

Campus: São José dos Campos		
Curso (s): Bacharelado em Ciência e Tecnologia/Bacharelado em Biotecnologia		
Unidade Curricular (UC): Proteômica		
Unidade Curricular (UC): <i>Proteomics (inglês)</i>		
Unidade Curricular (UC): <i>Proteômica (espanhol)</i>		
Código da UC: 5860		
Docente Responsável/Departamento: André Zelanis/ Ciência e Tecnologia		Contato (e-mail): <i>andre.zelanis@unifesp.br</i>
Docente (s) Colaborador/a (es/as)/Departamento (s):		Contato (e-mail): [opcional]
Ano letivo: 2022	Termo: 6	Turno: Integral
Nome do Grupo/Módulo/Eixo da UC (se houver):		Idioma predominante em que a UC será oferecida: <input checked="" type="checkbox"/> Português <input type="checkbox"/> English <input type="checkbox"/> Español <input type="checkbox"/> Français <input type="checkbox"/> Libras <input type="checkbox"/> Outro:
UC: <input type="checkbox"/> Fixa BBT <input checked="" type="checkbox"/> Eletiva <input type="checkbox"/> Optativa	Oferecida como: <input checked="" type="checkbox"/> Disciplina <input type="checkbox"/> Módulo <input type="checkbox"/> Estágio <input type="checkbox"/> Outro:	Oferta da UC: <input checked="" type="checkbox"/> Semestral <input type="checkbox"/> Anual
Ambiente Virtual de Aprendizagem: <input type="checkbox"/> Moodle <input checked="" type="checkbox"/> Classroom <input type="checkbox"/> Outro: <input type="checkbox"/> Não se aplica		
Pré-Requisito (s) - Indicar Código e Nome (s) da (s) UC: 5372 e 5760		
Carga horária total (em horas): 72h		
Carga horária teórica (em horas): 72	Carga horária prática (em horas): 0	Carga horária de extensão (em horas, se houver):
Se houver atividades de extensão, indicar código e nome do projeto ou programa vinculado na Pró-Reitoria de Extensão e Cultura (ProEC):		
Ementa: Métodos analíticos para análise de biomoléculas; cromatografia líquida acoplada à espectrometria de massas; análise proteômica <i>shotgun</i> e <i>top down</i> ; bancos de dados em proteômica; bioinformática aplicada à proteômica; proteômica quantitativa; sequenciamento de novo; modificações pós-traducionais		
Conteúdo Programático <ol style="list-style-type: none"> Aspectos introdutórios a química de proteínas e análise de compostos orgânicos em fase gasosa. Introdução à separação de biomoléculas para análise por espectrometria de massas. Principais plataformas bioinformáticas de análise proteômica e de modificações pós-traducionais de proteínas. Espectrometria de massas. MS/MS. Exemplos e aplicações de análise proteômica. Preparação de amostras. Digestão <i>in gel</i> e "proteômica <i>shotgun</i>". Proteômica quantitativa (<i>label-based</i> e <i>label-free</i>). Preparo de amostras para espectrometria de massas. Aquisição e análise bioinformática de dados em proteômica 		

Objetivos:

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.

Metodologia de ensino:

Aulas semanais compreendendo a apresentação e discussão do conteúdo, bem como momentos para discussão de dúvidas;

O material a ser apresentado nas aulas (*slides*) e vídeos será disponibilizado aos alunos por meio da plataforma *google classroom*, para suporte constante pelo professor e monitores.

Avaliação:

Três provas (P1 a P3) e seminários (apresentados ao longo do semestre letivo e que contarão como ponto para a cada prova).

Bibliografia:**Básica:**

1. KANNICHT, C. Post translational modifications of proteins – tools for functional proteomics. Humana Press, 2002.
2. KINTER, M.; SHERMAN, N.E. Protein sequencing and identification using tandem mass spectrometry. John Wiley & Sons, 2000
3. Lesk, Arthur M. Introduction to protein science—architecture, function, and genomics. Oxford University Press, USA; 3rd UK ed. 2016.

Complementar:

4. TWYMAN, R.M. Principles of Proteomics. Taylor & Francis Group, 2007.
5. WESTERMEIER, R.; NAVEN, T. Proteomics in Practice: a laboratory manual of proteome analysis. Darmstadt-German, Wiley-VCH Verlag-GmbH Press, 2002.
6. BRANDEN, C.; TOOZE, J. Introduction to Protein Structure, 2nd Ed., Garland,1999.
7. CASS, Quezia. Cromatografia Líquida 1ED. 1st. 2015 392 p.
8. Michael R. Green et al. Molecular Cloning: A Laboratory Manual (Fourth Edition) Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2012.

Programas (livres) a serem utilizados nas atividades didáticas:

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

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

Cronograma: [opcional]