

| | | |
|--|---|---|
| Campus: São José dos Campos | | |
| Curso (s): Ciência da Computação, Engenharia de Computação | | |
| Unidade Curricular (UC): Tópicos em Tecnologia da Computação III (Bioinformática Avançada) | | |
| Unidade Curricular (UC): [nome da UC em inglês] Advanced Bioinformatics | | |
| Unidade Curricular (UC): [nome da UC em espanhol - opcional] | | |
| Código da UC: 7217 | | |
| Docente Responsável/Departamento: Reginaldo Massanobu Kuroshu / Departamento de Ciência e Tecnologia | | Contato (e-mail): [opcional] rmkuroshu@unifesp.br |
| Docente (s) Colaborador/a (es/as)/Departamento (s): | | Contato (e-mail): [opcional] |
| Ano letivo: 2023 | Termo: 5º | Turno/Turma: Noturno |
| Nome do Grupo/Módulo/Eixo da UC (se houver): | | Idioma predominante em que a UC será oferecida: <input checked="" type="checkbox"/> Português <input type="checkbox"/> English <input type="checkbox"/> Español <input type="checkbox"/> Français <input type="checkbox"/> Libras <input type="checkbox"/> Outro: |
| UC: <input type="checkbox"/> Fixa <input checked="" type="checkbox"/> Eletiva <input type="checkbox"/> Optativa | Oferecida como: <input checked="" type="checkbox"/> Disciplina <input type="checkbox"/> Módulo <input type="checkbox"/> Estágio <input type="checkbox"/> Outro: | Oferta da UC: <input checked="" type="checkbox"/> Semestral <input type="checkbox"/> Anual |
| Ambiente Virtual de Aprendizagem: <input checked="" type="checkbox"/> Moodle <input checked="" type="checkbox"/> Classroom <input type="checkbox"/> Outro: <input type="checkbox"/> Não se aplica | | |
| Pré-Requisito (s) - Indicar Código e Nome (s) da (s) UC: Algoritmos e Estruturas de Dados I | | |
| Carga horária total (em horas): 72 hrs | | |
| Carga horária teórica (em horas): 36 hrs | Carga horária prática (em horas): 36 hrs | Carga horária de extensão (em horas, se houver): |
| Se houver atividades de extensão, indicar código e nome do projeto ou programa vinculado na Pró-Reitoria de Extensão e Cultura (ProEC): | | |
| Ementa: Introdução à linguagem Python e ao uso de bibliotecas de BioPython. Métodos de Alinhamento de Sequências simples (Needleman-Wunsch, Smith-Waterman, BLAST). Métodos de alinhamentos múltiplos. Modelos de Markov escondidos. Análise de Clusters. Análise de Componentes Principais. Métodos de sequenciamento, montagem e análise de genomas. | | |
| Conteúdo programático: Introdução à Python, biblioteca Biopython. Genômica, métodos e dados de sequenciamento de DNA. Comparações de sequências: distância Hamming, edit distance, Needleman-wunsch, Smith-waterman, BLAST. Análise de genomas, homologia, repetições, evolução, alinhamento múltiplo. Montagem de genomas: OLC, grafos de bruijn. HMM. Clustering: agrupamento de expressão gênica, agrupamento hierárquico, k-means. Análise de Componentes Principais. Tópicos selecionados. | | |
| Objetivos: Curso teórico-prático com o objetivo de introduzir conceitos e alguns dos principais problemas computacionais da bioinformática. Objetivos específicos: Capacitar o aluno a resolver problemas de biologia computacional por meio de programação e aplicação de ferramentas de bioinformática. | | |
| Metodologia de ensino: Aulas expositivas; Laboratório de programação; Listas de exercícios; Atividades complementares a distância. | | |
| Avaliação: | | |

Provas (P): duas provas P1 e P2 escritas ou práticas

$$P = 0,5 \times P1 + 0,5 \times P2$$

Exercícios (E)

Projeto (T)

$$\text{Nota final: } NF = 0,5 \times P + 0,25 \times E + 0,25 \times T$$

Bibliografia:

Básica:

1. N. C. Jones and P. A. Pevzner. An Introduction to Bioinformatics Algorithms, The MIT Press; 1 edition, 2004.
2. KINSER, J.M. Python for Bioinformatics. Jones & Bartlett, 2008.
3. MOUNT, D.W. Bioinformatics. 2nd Ed. CSHL Press, 2004.
4. LESK, A.M. Introdução à Bioinformática. 2ª Ed. Artmed, 2005.

Complementar:

1. GRAUR, D.; LI, W.H. Fundamentals of Molecular Evolution. 2nd Ed. Sinauer, 2000.
2. D. Gusfield. Algorithms on Strings, Trees and Sequences: Computer Science and Computational Biology. Cambridge, UK: Cambridge University Press, 1997
3. M. Waterman. Introduction to Computational Biology: Maps, Sequences, and Genomes, Boca Raton, FL: CRC Press, 1995.
4. R. Durbin, S. R. Eddy, A. Krogh, G. Mitchison: Biological Sequence Analysis: Probabilistic Models of Proteins and Nucleic Acids, Cambridge University Press, 1998.

Cronograma: *[opcional]*