

Nome do Componente Curricular: Proteômica	
Pré-requisitos: Bioquímica Analítica; Introdução à Bioinformática	
Carga Horária Total: 72h	
Carga Horária Prática: 36h	Carga Horária Teórica: 36h
<p>Objetivos</p> <p> Gerais:</p> <p>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.</p> <p>Específicos:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Entender 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. 	
<p>Ementa:</p> <p>Métodos analíticos para análise de biomoléculas; cromatografia líquida acoplada à espectrometria de massas; análise proteômica shotgun e top down; bancos de dados em proteômica; bioinformática aplicada à proteômica; proteômica quantitativa; sequenciamento de novo; modificações pós-traducionais.</p>	
<p>Conteúdo Programático:</p> <p>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. 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.</p>	
<p>Metodologia de Ensino Utilizada:</p> <p>Aulas expositivas e atividades práticas.</p>	
<p>Recursos Instrucionais Necessários:</p> <p>Sala de aula e laboratório com lousa, projetor multimídia e computadores com sistema operacional Windows.</p>	

Critérios de Avaliação:

O sistema de avaliação será definido pelo docente responsável pela UC no início das atividades letivas e divulgado aos alunos. O sistema adotado deve contemplar o processo de ensino e aprendizagem estabelecido neste Projeto Pedagógico, com o objetivo de favorecer o progresso do aluno ao longo do semestre. Para isto, as avaliações deverão ser ponderadas de maneira crescente ou, ainda, propiciar alternativas de recuperação, como provas substitutivas e/ou aplicação de trabalhos adicionais. A promoção do aluno na UC obedecerá aos critérios estabelecidos pela Pró-Reitoria de Graduação, tal como discutido no projeto pedagógico do curso.

Bibliografia**Básica:**

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

Complementar:

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