

PLANO DE ENSINO		
Vigência do Plano	Semestre	Nome do Componente Curricular
2015.2	04	BIOINFORMÁTICA
Carga Horária Semestral		Núcleo/Módulo/Eixo
36		
Componentes Correlacionados		
Docente		
THESSIKA HIALLA ALMEIDA ARAÚJO		
Ementa		
<p>A bioinformática nas pesquisas biomédicas e na genética forense; controle de qualidade e análise de dados do sequenciamento de ácidos nucleicos; utilização de banco de dados biológicos de sequências de DNA e proteína; alinhamento par-a-par e múltiplo; ferramentas para predição de genes e de sua estrutura; anotação e análise de similaridade de genes com o BLAST; análise filogenética; avaliação de modelos evolutivos; ferramentas para desenho de oligonucleotídeos ("primers").</p>		

COMPETÊNCIA

Conhecimentos

Fornecer o conhecimento da disciplina de bioinformática aos alunos, enfatizando a realização das análises computacionais básicas nas sequências nucleotídicas ou proteicas geradas ou adquiridas em banco de dados específicos, visando à utilização deste conhecimento nas diversas disciplinas do curso de Biomedicina, tais como biologia molecular, genética, bioquímica, entre outras.

Habilidades

- Aprender a manipular os principais bancos de dados biológicos mundiais, como por exemplo, o NCBI.
- Desenvolver o conhecimento em relação à busca, instalação e manipulação dos programas de bioinformática que possam dar suporte às outras disciplinas do curso de Biomedicina.

Atitudes

- Desenvolver nos estudantes a curiosidade científica e a capacidade de questionar informações do âmbito da bioinformática.

Conteúdo Programático

Introdução à bioinformática
Linguagens computacionais
Organização das equipes de trabalho
Bancos de dados biológicos e "sites" de análises de sequências
Formatos de sequências utilizados
Construção de data sets
Alinhamento de sequências utilizando o "BLAST"
Aquisição de sequências referências
Utilização de ferramentas de genotipagem "online"
Uso dos programas "Clustal-X, GeneDoc e BioEdit" para análise de sequências
Topologias de árvores filogenéticas
Critérios de reconstrução filogenética
Distância p não corrigida
Neighbor Joining
Sítios de modificações pós-traducionais em genes codificantes
Alinhamentos múltiplos para análise filogenética
Análise filogenética utilizando o programa PHYML
Métodos de Parcimônia
Parcimônia, cladística e grupos externos.
Análise de parcimônia e dados moleculares
Modelos Evolutivos de substituição de nucleotídeos
Máxima verossimilhança
Implementação da análise de máxima verossimilhança
A confiabilidade de inferência filogenética (Índices de sustentação).
Desenho de primers
Análise dos primers
Apresentação (Workshop)

Métodos e Técnicas de Aprendizagem

- Aulas expositivas, com recursos audiovisuais.
- Aulas interativas, com exercícios, artigos científicos e situações-problema.
- Aulas práticas em laboratório de Bioinformática com utilização de softwares específicos.
- Atividades avaliativas

Critérios e Instrumento de Avaliação - Datas

Avaliação I (Teórica e Prática) - 21/08 - Valor: 10,0
2º Chamada - Avaliação I - 29/08
Avaliação II (Teórica e Prática) - 09/10- Valor: 10,0
2º Chamada - Avaliação II - 17/10
Avaliação III (Teórica e Prática) -13/11 - Valor: 6,0
2º Chamada - Avaliação III - 17/11
Avaliação IV (Workshop) - 20/11 - Valor: 4,0
Avaliação Final: 23/11.

Recursos

As aulas serão desenvolvidas utilizando-se as referências básicas da disciplina de Bioinformática e apostilas do assunto. Além disso, alguns "sites" de bioinformática e banco de dados serão utilizados como material de apoio.

Referências Básicas

LACROIX, Z. & CRITCHLOW, T. Bioinformatics. Managing Scientific Data. Elsevier Science (USA), 2003. 441 páginas.
LESK, ML. Introdução à Bioinformática. 2ª edição. Porto Alegre, RS, Brasil: Artmed, 2008. 384 páginas.
MATIOLI, RS e FERNANDES, FMC. Biologia Molecular e Evolução. 2ª edição. Ribeirão Preto, SP, Brasil: Holos Editora, 2012. 250 páginas.

Referências Complementares

- EDDY, A. KROGH, AND G. MITCHISON. Biological Sequence Analysis: Probabilistic Models of Proteins and Nucleic Acids. R. Durbin, S. Cambridge University Press, 1998. 210 páginas.
- RICHARD DEONIER, S TAVARÉ, AND MICHAEL S. WATERMAN, Computational Genome Analysis An Introduction, Springer Verlag, 2005. 345 páginas.
- PAVEL PEVZNER .Computational Molecular Biology, an algorithmic approach. MIT Press, 2000. 302 páginas.
- EUGENE V. KOONIN & MICHAEL Y. GALPERIN .Sequence - Evolution - Function. Computational approaches in comparative genomics, Kluwer Academic Publishers, 2002. 204 páginas.
- THOMAS CORMEN, CHARLES LEISERSON, RONALD RIVEST, CLIFFORD STEIN. Introduction to Algorithms. 3rd Edition, MIT Press, 2009. 323 páginas.