

BTC 3656003 – BIOINFORMÁTICA

Nº de Créditos: 03

Total Horas Aula: 45

Número de Vagas: 15

Docentes:

- Prof. Dr. Edmundo C. Grisard - edmundo.grisard@ufsc.br (Coordenador)
- Prof. Dr. Glauber Wagner – glauber.wagner@ufsc.br
- Prof^a. Dr^a. Patrícia Hermes Stoco – patricia.stoco@ufsc.br
- Prof. Rubens T. D. Duarte – rubens.duarte@ufsc.br
- Prof. Guilherme Toledo e Silva - toledoesilva@gmail.com

TRIMESTRE: 2016/I

PERÍODO: 04/04/2016 a 19/04/2016

HORÁRIO: Ver conteúdo programático e cronograma.

LOCAL DAS AULAS: Ver cronograma.

HORÁRIO E LOCAL DE ATENDIMENTO A ALUNOS:

- O atendimento dos alunos será realizado através de agendamento de data e horário com os professores da disciplina através de e-mail.

PRÉ-REQUISITOS:

- Os alunos deverão utilizar computadores pessoais.

EMENTA:

Introdução a Bioinformática; Bancos de dados biológicos; Buscas de padrões e similaridade: Conceito e aplicações; Busca de sequências em bancos de dados; Análise comparativa de sequências nucleotídicas e proteicas; Desenho de iniciadores; Busca e análise de motivos proteicos; Introdução à análise filogenética *in silico*; Montagem e anotação de genomas: Pipelines e plataformas; Análise de dados metagenômicos; Análise estrutural e funcional de genomas.

METODOLOGIA DE ENSINO:

O conteúdo da disciplina será apresentado através de apresentações teóricas e práticas e discussão de tópicos utilizando recursos audio-visuais e trabalhos científicos.

- Aulas teórico-práticas - As aulas teórico-práticas serão expositivas e interativas, com discussões de textos e trabalhos científicos. Serão utilizados materiais audiovisuais, visando promover a interação e a discussão dos temas propostos e de computadores visando promover a interação dos alunos com os programas
- Prática orientada – Os alunos realizarão um trabalho orientado em duplas utilizando os conhecimentos apresentados em sala e deverão apresentar os resultados em um seminário no final da disciplina.

AValiação:

- Prática orientada (desenvolvimento e apresentação)
- Participação e assiduidade.

As notas finais de cada aluno serão calculadas pela média aritmética das notas da prática orientada e de participação e assiduidade.

BIBLIOGRAFIA BÁSICA

1. VOET, D., VOET, J.G., PRATT, C.W. *Fundamentos de Bioquímica*, Porto Alegre, ARTMED, 2000.
2. STRYER, L. *Bioquímica*, 4Ed., Rio de Janeiro, Guanabara Koogan, 1996.
3. BENJAMIN, *Genes VII*. Porto Alegre, ARTMED, 2001.
4. LODISH, H.; BERK, A.; ZIPURSKY, L.S.; MATSUDAIRA, P.; BALTIMORE, D.; DARNELL, J.. *Molecular Cell Biology*, 4 Ed. W. H. Freeman and Company, 1999.
5. ZAHA, A. et al. *Biologia Molecular Básica*. Porto Alegre, ARTMED 2003.
6. Bioinformatics: A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins. Andreas D. Baxevanis, B. F. Francis Ouellette. 2nd Edition. Editora John Wiley & Sons.
7. Molecular Markers, Natural History and Evolution. Jonh C. Avise. Editora Chapman Hall, 1993. 511pp.
8. Molecular Systematics. David M. Hillis, Craig Moritz, Barbara K. Mable. 2nd edition. Editora Sinauer Associates. 655pp.
9. Automated DNA Sequencing and Analysis. Mark D. Adams, Chris Fields, J. Craig Venter (Editors). Editora Academic Press. 368pp.
10. Clonagem gênica e Análise de DNA: Uma Introdução. T. A. Brown. 4^a Edição. Artmed Editora. 376pp.
11. YANG Z. (2006). Computational molecular evolution. Oxford.
12. NIELSEN R. (2005). Statistical Methods in Molecular evolution. Springer.
13. MATIOLI S. R. (2012). Biologia Molecular e Evolução. 2^a edição. Editora Holos.
14. RIDLEY M. (2003). Evolução. Editora Artmed.
15. FUTUYMA D. (2003) Biologia Evolutiva. Sinauer.
16. HARTL D. L. & CLARK A. G. (2010). Princípios de Genética de Populações. Artmed.
17. ELMASRI R. & NAVATHE S.B. (2010) Sistemas de Banco de Dados. 6^a. Editora Pearson

BIBLIOGRAFIA COMPLEMENTAR

1. LORSCH, J. Methods in Enzymology. Laboratory methods in enzymology: DNA. Methods Enzymol, v. 529, p. xix, 2013. ISSN 1557-7988 (Electronic). 0076-6879 (Linking).
2. LORSCH, J. Methods in Enzymology. Laboratory methods in enzymology: RNA. Methods Enzymol, v. 530, p. xxi, 2013. ISSN 1557-7988 (Electronic) 0076-6879 (Linking).
3. SAMBROOK, J.; RUSSELL, D.W. *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*. Vol. 1. 3^a Ed. Cold Spring Harbour Laboratory Press, New York. 2003.
4. WALKER, J.M. AND RAPLEY, R. *Molecular Biomethods Handbook*, 2008.
5. MIR, L. et al. (Editores). Genômica. 1^a edição, Editora Atheneu, Rio de Janeiro, RJ, 2004, ISBN 85737-9650-2.

PÁGINAS DE INTERNET

1. Laboratório de Bioinformática (UFSC): www.bioinformatica.ufsc.br
2. Laboratório de Bioinformática (LNCC): www.lncc.br/~labinfo
3. Molecular Evolution and Genetics of Insects and Trypanosomatids: www.darwin.fiocruz.br
4. European Bioinformatics Institute: www.ebi.ac.uk/services/index.html
5. NCBI Tolls for Data Mining: www.ncbi.nlm.nih.gov/Tools/index.html
6. Institut Pasteur Biological Softwares: www.bioweb.pasteur.fr/intro-uk.html
7. Phylogeny Programs: www.evolution.genetics.washington.edu/phylip/software.html
8. National Center for Biotechnology: www.ncbi.nlm.nih.gov
9. www.expasy.ch

CRONOGRAMA TEÓRICO-PRÁTICO BTC 3656003 – Semestre 2016/1

DATA / SALA	Horário	Assunto / Professor(es)
04/04 SIPG 01	08:00 às 12:00	Introdução ao curso, introdução à bioinformática, fontes de informações, apresentação da prática orientada, Banco de dados biológicos, <i>data mining</i> (Prof. Edmundo)
05/04 SIPG 01	08:00 às 12:00	Análise comparativa de sequências de DNA/RNA/Proteínas (Blast), Fundamentos básicos de alinhamentos, Busca de domínios (Prof. Glauber)
05/04 SIPG 01	14:00 às 18:00	Prática de Blast (NCBI) (Prof. Glauber, Prof. Edmundo)
07/04 SIPG 01	08:00 às 12:00	Geração e análise de dados metagenômicos (Prof. Rubens)
11/04 SIPG 01	08:00 às 12:00	Prática de alinhamento (Programa Clustal Omega) (Prof. Edmundo) Desenho de iniciadores (Prof ^a . Patricia, Prof. Edmundo)
11/04 SIPG 01	14:00 às 18:00	Montagem e anotação de genomas (Pipelines e plataformas) (Prof. Glauber, Prof. Guilherme)
12/04 SIPG 01	08:00 às 12:00	Predição de citolocalização; Identificação de eptítos; Predição de domínios transmembranares (Prof. Glauber)
12/04 FMC 15	14:00 às 18:00	Análise filogenética/taxonômica: Algoritmos de busca: exatos e heurísticos, árvores com e sem raiz. Métodos de distância e de parcimônia. Métodos de suporte de ramo: Bootstrap (Prof. Glauber)
18/04 MIP 08	08:00 às 12:00	Geração e análise de dados proteômicos (Prof. Glauber)
19/04 SIPG 01	08:00 às 12:00	Geração e análise de dados de RNA (RNAseq) (Prof. Guilherme)
19/04 SIPG 01	14:00 às 18:00	Apresentação das práticas orientadas (Todos os professores) Avaliação da disciplina

 PROFESSOR RESPONSÁVEL

 CHEFE DO MIP/CCB/UFSC