



Plano de Atividades Domiciliares ADE

Unidade Curricular: Proteômica		
Professor: André Zelanis Palitot Pereira		Contato: andre.zelanis@unifesp.br Horário da UC: terças e sextas; 15:30-17:30
Ano Letivo: 2021	Semestre: 2º	Carga horária total: 72h
Turmas: Turma única – alunos do Bacharelado em Biotecnologia Código da turma no <i>Google classroom</i> : xfeid3y Link no <i>google meet</i> : será divulgado antes de cada aula		
Plataforma de acesso ao curso: Google classroom: disponibilização de conteúdo teórico-prático (todas as aulas serão gravadas e o link disponibilizado aos alunos no dia anterior a aula); os slides referentes às aulas, bem como o material de apoio será disponibilizado na mesma plataforma, no formato (pdf). Google meet: para atividades síncronas (reuniões com os alunos, plantão de dúvidas, resolução de exercícios) Loom (https://www.loom.com/): plataforma a ser utilizada para gravação das aulas assíncronas e posterior divulgação aos alunos		
Objetivos (remoto): Espera-se que ao final deste curso o aluno seja capaz de entender a importância da proteômica como ciência e da espectrometria de massas como estratégia analítica no entendimento da complexidade dos mais diversos processos biológicos, bem como da heterogeneidade estrutural inerente às proteínas eucarióticas. Especificamente, objetiva-se proporcionar o entendimento de como evoluíram as metodologias de análises de proteínas desde a técnica desenvolvida por Frederick Sanger à utilização de espectrometria de massas para o sequenciamento de peptídeos/proteínas; Discutir os princípios básicos relacionados às propriedades físico-química dos aminoácidos, que permitem a sua análise por espectrometria de massas; Abordar, de forma introdutória, o funcionamento de um espectrômetro de massas e a suas aplicações em proteômica; Introduzir o conceito de análises “ômicas” (de larga escala) e reconhecer sua importância na ciência atual; Familiarizar-se com as principais plataformas bioinformáticas de análise de dados proteômicos de larga-escala.		



Conteúdo Programático e Cronograma

Estima-se que cada tópico relacionado abaixo seja desenvolvido em 8h, perfazendo 72h totais. Cumpre salientar que, dada a natureza dinâmica de algumas das atividades, o tempo estimado para cada tópico pode sofrer variação sem que o desenvolvimento da UC sofra qualquer prejuízo.

1. Aspectos introdutórios a química de proteínas e análise de compostos orgânicos em fase gasosa.
2. Introdução à separação de biomoléculas para análise por espectrometria de massas. Principais plataformas bioinformáticas de análise proteômica e de modificações pós-traducionais de proteínas.
3. Espectrometria de massas. MS/MS.
4. Exemplos e aplicações de análise proteômica.
5. Preparação de amostras.
6. Digestão *in gel* e “proteômica *shotgun*”.
7. Proteômica quantitativa (*label-based* e *label-free*).
8. Preparo de amostras para espectrometria de massas.
9. Aquisição e análise bioinformática de dados em proteômica.

Metodologia de Ensino Utilizada:

Aulas assíncronas (videoaulas) e síncronas (apresentação de casos para estudo, plantão de dúvidas e apresentação de seminários pelos alunos). As videoaulas serão gravadas e, um dia antes de cada aula, os alunos receberão um *link* de acesso ao conteúdo, que poderá tanto ser baixado e armazenado pelo estudante, quanto assistido *on-line*. Para as atividades síncronas, os estudantes efetuarão login no *google meet* utilizando seus respectivos e-mails institucionais. Todas as atividades síncronas serão gravadas e disponibilizadas pelo professor na plataforma *google classroom*. As atividades práticas a serem apresentadas em aula terão prazos semanais de entrega por parte dos alunos.

Metodologia de Avaliação

A avaliação consistirá na resolução de exercícios propostos em aula, a serem entregues pelos alunos, bem como de duas provas *on-line*, a serem realizadas no período de 48h. As atividades deverão ser submetidas e armazenadas na plataforma *google classroom*. As atividades práticas (exercícios propostos em aula) terão prazo de uma semana para serem entregues³

[. O conceito “cumprido” será atribuído aos alunos(as) que apresentarem estas as atividades alinhadas com os principais tópicos discutidos durante as aulas. Considerar-se-



ão aprovados os estudantes que entregarem todas as atividades (exercícios) e o trabalho final, ambos com nota ≥ 6.0 .

Bibliografia básica e complementar para uso remoto:

Básica:

1. ARDREY, R.E. Liquid chromatography – Mass spectrometry: An introduction. John Wiley & Sons, 2003.
2. KANNICHT, C. Post translational modifications of proteins – tools for functional proteomics. Humana Press, 2002.
3. KINTER, M.; SHERMAN, N.E. Protein sequencing and identification using tandem mass spectrometry. John Wiley & Sons, 2000.

Complementar:

1. TWYMAN, R.M. Principles of Proteomics. Taylor & Francis Group, 2007.
2. WESTERMEIER, R.; NAVEN, T. Proteomics in Practice: a laboratory manual of proteome analysis. Darmstadt-German, Wiley-VCH Verlag-GmbH Press, 2002.
3. Bischoff, R., Schlüter, H. Amino acids: chemistry, functionality and selected non-enzymatic post translational modifications. J. Proteomics 75:2275-96, 2012.
4. Cottrell, J.S. Protein identification using MS/MS data. J. Proteomics 74:1842-51, 2011.
5. Artigos a serem entregues durante as aulas.

Programas (livres) a serem utilizados nas atividades didáticas:

R-studio: <https://rstudio.com/>

R: <https://www.r-project.org/>

Cytoscape: <https://cytoscape.org/>