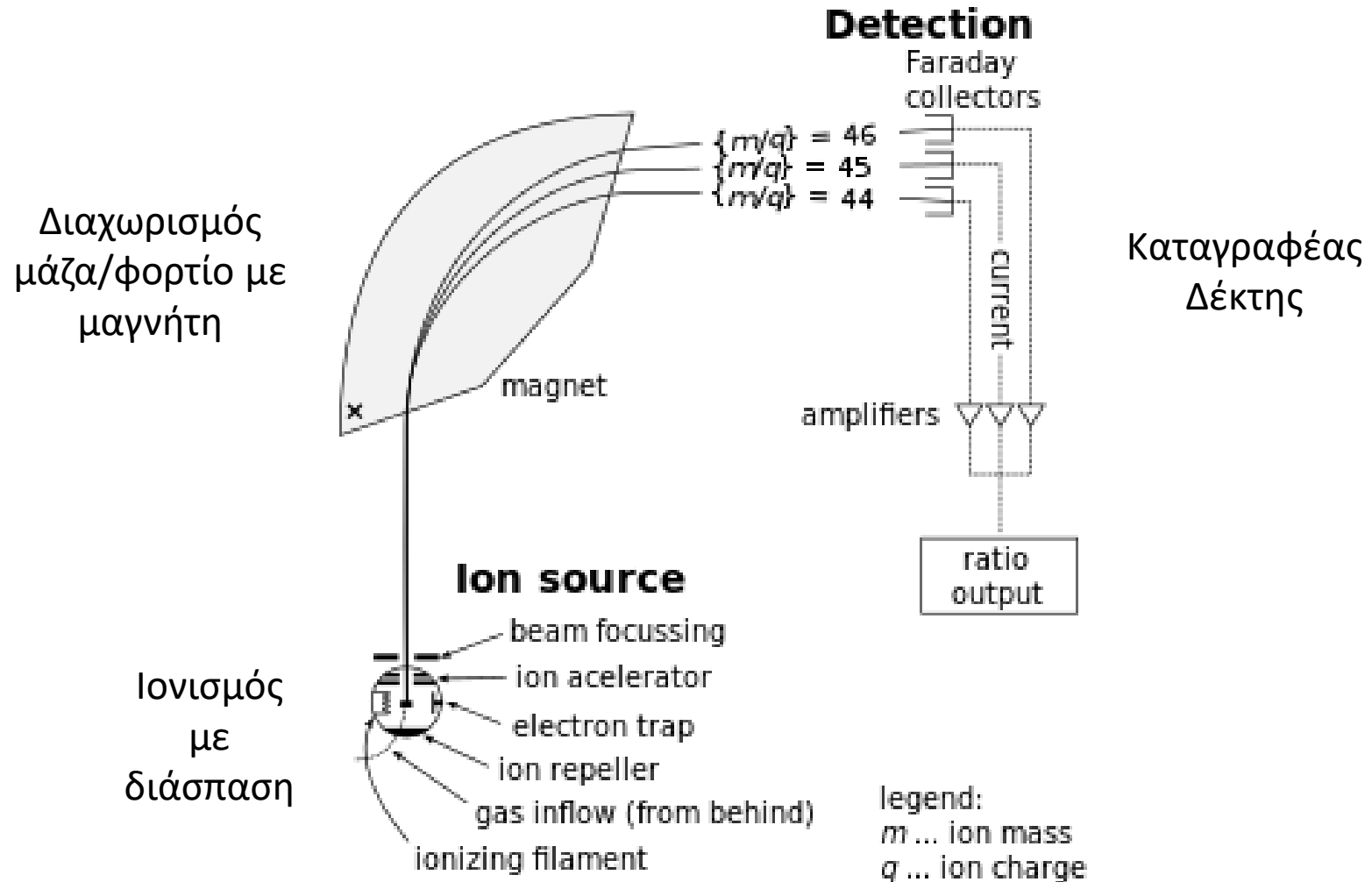


μάζα/φορτίο

Δεύτερος ιονισμός με καταστροφή και μαγνητικός διαχωρισμός των πεπτιδίων

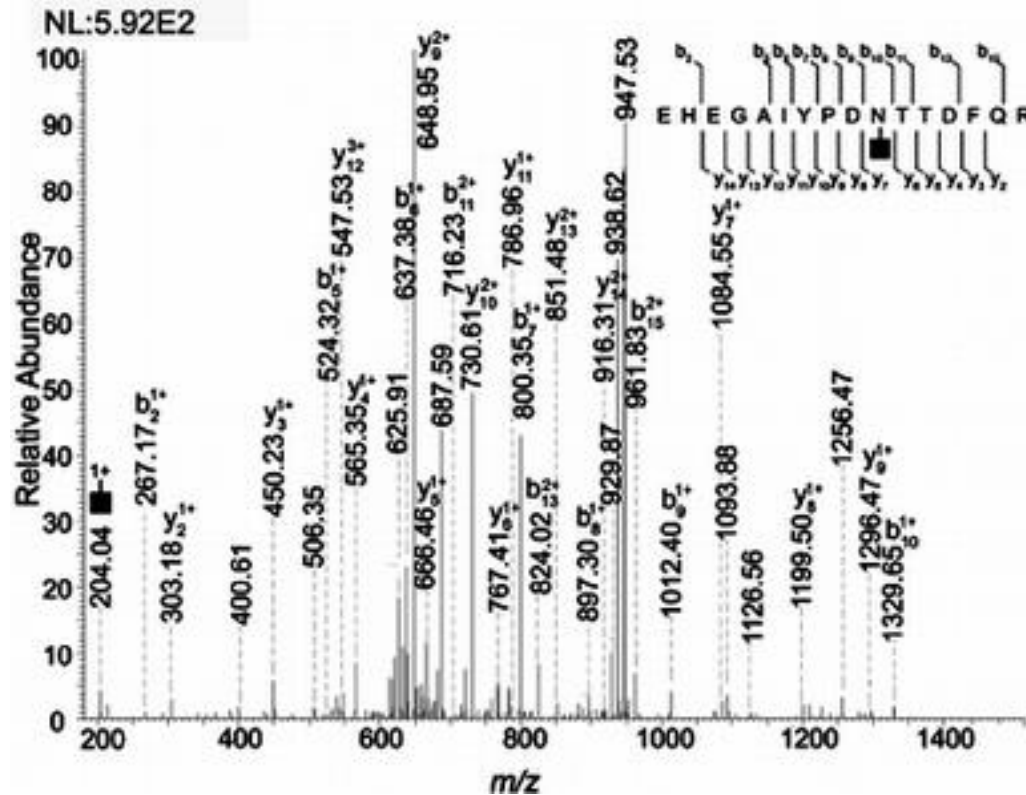


Δεύτερος ιονισμός με καταστροφή και μαγνητικός διαχωρισμός των πεπτιδίων



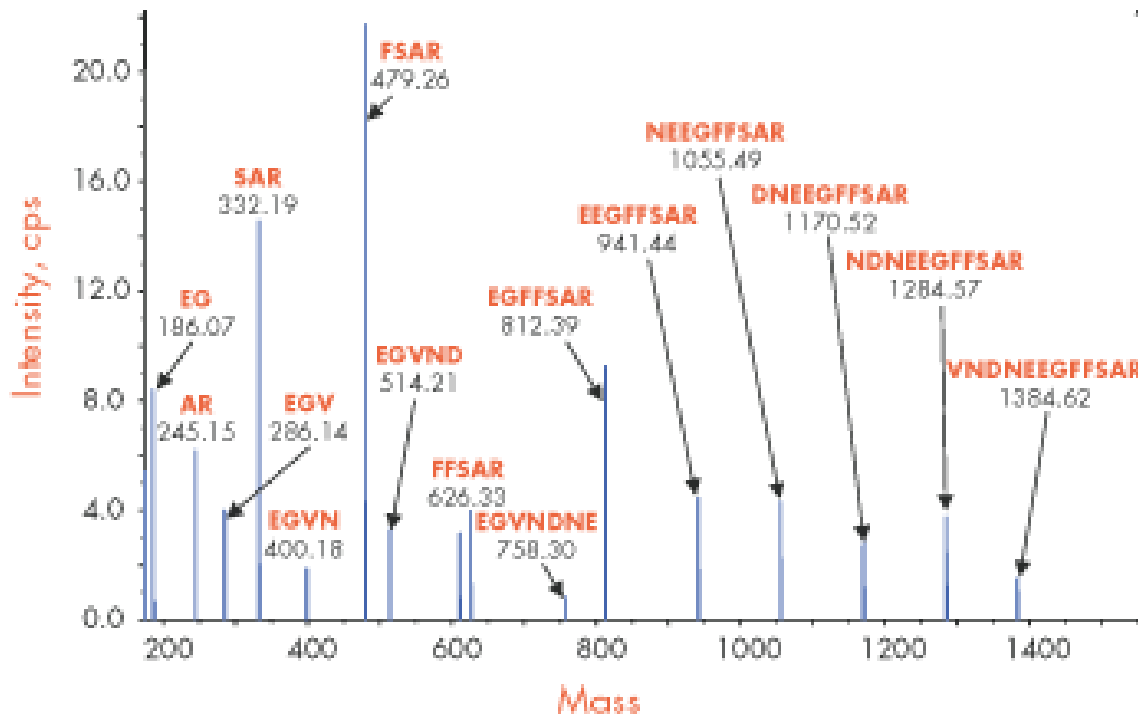
Ανάλυση των κατακερματισμένων πεπτιδίων δίνει μια υπογραφή

- 2ο MS



Μετά το δεύτερο MS μπορώ να αντιστοιχίσω την κορυφή με συγκεκριμένη αλληλουχία αμινοξέων

- 1ο MS με σημείωση των πεπτιδικών αλληλουχιών από το 2^ο MS



First mass spectrometry diagnostic approved in US

The US Food and Drug Administration in August approved its first mass spectrometry (MS) diagnostic for clinical microbiology use. The VITEK MS, manufactured by the French multinational bioMérieux, based in Marcy-l'Etoile, uses matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight MS to **analyze the proteins of microorganisms** and compare them to its vast database of signature profiles. In conventional microbial identification, microbes isolated from patients are subjected to more expensive and slower biochemical and molecular assays before clinicians can act on the information. Given a pure culture of a bacterium or fungus, the VITEK MS **can pinpoint its identity at the species level in minutes**, with the ability to perform nearly 200 tests at once. The platform is already approved for use in Europe and other countries, but was finally cleared in the US

Γονιδιωματική

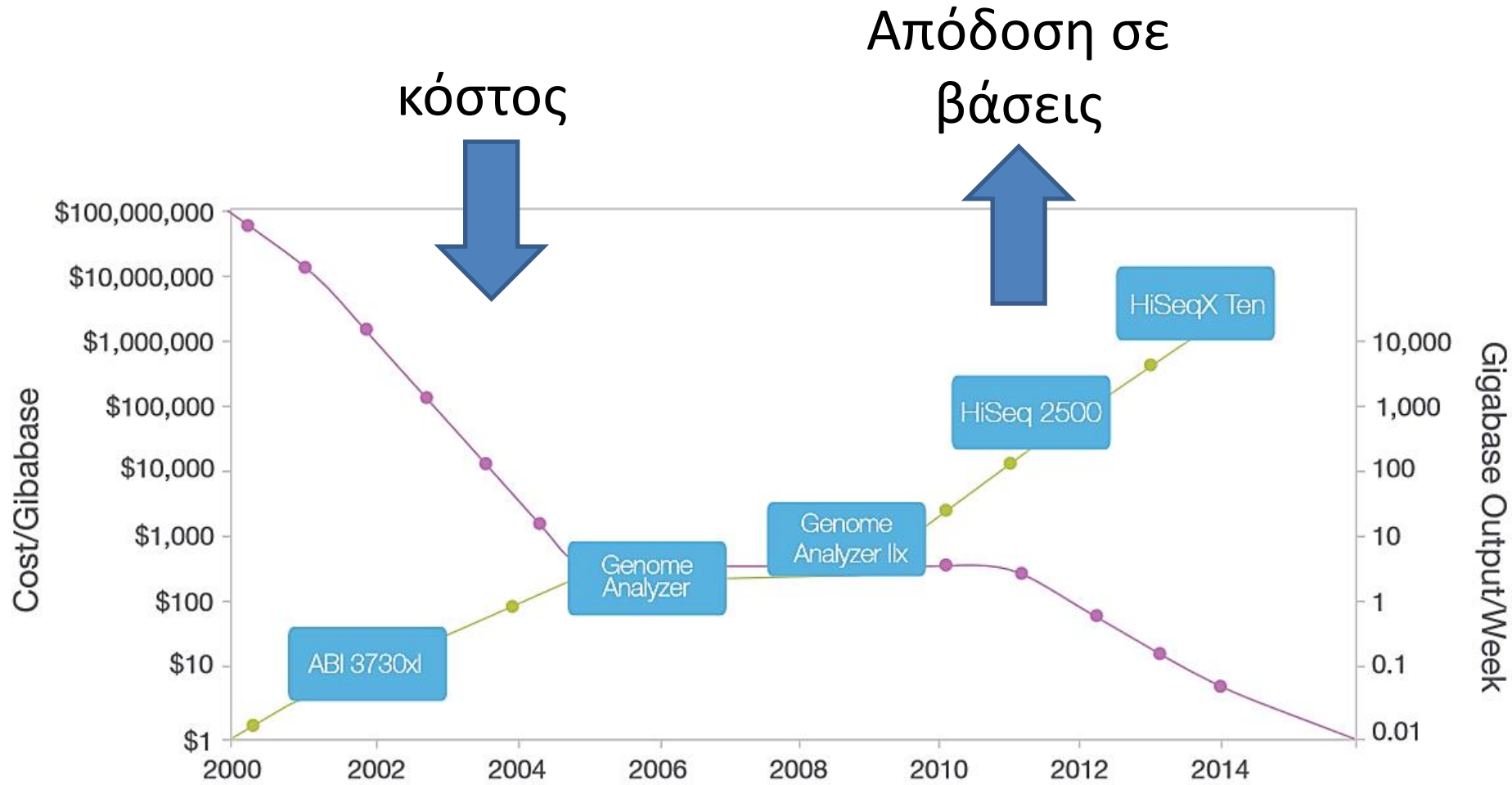
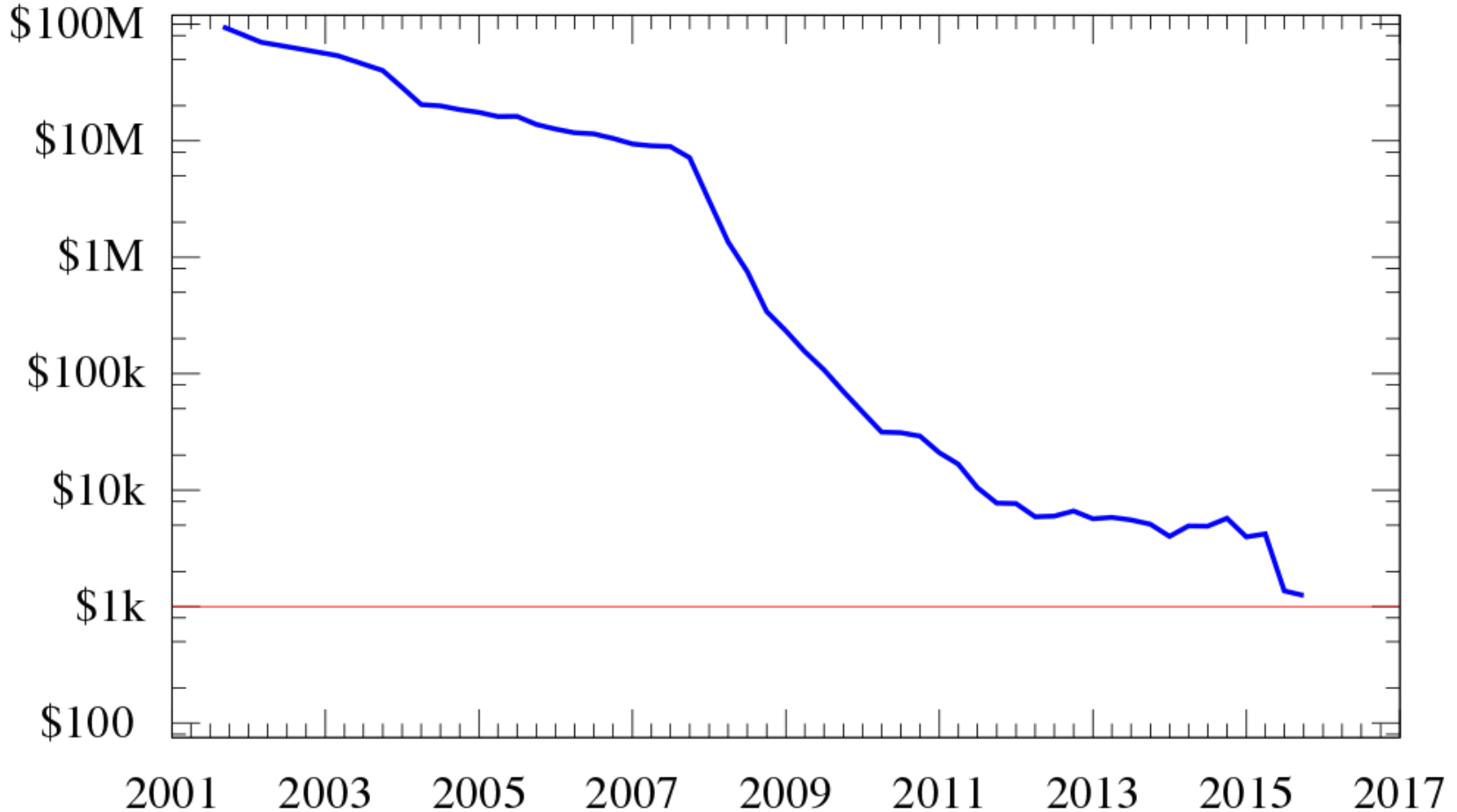


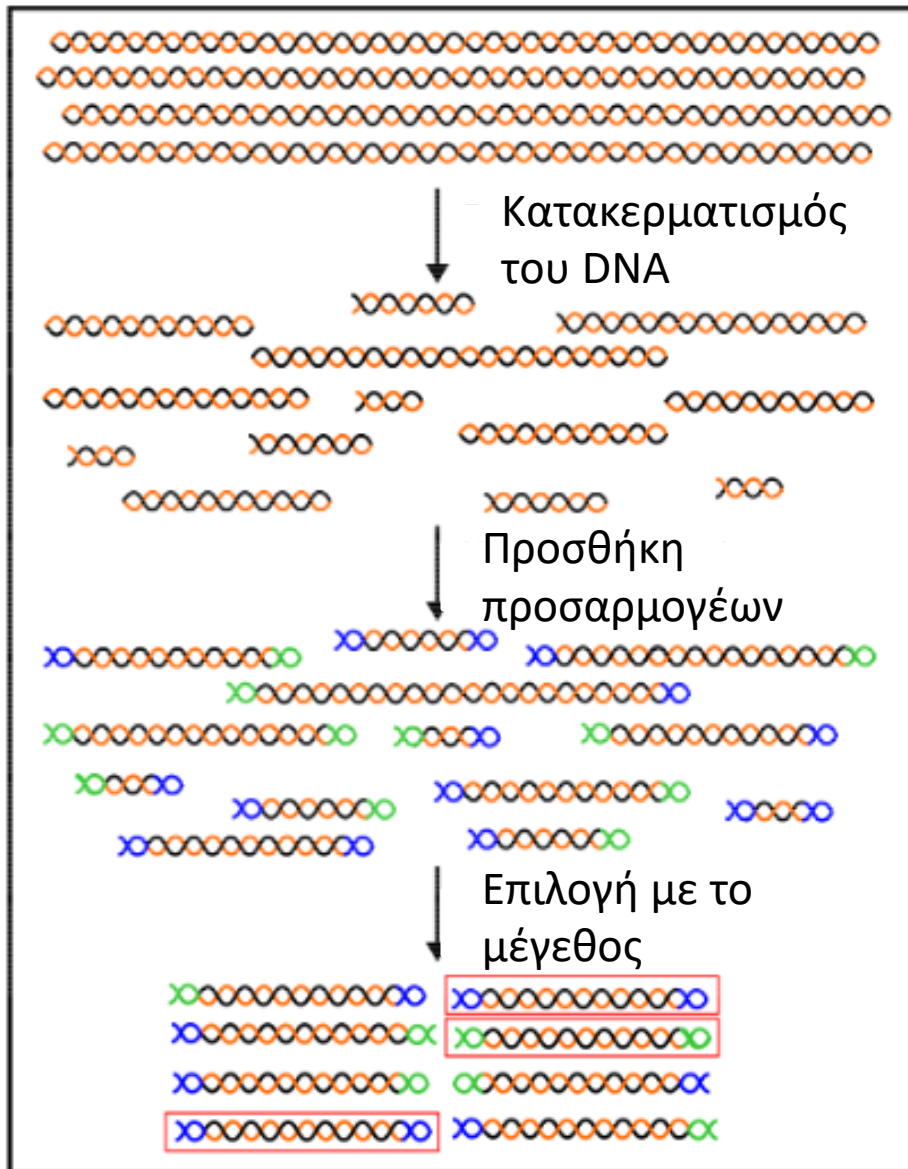
Figure 1: Sequencing Cost and Data Output Since 2000—The dramatic rise of data output and concurrent falling cost of sequencing since 2000. The Y-axes on both sides of the graph are logarithmic.

Κοντά στα 1000\$ ανά γονιδίωμα

Cost to sequence a human genome (USD)



Αρχή λειτουργίας

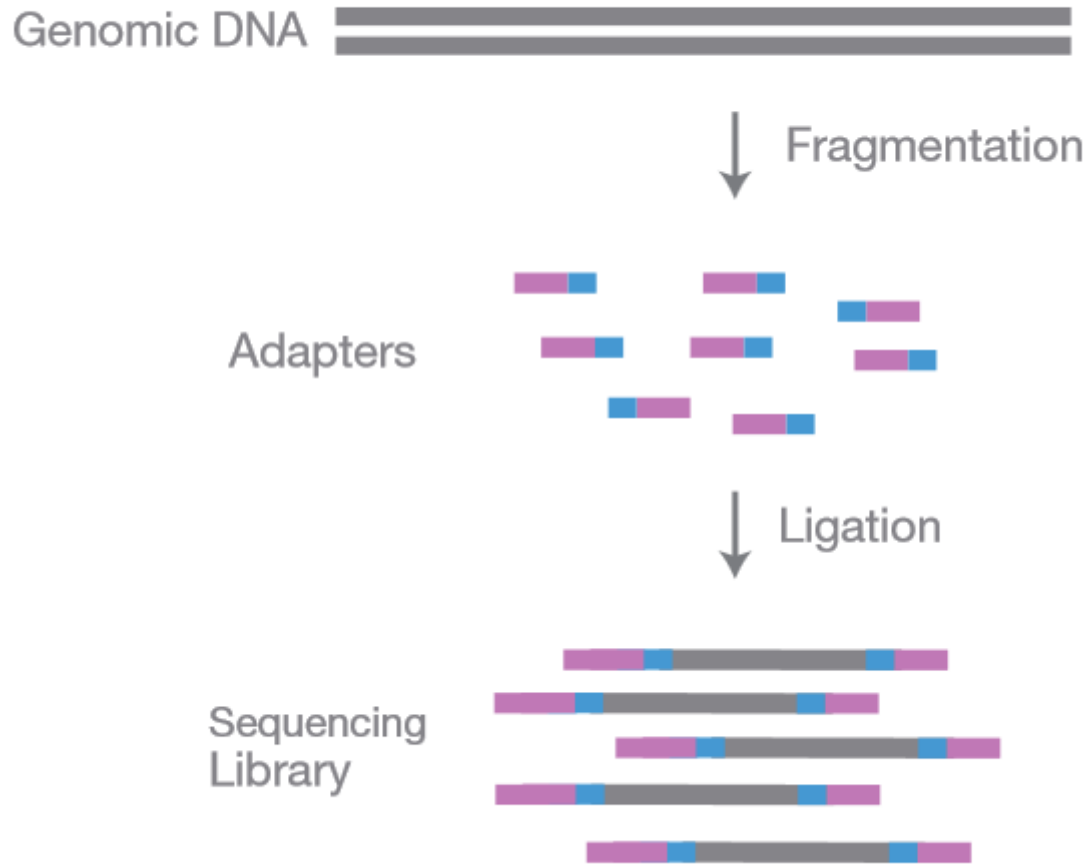


Κατακερματισμός με υπερήχηση

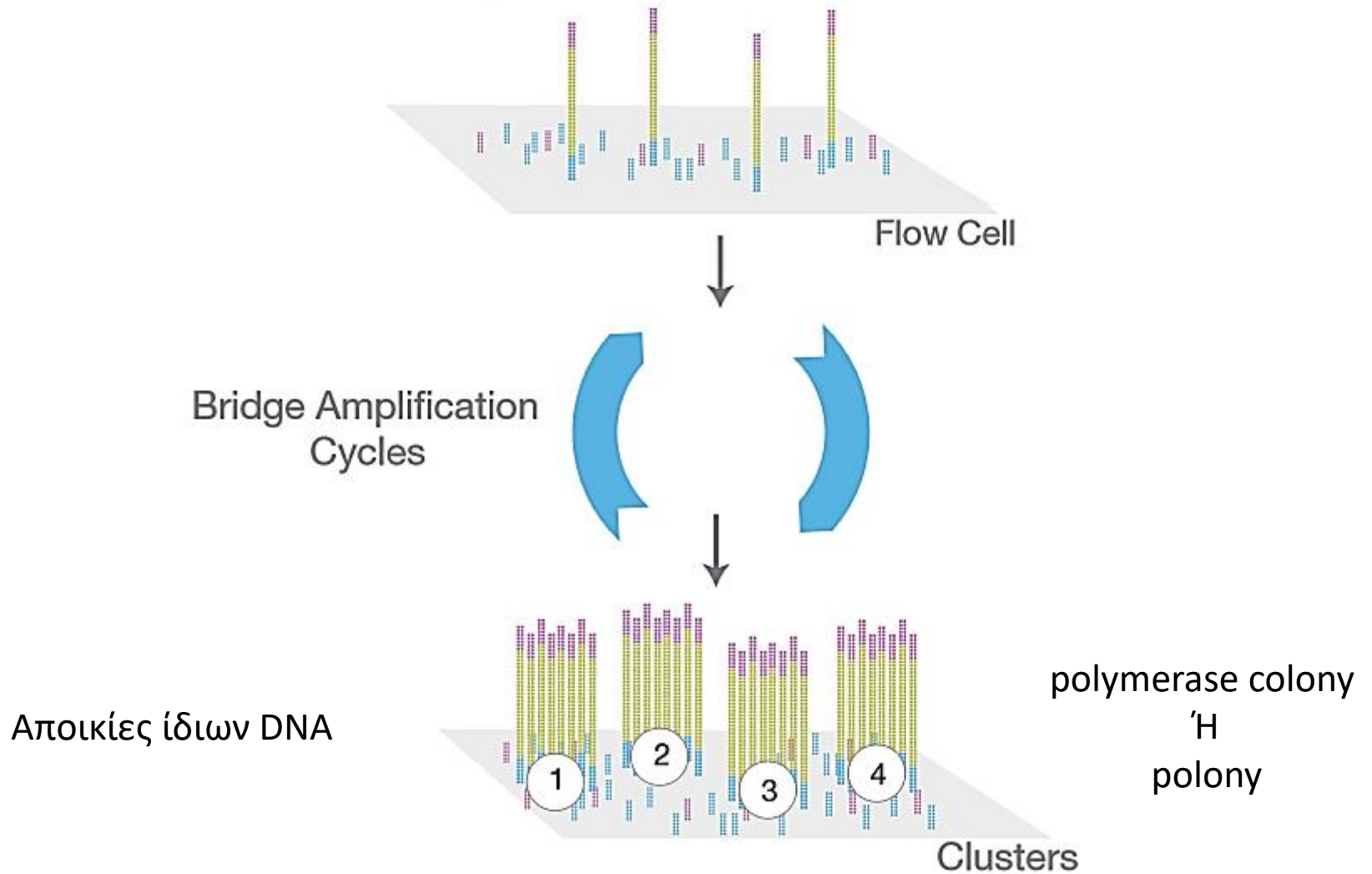


Δημιουργία της Βιβλιοθήκης με μέγεθος βάσει του ορίου διαβάσματος του μηχανήματος

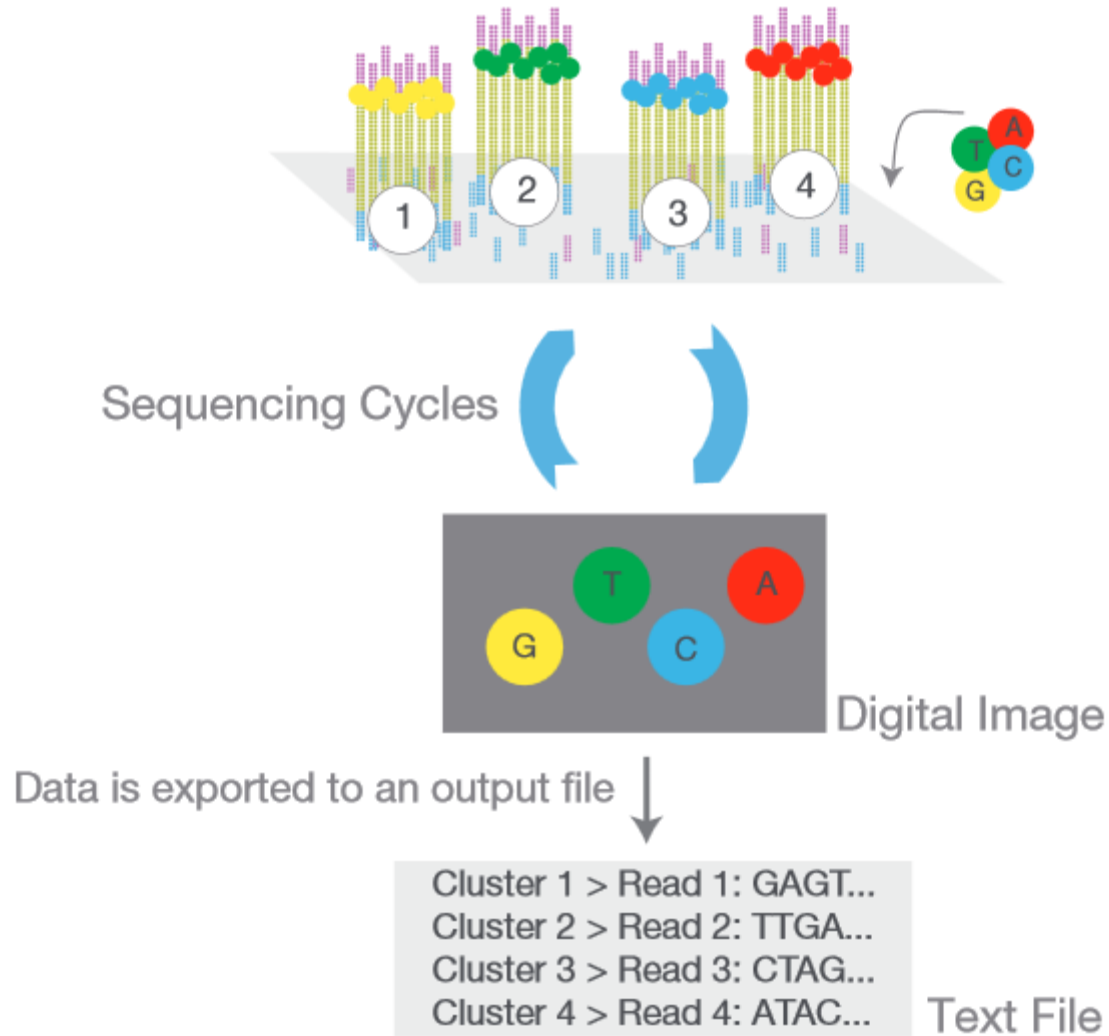
A. Library Preparation



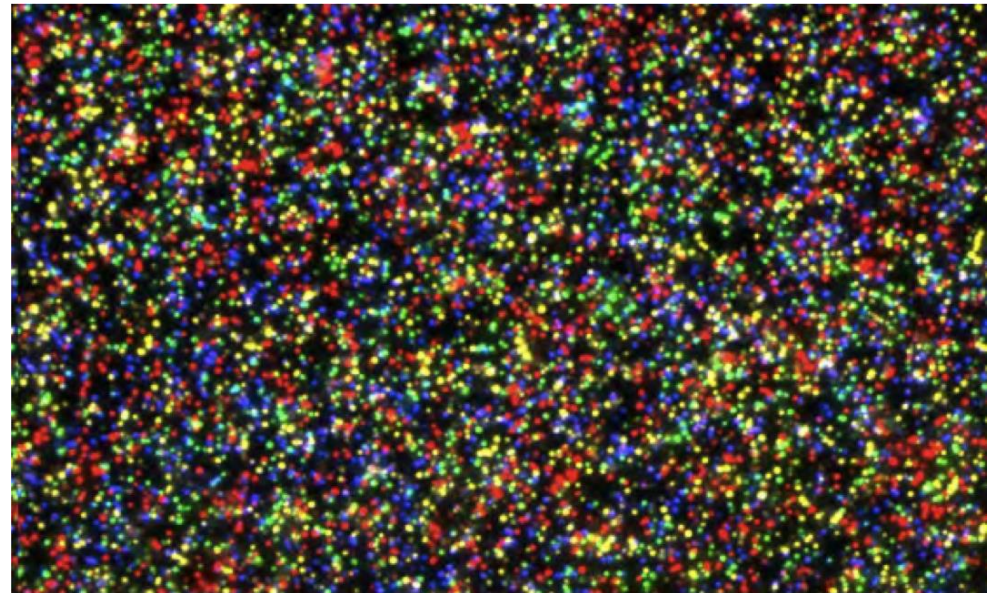
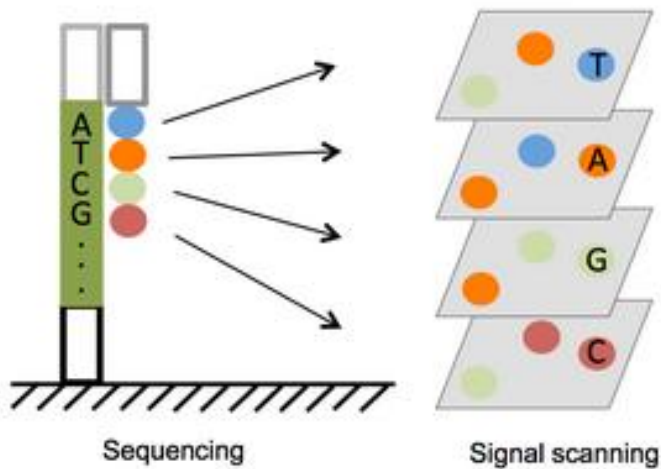
B. Cluster Amplification



C. Sequencing



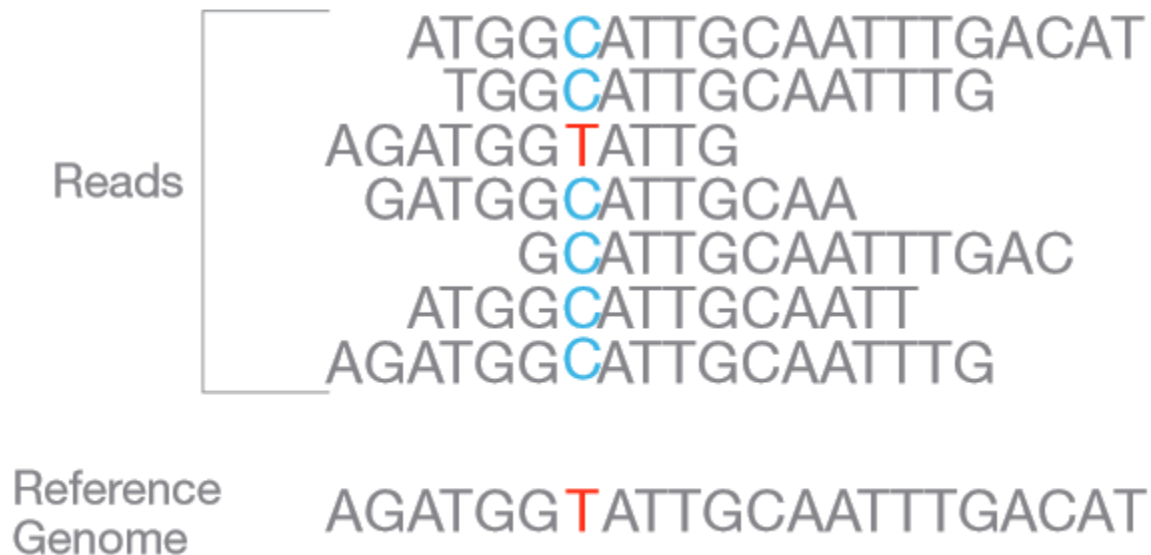
Η κάθε αποικία φωτίζει ανάλογα με το
νουκλεοτίδιο που προστίθεται



Μέρος του chip
όταν λειτουργεί

Στοίχιση των αλληλουχιών

D. Alignment & Data Analysis



Βιοπληροφορική

Βιοπληροφορική στη πρωτεωμική

- Αναζητώντας το πεπτίδιο σε μια βάση δεδομένων μπορώ να το αντιστοιχίσω με την πρωτεΐνη από την οποία προήλθε
- Επίσης το ύψος της κορυφής μου δείχνει τη σχετική ποσότητα ενός πεπτιδίου και άρα μίας πρωτεΐνης (διαφορές στην έκφραση μεταξύ καταστάσεων)



PROTEOME DISCOVERER 1.4

Mass Informatics Platform for Protein Scientists

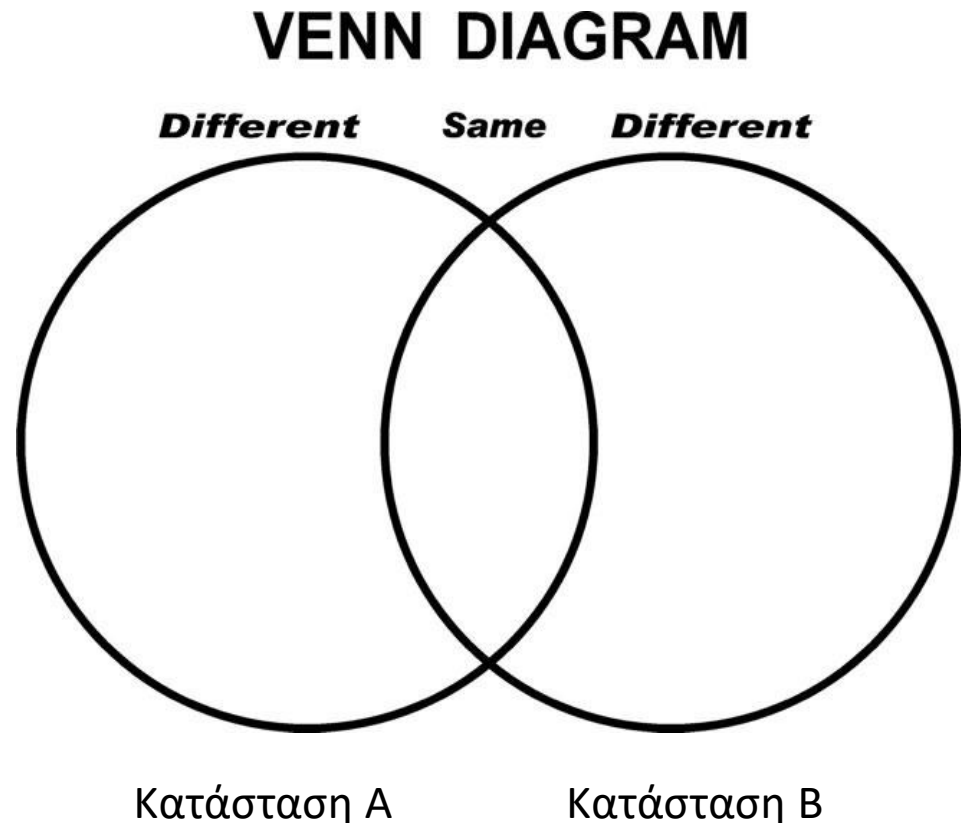
© Copyright 2008 - 2012 Thermo Fisher Scientific Inc.
All rights reserved. This program is protected by copyright
law and international treaties as described in Help About.

Thermo
SCIENTIFIC

Proteins		Peptides	Search Input	Filters	Peptide Confidence	Search Summary	Quantitation Summary							
		Sequence	# Proteins	# Protein Grou	Activation Ty	Modifications	Probabili	XCorr	Quan Info	115/114	116/114	117/114	l	
		rHPEYAVSVLLR	2	1	CID	N-Term(ITR ...	117.79	4.13	Used	1.161	1.055	0.938		
		rHPEYAVSVLLR	2	1	CID	N-Term(ITR ...	112.70	4.45	Used	0.870	0.694	0.875		
		rHPEYAVSVLLR	2	1	CID	N-Term(ITR ...	107.01	4.89	Used	0.865	0.949	1.212		
		rHPEYAVSVLLR	2	1	CID	N-Term(ITR ...	100.08	4.79	Used	0.711	0.926	0.743		
		rHPEYAVSVLLR	2	1	CID	N-Term(ITR ...	96.08	2.88	Used	1.104	1.062	1.421		
		KVPQVSTPTLVEVSR	2	1	CID	N-Term(ITR ...	93.71	4.55	Used	0.917	0.849	1.038		
		IVVSTQTALA	2	1	CID	N-Term(ITR ...	84.09	2.13	Used	1.321	1.563	1.886		
		KVPQVSTPTLVEVSR	2	1	CID	N-Term(ITR ...	84.07	4.96	Used	0.948	1.035	0.924		
		hPEYAVSVLLR	2	1	CID	N-Term(ITR ...	83.09	4.34	Used	1.094	1.492	1.201		
		hPEYAVSVLLR	2	1	CID	N-Term(ITR ...	76.57	3.98	Used	1.087	1.323	1.999		
		IVVSTQTALA	2	1	CID	N-Term(ITR ...	75.98	1.59	Used	1.253	1.579	1.810		
		IVVSTQTALA	2	1	CID	N-Term(ITR ...	75.14	1.45	Used	1.582	1.924	1.876		
		IVVSTQTALA	2	1	CID	N-Term(ITR ...	74.81	1.67	Used	1.449	1.373	1.048		
		kQTALVELLK	2	1	CID	N-Term(ITR ...	65.95	4.23	Used	0.638	0.996	0.714		
		rHPEYAVSVLLR	2	1	CID	N-Term(ITR ...	64.93	4.50	Used	0.976	0.962	0.010		
		fKDLGEEHFk	1	1	CID	N-Term(ITR ...	61.49	2.77	Used	0.591	0.819	0.998		
		fKDLGEEHFk	1	1	CID	N-Term(ITR ...	59.55	2.92	Used	0.708	0.773	1.081		
		qTALVELLK	2	1	CID	N-Term(ITR ...	55.71	2.93	Used	0.861	0.826	0.826		
		IVNELTEFAk	2	1	CID	N-Term(ITR ...	52.99	2.87	Used	0.650	1.087	1.211		
		hLVDEPQNLIK	2	1	CID	N-Term(ITR ...	51.61	3.72	Used	0.832	0.843	0.959		
		hPEYAVSVLLR	2	1	CID	N-Term(ITR ...	49.44	2.99	No Report...					
		qTALVELLK	2	1	CID	N-Term(ITR ...	47.51	2.94	Used	0.898	0.844	0.980		

Βιοπληροφορική στην έκφραση

- Ανάλυση στη διαφορά των επιπέδων
 - Πρωτεϊνών
 - mRNAs
 - Μεταβολιτών
 - κτλ

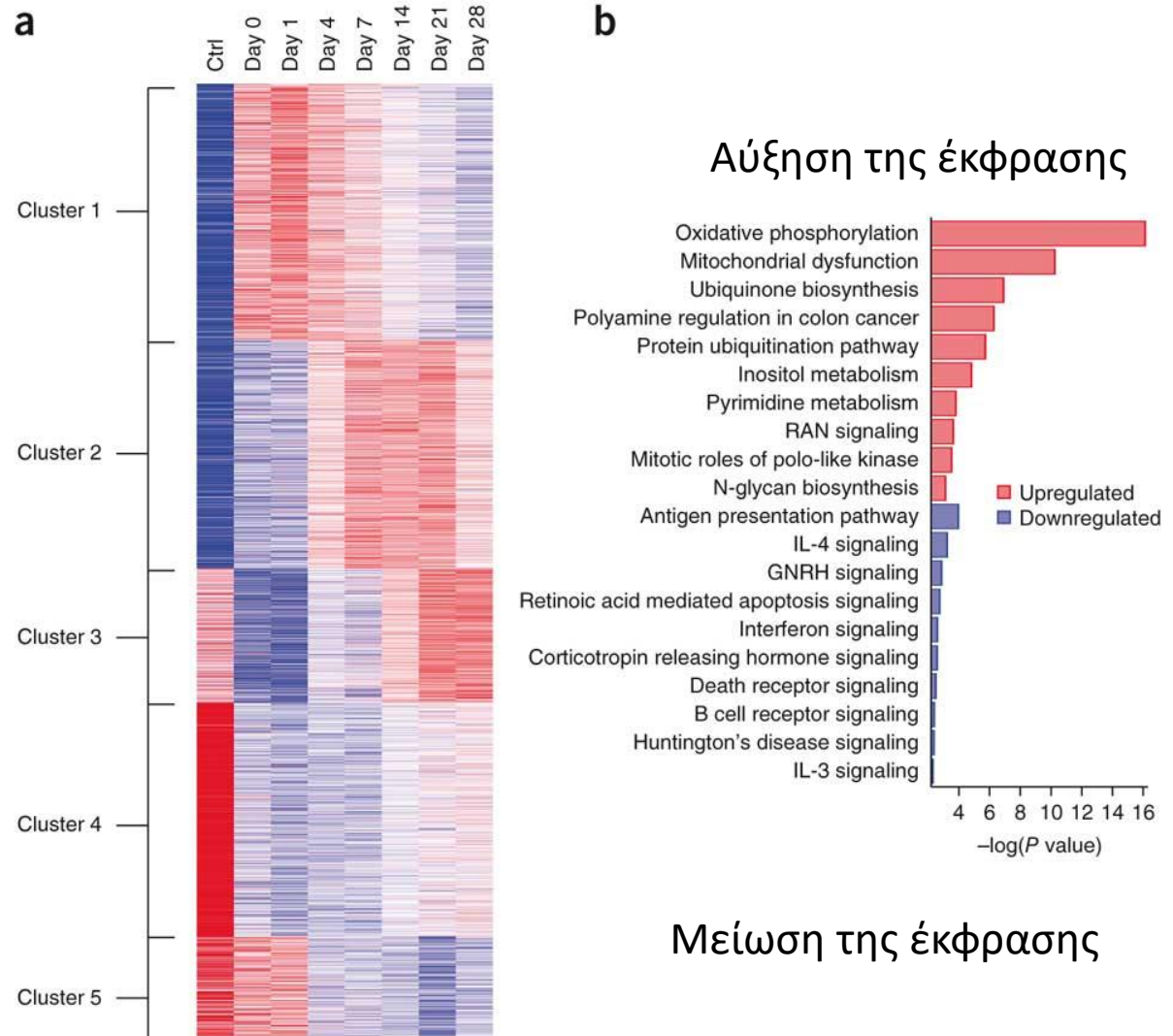


Βιοπληροφορική στην έκφραση

50000 κόκκινα
σποτ vs 50000
πράσινα σποτ

Ανάλυση
διαφορικής
έκφρασης

Γονιδίων και
ομάδων
γονιδίων



Βιοπληροφορική στην έκφραση

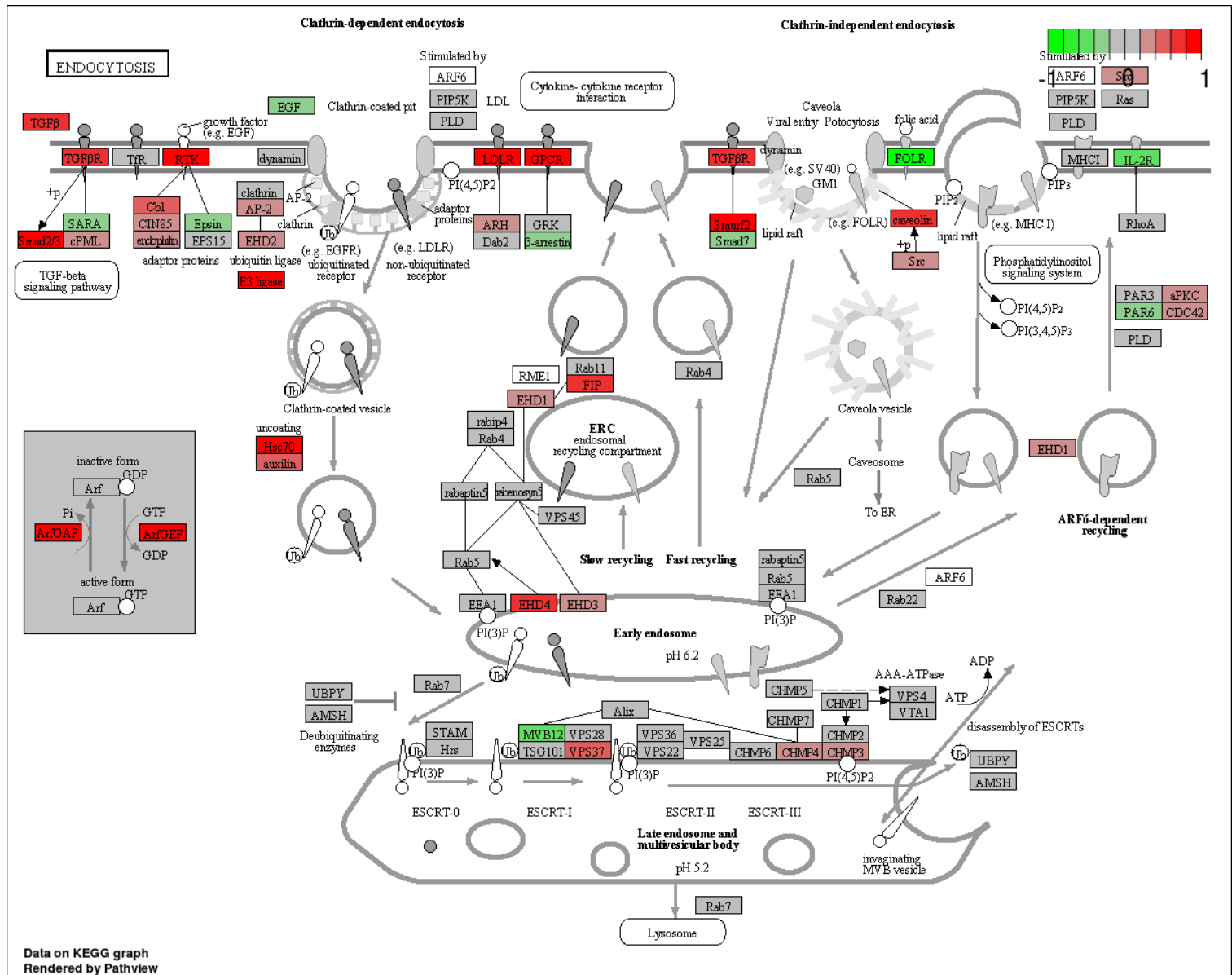


Αύξηση



Μείωση

Τοποθέτηση της διαφορικής έκφρασης σε μονοπάτια



Ολιστική Προσέγγιση

