



**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.biocologia.ufsc.br



### SEMESTRE 2020.2

**Plano de ensino adaptado, em caráter excepcional e transitório, para substituição de aulas presenciais por aulas em meios digitais, enquanto durar a pandemia do novo coronavírus – COVID-19, em atenção à Portaria MEC 544, de 16 de junho de 2020 e à Resolução 140/2020/CUn, de 24 de julho de 2020.**

#### I. IDENTIFICAÇÃO DA DISCIPLINA

CÓDIGO	NOME DA DISCIPLINA	CRÉDITOS		HORAS-AULA TRIMESTRE	
		TEÓRICOS	PRÁTICOS	TEÓRICAS	PRÁTICAS
	Bioinformática e Biologia de Sistemas	03	1	45	30

#### II. OFERTA

PERÍODO	Nº VAGAS	HORÁRIO	LOCAL DAS AULAS
01 de fevereiro a 09 de abril 2021	30 vagas	(08h00-12h00)	Ambiente Virtual

#### III. PROFESSORES MINISTRANTES

Prof. Dr. Glauber Wanger	glauber.wagner@ufsc.br
Prof. Dr. Edroaldo Lummertz da Rocha	edroaldo.lummertz@ufsc.br
Professor convidados.	

#### IV. PRÉ-REQUISITO

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  
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.

<b>X. CONTEÚDO PROGRAMÁTICO E CRONOGRAMA</b>			
<b>DATA</b>	<b>ASSUNTO</b>	<b>ATIVIDADE</b>	<b>PROFESSOR</b>
01/02 (Seg)	Apresentação da disciplina. Unix e awk Formato e bancos de dados biológicos aplicados à bioinformática	<u>Encontro síncrono</u> (8-12h)	Glauber
02/02 (Ter)	Workflow científico – Plataforma Galaxy 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).	<u>Encontros assíncrono</u> (8-12h).	
05/02 (Sex)	Aula prática	<u>Encontros síncrono</u> (8-12h).	
08/02 (Seg)	Análise e anotação funcional de genomas. Análise comparativa de sequências nucleotídicas e protéicas	<u>Encontros assíncrono</u> (8-11h). <u>Encontros assíncrono</u> (11-12h).	
09/02 (Seg)	Métodos para detecção de variantes genéticas.	<u>Encontro assíncrono</u> (8-12h)	
19/02 (Sex)	Aula prática	<u>Encontro síncrono</u> (8-12h).	
22/02 (Seg)	Caracterização da expressão gênica a partir da análise de transcrição e do proteoma.	<u>Encontros assíncrono</u> (8-11h). <u>Encontros assíncrono</u> (11-12h).	Edroaldo
23/02 (Ter)	Biologia de sistemas: análise de dados multidimensionais.	<u>Encontro assíncrono</u> (8-12h)	
26/02 (Sex)	Aula prática	<u>Encontro síncrono</u> (8-12h).	
01/03 (Seg)	Técnicas de reconstrução e análise de redes regulatórias em biologia molecular I	<u>Encontros assíncrono</u> (8-11h). <u>Encontros assíncrono</u> (11-12h).	
02/03 (Ter)	Técnicas de reconstrução e análise de redes regulatórias em biologia molecular II	<u>Encontro assíncrono</u> (8-12h)	
05/03 (Sex)	Aula prática	<u>Encontro síncrono</u> (8-12h).	
07/03 (Seg)	Visão sistêmica da análise de fenômenos biológicos I	<u>Encontros assíncrono</u> (8-11h). <u>Encontros assíncrono</u> (11-12h).	
08/03 (Ter)	Visão sistêmica da análise de fenômenos biológicos II	<u>Encontro assíncrono</u> (8-12h)	
12/03 (Sex)	Aula prática	<u>Encontro síncrono</u> (8-12h).	
02/04 (Sex)	Discussão e dúvidas sobre os projetos	<u>Encontros síncrono</u> (9-12h).	
05/04 (Seg)	Entrega do projeto e apresentação	<u>Encontros síncrono</u> (8-12h).	Glauber Edroaldo
06/04 (Ter)	Entrega do projeto e apresentação	<u>Encontros síncrono</u> (8-12h).	Glauber Edroaldo
09/04 (Sex)	Entrega do projeto e apresentação	<u>Encontros síncrono</u> (8-12h).	Glauber Edroaldo

<b>XI. BIBLIOGRAFIA</b>
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.

Stubington, 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.

Plano de ensino aprovado Ad referendun pelo coordenador do PPG, em 16/11/2020.