

Programa de Pós-Graduação em Biologia Aplicada

PLANO DE ENSINO

DISCIPLINA

NOME : Tópicos Especiais em Bioinformática

NÚMERO DE CRÉDITOS: 30

DISTRIBUIÇÃO: Teórica : 30 horas **Prática:** Teórico-Prática:
CARGA HORÁRIA:

Seminários: **Outras:** ___ horas

NÍVEL : (x) Mestrado () Obrigatória () Área de Concentração
(x) Doutorado (x) Optativa () Domínio Conexo

DEPARTAMENTO: Física e Biofísica

DOCENTE(S)

RESPONSÁVEL : Ney Lemke

COLABORADOR(ES) :

PERÍODO DE OFERECIMENTO

ANO PAR: () 1º SEMESTRE

(x) 2º SEMESTRE

ANO IMPAR: () 1º SEMESTRE

(x) 2º SEMESTRE

OBJETIVOS DA DISCIPLINA: (definição resumida dos objetivos, face ao contexto do Curso de Pós-Graduação)

Apresentar aos alunos os principais algoritmos e ferramentas computacionais de bioinformática.

Capacitar os alunos a utilizarem as principais ferramentas de bioinformática em ambientes GNU/Linux.

Permitir aos alunos resolverem problemas de interesse prático utilizando ferramentas de bioinformática.

METODOLOGIA DE ENSINO: (informar resumidamente como será desenvolvido o programa, especificando os recursos didáticos a serem empregados nas aulas)

Aulas expositivas, aulas praticas em laboratórios de Informática e apresentação de seminários.

CRITÉRIOS DE AVALIAÇÃO DA APRENDIZAGEM (descrever os instrumentos de avaliação que serão utilizados, com os critérios para obtenção do resultado final)

$$MF = 0,6 A + 0,4 S \geq 5,0$$

MF = Média Final

A = Elaboração de Artigo

S = Apresentação de Seminário

O aluno que obtiver Média Final igual ou superior a 5,0 (cinco inteiros) será considerado aprovado.

FORMAS DE ACOMPANHAMENTO DO ALUNO DURANTE O SEMESTRE:

Verificação de aprendizado através de Lista de Exercícios.

CONTEÚDO PROGRAMÁTICO (descrever os assuntos a serem abordados, com as subdivisões necessárias, apresentando o programa teórico e prático)

- 1 Biologia na era da informática
- 2 Sistema Operacional Linux e Linguagens Script
- 3 Análise de Sequências
- 4 Alinhamento Múltiplo de Sequências
- 5 Predição de Estrutura de Proteínas
- 6 Ferramentas de Inteligência Artificial
- 7 Simulação de Dinâmica Molecular

BIBLIOGRAFIA BÁSICA

BOWER, James e BOLOURI, H. "Computational Modeling of Genetic and Biochemical Networks" Westwood: MIT Press, 2001, 336p.

CHEN, Jake Y. e LONARDI, Stefano "Biological Data Mining" 1 ed., Nova Iorque, Chapman & Hall, 2009, 733 p.

JONES, Neil C. E PEVZNER, Pavel A. "An introduction to bioinformatics algorithms" 1 ed. Cambridge: MIT Press, 2005, 435p.

KRAUTH, Werner "Statistical mechanics: Algorithms and Computation" 1 ed, Oxford: Oxford University Press, 2006, 342p.

PALSSON, Bernhard O. "Systems Biology: Properties of Reconstructed Networks" 1 ed. Cambridge: Cambridge University Press, 2006, 322 p.

SCHERER, Cláudio "Métodos computacionais da física" 1 ed., São Paulo: Editora da Física, 2005, 284p.

SCHLICK, Tamar "Molecular Modeling and Simulation" 1 ed, Nova Iorque: Springer, 2002, 634p.

EMENTA PROGRAMÁTICA (resumo do conteúdo programático - cerca de 30 palavras organizado de forma que não prejudique a compreensão global do conteúdo, com o uso dos termos técnicos e científicos adequados)

Apresentar a Bioinformática como ferramenta para investigar sistemas biológicos, enfatizando os principais algoritmos e sua aplicação em situações de interesse prático.

Botucatu, 22 de outubro de 2007.

Assinatura: _____



Prof(a).Dr(a).Ney Lemke
Professor(a) Responsável

Aprovado pelo Conselho de Área
em reunião de ____/____/____

Coordenador(a)