



MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO  
UNIVERSIDADE FEDERAL DE SANTA CATARINA  
CENTRO TECNOLÓGICO  
DEPARTAMENTO DE INFORMÁTICA E ESTATÍSTICA

**PROGRAMA DE ENSINO**

---

**1. Identificação**

**Disciplina:** INE7006 - Biologia Computacional e Computação Biológica  
**Nível:** Graduação  
**Carga Horária:** 72 horas-aula (Teórica: 24; Prática: 48)  
**Vigência:** De 2020-2 até a presente data

---

**2. Ementa**

Biologia computacional:: Fundamentos de biologia celular e molecular; Sistemas biológicos e bioengenharia; Métodos de bioinformática e de biotecnologia; Métodos de modelagem, simulação e análise de vias bioquímicas, redes metabólicas e sistemas biológicos. Computação biológica:: processamento bioquímico de informação; Fundamentos de biossensores e bioatuadores; Componentes de computação biológica; Síntese de circuitos digitais em sistemas orgânicos; Estudos de caso e estado da arte.

---

**3. Cursos Relacionados**

- CIÊNCIAS DA COMPUTAÇÃO (208) - Currículo: 2007-1 (Optativa)
- 

**4. Objetivos**

**4.1 Objetivo Geral:**

Compreender os princípios de organização, funcionamento e engenharia de sistemas biológicos unicelulares e técnicas modernas de biotecnologia e biologia computacional para poder modelar, simular e analisar redes de sinalização bioquímica e redes metabólicas, e compreender formas de processamento bioquímico de informação visando o projeto e implementação de futuros sistemas computacionais biológicos.

**4.2 Objetivos Específicos:**

- a) Compreender e correlacionar os conceitos, definições e fundamentos relacionados à biologia molecular, biotecnologia e bioengenharia.
- b) Utilizar técnicas, algoritmos, softwares e bases de dados de bioinformática para genômica, proteômica e metabolômica.
- c) Resolver numericamente equações diferenciais ordinárias (parciais).
- d) Modelar reações bioquímicas e enzimáticas, simulá-las e analisar os resultados obtidos, utilizando técnicas adequadas.
- e) Modelar redes metabólicas, simulá-las e analisar os resultados obtidos, utilizando técnicas adequadas.

- f) Modelar mecanismos de regulação da expressão genética e circuitos genéticos, simulá-los e analisar os resultados obtidos, utilizando técnicas adequadas.
  - g) Modelar o comportamento de bactérias, simulá-los e analisar os resultados obtidos, utilizando técnicas adequadas.
  - h) Apresentar resultados científicos e técnicos em publicações, seminários e outras formas de expressão.
  - i) Investigar problemas utilizando metodologia científica e planejar procedimentos adequados para testar as hipóteses levantadas.
  - j) Agir de forma ética e profissional, buscando a autonomia intelectual, o desenvolvimento do espírito científico e do pensamento reflexivo, e a pesquisa e investigação científica.
  - k) Demonstrar condições de trabalhar e cooperar com outras pessoas em equipe e atuar como líder de equipe.
- 

## 5. Conteúdo Programático

- 1 Fundamentos de biologia celular e molecular [6 horas-aula]
  - 1.1 Introdução à biologia unicelular e molecular (Taxonomia, Estrutura celular e Organelas, Metabolismo, ciclo celular, Replicação, Transcrição, Tradução).
  - 1.2 Regiões gênicas, Fatores de Transcrição, Promotores, Sítios de ativação, ORFs, Splicing, Estruturas do RNA.
  - 1.3 Proteínas, Códon, Aminoácidos, Estruturas secundárias e terciárias, Funções, Enzimas.
- 2 Sistemas biológicos e técnicas experimentais de biotecnologia e bioengenharia [6 horas-aula]
  - 2.1 Organismos vivos como sistemas, Projeto e engenharia de organismos vivos, estado da arte.
  - 2.2 Técnicas para genômica (Vetores de Transmissão, Enzimas de restrição, Primers, PCR, Eletroforese, Microarray) e para proteômica (Cristalografia, Ab-initio, Blast, Gel-2D, Mald-tof, etc)
- 3 Técnicas computacionais de bioinformática e biologia computacional [14 horas-aula]
  - 3.1 Bancos de dados biológicos (GenBank, EBI, Swiss-prot, etc) e formatos (SBML, SBOL, PDB, etc).
  - 3.2 Ferramentas web diversas (Análise de sequência, Predição de genes, Alinhamentos, Árvores filogenéticas, Predição da estrutura e função de proteínas).
  - 3.3 Padronização, Repositórios de componentes biológicos reusáveis (biobricks, virtual parts, etc), Método de utilização de biobricks como componentes reusáveis de circuitos genéticos, iGEM.
  - 3.4 Frameworks (COPASI, BioJade, BioStudio, etc), Integração de frameworks com linguagens de programação C++ e Java, Prática com COPASI,
  - 3.5 Ferramentas (TinkerCell, VirtualCell, etc), CADs (BioCAD, GenoCAD), Prática com TinkerCell.
- 4 Métodos de modelagem e simulação de vias bioquímicas, redes metabólicas e bactérias [23 horas-aula]
  - 4.1 Cinética molecular, Michaelis-Menten, Equação de Hill, Modelagem de vias bioquímicas por equações diferenciais ordinárias, Resolução numérica por Runge-Kutta
  - 4.2 Portas lógicas e circuitos eletrônicos genéticos, Biestabilidade, Osciladores, Motifs.
  - 4.3 Plano de fase, Nullclines, Estabilidade no estado estacionário, Bifurcação, Sensibilidade e Ajuste de parâmetros.
  - 4.4 Simulação e análise de vias bioquímicas com COPASI e TinkerCell.
  - 4.5 Redes metabólicas, Redes de Petri, Redes Bayesianas, Análise de balanço de fluxo.

- 4.6 Modelagem e simulação de bactérias com linguagem de programação Gro.
  - 5 Processamento bioquímico de informação e biocomputação [23 horas-aula]
    - 5.1 Biossensores e bioatuadores (princípios, projeto, funcionamento, exemplos)
    - 5.2 Formas de processamento de informação (Eletrônica molecular e Bioeletrônica, Computação com DNA, Computação com RNA, Computação com Reação-Difusão química, Codificação de informação em polímeros, Proteínas como máquinas de processamento).
    - 5.3 Componentes biológicos de um sistema computacional.
    - 5.4 Circuitos sequenciais assíncronos, Síntese de circuitos digitais combinacionais e sequenciais em sistemas orgânicos, estado da arte.
- 

## 6. Bibliografia Básica

- [1] Alberts Bruce; Molecular biology of the cell. ISBN: 978-0-8153-4105-5.
  - [2] Nelson David L.; Lehninger principles of biochemistry. ISBN: 0-7167-4339-6.
  - [3] ARBEX, Wagner (Ed.). Talking about computing and genomics TACG: modelos e métodos computacionais em bioinformática. Brasília, DF: EMBRAPA, 2014. 199 p. ISBN 9788570353825.
  - [4] Apostila da disciplina fornecida pelo professor.
  - [5] Artigos científicos fornecidos pelo professor.
- 

## 7. Bibliografia Complementar

- [1] Cooper GM, Hausman RE ; The Cell: A Molecular Approach, 2013. ISBN: Sixth Edition
- [2] Tanya Sienko (ed), Andrew Adamatzky, Michael Conrad, Nicholas G. Rambidi. Molecular Computing, 2003. The MIT Press. ISBN-13: 978-0262693318
- [3] Evgeny Katz (ed). Biomolecular Information Processing: From Logic Systems to Smart Sensors and Actuators. July 2012. ISBN:9783527332281