



Plano de Atividades Domiciliares ADE

Unidade Curricular: Introdução à Bioinformática		
Professor(es): André Zelanis Palitot Pereira		Contato: andre.zelanis@unifesp.br Horário em Home Office: <i>(opcional)</i> quartas e sextas; 10-12h
Ano Letivo: 2020	Semestre: 1º	Carga horária total: 64h
Turmas: <i>Turma única – alunos do Bacharelado em Ciência e Tecnologia</i> Código da turma no <i>Google classroom</i> : qdi2qop Link no <i>google meet</i> : https://meet.google.com/lookup/eo7dxa3ipx		
Plataforma de acesso ao curso: Google classroom: <i>disponibilização de conteúdo teórico-prático (as aulas serão gravadas e o link disponibilizado aos alunos no dia anterior a cada aula); os slides referentes às aulas, bem como o material de apoio será disponibilizado na mesma plataforma, no formato (pdf).</i> Google meet: <i>para atividades síncronas (reuniões com os alunos, plantão de dúvidas, resolução de exercícios)</i>		
Objetivos (remoto): Introduzir o aluno à biologia computacional por meio da apresentação e discussão dos modelos utilizados para a análise de sequências de proteínas, ácidos nucleicos e modificações pós-traducionais; neste contexto, espera-se que o curso na modalidade remota possa fornecer subsídios para o entendimento da diversidade e complexidade de fenômenos em bioquímica e biologia molecular a partir da análise computacional de dados experimentais.		



Conteúdo Programático e Cronograma

Semana	Dia	Título da aula	Atividade síncrona (S) ou assíncrona (A)	Conteúdo	Carga horária (h)
1	5/8/2020	Aula inicial	S	Apresentação do curso na forma remota, breve revisão (aulas 1-3)	2
	7/8/2020	Análise da expressão gênica	A	Bibliotecas de cDNA, ESTs, microarrays	2
2	12/8/2020	Estratégias para o estudo de genomas	A	O projeto Genoma Humano	2
	14/08/2020	Explorando premissas (I): modelos estatísticos simples	A	Distribuição de frequências, medidas de tendência central, histogramas e box plots	2
3	19/08/2020	Apresentação de caso/plantão de dúvidas - modelos estatísticos	S	Introdução ao R (Rstudio) - análise de dados simples (histogramas, correlação, box plot)	4
	21/08/2020	Explorando premissas (II): modelos estatísticos simples	A	Medidas de dispersão, transformação e normalização de dados	2
4	26/08/2020	Apresentação de caso/plantão de dúvidas - modelos estatísticos	S	Análise de dados reais (transformação, normalização, correlação e histogramas)	4
	28/08/2020	Explorando incertezas: testes estatísticos	A	Testes estatísticos, tamanho amostral, erros (tipo I e tipo II)	2
5	2/9/2020	Apresentação de caso/plantão de dúvidas - modelos estatísticos	S	Análise de dados reais (teste-t)	4
	4/9/2020	Duplicação gênica	A	Evolução molecular e suas implicações	2
6	9/9/2020	Alinhamento de seqüências - I	A	Aspectos introdutórios	2
	11/9/2020	Apresentação de caso - apresentação da atividade (dotplot) a ser	S	Gráfico dotplot de um alinhamento de seqüências	4
7	16/09/2020	Discussão dos exercícios apresentados	S	Discussão dos exercícios	4
	18/09/2020	Alinhamento de seqüências - II	A	Matrizes de substituição utilizadas em alinhamento de seqüências	2
8	23/09/2020	Alinhamento de seqüências - III	A	Significância de alinhamentos Pacote BLAST	2
	25/09/2020	Apresentação de caso - alinhamento de seqüências	S	Apresentação e discussão dos exercícios	4
9	30/09/2020	Proteômica	A	Introdução à proteômica e espectrometria de massas	2
	2/10/2020	Apresentação de caso - Proteômica	S	Apresentação e discussão dos exercícios	2
10	7/10/2020	Anotação Biológica	A	Aspectos introdutórios, gene ontology, abordagens <i>quilt by association</i>	2
	9/10/2020	Apresentação de caso - anotação biológica	S	Apresentação da atividade a ser desenvolvida e entregue em 7 dias	4
11	14/10/2020	Modificações pós-traducionais	A	Aspectos introdutórios	2
	16/10/2020	Apresentação de caso - modificações pós-traducionais e inform	S	Apresentação e discussão dos exercícios	4
12	até 19/10/2020	Período para recebimento e avaliação das atividades finais (por	A	Avaliação dos trabalhos pelo docente	4
TOTAL					64

Metodologia de Ensino Utilizada:

Aulas assíncronas (videoaulas) e síncronas (apresentação de casos para estudo, plantão de dúvidas e apresentação de seminários pelos alunos). As videoaulas serão gravadas e, um dia antes de cada aula, os alunos receberão um *link* de acesso ao conteúdo, que poderá tanto ser baixado e armazenado pelo estudante, quanto assistido *on-line*. Para as atividades síncronas, os estudantes efetuarão login no *google meet* utilizando seus respectivos e-mails institucionais. Todas as atividades síncronas serão gravadas e disponibilizadas pelo professor na plataforma *google classroom*. As atividades práticas a serem apresentadas em aula terão prazos semanais de entrega por parte dos alunos.

Metodologia de Avaliação

A avaliação consistirá em duas atividades assíncronas a serem entregues pelos alunos: (i) a resolução e entrega dos casos para estudo propostos nas aulas práticas e (ii) a elaboração de seminários de acordo com os temas propostos ao longo do curso. Ambas atividades deverão ser submetidas e armazenadas na plataforma *google classroom*. As atividades práticas terão prazo de uma semana para serem entregues e o seminário deverá ser entregue até o final do semestre letivo. O conceito "cumprido" será atribuído



aos alunos(as) que apresentarem estas as atividades alinhadas com os principais tópicos discutidos durante as aulas.

Bibliografia básica e complementar para uso remoto:

Básica

1. Lesk, A. Introdução à bioinformática. Artmed, 2^oed., 2008.
2. Applied bioinformatics - Paul M. Selzer, Richard J. Marhöfer, Oliver Koch – 2ed. Springer, 2018
3. Understanding Statistics Using R - Randall Schumacker , Sara Tomek, 1ed. Springer, 2013.

Bibliografia complementar:

1. Pevsner, J. Bioinformatics and functional genomics. John Wiley & Sons Inc. 2nd ed., 2009.
2. Samuelson, T. Genomics and bioinformatics. Cambridge, University Press. 2012.
3. Sanger, F. Sequences, sequences and sequences. *Ann. Rev. Biochem.* 57:1-28, 1988.
4. Green, E.D. Strategies for the systematic sequencing of complex genomes. *Nat. Rev. Gen.* 2:573-583, 2001.
5. Altschul, S. *et al.*, Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs. *Nucleic Acids Res.* 25(17):3389-402, 1997.

Programas (livres) a serem utilizados nas aulas práticas:

R-studio: <https://rstudio.com/>

R: <https://www.r-project.org/>