

Centro de Ciências Biológicas
Departamento de Bioquímica
Programa de Pós-Graduação em Bioquímica (PBQ)

Curso:	PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM BIOQUÍMICA		
Departamento:	Bioquímica - DBQ		
Centro:	Ciências Biológicas - CCB		
COMPONENTE CURRICULAR			
Nome da Disciplina: Fundamentos de bioinformática		Código: PBQ-26	
Tipo: Eletiva			
Carga Horária Teórica: 15h	Carga Horária Prática: 30h	Carga horária total: 45h	
Nº de créditos teóricos: 1	Nº de créditos práticos: 1	Nº total de créditos: 2	
Nível: Mestrado e doutorado			
Ano de Implantação: 2019			
Idioma em que a disciplina será oferecida: Português			
1. EMENTA			
Ferramentas computacionais para a análise de sequências de ácidos nucleicos e de proteínas.			
2. OBJETIVOS			
Conhecer e trabalhar com os principais programas computacionais disponíveis para a análise de sequências de DNA e de proteínas.			
3. CONTEÚDO PROGRAMÁTICO			
1. Histórico da bioinformática. Breve histórico da bioinformática. Definição e finalidades da bioinformática. Perspectivas em bioinformática.			
2. Banco de dados. Definição, usos e classificação dos bancos de dados biológicos. Os principais bancos de dados biológicos on line.			
3. Ferramentas de bioinformática. Alinhamento de sequências de biomoléculas. Pesquisas de similaridades em bancos de dados. Análise de sequências de DNA para sítios de enzimas restrição. Desenho de iniciadores para a reação da polimerase em cadeia. Tradução de sequências de nucleotídeos em proteínas. Predição de parâmetros físico-químicos em proteínas. Predição de estrutura secundária de RNA.			
4. Bioinformática evolutiva - Filogenética Molecular (cladística). Teoria da evolução. Filogenética morfológica versus filogenética molecular. Aplicações da análise filogenética molecular. Conceitos de homologia, paralogia e ortologia.			
5. Reconstrução de filogenias: filogenética com sequências de DNA e com sequências de proteínas. Árvores filogenéticas: métodos para reconstrução filogenética; confiabilidade da árvore - método bootstrap (estatística da topologia apresentada). Programas para a inferência filogenética.			

- | |
|---|
| <p>5. Bioinformática estrutural. Análise de sequências de proteínas: identificação de peptídeo sinal; predição de função celular; identificação de famílias de proteínas; predição de segmentos transmembranas de proteínas; identificação de domínios estruturais. Princípios básicos de predição de estruturas moleculares de proteínas</p> <p>6. Análise de genomas, transcriptomas, metagenomas e proteomas. Sequenciamento genômico e montagem de genomas. Anotação de genomas. Análise funcional de genomas. Análise de transcriptomas. Bioinformática SAGE. Metagenomas: aplicações da metagenômica; análise do gene do rRNA 16S. Proteomas.</p> |
|---|

4. REFERÊNCIAS

- | |
|---|
| <ul style="list-style-type: none">• Bohm GM. Informática médica: um guia prático. Rio de Janeiro: Editora Atheneu, 1989.• Gibas C, Jambeck P. Desenvolvendo bioinformática. Ferramentas de software para aplicações em biologia. Rio de Janeiro: Editora Campus, 2001.• Gu J, Bourne PE. Structural Bioinformatics. Second edition. New York: Wiley-Blackwell, 2009.• Lancharro EA. Informática básica. São Paulo: Editora Pearson Makron Books, 2004.• Leach AR. Molecular Modelling: Principles and Applications. Second edition. Harlow: Prentice Hall, 2001, 784 p.• Lesk AM. Introdução à bioinformática. Segunda edição. Porto Alegre: Editora Artmed, 2008.• Marx D. <i>Ab Initio</i> Molecular dynamics: basic theory and advanced methods. Cambridge: Cambridge University Press, 2009.• Verli H. Bioinformática. Da biologia à flexibilidade molecular. Porto Alegre, 2014. (e-book) |
|---|

5. PROFESSORES RESPONSÁVEIS

Profa. Ione Parra Barbosa Tessmann Prof. Marco Aurelio S. de Oliveira

APROVAÇÃO DO CONSELHO ACADÊMICO