



Plano de Atividades Domiciliares ADE

Unidade Curricular: Introdução à Bioinformática

Professor:
André Zelanis Palitot Pereira

Contato: andre.zelanis@unifesp.br

Horário em Home Office: *(opcional)*
quartas e sextas; 10-12h

Ano Letivo: 2021

Semestre: 1º

Carga horária total: 72h

Turmas: *Turma única – alunos do Bacharelado em Ciência e Tecnologia*
Código da turma no *Google classroom*: **3ayzwqj**

Plataforma de acesso ao curso:

Google classroom: *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).*
Google meet: *para atividades síncronas (reuniões com os alunos, plantão de dúvidas, resolução de exercícios)*

Objetivos (remoto):

Introduzir o aluno à bioinformática 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

Estima-se que cada tópico relacionado abaixo seja desenvolvido em 6h, perfazendo 72h totais. Cumpre salientar que, dada a natureza dinâmica de algumas das atividades, o tempo estimado para cada tópico pode sofrer variação sem que o desenvolvimento da UC sofra qualquer prejuízo. Para cada tópico apresentado abaixo, haverá duas aulas, sendo a primeira **síncrona** para explicação do conteúdo e a segunda **assíncrona** para desenvolvimento de atividades bioinformáticas práticas (estudos dirigidos)

1. Bancos de dados em biologia;
2. Introdução à linguagem R de programação e exercícios dirigidos em bioinformática;
3. Genomas e transcriptomas;
4. Duplicação gênica e suas implicações evolutivas;
5. Matrizes PAM e BLOSUM e suas aplicações no alinhamento de sequências;
6. Pacote BLAST;
7. Aspectos introdutórios à espectrometria de massas;
8. Proteoma - o complemento protéico do genoma;
9. Introdução à proteômica computacional;
10. Análise proteômica *in silico*: *Peptide Mass Fingerprint* e *MS/MS ion search*;
11. Análise de modificações pós-traducionais;
12. Interações proteína-proteína.

Metodologia de Ensino Utilizada:

Aulas assíncronas (videoaulas) e síncronas (apresentação de casos para estudo e plantão semanal de dúvidas). 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 atividades assíncronas a serem entregues pelos alunos: (i) a resolução e entrega dos casos para estudo propostos nas aulas práticas e (ii) a resolução de 3 listas de exercícios referentes aos tópicos abordados nas aulas. As atividades deverão ser submetidas e armazenadas na plataforma *google classroom*. As atividades práticas terão prazo de uma semana para serem entregues e as listas terão um prazo de 72h para resolução. A média final da disciplina será computada a partir da média aritmética simples das 3 listas e dos exercícios referentes às atividades práticas. Alunos com nota final ≥ 6.0 receberão o conceito **Cumprido**. Aqueles cuja nota final for ≤ 6.0 terão oportunidade de responder a uma lista final (exame), para a qual deverão obter nota final ≥ 6.0 para obtenção do conceito Cumprido.



Bibliografia básica e complementar para uso remoto:

Básica

1. Lesk, A. Introdução à bioinformática. Artmed, 2ºed., 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/>