

Carga horária:

60h

Professor

Prof. Dr. Luís Felipe Ignácio Cunha

Ementa

A classe P e a classe NP. Reduções de tempo polinomial. NP-completude e NP-dificuldade. Revisão sobre técnicas para contornar a intratabilidade de problemas difíceis. Problemas e algoritmos em Grafos. Problemas e algoritmos em strings e análise de sequências. Estruturas de Indexação para strings. Combinatória para Rearranjo de Genomas e aplicações em Bioinformática.

Apresentação

O curso tem como eixo central o estudo de problemas de decisão e otimização, suas formulações matemáticas, algoritmos conhecidos, resultados de tratabilidade e provas de dificuldade computacional.

Inicialmente, serão apresentados fundamentos de complexidade computacional com ênfase em problemas clássicos de grafos e combinatória. Em seguida, será introduzido algoritmos em strings, tais como casamento exato de padrões, distância de edição, alinhamento de sequências e estruturas de indexação. Por fim, serão discutidos problemas combinatórios em bioinformática, incluindo alinhamento múltiplo, problemas de consenso, problemas de mediana e rearranjos de genomas.

A disciplina também prevê leitura orientada de artigos científicos, apresentação de seminários pelos alunos e desenvolvimento de um trabalho final relacionado a algoritmos, complexidade ou modelagem combinatória em grafos, strings ou bioinformática.

Objetivos

- Apresentar fundamentos de complexidade computacional.
- Estudar problemas clássicos em grafos e combinatória, relacionando suas formulações a modelos de decisão e otimização.
- Desenvolver a capacidade de reconhecer padrões de reduções de problemas.
- Introduzir algoritmos fundamentais e clássicos em strings.
- Apresentar problemas combinatórios relevantes em bioinformática, especialmente aqueles relacionados a comparação de sequências, consenso, mediana e rearranjos de genomas.
- Discutir técnicas algorítmicas para lidar com problemas difíceis, incluindo algoritmos exatos, programação dinâmica, aproximação, parametrização, heurísticas e formulações matemáticas.
- Capacitar os alunos para leitura crítica de artigos científicos e apresentação oral de resultados teóricos e aplicados.
- Estimular a formulação de questões de pesquisa em algoritmos, complexidade, grafos, strings e bioinformática combinatória.

Conteúdo programático

1. Fundamentos de complexidade computacional
2. Problemas clássicos em grafos e combinatória
3. Algoritmos em strings e análise de sequências
4. Estruturas de indexação para strings
5. Problemas combinatórios em bioinformática
6. Seminários e trabalho final

Referências

- [1] GAREY, M. R.; JOHNSON, D. S. *Computers and Intractability: A Guide to the Theory of NP-Completeness*. W. H. Freeman, 1979.
- [2] WEST, D. B. *Introduction to Graph Theory*. 2nd ed. Prentice Hall, 2001.
- [3] DASGUPTA, S.; PAPADIMITRIOU, C. H.; VAZIRANI, U. V. *Algorithms*. McGraw-Hill, 2008.
- [4] FERTIN, G.; LABARRE, A.; RUSU, I.; TANNIER, E.; VIALETTE, S. *Combinatorics of Genome Rearrangements*. MIT Press, 2009.
- [5] STOYE, J. et al. *Sequence Analysis*. Lecture Notes, Faculty of Technology, Bielefeld University, 2024/2025.
- [6] GUSFIELD, D. *Algorithms on Strings, Trees, and Sequences: Computer Science and Computational Biology*. Cambridge University Press, 1997.
- [7] CROCHEMORE, M.; HANCART, C.; LECROQ, T. *Algorithms on Strings*. Cambridge University Press, 2007.
- [8] PEVZNER, P. A. *Computational Molecular Biology: An Algorithmic Approach*. MIT Press, 2000.
- [9] SETUBAL, J. C.; MEIDANIS, J. *Introduction to Computational Molecular Biology*. PWS Publishing Company, 1997.
- [10] CYGAN, M.; FOMIN, F. V.; KOWALIK, L.; LOKSHTANOV, D.; MARX, D.; PILIPCZUK, M.; PILIPCZUK, M.; SAURABH, S. *Parameterized Algorithms*. Springer, 2015.