

DISCIPLINA : *Bioinformática*
PROFESSOR : *Alexandre Siqueira Guedes Coelho*

CARGA HORÁRIA: 32h

Objetivo

- Proporcionar ao aluno o desenvolvimento de uma visão clara e atualizada a respeito da Bioinformática, como ferramenta, e de suas modernas aplicações na análise genômica de plantas, animais e microorganismos.

Programa

1. Histórico. A demanda por ferramentas de Bioinformática.
2. Introdução à análise genômica.
 - a. Estrutura genômica de procariotos e eucariotos.
 - b. Ferramentas de análise genômica. Tecnologia do *DNA* Recombinante. Construção de bibliotecas de *DNA*.
 - c. A técnica de *PCR*. Métodos de sequenciamento de *DNA*.
 - d. O método de Sanger e suas derivações.
 - e. Os métodos de sequenciamento de *DNA* de nova geração.
 - f. Estratégias de sequenciamento de genomas.
3. Utilização de bancos de dados de sequências de *DNA* e proteínas.
 - a. Recursos e ferramentas de análise do *NCBI*.
 - b. A análise *BLAST*.
 - c. Ferramentas para predição de genes e de sua estrutura.
 - d. Ferramentas de predição de direcionamento de proteínas.
 - e. Ferramentas de desenho de *primers*.
 - f. Ferramentas de identificação de locos microssatélites.
4. Introdução à filogenia molecular.
 - a. Alinhamento de sequências.
 - b. Introdução aos métodos de reconstrução de árvores filogenéticas.
 - c. Aplicações da filogenia molecular.
5. Ferramentas de suporte a projetos de sequenciamento de genomas.
 - a. Controle de qualidade de dados de sequenciamento de *DNA*.
 - i. *Base-calling*. A estatística *phred*.
 - ii. Detecção de vetores/fragmentos contaminantes.
 - iii. Controle de qualidade de sequências obtidas com tecnologias de nova geração (*NGS*).
 - b. Ferramentas de *assembly* (Sanger).

- c. Re-sequenciamento de genomas (*NGS*).
 - i. Alinhamento de *reads* em sequências de referência.
 - ii. Ferramentas de detecção e análise de polimorfismos de uma única base (*SNPs*).
6. Análise de dados de expressão gênica.
 - a. Análise de experimentos de microarranjos (*microarrays*).

Estratégias de Ensino

- Exposição oral (com e sem recursos audiovisuais).
- Aulas práticas em laboratório de informática.
- Resolução e discussão de exercícios práticos.
- Discussão de artigos relativos ao conteúdo.

Avaliação da aprendizagem

- Avaliação escrita.
- Relatórios de atividades práticas.

Bibliografia

- Baxevanis, A.D.; Ouellette, B.F.F. (2005) *Bioinformatics - A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins*. 3ª ed. John Wiley & Sons Inc., New York, USA. 470p.
- Gibas, C. & Jambeck, P. (2001) *Desenvolvendo a Bioinformática*. Campus, Rio de Janeiro, RJ. 448p.
- Golding, B. & Morton, D. (2005) *Elementary Sequence Analysis*. Apostila. 200p.
- Griffith, A.J.F.; Wessler, S.R.; Lewontin, R.C.; Gelbart, W.M.; Suzuki, D.T.; Miller, J.H. (2006) *Introdução à Genética*. 8ª ed. Guanabara Koogan, Rio de Janeiro, RJ. 764p.
- Lemey, P.; Salemi, M.; Vandamme, A.-M. (2009) *The Phylogenetic Handbook: A Practical Approach to Phylogenetic Analysis and Hypothesis Testing*. 2ª ed. Cambridge University Press, New York, USA. 751p.
- Lesk, A.M. (2008) *Introdução à Bioinformática*. 2ª ed. ArtMed, Porto Alegre. 384p.
- Schneider, H. (2007) *Métodos de Análise Filogenética - Um guia prático*. 3ª ed. Sociedade Brasileira de Genética e Holos, Ribeirão Preto, SP. 200p.
- Verli, H. (2014) *Bioinformática - da Biologia à Flexibilidade Molecular*. Porto Alegre, RS. 291p.
- Ye, S.Q. (2012) *Bioinformatics - A Practical Approach*. Chapman & Hall/CRC, London, UK. 648p.

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sites/entrez?db=books>

+ Artigos selecionados.