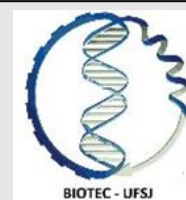


FORMULÁRIO DE PLANO DE ENSINO - O DOCENTE PREENCHE SOMENTE OS CAMPOS CLAROS



Universidade Federal
de São João del-Rei

COORDENADORIA DO CURSO DE BIOTECNOLOGIA – COBIT



PLANO DE ENSINO

Curso: Biotecnologia

Grau Acadêmico: Bacharelado

Turno: Integral

Currículo: 2023

Unidade Curricular: Bioinformática

Código:

Natureza: Obrigatória

Período: 05

Ano/semestre:

2026/01

Carga Horária Total: 60 h

Teórica: 50 h

Prática: 10 h

Pré-requisitos: Programação de Computadores e Fundamentos de Engenharia Genética

Co-requisito: Não há

Docente: Alex Gutterres Taranto

Unidade Acadêmica: DBTEC

Ementa: Introdução a Bioinformática. Bancos de dados de informação biológica. Alinhamento de seqüências. Identificação de motivos e domínios regulatórios. Predição gênica. Predição de estrutura de RNA e proteína. Reconstrução filogenética. Análise genômica e genômica comparativa. Análise de expressão gênica. Redes de regulação gênica e redes metabólicas. Proteômica. Programação.

Objetivos: Familiarização com os métodos, princípios e ferramentas da bioinformática. Fundamentação nos tópicos introdutórios da bioinformática, assim como no uso das ferramentas e metodologias atuais da área. Os aspectos teóricos serão apresentados por meio de aulas expositivas e exemplos da literatura. As ferramentas computacionais serão utilizadas em laboratório de informática.

Conteúdo Programático: O conteúdo detalhado da ementa e as atividades (aulas, seminários, avaliações etc.), serão distribuídos em 60 horas (ou 30 aulas geminadas), conforme o seguinte cronograma:

Aula	Conteúdo
Aula 1	Teórico: Apresentação do curso, exposição das avaliações e tarefas; Experimental: Introdução a Bioinformática
Aula 2	Aula Teórica: Bioinformática, era omica, biologia sintética Aula Experimental: Análise de genoma
Aula 3	Teoria e experimental: Banco de Dados
Aula 4	Estratégias de modificação molecular (bioisosterismo, hibridação, simplificação molecular); Bioinformática Estrutural; Prática: Pymol
Aula 5	Teórica e prática: Biopython e Linux

Aula 6	Teórica e prática: Biopython e Linux 2
Aula 7	Teoria e prática: Blast e Estrutura do linux
Aula 8	Avaliação 1
Aula 9	Teoria e prática: Visualização de Genomas e Diretórios no Linux
Aula 10	Teoria: Predição de estruturas proteicas; Experimental: Edição de arquivos
Aula 11	Desenvolvimento de Fármacos por Computador
Aula 12	Uso do shell;
Aula 13	Manipulação de arquivos (editor gedit) e cat;
Aula 14	Compactação e descompactação de arquivos;
Aula 15	Estrutura de diretórios;
Aula 16	Instalação de pacotes e aplicativos;
Aula 17	Shell Script/Comandos mais usuais do Linux
Aula 18	Avaliação I
Aula 19	Resolução da avaliação
Aula 20	Instalação de programas: pymol, chimera e datawarrior
Aula 21	Banco de dados de Proteínas (GenBank e PDB), banco de ligantes (Zinc, Pubchem e ChEMBL)
Aula 22	Triagem Virtual com base no Ligante. Programas: Pharmit e PLIP
Aula 23	Triagem Virtual Inversa. Softwares on line: swiss target predict;
Aula 24	Determinação de propriedades ADMET e Gerenciamento de ligantes (datawarrior);
Aula 25	Geração de estruturas proteicas (geração, validação e refinamento de modelos de proteínas). ab initio: raptor X, enovelamento i-tasser pyre2, modelagem comparativa SwissModel. Programa SwissModel
Aula 26	Triagem Virtual (docking): Swissdock;
Aula 27	Visita Técnica ao Laboratório Nacional de Computação Científica (LNCC), Petrópolis. A depender da disponibilidade da instituição.
Aula 28	Avaliação II;
Aula 29	Resolução da avaliação II;
Aula 30	Avaliação substitutiva.

Metodologia e Recursos Auxiliares:

O programa será abordado por meio de aulas expositivas, podendo haver ocasionalmente atividades no portal didático, inclusive as avaliações. Os slides serão disponibilizado via portal didático aos alunos. A frequência será registrada e pontuada.

Avaliações:

O conteúdo será avaliado pela média de duas provas teóricas (A), com peso 2 cada, e frequência com peso 1 (F). Cada avaliação terá o valor de 10,0 pontos. A nota final será dada pela seguinte fórmula: $(2 \times \text{Avaliação 1} + 2 \times \text{Avaliação 2} + 1 \times \text{frequência})/5$. Haverá apenas uma avaliação substitutiva através do portal didático, com o conteúdo total da disciplina,

após a realização de todas as avaliações. Todos os alunos matriculados na disciplina podem realizar a avaliação substitutiva. As avaliações serão individuais através do portal didático, contendo questões interpretativas, dedutivas e de solução de problemas práticos, podendo haver consulta bibliográfica.

Bibliografia Básica:

- LEITE, F. H. A. **Práticas de química farmacêutica medicinal: uma abordagem computacional**. Curitiba: Appris, 2021. 73 p.
- SÁ, E. R. A.; SILVA, F. I.; SOUZA, J. A. **Ferramentas de investigação em química computacional e bioinformática**. [S. l.]: Simplíssimo, 2021. (recurso online).
- VERLI, H. (org.) **Bioinformática: da biologia à flexibilidade molecular**. São Paulo: Sociedade Brasileira de Bioquímica e Biologia Molecular, 2014. Disponível em: <https://lume.ufrgs.br/bitstream/handle/10183/166105/001012172.pdf?sequence=1&isAllowed=y>. Acesso em: 17 maio 2023.
- Mariano, D.; Barroso, J. R.; Correia, T.; de Melo-Minardi, R. C.; **Introdução à Programação para Bioinformática com Biopython** - 3ª edição, 2016, ISBN-13:978-1517437299.
- ANTÃO, Tiago. **Bioinformatics with Python Cookbook**: Use modern Python libraries and applications to solve real-world computational biology problems. 3. ed. [S.l.]: Packt Publishing, 2022.
- BUFFALO, Vince. **Bioinformatics Data Skills**: Reproducible and Robust Research with Open Source Tools. 1. ed. Sebastopol, CA: O'Reilly Media, 2015. 538 p. ISBN 978-1-449-36737-4.

Bibliografia Complementar:

- ARSHAN, M. L. M. K. **Bioinformática**. [S. l.]: Nosso Conhecimento, 2021. 56p.
- LOGING, W. T. (ed.). **Bioinformatics and computational biology in drug Discovery and development**. Cambridge, United Kingdom: Cambridge University Press, 2016.
- MCKINNEY, W. **Python para análise de dados: tratamento de dados com Pandas**, NumPye Ipython. São Paulo: Novatec, 2019. 615 p. ISBN 978-85-752-2647-6.
- RAMALHO, L. **Python fluente**. São Paulo: Novatec, c2015. 799 p. ISBN 978-85-752-2462-5.
- MONTANARI, C. A. **Química medicinal: métodos e fundamentos em planejamento de fármacos**. São Paulo: EDUSP, 2011. xviii, 712 p. (Acadêmica ; v. 79). ISBN978-85-314-1266-0.

Leitura adicional (artigos científicos, sites da internet, apostilas, capítulos de livros, etc):

- DO VAL, Carlos Eduardo. Ubuntu, Guia do Iniciante 2.0. Vitória: e-book 191 p. 2012.
- THE EUROPEAN BIOINFORMATICS INSTITUTE (EMBL-EBI). Train online. Disponível em: <<https://www.ebi.ac.uk/training/on-demand>>. Acesso em: 04 de dez. De 2023.
- TeachOpenCADD. A teaching platform for computer-aided drug design. Disponível em: <<https://projects.volkamerlab.org/teachopencadd/>>. Acesso em: 04 de dez. De 2023.

Assinaturas e data:

Documento assinado digitalmente
 **ALEX GUTTERRES TARANTO**
 Data: 20/01/2026 16:19:37-0300
 Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Docente responsável pela unidade
 São João del-Rei, 20 / 01 / 2026

Documento assinado digitalmente
 **IVAN CARLOS DOS SANTOS**
 Data: 05/02/2026 12:45:35-0300
 Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Coordenador do Curso de Biotecnologia
 São João del-Rei, / /