

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE MINAS GERAIS
PRÓ-REITORIA DE PÓS-GRADUAÇÃO
ASSESSORIA ACADÊMICA DE AVALIAÇÃO**

**PROPOSTA DE
CRIAÇÃO DO MESTRADO**

1 – IDENTIFICAÇÃO DO CURSO

Denominação: **Programa Interunidades de Pós-Graduação em Bioinformática**

Nível(is): Mestrado

Área(s) de Concentração: **Bioinformática**

Área Básica: **Bioinformática**

Instituição: **Universidade Federal de Minas Gerais**

Unidade: **Instituto de Ciências Biológicas**

Departamento(s) Responsável(is):

**Biologia Geral
Bioquímica e Imunologia
Ciência da Computação
Fisiologia e Biofísica
Microbiologia
Parasitologia
Química**

Previsão de Início: **2012/2**

Número Inicial de Vagas previstas: **25**

Endereço para Correspondência:

**Av. Antonio Carlos, 6627, Belo Horizonte - Minas Gerais, Brasil - 31270-901
Caixa Postal 486**

Telefone: **(31) 3409-2554**

E-mail: **bioinfo@icb.ufmg.br**

Comissão Coordenadora do Projeto:

**Vasco Azevedo
José Miguel Ortega
Glória Regina Franco
Raquel Cardoso de Melo Minardi
Marcelo Matos Santoro**

Observações:

Anexadas anuências dos órgãos envolvidos

Legislação Básica:

- i) Normas Gerais de Pós-Graduação da UFMG
- ii) Resolução Nº 1 do Conselho Nacional de Educação, de 03 de abril de 2001, que estabelece normas para o funcionamento de cursos de pós-graduação.
- iii) Resolução Nº 08/2008 do CEPE, de 14 de outubro de 2008, estabelece critérios para a realização da prova de língua estrangeira em Programas *stricto sensu*.
- iv) Resolução Nº 07/2008 do CEPE, de 14 de outubro de 2008, que regulamenta a oferta do Mestrado Profissional na UFMG.
- v) Critérios das áreas do conhecimento para implantação de cursos novos – acesse o *site* da Capes – www.capes.gov.br

2 – CARACTERIZAÇÃO DA PROPOSTA:

2.1 – Caracterização Institucional e Regional da Proposta.

A Bioinformática é uma área estratégica e essencialmente interdisciplinar, agregadora de conhecimentos da Ciência da Computação, da Matemática, da Estatística, da Física e da Química na solução de problemas biológicos e portanto incluindo interesses da Genética, Biologia Molecular, Biofísica, Fisiologia, Farmacologia, Microbiologia, Parasitologia, Biofísica e Bioquímica, dentre várias áreas do conhecimento biológico. Ela por sua vez promove o progresso científico nas diversas vertentes envolvidas. Por isso a ampliação do Programa de Doutorado em Bioinformática com a inclusão do Mestrado, consolidando o Programa Interunidades de Pós-Graduação em Bioinformática, coopera com o continuado desenvolvimento dos Departamentos responsáveis e das unidades que o integram.

Há pelo menos 20 anos a Bioinformática vem promovendo o desenvolvimento de modelos e algoritmos visando o entendimento dos seres vivos em um nível sistêmico. Atualmente na UFMG ela contempla especialidades tão distintas quanto a análise de seqüências de DNA e proteínas, o estudo de estruturas tridimensionais de moléculas e ligantes, da visualização e análise de imagens e sinais biológicos, dentre outras. O Programa de Doutorado está em seu nono ano de existência, tendo sido criado em resposta a indução pela Capes com o nível 5, e alcançou recentemente o nível 6. Assim, esta proposta efetivamente visa a criação do curso de Mestrado em Bioinformática em complementação ao curso de Doutorado já existente.

O curso de Mestrado proposto tem como objetivo permitir aos estudantes o domínio dos mais recentes modelos, técnicas e algoritmos em Bioinformática, além de conferir a capacidade de disseminar o conhecimento específico à área, bem como de oferecer treinamento em análises bioinformáticas, para as quais a demanda é cada vez mais pronunciada.

A metodologia de ensino, o conteúdo das disciplinas e, principalmente, a articulação com o curso de Doutorado existente, permitirá ao egresso acompanhar as tendências tecnológicas, inovar nas Ciências Biológicas, na Ciência da Computação e demais ciências afins, em adição à produção específica na área de Bioinformática, que já se encontra em intensa atividade no país. Certamente os egressos do curso de Mestrado poderão formar massa crítica necessária para alimentar o próprio programa de Doutorado.

O Brasil, e a UFMG, em particular, precisa avançar na sua capacidade de pesquisa em Bioinformática como instrumento estratégico para a utilização racional dos dados biológicos disponíveis e os que vêm sendo produzidos no país e na própria Universidade, preparando-se para uma inserção significativa na chamada era pós-genômica, de transformação da informação genômica em conhecimento científico e tecnológico. Por isso é alto o impacto da formação de profissionais com o grau de Mestre em Bioinformática, ao lado dos Doutores que já vem sendo formados pelo Programa.

2 – CARACTERIZAÇÃO DA PROPOSTA:

No Brasil, existem poucas iniciativas para a formação de pessoal na área. Durante algum tempo funcionou uma especialização pioneira no Laboratório Nacional de Computação Científica (LNCC) sediado em Petrópolis/RJ. Em 2003 foram criados dois programas de Doutorado induzidos pela CAPES, um na USP, o qual já incorporou o curso de Mestrado, e outro na UFMG. O curso de Doutorado em Bioinformática já formou mais de 28 doutores e possui atualmente 39 alunos. Na última avaliação da Capes o Doutorado foi classificado no nível 6, sendo o melhor avaliado e o único do país nesse nível.

Em relação à demanda, pode-se argumentar que a maioria dos egressos do nosso curso de Doutorado em Bioinformática foi incorporada ao mercado. Eles são professores e pesquisadores de Universidades públicas e privadas, e Institutos de pesquisa. Na verdade, não estamos conseguindo suprir a necessidade do mercado e recebemos diariamente solicitações de pessoal com formação em Bioinformática. Para atender a esta demanda precisamos implantar o mais rapidamente o curso de Mestrado na UFMG, o que também nos ajudará a reforçar os nossos índices com vista a alcançarmos o conceito 7 da CAPES.

A UFMG tem ocupado seu papel no cenário da disseminação do conhecimento em Bioinformática, bem como na oferta de treinamento em análises bioinformáticas, por meio dos docentes, de egressos do Programa de Doutorado e contando com auxílio dos discentes. Com a ampliação do Programa incluindo-se o Mestrado, a UFMG contribuirá diretamente com o atendimento a uma demanda crescente do profissional com o grau de Mestre.

2 – CARACTERIZAÇÃO DA PROPOSTA:

2.2 – Breve histórico da Instituição e das atividades de ensino e pesquisa desenvolvidas relacionadas com a(s) área(s) de concentração e linhas de pesquisa do curso. Explicitar a articulação entre ensino e pesquisa e entre pós-graduação e graduação.

Em termos de graduação na UFMG, trajetórias opcionais estão sendo oferecidas aos alunos dos cursos de Ciência da Computação, de Sistemas de Informação e de Matemática Computacional. Semestralmente é oferecida uma disciplina de Bioinformática aos alunos dos três cursos. O curso de Ciências Biológicas oferta a disciplina Bioinformática para a graduação já há alguns anos e diversas disciplinas optativas em especialidades da Bioinformática são freqüentemente ofertadas. Muitos alunos do ICB apresentaram trabalhos de conclusão de curso voltados à Bioinformática e alguns desses ingressaram no curso de Doutorado. Assim, a Iniciação Científica em temas da área de Bioinformática é freqüente, o que demonstra a articulação eficiente entre pós-graduação, graduação e pesquisa.

Estudantes do curso de Doutorado, bem como estudantes de graduação em número significativo, participam de Congressos específicos da área, como o X-Meeting que é promovido pela Associação Brasileira de Bioinformática e Biologia Computacional (AB3C). Os eventos X-meeting 2005 e 2010 foram coordenados por docentes participantes do curso de Doutorado em Bioinformática e em todas as gestões, membros do programa participaram da diretoria da AB3C.

Há na UFMG cursos de Pós-Graduação consolidados e com reconhecimento nacional e internacional nas áreas afins, que dão efetivo suporte logístico e científico na condução de pesquisas interdisciplinares em Bioinformática. O Departamento de Bioquímica e Imunologia, sede do curso de Doutorado em Bioinformática, oferece um programa de Pós- Graduação com conceito 7 da Capes e a Pós-Graduação em Ciência da Computação, sediada no Departamento de Ciência da Computação, tem também conceito 7. Acreditamos que o funcionamento sinérgico dos cursos de Doutorado e Mestrado em bioinformática com esses dois programas é um diferencial importante para a UFMG, tanto nacional quanto internacionalmente.

O Programa desde a sua criação conseguiu estabelecer a cooperação entre grupos de pesquisa das áreas de Ciência da Computação, Engenharia e Estatística com grupos de pesquisa das áreas Biológica e Química, no sentido da criação de grupos de pesquisas interdisciplinares de Bioinformática na UFMG. Este grupo de pesquisa nas citadas áreas, tem qualificações que se complementam para o desenvolvimento de pesquisas de alto nível no campo da Bioinformática, notadamente nas áreas aplicadas à genômica e à modelagem molecular. Estes grupos já produziram trabalhos, teses e artigos científicos relacionadas com a Bioinformática. Temos um núcleo de Bioinformática em operação executando a Bioinformática da Rede Genoma de Minas Gerais e três laboratórios participantes da Rede Genoma Nacional e também da rede Paraense de Gênômica e proteômica. Há grupos envolvidos em modelagem molecular e em estudos estruturais de moléculas. Pesquisas de novos genes em diversas áreas têm utilizado instrumentos de Bioinformática no detalhamento dos produtos

2 – CARACTERIZAÇÃO DA PROPOSTA:

gênicos. A comunidade científica na UFMG tornou essas atividades multidisciplinares, aumentando a relevância e a produtividade nas análises Bioinformáticas.

A existência de cursos de pós-graduação consolidados e com reconhecimento nacional e internacional nas áreas afins deram suporte logístico e científico à indução de pesquisas interdisciplinares em Bioinformática e à evolução do curso de Doutorado em Bioinformática. Neste contexto, a apresentação deste Programa de Criação do Mestrado complementa e concretiza o nosso curso de Doutorado criado há nove anos.

2.2.1 – COOPERAÇÃO E INTERCÂMBIOS:

- Informar a existência de convênio, programas ou projetos sistemáticos e relevantes de cooperação, intercâmbio ou parceria nacional e internacional que deverão contribuir para o desenvolvimento de atividades de ensino e pesquisa do Curso.

Estamos ativamente colaborando com outros grupos de bioinformática. Atualmente existe a colaboração com a Rede Genoma Nacional (4 docentes do programa fazem parte desta Rede), com o grupo de bioinformática do Laboratório Nacional de Computação Científica (LNCC) e com a Rede Genoma de Minas Gerais - RGMG (5 docentes do programa fazem parte desta Rede, sendo inclusive o Coordenador da RGMG, Dr. Guilherme Corrêa Oliveira, membro permanente do corpo docente).

Em 2009, por iniciativa de docentes do programa, foi credenciada junto à FAPEMIG mais uma rede de pesquisa junto àquela agência de fomento, a Combinano - Rede de Modelagem Computacional de Biomoléculas e Nanomateriais Bioativos. Essa rede de pesquisa congrega pesquisadores de várias instituições do estado de Minas Gerais, em particular UFJF (Juiz de Fora), UFV (Viçosa), UFLA (Lavras), UNIFEI (Itajubá), e PUC-MG (Betim). Os primeiros projetos da rede estão em fase de avaliação e acreditamos que essa iniciativa seja muito importante na consolidação do programa e do seu caráter nucleador.

Há profícua colaboração com o Laboratório Nacional de Luz Síncrontron (LNLS) de Campinas; com o Grupo de Cristalografia do Instituto de Física de São Carlos, USP e com a EMBRAPA Bioinformática em Campinas.

As colaborações internacionais também são diversas: com o National Cancer Institute/NIH; com a University of Maryland, USA; com a University of Georgia, USA; com o Instituto de Pesquisa Agropecuária (INRA) de Jouy-en-Josas, França, com o centro Modélisation et Ingénierie des Systèmes Complexes Biologiques pour le Diagnostic (SysDiag) - UMR 3145 CNRS/Bio-Rad, Montpellier, França, e com o INRIA-França, dentro de um edital de cooperação com a Fapemig. Com a instituição sediada em Montpellier, inclusive, a nossa colaboração é bastante intensa com intercâmbio de professores e pesquisadores e de alunos do nosso

2 – CARACTERIZAÇÃO DA PROPOSTA:

curso.

Docentes do nosso programa estão em colaboração com a Universidade Federal do Pará (UFPA) em um projeto PROCAD/CAPES. Criou-se naquela Universidade a área de concentração em Bioinformática no mestrado, dentro do Programa de Pós-graduação em Genética e docentes do nosso programa não só tem ministrado cursos na UFPA, como também orientado alunos naquele programa.

2 – CARACTERIZAÇÃO DA PROPOSTA:

2.3 – ÁREAS DE CONCENTRAÇÃO E LINHAS DE PESQUISA

O Programa vem atuando, desde a criação do curso de Doutorado, em uma única área de concentração, a **Bioinformática**, organizando suas atividades de três linhas de pesquisa descritas abaixo:

Bioinformática de Biomoléculas

Análises do proteoma e estudos estruturais, envolvendo modelagem molecular e criação de algoritmos para visualização de modelos moleculares.

Bioinformática Funcional

Consiste no desenvolvimento de modelos, métodos e técnicas aplicados a imagens, dados eletroforéticos e a telepresença em sistemas biológicos. Inclui pesquisa em farmacogenômica e expressão gênica diferencial.

Bioinformática Genômica

Análises bioinformáticas aplicadas ao progresso da genômica, envolvendo a análise do genoma, do transcriptoma, das diversidades genéticas e técnicas de mineração de dados genômicos.

2.4 - PROJETOS DE PESQUISA

2.4.1 - Projetos vinculados à linha Bioinformática Genômica

Algoritmos eficientes e paralelos para análise de seqüência, árvore filogenéticas, estruturas protéica e de macromoléculas.

Início: 2001.

Descrição: A produção de novos algoritmos (paralelos e sequenciais) e redes neurais, assim como o aprimoramento do desempenho de algoritmos existentes para análise de seqüências de ácidos nucleicos e proteínas, com a finalidade de permitir uma análise mais completa dos bancos de dados existentes.

Docentes participantes: Andrea Mara Macedo, José Miguel Ortega, Glória Regina Franco, Sérgio Vale Aguiar Campos, Marcelo Matos Santoro, Wagner Meira Júnior, Frederico Ferreira Campos Filho, Marcos Augusto dos Santos, Guilherme Corrêa Oliveira, Eduardo Martín Tarazona Santos.

Análise do transcriptoma do *Trypanosoma cruzi*.

Início: 2002.

Descrição: O projeto de pesquisa trata do sequenciamento de cDNAs e produção de ESTs derivadas de bibliotecas do patógeno protozoário *Trypanosoma cruzi*. Pretende-se com esse projeto conhecer melhor a biologia deste organismo

2 – CARACTERIZAÇÃO DA PROPOSTA:

através do conhecimento de seus genes por sequenciamento em larga escala

Docentes participantes: Andrea Mara Macedo, Glória Regina Franco, Santuza Maria Ribeiro Teixeira, Daniella Castanheira Bartholomeu.

Bioinformática da Rede Genoma de Minas Gerais.

Início: 2002.

Descrição: Inicialmente o projeto envolvia o sequenciamento do transcriptoma de *Schistosoma mansoni* em seus diversos estágios de desenvolvimento (ovo, miracídio, cercária e vermes adultos) para geração de ESTs e genes completos. Este projeto compreendeu o processamento de seqüências e a geração de bancos de dados de seqüências e análises bioinformáticas. Recentemente a Rede Genoma de Minas Gerais está envolvida no sequenciamento do genoma da bactéria *Corynebacterium pseudotuberculosis* e geração do seu mapa físico completo, anotação de seqüências e comparação de seu genoma com outras bactérias do mesmo grupo.

Docentes participantes: José Miguel Ortega, Glória Regina Franco, Santuza Maria Ribeiro Teixeira, Vasco Ariston de Carvalho Azevedo, Guilherme Corrêa Oliveira, Jerônimo Conceição Ruiz.

Diversidade genética e evolução molecular - aplicações à biodiversidade, vírus, microorganismos e parasitas.

Início: 1999.

Descrição: Aplicação da análise molecular de variabilidade genética ao estudo de espécies de nossa biodiversidade, aos vírus, fungos, bacterias e aos parasitas utilizando metodologias filogeográficas e filogenéticas.

Docentes participantes: Andrea Mara Macedo, Santuza Maria Ribeiro Teixeira, Guilherme Corrêa Oliveira, Daniella Castanheira Bartholomeu.

Diversidade genética e evolução molecular humana.

Início: 1998.

Descrição: Estudo de marcadores genéticos para elucidação de aspectos de povoamento, migrações humanas e estudos de paternidade.

Docentes participantes: José Miguel Ortega, Sérgio Danilo Junho Pena, Guilherme Corrêa Oliveira, Eduardo Martín Tarazona Santos.

Estudo de variabilidade de genes de *Trypanosoma cruzi*.

Início: 2001.

Descrição: O projeto tem por finalidade a avaliação de genes codificadores de proteínas antigênicas ou não de *T.cruzi*, assim como outras regiões do genoma desse parasita com a finalidade de futuramente desenvolver vacinas, compreender o mecanismo de resposta imune do hospedeiro, avaliar a variabilidade genética do parasita, assim como caracterizar a resposta do parasita a agentes que causam lesões no DNA.

Docentes participantes: Andrea Mara Macedo, Glória Regina Franco, Santuza Maria Ribeiro Teixeira, Marcos Augusto dos Santos, Ronaldo Alves Pinto Nagem, Daniella Castanheira Bartholomeu.

2 – CARACTERIZAÇÃO DA PROPOSTA:

Filogenia molecular de serpentes brasileiras.

Início: 2003.

Descrição: Estudos moleculares e de reconstrução filogenética utilizando genes de serpentes brasileiras.

Docentes participantes: Glória Regina Franco

Genômica funcional de parasitos.

Início: 2002.

Descrição: Neste projeto pretende-se atribuir anotação de função de genes de parasitos utilizando ferramentas bioinformáticas de comparação com genes caracterizados em outros organismos, seja em nível de seqüência de nucleotídeos ou proteínas, domínios protéicos e estruturas secundária e terciária. A análise genômica funcional também é realizada utilizando-se ferramentas de biologia molecular do tipo RNA de interferência e micro RNAs para silenciamento de expressão gênica, assim como a geração de bancos de dados de funções gênicas.

Docentes participantes: Andrea Mara Macedo, José Miguel Ortega, Glória Regina Franco, Santuza Maria Ribeiro Teixeira, Guilherme Corrêa Oliveira, Daniella Castanheira Bartholomeu.

Mineração de Dados em Genômica.

Início: 2001.

Descrição: Este projeto se destina a elaborar, implementar e avaliar técnicas de mineração de dados aplicadas aos problemas de análise e descoberta de seqüências, padrões estruturais e funcionais e modelos de grandes bancos de dados de seqüências genômicas.

Docentes participantes: José Miguel Ortega, Glória Regina Franco, Santuza Maria Ribeiro Teixeira, Sérgio Vale Aguiar Campos, Wagner Meira Júnior, Guilherme Corrêa Oliveira, Jerônimo Conceição Ruiz.

Rede Genoma Nacional Sequenciamento.

Início: 2001.

Descrição: Sequenciamento, anotação e caracterização funcional do genoma de procariotos e eucariotos simples pela Rede Genoma Nacional CNPq

Docentes participantes: Glória Regina Franco, Santuza Maria Ribeiro Teixeira, Sérgio Danilo Junho Pena, Vasco Ariston de Carvalho Azevedo.

2.4.2 - Projetos vinculados à linha Bioinformática de Biomoléculas

Algoritmos para visualização de estruturas biológicas.

Início: 2001.

Descrição: O objetivo deste projeto é desenvolver algoritmos que permitam a visualização eficiente de biomoléculas e sinais biológicos provendo ao usuário a possibilidade de examinar os dados estruturais em diferentes níveis de detalhe.

Docentes participantes: Márcio Flávio Dutra Moraes.

2 – CARACTERIZAÇÃO DA PROPOSTA:

Análise estrutural de proteínas.

Início: 2001.

Descrição: Análise bioinformática de estruturas primária, secundária e terciária de proteínas. Esse projeto também faz uso de modelagem molecular por homologia de proteínas, o permite um conhecimento mais aprofundado da estrutura 3D e possível função destas biomoléculas. Conhecida a estrutura 3D de uma proteína é possível fazer a prospecção de moléculas ligantes e experimentos de "docking" na busca de novos fármacos em bancos de dados de compostos químicos.

Docentes participantes: José Miguel Ortega, Glória Regina Franco, Santuza Maria Ribeiro Teixeira, Paulo Sérgio Lacerda Beirão, Marcelo Matos Santoro, Wagner Meira Júnior, Marcos Augusto dos Santos, Júlio Cesar Dias Lopes, Carlos Delfin Chávez Olórtegui, Ronaldo Alves Pinto Nagem, Daniella Castanheira Bartholomeu, Rafaela Salgado Ferreira, Lucas Bleicher.

Biologia molecular de canais iônicos.

Início: 2000.

Descrição: Estudos moleculares e estruturais, de expressão genica e eletrofisiológicos de canais iônicos.

Docentes participantes: Paulo Sérgio Lacerda Beirão, Jader dos Santos Cruz, Carlos Delfin Chávez Olórtegui.

Modelagem Molecular (ligantes de DNA, toxinas animais e seus ligantes e proteínas).

Início: 2001.

Descrição: A Modelagem de Biomoléculas, em especial de proteínas e ácidos nucleicos, é um campo emergente mas suficientemente amadurecido em seus objetivos e metodologias que busca criar modelos computacionais voltados para os aspectos estruturais das macromoléculas. Entre os objetivos podemos citar um melhor entendimento da correlação estrutura-função para proteínas, com base nas suas estruturas primárias e tridimensionais obtidas experimentalmente ou modeladas teoricamente e o estudo da interação entre as biomoléculas e seus ligantes naturais ou sintéticos. Essa abordagem permite o planejamento racional de novos ligantes e pode contribuir efetivamente para a descoberta e o desenvolvimento de novos fármacos.

Docentes participantes: Glória Regina Franco, Paulo Sérgio Lacerda Beirão, Marcelo Matos Santoro, Wagner Meira Júnior, Júlio Cesar Dias Lopes, Carlos Delfin Chávez Olórtegui, Ronaldo Alves Pinto Nagem, Rafaela Salgado Ferreira, Lucas Bleicher.

Proteômica de venenos de animais peçonhentos, de parasitos e de bactérias.

Início: 2001.

Descrição: O projeto visa identificar, utilizando técnicas proteômicas, toxinas presentes no veneno de aranhas e escorpiões, assim como proteínas de membrana de tegumento e do citoplasma de protozoários parasitas como o *Trypanosoma cruzi*, helmintos como o *Schistosoma mansoni* e bactérias como a *Corynebacterium pseudotuberculosis*. Um grande número dessas proteínas agem em canais iônicos, e podem ser utilizadas para controlar diversos processos biológicos, como por exemplo a dor, ou podem ser usadas como alvo para a

2 – CARACTERIZAÇÃO DA PROPOSTA:

produção de vacinas ou novas drogas para o combate aos agentes patogênicos ou parasitas. A bioinformática será utilizada para a determinação da estrutura molecular dessas proteínas e também na tentativa de desenho de fármacos. Bancos de dados para armazenamento da informação biológica gerada serão construídos.

Docentes participantes: Glória Regina Franco, José Miguel Ortega, Santuza Maria Ribeiro Teixeira, Paulo Sérgio Lacerda Beirão, Sérgio Vale Aguiar Campos, Marcelo Matos Santoro, Carlos Delfin Chávez Olórtegui, Vasco Ariston de Carvalho Azevedo.

Quimioinformática

Início: 2004

Descrição: O objetivo desse projeto é desenvolver bancos de dados de estruturas químicas e biológicas, bem como de ferramentas e sistemas computacionais avançados para a descoberta e o desenvolvimento de fármacos com base nas estruturas dos alvos terapêuticos e dos fármacos conhecidos.

Docentes participantes: Júlio Cesar Dias Lopes, Jadson Cláudio Belchior.

2.4.3 - Projetos vinculados à Bioinformática Funcional

Biotecnologia aplicada a humanos, animais, microrganismos, plantas e parasitas.

Início: 2001.

Descrição: Estudos de natureza biotecnológica e molecular aplicados a humanos, animais, microrganismos, plantas e parasitas de interesse econômico e patogênico. Descoberta de novos genes/produtos gênicos com potencial para produção de vacinas, alvos para o desenvolvimento de drogas ou novos diagnósticos moleculares.

Docentes participantes: Glória Regina Franco, Santuza Maria Ribeiro Teixeira, Fabrício Rodrigues dos Santos, Marcelo Matos Santoro, Carlos Delfin Chávez Olórtegui, Vasco Ariston de Carvalho Azevedo, Guilherme Corrêa Oliveira.

Expressão Gênica Diferencial.

Início: 2002.

Descrição: Este projeto visa estudar a expressão gênica diferencial por microarranjos de DNA em cepas de *Schistosoma mansoni* após exposição a drogas, em *Trypanosoma cruzi* após sua exposição a agentes genotóxicos como irradiação gama, luz ultra-violeta ou agentes produtores de radicais livres e no milho em resposta ao estresse hídrico.

Docentes participantes: José Miguel Ortega, Glória Regina Franco, Glaura da Conceição Franco, Santuza Maria Ribeiro Teixeira, Sérgio Danilo Junho Pena, Guilherme Corrêa Oliveira, Daniella Castanheira Bartholomeu.

Fisiogenômica.

Início: 2002.

Descrição: Estudos de fenômenos moleculares, redes genéticas e sinais biológicos implicados no estabelecimento de respostas fisiológicas em humanos e outros organismos.

2 – CARACTERIZAÇÃO DA PROPOSTA:

Docentes participantes: Marcelo Matos Santoro, Márcio Flávio Dutra Moraes, Jadson Cláudio Belchior.

Inteligência computacional aplicada à sistemas biológicos.

Início: 2002.

Descrição: O objetivo do projeto é o estudo de sistemas biológicos, como o sistema imune, empregando técnicas de inteligência computacional.

Docentes participantes: José Miguel Ortega, Gisele Lobo Pappa.

Processamento e Análise Automáticos de Imagens Biológicas e Médicas

Início: 2001

Descrição: O objetivo deste projeto de pesquisa é desenvolver novas ferramentas que sejam capazes de: (1) identificar, segmentar, e possivelmente classificar, automaticamente, regiões de interesse em imagens biológicas e médicas, (2) realizar melhorias seletivas nessas imagens, como o aumento do contraste ou a remoção de ruído das regiões de maior interesse, (3) utilizar conjuntos de imagens de objetos tridimensionais para inferir, com elevada precisão, propriedades físicas destes objetos, como forma tridimensional, reflectância, transparência, elasticidade, etc.

Docentes participantes: Arnaldo de Albuquerque Araújo, Márcio Flávio Dutra Moraes.

3 – CARACTERIZAÇÃO DO CURSO:

- Apresentar, de forma sucinta e clara, qual o objetivo do curso e o perfil do profissional a ser formado.
- Especificar o número de créditos previstos para a titulação.
- Registrar o número inicial de vagas previstas.
- Apresentar a estrutura e a forma de funcionamento do curso.

Objetivo do curso:

Aprofundar o conhecimento profissional e acadêmico, bem como possibilitar o desenvolvimento da capacidade para realizar pesquisa e ensino, na área de Concentração do Programa de Bioinformática.

Perfil do profissional a ser formado:

Mestres serão capazes de disseminar o conhecimento no ensino de graduação e pós-graduação “lato sensu” e ministrar treinamento em métodos de análise Bioinformática.

Doutores serão capazes de desenvolver projetos de investigação científica de forma independente, produzir novos conceitos, gerar inovação tecnológica e atuar como docentes em graduação, pós-graduação “lato sensu” e “stricto sensu” e em cursos avançados na área de Bioinformática.

Número de créditos:

Mestrado: 24 créditos; 13 obrigatórios e 11 optativos

Doutorado: 31 créditos; 13 obrigatórios e 18 optativos

***Na estrutura curricular são ofertadas duas disciplinas optativas diferenciadas, que são direcionadas a alunos sem formação nas áreas básicas do curso, a saber, “Introdução à Bioquímica e Biologia Molecular” e “Ambientes de Computação”. Por sugestão do orientador ou do colegiado, ingressantes com sem formação em área biológica deverão cursar a primeira disciplina, enquanto ingressantes provenientes de área biológica e sem formação em Computação deverão cursar a segunda.**

Número de vagas previsto:

25

Estrutura e forma de funcionamento:

O ingresso poderá ser feito pelos cursos de Mestrado ou de Doutorado, em entradas separadas. O estudante cursando o Mestrado poderá submeter-se a exame de mudança de nível específico e se aprovado, cursar o Doutorado direto.

4 – ESTRUTURA CURRICULAR:

Com a criação do mestrado a estrutura curricular será única, passando a vigorar a nova, e algumas disciplinas não terão pré-requisitos.

Duas disciplinas optativas ofertadas são direcionadas a alunos sem formação nas áreas básicas do curso:

AMBIENTES DE COMPUTAÇÃO - 60 h (4 créditos)

Introdução à computação. Ambientes de programação. Redes de Computadores. Banco de dados. Ambiente Unix. Ambientes de alto desempenho.

Bibliografia: Variável, incluindo textos e artigos abordando o tema computação e programação.

INTRODUÇÃO À BIOQUÍMICA E BIOLOGIA MOLECULAR - 60 h (4 créditos)

Estudo de propriedades físico-químicas das principais classes de Biomoléculas: Proteínas, Ácidos Nucleicos, Carbohidratos e Lipídeos. Estudos de propriedades das Enzimas e Catálise enzimática. Bioenergética. Metabolismo Intermediário e vias de transdução de sinal nas células. Fluxo da Informação genética nas células.

Bibliografia: Bioquímica - L. Stryer- Quarta edição - Editora Guanabara Koogan - Lehninger Principles of Biochemistry -D.L. Nelson M.M. Cox- Third edition- Worth Publishers - Fundamentos da Biologia Celular - Bruce Alberts et al. - Artmed Editora.

Dois créditos em disciplinas obrigatórias compreendem participação nos seminários:

SEMINÁRIOS EM BIOINFORMÁTICA I – 15h (1 crédito)

Palestras Ministradas sobre pesquisas na área da Bioinformática.

SEMINÁRIOS EM BIOINFORMÁTICA II – 15h (1 crédito)

Palestras Ministradas sobre pesquisas na área da Bioinformática.

Demais disciplinas obrigatórias:

ESTUDOS DE GENOMA, TRANSCRIPTOMA E PROTEOMA - 45 h (3 créditos)

Estudos do genoma: a estrutura dos genomas eucariotos e procariotos, os polimorfismos de DNA e métodos para sua detecção, a produção de marcadores físicos e genéticos, construção de mapas físicos e genéticos, sequenciamento de genomas inteiros, a análise de genomas completos utilizando ferramentas de bioinformática, comparação de genomas, filogenia, origem das doenças genéticas e testes genéticos, terapia genética, desrupção e super-expressão gênica. Estudos do transcriptoma: o controle transcricional e pós transcricional da expressão gênica, construção de bibliotecas de cDNA, a produção de seqüências parciais de cDNA, metodologias de detecção de transcritos, estudo da expressão diferencial de transcritos, a bioinformática no estudo do transcriptoma e anotação gênica. Estudos do proteoma: o controle traducional e pós-traducional da expressão gênica, obtenção de mapas peptídicos, metodologias de sequenciamento de proteínas, comparação do proteoma de células e a expressão diferencial de proteínas, a genômica estrutural, metodologias de determinação da estrutura de proteínas.

Bibliografia: Genes VII - B. Lewin - Oxford University Press - Genomes - T. A. Brown - Bios Scientific Publishers.

ALGORITMOS PARA BIOINFORMÁTICA I – 60 h (4 créditos)

Projeto e análise de Algoritmos. Estrutura de dados na memória principal. Algoritmos de ordenação. Algoritmos de pesquisa.

Bibliografia: Ziviani, N. Projeto de Algoritmos com implementação Pascal e C. Livraia Pioneira editora, SP, 1993 - Cormen, T., Leiserson, C., Rivest, R. Introduction to Algorithms. MIT Press, 1992 - Horowitz, E. Sahni, S. Fundamentals of Computer Algorithms. Computer Science Press, 1978 - Aho, A.V., Hopcroft, J.E., Ullman, J.D. Data structure and Algorithms. Addison-Wesley, 1983.

PROBABILIDADE E ESTATÍSTICA PARA BIOINFORMÁTICA – 60 h (4 créditos)

O papel da Estatística nas áreas médica e biológica; Estatística descritiva e análise exploratória de dados; Introdução à probabilidade e sua aplicação na qualidade de testes diagnósticos; Modelos probabilísticos. Modelo binomial e modelo normal; Construção de faixas de referência; Noções básicas sobre inferência estatística: teste de hipóteses e intervalo de confiança; Comparação de dois grupos: inferência sobre duas médias e sobre duas proporções; Análise de variância; Estudo de associação de duas variáveis categóricas; Estudo de associação de duas variáveis quantitativas; Aplicações de regressão logística e de Cox. Bibliografia: Campbell, M. J., Machin, D. (1993) Medical Statistics - A Commonsense Approach. 2 ed. New York: John Wiley. Glantz, S. A. (1992) Primer of Biostatistics. 3 ed. New York: Mcgraw-Hill. Hassard, T. H. (1991) Understanding Biostatistics. St.Louis: Mosby Yeas Book. Nogueira, M. L. G., Nunes, L. L. C., Pinto, D., Ribeiro, A. J. F., Silva, C. Q., Siqueira, A. L. (1995) Introdução à Bioestatística. Belo Horizonte: Departamento de Estatística/ UFMG. Soares, J. F., Siqueira, A. L. (2001) Introdução à Estatística Médica. Editora UFMG.

Disciplinas optativas:

ESTRUTURA E FUNÇÃO DO GENOMA – 60 h (4 créditos)

Discussões, numa visão atual, baseadas nos avanços da Genética Molecular, das características do genoma procarioto e eucarioto, suas implicações evolutivas para o organismo, assim como as aplicabilidades dos conhecimentos da genética molecular. Os temas abordados se dividem em três tópicos principais: estrutura molecular, funcionamento e dinâmica dos genomas.

EVOLUÇÃO MOLECULAR – 30 h (2 créditos)

Origens da célula, modelos de auto-organização e darwinianos. Análise informacional de seqüências de biopolímeros e correlações biológicas. Taxonomia e filogenia de seqüências de biopolímeros

TÓPICOS ESPECIAIS DE GENÉTICA E EVOLUÇÃO – 30 h (2 créditos)

Tópicos variáveis. O curso pretende ao final ter todos alunos com páginas na internet com os assuntos da linha de pesquisa de cada um. O curso se constitui de várias noções básicas de informática sempre acompanhadas de aulas sobre utilização da internet, seleção de sites de interesse para o projeto, download e instalação de programas, para utilização da linguagem html e divulgação dos projetos via internet.

FERRAMENTAS PARA MINERAÇÃO GENÔMICA – 45 h (3 créditos)

Através de tutoriais utilizando servidores web públicos ou especialmente implementados para a disciplina e programas locais, o aluno terá a oportunidade de executar rotinas de mineração genômica e publicar os resultados em site mantido pelos próprios alunos. A habilitação em mineração genômica envolverá as principais ferramentas ofertadas e utilizadas pelo centro de referência em genômica do NCBI. A disciplina contará ainda com seminários sobre temas específicos relacionados às ferramentas, baseados em artigos de periódicos.

COMUNICAÇÃO CELULAR E MEDIAÇÃO QUÍMICA – 60 h (4 créditos)

A comunicação celular será abordada iniciando-se pelo estudo da composição e da dinâmica da membrana celular, focalizando os lipídeos (revisão de diferentes classes e proteínas (inserção na membrana: integrais, periféricas, previsão de estrutura secundária, etc).Sistemas de transporte: transporte ativo(ATPases- sódio e cálcio, transporte ativo secundário) e passivo (transporte facilitado, transporte de glicose, de bicarbonato, etc) Canais iônicos (sódio, potássio, cálcio, etc) - estrutura, função e regulação. Receptores (noções gerais), neurotransmissão e transdução de sinais.

PROCESSAMENTO DIGITAL DE IMAGENS – 60 h (4 créditos)

UNIDADE 1 - Conceitos básicos; Digitalização e representação de imagens; Elementos periféricos de um sistema de tratamento de imagens; Percepção visual; Sistemas de cores; Noções de sensoriamento remoto, computação gráfica e realidade virtual. UNIDADE 2 -

Realce de Imagens: Técnicas de modificação da escala de cinza; Pseudo-coloração; Suavização de imagens; Aguçamento de bordas; Filtragem espacial. UNIDADE 3 - Segmentação de imagens: abordagem de diversas técnicas. Conceitos da morfologia matemática.

Bibliografia: Gonzalez, R.C. Woods, R.E. Processamento de Imagens Digitais. Edgard Blücher Ltda., São Paulo, 2000. 2. Jähne, B. Digital Image Processing. 4th. Edition, 1997. 3. Facon, J. Morfologia Matemática: Teoria e Exemplos. Ed. da PUC/Curitiba, PR, 1996. 4. Bruce, V., Green, P.R. Georgeson, M.A. Visual Perception, Psychology Press, 1996. 5. Kang, H.R. Color Technology for Electronic Imaging Devices, SPIE, 1996. 6. Russel, J.C. The Image Processing Handbook. CRC Press, 2nd. Edition, 1995. 7. Cocquerez, J.-P. Philipp, S. (Eds). Analyse de Images: Filtrage et Segmentation. Masson, 1995. 8. Gomes, J. Velho, L. Computação Gráfica: Imagem. IMPA/SBM, Rio de Janeiro, 1994. 9. Sonka, M., Hlavac, V. Boyle, R. Image Processing, Analysis and Machine Vision. Chapman Hall, 1993. 10. Gonzalez, R.C. Woods, R.E. Digital Image Processing. Addison Wesley, 3rd. Edition, 1993. 11. Mahdaviéh, Y. Gonzalez, R.C. (Eds). Advances in Image Analysis. SPIE Press, 1992. 12. MARION, A. An Introduction to Image Processing. Chapman and Hall, 1991. 13. Gabiatt Jr., L.J. Machine Vision and Digital Image Processing Fundamentals. Prentice-Hall, 1990. 14. Schalkoff, R.J. Digital Image Processing and Computer Vision. John Wiley Sons, 1989. 15. Jain, A. Fundamentals of Digital Image Processing. Prentice-Hall, 1989. 16. Green, W.S. Digital Image Processing: A Systems Approach. Van Nostrand, 2nd. Edition, 1989. 17. Niblack, W. An Introduction to Digital Image Processing. Prentice-Hall, 1986. 18. Rosenfeld, A. Kak, A.C. Digital Picture Processing. Academic Press, 2nd. Edition, 1982. 19. Pratt, W.K. Digital Image Processing. John Wiley Sons, 1978. 20. MASCARENHAS, N.D.A. VELASCO, F.R.D. Processamento Digital de Imagens. IV EBAI, 1989. 21. ARAÚJO, A. de A. Filtragem Espacial. VIII JAI, 1989. 22. FARINA, M. Psicodinâmica das Cores em Comunicação. Ed. Edgard Bucher, 1986.

ALGORITMOS PARA BIOINFORMÁTICA II – 60 h (4 créditos)

Algoritmos para manipulação de cadeias, sequências e árvores com aplicações em Biologia Molecular. Aplicações da Teoria dos Grafos e Otimização. Ferramentas para bioinformática. **Bibliografia:** Setúbal, J., Meidanis, J. INTRODUCTION TO COMPUTATIONAL MOLECULAR BIOLOGY, PWS Publishing Co., 1977 Gusfield, D., ALGORITHMS ON STRINGS, TREES AND SEQUENCES: COMPUTER SCIENCE AND COMPUTATIONAL BIOLOGY.

REDES NEURAIS ARTIFICIAIS: TEORIA E APLICAÇÕES – 45 h (3 créditos)

Conceitos básicos, Neurônios no cérebro, Perceptrons, Memória matricial de correlação, Modelos recorrentes, Redes feed-forward Multi-níveis, Redes Neurais Sem Peso, Sistemas auto-organizativos.

SISTEMAS NEBULOSOS – 45 h (3 créditos)

Conceitos Básicos. Operações com Conjuntos Nebulosos. Lógica Nebulosa. Sistemas Nebulosos Adaptativos e Redes Neurais Nebulosas.

TÓPICOS EM BIOINFORMÁTICA I – 15 h (1 crédito)

Variável em cada turma.

TÓPICOS EM BIOINFORMÁTICA II – 30 h (2 créditos)

Variável em cada turma.

TÓPICOS EM BIOINFORMÁTICA III – 45 h (2 créditos)

Variável em cada turma.

TÓPICOS EM BIOINFORMÁTICA IV – 60 h (4 créditos)

Variável em cada turma.

ESTÁGIO EM DOCENCIA – 30 h (2 créditos)

Participação do estudante no ensino prático e teórico da Bioinformática, visando a aquisição de experiência para o exercício de suas atividades didáticas.

Tabela I – ESTRUTURA CURRICULAR: DISCIPLINAS PROPOSTAS, CARACTERÍSTICAS, DEPARTAMENTOS E DOCENTES ENVOLVIDOS E PLANEJAMENTO DA OFERTA

Nome da Disciplina	Classificação		Carga Horária		Créditos	Departamento e Docente Responsável		Oferecimento no Primeiro Ano (**)
	OB(*)	OP	Teórica	Prática		Depto.	Docente	
Introdução à Bioquímica e Biologia Molecular*		M/D	60		4	BIQ	Marcelo Matos Santoro	Anual
Ambientes de Computação*		M/D	60		4	DCC	Raquel Cardoso de Melo Minardi	Anual
Seminários em Bioinformática I	M/D		15		1	BIQ	José Miguel Ortega	Semestral
Seminários em Bioinformática II	M/D		15		1	DCC	José Miguel Ortega	Semestral
Algoritmo para Bioinformática I	M/D		60		4	DCC	Raquel Cardoso de Melo Minardi	Anual
Estudos do Genoma, Transcriptoma e Proteoma	M/D		45		3	BIQ	Glória Regina Franco	Anual
Probabilidade e Estatística para Bioinformática	M/D		60		4	EST	Glaura da Conceição Franco	Anual
Estrutura e Função do Genoma		M/D	60		4	BIG	Vasco Ariston de Carvalho Azevedo	Bianual
Evolução Molecular		M/D	30		2	BIG	Eduardo Tarazona	Bianual
Tópicos Especiais de Genética e Evolução		M/D	30		2	BIG	Eduardo Tarazona	Anual
Ferramentas para Mineração Genômica		M/D	45		3	BIQ	José Miguel Ortega	Bianual
Tópicos em Bioinformática I		M/D	15		1	BIQ	Vasco Ariston de Carvalho Azevedo	Bianual

Tópicos em Bioinformática II		M/D	30		2	BIC	Vasco Ariston de Carvalho Azevedo	Bianual
Tópicos em Bioinformática III		M/D	45		3	BIC	Vasco Ariston de Carvalho Azevedo	Bianual
Tópicos em Bioinformática IV		M/D	60		4	BIC	Vasco Ariston de Carvalho Azevedo	Anual
Processamento Digital de Imagens		M/D	60		4	DCC	Marcio Flavio Dutra Moraes	Bianual
Algoritmos para Bioinformática II		M/D	60		4	DCC	Marcos Augusto dos Santos	Anual
Redes Neurais Artificiais: Teoria e Aplicações		M/D	45		3	EEE	Gisele Lobo Pappa	Bianual
Sistemas Nebulosos		M/D	45		3	EEE	Frederico Ferreira Campos Filho	Bianual
Estágio em Docência		M/D	30		2	BIQ	Vasco Ariston de Carvalho Azevedo	Semestral
Comunicação Celular e mediação química		M/D	60		4	BIQ		Semestral

(*) Registrar se a disciplina é obrigatória para o Mestrado e/ou Doutorado e para uma ou mais áreas de concentração

(**) Semestral, Anual, Bianual.

5 - CORPO DOCENTE:

Descrever o quadro docente permanente no que diz respeito à: composição e atuação de professores permanentes e colaboradores, qualificação, dimensão, regime de trabalho na UFMG e a carga horária semanal disponível para o Curso.

- COMPOSIÇÃO E ATUAÇÃO: Professores permanentes e colaboradores.

O quadro docente é constituído de 22 docentes permanentes e seis docentes colaboradores (veja quadro sinótico adiante, Tabela II).

Professores Permanentes:

Andrea Mara Macedo
Daniella Castenheira Bartholomeu
Eduardo Martin Tarazona Santos
Frederico Ferreira Campos filho
Gisele Lobo Pappa
Glória Regina Franco
Glaura da Conceição Franco
Guilherme Correa de Oliveira
Jadson Cláudio Belchior
João Trindade Marques
José Miguel Ortega
Julio Cesar Dias Lopes
Marcelo Matos Santoro
Marcio Flavio Dutra Moraes
Marcos Augusto dos Santos
Paulo Sérgio Lacerda Beirão
Raquel Cardoso de Melo Minardi
Ronaldo Alves Pinto Nagem
Santuzza Maria Ribeiro Teixeira
Sergio Vale Aguiar Campos
Vasco Ariston de Carvalho Azevedo
Wagner Meira Junior

Colaboradores:

Carlos Augusto Rosa
Carlos Delfin Chávez Olórtegui
Jerônimo Conceição Ruiz
Lucas Bleicher
Sergio Danilo Junho Pena
Rafaela Salgado Ferreira

5 - CORPO DOCENTE:
- QUALIFICAÇÃO: em relação à titulação formal e à experiência na área.
<p>Todos os 28 docentes têm doutorado, sendo que há uma grande diversidade em relação à Instituição onde se titularam. Uma parcela de 65% se titularam no Brasil, mas o fizeram em diferentes Instituições, com predominância da UFMG – 29% do total. Os demais se titularam no exterior, com predominância dos EUA, sendo os demais países a França, o Reino Unido, o Canadá e a Suíça. A maioria dos docentes tem pós-doutoramento no exterior.</p>
- DIMENSÃO: em relação ao número de vagas e disciplinas oferecidas.
<p>O quadro docente ultrapassa o que poderia ser considerado um número mínimo para atender à oferta de vagas e de disciplinas. Presentemente, envolvidos em orientação de Doutorado em Bioinformática temos, respectivamente com 5, 4, 3, 2 e 1 alunos, 1, 1, 3, 6 e 9 docentes. A incorporação do Mestrado ao Programa pode levar ao aumento do envolvimento do conjunto de docentes, pois representa uma facilitação ao ingresso do estudante na área, permitindo sua evolução por meio de uma etapa de menor grau dificuldade.</p>
- REGIME de TRABALHO na UFMG, carga horária semanal disponível para o Curso e a distribuição das atividades de orientação e pesquisa.
<p>Todos os docentes permanentes trabalham em regime de tempo integral e dedicação exclusiva e, dos docentes colaboradores, apenas um não trabalha neste regime.</p>
- CREDENCIAMENTO: explicitar os critérios de credenciamento do corpo docente.
<p>O orientador deverá demonstrar produtividade científica, em termos de trabalhos publicados e/ou orientações de tese e/ou dissertações ou outro trabalho relevante, que será avaliado pelo Colegiado através de critérios específicos mínimos exigidos de acordo com as resoluções específicas do programa.</p>

Tabela II – Perfil do corpo docente

Docente	Titulação Instituição/País/A no	Área Básica Correspondente ao Título	Depto./ Regime de trabalho	Carga Horária de Dedicação ao Curso	Bolsa CNPq	Vincula- ção (Pe/Co)	Orientação concluída				Orientação em Andamento			
							IC	E	M	D	IC	E	M	D
Eduardo Martin Tarazona Santos	Doutorado/ UFMG/ 2002-Brasil	Bioquímica e Imunologia	Biologia Geral/ DE	20h	Nível 2	Pe	5	0	8	3	2	0	2	7
Vasco Ariston de Carvalho Azevedo	Doutorado INRA/1993-Livre docência/ USP/ 2004-	Genética Microbiologia	Biologia Geral/DE	20 h	1b	Pe	29	1	20	11	5	1	7	11
Andrea Mara Macedo	Doutorado/ UFMG/1991	Bioquímica e Imunologia	Bioquímica Imunologia/ DE	20h	1c	Pe	10	1	7	14	2	0	0	2
Carlos Delfin Chávez Olórtégui	Doutorado/ UFMG/1993	Bioquímica e Imunologia	Bioquímica Imunologia/ DE	20h	-	Co	8	0	24	8	5	0	2	3
Glória Regina Franco	Doutorado/ UFMG/1996	Bioquímica e Imunologia	Bioquímica Imunologia/ DE	20h	1d	Pe	5	0	12	12	2	0	2	4
João Trindade Marques	Doutorado/ UFMG/2002	Microbiologia	Bioquímica Imunologia/ DE	20h	-	Pe	1	0	0	0	3	0	0	2
José Miguel Ortega	Doutorado/ USP/1987	Bioquímica e Imunologia	Bioquímica Imunologia/ DE	20h	-	Pe	1	0	8	7	1	0	0	2
Marcelo Matos Santoro	Doutorado/ UFMG/1983	Bioquímica e Imunologia	Bioquímica Imunologia/ DE	20h	1d	Pe	3	0	11	23	0	0	0	3
Ronaldo Alves Pinto Nagem	Doutorado/ Unicamp/2003	Física	Bioquímica Imunologia/ DE	20h	2	Pe	3	0	4	3	1	0	2	7
Gisele Lobo Pappa	Doutorado/ CANTERBURY, Inglaterra/2007	Computer Science	DCC	20h	2	Pe	1	0	3	0	6	0	3	0

Marcos Augusto dos Santos	Doutorado/ UFRJ/1998	Engenharia de Sistemas e Computação	DCC	20h	-	Pe	1	0	2	0	0	0	0	2
Carlos Augusto Rosa	Doutorado/UFRJ/1 993	Microbiologia	Microbiologi a/DE	20h	1B	Co	7	0	40	22	3	0	5	11
Daniella Castenheira Bartholomeu	Doutorado/UFMG/ 2002	Bioquímica e Imunologia/DE	Parasitolo- gia/DE	20h	2	Pe	4	0	4	2	2	0	1	8
Frederico Ferreira Campos filho	Doutorado/ Oxford/1995	Computação	DCC/DE	20h	-	Pe	7	0	1	3	0	0	0	0
Glaura da Conceição Franco	Doutorado/ PUC RJ/1998	Engenharia elétrica	Estatística/D E	20h	2	Pe	21	0	10	1	1	0	1	3
Guilherme Correa de Oliveira	Ph.D. Texas A&M University 1995	Microbiologia	Fiocruz- Minas 40 horas RJU	10h	2	PE	17	0	13	7	2	0	1	6
Jadson Cláudio Belchior	Doutorado/ SUSSEX, Inglaterra /1994	Química/DE	Química/DE	20h	2	Pe	39	0	3	3	2	0	1	3
Jerônimo Conceição Ruiz	Doutorado/USP/20 01	Bioquímica	Fiocruz/ DE	20h	-	Co	2	0	5	1	1	0	1	3
Julio Cesar Dias Lopes	Doutorado/USP/19 92	Química/DE	Química/ DE	20h	-	Pe	16	0	4	4	1	0	0	8
Marcio Flavio Dutra Moraes	Doutorado/USP/19 98	Ciências (Fisiologia Humana)DE	Fisiologia DE	20h	1D	Pe	2	0	13	5	2	0	2	7
Paulo Sérgio Lacerda Beirão	Doutorado/ UFRJ/1980	Ciências Biológicas	Bioquímica e Imunologia	20h	1c	Co	6	0	8	11	0	0	0	2
Raquel Cardoso de Melo Minardi	Doutorado/UFMG/ 2008	Bioinformática	DCC	20h	-	Pe	3	0	1	1	2	0	1	4
Santuza Maria Ribeiro Teixeira	Doutorado/ UNIL, Suíça/1990	Bioquímica	Bioquímica e Imunologia DE	20h	1c	Pe	8	0	18	18	2	0	1	4
Sergio Danilo Junho Pena	Doutorado/ U.M., Canadá/1977	Human Genetics	Bioquímica e ImunologiaD E	20h	1A	Co	0	0	21	30	0	0	0	5

Sergio Vale Aguiar Campos	Doutorado/ CMU, Estados Unidos /1996	Ciência da Computação	DCC/ DE	20h	-	Pe	0	0	15	9	0	0	2	2
Wagner Meira Junior	Doutorado/ University of Rochester USA/1997	Ciência da Computação	DCC	20h	1C	Pe	1	0	39	7	0	0	0	6
Lucas Bleicher	Doutorado/USP/2009	Física	Bioquímica e ImunologiaD E	20h	-	Co	0	0	0	0	1	0	0	0
Rafaela Salgado Ferreira	Doutorado/ University of California San Francisco/2010	Química e Química Biológica	Bioquímica e ImunologiaD E	20h	-	Co	0	0	0	0	0	0	0	1

*Vinculação ao Curso - Pe: Permanente - Co: Colaborador

Tabela III - Corpo docente - produção intelectual nos últimos 3 anos

Docente	Vinculação Pe/Co	Livros		Capítulos de Livro		Artigos completos em Periódicos								Artigos Completos em Anais		Trabalhos Técnicos
		Nac.	Int.	Nac.	Int.	A1	A2	B1	B2	B3	B4	B5	C*	Nac.	Int.	
Eduardo Martin Tarazona Santos	Pe	0	0	1	3	3	2	3	0	0	0	0	0	7	6	1
Vasco Ariston de Carvalho Azevedo	Pe	1	0	0	2	5	14	9	1	1	2	11	0	33	6	6
Andrea Mara Macedo	Pe	0	0	0	1	3	4	6	0	0	0	1	0	16	9	0
Carlos Delfin Chávez Olórtégui	Co	0	0	1	0	1	5	9	0	0	0	0	0	2	3	3
Glória Regina Franco	Pe	0	0	0	0	8	1	1	0	1	0	1	0	15	8	0

João Trindade Marques	Pe	0	0	0	0	2	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
José Miguel Ortega	Pe	0	0	1	0	1	1	0	1	0	0	0	0	13	18	0
Marcelo Matos Santoro	Pe	0	0	0	0	1	1	2	3	4	0	1	0	13	4	0
Ronaldo Alves Pinto Nagem	Pe	0	0	0	0	0	0	2	0	0	1	0	0	16	8	0
Gisele Lobo Pappa	Pe	0	0	0	1	0	0	1	1	1	0	6	0	12	7	7
Marcos Augusto dos Santos	Pe	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	2
Carlos Augusto Rosa	Co	1	0	2	10	1	4	21	10	12	0	7	0	0	1	2
Daniella Castenheira Bartholomeu	Pe	0	0	0	1	8	0	1	0	2	0	1	0	7	9	1
Frederico Ferreira Campos filho	Pe	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Glaura da Conceição Franco	Pe	1	0	0	0	1	1	0	0	0	4	0	0	1	0	0
Guilherme Correa de Oliveira	Pe	1	0	2	0	7	7	5	9	0	1	1	5	0	0	0
Jadson Cláudio Belchior	Pe	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	4
Jerônimo Conceição Ruiz	Co	0	0	0	0	5	1	4	2	1	0	1	0	0	0	8
Julio Cesar Dias Lopes	Pe	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	4	7	4
Lucas Bleicher	Co	0	0	0	0	1	7	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Marcio Flavio Dutra Moraes	Pe	0	0	7	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0
Paulo Sérgio Lacerda Beirão	Pe	0	0	2	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Rafaela Salgado Ferreira	Co	0	0	0	0	6	0	1	3	0	0	0	0	4	0	0
Raquel Cardoso de Melo Minardi	Pe	0	0	0	4	1	1	0	2	0	0	0	0	2	1	1

Santuza Maria Ribeiro Teixeira	Pe	0	0	0	2	4	2	2	1	0	0	0	0	9	10	3
Sergio Danilo Junho Pena	Co	2	0	1	0	7	2	2	3	4	0	4	0	0	0	0
Sergio Vale Aguiar Campos	Pe	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	4	0	2
Wagner Meira Junior	Pe	0	0	0	0	0	1	1	0	0	2	8	0	14	21	0

* O Periódico classificado como "C" possui peso zero.

Obs.: Em volume separado estão anexados os Currículos *Lattes* atualizados dos docentes.

Tabela IV – Distribuição do Corpo Docente por Área de Concentração e Linhas de Pesquisa

Área de Concentração	Linhas de Pesquisa	Docentes	Disciplinas
Bioinformática	Bioinformática Genômica	Eduardo Martin Tarazona Santos	Tópicos Especiais de Genética e Evolução Evolução Molecular
Bioinformática	Bioinformática Genômica	Vasco Ariston de Carvalho Azevedo	Tópicos em Bioinformática I Tópicos em Bioinformática II Estrutura Função do Genoma
Bioinformática	Bioinformática Genômica	Andrea Mara Macedo	Tópicos em Bioinformática I
Bioinformática	Bioinformática de Biomoléculas	Carlos Delfin Chávez Olórtegui	Tópicos em Bioinformática I
Bioinformática	Bioinformática Genômica	Glória Regina Franco	Estudo genoma, Transcriptoma e Proteoma
Bioinformática	Bioinformática Genômica	João Trindade Marques	Tópicos em Bioinformática III
Bioinformática	Bioinformática Genômica	José Miguel Ortega	Seminários em Bioinformática I Seminários em Bioinformática II

Bioinformática	Bioinformática de Biomoléculas	Marcelo Matos Santoro	Tópicos em Bioinformática I Introdução a Bioquímica e Biologia Molecular
Bioinformática	Bioinformática de Biomoléculas	Ronaldo Alves Pinto Nagem	Tópicos em Bioinformática II
Bioinformática	Bioinformática Funcional	Gisele Lobo Pappa	Tópicos Especiais em Ciência da Computação
Bioinformática	Bioinformática de Biomoléculas	Marcos Augusto dos Santos	Algoritmos para Bioinformática II
Bioinformática	Bioinformática Genômica	Carlos Augusto Rosa	Tópicos em Bioinformática I
Bioinformática	Bioinformática Genômica	Daniella Castenheira Bartholomeu	Tópicos em Bioinformática III
Bioinformática	Bioinformática Funcional	Frederico Ferreira Campos filho	Tópicos em Bioinformática I
Bioinformática	Bioinformática Funcional	Glaura da Conceição Franco	Probabilidade e Estatística para Bioinformática
Bioinformática	Bioinformática Genômica	Guilherme Correa de Oliveira	Tópicos em Bioinformática II
Bioinformática	Bioinformática de Biomoléculas	Jadson Cláudio Belchior	Tópicos em Bioinformática I
Bioinformática	Bioinformática Genômica	Jerônimo Conceição Ruiz	Tópicos em Bioinformática II
Bioinformática	Bioinformática de Biomoléculas	Julio Cesar Dias Lopes	Tópicos em Bioinformática I
Bioinformática	Bioinformática de Biomoléculas	Lucas Bleicher	Tópicos em Bioinformática II
Bioinformática	Bioinformática Funcional	Marcio Flavio Dutra Moraes	Tópicos em Bioinformática I
Bioinformática	Bioinformática de Biomoléculas	Paulo Sérgio Lacerda Beirão	Tópicos em Bioinformática I
Bioinformática	Bioinformática de Biomoléculas	Rafaela Salgado Ferreira	Tópicos em Bioinformática III
Bioinformática	Bioinformática de Biomoléculas	Raquel Cardoso de Melo Minardi	Ambientes de Computação
Bioinformática	Bioinformática Genômica	Santuza Maria Ribeiro Teixeira	Tópicos em Bioinformática II
Bioinformática	Bioinformática Genômica	Sergio Danilo Junho Pena	Tópicos em Bioinformática I

Bioinformática	Bioinformática Genômica	Sergio Vale Aguiar Campos	Tópicos em Bioinformática I
Bioinformática	Bioinformática de Biomoléculas	Wagner Meira Junior	Tópicos Especiais em Ciência da Computação

8 - REGULAMENTO DO CURSO: (Consultar as Normas Gerais de Pós-Graduação)

- Objetivos do Curso
- Níveis de Formação
- Organização Didática
- Coordenação Didática – Constituição do Colegiado e suas atribuições
- Dos docentes e da orientação - Critérios de Credenciamento do Corpo Docente
- Do número de vagas
- Da matrícula
- Admissão ao Curso – critérios de seleção
- Regime Didático – Equivalência de carga horária/crédito, aproveitamento de créditos, critérios de desligamento do estudante, atribuição de créditos a Estudos Especiais, constituição de bancas examinadoras de tese ou dissertação, exigências para defesa da dissertação ou tese.
- Dos graus acadêmicos

Anexado, em volume separado

9 – INFRAESTRUTURA FÍSICA, ADMINISTRATIVA E FINANCEIRA:

A UFMG possui uma adequada infra-estrutura computacional associada aos grupos de pesquisa integrantes do Programa de Doutorado em Bioinformática, bem como sedia um Centro Nacional de Processamento de Alto Desempenho (CENAPAD-MG/GO) que já tem trabalhado na área de Bioinformática desde 1995 e catalisou já a formação de um Núcleo de Bioinformática. A par disto, os docentes que compõe o corpo docente também têm acesso, em suas unidades, de estruturas de ensino e pesquisa consolidadas, aplicáveis ao ensino e pesquisa em Bioinformática.

Biblioteca:

– Caracterizar o acervo, apresentando os dados gerais e específicos sobre a sua composição (nº de livros, de periódicos e áreas nas quais eles se concentram).

O ICB-UFMG possui seu acervo bibliográfico em duas bibliotecas fisicamente distintas:

- Biblioteca Central, onde estão armazenados livros para o atendimento da Graduação, bem como toda a coleção impressa de periódicos até o ano de 1995 (1.148 títulos da área Biológica).

- Biblioteca Setorial do ICB, onde estão armazenados, livros, teses, dissertações, CDs e folhetos voltados para o atendimento dos cursos de Pós-Graduação. Formam um total de 11.682 exemplares, todos parte integrante do Catálogo On-line do Sistema de Bibliotecas (www.bu.ufmg.br). A área de Bioinformática, por estar ligada a mais de uma Unidade Acadêmica, conta com 62 títulos impressos, entre livros e teses, no Sistema de Bibliotecas da UFMG.

Quanto a periódicos e seriados, a Biblioteca do ICB conta com 730 títulos impressos armazenados a partir de 1996, referentes a todas as áreas da Unidade. Destes, 373 dão continuidade às coleções existentes na Biblioteca Central. Atualmente, na Biblioteca Setorial do ICB são recebidos apenas 139 títulos impressos correntes, face ao uso do sistema eletrônico em detrimento às assinaturas em papel.

– Informar a existência de estruturas, recursos ou formas especiais de acesso eletrônico à produção da área disponibilizada, inclusive o acesso a Portais de Periódicos.

Como todo o Sistema de Bibliotecas da UFMG, a Biblioteca Setorial do ICB tem acesso ao texto completo a mais de 29.000 títulos nacionais e internacionais disponibilizados através do Portal CAPES de Periódicos (<http://www.periodicos.capes.gov.br>), bem como às suas 130 bases de dados referenciais. Particularmente, há 20 títulos de periódicos específicos da área de Bioinformática disponíveis no Portal CAPES de Periódicos.

O Sistema de Bibliotecas da UFMG promove treinamentos para usuários, durante todo o ano, com o objetivo de capacitá-los na utilização do Portal de Periódicos da CAPES.

A equipe da Biblioteca Setorial do ICB também apresenta seminários visando instruir os novos alunos dos programas de pós-graduação no uso do Portal Capes de Periódicos, no Sistema de

9 – INFRAESTRUTURA FÍSICA, ADMINISTRATIVA E FINANCEIRA:

Bibliotecas da UFMG e na normalização de trabalhos científicos.

Atendendo antiga reivindicação da Comunidade Universitária, a partir de abril/2006 o acesso domiciliar ao Portal CAPES de Periódicos ficou disponível a toda esta Comunidade, facilitando-lhe a opção quanto a local de pesquisa ou trabalho.

A partir de 2007 a UFMG participou dos Editais da FAPEMIG - Fundação de Amparo a Pesquisa do Estado de Minas Gerais - para aquisição de livros destinados às Bibliotecas que atendem aos Programas de Pós-Graduação. Para o Programa de Pós-Graduação em Bioinformática já foram adquiridos 82 novos exemplares com estes recursos. Tudo indica que será mantida esta política para os próximos anos. Todas as áreas de concentração foram contempladas.

Um dos serviços prestados pela Biblioteca do ICB e que se destaca com relação aos alunos dos programas de pos-graduação é a Comutação Bibliográfica: consiste no fornecimento de cópias de documentos não disponíveis no acervo UFMG ou na Internet. A Biblioteca do ICB é Biblioteca Base do Sistema COMUT, gerenciado pelo Instituto Brasileiro de Informação em Ciência e Tecnologia (IBICT) e Biblioteca participante da Rede BIREME ou Biblioteca Virtual em Saúde (BVS).

Também está em elaboração a Biblioteca Digital de Teses e Dissertações da UFMG (<http://www.bibliotecadigital.ufmg.br/>), já com trabalhos dos vários programas de pós-graduação disponibilizada para os interessados.

Infraestrutura de pesquisa:

– Informar quantos e quais os laboratórios disponíveis e as características e condições básicas de cada um deles.

1- O curso conta no momento com um laboratório de estudos no ICB/UFMG exclusivo com 15 computadores P4 de 3 GHz, com 1 GB RAM e 160 GB HD e duas impressora a laser para o desenvolvimento dos trabalhos dos alunos. Além de 3 laboratórios de informática com 40 computadores cada . Estes laboratórios podem ser usados por alunos de graduação e pós-graduação

2- Recursos Computacionais do CENAPAD-MG/CO. Em 2007 a UFMG foi contemplada com um auxílio SINAPAD no valor de 1 milhão de Reais para a aquisição de servidores de alto desempenho para o CENAPAD-MG/CO. Assim, em 2008 foi adquirido um hiper-computador com 848 núcleos, 2 TB de memória de uso e 60 TB de memória física, disponível também para usuários da Bioinformática. Servidores front-end estão instalados nos laboratórios e também no mesmo switch do hiper-computador.

3- A UFMG está conectada à Rede Nacional de Pesquisa e Educação (RNP) a 1 Gbps via uma conexão 10 a 100 Mbps. Cada laboratório pertencente ao programa conta com a infra-estrutura de máquinas específicas para suas atividades. O Departamento de Computação Científica (DCC), por exemplo, conta hoje com um vasto parque computacional, composto principalmente de estações de trabalho Intel, SUN (SPARC station e Ultra) e IBM PowerPC 43P/100. Centenas de microcomputadores estão conectados à rede, possibilitando, desta maneira, a utilização de vários ambientes, como a emulação de vários terminals e dos ambientes Linux e Windows

4- Bioinformática da Rede Genoma de Minas Gerais. Uma parcela dos recursos computacionais adquiridos com a implantação da Rede Genoma de Minas Gerais está sendo compartilhados:

9 – INFRAESTRUTURA FÍSICA, ADMINISTRATIVA E FINANCEIRA:

- Supercomputador Quadriprocessado Solaris Intel com 4 GB RAM;
- Supercomputador cluster PC Linux com 15 unidades;
- Sala com computador popular Linux com 15 pontos de trabalho.

5- Infra-estrutura dos laboratórios do Instituto de Ciências Biológicas: Estações de trabalho e dezenas de microcomputadores estão disponíveis nos vários laboratórios do Instituto que participam do programa. Além disso, grandes equipamentos para trabalhos de geração de dados biológicos também estão disponíveis como: seqüenciadores automáticos de DNA de 96 capilares, aparato para eletroforese bi-dimensional, aparelhos para PCR em tempo real, equipamento para síntese de peptídeos, seqüenciador de proteínas, espectrômetros de massa (ESI Q-TOF and MALDI TOF/TOF) e uma facilidade de microarranjos com scanner de microarranjos com computador acoplado contendo vários softwares de análise de dados de microarranjos, robô para impressão de lâminas de microarranjos de DNA e uma estação de hibridação.

6 - Infra-estrutura dos laboratórios do Departamento de Ciência da Computação: Vários laboratórios do DCC tem atuação na área de bioinformática e os alunos tem acesso aos seus recursos computacionais, que consistem de estações de trabalho e agregados de alto processamento. No ano de 2009 se destaca a criação do Laboratório de Bioinformática e Sistemas, com 6 estações de trabalho e capacidade de acolher até 13 alunos, o que inclui pleno acesso à rede sem fio do DCC. Além de ampliar a capacidade destinada ao curso, o laboratório passa a ser importante ponto focal para os alunos de graduação dos cursos de Ciências Exatas que tenham interesse em trabalhar na área de Bioinformática.

Infraestrutura Administrativa

– Informar a infraestrutura disponível para a secretaria e para a coordenação do curso, salas de aulas, sala de reuniões e salas equipadas com computadores, reservadas para o corpo docente e discente.

1- Infra-estrutura própria de secretaria: mesas, cadeiras, arquivo, armário, computadores, impressora multifuncional com scanner e fax.

2- Uma sala para seminários, cursos da pós-graduação e defesas de Tese com capacidade para aproximadamente 50 pessoas. Para as atividades desenvolvidas na sala de seminários dispomos de um notebook, um projetor multimídia e roteador para rede wireless.

– Informar se haverá necessidade de contratação de pessoal docente e técnico administrativo.

O curso de Doutorado em Bioinformática não conta atualmente com técnico administrativo, sendo gerador de demanda nesse sentido. Conta, atualmente, com auxílio técnico do Programa de Pós-graduação em Genética.

9 – INFRAESTRUTURA FÍSICA, ADMINISTRATIVA E FINANCEIRA:

Infraestrutura financeira - Financiamentos e condições de manutenção do curso:

– Informar se alguma entidade externa à UFMG (órgãos ou agências nacionais e estrangeiras, fundações públicas ou privadas) financia ou apóia projetos de pesquisa ou outras atividades do programa/curso. Neste caso, indicar qual a entidade financiadora, a natureza do apoio (bolsas, outro apoio financeiro) e o total de recursos. Se o financiamento for de médio ou longo prazo, informar, período e valor médio anual.

O curso de Doutorado em Bioinformática conta com apoio do CNPq e da FAPEMIG na forma de cinco e três bolsas de doutorado, respectivamente. 20 Bolsas e auxílio financeiro da Capes são provenientes do Programa de Demanda Social.

9 – INFRAESTRUTURA FÍSICA, ADMINISTRATIVA E FINANCEIRA: