

Programa Analítico de Disciplina

BQI 460 - Bioinformática

Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular - Centro de Ciências Biológicas e da Saúde

Catálogo: 2023

Número de créditos: 4

Carga horária semestral: 60h

Carga horária semanal teórica: 2h

Carga horária semanal prática: 2h

Carga horária de extensão: 0h

Semestres: I

Objetivos

Não definidos

Ementa

Introdução à bioinformática. Ambiente Linux e programação básica. Introdução a banco de dados biológicos. Técnicas de alinhamento de sequências. Introdução a análise genômica. Genômica comparativa e análise filogenética. Introdução a análise transcriptômica. Introdução a análise proteômica e metabolômica. Introdução a biologia de sistemas e redes biológicas moleculares. Introdução a modelagem matemática de dados biológicos. Introdução a bioinformática estrutural.

Pré e correquisitos

BIO 311* ou BQI 430*

Oferecimentos obrigatórios

Curso	Período
Bioquímica	7

Oferecimentos optativos

Curso	Grupo de optativas
Ciências Biológicas - Bacharelado	Geral
Ciências Biológicas - Licenciatura (Integral)	Geral
Licenciatura em Ciências Biológicas	Geral

BQI 460 - Bioinformática

Conteúdo					
Unidade	T	P	ED	Pj	To
1. Introdução à bioinformática 1. Bioquímica, biologia molecular e celular: do Gene ao sistema biológico 2. Histórico da bioinformática 3. Principais subáreas da bioinformática: i) análise de sequência e ômicas ii) biologia de sistemas iii) bioinformática estrutural 4. Bioinformática e os avanços da biotecnologia	2h	0h	0h	0h	2h
2. Ambiente Linux e programação básica 1. Estrutura básica do ambiente linux 2. Terminal e comandos básicos 3.3 Linguagem de programação e automatização de processos	2h	0h	0h	0h	2h
3. Introdução a banco de dados biológicos 1. Estrutura de bancos de dados 2.2 Métodos de construção e busca 3.3 Características dos principais bancos de dados biológicos públicos: NCBI, UNIPROT, KEGG, PDB	4h	0h	0h	0h	4h
4. Técnicas de alinhamento de sequências 1.1 Alinhamento global 2.2 Alinhamento local 3.3 Matrizes de substituição	4h	0h	0h	0h	4h
5. Introdução a análise genômica 1. Geração de dados e triagem de qualidade 2. Montagem 3.3 Anotação	2h	0h	0h	0h	2h
6. Genômica comparativa e análise filogenética 1.1 Comparação de conteúdo gênico 2.2 Análise de SNP 3.3 Algoritmos para construção de árvores filogenéticas	2h	0h	0h	0h	2h
7. Introdução a análise transcriptômica 1.1 Métodos de montagem e anotação 2.2 Análise de genes diferencialmente expressos	2h	0h	0h	0h	2h
8. Introdução a análise proteômica e metabolômica 1.1 Metodologias para análise qualitativa e quantitativa de dados de proteômica 2.2 Metodologias para análise qualitativa e quantitativa de dados de metabolômicas	4h	0h	0h	0h	4h
9. Introdução a biologia de sistemas e redes biológicas moleculares 1.1 Conceitos básicos aplicados a simulação e análise de sistemas biológicos 2.2 Tipos de redes biológicas moleculares: interatoma, metabólica, regulação 3.3 Teoria dos grafos e análise topológica de redes	2h	0h	0h	0h	2h

A autenticidade deste documento pode ser conferida no site <https://siadoc.ufv.br/validar-documento> com o código: 5647.50A2.IJEE

<p>10. Introdução a modelagem matemática de dados biológicos</p> <p>1.1 Conceito de parâmetro, variável e constante em modelagem matemática 1</p> <p>2.2 Análise de tendência de dados biológicos 1</p> <p>3.2 Otimização linear e simulação de fluxo metabólico 1</p> <p>4.3 Integração de dados de ômicas</p>	2h	0h	0h	0h	2h
<p>11. Introdução a bioinformática estrutural</p> <p>1.1 Principais programas para visualização e análise de estrutura de proteínas 1</p> <p>2.2 Modelagem por homologia 1</p> <p>3.3 Predição de modo de ligação ligante-proteína por docking 1</p> <p>4.4 Introdução a dinâmica molecular</p>	4h	0h	0h	0h	4h
<p>12. Ambiente Linux e programação básica</p> <p>1. Comandos principais</p> <p>2.2 Programação aplicada a resolução de pequenos problemas</p> <p>3.3 Estruturas principais de linguagem de programação</p>	0h	4h	0h	0h	4h
<p>13. Banco de dados em bioinformática</p> <p>1. Manipulação e conversão entre as principais estruturas de dados em bioinformática</p> <p>2.2 Busca e obtenção de dados em bancos de dados disponíveis na internet</p> <p>3.3 Análise de qualidade dos dados</p>	0h	4h	0h	0h	4h
<p>14. Uso de ferramentas disponíveis na internet para alinhamento de seqüências</p> <p>1.1 Ferramentas de alinhamento global</p> <p>2.2 Ferramentas de alinhamento local</p>	0h	4h	0h	0h	4h
<p>15. Montagem e anotação de genomas</p> <p>1.1 Análise e triagem de qualidade de seqüências</p> <p>2.2 Algoritmos de montagem de genomas por referência</p> <p>3.3 Algoritmos de montagem de genomas de novo</p> <p>4.4 Técnicas de anotação de genomas e análise de ontologia gênica</p>	0h	2h	0h	0h	2h
<p>16. Análise filogenética</p> <p>1.1 Método de neighbor joining</p> <p>2.2 Método de máxima verossimilhança</p> <p>3.3 Análise de qualidade e interpretação de árvores filogenéticas</p>	0h	2h	0h	0h	2h
<p>17. Métodos computacionais de análise transcriptômica</p> <p>1.1 Montagem de transcriptomas</p> <p>2.2 Anotação de transcriptomas</p> <p>3.3 Análise estatística de genes diferencialmente expressos</p>	0h	2h	0h	0h	2h
<p>18. Análise de agrupamento e visualização de dados aplicado as ômicas</p> <p>1.1 Construção de diagrama de Venn e heatmaps</p> <p>2.2 Métodos não supervisionados de agrupamento ? Dendogramas, K-means</p> <p>3.3 Métodos supervisionados de classificação ? árvore de decisão, SVM</p>	0h	4h	0h	0h	4h
<p>19. Análise topológica de redes biológicas moleculares</p> <p>1.1 Análise de centralidade</p>	0h	2h	0h	0h	2h

A autenticidade deste documento pode ser conferida no site <https://siadoc.ufv.br/validar-documento> com o código: 5647.50A2.IJEE

2.2 Análise de modularidade 3.3 Técnicas de agrupamento aplicada a redes 4.4 Análise de enriquecimento de ontologia gênica em módulos da rede					
20. Simulação e análise de balanço de fluxo metabólico 1.1 Geração de modelos matemáticos baseados em redes metabólicas 2.2 Cálculo de otimização linear de modelos 3.3 Análise de regressão linear e não linear de modelos 4.4 Integração de dados de ômicas para aperfeiçoamento do modelo	0h	2h	0h	0h	2h
21. Técnicas computacionais de bioinformática estrutural 1. Resolução de mapas de cristalografia de raio X de macromoléculas 1 2. Programas de visualização e análise de estrutura de moléculas 1 3. Modelagem por homologia de estrutura de proteínas 1 4. Análise do modo de ligação entre ligante e proteína por docking	0h	4h	0h	0h	4h
Total	30h	30h	0h	0h	60h

Teórica (T); Prática (P); Estudo Dirigido (ED); Projeto (Pj); Total (To);

Planejamento pedagógico	
Carga horária	Itens
Teórica	<i>Não definidos</i>
Prática	<i>Não definidos</i>
Estudo Dirigido	<i>Não definidos</i>
Projeto	<i>Não definidos</i>
Recursos auxiliares	<i>Não definidos</i>

BQI 460 - Bioinformática

Bibliografias básicas

Descrição	Exemplares
LESK, A. Introduction to Bioinformatics. 2nd Edition. Oxford. 2008. 390 p.	1
XIONG, J. Essential bioinformatics. Cambridge University Press. USA. 2008. 339 p.	1

Bibliografias complementares

Descrição	Exemplares
CLAVERIE, J.M.; NOTREDAME, C. Bioinformatics. 2ª ed. Wiley Publishing, Inc. 2007. 436p.	0
MOREIRA, L. M. Ciências genômicas: Fundamentos e aplicações. 2016. Disponível gratuitamente em: http://moreiralab.net	0
VERLI, H. Bioinformática da biologia à flexibilidade molecular. Porto Alegre. 2014. 282p. Disponível gratuitamente em: http://www.ufrgs.br/bioinfo/ebook/	0
WALHOUT, M.. Handbook of Systems Biology ? Concepts and Insights. Academic Press. 2012. 552 p.	0