



UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DE PERNAMBUCO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM DESENVOLVIMENTO E INOVAÇÃO
TECNOLÓGICA EM MEDICAMENTOS (UFRPE-UFRN-UFC-UFPA)

EMENTA

MAIUS DISECUS

Programa: DESENVOLVIMENTO E INOVAÇÃO TECNOLÓGICA EM MEDICAMENTOS (23001011047P1)

Nome: PROTEÔMICA

Sigla: DIT

Número: 0026

Créditos: 2

Período de Vigência: 01/01/2012 à -

Disciplina obrigatória: Não

Ementa: A proteômica é um conjunto de tecnologias extraordinariamente úteis no estudo do conteúdo proteico dos sistemas biológicos. O conhecimento de todas as proteínas expressas por um genoma, o qual tem sido denominado de Proteoma, tem despertando um grande interesse da indústria farmacêutica, sendo estas as primeiras a investir fortemente nos programas "omas" (genoma, proteoma, transcriptoma, metaboloma, farmacogenoma etc.), com a finalidade de induzir inovações tecnológicas em saúde. Assim, a identificação de marcadores biológicos das doenças (enzimas, substratos, receptores etc.) pode levar a condições de desenvolver medicamentos específicos que possam regular a sua atuação nas doenças. O objetivo desta disciplina será o conhecimento dos "omas" e de técnicas que revelam a participação de genes (DNA) em situações patológicas, cuja expressão (proteínas) pode ser aumentada ou diminuída. Será discutida a tecnologia que viabiliza a proteômica e a participação da indústria farmacêutica no desenvolvimento de medicamentos específicos para o tratamento de doenças humanas.

Bibliografia: 1. Pennington, S.R. & Dunn, M.J. (Eds) (2001)- Proteomics: from protein sequence to function; BIOS Sci. Publishers, Trowbridge, UK. 2. Bussow, K.; Nordhoff, E.; Lubbert, C.; Lebrach, H. and Walter, G. (2000) - Genomics a human cDNA library. Nucleic Acids Res. 26: 5007 - 5008 3. Wilkins, M.R.; Sanchez, J.C.; Cooley, A.A.; Appel, R.D.; Hunphery-Smith, I.; Hochstrasser, D.F. and Wilkins, K.L. (1996) - Progress with Proteome projects: why all proteins expressed by a genome should be identified and how to do it. Biotechnol. Gen. Engin. Rev. 13: 19 - 50. 4. Yates III, J.R.; Eng, J.; Clauser, K.R. and Burlingame, A.L. (1996)- Searching sequence databases with uninterpreted high-voltage CID spectra of peptides. J. Am. Soc. Mass Spectrom. 7: 1089 - 1098. 5. Appel, R.D.; Sanchez, J.C.; Bairoch, A.; Golaz, O.; Pasquali, C. and Hochstrasser, D.F. (1993)- SWISS-2DPAGE: a database of two dimensional electrophoresis images. Electrophoresis 12: 722 - 735. 6. Westermeier, R. and Naven, T. (2002)- Proteomics in Practice : a laboratory manual of proteome analysis. Darmstadt-German, Wiley-VCH Verlag-GmbH Press, 316 p. 7. Chapman, J.R. (2000)- Mass Spectrometry of Proteins and Peptides. Totowa- USA, Humana Press Inc., 538p. 8. Cotter, R. (1997)- Time of Flight MS: Instrumentation and Applications in Biological Research, Oxford/Am. Chem. Soc. Press, 350 p. 9. 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. 10. Berkelman, T.; Stensted, T. (1998)- Handbook: 2-D electrophoresis using immobilized pH gradients. Principles & Methods. Amersham Biosciences 80: 6429 - 6460. 11. Dunn, M.J. (1999)- From genome to Proteome. Advances in practice and applications of proteomics. WILEY-VCH, Weinheim.