



Universidade do Estado do Rio de Janeiro
 Sub-Reitoria de Pós-Graduação e Pesquisa – SR2
 Departamento de Fomento ao Ensino para Graduados – DEPG
 - FOST -

Serviço Público Estadual

Processo Nº E-26/007/ 2863/2019
 Data: 26/03/2019 Fls. 84
 Rubrica: RR, 4460510-2
 ID



EMENTA DE DISCIPLINA / ATIVIDADE OBRIGATÓRIA

UNIDADE ACADÊMICA IME	DEPARTAMENTO DICC		
NOME DA DISCIPLINA ALGORITMOS PARA ALINHAMENTO DE CADEIAS	<input type="checkbox"/> OBRIGATÓRIA <input checked="" type="checkbox"/> ELETIVA		
ÁREA DE CONCENTRAÇÃO/LINHA DE PESQUISA GESTÃO E TECNOLOGIA DA INFORMAÇÃO EM SAÚDE/ BIOINFORMÁTICA	DISTRIBUIÇÃO DE CARGA HORÁRIA E CRÉDITO		
	TIPO DE AULA	C. HORÁRIA	Nº CRÉDITOS
	TEÓRICA	60	4
	PRÁTICA	0	0
	TOTAL	60	4
<input type="checkbox"/> Disciplina do curso de Mestrado Acadêmico <input checked="" type="checkbox"/> Disciplina do curso de Mestrado Profissional <input type="checkbox"/> Disciplina do curso de Doutorado			

EMENTA

Objetivo: Apresentar aos alunos os principais algoritmos de alinhamento par a par e múltiplo. Apresentar as vantagens e desvantagens dos algoritmos exatos e heurísticos. Capacitar o aluno a entender os principais algoritmos e, a partir disso, estar apto a escolher adequadamente o algoritmo de alinhamento a ser utilizado e também customizar ou otimizar seu próprio algoritmo.

Justificativa: Uma das principais ferramentas da bioinformática é sem dúvida o alinhamento de cadeias. Através dela é possível descobrir se uma cadeia descende ou não de outra cadeia, similaridades de estrutura e função entre outros fatores. Assim, o estudo e, conseqüentemente, aprimoramento das técnicas de alinhamento podem alavancar ainda mais as pesquisas.

Conteúdo: 1 – Definição de alinhamento. 2 – Classificação de alinhamento. 3 – Alinhamento par a par: exatos e heurísticos. 4 – Alinhamento múltiplo.

BIBLIOGRAFIA BÁSICA

D.W. Mount, "Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis". Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2004.

Hugo Verli, "Bioinformática: da Biologia à Flexibilidade Molecular". 2014