



## BIOINFORMÁTICA

### *Caraterização da UC:*

#### *Designação da UC:*

Bioinformática

#### *Sigla da área científica:*

BM

#### *Duração:*

Semestral

#### *Horas de trabalho:*

78

#### *Horas de contacto:*

27

#### *ECTS:*

3

#### *Observações:*

UC obrigatória

### *Docente responsável e respetiva carga letiva na UC:*

Ricardo Parreira - 27 horas

### *Outros docentes e respetivas cargas letivas na UC:*

N/A

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

No final desta unidade curricular os alunos devem ser capazes de:

1. Demonstração de capacidade para reconhecer as potencialidades da bioinformática no domínio biomédico.
2. Aplicação dos conhecimentos teóricos adquiridos à resolução de problemas complexos, incluindo: construção de *contigs* de sequência nucleotídica e identificação de sequências codificantes, utilização de bases de dados de acesso público e pesquisa de sequências homólogas usando diversos algoritmos ou análise funcional de uma sequência proteica.
3. Aquisição de competências básicas no domínio da filogenia molecular e inferência filogenética, e aplicação das mesmas à construção e interpretação de árvores filogenéticas e à análise exploratória de sequências desconhecidas.
4. Demonstração da capacidade para uma apresentação crítica dos dados decorrentes de dois projetos de investigação propostos (avaliação).



## BIOINFORMÁTICA

### *Conteúdos programáticos:*

Introdução à bioinformática. Pesquisa das sequências em bases de dados genómicos de acesso público. Análise de cromatogramas e edição de sequências nucleotídicas. Construção de *contigs* a partir de *datasets* de sequências parcialmente sobreponíveis. Formatos e anotação de sequências nucleotídicas. Conceito de homologia, homologia posicional, e similaridade. Tipos de substituições nucleotídicas. Alinhamentos de sequências nucleotídicas ou de aminoácidos e suas aplicações: global vs local, de pares vs alinhamento múltiplo. Construção de alinhamentos múltiplos de sequências: algoritmos progressivos (ClustalW) e interativos (MAFFT). Árvores filogenéticas, modelos evolutivos e distâncias genéticas corrigidas. Reconstrução de filogenias: junção de vizinhos vs máxima verosimilhança. Robustez da topologia de uma árvore. Análise de mosaicos. Composição (G+C), estrutura de moléculas de RNA e proteínas, mapeamento físico de DNA, pesquisa de genes. Utilização de diversas ferramentas tendo em vista a identificação, caracterização, análise da possível função de proteínas.

### *Metodologias de ensino (avaliação incluída):*

A maioria das aulas tenha um cariz teórico-prático, e os conceitos teóricos serão lecionados recorrendo ao auxílio de metodologias expositivas (usando PowerPoint). A totalidade das sessões letivas incluirá a utilização, na prática, de computadores.

A avaliação de conhecimentos será essencialmente baseada na apresentação (em grupo) de um relatório sob o formato de um artigo científico, sendo expectável que os alunos sejam capazes de comunicar as suas conclusões de forma clara, crítica e cientificamente correcta. A maioria das aulas tutoriais permitirá orientar os alunos na preparação da sua avaliação. Esta (escrita) incluirá dois componentes: análise de uma sequência nucleotídica e a reconstrução de filogenias baseadas na análise de alinhamentos de sequências nucleotídicas previamente fornecidas. A participação/interesse demonstrados na aula serão igualmente avaliados. Para se poderem apresentar a avaliação, os estudantes terão de comparecer a pelo menos 2/3 das aulas (exigido registo de assinatura em folhas de presença).



INSTITUTO DE HIGIENE E  
**MEDICINA TROPICAL**  
DESDE 1902

## **BIOINFORMÁTICA**

### ***Bibliografia de consulta / existência obrigatória:***

- Claverie, J.-M., Notredame, C. (2007). Bioinformatics for Dummies. 2nd Edition. Wiley Publishing Group.
- Lesk, A. (2008). Introduction to Bioinformatics. 3rd Edition. Oxford Press.
- Lemey, P., Salemi, M. Vandamme, A.-M. (ed). (2009). The Phylogenetic Handbook. 2nd Edition. Cambridge University Press.
- Higgs, P.G. Attwood, T.K. (2005). Bioinformatics and Molecular Evolution. Blackwell Science, Ltd.
- Gibson, D.G., Glass, J.I, Lartigue, C, et al. (2010). Creation of a bacterial cell controlled by a chemically synthesized genome. Science, 329 (5987): 52-56.