
Ano Letivo 2022-23

Unidade Curricular BIOINFORMÁTICA

Cursos BIOTECNOLOGIA (1.º ciclo)

BIOLOGIA (1.º ciclo)
RAMO: BIOLOGIA
BIOQUÍMICA (1.º ciclo)

Unidade Orgânica Faculdade de Ciências e Tecnologia

Código da Unidade Curricular 140064286

Área Científica CIÊNCIAS BIOLÓGICAS

Sigla CB

Código CNAEF (3 dígitos) 421

**Contributo para os Objetivos de
Desenvolvimento Sustentável - 4
ODS (Indicar até 3 objetivos)** 9

Línguas de Aprendizagem

Portuguese-PT, English-EN

Modalidade de ensino

Presencial

Docente Responsável

Paulo José Garcia de Lemos Trigueiros de Martel

DOCENTE	TIPO DE AULA	TURMAS	TOTAL HORAS DE CONTACTO (*)
Paulo José Garcia de Lemos Trigueiros de Martel	T; TP	T1; TP1; TP2; TP3A; TP3B	6T; 36TP
João Carlos Serafim Varela	T; TP	T1; TP1; TP2; TP3A; TP3B	8T; 48TP

* 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	S1	14T; 28TP	156	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.

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 (30%). 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.

Bibliografia principal

1. Lesk, A. (2019) Introduction to Bioinformatics. 5th Ed. Oxford University Press, UK
2. Mount, D.W. (2004). Bioinformatics: sequence and genome analysis. 2nd Ed. Cold Spring Harbor Laboratory Press, NY, USA.
3. Claverie, J.-M. & Notredame, C. (2007). Bioinformatics for dummies. Wiley Publishing, NY, USA.

Academic Year 2022-23

Course unit BIOINFORMATICS

Courses BIOTECHNOLOGY (1st Cycle)
BIOLOGY (1st Cycle)
BIOCHEMISTRY (1st Cycle)

Faculty / School FACULTY OF SCIENCES AND TECHNOLOGY

Main Scientific Area

Acronym BC GB

CNAEF code (3 digits) 421

**Contribution to Sustainable
Development Goals - SGD
(Designate up to 3 objectives)** 4
9

Language of instruction

Portuguese-PT, English-EN

Teaching/Learning modality

Presential

Coordinating teacher

Paulo José Garcia de Lemos Trigueiros de Martel

Teaching staff	Type	Classes	Hours (*)
Paulo José Garcia de Lemos Trigueiros de Martel	T; TP	T1; TP1; TP2; TP3A; TP3B	6T; 36TP
João Carlos Serafim Varela	T; TP	T1; TP1; TP2; TP3A; TP3B	8T; 48TP

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

Contact hours

T	TP	PL	TC	S	E	OT	O	Total
14	28	0	0	0	0	0	0	156

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. /

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.

Main Bibliography

1. Lesk, A. (2019) Introduction to Bioinformatics. 5th Ed. Oxford University Press, UK
2. Mount, D.W. (2004). Bioinformatics: sequence and genome analysis. 2nd Ed. Cold Spring Harbor Laboratory Press, NY, USA.
3. Claverie, J.-M. & Notredame, C. (2007). Bioinformatics for dummies. Wiley Publishing, NY, USA.