

Campus: São José dos Campos		
Curso (s): Engenharia Biomédica		
Unidade Curricular (UC): Algoritmos em Bioinformática		
Unidade Curricular (UC): <i>Algorithms in Bioinformatics</i>		
Unidade Curricular (UC): [nome da UC em espanhol - opcional]		
Código da UC: 5414		
Docentes Responsáveis/Departamento: Claudio Shida/Thiago Martini		Contato (e-mail): [opcional]
Docente (s) Colaborador/a (es/as)/Departamento (s):		Contato (e-mail): [opcional]
Ano letivo: 2024	Termo: 3º	Turno: Integral
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: Lógica de Programação (9394)		
Carga horária total (em horas): 72		
Carga horária teórica (em horas): 36	Carga horária prática (em horas): 36	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 bioinformática e genômica; Introdução ao ambiente de Programação Python. Exemplos de algoritmos com aplicação em bioinformática. Uso de banco de dados em bioinformática.		
Conteúdo programático: <ul style="list-style-type: none"> <li>• Introdução à bioinformática e ao uso de algoritmos na resolução de problemas em bioinformática;</li> <li>• Introdução ao ambiente de Programação Python; Variáveis e constantes; Operadores relacionais e lógicos; Expressões aritméticas e lógicas; Vetores e Matrizes; Estruturas condicionais (if, switch); Estruturas de repetição (for, while); Operações matriciais e programação vetorizada (bibliotecas numpy e matplotlib) . Uso de funções e rotinas.</li> <li>• Exemplos de algoritmos com aplicação em bioinformática: algoritmos de alinhamento de sequências (nucleotídeos); algoritmos gulosos; algoritmos de programação dinâmica; algoritmos de divisão-e-conquista.</li> <li>• Uso de bancos de dados em Bioinformática</li> </ul>		
Objetivos: Generais: Apresentar técnicas computacionais envolvidas em diversas aplicações de bioinformática. Específicos: Apresentar o aluno ao ambiente de programação Python e preparar o aluno para a solução de problemas em bioinformática com implementação e aplicação de alguns dos principais algoritmos utilizados na área.		

Metodologia de ensino: Aulas expositivas e atividades práticas no laboratório de informática.

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**

1. GILAT, Amos. MATLAB: an introduction with applications. 3 ed. New York: John Wiley & Sons, c2008.
2. N. C. Jones and P. A. Pevzner. An Introduction to Bioinformatics Algorithms, The MIT Press; 1 edition, 2004.
3. A. Lesk. Introdução à Bioinformática, Edição 2, Artmed, 2008.

**Complementar:**

1. EWENS, Warren; GRANT, Gregory. Statistical methods in bioinformatics: an introduction. 2 ed. New York: Springer, c2005. 597
2. R. Durbin, S. R. Eddy, A. Krogh, G. Mitchison: Biological Sequence Analysis: Probabilistic Models of Proteins and Nucleic Acids, Cambridge University Press, 1998.
3. P. A. Pevzner. Computational Molecular Biology: An Algorithmic Approach, MIT Press, 2000.
4. D. Gusfield. Algorithms on Strings, Trees and Sequences: Computer Science and Computational Biology. Cambridge, UK: Cambridge University Press, 1997.
5. D.W. Mount. Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis (2nd edition), Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, New York, 2004.

Cronograma: *[opcional]*