



BIOLOGIA COMPUTACIONAL E BIOINFORMÁTICA

Caraterização da UC:

Designação da UC:

Biologia Computacional e Bioinformática

Sigla da área científica:

CB - BCM

Duração:

Semestral

Horas de trabalho:

112

Horas de contacto:

38

ECTS:

4

Observações:

N/A

Docente responsável e respetiva carga letiva na UC:

Pedro Cravo – 25 horas

Outros docentes e respetivas cargas letivas na UC:

Ana Abecasis – 14 horas

Patrícia Abrantes – 2 horas

João Pinto – 5 horas

Isabel Maurício – 4 horas

Ricardo Parreira – 9 horas

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

São objetivos desta UC, fornecer aos alunos conhecimentos, capacidades e competências para utilizar ferramentas bioinformáticas e aplicações computacionais:

1. No estudo de sequências de DNA, de genes de interesse e de genomas
2. Na análise das propriedades, estrutura e função de proteínas
3. Na inferência das relações filogenéticas e evolutivas entre moléculas ou organismos



BIOLOGIA COMPUTACIONAL E BIOINFORMÁTICA

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

4. No estudo da variação e estrutura genética de populações humanas e de agentes infecciosos.

Conteúdos programáticos:

Esta UC estará organizada em 4 blocos temáticos:

1. Análise de sequências e genomas
 - a. Conceitos de genoma e análise genómica
 - b. Bases de dados de genomas
 - c. Sequenciação e alinhamento de sequências
 - d. Mapeamento genético
 - e. Detecção *in silico* de mutações e métodos de genotipagem
2. Análise de proteínas
 - a. Conceitos de tradução e de estrutura proteica
 - b. Bases de dados de proteínas
 - c. Previsão de estrutura proteica
 - d. Análise de função proteica
 - e. Proteómica, transcriptómica e metabolómica: conceitos e aplicações
3. Análise filogenética
 - a. Conceitos de evolução molecular
 - b. Métodos de reconstrução filogenética
 - c. Testes de modelos de evolução
 - d. Testes de pressão selectiva
 - e. Análise de relógios moleculares
 - f. Filogeografia
4. Soluções informáticas para genética populacional
 - a. Conceitos de genética populacional
 - b. Marcadores moleculares para estudos populacionais
 - c. Bases de dados genotípicos
 - d. Aplicações informáticas para análises de genética populacional

O terceiro bloco visa introduzir conceitos de evolução molecular e ferramentas bioinformáticas para estudos filogenéticos. Serão introduzidos conceitos e aplicações de análises filogeográficas.

Metodologias de ensino (avaliação incluída):

Esta UC utilizará os seguintes elementos e métodos de ensino:

1. Aulas teóricas (método expositivo)
2. Aulas teórico-práticas (método expositivo/demonstrativo)
3. Aulas práticas (método demonstrativo/ativo)



INSTITUTO DE HIGIENE E
MEDICINA TROPICAL
DESDE 1902

BIOLOGIA COMPUTACIONAL E BIOINFORMÁTICA

Metodologias de ensino (avaliação incluída): (continuação)

A avaliação dos alunos será efetuada através da realização de um exame prático com um exercício para o qual os alunos deverão aplicar ferramentas bioinformáticas para a sua resolução. Os alunos serão classificados com uma nota de 0-20 valores.

A avaliação do curso será efetuada por intermédio do inquérito padrão do IHMT para avaliação da satisfação dos alunos.

Bibliografia de consulta / existência obrigatória:

- Claverie J-M, Notredame C. 2007. *Bioinformatics for dummies*, 2nd Ed. Wiley Publishing. 436p.
- Lemey P, Salemi M, Vandamme A-M. 2009. *The Phylogenetic Handbook: A Practical Approach to Phylogenetic Analysis and Hypothesis Testing*, 2nd Ed. Cambridge University Press. 750p.
- Hartl DL, Clark AG. 2007. *Principles of Population Genetics*, 4th Ed. Sinauer Associates. 545p.