

Nome do Componente Curricular: Bioinformática Avançada	
Pré-requisitos: Introdução à Bioinformática	
Carga Horária Total: 72h	
Carga Horária Prática: 36h	Carga Horária Teórica: 36h
Objetivos	
Gerais: Curso avançado de Bioinformática.	
Específicos: Curso teórico-prático introdutório às principais ferramentas computacionais da bioinformática.	
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:	
<ul style="list-style-type: none"> • Python • BioPython • Alinhamento de Sequências • Modelos de Markov • Análise de Clusters • Análise de Componentes Principais • Sequenciamento de Genomas 	
Metodologia de Ensino Utilizada: Aulas expositivas e atividades práticas.	
Recursos Instrucionais Necessários: Sala de aula/ Laboratório de computação com lousa e projetor multimídia.	
Critérios de Avaliação: O sistema de avaliação será definido pelo docente responsável pela unidade curricular no início das atividades letivas devendo ser aprovado pela Comissão de Curso e divulgado aos alunos. O sistema adotado deve contemplar o processo de ensino e aprendizagem estabelecido neste Projeto Pedagógico, com o objetivo de favorecer o progresso do aluno ao longo do semestre. A promoção do aluno na unidade curricular obedecerá aos critérios estabelecidos pela Pró-Reitoria de Graduação, tal como discutido no Projeto Pedagógico do Curso.	
Bibliografia	
Básica:	
<ul style="list-style-type: none"> • KINSER, J.M. Python for Bioinformatics. Jones & Bartlett, 2008. • MOUNT, D.W. Bioinformatics. 2nd Ed. CSHL Press, 2004. • LESK, A.M. Introdução à Bioinformática. 2ª Ed. Artmed, 2005. 	
Complementar:	
<ul style="list-style-type: none"> • GRAUR, D.; LI, W.H. Fundamentals of Molecular Evolution. 2nd Ed. Sinauer, 2000. • N. C. Jones and P. A. Pevzner. An Introduction to Bioinformatics Algorithms, The MIT Press; 1 	

edition, 2004.

- D. Gusfield. Algorithms on Strings, Trees and Sequences: Computer Science and Computational Biology. Cambridge, UK: Cambridge University Press, 1997
- M. Waterman. Introduction to Computational Biology: Maps, Sequences, and Genomes, Boca Raton, FL: CRC Press, 1995.
- R. Durbin, S. R. Eddy, A. Krogh, G. Mitchison. Biological Sequence Analysis: Probabilistic Models of Proteins and Nucleic Acids, Cambridge University Press, 1998.