



UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA

FICHA DE DISCIPLINA

| | | |
|--|--|------------------------|
| CÓDIGO: GSI544 | COMPONENTE CURRICULAR: Bioinformática | |
| UNIDADE ACADÊMICA OFERTANTE: Faculdade de Computação | | SIGLA: FACOM |
| CH TOTAL TEÓRICA: 60 | CH TOTAL PRÁTICA: 00 | CH TOTAL: 60 |

OBJETIVOS

Possibilitar aos alunos conhecer as estratégias e algoritmos computacionais usados como suporte na teoria da evolução e biologia molecular.

EMENTA

Introdução geral à genômica e à bioinformática modernas, cobrindo os vários projetos de sequenciamento, genômica comparativa e evolutiva, incluindo análise de dados de sequenciamento. Módulos teóricos e computacionais: os módulos básicos compreendem o estudo de genomas e biologia computacional genômica e pós-genômica, e mineração de bases de dados; módulos suplementares são adicionados em concordância com os avanços da área, e cobertos com a apresentação de uma pequena monografia em um dos seguintes tópicos: evolução microbiana molecular; genes e doenças; biologia estrutural; mineração de bases de dados avançados; programação e algoritmos para bioinformática.

DESCRIÇÃO DO PROGRAMA

1. Introdução à Biologia Molecular e a Teoria da Evolução
 - Histórico
 - Organização da vida e evolução
 - Dogma central da biologia molecular
 - Ferramentas da biologia molecular
 - Definição de bioinformática



2. Alinhamento de Pares de Sequência

- Introdução, tipos e significância de alinhamento de sequências
- Matriz DOT
- Algoritmos de programação dinâmica para alinhamento de pares de sequências
- Análise dos gaps
- Matrizes substituição
 - Análise da significância de um alinhamento de sequências
 - Aplicações

3. Alinhamento Múltiplo de Sequências

- Introdução
- Métodos progressivos para o alinhamento múltiplo de sequências
- Métodos iterativos para o alinhamento múltiplo de sequências

4. Predição da Estrutura Secundária de RNA

- Introdução
- Métodos baseados na energia-livre mínima

5. Algoritmos Heurísticos para alinhamento rápido de sequências

- BLAST
- FASTA

6. Predição de Genes

- Genomas de Micróbios vs. Genoma de eucariotos
- Predição de ORFs
- Predição de Promotores
- Uso de métodos de Aprendizado de Máquina

7. Predição de estrutura de proteína

- Introdução à estrutura de proteínas
- Classificação de proteínas baseada nas estruturais
- Algoritmos para alinhamento de estruturas de proteínas

8. Assembly e análise de genomas

- Algoritmos para assembly de sequências de DNA
- Introdução à genômica comparativa

BIBLIOGRAFIA BÁSICA

DEONIER, R. C.; TAVARES, S.; WATERMAN, M. S. **Computational Genome Analysis: an introduction**. Springer, 2007.

GIBAS, C.; JAMBECK, P. **Desenvolvendo Bioinformática: ferramentas de softwares para aplicações em biologia**. Rio de Janeiro: Campus. 2001.

MOUNT, D. W. **Bioinformatics: sequence and genome analysis**. Cold Spring Harbor Laboratory



Press; 2nd ed., 2004.

BIBLIOGRAFIA COMPLEMENTAR

ATWOOD, T.; PARRY-SMITH, D. **Introduction to Bioinformatics**. 4. ed. Oxford Univ Pr: Prentice-Hall, 1999.

BROWN, T. A. **Genomes Colege Edition**. [S. l]: John Wiley & Sons Inc, 1999.

HARTL, D. L.; JONES, E. W. **Genetics: analysis of genes and genomes**. 5th. [S. l]: Jones and Bartlett, 2000.

KANEHISA, M. **Post-genome Informatics**. [S. l]: Oxford University Press, 2000.

LESK, A. M. **Introdução a Bioinformática**. 2. ed. [S. l]: ARTMED, 2007.

APROVAÇÃO

14 / 03 / 14

[Assinatura]

Carimbo e assinatura do Coordenador do curso

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
FACULDADE DE COMPUTAÇÃO
Prof. Dr. Kil Jim Brandini Park
Coordenador do Curso de Sistema de Informação
Monte Carmelo - Portaria R Nº 523/13

14 / 03 / 14

Carimbo e assinatura do Diretor da
Unidade Acadêmica

Universidade Federal de Uberlândia
Prof. Ilmério Reis da Silva
Diretor da Faculdade de Computação
Portaria R Nº. 757/11