



Proteomforskning og Systembiologi

Emøke Bendixen
ebx@mb.au.dk



Øvrige medarbejdere: 1 post doc, 1 TAP, 3 ph.d.-studerende

Molekylærbiologi: Ja
Molekylær medicin: Ja
Bioteknologi: Ja

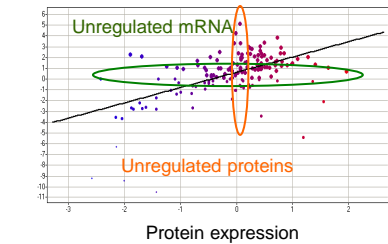
Baggrund:

Beskrivelsen af cellers og organismers protein expression (Proteomics) er et vigtigt led i forståelsen af biologiske systemer og mekanismer. De seneste års udvikling af massepektrometri har åbnet for en langt mere detaljeret beskrivelse af cellers og organismers proteinregulering end de klassiske biokemiske metoder tillader, og vi kan i dag anvende en systembiologisk tilgang i biologisk og medicinsk forskning, hvor viden om proteinregulering kan sammenholdes med viden om genetisk og phenotypisk variation.

En systembiologisk tilgang er især væsentlig for at forstå biologiske mekanismer der ligger til grund for sygdomsbehandling, fødevarereproduktion og miljøproblemer.

Vores forskning har fokus på udvikling og brug af metoder og teknologi til proteom beskrivelser. Vi arbejder med en lang række modelorganismer og bruger bioinformatiske metoder til at relatere proteom-information til genomisk viden. Mange af vores projekter undersøger proteomer i husdyr, både for at skabe viden og løsninger i fødevarereproduktionen, og for at udvikle bedre dyremodeller til human-medicinsk forskning.

mRNA-expression



Figur 1: viser korrelation af 247 gen-og protein pars relative udtryk i muskelceller. Billedet er taget fra beskrivelsen af en svine-model der er relevant i undersøgelsen af human fedme- og stofskifte biologi.

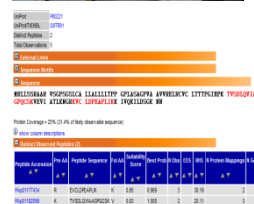
Teknologier:

Vi bruger primært følgende teknologier og redskaber i proteomlaboratoriet:

- Protein præparation:** Herunder homogenisering, affinitetskromatografi, SDS-page, differentiell centrifugering, proteolyse, peptid-analyser, HPLC.
- Massespektrometri:**aldi-TOF/TOF til peptid- og protein analyser. LC-MS/MS til kvantitative og deskriptive analyser af meget komplekse vævsprøvers (global proteomics). Q-trap teknologi til absolut kvantificering og verificering af biomarkører (target-analyser).
- Systembiologi:** Da projekterne typisk har en systembiologisk tilgang arbejder vi i tæt samspil med laboratorier der fokuserer på genomanalyser, genexpression, metagenom analyser, cellebiologi og mikrobiologi.
- Bioinformatik:** Er en meget væsentlig del af vores forskning. Vi bruger og udvikler scripts til transformation, korrelation og tolkning af proteom- og genom data, samt opbygning af databaser der muliggør avanceret data-analyse.



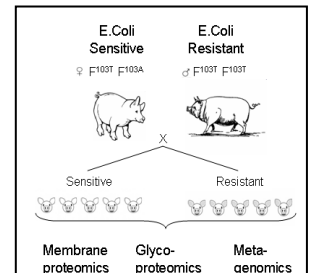
PeptideAtlas



Projekter:

Efter diskussion med den enkelte studerende kan vi sammen planlægge et passende masterprojekt indenfor laboratoriets aktuelle projekter. Disse omfatter aktuelt

- Svinemodeller for fedme og stofskifteregulering i mennesker.
- Genetisk betinget variation i molekylære mekanismer i omsætning af lægemidler (leverens detox-mekanismer).
- Beskrivelse af mave- tarm-bakteriers enzymssystemer til omsætning af cellulose (papiraffald) til bioethanol.
- Genetisk betinget resistens mod E.coli infektion i svin.
- Tarmbakteriers betydning for fedme og stofskiftesygdomme i svin og mennesker.
- Mekanismer i sårheling hos heste.



Publikationer:

[A Bovine PeptideAtlas of milk and mammary gland proteomes.](#) Bislev SL, Deutsch EW, Sun Z, Farrah T, Aebersold R, Moritz RL, Bendixen E, Codrea MC. Proteomics. 2012 Jul 26.

[Quantotypic properties of QconCAT peptides targeting bovine host response to Streptococcus uberis.](#) Bislev SL, Kusebauch U, Codrea MC, Beynon RJ, Harman VM, Røntved CM, Aebersold R, Moritz RL, Bendixen E. J Proteome Res. 2012 Mar 2;11(3):1832-43.

[Advances in porcine genomics and proteomics—a toolbox for developing the pig as a model organism for molecular biomedical research.](#) Bendixen E, Danielsen M, Larsen K, Bendixen C. Brief Funct Genomics. 2010 May;9(3):208-19. (Review).

<http://mbg.au.dk/emoke-bendixen/>