

Espectrometria de Massa

I – IDENTIFICAÇÃO

Curso: BQA- 410017 Espectrometria de massa
Período: 26 de novembro a 1 de dezembro de 2010
Duração : 16 horas
Número de Créditos: 01
Semestre: II/10
Professor Responsável: Professor Hernán Terenzi – Dpto Bioquímica, CCB-UFSC
Professora convidada: Dra. Christelle Guillier (Dijon – França)

II – EMENTA

Fundamentos técnicos de espectrometria de massa e aplicações.

III – CONTEÚDO PROGRAMÁTICO

A proteômica depende nos dias de hoje amplamente na identificação de proteínas por espectrometria de massa. Neste curso será discutido: 1. Fundamentos da separação de proteínas para análise por espectrometria de massa; 2. Modos de ionização e analisadores de massa; 3. Sequenciamento *de novo* de peptídeos através de MS/MS. Idioma: Inglês.

IV – OBJETIVOS

Pretende-se com este curso oferecer uma visão geral a respeito do funcionamento de um espectrômetro de massa, suas aplicações, diferentes tipos de equipamentos e tendências atuais em espectrometria de massa.

V – PROGRAMA

1. Abordagem proteômica e amostras
 - a. Análise gel-independente, SDS-PAGE, análise por eletroforese bidimensional.
 - b. Preparação de amostras
2. Ionização do tipo MALDI and Electrospray; analisadores de massa, detectors e características.
 - a. TOF (Time-of-flight)
 - b. Filtro de massa quadrupolo
 - c. Ion-trap quadrupolo tridimensional
 - d. Ion-trap quadrupolo linear
 - e. Fourier transform ion cyclotron resonance
 - f. Orbitrap
3. Espectrometria de massa em série (MS/MS)
 - a. Bases da MS/MS
 - b. Cromatografia
 - c. Instrumental
 - d. Sequenciamento de novo
 - e. Submissão das identificações
 - f. Validação dos resultados

VI – AVALIAÇÃO

Os participantes serão avaliados de acordo com assiduidade, participação e apresentação de artigos relacionados na forma de seminário, em inglês.

VII – CRONOGRAMA

26/11: Abordagem proteômica e amostras

29/11: Ionização do tipo MALDI e electrospray

30/11: Espectrometria de massa em série (MS/MS)

01/12: Análise quantitativa de classe

VIII – REFERÊNCIAS

1. RABILLOUD, T.; CHEVALLET, M.; LUCHE, S.; LELONG, C. Two-dimensional gel electrophoresis in proteomics: Past, present and future. *Journal of Proteomics*, v. 73, n. 11, p. 2064-2077, 2010.
2. SIROY, A.; COSETTE, P.; SEYER, D.; LEMAÎTRE-GUILLIER, C.; VALLENET, D.; VAN DORSSELAER, A.; BOYER-MARIOTTE, S.; JOUENNE, T.; DÉ, E. Global comparison of the membrane subproteomes between a multidrug-resistant *Acinetobacter baumannii* strain and a reference strain. *Journal of Proteome Research*, v. 5, n. 12, p. 3385-3398, 2006.
3. STANISLAS, T.; BOUYSSIE, D.; ROSSIGNOL, M.; VESA, S.; FROMENTIN, J.; MOREL, J.; PICHEREAUX, C.; MONSARRAT, B.; SIMON-PLAS, F. Quantitative proteomics reveals a dynamic association of proteins to detergent-resistant membranes upon elicitor signaling in tobacco. *Molecular and Cellular Proteomics*, v. 8, n. 9, p. 2186-2198, 2009.