



UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA  
FACULDADE DE COMPUTAÇÃO  
COLEGIADO DO CURSO DE SISTEMAS DE INFORMAÇÃO

### FICHA DE DISCIPLINA

DISCIPLINA: BIOINFORMÁTICA

CÓDIGO: GSI042		UNIDADE ACADÊMICA: FACULDADE DE COMPUTAÇÃO		
PERÍODO/SÉRIE: 7º OU 8º		CH TOTAL TEÓRICA:	CH TOTAL PRÁTICA:	CH TOTAL:
OBRIGATORIA: ( )	OPTATIVA: ( X )	60	00	60
OBS:				
PRÉ-REQUISITOS: NÃO HÁ		CÓ-REQUISITOS: NÃO HÁ		

### OBJETIVOS

Possibilitar aos alunos conhecer as estratégias e algoritmos computacionais usados como suporte na teoria da evolução e biologia molecular.

### EMENTA

Introdução geral à genômica e à bioinformática modernas, cobrindo os vários projetos de sequenciamento, genômica comparativa e evolutiva, incluindo análise de dados de sequenciamento. Módulos teóricos e computacionais: os módulos básicos compreendem o estudo de genomas e biologia computacional genômica e pós-genômica, e mineração de bases de dados; módulos suplementares são adicionados em concordância com os avanços da área, e cobertos com a apresentação de uma pequena monografia em um dos seguintes tópicos: evolução microbiana molecular; genes e doenças; biologia estrutural; mineração de bases de dados avançados; programação e algoritmos para bioinformática.

## DESCRIÇÃO DO PROGRAMA

1. Introdução à Biologia Molecular e a Teoria da Evolução
  - Histórico
  - Organização da vida e evolução
  - Dogma central da biologia molecular
  - Ferramentas da biologia molecular
  - Definição de bioinformática
2. Alinhamento de Pares de Sequência
  - Introdução, tipos e significância de alinhamento de sequências
  - Matriz DOT
  - Algoritmos de programação dinâmica para alinhamento de pares de sequências
    - Análise dos gaps
    - Matrizes substituição
    - Análise da significância de um alinhamento de sequências
    - Aplicações
3. Alinhamento Múltiplo de Sequências
  - Introdução
  - Métodos progressivos para o alinhamento múltiplo de sequências
  - Métodos iterativos para o alinhamento múltiplo de sequências
4. Predição da Estrutura Secundária de RNA
  - Introdução
  - Métodos baseados na energia-livre mínima
5. Algoritmos Heurísticos para alinhamento rápido de sequências
  - BLAST
  - FASTA
6. Predição de Genes
  - Genomas de Micróbios vs. Genoma de eucariotos
  - Predição de ORFs
  - Predição de Promotores
  - Uso de métodos de Aprendizado de Máquina
7. Predição de estrutura de proteína
  - Introdução à estrutura de proteínas
  - Classificação de proteínas baseada na estruturais
  - Algoritmos para alinhamento de estruturas de proteínas
8. Assembly e análise de genomas
  - Algoritmos para assembly de sequências de DNA
  - Introdução à genômica comparativa

## BIBLIOGRAFIA

### Básica

MOUNT, D. W. Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis, Cold Spring Harbor Laboratory Press; 2nd ed., 2004.

DEONIER, R. C., TAVARE, S., WATERMAN, M. S. Computational Genome Analysis: An Introduction, Springer, Kindle edition, 2007.

### Complementar

BROWN, T. A. Genomes, John Wiley & Sons, 1999.

HARTL, D. L., JONES, E. W. Genetics: Analysis of Genes And Genomes, 5th ed., Jones and Bartlett, 2000.

ATWOOD, T.; PARRY-SMITH, D. Introduction to Bioinformatics, Prentice-Hall, 1999.

KANEHISA, M. Post-genome Informatics. Oxford University Press, 2000.

## APROVAÇÃO

03 / 11 / 2011

Carimbo e assinatura do Coordenador do curso

Universidade Federal de Uberlândia  
Prof. Dr. Daniel Gomes Mesquita  
Coordenador do Curso de Sistemas de Informação  
Portaria R N°. 1257/10

03 / 11 / 2011

Carimbo e assinatura do Diretor da  
Unidade Acadêmica

Universidade Federal de Uberlândia  
Prof. Ilmério Reis da Silva  
Diretor da Faculdade de Computação  
Portaria R N°. 757/11