



FORMULÁRIO PARA CRIAÇÃO DE COMPONENTE CURRICULAR

1. IDENTIFICAÇÃO DO PROGRAMA

Programa PÓS-GRADUAÇÃO EM BIOQUÍMICA

2. TIPO DE COMPONENTE

Atividade () Disciplina (X) Módulo ()

3. NÍVEL

Mestrado (X) Doutorado (X)

4. IDENTIFICAÇÃO DO COMPONENTE

Nome: CIP8033- BIOINFORMÁTICA APLICADA A GENÔMICA E PROTEÔMICA

Carga Horária Prática: -

Carga Horária Teórica: 32 h

Nº de Créditos: 2 créditos

Obrigatória: Sim () Não (X)

Área de Concentração:

5. DOCENTE RESPONSÁVEL

JOSÉ HÉLIO COSTA

6. JUSTIFICATIVA

Os novos métodos de sequenciamento de DNA têm disponibilizado crescentes quantidades de dados tornando-se uma ferramenta promissora e sem custo para se fazer novas descobertas a respeito de genes / proteínas através de buscas "in silico". Inúmeros bancos de dados de proteínas abordando diferentes interfaces da molécula também surgiram nos últimos tempos. Dessa forma, é extremamente importante a difusão do conhecimento sobre ferramentas, bancos de dados e como usá-los na análise de sequencias de DNA, RNA, proteínas.

7. OBJETIVOS

A referida disciplina visa familiarizar o aluno com o uso de bancos de dados e variadas ferramentas para o estudo das biomoléculas DNA, RNA e proteínas.

8. EMENTA

A disciplina Bioinformática Aplicada a Genômica e Proteômica será ministrada em caráter 100% prático. Os alunos serão instruídos sobre os seguintes temas: similaridade, homologia e alinhamento de sequências, algoritmos de alinhamento, métodos de alinhamentos simples e múltiplos, anotação gênica e expressão in silico, desenho de primers específicos e degenerados, identificação de proteínas com dados de massa e carga de peptídeos (abordagem proteômica), caracterização subcelular, funcional e estrutural das proteínas, modelagem e docking molecular, filogenia e modelos evolucionários, buscas em bancos de dados biológicos.

9. PROGRAMA DA DISCIPLINA/ATIVIDADE/MÓDULO

Modulo 1:

- Bancos de dados de seqüências nucleotídicas/protéicas: NCBI; EMBL; DDBJ; Swiss Prot; outros.
- Formato de sequencias;
- Ferramentas de análise de sequências: BLAST (Basic Local Alignment Search Tool): uso e interpretações de dados.
- Ferramentas de análise de sequências: Clustal X
- Anotação de genes em seqüências de bancos de dados: determinação de exons, introns e estudo de promotores;

Modulo 2:

- Estratégias de desenhos de primers para identificação de famílias multigênicas por PCR
- Obtenção de cDNAs completos a partir de dados de EST (Expressed Sequence Tag): diferenciação de genes de uma família multigênica;
- Determinação de sítios específicos de proteínas expressas por uma família multigênica;
- Ferramentas de análise proteômica: "ExPASy tools";
- Identificação de proteínas em análises proteômicas;
- Modelagem e análise da estrutura tridimensional de proteínas;
- Construção de árvores filogenéticas através das ferramentas MEGA (Molecular Evolutionary Genetics Analysis) e Clustal X.

10. FORMA DE AVALIAÇÃO

- Provas práticas sobre o conteúdo ministrado;
- Trabalhos em equipe.

11. BIBLIOGRAFIA

- HODGMAN, T. C.; FRENCH, A.; WESTHEAD, D.R. **Bioinformatics**. 2nd ed. Abingdon, Oxfordshire: Taylor & Francis, c2010. x, 340 p.
- GU, J.; BOURNE, P.E. **Structural bioinformatics**. Hoboken, N.J.: Wiley-Liss, c2009. xxvi,1035 p. (Methods of biochemical analysis ; v. 44).
- PEVSNER, J. **Bioinformatics and functional genomics**. 2nd ed. New Jersey: John Wiley & Sons, c2009. xxviii, 951 p.
- RAMSDEN, J. **Bioinformatics: an introduction**. 2nd ed. London, England: Springer, 2009. xvi, 271 p.
- LESK, A.M. **Introduction to bioinformatics**. 3. ed. Oxford: Oxford University Press, c2008. xxii, 474 [+8] p..
- XIA, X. **Bioinformatics and the cell: modern computational approaches in genomics, proteomics, and transcriptomics**. New York, NY: Springer, 2007. xv, 349 p.
- MENDONÇA, I.B. **Acompanhamento das principais técnicas biomoleculares no laboratório de Biotecnologia e Biologia Molecular e no núcleo de Genômica e Bioinformática**. 2015. 57 f. Monografia (Graduação em Zootecnia)-Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, 2015. Disponível em: <<http://www.repositoriobib.ufc.br/000034/0000345b.pdf>
- **BIOINFORMÁTICA, CIÊNCIAS BIOMÉDICAS E EDUCAÇÃO**. Fortaleza, CE: Edições UFC, 2011. 277 p.

(Coleção Diálogos Intempestivos, 103) ISBN 978 85 7282 450 7

- HASTIE, T.; TIBSHIRANI, R.; FRIEDMAN, J. **The elements of statistical learning: data mining, inference, and prediction**. 2nd ed. New York, NY: Springer, 2009. xxii, 745 p.
- LESK, A.M. **Introdução à bioinformática**. 2. ed. Porto Alegre: Artmed, 2008. 381 p.
- VIANA, G. V.R. **Técnicas para construção de árvores filogenéticas**. 2007. 176 f. Tese (doutorado em Computação) - Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, 2007



Documento assinado eletronicamente por **CLEVERSON DINIZ TEIXEIRA DE FREITAS, Coordenador de Pós-Graduação**, em 26/02/2021, às 11:30, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site https://sei.ufc.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o código verificador **1812375** e o código CRC **7925CE23**.