



## FICHA DE COMPONENTE CURRICULAR

CÓDIGO:	COMPONENTE CURRICULAR:	
	<u>INTRODUÇÃO À BIOFÍSICA MOLECULAR E COMPUTACIONAL</u>	
UNIDADE ACADÊMICA OFERTANTE: <u>INSTITUTO DE FÍSICA</u>	SIGLA: <u>INFIS</u>	
CH TOTAL TEÓRICA: <u>60</u>	CH TOTAL PRÁTICA: <u>00</u>	CH TOTAL: <u>60</u>

### OBJETIVOS

1. Fornecer ao estudante uma introdução à biofísica molecular teórica;
2. Fornecer ao estudante uma introdução aos principais métodos computacionais recorrentes em biofísica molecular;
3. Ajudar o estudante a criar uma visão da biofísica molecular como um campo “profundamente interdisciplinar” no qual a revelação da natureza de mecanismos por trás do funcionamento de organismos vivos é uma tarefa interdisciplinar para todo o ensemble de ciências naturais.

### EMENTA

1. Revisão de Mecânica Estatística; 2. Conformações de biopolímeros (ácidos nucléicos e proteínas); 3. Introdução à Dinâmica de biopolímeros; 4. Métodos Monte Carlo para simulações moleculares.

### PROGRAMA

1. Revisão de Mecânica Estatística
  - 1.1 O limite termodinâmico
  - 1.2 Termodinâmica de sistemas fechados: O ensemble canônico
  - 1.3 Equilíbrio termodinâmico e a natureza estatística da entropia
  - 1.4 Flutuações térmicas e a integral de caminho estatístico
  - 1.5 Transições de fase e de pseudofase
  - 1.6 Graus de liberdade relevantes
  - 1.7 Barreira de energia livre cinética e estado de transição
  - 1.8 Análise estatística microcanônica
2. Conformações de biopolímeros
  - 2.1 Transições globais em proteínas
  - 2.2 Forças moleculares em estruturas biológicas



- 2.3 Conformações de macromoléculas
3. Introdução à dinâmica de biopolímeros
  - 3.1 O modelo do oscilador harmônico
  - 3.2 Movimento browniano
  - 3.3 Mudanças conformacionais
    - 3.3.1 Associações moleculares
    - 3.3.2 Processos de taxa fundamentais
    - 3.3.3 Introdução à cinética da associação
    - 3.3.4 Cinética da transição hélice-novelto
4. Métodos Monte Carlo para simulações moleculares
  - 4.1 O método Monte Carlo
  - 4.2 Amostragem Monte Carlo de cadeia markoviana convencional
  - 4.3 Suavização de dados sistemáticos pelo uso de curvas de Bézier
  - 4.4 Processos markovianos e estratégias de amostragem estocástica
  - 4.5 Métodos de reponderação
  - 4.6 Atualizações Monte Carlo Elementares
  - 4.7 Amostragem Monte Carlo em Polímeros de reticulado
  - 4.8 Geradores de números aleatórios
  - 4.9 Alguns exemplos práticos de simulações Monte Carlo em polímeros

### BIBLIOGRAFIA BÁSICA

- BACHMANN, M. **Thermodynamics and Statistical Mechanics of Macromolecular Systems**. New York: Cambridge University Press, 2014.
- DAUNE, M. **Molecular Biophysics: structures in motion**. New York: Oxford University Press, 1999.
- JACKSON, M. B. **Molecular and cellular biophysics**. New York: Cambridge University Press, 2006.

### BIBLIOGRAFIA COMPLEMENTAR

- ALBERTS, B. et al. **Molecular Biology of the Cell**. New York: Garland, 2008.
- DURAN, J. H. R. **Biofísica: conceitos e aplicações**. São Paulo: Pearson Education do Brasil, 2011.
- HENEINE, I. F. **Biofísica básica**. São Paulo: Atheneu, 1984.
- HOBBIE, R. K.; BRADLEY, J. R. **Intermediate Physics for Medicine and Biology**. New York, NY: Springer, 2007.
- FREIFELDER, D. **Physical Biochemistry: applications to biochemistry and molecular biology**. New York: W.H. Freeman, 1982.

### APROVAÇÃO

09 / 09 / 16

Universidade Federal de Uberlândia  
Prof. Dr. Diego Merigue da Cunha  
Coordenador do Curso de Física Médica

Carimbo e assinatura do Coordenador do Curso

13 / 09 / 16

Universidade Federal de Uberlândia  
Prof. Dr. Tomé Mauro Schmidt  
Diretor do Instituto de Física - INFIS  
Portaria R Nº 855/2013  
Carimbo e assinatura do Diretor da  
Unidade Acadêmica