



1) DADOS DA DISCIPLINA:

- Título: Fundamentos em Proteômica e suas Aplicações na Ciência Animal
- Tipo: Optativa
- Nível: Mestrado/Doutorado
- Código: FV-----
- N° de créditos: 03
- Carga horária: 45 h

2) EMENTA:

O curso tem como objetivo fornecer ao aluno de pós-graduação conceitos fundamentais e as aplicações mais atuais no campo de investigação em proteínas. Situado no contexto da pós-genômica os fundamentos de proteômica permitirão ao aluno a familiarização com etapas essenciais para análises de proteínas, incluindo preparação e processamento de amostras, investigação do proteoma por géis 1-DE e 2-DE (uni e bi-dimensionais) e por label free*, métodos de coloração, digestão em gel e em solução, purificação e separação de peptídeos por cromatografia, métodos de ionização aplicados aos peptídeos (Electrospray e MALDI - "Matrix-Assisted Laser Desorption Ionization), busca em bancos de dados e interpretação de resultados.

3) CONTEÚDO PROGRAMÁTICO:

- Apresentação do curso, entrega de cronograma e introdução a proteômica
- Por que estudar proteômica? Onde se aplica? Animais zootécnicos
- Estudos que justificam estudos proteômicos em animais
- Fundamentos de purificação de proteínas
- Técnicas de extração de proteínas
- Técnicas de separação de proteínas
- Métodos de coloração de proteínas
- Aquisição e análise de imagens dos géis
- Conceitos básicos de espectrometria de massas
- Reconstrução de redes de informações biológicas

4) BIBLIOGRAFIA:

- Aebersold R, Mann M. (2003). Mass spectrometry-based proteomics. Nature 422:198-207.
- Altschul SF, Gish W, Miller W et al., (1990). Basic local alignment search tool. J. Mol. Biol. 215:403-410.
- Annan, R.S.; Huddleston, M.,J.; Verna, R.; Deshaies, R.J.; Carr, S.A. (2001)- A multidimensional electrospray MS-based approach to phosphopeptide mapping. Anal. Chem. 73: 393- 404.
- Bantscheff M, Schirle M, Sweetman G et al., (2007). Quantitative mass spectrometry in proteomics:a critical review. Anal. Bioanal. Chem. 389:1017-1031.
- Berkelman, T.; Stenstedt, T. (1998)- Handbook: 2-D electrophoresis using immobilized pH gradients. Principles & Methods. Amersham Biosciences 80: 6429 – 6460.
- Bourne, P. E. & Weissig, H. (2003) - Structural bioinformatics.Wiley-Liss, Inc., New Jersey, USA,649p.
- GE Healthcare: 2-D Eletrophoresis. Principles and Methods. Handbook 80.6429-60AC.
- Görg, A.; Boguth, G.; Obermaier, C.; Weiss, W. (1998)- Two-dimensional electrophoresis of proteins in an immobilized pH 4-12 gradient. Electrophoresis 19: 1516 – 1519.
- Hunt, D.F.; Yates, J.R. III; Shabanowitz, J.; Winston, S.; Hauer, C.R. (1986)- Protein sequencing by mass spectrometry. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 83: 6233 – 6237.

- Westermeier, R. and Naven, T. (2002)- Proteomics in Practice : a laboratory manual of proteome analysis. Darmstadt-German, Wiley-VCH Verlag-GmbH Press, 316 p.