

---

**Ano Letivo** 2019-20

---

**Unidade Curricular** BIOINFORMÁTICA

---

**Cursos** BIOTECNOLOGIA (1.º ciclo)  
BIOQUÍMICA (1.º ciclo)  
BIOLOGIA (1.º ciclo)  
RAMO: BIOLOGIA  
ENGENHARIA BIOLÓGICA (Mestrado Integrado)

---

**Unidade Orgânica** Faculdade de Ciências e Tecnologia

---

**Código da Unidade Curricular** 140064286

---

**Área Científica** CIÊNCIAS BIOLÓGICAS

---

**Sigla** CB

---

**Línguas de Aprendizagem** Portuguese-PT, English-EN

---

**Modalidade de ensino** Presencial

---

**Docente Responsável** João Carlos Serafim Varela

DOCENTE	TIPO DE AULA	TURMAS	TOTAL HORAS DE CONTACTO (*)
João Carlos Serafim Varela	T; TP	T1; TP1; TP2; TP3A; TP3B; TP3C	9T; 54TP
Paulo José Garcia de Lemos Trigueiros de Martel	T; TP	T1; TP1; TP2; TP3A; TP3B; TP3C	6T; 36TP

\* Para turmas lecionadas conjuntamente, apenas é contabilizada a carga horária de uma delas.

ANO	PERÍODO DE FUNCIONAMENTO*	HORAS DE CONTACTO	HORAS TOTAIS DE TRABALHO	ECTS
3º,4º	S1	15T; 30TP	168	6

\* A-Anual;S-Semestral;Q-Quadrimestral;T-Trimestral

#### Precedências

Sem precedências

#### Conhecimentos Prévios recomendados

Noções básicas de Genética e Biologia Molecular. Noções básicas de Estatística. Noção básicas de Bioquímica.

#### Objetivos de aprendizagem (conhecimentos, aptidões e competências)

Organização da informação bioinformática em formatos apropriados. Realização, interpretação e validação de resultados de pesquisa de semelhanças e homologias em bases de dados de sequências primárias (nucleotídicas e proteicas), estruturas, domínios estruturais e funcionais, de modo a prever e modelar a localização, estrutura e função de macromoléculas, a sua eventual interação com outras moléculas, a sua origem e relações evolutivas.

#### Conteúdos programáticos

Conceito e convenções da bioinformática, problemas que a bioinformática procura solucionar. Representação bioinformática de sequências biológicas. Alinhamentos locais e globais. Localização de ORFs em sequências nucleotídicas. Matrizes de substituição. Pesquisas de sequências biológicas em base de dados. Alinhamentos múltiplos de sequências de proteínas e seu uso para inferências estruturais e funcionais. Geração e pesquisas de perfis a partir de alinhamentos múltiplos. Bases de dados de perfis e motivos proteicos. Previsão da estrutura, função e localização intracelular de proteínas. Previsão de estrutura secundária e terciária de proteínas. Alinhamentos estruturais. Visualização de estruturas tridimensionais de proteínas. Análise de interações proteína-ligando e proteína-proteína. Rudimentos de estimação filogenética e evolução molecular.

#### Demonstração da coerência dos conteúdos programáticos com os objetivos de aprendizagem da unidade curricular

A UC de Bioinformática está de acordo com os objectivos do curso no que respeita a formulação de problemas (por ex., classificação taxonómica do organismo dador de uma sequência metagenómica) e sua resolução através de ferramentas adequadas (por ex., ferramentas de inferência filogenética), a qual inclui a análise de resultados e sua justificação com conceitos biológicos, estatísticos e computacionais. A bioinformática é uma UC essencial para a análise a nível molecular e bioquímico de sistemas biológicos, uma vez que permite identificar novas linhas de investigação in silico antes de uma implementação laboratorial.

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

Nas aulas teóricas são transmitidos fundamentos dos vários métodos e algoritmos da bioinformática, bem como do seu enquadramento e são descritos brevemente os vários recursos disponíveis para o seu uso. Nas aulas teórico-práticas os estudantes resolvem exercícios com aplicação dos conceitos, algoritmos e ferramentas descritos nas aulas teóricas. A resolução dos exercícios baseia-se na utilização de ferramentas "on-line", de acesso livre na internet. Nestas aulas é previsto algum tempo para discussão e clarificação de dúvidas dos alunos, funcionando estes períodos como horas tutoriais integradas na aula teórico-prática. A classificação final tem um componente teórica (70%) e uma componente de avaliação contínua (70%). A avaliação contínua realiza-se da seguinte forma: os alunos serão responsáveis pela anotação de 1 sequência por aluno. Alunos com nota inferior a 9.0 na avaliação contínua terão que realizar um exame escrito relativo à componente teórico-prática.

---

### **Demonstração da coerência das metodologias de ensino com os objetivos de aprendizagem da unidade curricular**

Uma das componentes mais importantes de Bioinformática é a anotação de uma sequência metagenómica na plataforma internacional Annotathon. Nesta plataforma os alunos têm de aplicar os conhecimentos adquiridos perante um cenário real de uma sequência desconhecida que precisa ser anotada. Este processo abrange, basicamente, a maioria dos aspectos essenciais da UC, como a determinação da localização das ORFs mais susceptíveis de codificar um produto génico, análise estrutural, estatística e filogenética de função bioquímica / metabólica de uma dada proteína / RNA e taxonomia do organismo dador da sequência de DNA metagenómico em análise.

---

### **Bibliografia principal**

Mount, D.W. (2004). Bioinformatics: sequence and genome analysis. 2nd Ed. Cold Spring Harbor Laboratory Press, NY, USA.

Claverie, J.-M. & Notredame, C. (2007). Bioinformatics for dummies. Wiley Publishing, NY, USA.

---

**Academic Year** 2019-20

---

**Course unit** BIOINFORMATICS

---

**Courses** BIOTECHNOLOGY (1st Cycle)  
BIOCHEMISTRY (1st Cycle)  
BIOLOGY (1st Cycle)  
BRANCH BIOLOGY  
BIOLOGICAL ENGINEERING (Integrated Masters)

---

**Faculty / School** FACULTY OF SCIENCES AND TECHNOLOGY

---

**Main Scientific Area** CY BI

---

**Acronym** BC GB

---

**Language of instruction** Portuguese-PT, English-EN

---

**Teaching/Learning modality** Presential

---

**Coordinating teacher** João Carlos Serafim Varela

Teaching staff	Type	Classes	Hours (*)
João Carlos Serafim Varela	T; TP	T1; TP1; TP2; TP3A; TP3B; TP3C	9T; 54TP
Paulo José Garcia de Lemos Trigueiros de Martel	T; TP	T1; TP1; TP2; TP3A; TP3B; TP3C	6T; 36TP

\* For classes taught jointly, it is only accounted the workload of one.

#### Contact hours

T	TP	PL	TC	S	E	OT	O	Total
15	30	0	0	0	0	0	0	168

T - Theoretical; TP - Theoretical and practical ; PL - Practical and laboratorial; TC - Field Work; S - Seminar; E - Training; OT - Tutorial; O - Other

#### Pre-requisites

no pre-requisites

#### Prior knowledge and skills

Basic knowledge of Biochemistry, Molecular Genetics and Statistics.

#### The students intended learning outcomes (knowledge, skills and competences)

Organization of information in formats appropriate to bioinformatics. Interpretation and validation of search results concerning similarities and homology in databases of primary sequences (nucleotide and protein), structures, structural and functional domains in order to model and predict the location, structure and function of macromolecules, their possible interaction with other molecules, their origin and evolutionary relationships.

#### Syllabus

Concepts and conventions of bioinformatics, problems that bioinformatics tackles. Representation of biological sequences in bioinformatics. Local and global alignments. Location of ORFs in nucleotide sequences. Substitution matrices. Search for biological sequences in databases. Multiple alignments of protein sequences and their use for functional and structural inference. Generation and search for profiles in multiple alignments. Databases of profiles and protein motifs. Prediction of structure, function and intracellular location of proteins. Prediction of secondary and tertiary structure of proteins. Structural alignments. Viewing of three-dimensional structures of proteins. Analysis of protein-ligand and protein-protein interactions. Rudiments of molecular evolution and phylogenetic estimation. /

#### Demonstration of the syllabus coherence with the curricular unit's learning objectives

Bioinformatics is in agreement with the course objectives with respect to formulation of problems (e.g., taxonomic classification of donors of metagenomic nucleotide sequences) and its resolution via suitable tools (e.g. phylogenetic inference tools), which includes the analysis of results and their justification with biological, statistical and computational concepts. Bioinformatics is essential to analyse biological systems at the molecular and biochemical level, since it allows the identification of novel research lines in silico before their implementation in a (wet) lab.

### **Teaching methodologies (including evaluation)**

Foundations of several methods and algorithms in bioinformatics and their context, are given in lectures. Several resources / tools available for use by the students are described briefly. In computer labs, the students will solve exercises by applying the concepts, algorithms and tools described in the lectures. The resolution of the exercises is based on the use of free access online tools. In these classes time for discussion of results and clarification of doubts of students is also provided. The final grade is calculated as follows: theoretical exam (70%), continuous evaluation (30%). Continuous evaluation is carried out as follows: each student will be responsible for the annotation of one metagenomic sequence in the international platform Annotathon. Students with a grade lower than 9.0 (out of 20.0) will have to undertake a practical exam covering the course work subjects.

---

### **Demonstration of the coherence between the teaching methodologies and the learning outcomes**

One of the most important components of Bioinformatics is the annotation of a metagenomic sequence in the international platform called Annotathon. In this platform the students have to apply their know-how in a real case scenario of an unknown sequence that needs to be annotated, which basically covers most aspects of the subject, such as determining the location of the ORFs that are likely to code for a gene product as well as structural, statistical and phylogenetic analysis of function of the gene product and likeliest taxonomy of the nucleotide sequence donor.

---

### **Main Bibliography**

Mount, D.W. (2004). Bioinformatics: sequence and genome analysis. 2nd Ed. Cold Spring Harbor Laboratory Press, NY, USA.

Claverie, J.-M. & Notredame, C. (2007). Bioinformatics for dummies. Wiley Publishing, NY, USA.