



MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO
UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ
SETOR PALOTINA

Departamento de Biociências

Ficha 2 (variável)

Disciplina: Bioinformática						Código: DBC122			
Natureza: (x) Obrigatória () Optativa			(X) Semestral () Anual () Modular						
Pré-requisito: Biologia Molecular		Co-requisito:		Modalidade: (x) Presencial () Totalmente EAD () CH em EAD:					
CH Total: 30 CH Semanal: 2 Prática como Componente Curricular (PCC): Atividade Curricular de Extensão (ACE):	Padrão (PD):	Laboratório (LB): 30	Campo (CP):	Estágio (ES):	Orientada (OR):	Prática Específica (PE):	Estágio de Formação Pedagógica (EFP):	Extensão (EXT):	Prática Como Componente Curricular (PCC):

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

CONTEÚDO PROGRAMÁTICO

Bancos de dados biológicos. Análises de sequências nucleotídicas-predição e polimorfismos

Análises de sequências

Análises de sequências

Análise de proteínas
Predição de estrutura, interações e rotas biológicas
Análises filogenéticas
Desenho de Primers
CONTEÚDO PROGRAMÁTICO
Bancos de dados biológicos. Análises de sequências nucleotídicas-predição e polimorfismos
Bancos de dados biológicos. Análises de sequências nucleotídicas-predição e polimorfismos
Análises de sequências
Análises de sequências
Análises de sequências
Avaliação
Análise de proteínas
Predição de estrutura, interações e rotas biológicas
Avaliação
Análises filogenéticas
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 banco 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

As aulas serão realizadas no laboratório de informática, sendo constituídas de uma parte expositiva e atividades práticas realizadas nos computadores.

FORMAS DE AVALIAÇÃO

Serão realizadas 3 avaliações. 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

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)

BRASILEIRO, A. C. M.; CARNEIRO, V. T. C. Manual de transformação genética de plantas. Brasília: EMBRAPA-SPI/EMBRAPA-CENARGEM, 1998. 309 p.

FERREIRA, M. E.; GRATTAPAGLIA, D. Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética. 2ª ed. Brasília: EMBRAPA – CENARGEM, 1996. 220 p.

SAMBROOK, J.; RUSSEL, D. W. Molecular cloning – a laboratory manual. 3ª ed. Cold Spring Harbor New York: Cold Spring Harbor Laboratory, 2001.

BIBLIOGRAFIA COMPLEMENTAR (mínimo 05 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/bi/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>

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/>



Documento assinado eletronicamente por **MARCO ANTONIO BACELLAR BARREIROS**, PROFESSOR DO MAGISTERIO SUPERIOR, em 06/04/2022, às 11:25, conforme art. 1º, III, "b", da Lei 11.419/2006.



A autenticidade do documento pode ser conferida [aqui](#) informando o código verificador **4389379** e o código CRC **3027457D**.
