

**DOKTORAND:** Trung Tran  
**GRAD:** Philosophiae doctor  
**FAKULTET:** Det matematisk-naturvitenskapelige fakultet  
**INSTITUTT:** Biovitenskap  
**FAGOMRÅDE:** Proteomics  
**VEILEDERE:** Bernd Thiede – Fahri Saatcioglu  
**DISPUTASDATO:** 07. September 2018

**AVHANDLINGENS** *Quantitative proteome analyses of phosphorylated*  
**TITTEL:** *proteins and alternative splice variants in human cell*  
*lines and urine*

Doktorgradskandidat MSc Trung Tran ved Institutt for biovitenskap har arbeidet intensivt med å utvikle metoder for å studere phosphorylation i menneskets celler og urinprøver av prostatakreftpasienter. Han har etablert en generell protokoll for å reprodusere og identifisere phosphopeptider (peptider med ytterligere fosfatgruppe(r) på) i prøver med forskjellig kompleksitet. Flere tusen phosphopeptider kunne identifiseres i menneskets celler. Ved bruk av 1 ml urin fra pasienter med prostatakreft ble hundrevis av phosphopeptider identifisert repetitivt/gjentatte ganger, mens de fleste andre studier har brukte rundt 50 ml. Disse resultatene har avdekket effektiviteten av denne protokollen. Denne protokollen er relativt enkelt å implementere på en stor skala og har blitt implementert på proteomikkernheten ved Institutt for biovitenskap.

To egendefinerte/tilpassede databaser er også utviklet for å identifisere peptider som er spesielt rettet mot alternative spleisvarianter som vil bidra til å identifisere og studere mangfoldet av proteiner gjennom alternativ spleising. Disse databasene gir eksperimentelle data for å bevise eksistensen av forskjellige alternative spleisvarianter som genererer forskjellige former for proteiner. I tillegg kan databasene enkelt implementeres i generell proteomics arbeidsflyt. Trung har også etablert en topunks kvantifiseringsmetode for å fastslå absolutte mengden av målrettede peptider, en slik metode gir bedre kvalitetskontroll enn den tradisjonelle ettpunks kvantifiseringsmetoden. Denne metoden er betydelig billigere sammenlignet med den vanlige en punkts kvantifiseringsmetoden hvor AQUA-peptider brukes. Derfor kan det praktisk talt brukes for absolutt kvantifisering av flere proteiner.