



Xiscanoé

Modelos Computacionais para simulação do processo de expansão da esquistossomose na área litorânea de Pernambuco



CONVITE

O Projeto Xiscanoé - Edital MCT/CNPq 02/2006 - Universal no. 477703/2006-2 (<http://www.xiscanoe.org>) em parceria com o programa de Pós-Graduação em Genética da UFPE (<http://www.ufpe.br/ppqg>) tem o prazer de convidá-lo a se inscrever no Curso de Bioinformática Aplicada à Genética.

O TÍTULO DO CURSO **BIOINFORMÁTICA APLICADA À GENÉTICA**

PROFESSORES

Valdir de Queiroz Balbino (UFPE)
Tercílio Calsa Júnior (UFPE)
Marcelo Falsarella Carazolle (UNICAMP)

MAIS DETALHES DO CURSO

vide em anexo: ementa, conteúdo programático, avaliações, ...

O LOCAL: Sala de Seminários e Laboratório de Computação no CEGOE-UFRPE

PERÍODO: 24 de setembro de 2007 a 05 de outubro de 2007

A HORA: 8:00 - 12:30

INSCRIÇÕES: e-mail para jones.albuquerque@gmail.com

VAGAS LIMITADAS!!

www.xiscanoe.org - xiscanoe@xiscanoe.org

- **Disciplina:** Bioinformática Aplicada à Genética
- **Período:** 24 de setembro a 5 de outubro de 2007
- **Carga horária:** 45 horas (3 créditos)
- **Horário:** 8:00 – 12:30 h
- **Número de vagas:** 25
- **Local:** Centro de Ensino de Graduação da UFRPE (CEGOE-UFRPE)

- **Professores**

- Valdir de Queiroz Albino (UFPE)
- Tercílio Calsa Júnior (UFPE)
- Marcelo Falsarella Carazzolle (UNICAMP)

- **Ementa**

- O conteúdo programático da disciplina será desenvolvido através da utilização de pacotes de programas computacionais voltados à análise de seqüências biológicas. As aulas contemplarão aspectos teóricos e práticos da bioinformática, envolvendo a demonstração do uso dos diferentes programas e a discussão de artigos científicos atuais centrados nesta área do conhecimento. Os alunos desenvolverão trabalhos sobre temas específicos, visando a fixação dos conceitos apresentados durante as atividades da disciplina.

- **Avaliação**

- Participação nas atividades programadas (40%); entrega de trabalho didático cujo tema será definido na primeira aula da disciplina (60%)

- **Programa**

- Introdução à Bioinformática
- Revisão de conceitos elementares de biologia molecular
 - Estrutura e função de biomoléculas
- Estratégias de seqüenciamento: genômica e transcriptômica

- Avaliação de qualidade de seqüências de nucleotídeos: o programa Phred
- Programas de clusterização de seqüências biológicas: Phrap e CAP3
- Bancos de dados públicos de seqüências biológicas
- Métodos de alinhamentos pareados de seqüências biológicas
 - Alinhamento global
 - Alinhamento local
 - FASTA, BLAST e algoritmo de Smith-Watterman
 - BLAST avançado: PSI-BLAST e PHI-BLAST
- Alinhamento múltiplo de seqüências biológicas
- Ferramentas de predição de genes
- Análise de genomas
 - Composição de nucleotídeos
 - Utilização diferencial de códon sinônimos
- Análise de proteínas e proteômica
 - Composição de seqüências de proteínas
 - Identificação de perfis e motivos
- Uso de programas computacionais em Genética de Populações
- Uso de programas computacionais em Filogenia