

Campus: São José dos Campos		
Curso (s): Bacharelado em Biotecnologia e Bacharelado em Ciência e Tecnologia		
Unidade Curricular (UC): Bioinformática Avançada		
Unidade Curricular (UC): <i>Advanced Bioinformatics</i>		
Código da UC: 5856		
Docente Responsável/Departamento: Reginaldo Massanobu Kuroshu / Departamento de Ciência e Tecnologia		Contato (e-mail): rmkuroshu@unifesp.br
Docente (s) Colaborador/a (es/as)/Departamento (s):		Contato (e-mail): [opcional]
Ano letivo: 2024	Termo: 7o	Turno: 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 checked="" type="checkbox"/> Fixa <input 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: 5372 Introdução à Bioinformática		
Carga horária total (em horas): 72 h		
Carga horária teórica (em horas): 72 h	Carga horária prática (em horas): 0 h	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

$$P = 0,5xP1 + 0,5xP2$$

Exercícios (E) Projeto (T)

$$\text{Nota final: NF} = 0,5xP + 0,25xE + 0,25xT$$

Bibliografia:

Básica:

1. KINSER, J.M. Python for Bioinformatics. Jones & Bartlett, 2008.
2. MOUNT, D.W. Bioinformatics. 2nd Ed. CSHL Press, 2004.
3. 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. N. C. Jones and P. A. Pevzner. An Introduction to Bioinformatics Algorithms, The MIT Press; 1 edition, 2004.
3. D. Gusfield. Algorithms on Strings, Trees and Sequences: Computer Science and Computational Biology. Cambridge, UK: Cambridge University Press, 1997
4. M. Waterman. Introduction to Computational Biology: Maps, Sequences, and Genomes, Boca Raton, FL: CRC Press, 1995.
5. 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]*