



MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO

UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ

SETOR PALOTINA

Coordenação do Curso de ou Departamento de Biociências

Ficha 2 (variável)

Disciplina: Bioinformática				Código: DBC012			
Natureza:		☒ Semestral ☐ Anual ☐ Modular					
☒ Obrigatória ☐ Optativa							
Pré-requisito: Biologia Molecular		Co-requisito:		Modalidade: ☐ Presencial ☐ Totalmente EAD ☐ CH em EAD: _____			
CH Total: 36 CH Semanal: 15	Padrão (PD):	Laboratório (LB): 15	Campo (CP):	Estágio (ES):	Orientada (OR):	Prática Específica (PE):	Estágio de Formação Pedagógica (EFP):

EMENTA

Introdução à bioinformática, ferramentas de bioinformática para análises de ácidos nucleicos; ferramentas para desenho de oligonucleotídeos ("primers"); utilização de bancos de dados de sequências de DNA e proteínas; previsão de estrutura secundária, visualização de estruturas 3d de ácidos nucleicos e proteínas. Análise filogenética e evolução molecular.

PROGRAMA

DATA	Síncronas	CONTEÚDO PROGRAMÁTICO
18/08	19:00-21:00	Bancos de dados biológicos. Análises de sequências nucleotídicas-predição e polimorfismos
20/08	19:00-21:00	Análises de sequências
21/08	19:00-20:00	Análises de sequências

25/08	19:00-21:00	Análise de proteínas
27/08	19:00-21:00	Predição de estrutura, interações e rotas biológicas
28/08	19:00-20:00	Análises filogenéticas
01/09	19:00-21:00	Desenho de Primers
DATA	Assíncronas	CONTEÚDO PROGRAMÁTICO
18/08	2 horas	Bancos de dados biológicos. Análises de sequências nucleotídicas-predição e polimorfismos
19/08	2 horas	Bancos de dados biológicos. Análises de sequências nucleotídicas-predição e polimorfismos
20/08	2 horas	Análises de sequências
21/08	2 horas	Análises de sequências
24/08	2 horas	Análises de sequências
25/08	2 horas	Avaliação
26/08	2 horas	Análise de proteínas
27/08	2 horas	Predição de estrutura, interações e rotas biológicas
28/08	2 horas	Avaliação
30/08	2 horas	Análises filogenéticas
01/09	4 horas	Desenho de Primers e avaliação

OBJETIVO GERAL

Permitir a construção de saberes envolvidos na importância e aplicação das ferramentas de bioinformática aplicadas a biotecnologia. Discernir sobre a aplicação de ferramentas para análise de sequências de ácidos nucleicos, proteínas, análises filogenéticas e noções de metagenômica, proteômica e transcriptômica. A disciplina deverá permitir, de modo prático, o treinamento do aluno envolvendo a análise de sequências, desenho de primers e construção de árvores filogenéticas.

OBJETIVO ESPECÍFICO

1. Desenvolver conhecimentos acerca de ferramentas de bioinformática aplicadas em rotina de biotecnologia;
2. Apresentar os principais bancos de dados de sequências de ácidos nucleicos e proteínas;
3. Conhecer softwares para análises de sequências e construção de árvores filogenéticas;
4. Conhecer softwares para desenho de primers e sondas de ácidos nucleicos;

5. Construir conceitos sobre uso e aplicação da bioinformática

PROCEDIMENTOS DIDÁTICOS

Os alunos terão encontros junto com o professor durante uma hora, através da plataforma Teams, após receberem o material didático através da plataforma UFPR-Virtual, que terão a função de apresentar e discutir as dúvidas sobre as atividades. As atividades remotas assíncronas consistirão em utilização de ferramentas de bioinformática, apresentações de powerpoint e estudos dirigidos.

FORMAS DE AVALIAÇÃO

Serão realizadas 3 avaliações nas datas especificadas pelo cronograma. As mesmas serão realizadas através de atividades com consulta ao material didático fornecido. Cada avaliação terá o valor máximo de 100 pontos cada.

A Média semestral será calculada pela fórmula $(P1 + P2 + P3)/3$

O aluno que alcançar média igual ou superior a 70 estará aprovado e os alunos que obtiverem nota inferior a 40 estarão reprovados

Os demais deverão realizar prova de exame no dia 10 de agosto no horário indicado no cronograma. O conteúdo da prova será todo o conteúdo estudado nas aulas. A prova terá valor 100 e a média final será calculada através da fórmula $(MS + E)/2$

MS = média semestral

E = nota de exame

Os alunos que alcançarem média final igual a 50 ou superior estarão aprovados.

BIBLIOGRAFIA BÁSICA (mínimo 03 títulos)

Contessoto VG et al (2018) Introdução ao problema de enovelamento de proteínas: uma abordagem utilizando modelos computacionais simplificados. Rev Brasil Ensino Física 40(4):1–13

Link: <https://www.scielo.br/pdf/rbef/v40n4/1806-9126-RBEF-40-4-e4307.pdf>

Souza RF de (2015) ANÁLISE DE EXPRESSÃO DIFERENCIAL EM TRANSCRIPTOMAS. In: CURSO DE INTRODUÇÃO À BIOINFORMÁTICA APLICADA A GENÔMICA. http://www.uel.br/laboratorios/lbi/pages/arquivos/curso/01_curso_transcriptoma.pdf

Caldart, E. et al (2016). Análise filogenética: conceitos básicos e suas utilizações como ferramenta para a epidemiologia molecular de doenças virais. *Acta Sci. vet.*; 44: 01-20

<http://www.ufrgs.br/actavet/44/PUB%201392.pdf>

BIBLIOGRAFIA COMPLEMENTAR (mínimo 05 títulos)

Buso GSC (2005). Marcadores moleculares e análise filogenética. Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Brasília. 22p

<http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/CENARGEN/26737/1/doc137.pdf>

Manual do software MEGA.

<https://www.megasoftware.net/docs>

Manual do software BLAST

https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?CMD=Web&PAGE_TYPE=BlastDocs

Manual do software UCSF CHIMERA

<https://www.cgl.ucsf.edu/chimera/current/docs/UsersGuide/>

Documentação do software ProtParam

<https://web.expasy.org/protparam/protparam-doc.html>

**OBS: ao assinalar a opção CH em EAD, indicar a carga horária que será à distância.*



Documento assinado eletronicamente por **MARCO ANTONIO BACELLAR BARREIROS, PROFESSOR DO MAGISTERIO SUPERIOR**, em 09/07/2020, às 20:34, conforme art. 1º, III, "b", da Lei 11.419/2006.



A autenticidade do documento pode ser conferida [aqui](#) informando o código verificador **2800708** e o código CRC **282CBA50**.