



UNIVERSIDADE FEDERAL DE PERNAMBUCO
PRÓ-REITORIA PARA ASSUNTOS ACADÊMICOS
DIRETORIA DE DESENVOLVIMENTO DO ENSINO

PROGRAMA DE COMPONENTE CURRICULAR

TIPO DE COMPONENTE (Marque um X na opção)

<input checked="" type="checkbox"/> Disciplina	<input type="checkbox"/> Prática de Ensino
<input type="checkbox"/> Atividade complementar	<input type="checkbox"/> Módulo
<input type="checkbox"/> Monografia	<input type="checkbox"/> Trabalho de Graduação

STATUS DO COMPONENTE (Marque um X na opção)

<input type="checkbox"/> OBRIGATÓRIO	<input checked="" type="checkbox"/> ELETIVO	<input type="checkbox"/> OPTATIVO
--------------------------------------	---	-----------------------------------

DADOS DO COMPONENTE

Código	Nome	Carga Horária Semanal		Nº. de Créditos	C. H. Global	Período
		Teórica	Prática			
GN321	Bioinformática Aplicada à Genética	30	30	3	60	

Pré-requisitos	Genética Molecular	Co-Requisitos		Requisitos C.H.	45
----------------	--------------------	---------------	--	-----------------	----

EMENTA

O conteúdo programático da disciplina será desenvolvido através da demonstração do uso de pacotes de programas computacionais voltados à análise de seqüências biológicas. As aulas contemplarão aspectos teóricos e práticos da bioinformática, envolvendo a demonstração do uso dos diferentes programas e a discussão de artigos científicos atuais centrados nesta área do conhecimento. Serão apresentadas as bases para o desenvolvimento de trabalhos científicos nesta área do conhecimento, visando facilitar a fixação dos conceitos apresentados durante as atividades da disciplina.

OBJETIVO(S) DO COMPONENTE

Apresentar aos alunos do curso de Bacharelado em Ciências Biológicas um conjunto de ferramentas computacionais que lhes permitam analisar dados derivados de diferentes tipos de metodologias de biologia molecular, contribuindo para a expansão dos seus conhecimentos nas áreas direta ou indiretamente relacionadas à bioinformática.

METODOLOGIA

Aulas expositivas; aulas práticas baseadas no uso de programas computacionais; discussão de artigos científicos; apresentação de seminários pelos alunos

AVALIAÇÃO

Realização de duas avaliações teóricas e práticas contemplando o conteúdo da disciplina.

CONTEÚDO PROGRAMÁTICO

Introdução à bioinformática e sua importância para a biologia básica e aplicada. Bases teóricas das ômicas e importância da bioinformática. Principais abordagens e programas em mineração de dados usando ácidos nucleicos e sequências proteicas (aminoácidos). Introdução à Biologia de Sistemas.

Programas básicos: BIOEDIT: Editando sequências (inversão, alinhamento manual, desenho de plasmídeos, mapa de restrição, ligação de duas sequências, etc.). VECSCREEN: Limpeza de sequências vetoriais.

Introdução aos Principais Bancos de Dados

Tipos de Bancos: dados genômicos, transcriptômicos, pequenos RNA, proteínas, vias metabólicas, taxonômicos, etc. Bancos de dados primários: Públicos (NCBI, EMBL, DDBJ E UNIPROT) e privados. Ferramentas disponíveis nos principais bancos de dados primários. ORF FINDER: Identificação do quadro de leitura aberta.

Anotação I – BIOEDIT; Análise de ORF - Nucleotídeo/Genoma: Sítio de inicialização da transcrição, sítio de ligação do ribossomo, sítio de processamento do RNA (splicing), sequência codificante, códon de inicialização e de parada da tradução, sítio de poliadenilação. Bancos de dados secundários: BLOCKS, PROSITE, SMART, PFAM, INTERPRO, PDB, EXPASY, PIR E SWISS-PROT. Ferramentas disponíveis nos principais bancos de dados secundários.

Similaridade entre sequências I - Alinhamentos locais.

Anotação II - Nucleotídeo/Transcriptoma: Limpeza de vetor e Clusterização de ESTs. BLAST: Alinhamentos locais entre sequências depositadas em bancos de dados públicos – Nucleotídeos e Proteínas. Similaridade entre sequências II – Alinhamentos globais. Funcionalidade proteica como função da identidade entre sequências. CLUSTALW - Alinhamentos globais entre múltiplas sequências depositadas em bancos de dados públicos – Nucleotídeos e Nucleotídeos codificantes para proteínas.

Anotação III – Nucleotídeo/Transcriptoma: Criação de um banco de dados local. Busca de homólogos.

Introdução teórica à análise fenética e filogenética aplicada à evolução de genes ou de organismos. Importância das análises de sintenia e colinearidade.

Anotação IV – Nucleotídeo/Proteoma: Criação de um banco de dados local ligando informações ao nível proteico entre homólogos, famílias proteicas, domínios conservados, peptídeos sinais, sítios de clivagem. Análise comparativa de sequências em géis 3D virtuais, definição de peso molecular (kDa), Ponto Isoelétrico e perfil de migração (programa JVIRGEL).

Predição de localização subcelular (Programa TARGETP). Busca e identificação de sRNA (small RNA, RNAs pequenos de interferência).

Anotação V – Construção de fenogramas e dendrogramas – Programa MEGA. Geração e Interpretação de Fenogramas (UPGMA e NEIGHBOR JOINING); Geração e Interpretação de Dendrograma (Máxima Parcimônia). Introdução aos programas PAUP E MRBAYES. Desenho de primers a partir de sequências simples e sequências consenso de alinhamentos.

Anotação VI – Análise de expressão diferencial (micro-arrays virtuais, HeatMaps) com dados normalizados; programa CLUSTER (clusterização hierárquica) e associação ao TREEVIEW (predição de coexpressão). Análise de Identidade: Ontologia Gênica (GENE ONTOLOGY – GO).

Anotação VII – Ancoragem de sequências em bancos do tipo Genome-Browser. Breve introdução à análise, predição e buscas de hidden motifs (assinaturas escondidas; Programa HMMER).

BIBLIOGRAFIA BÁSICA

Alberts, B. (Ed) (2011). *Biologia Molecular da Célula*, 5ª edição, Artmed.

Benko-Iseppon et al. (2013). *Apostila de Bioinformática* (fornecida em formato digital). 56 pp. UFPE, Recife, PE.

Carneiro, J. & Junqueira, L.C. (2012). *Biologia Molecular e Celular*, 9ª Edição, Guanabara Koogan.

BIBLIOGRAFIA COMPLEMENTAR

Giannopoulou, E.G. (2008). *Data Mining in Medical and Biological Research*. In-Tech Education and Publishing KG, Vienna, Austria.

Hodgman, T.C.; French, A.; Westhead, D.R. (2010). *Bioinformatics*. Milton Park, Abingdon, New York: Taylor & Francis.

Holmes, R.M. (2007). *A Cell Biologist's Guide to Modeling and Bioinformatics*. John Wiley & Sons, Inc., Hoboken, New Jersey.

Lesk, A.M. (2002). *Introduction to Bioinformatics*. Oxford University Press. 283 pp.

Schneider, H. (2003). *Métodos de Análise Filogenética: Um Guia Prático*. 2ª Edição. Holos Editora.

Selzer, P.M.; Marhöfer, R.J.; Rohwer, A. (2008). *Applied Bioinformatics – An Introduction*. Springer-Verlag Berlin Heidelberg.

DEPARTAMENTO A QUE PERTENCE O COMPONENTE

Departamento de Genética

HOMOLOGADO PELO COLEGIADO DE CURSO

ASSINATURA DO CHEFE DO DEPARTAMENTO

ASSINATURA DO COORDENADOR DO CURSO OU ÁREA