

BTC 510046 - BIOLOGIA COMPUTACIONAL ESTRUTURAL E FUNCIONAL

Nº de Créditos: 02 Teóricos / 02 Teóricos-Práticos

Total Horas Aula: 90

Número de Vagas: 20

Docentes:

- Prof. Dr. Glauber Wagner (Coordenador) - glauber.wagner@ufsc.br
- Prof^a. Dr^a. Patrícia Hermes Stoco - patricia.stoco@ufsc.br
- Prof^a. Dr^a. Andrea Rita Marrero - andrea.marrero@ufsc.br
- Prof^a. Dr^a. Luisa Damazio Rona Pitaluga - luisa.rona@ufsc.br
- Prof. Dr. Guilherme Razzera - guilherme.razzera@ufsc.br
- Prof. Dr. Edmundo C. Grisard - edmundo.grisard@ufsc.br
- Dr. Guilherme Toledo e Silva - toledoasilva@gmail.com

TRIMESTRE: 2018/III

PERÍODO: 24/09/2018 a 30/10/2018 (4hrs por dia)

HORÁRIO: Ver conteúdo programático e cronograma.

LOCAL DAS AULAS: A definir

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:

Não há pré-requisitos.

EMENTA:

Introdução e noções básicas de LINUX e PERL; Construção de bibliotecas genômicas e transcriptômicas; Sequenciamento de DNA e de RNA (RNA-Seq); 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*; Análise estrutural e funcional de genomas; Anotação integrada de genomas e transcritos: Pipelines e plataformas; Análise populacional: forças evolutivas, homologia, modelos de evolução e relógio molecular; Predição de estruturas de RNA e proteínas.

METODOLOGIA DE ENSINO:

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

- Aulas teóricas - Serão expositivas, com discussões de textos e trabalhos científicos. Serão utilizados materiais audiovisuais, visando promover a interação e a discussão dos temas propostos.
- Aulas teóricas-práticas - Serão interativas com a utilização de computadores visando promover a interação dos alunos com os programas.
- Seminários - Os alunos deverão apresentar seminários sobre tópicos correntes, dando ênfase a trabalhos científicos publicados em periódicos indexados relacionados à disciplina (o tema de cada seminário será definido pelos docentes).

AVALIAÇÃO:

- Desenvolvimento de tarefas exigidas ao longo do curso (5,0)
- Seminários (apresentação e avaliação participativa): para cada seminário haverá um aluno apresentando e um aluno que será responsável pela avaliação didática e científica do mesmo, bem como por fomentar a discussão sobre o tema. A nota de cada aluno será dada pela média entre a nota de apresentação e de sua participação como avaliador (Peso 3,0).
- Participação e assiduidade: o professor responsável pela aula preencherá uma planilha com a frequência e nota de participação dos alunos em cada aula (Peso 2,0).

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 BTC 510046 – Trimestre 2018/3

DATA		Horário	Hrs	Tipo*	Assunto / Professor(es)	
Semana 1 (24/09 – 27/09)						
24/09	Seg	10:00 – 12:00	2	T	Introdução à Bioinformática.	Edmundo
25/09	Ter	8:00 – 12:00	4	T	Construção de bibliotecas genômicas e transcriptômicas; Sequenciamento de DNA e de RNA (RNA-Seq)	Patricia
26/09	Qua	13:30 – 16:30	3	TP	Banco de dados biológicos, <i>data mining</i> , formatos de dados e comparação de sequências de DNA/RNA/Proteínas	Glauber
27/09	Qui	8:00 – 12:00	4	TP	Comparação de sequências de DNA/RNA/Proteínas	Toledo
Semana 2 (01/10 – 05/10)						
01/10	Seg	9:00 – 12:00	3	TP	Elaboração de Pipeline (uso do Galaxy)	Glauber
02/10	Ter	8:00 – 12:00	4	TP	Elaboração de Pipeline (uso do Galaxy)	Toledo
03/10	Qua	13:30 – 17:30	4	TP	Montagem e anotação de Genomas	Toledo
04/10	Qui	8:00 – 12:00	4	TP	Predição gênica e de sequencias reguladoras	Glauber
05/10	Sex	8:00 – 11:00	3	TP	Noções básicas de LINUX e de programação (Python)	Glauber
Semana 3 (08/10 – 11/10)						
08/10	Seg	8:00 – 12:00	4	TP	Alinhamento de sequências	Toledo
09/10	Ter	8:00 – 12:00	4	TP	Desenho de iniciadores	Patricia
10/10	Qua	13:30 – 16:30	3	TP	Busca de domínios, perfis e motivos em sequencias de proteínas	Glauber
11/10	Qui	8:00 – 12:00	4	T	Forças evolutivas (mutação e deriva / seleção natural e fluxo gênico)	Andrea
Semana 4 (15/10 – 19/10)						
15/10	Seg	8:00 – 12:00	4	T	Monofilia, parafilia, polifilia, convergência evolutiva (homoplasia). Homologia	Luisa
16/10	Ter	8:00 – 12:00	4	TP	Taxas de substituição de nucleotídeo: modelos de evolução, relógio molecular, coalescência. Introdução ao Programa jModeltest	Andrea
17/10	Qua	13:30 – 17:30	4	TP	Algoritmos de busca: exatos e heurísticos, árvores com e sem raiz. Métodos de distância e de parcimônia. Métodos de suporte de ramo: Bootstrap. Introdução ao Programa MEGA	Luisa
18/10	Qui	8:00 – 12:00	4	TP	Métodos probabilísticos: Máxima Verossimilhança e Análise Bayesiana. Introdução ao Programa BEAST	Toledo
19/10	Sex	8:00 – 12:00	4	TP	Análise de seleção natural (positiva, negativa ou neutra) em sequências codificadoras. Introdução ao Programa: PAML – CODEML	Luisa

Programa de Pós-Graduação em
**BIOTECNOLOGIA &
 BIOCIÊNCIAS**
 mestrado & doutorado

Semana 5 (22/10 – 26/10)						
22/10	Seg	8:00 – 12:00	4	T	Introdução à Bioinformática Estrutural/Relação estrutura/função de proteínas/Bancos de dados	Razzera
23/10	Ter	8:00 – 12:00	4	T	Modelagem 3D de Proteínas	Razzera
24/10	Qua	13:30 – 17:30	4	TP	Modelagem 3D de Proteínas	Razzera
25/10	Qui	8:00 – 12:00	4	T	Doking Molecular (Proteína- Ligante)	Razzera
26/10	Sex	8:00 – 12:00	4	TP	Doking Molecular (Proteína- Ligante)	Razzera
Semana 6 (30/10)						
30/10	Ter	8:00 – 12:00	4	T	Apresentação dos trabalhos discentes Avaliação da disciplina	Glauber

* T (Aula Teórica) / TP (Aula Teórica-Prática)

 PROFESSOR RESPONSÁVEL

 CHEFE DO MIP/CCB/UFSC