



DADOS DE IDENTIFICAÇÃO E ATRIBUTOS

CÓDIGO		NOME					DEPARTAMENTO OU EQUIVALENTE										
ICSA09		Bioinformática					Biotecnologia										
CARGA HORÁRIA (estudante)							MODALIDADE/ SUBMODALIDADE					PRÉ-REQUISITO (POR CURSO)					
T	T/P ⁷	P	PP ⁸	Ext ⁹	E	TOTAL	Disciplina / Teórico-Prática					ICSA18 - Genética					
	60					60											
CARGA HORÁRIA (docente/turma)							MÓDULO					SEMESTRE DE INÍCIO DA VIGÊNCIA					
T	T/P	P	PP	Ext	E	TOTAL	T	T/P	P	PP	Ext	E	2023.1				
	60					60		60									

EMENTA

Introdução à bioinformática; conceitos, principais bancos de dados online, recuperação e formatos de sequências, BLAST, alinhamento de sequências, análises filogenéticas. Uso de bancos de dados públicos; Alinhamento par-a-par e múltiplo; Predição de genes; Análise filogenética; Extração de padrões.

OBJETIVOS

OBJETIVO GERAL

Reconhecer os fundamentos da genética clássica, transmissão da herança genética e expressão funcional dos caracteres hereditários. Conhecer os fundamentos moleculares da herança genética, da sua transmissão hereditária e expressão funcional. Identificar os aspectos biotecnológicos relacionados ao conhecimento e à manipulação dos componentes genéticos das células.

OBJETIVOS ESPECÍFICOS

Reconhecer o histórico e as bases da genética mendeliana clássica;
Identificar os modelos de transmissão genética e de genética de populações;
Reconhecer a estrutura atômica do DNA e sua relação com a estrutura molecular e com a hereditariedade;
Identificar os componentes moleculares envolvidos na compactação do DNA e na remodelagem da cromatina;
Explicar os processos moleculares de replicação do DNA, transcrição e tradução;
Caracterizar os principais processos de alteração molecular do material genético, suas consequências na homeostase celular e os mecanismos de reparo presentes nas células;
Identificar processos biotecnológicos que envolvam a identificação, caracterização e manipulação do material genético.

OBJETIVO GERAL
Compreender a aplicação da Bioinformática nos principais problemas relacionados à área de Biotecnologia, Genética e Biologia Molecular, aplicando os conhecimentos adquiridos em problemas práticos do mundo real.

Refere-se à expectativa geral de aprendizagem dos estudantes em relação aos conhecimentos/habilidades/attitudes ao longo do componente curricular.

OBJETIVOS ESPECÍFICOS

Reconhecer as principais ferramentas de Bioinformática disponíveis e suas aplicações;

7 O componente da submodalidade teórico-prática (sem subdivisão do módulo de estudantes para as atividades práticas) terá sua carga horária total dividida, para efeito de cadastro, nos campos "T" e "P" do sistema acadêmico em uso na UFBA, por uma limitação técnica.

8 A carga horária de Prática Pedagógica (PP) será registrada no campo "P" do sistema acadêmico em uso na UFBA, por uma limitação técnica.

9 A carga horária de Extensão (Ext) será registrada no campo "P" do sistema acadêmico em uso na UFBA, por uma limitação técnica.

Explicar o funcionamento dos principais algoritmos de comparação genética e seus resultados;
Analisar sequências genéticas e protéicas com ferramentas de Bioinformática, de forma a categorizá-las e classificá-las a partir das informações obtidas;
Comparar métodos de análise de sequências genéticas e protéicas e suas aplicações;
desenvolver uma rotina de análise com Bioinformática que gere resultados práticos na área de Biotecnologia

CONTEÚDO PROGRAMÁTICO

Dimensão conceitual:

- 1) Introdução: o que é Bioinformática, histórico, ferramentas e aplicações da bioinformática (importância da biologia molecular e exemplos de aplicação da biologia molecular na medicina, biologia e agropecuária);
- 2) Busca por sequências de proteínas de genes nos bancos de dados, NCBI, FASTA; pipeline, arquivos de entrada e saída,
- 3) Alinhamento de sequências protéicas e genéticas, alinhamentos simples e múltiplo, CLUSTAL, BLAST. Interpretação de resultados de alinhamentos múltiplos de proteínas;
- 4) Análise filogenética, classificação e conceitos; Métodos fenéticos e cladísticos. Ferramentas de análise estatística, Bootstrap e grupo externo;
- 5) Interpretação e aplicação de resultados produzidos por ferramentas de Bioinformática; análise filogenética e evolutiva, epidemiologia molecular, relação estrutura x função de genes.

Dimensão procedimental:

- 1) Aplicação geral da Bioinformática no mercado de trabalho;
- 2) Seleção e gerenciamento de fontes de dados de informação genética;
- 3) Significado prático das informações processadas a partir da comparação de sequências por alinhamento;
- 4) Correlação entre filogenia, taxonomia e evolução;
- 5) Produção, editoração e execução de projeto de pesquisa relacionado à Bioinformática.

Dimensão atitudinal:

- 1) Relevância do armazenamento e processamento de dados no desenvolvimento científico e biotecnológico;
 - 2) Aplicação de conceitos básicos de lógica e estatística no cotidiano pessoal e populacional;
 - 3) Valorização de iniciativas públicas e comunitárias de desenvolvimento científico e tecnológico;
 - 4) Desenvolvimento de criatividade, abstração e raciocínio multidisciplinar.
-
-

BIBLIOGRAFIA

REFERÊNCIAS BÁSICAS

VERLI, H. (Org.) Bioinformática da Biologia à flexibilidade molecular, Porto Alegre, 2014. Disponível em <http://www.ufrgs.br/bioinfo/ebook/>.

LESK, A.M. Introdução à Bioinformática, 2a ed., Ed. ArtMed, São Paulo.

REFERÊNCIAS COMPLEMENTARES

LEHNINGER, Albert L.; COX, Michael M; NELSON, David L. Princípios de bioquímica de Lehninger. 6. ed. Porto Alegre, RS: Artmed, 2014. xxx, 1298 p. ISBN 9788582710722

ALBERTS, Bruce et al. Biologia molecular da célula. 6. ed. Porto Alegre, RS: Artmed, 2017. xxxvi, 1427 p. ISBN 9788582714225

GRIFFITHS, Anthony J. F. Introdução à genética. 11. ed. Rio de Janeiro, RJ: Guanabara Koogan, 2016. xviii, 756 p. ISBN 9788527729727

Docente(s) Responsável(is) à época da aprovação do programa:

Nome: Vitor Hugo Moreau da Cunha Assinatura:



Aprovado em reunião de

Departamento (ou equivalente): _____ em ____/____/____

_____ Assinatura do Chefe

Aprovado em reunião de Colegiado de Curso de Biotecnologia em 16/05/2023

_____ Assinatura do Coordenador

