

DISCIPLINA: Tópicos Especiais em Computação e Algoritmos: Introdução à Bioinformática	CÓDIGO:
--	----------------

VALIDADE: Início: **abril/2021**

Término:

Carga Horária: Total: **60 horas-aula** Semanal: **4 aulas** Créditos: **4**

Modalidade: **Teórica / Prática**

Classificação do Conteúdo pelas DCN: **Profissional**

Ementa:

Introdução à Bioinformática, histórico, fundamentos. Fundamentos da biologia estrutural. Modelagem de problemas biológicos. Uso prático de ferramentas de bioinformática. Programação de scripts para execução paralela ou sequencial de programas de bioinformática em linha de comando. Aplicação de computação de alto desempenho.

Cursos	Período	Eixo	Obrig.	Optativa
Engenharia de Computação	6º	Fundamentos de Engenharia de Computação		X

Departamento/Coordenação: Departamento de Computação (DECOM)

INTERDISCIPLINARIDADES

Pré-requisitos	Código
Banco de Dados I	2ECOM.033
Co-requisitos	

Objetivos: <i>A disciplina deverá possibilitar ao estudante</i>	
1	Aprender os principais algoritmos e ferramentas computacionais usadas na bioinformática.
2	Utilizar as principais ferramentas de bioinformática em ambientes GNU/Linux.
3	Resolver problemas de interesse prático utilizando ferramentas de bioinformática e biologia computacional.
4	Entender a biologia estrutural e sua aplicação.

Unidades de ensino		Carga-horária Horas/aula
1	Conceitos e história da Bioinformática.	2
2	Biologia na era da informática.	4
3	Estruturas de Proteínas. Representações gráficas de proteínas.	8
3	Aplicação de ferramentas computacionais e linguagens de	6

	script para solução de problemas de Bioinformática.	
4	Uso de computação de alto desempenho para execução paralela de scripts.	4
5	Métodos de validação e extração de dados biológicos a partir de estruturas.	10
6	Estudo de bancos de dados biológicos (PDB, NCBI, dentre outros).	8
7	Alinhamentos e sobreposição estrutural de proteínas.	8
8	Outras ferramentas de bioinformática: similaridades entre sequências biológicas, visualização estrutural, filogenia, outras análises bioinformáticas, tais como BLAST, Clustal, CN3D, Pymol, Rasmol, EsyPred3D, Phylogeny, dentre outros.	10
Total		60

Bibliografia Básica

1	SELZER, Paul M.; MARHÖFER, Richard J. e KOCH, Oliver. “Applied Bioinformatics”, 2 ed. Springer, Cham: Springer International Publishing AG, 2018, 183p.
2	JONES, Neil C. E PEVZNER, Pavel A. “An introduction to bioinformatics algorithms” 1 ed. Cambridge: MIT Press, 2005, 435p.
3	JAMIL, G. e GOUVEA, B. Linux para profissionais. Axcel Editora, 2006.

Bibliografia Complementar

	CHEN, Jake Y. e LONARDI, Stefano “Biological Data Mining” 1 ed., Nova Iorque, Chapman & Hall, 2009, 733 p.
1	PALSSON, Bernhard O. “Systems Biology: Properties of Reconstructed Networks” 1 ed. Cambridge: Cambridge University Press, 2006, 322 p.
2	BOWER, James e BOLOURI, H. “Computational Modeling of Genetic and Biochemical Networks” Westwood: MIT Press, 2001, 336p.
3	KRAUTH, Werner “Statistical mechanics: Algorithms and Computation” 1 ed, Oxford: Oxford University Press, 2006, 342p.
4	SCHERER, Cláudio “Métodos computacionais da física” 1 ed., São Paulo: Editora da Física, 2005, 284p.
5	SCHLICK, Tamar “Molecular Modeling and Simulation” 1 ed, Nova Iorque: Springer, 2002, 634p.