



SERVIÇO PÚBLICO FEDERAL  
UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARÁ  
CENTRO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS  
COLEGIADO DOS CURSOS DE BACHARELADO E LICENCIATURA  
EM CIÊNCIAS BIOLÓGICAS

**MÓDULO:** Recursos Computacionais Aplicados à Biologia (CB25017)

**CARGA HORÁRIA:** 51 horas

**CURSO:** Bacharelado em Ciências Biológicas-Modalidade Biologia.

**OBJETIVOS:** Proporcionar aos alunos de graduação uma introdução à Bioinformática, com ênfase na aplicação de programas computacionais nas análises de seqüências de DNA, RNA e proteínas.

**PROCEDIMENTOS DIDÁTICOS:** As aulas serão teóricas, apresentando-se aos alunos aplicações práticas no Laboratório de Informática. As avaliações serão constituídas por provas e exercícios individuais e/ou grupo a serem apresentados na forma de relatórios e discussões.

**CONTEÚDO PROGRAMÁTICO:**

∞ **Bioinformática:** origem, definição e aplicação.

∞ **Manipulação de seqüências:**

- ∞ Seqüência Reversa;
- ∞ Seqüência Complementar;
- ∞ Seqüência Reversa Complementar;
- ∞ Tradução;
- ∞ Tradução Reversa.

∞ **Formato Fasta:** descrição do formato mais utilizado nas análises de seqüências.

∞ **Homologia com seqüências contidas em bancos de dados:**

- ∞ Principais bancos de dados (EMBL, NCBI);
- ∞ Alinhamento de duas seqüências (BLAST);
- ∞ Alinhamento múltiplo e relações filogenéticas (Clustaw, Malign);
- ∞ Anotação funcional.

∞ **Análise de proteínas:**

- ∞ Composição de aminoácidos;
- ∞ Predição de massa molecular e ponto isoelétrico;
- ∞ Padrão de hidrofobicidade e hidrofiliçidade;
- ∞ Padrão de imunogenicidade;
- ∞ Identificação de sinais de compartimentalização celular (peptídeo sinal, peptídeo de trânsito, via de secreção, sinal nuclear);
- ∞ Identificação de domínios;
- ∞ Famílias de proteínas;
- ∞ Anotação funcional computacional.

**BIBLIOGRAFIA RECOMENDADA:**

GIBAS, C. & JAMBECK, P. *Desenvolvendo Bioinformática*. Editora Campus, Rio de Janeiro. 2001.