

Campus: São José dos Campos		
Curso (s): Bacharelado em Ciência e Tecnologia/Bacharelado em Biotecnologia		
Unidade Curricular (UC): Introdução à bioinformática		
Unidade Curricular (UC): <i>Introduction to bioinformatics</i>		
Unidade Curricular (UC): <i>Introducción a la bioinformática</i>		
Código da UC: 5372		
Docente Responsável/Departamento: André Zelanis/ Ciência e Tecnologia		Contato (e-mail): <i>andre.zelanis@unifesp.br</i>
Docente (s) Colaborador/a (es/as)/Departamento (s):		Contato (e-mail): [opcional]
Ano letivo: 2024	Termo: 1	Turno: manhã
Nome do Grupo/Módulo/Eixo da UC (se houver):		Idioma predominante em que a UC será oferecida: <input checked="" type="checkbox"/> Português <input type="checkbox"/> English <input type="checkbox"/> Español <input type="checkbox"/> Français <input type="checkbox"/> Libras <input type="checkbox"/> Outro:
UC: <input checked="" type="checkbox"/> Fixa BBT <input type="checkbox"/> Eletiva <input type="checkbox"/> Optativa	Oferecida como: <input checked="" type="checkbox"/> Disciplina <input type="checkbox"/> Módulo <input type="checkbox"/> Estágio <input type="checkbox"/> Outro:	Oferta da UC: <input checked="" type="checkbox"/> Semestral <input type="checkbox"/> Anual
Ambiente Virtual de Aprendizagem: <input type="checkbox"/> Moodle <input checked="" type="checkbox"/> Classroom <input type="checkbox"/> Outro: <input type="checkbox"/> Não se aplica		
Pré-Requisito (s) - Indicar Código e Nome (s) da (s) UC: 5741 e 9394		
Carga horária total (em horas): 72h		
Carga horária teórica (em horas): 36	Carga horária prática (em horas): 36	Carga horária de extensão (em horas, se houver): 8
Se houver atividades de extensão, indicar código e nome do projeto ou programa vinculado na Pró-Reitoria de Extensão e Cultura (ProEC): 17847- Divulga Biotec: Projeto de divulgação científica do Programa de Pós-graduação em Biotecnologia e do Bacharelado em Biotecnologia da Unifesp.		
Ementa: Bancos de dados biológicos; bioestatística básica (plataforma R/RStudio); análise de expressão diferencial; alinhamento de sequências e matrizes de substituição; anotação de dados biológicos; proteômica; modificações pós-traducionais.		
<p>Conteúdo Programático</p> <ol style="list-style-type: none"> 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 <i>in silico</i>: <i>Peptide Mass Fingerprint</i> e <i>MS/MS ion search</i>; 11. Análise de modificações pós-traducionais; 12. Interações proteína-proteína. 		

Objetivos:

Gerais:

Introduzir o aluno à bioinformática por meio da apresentação e discussão dos modelos/abordagens utilizadas para a análise de dados em larga escala (proteínas, ácidos nucleicos e modificações pós-traducionais);

Específicos

Espera-se que o curso 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

Metodologia de ensino:

Aulas semanais compreendendo a apresentação e discussão do conteúdo, bem como momentos para discussão de dúvidas;

Parte da disciplina será ministrada de forma prática, utilizando o laboratório de informática, em encontros semanais com os alunos para resolução de atividades ligadas ao conteúdo apresentado;

O material a ser apresentado nas aulas (*slides*) e vídeos será disponibilizado aos alunos por meio da plataforma *google classroom*, para suporte constante pelo professor e monitores.

Avaliação:

Três provas (P1 a P3) e seminários (apresentados ao longo do semestre letivo e que contarão como ponto para a cada prova)

Bibliografia:

Básica:

1. KINSER, J.M. Python for Bioinformatics. Jones & Bartlett, 2008.
2. MOUNT, D.W. Bioinformatics. 2nd Ed. CSHL Press, 2004.
3. LESK, A.M. Introdução à Bioinformática. 2ª Ed. Artmed, 2005.

Complementar:

1. GRAUR, D.; LI, W.H. Fundamentals of Molecular Evolution. 2nd Ed. Sinauer, 2000.
2. N. C. Jones and P. A. Pevzner. An Introduction to Bioinformatics Algorithms, The MIT Press; 1 edition, 2004.
3. D. Gusfield. Algorithms on Strings, Trees and Sequences: Computer Science and Computational Biology. Cambridge, UK: Cambridge University Press, 1997
4. M. Waterman. Introduction to Computational Biology: Maps, Sequences, and Genomes, Boca Raton, FL: CRC Press, 1995.
5. R. Durbin, S. R. Eddy, A. Krogh, G. Mitchison. Biological Sequence Analysis: Probabilistic Models of Proteins and Nucleic Acids, Cambridge University Press, 1998

Programas (livres) a serem utilizados em atividades didáticas:

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

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

Cytoscape: <https://cytoscape.org/>

Cronograma: [opcional]