DISCIPLINA: "**Tópicos Especiais em Computação: Introdução à Bioinformática**"

CÓDIGO: CMP50X

PROF. RESP.: Ana L. C. Bazzan e Leila Ribeiro

SEMESTRE LETIVO: 1º semestre de 2005

CARGA HORÁRIA TOTAL: 60 horas-aula

CRÉDITOS: 04

PRÉ--REQUISITOS: não há

CURSOS A QUE SE DESTINA: aos alunos de Pós-Graduação em Ciência da Computação

HORÁRIOS: Turma U, sextas feiras das 8:30--12:30 (provisório)

OBJETIVOS

O objetivo desta disciplina é proporcionar aos alunos uma introdução à Bioinformática e à Biologia Computacional, com ênfase nos problemas computacionais existentes na análise de seqüências de DNA, nos algoritmos comumente usados para solucioná-los, bem como introduzir a utilização de técnicas de Inteligência Artificial e Estatística em Bioinformática.

SÚMULA

Visão geral de biologia molecular. Comparação de seqüências de DNA (métodos exatos e heurísticos). Montagem de Fragmentos de DNA. Mapeamento de DNA. Técnicas de Estatística. Aprendizado de Máquina e sua utilização em bioinformática e biologia computacional. Ferramentas computacionais para anotação de genoma e de proteínas. Técnicas baseadas em agentes e sua utilização em bioinformática.

PROCEDIMENTOS DIDÁTICOS:

Aulas expositivas sobre os principais tópicos acima. Alguns tópicos serão cobertos por seminários de alunos, palestrantes convidados ou aulas práticas cujo objetivo é a utilização de software específico.

SISTEMA DE VERIFICAÇÃO DO APROVEITAMENTO

Os alunos serão avaliados pelo desempenho em seminários a serem apresentados ao longo da disciplina, além de um trabalho prático.

PROGRAMA*

ENCONTRO	TÓPICO
1	Aula Introdutória. Conceitos básicos de Biologia Molecular.
2	Introdução Biologia Molecular Comparação de Sequências: Introdução/motivação; algoritmo básico; comparação local; comparação semi-global
3	
4	Extensões aos algoritmos básicos
5	Comparando seqüências múltiplas: método básico; heurísticas
6	Procura em Bases de Dados de Genomas: blast, fast Montagem de Fragmentos de DNA: Introdução, técnicas; modelos: maior superstring comum, reconstrução, multicontagem
7	
8	Algoritmos e Heurísticas Mapeamento de DNA: Introdução; Modelos
9	
10,11	Algoritmos; heurísticas Árvores Filogenéticas: Introdução, definição do problema; Estados com caracteres binários
12	
13	Dois caracteres; Parsimônia e compatibilidades em filogenias Métodos Estatísticos
14,15	Modelos probabilísticos para evolução de seqüências de DNA

	Inteligência Artificial
16	Aprendizado de máquina
17	Classificadores, métodos de indução de regras
18	Usando o C4.5 e o weka
19	ILP
20	Redes neurais e aplicações em bionformática
21	Algoritmos genéticos (mais) inspirados em biologia molecular
22-23	Outros tópicos de IA
	Outros Tópicos
24	Bioinformática aplicada / Anotação de seqüências
25	Redes metabólicas
26	DNA computing
27-30	Apresentações alunos

* programa pode sofrer alterações

BIBLIOGRAFIA

- Adleman. Molecular computation of solutions to combinatorial problems, *Science* 266, 1021--1024, 1994.
- Baldi, Pierre. Brunak, Soren. *Bioinformatics : the machine learning approach*. Cambridge: A Bradford Book, c1998. 351 p. : il. (Adaptive Computation and Machine Learning)
- Baxevanis, B. F. Francis Ouellette. *Bioinformatics a practical guide to the analysis of genes and proteins* / [edited by] Andreas D. Baxevanis, B. F. Francis Ouellette. New York : Wiley--Interscience, c2001. xviii, 470 p., [16] p. de lâms.
- Bishop, M.J., Rawlings, C.J. *DNA and Protein Sequence Analysis: A Practical Approach*. Oxford University Press, Oxford, 1997.
- Bryson et al. *Applying Agents to Bioinformatics in GeneWeaver*. In: *Cooperative Agents IV* (Klusch, M. and L. Kerschberg, eds.), Springer, 2000.
- M. K. Campbell. *Bioquímica*. Artmed, 2000.
- Rick Durret. *Probability models for DNA sequence evolution*, série *Probability and Its applications*, Springer-Verlag, New York, 2002.
- D. E. Goldberg. *Genetic Algorithms in Search, Optimization & Machine Learning*, Addison Wesley, 1998.
- Levin, W. *Genes VII*. Artmed 2000.
- C. Martín--Vide and V. Mitrana (eds.), *Where Mathematics, Computer Science, Linguistics and Biology Meet*, Kluwer Academic Publishers, 2000.
- Meidanis, Joao. Setubal, Joao Carlos. *Uma introducao a biologia computacional*. Recife: UFPE/di, 1994. 131 p. : il.
- Mashuda, Cristiane Regina Yamaguti. *Computação usando DNA e suas aplicações na solução de problemas NP-- Completos e criptografia : trabalho individual*. 2001. 49 f. : il. (TI ; 1027)
- Nei, M. & Kumar, S. *Molecular Evolution and Phylogenetics*. Oxford University Press, 2000.
- G. Paun, G. Rozenberg and A. Salomaa(eds.) *DNA Computing: new ideas and paradigms*, Springer, 1998.
- Salzberg, Steven L.. Searls, David B.. Kasif, Simon. *Computational Methods in Molecular Biology*. Amsterdam: Elsevier, c1998. 371 p. : il. (New Comprehensive Biochemistry ; v. 32)

Setubal, Joao Carlos. Meidanis, Joao. Introduction to computational molecular biology. Boston: Pws, c1997. 296 p. : il.

D. Voet, J.G. Voet, C.W. Pratt. Fundamentos de Bioquímica. Artmed, 2000.

Wilkins, M.R. Proteome research : new frontiers in functional genomics. Berlin: Springer, c1997. 243 p. : il.

(Principles and practice)DNA computing : 6th International Workshop on DNA--Based Computers, DNA 2000, Leiden, The Netherlands, June 13--17, 2000 : revised papers /. Berlin: Springer, c2001. x, 270 p. : il. (Lecture notes in computer science ; 2054)

International Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology (3. : 1995, july 16--19 : Cambridge, Gb).

Rawlings, Christopher.Proceedings. Menlo Park: Aaai Press, c1995. 415 p. : il.

série de anais: International Workshop on Algorithms in Bioinformatics

Artigos da revista Bioinformatics.