



UNIVERSIDADE FEDERAL DE SANTA CATARINA
CENTRO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS
Campus Trindade, Caixa postal 476 – Florianópolis/SC – Brasil – 88040-900
Fone: (48) 3721-2713. E-mail: ppgbtc@contato.ufsc.br
www.biociencia.ufsc.br



SEMESTRE 2024.2

I. IDENTIFICAÇÃO DA DISCIPLINA

CÓDIGO	NOME DA DISCIPLINA	HORAS-AULA SEMESTRE		
		PRESENCIAL		ENSINO REMOTO
		TEÓRICAS	PRÁTICAS	
BTC510052	Bioinformática e Biologia de Sistemas Aplicada	45 h/a (3 créditos)	15 h/a (1 crédito)	

II. OFERTA

PERÍODO	Nº VAGAS	HORÁRIO	LOCAL DAS AULAS
05/Ago a 05/Nov de 2024	30	Verificar cronograma	Verificar cronograma

III. PROFESSORES MINISTRANTES

Prof. Dr. Edroaldo Lummertz da Rocha (**coordenador**) (E-mail: edroaldo.lummertz@ufsc.br; CCB/MIP, bloco F, 8º andar, sala nº F820)
Prof. Dr. Glauber Wagner (E-mail: glauber.wagner@ufsc.br; CCB/MIP, bloco G, 8º andar, sala nº XX)

IV. PRÉ-REQUISITO

CÓDIGO	NOME DA DISCIPLINA
	Não apresenta

V. CURSO PARA O QUAL A DISCIPLINA É OFERECIDA

Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia e Biociências/UFSC – Nível (×) Mestrado e/ou (×) Doutorado
Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia e Biociências/UFSC – Nível (×) Mestrado e/ou (×) Doutorado
Discentes de outros PPGs também poderão ser matricular nesta disciplina.

VI. EMENTA

Formato e bancos de dados biológicos aplicados à bioinformática. Análise comparativa de sequências nucleotídicas e protéicas. Análise e anotação estrutural e funcional de genomas a partir de sequenciamento em larga escala. Métodos para detecção de variantes genéticas. Caracterização da expressão gênica a partir da análise de transcrição e do proteoma. Biologia de sistemas: análise de dados multidimensionais. Técnicas de reconstrução e análise de redes regulatórias em biologia molecular. Visão sistêmica da análise de fenômenos biológicos. Desenvolvimento de um projeto de análise de dados biológicos em genômica, metagenoma, transcriptoma, proteoma ou de biologia de sistemas

VII. OBJETIVOS

Abordar os conceitos e aplicações da bioinformática e biologia de sistemas em biociências e biotecnologia.

VIII. METODOLOGIA DE ENSINO/DESENVOLVIMENTO DO PROGRAMA

A disciplina será oferecida por meio de atividades e/ou aulas dialogadas e interativas, síncronas e assíncronas, utilizando tecnologias de informação e comunicação. Os materiais de apoio serão disponibilizados aos estudantes no Ambiente Virtual de Ensino e Aprendizagem Moodle, sempre que pertinente. Encontros síncronos (vide cronograma) serão realizados por meio de videoconferências (Webconf RNP, Google Meet, BigBlueButton Teams ou Zoom). Os professores-tutores se comunicarão com os alunos preferencialmente via Moodle e, alternativamente, por e-mail. O controle de frequência será realizado através da plataforma Moodle e será computado não apenas pela presença nas atividades síncronas, mas também pela entrega de tarefas/projeto que ocorrerão de forma assíncrona. Não será permitido gravar, fotografar ou copiar as aulas disponibilizadas no Moodle. O uso não autorizado de material original retirado das aulas constitui contrafação – violação de direitos autorais – conforme a Lei nº 9.610/98 – Lei de Direitos Autorais.

IX. AVALIAÇÃO

A nota final (peso 10,0) da disciplina resultará da avaliação de Projetos de análise de dados biológicos utilizando os conceitos, algoritmos e plataformas computacionais apresentadas durante o curso.

X. CONTEÚDO PROGRAMÁTICO E CRONOGRAMA

DATA	LOCAL E HORÁRIO	ASSUNTO	HORAS-AULA			PROFESSOR
			PRESENCIAL		SÍNCRONA	
			TEÓRICO A	PRÁTICA		
10/Set (terça)	A definir 13:00-17:00	Introdução à linguagem de programação R	4 h/a	-	-	Edroaldo
17/Set (terça)	A definir 13:00-17:00	Aula prática		4 h/a	-	Edroaldo
24/Set (terça)	A definir 13:00-17:00	Biologia de sistemas: análise de dados multidimensionais.	4 h/a	-	-	Edroaldo
01/Out (terça)	A definir 13:00-17:00	Aula prática		4 h/a	-	Edroaldo
08/Out (terça)	A definir 13:00-17:00	Técnicas de reconstrução e análise de redes regulatórias em biologia molecular	4 h/a	-	-	Edroaldo
15/Out (terça)	A definir 13:00-17:00	Aula prática		4 h/a	-	Edroaldo
22/Out (terça)	A definir 13:00-17:00	Visão sistêmica da análise de fenômenos biológicos	4 h/a	-	-	Edroaldo
29/Out (terça)	A definir 13:00-17:00	Aula prática		4 h/a	-	Edroaldo
04/Nov (segunda)	A definir 13:00-17:00	Formato e bancos de dados biológicos aplicados à bioinformática	4 h/a	-		Glauber
05/Nov (terça)	A definir 13:00-17:00	Análise e anotação estrutural de genomas a partir de sequenciamento em larga escala: Montagem de genomas e predição de estruturas no genoma (genes, repetições, etc).	4 h/a	-	-	Glauber
11/Nov (segunda)	A definir 13:00-17:00	Aula prática	-	4 h/a	-	Glauber
12/Nov (terça)	A definir 13:00-17:00	Análise e anotação estrutural de genomas a partir de sequenciamento em larga escala: Anotação de genomas.	4 h/a	-	-	Glauber
18/Nov (segunda)	A definir 13:00-17:00	Aula prática		4 h/a	-	Glauber
19/Nov (terça)	A definir 13:00-17:00	Entrega do projeto e apresentação	4 h/a	-	-	Edroaldo/Glauber

XI. BIBLIOGRAFIA

ZAHA, A. 2003. *Biologia Molecular Básica*. Porto Alegre: ARTMED.

ELMASRI R. & NAVATHE S.B. (2010) *Sistemas de Banco de Dados*. 6ª. Editora PearsonMIR, L. et al. (Editores). Genômica. 1ª edição, Editora Atheneu, Rio de Janeiro, RJ, 2004, ISBN 85737-9650-2

Baxevanis and Ouellette. *Bioinformatics: A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins*. 2nd Edition (2004). Editora John Wiley & Sons. ISBN: 978-0471478782

Bradnam and Korf. *Unix and PERL to the rescue!: A field guide for the life sciences (and other data-rich pursuits)* (2012). Cambridge Press. ISBN 978-0-521-16982-0

Haddock and Dunn. *Practical Computing for Biologists* (2011). Sinauer associates. ISBN 978-0-87893-391-4

ARBEX, Wagner (ed.). *Talking about computing and genomics TACG: modelos e métodos computacionais em bioinformática*. Brasília, DF: EMBRAPA, 2014. 199 p. (Talking about computing and genomics ; v. 1). ISBN 9788570353825.

PALSSON, Bernhard. *Systems biology: properties of reconstructed networks*. Cambridge; New York: Cambridge University Press, 2006. xii, 322 p. ISBN 9780521859035.

MAJOROS, William H. *Methods for computational gene prediction*. Cambridge: Cambridge University Press, 2007. xvii, 430 p. ISBN 9780521877510.

Aurlien Gron (2017). *Hands-On Machine Learning with Scikit-Learn and TensorFlow: Concepts, Tools, and Techniques to Build Intelligent Systems*, O'Reilly Media, Inc., ISBN:978-1-4919-6229-9

LEE, jae K. 2010. *Statistical Bioinformatics: A Guide for Life and Biomedical Science Researchers*. Wiley-Blackwell. ISBN:

9780470567647

Ghosh, Samik, Yukiko Matsuoka, Yoshiyuki Asai, Kun-Yi Hsin, and Hiroaki Kitano. 2011. "Software for Systems Biology: From Tools to Integrated Platforms." *Nature Reviews. Genetics* 12 (12): 821–32.

Stubbington, Michael J. T., Orit Rozenblatt-Rosen, Aviv Regev, and Sarah A. Teichmann. 2017. "Single-Cell Transcriptomics to Explore the Immune System in Health and Disease." *Science* 358 (6359): 58–63.

"The Human Tumor Atlas Network: Charting Tumor Transitions across Space and Time at Single-Cell Resolution." 2020. *Cell* 181 (2): 236–49.

Assinatura digital do coordenador da disciplina