

UNIVERSIDADE FEDERAL DE OURO PRETO
NÚCLEO DE PESQUISAS EM CIÊNCIAS BIOLÓGICAS

PROGRAMA DE DISCIPLINA

Nome	Código
Tópicos Avançados em Proteômica	NUP-393
Nome em Inglês	Carga Horária
Advanced Topics in Proteomics	45 hrs
Nome em Espanhol	Créditos
Temas avanzados en proteómica	03

Ementa

Esta disciplina, de caráter essencialmente teórico, permitirá ao aluno de pós graduação e pós doutorandos aprimorar seus conhecimentos básicos sobre protômica por meio do estudo de técnicas atualizadas sobre todas as etapas que envolvem a análise protômica. O curso ocorrerá por meio de aulas teóricas, apresentação de seminários e palestras de convidados nacionais e internacionais. Neste contexto, para fins de matrícula na disciplina, o aluno da UFOP deverá demonstrar conclusão da disciplina Fundamentos em Protômica (NUP390). Para alunos externos à instituição será necessário o envio de documentação comprobatória de experiência prévia com métodos e/ou conceitos adquiridos relacionados aos fundamentos da protômica. Dentre os principais tópicos a serem abordados incluem:

- Estratégias atuais relacionadas ao preparo de amostras e processamento de peptídeos e proteínas para análise protômica;
- Métodos de depleção, enriquecimento e fracionamento de amostras para a identificação de componentes de menor abundância presentes em amostras complexas;
- Protômica Bottom-up & Top down;
- Protômica *label-free* e *label-mediated*;
- Vantagens e limitações dos diferentes métodos de ionização e detecção da razão m/z em plataformas atuais de espectrometria de massas;
- Análise protômica direcionada (*Target proteomics*);
- Métodos aplicados à localização e dinâmica do proteoma;
- Interrogação de dados espectrais para fins de identificação e quantificação de peptídeos e proteínas;
- Protômica aplicada à descoberta de biomarcadores para fins de diagnóstico e prognóstico de doenças;

Ementa em Inglês

This discipline, which is essentially theoretical, will allow graduate and post-doctoral students to

improve their basic knowledge of proteomics through the study of up-to-date techniques on all the steps involved in proteomics analysis. The course will take place through theoretical classes, presentation of seminars and lectures provided by national and international guests. In this context, for the purpose of enrolling in the subject, the UFOP student must demonstrate completion of the Fundamentals in Proteomics subject (NUP390). For students outside the institution, it will be necessary to send documentation proving previous experience with methods and/or concepts acquired related to the fundamentals of proteomics. Among the main topics to be covered include:

- Current strategies related to sample preparation and processing of peptides and proteins for proteomic analysis;
- Sample depletion, enrichment and fractionation methods for the identification of less abundant components present in complex samples;
- Bottom-up & Top-down proteomics;
- Label-free and label-mediated proteomics;
- Advantages and limitations of different methods of ionization and detection of the m/z ratio in current mass spectrometry platforms
- Target proteomics;
- Methods applied to proteome location and dynamics;
- Interrogation of spectral data for identification and quantification of peptides and proteins;
- Proteomics applied to the discovery of biomarkers for disease diagnosis and prognosis;

Ementa em Espanhol

Esta disciplina, de carácter esencialmente teórico, permitirá a los estudiantes de grado y posdoctorado mejorar sus conocimientos básicos de proteómica a través del estudio de técnicas actualizadas en todos los pasos implicados en el análisis proteómica. El curso se desarrollará a través de clases teóricas, presentación de seminarios y conferencias a cargo de invitados nacionales e internacionales. En este contexto, a los efectos de matricularse en la asignatura, el alumno de la UFOP deberá acreditar la superación de la asignatura Fundamentos en Proteómica (NUP390). Para los estudiantes fuera de la institución, será necesario enviar documentación que acredite experiencia previa con métodos y / o conceptos adquiridos relacionados con los fundamentos de la proteómica. Entre los principales temas a cubrir se encuentran:

- Estrategias actuales relacionadas con la preparación de muestras y procesamiento de péptidos y proteínas para análisis proteómica;
- Métodos de agotamiento, enriquecimiento y fraccionamiento de muestras para la identificación de componentes menos abundantes presentes en muestras complejas;
- Proteómica ascendente y descendente;
- Proteómica mediada por etiquetas y sin etiquetas;
- Ventajas y limitaciones de los diferentes métodos de ionización y detección de la relación m/z en las plataformas de espectrometría de masas actuales;
- Proteómica dirigida;
- Métodos aplicados a la localización y dinámica de proteomas;
- Interrogación de datos espectrales para la identificación y cuantificación de péptidos y proteínas;
- Proteómica aplicada al descubrimiento de biomarcadores para el diagnóstico y pronóstico de enfermedades;

Bibliografia

- 1) Trends in Sample Preparation for Proteome Analysis DOI:
<http://dx.doi.org/10.5772/intechopen.95962>;
- 2) Nakayasu, E.S., Gritsenko, M., Piehowski, P.D. *et al.* Tutorial: best practices and considerations for mass-spectrometry-based protein biomarker discovery and validation. *Nat Protoc* **16**, 3737–

- 3760 (2021). <https://doi.org/10.1038/s41596-021-00566-6>;
- 3) Joelle Vinh, Chapter 17 - Proteomics and proteoforms: Bottom-up or top-down, how to use high-resolution mass spectrometry to reach the Grail, Editor(s): Basem Kanawati, Philippe Schmitt-Kopplin, Fundamentals and Applications of Fourier Transform Mass Spectrometry, Elsevier, 2019, Pages 529-567, ISBN 9780128140130, <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-814013-0.00017-X>;
 - 4) Rozanova S., Barkovits K., Nikolov M., Schmidt C., Urlaub H., Marcus K. (2021) Quantitative Mass Spectrometry-Based Proteomics: An Overview. In: Marcus K., Eisenacher M., Sitek B. (eds) Quantitative Methods in Proteomics. Methods in Molecular Biology, vol 2228. Humana, New York, NY. https://doi.org/10.1007/978-1-0716-1024-4_8;
 - 5) Rauniar N, Yates JR 3rd. Isobaric labeling-based relative quantification in shotgun proteomics. *J Proteome Res.* 2014 Dec 5;13(12):5293-309. doi: 10.1021/pr500880b. Epub 2014 Nov 4. PMID: 25337643; PMCID: PMC4261935;
 - 6) Deng J, Erdjument-Bromage H, Neubert TA. Quantitative Comparison of Proteomes Using SILAC. *Curr Protoc Protein Sci.* 2019 Feb;95(1):e74. doi: 10.1002/cpp.74. Epub 2018 Sep 20. PMID: 30238645; PMCID: PMC6342620;
 - 7) Geladaki A, Kočevar Britovšek N, Breckels LM, Smith TS, Vennard OL, Mulvey CM, Crook OM, Gatto L, Lilley KS (2019). Combining LOPIT with differential ultracentrifugation for high-resolution spatial proteomics. *Nat. Commun.*, **10**(1):331. doi: [10.1038/s41467-018-08191-w](https://doi.org/10.1038/s41467-018-08191-w);
 - 8) Halder A, Verma A, Biswas D, Srivastava S. Recent advances in mass-spectrometry based proteomics software, tools and databases. *Drug Discov Today Technol.* 2021 Dec;39:69-79. doi: 10.1016/j.ddtec.2021.06.007. Epub 2021 Jul 14. PMID: 34906327;
 - 9) Elzek MAW, Christopher JA, Breckels LM, Lilley KS. Localization of Organelle Proteins by Isotope Tagging: Current status and potential applications in drug discovery research. *Drug Discov Today Technol.* 2021 Dec;39:57-67. doi: 10.1016/j.ddtec.2021.06.003. Epub 2021 Jul 10. PMID: 34906326;
 - 10) Shi T, Song E, Nie S, Rodland KD, Liu T, Qian WJ, Smith RD. Advances in targeted proteomics and applications to biomedical research. *Proteomics.* 2016 Aug;16(15-16):2160-82. doi: 10.1002/pmic.201500449. PMID: 27302376; PMCID: PMC5051956.