

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

Curso:	<b>PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM BIOQUÍMICA</b>	
Departamento:	Bioquímica - DBQ	
Centro:	Ciências Biológicas - CCB	
<b>COMPONENTE CURRICULAR</b>		
Nome da Disciplina: <b>Fundamentos de bioinformática</b>	Código: <b>DBQ4097</b>	
Tipo: <b>Eletiva</b>		
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: <b>Mestrado e doutorado</b>		
Ano de Implantação: <b>2019</b>		
Idioma em que a disciplina será oferecida: <b>Português</b>		
<b>1. EMENTA</b>		
Ferramentas computacionais para a análise de sequências de ácidos nucleicos e de proteínas.		
<b>2. OBJETIVOS</b>		
Conhecer e trabalhar com os principais programas computacionais disponíveis para a análise de sequências de DNA e de proteínas.		
<b>3. CONTEÚDO PROGRAMÁTICO</b>		
<ol style="list-style-type: none"> <li>1. Histórico da bioinformática. Breve histórico da bioinformática. Definição e finalidades da bioinformática. Perspectivas em bioinformática.</li> <li>2. Banco de dados. Definição, usos e classificação dos bancos de dados biológicos. Os principais bancos de dados biológicos <i>on line</i>.</li> <li>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.</li> <li>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.</li> <li>5. Reconstrução de filogenias: filogenética com sequências de DNA e com sequências de proteínas. Árvores filogenéticas: métodos para reconstrução filogenética; confiabilidade da árvore - método <i>bootstrap</i> (estatística da topologia apresentada). Programas para a inferência filogenética.</li> </ol>		

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
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.

#### 4. REFERÊNCIAS

- 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. *Ab Initio* **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