

**МОЛБА
ЗА ОДОБРАВАЊЕ ТЕМЕ МАСТЕР РАДА**

Молим да ми се одобри израда мастер рада под насловом:

Карактеризација неуређених региона протеина помоћу понављајућих ниски

Значај теме и области:

Протеини су линеарни биолошки макромолекули полимерне природе, чије су основне градивне јединице аминокиселине. Могу се могу посматрати као ниске од двадесет карактера (А, Е, К, Р, ...). Често се дешава да се поједини карактери (амино киселине) понављају у једном протеину два или више пута. У основи постоје два типа ниски које се понављају (поновака): директне или инверзне (палиндромичне). Поновци се могу јавити један до другог (тандем поновци) или бити „разасути“ унутар ниске аминокиселина појединог протеина. Од посебног су значаја исти поновци који се јављају код већег броја протеинских ниски. Протеински аминокиселински ланци могу у простору да формирају уређене, (стабилне) структуре (завојнице или траке), или неуређене (нестабилне) структуре (неуређени региони). Неуређени протеини/протеински региони су предмет интезивних истраживања током протеклих петнаест година. Показано је да су они битни за основне биолошке функције као што су: депонување и обрада информација, пренос сигнала и одржавање основних ћелијских процеса. Поремећај њихове структуре односно функције може да доведе до различитих патолошких стања. Неуређени протеински региони се разликују од уређених по аминокиселинском саставу и ниској сложености (чести поновци аминокиселина). Међутим, до сада нису јасно окарактерисани типови поновака који би били карактеристични за уређене или неуређене регионе протеина. Оваква карактеризација би, између осталог, могла да допринесе бољем предвиђању неуређених региона протеина, односно једноставнијем откривању појединих болести.

Специфични циљ рада:

Циљ рада је формирање модела за карактеризацију уређених/неуређених региона протеина на основу типова поновака који су садржани у њима. Модел ће бити формиран применом класификације и (по потреби) других метода истраживања података на улазни материјал садржан у ДисПрот јавној бази експериментално потврђених неуређених региона протеина. База тренутно броји 694 протеина који припадају различитим организмима, и како садржи репрезентативан материјал из ове области, модел који треба да се развије би био применљив на протеине различитих организама.

Остале битне информације:

Литература:

- 1) Peter Tompa, Structure and Function of Intrinsically Disordered Proteins. Chapman and Hall/CRC, (2009).
- 2) Andrey V. Kajava, Proteins with Repeated Sequence—Structural Prediction and Modeling. J. of Struct. Biol., 134, 132–144, (2001).

Тијана Костић, 1155/2014, Информатика
(име и презиме студ., бр. инд., ознака програма и модула)

Сагласан ментор Ненад Митић

08.06.2016.
(датум подношења молбе)

Чланови комисије

1. Гордана Павловић-Лажетић
2. Милош Бељански (ИОФХ)

Катедра за Рачунарство и информатику је сагласна са предложеном темом.

(шеф катедре)

(датум одобравања молбе)