



UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MARINGÁ
PRÓ-REITORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO

PROGRAMA DE DISCIPLINA

Curso:	PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS BIOLÓGICAS		
Departamento:	Bioquímica - DBQ		
Centro:	Ciências Biológicas - CCB		
COMPONENTE CURRICULAR			
Nome da Disciplina: Fundamentos de bioinformática		Código: DBQ4117	
Tipo: Eletiva			
Carga Horária Teórica: 15h	Carga Horária Prática: 30h	Carga horária total: 45h	
Número de créditos teóricos: 1	Número de créditos práticos: 1	Número total de créditos: 2	
Nível: Mestrado e doutorado			
Ano de Implantação: 2020			
Idioma em que a disciplina será oferecida: Português			
1. EMENTA			
Ferramentas computacionais para a análise de sequências de ácidos nucleicos e de proteínas.			
2. OBJETIVOS			
Conhecer e trabalhar com os principais programas computacionais disponíveis para a análise de sequências de DNA e de proteínas.			
3. CONTEÚDO PROGRAMÁTICO			
Histórico da bioinformática. Breve histórico da bioinformática. Definição e finalidades da bioinformática. Perspectivas em bioinformática. Banco de dados. Definição, usos e classificação dos bancos de dados biológicos. Os principais bancos de dados biológicos <i>on line</i> . Ferramentas de bioinformática. Alinhamento de sequências de biomoléculas. Pesquisas de similaridades em bancos de dados. Análise de sequências de DNA para sítios de enzimas restrição. Desenho de iniciadores para a reação da polimerase em cadeia. Tradução de sequências de nucleotídeos em proteínas. Predição de parâmetros físico-químicos em proteínas. Predição de estrutura secundária de RNA. Bioinformática evolutiva - Filogenética Molecular (cladística). Teoria da evolução.			

Filogenética morfológica versus filogenética molecular. Aplicações da análise filogenética molecular. Conceitos de homologia, paralogia e ortologia. Reconstrução de filogenias: filogenética com sequências de DNA e com sequências de proteínas. Árvores filogenéticas: métodos para reconstrução filogenética; confiabilidade da árvore - método bootstrap (estatística da topologia apresentada). Programas para a inferência filogenética.

Bioinformática estrutural. Análise de sequências de proteínas: identificação de peptídeo sinal; predição de função celular; identificação de famílias de proteínas; predição de segmentos transmembranas de proteínas; identificação de domínios estruturais. Princípios básicos de predição de estruturas moleculares de proteínas

Análise de genomas, transcriptomas, metagenomas e proteomas. Sequenciamento genômico e montagem de genomas. Anotação de genomas. Análise funcional de genomas. Análise de transcriptomas. Bioinformática SAGE. Metagenomas: aplicações da metagenômica; análise de gene do rRNA 16S. Proteomas.

4. REFERÊNCIAS

- Bohm GM. **Informática médica: um guia prático**. Rio de Janeiro: Editora Atheneu, 1989.
- Gibas C, Jambeck P. **Desenvolvendo bioinformática. Ferramentas de software para aplicações em biologia**. Rio de Janeiro: Editora Campus, 2001.
- Gu J, Bourne PE. **Structural Bioinformatics**. Second edition. New York: Wiley-Blackwell, 2009.
- Lancharro EA. **Informática básica**. São Paulo: Editora Pearson Makron Books, 2004.
- Leach AR. **Molecular Modelling: Principles and Applications**. Second edition. Harlow: Prentice Hall, 2001, 784 p.
- Lesk AM. **Introdução à bioinformática**. Segunda edição. Porto Alegre: Editora Artmed, 2008.
- Marx D. **Ab Initio Molecular dynamics: basic theory and advanced methods**. Cambridge: Cambridge University Press, 2009.
- Verli H. **Bioinformática. Da biologia à flexibilidade molecular**. Porto Alegre, 2014. (e-book)

5. PROFESSOR RESPONSÁVEL (PROFESSORES RESPONSÁVEIS)

Profa. Ione Parra Barbosa Tessmann
Prof. Dr. Marco Aurelio Schuler de Oliveira