**ÁREA DE CONCENTRAÇÃO:** Bioinformática

**CARGA HORÁRIA:** 360h

**COORDENADORES:** Marcos Catanho, Antonio Basílio de Miranda

**ORIENTADOR:** Edson Machado

**EMENTA**

A bioinformática é uma ciência multidisciplinar que surgiu da necessidade de se compreender as funções biológicas, mais especificamente os genes. A engenharia de softwares, a matemática, a física, a química, a estatística, a ciência da computação e a biologia molecular são algumas áreas do conhecimento relacionadas a ela.

Essa ciência é responsável por armazenar e relacionar dados biológicos, com o auxílio de métodos computacionais e algoritmos matemáticos. Assim, reconhece padrões que provavelmente seriam impossíveis de serem analisados sem tal ajuda.

Um bioinformata, além de dominar conhecimentos específicos da Biologia, como a Biologia Molecular, deve ser capaz de desenvolver programas e também utilizar aqueles que não foram feitos por ele. A linguagem de programação amplamente adotada por esses profissionais é a PERL (Practical Extract and Report Language).

Prever estruturas e resultados, estudar e simular o metabolismo de células, construir árvores evolutivas, estudar estruturas tridimensionais de moléculas, analisar imagens e sinais biológicos, e até mesmo desvendar a função biológica de determinada sequência de DNA, são algumas atividades que a bioinformática possibilita. O armazenamento de informações em um banco de dados permite que pesquisadores de todo o mundo compartilhem informações, sendo o GenBank um dos mais conhecidos e completos.

Fonte: Brasil Escola http://brasilescola.uol.com.br/biologia/bioinformatica.html

**OBJETIVO**

Apresentar conceitos básicos em Bioinformática, os experimentos comumente elaborados e executados, as principais ferramentas e fontes de dados utilizadas e sua aplicabilidade em áreas da saúde

**CONTEÚDO PROGRAMÁTICO**

**Formação teórica a ser oferecida ao aluno**

1. Introdução à Bioinformática: origem e evolução; definições e conceitos básicos; principais bancos de dados biológicos e ferramentas de análise;

2. Comparação de sequências e busca por similaridade: métodos de alinhamento de sequências; esquemas de pontuação e matrizes de substituição; formas de representação; alinhamentos múltiplos de sequências; sequências consenso e perfis de sequências; heurísticas de alinhamento global e local;

3. Prospecção de genes e funções biológicas: predição de regiões codificadoras; anotação de sequências; sistemas automatizados para a anotação de genomas;

4. Filogenia e Filogenômica: fundamentos de evolução e filogenia molecular; homologia vs. analogia; ortologia e paralogia; genômica comparativa; métodos filogenômicos.

**Atividades práticas a serem desenvolvidas pelo aluno durante o estágio**

1. Mineração de dados em bancos de dados biológicos;

2. Análise da qualidade, agrupamento e montagem em *contigs* de *reads* obtidos com o sequenciamento de genomas através de novas tecnologias de sequenciamento;

3. Anotação das sequências genômicas através de sistemas automatizados;

4. Classificação funcional de proteínas preditas através do uso de um vocabulário controlado (ontologia) dos genes e seus produtos;

5. Identificação das proteínas ortólogas, parálogas e taxonomicamente restritas;

6. Inferência evolutiva com uso de abordagens filogenômicas, a partir do conteúdo de proteínas codificadas entre um grupo de genomas de distintas cepas e/ou espécies.

**Avaliação**

A avaliação da disciplina compreenderá um relatório parcial, a ser entregue na metade do curso, um relatório final, a ser entregue no final do curso, além da elaboração de um pôster contendo um resumo de todo o conteúdo teórico e prático apreendido durante o curso. Esse pôster será apresentado oralmente no workshop do Curso de Especialização de nível Técnico em Biologia Parasitária e Biotecnologia (CENT), o qual realizar-se-á no final do Curso. Além da avaliação mencionada anteriormente, na qual o aluno deverá obter média maior igual a sete, o aluno deverá ter no mínimo, frequência de 75%. Tanto a frequência, quanto o desenvolvimento do aluno durante o estágio, serão acompanhados mensalmente pela coordenação do CENT, através de formulários que serão encaminhados à coordenação pelo Coordenador e/ou orientador do aluno.

**REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS**

1. Bioinformática: da Biologia à Flexibilidade Molecular, 2014.

2. Bioinformatics for Dummies, 2nd Edition, Wiley Publishing, 2006.

3. Ciências genômicas: fundamentos e aplicações, Sociedade Brasileira de Genética,

 2015.

4. Developing Bioinformatics Computer Skills, O'Reilly, 2001.