



INSTITUTO DE HIGIENE E
MEDICINA TROPICAL
DESDE 1902



UNIVERSIDADE
NOVA
DE LISBOA

BIOINFORMÁTICA

Caraterização da UC:

Designação da UC:

Bioinformática

Sigla da área científica:

Apl

Duração:

Semestral

Horas de trabalho:

112

Horas de contacto:

40

ECTS:

4

Observações:

UC opcional livre

Docente responsável e respetiva carga letiva na UC:

Ana Abecasis – 42 horas

Outros docentes e respetivas cargas letivas na UC:

N/A

Objetivos de aprendizagem (conhecimentos, aptidões e competências a desenvolver pelos estudantes):

Conhecimentos

- Conhecimentos teóricos sobre os conceitos básicos de evolução e epidemiologia molecular.
- Armazenamento de informação: bases de dados.
- Alinhamentos de sequências.
- Exploração e utilização de sistemas públicos de procura de sequências similares: BLAST.
- Árvores filogenéticas.

Aptidões

- Conhecer os conceitos de evolução fundamentais para serem utilizados em Saúde Pública.
- Conhecer os sistemas públicos de procura de dados mais importantes.



BIOINFORMÁTICA

Objetivos de aprendizagem (conhecimentos, aptidões e competências a desenvolver pelos estudantes): (continuação)

- Saber fazer alinhamento de sequências genómicas e árvores filogenéticas.
- Saber analisar a informação obtida no contexto da Saúde Pública.

Competências

- Saber que recursos utilizar – bibliográficos, metodológicos ou tecnológicos - para resolver um problema científico utilizando recursos bioinformáticos.

Conteúdos programáticos:

- I. Conhecimentos teóricos sobre os conceitos básicos de evolução e epidemiologia molecular.
 - O código genético
 - Mutações: transições e transversões
 - Evolução e fixação de mutações
 - Pressão selectiva
 - Modelos de evolução estocásticos ou determinísticos
 - Taxa de evolução
 - Relógio molecular
- II. Armazenamento de informação: bases de dados.
 - Bases de dados primárias e secundárias
 - Procura de literatura e organização da informação
 - Bases de dados de sequências nucleotídicas
 - Bases de dados de sequências de aminoácidos
- III. Alinhamentos de sequência
 - Homologia vs Similaridade
 - Definição de alinhamento
 - Tipos de alinhamentos
 - Alinhamentos por pares: BLAST
 - Alinhamentos múltiplos
 - Alinhamentos globais vs locais
 - Alinhamentos de nucleótidos vs Alinhamentos de aminoácidos
 - Exercícios práticos
- IV. Árvores filogenéticas
 - Definição de árvores filogenéticas
 - Árvores com e sem raíz
 - Monofilia vs Parafilia
 - Métodos para estimar árvores filogenéticas
 - Avaliação da robustez topológica
 - Exercícios práticos



INSTITUTO DE HIGIENE E
MEDICINA TROPICAL
DESDE 1902



UNIVERSIDADE
NOVA
DE LISBOA

BIOINFORMÁTICA

Metodologias de ensino (avaliação incluída):

A unidade curricular será constituída por aulas teóricas, aulas práticas, discussão de artigos e apoio ao desenvolvimento do projeto final. Os alunos serão frequentemente incentivados a realizar pesquisa bibliográfica, sobretudo para as aulas de discussão de artigos e para o projeto final. A avaliação final terá uma componente tutorial, baseado na performance dos alunos nas aulas práticas (25%) e num exame teórico-prático (25%) e uma componente do projeto final (50%).

O projeto final consistirá num estudo científico. Neste, os alunos deverão desenvolver uma metodologia científica para responder a um problema científico em que seja necessário utilizar métodos de bioinformática para a sua resolução. Este problema deverá ser idealmente ter sido escolhido pelos próprios alunos. O docente guiará os alunos em aulas de apoio ao longo de todo o desenvolvimento do projeto.

Bibliografia de consulta / existência obrigatória:

- Arthur M. Lesk. Introduction to Bioinformatics. 3rd Ed. 2008. Oxford University Press.
- Philippe Lemey, Marco Salemi and Anne-Mieke Vandamme. The Phylogenetic Handbook – A Practical Approach to Phylogenetic Analysis and Hypothesis Testing. 2009. Cambridge University Press.