

DISCIPLINAS – PRIMEIRO SEMESTRE DE 2025

1) Nome Disciplina: *Introdução à Espectrometria de Massas aplicada a Proteômica*

2) Coordenador: *Michel Batista e Fabricio Klerynton Marchini*

3) Professor: *Hulyana Brum, Kelly Cavalcanti Machado, Michel Batista, Rodrigo Soares Caldeira Brant e Thiago Bousquet Bandini*

4) Carga horária: 30 h

5) Mestrado e Doutorado:

Para alunos de Mestrado e Doutorado

6) Pré-requisitos:

sem pré-requisitos

7) Ementa:

A disciplina abordará conceitos básicos teóricos de proteômica, cromatografia líquida e espectrometria de massa (tipos de ionização, analisadores, detectores e equipamentos), preparo de amostras proteicas e prática em análise de dados (identificação de peptídeos / proteínas a partir de espectros de massas). Além disso, serão apresentadas aplicações da proteômica e os alunos terão a oportunidade de visitar a plataforma e conhecer de perto os equipamentos.

8) Bibliografia:

1. Hughes CS, Moggridge S, Müller T, Sorensen PH, Morin GB, Krijgsveld J. Single-pot, solid-phase-enhanced sample preparation for proteomics experiments. *Nat Protoc.* 2019 Jan;14(1):68-85.
2. Wiśniewski JR, Zougman A, Nagaraj N, Mann M. Universal sample preparation method for proteome analysis. *Nat Methods.* 2009 May;6(5):359-62.
3. Steen H, Mann M. The ABC's (and XYZ's) of peptide sequencing. *Nat Rev Mol Cell Biol.* 2004 Sep;5(9):699-711.
4. Tyanova S, Temu T, Cox J. The MaxQuant computational platform for mass spectrometry-based shotgun proteomics. *Nat Protoc.* 2016 Dec;11(12):2301-2319.
5. Santos MDM, Lima DB, Fischer JSG, Clasen MA, Kurt LU, Camillo-Andrade AC, Monteiro LC, de Aquino PF, Neves-Ferreira AGC, Valente RH, Trugilho MRO, Brunoro GVF, Souza TACB, Santos RM, Batista M, Gozzo FC, Durán R, Yates JR 3rd, Barbosa VC, Carvalho PC. Simple, efficient and thorough shotgun proteomic analysis with PatternLab V. *Nat Protoc.* 2022 Jul;17(7):1553-1578.
6. Wiśniewski JR, Gaugaz FZ. Fast and sensitive total protein and Peptide assays for proteomic analysis. *Anal Chem.* 2015 Apr 21;87(8):4110-6.



7. Ong SE, Blagoev B, Kratchmarova I, Kristensen DB, Steen H, Pandey A, Mann M: Stable isotope labeling by amino acids in cell culture, SILAC, as a simple and accurate approach to expression proteomics. *Mol Cell Proteomics* 2002, 1(5):376-386.
8. Thompson A, Schäfer J, Kuhn K, Kienle S, Schwarz J, Schmidt G, Neumann T, Johnstone R, Mohammed AK, Hamon C. Tandem mass tags: a novel quantification strategy for comparative analysis of complex protein mixtures by MS/MS. *Anal Chem.* 2003 Apr 15;75(8):1895-904. Erratum in: *Anal Chem.* 2003 Sep 15;75(18):4942. Johnstone, R [added]. Erratum in: *Anal Chem.* 2006 Jun 15;78(12):4235. Mohammed, A Karim A [added].
9. Yates JR 3rd. Recent technical advances in proteomics. *F1000Res.* 2019 Mar 29;8:F1000 Faculty Rev-351.

9) Natureza:

Teórico-prática, presencial

10) Observações:

11) Período:

De 23 a 27 de Junho de 2025

08:30 -12:00, 13:30-16:00

12) Número de alunos:

10

13) Aceita alunos externos:

Sim