

English version at the end of this document

Ano Letivo 2019-20

Unidade Curricular BIOLOGIA COMPUTACIONAL

Cursos CIÊNCIAS BIOMÉDICAS - MECANISMOS DE DOENÇAS (2.º ciclo)
Tronco comum

Unidade Orgânica Reitoria - Centro de Novos Projectos

Código da Unidade Curricular 14341035

Área Científica CIÊNCIAS BIOMÉDICAS

Sigla

Línguas de Aprendizagem Português.

Modalidade de ensino Diurno, presencial.

Docente Responsável Clévio David Rodrigues Nóbrega

DOCENTE	TIPO DE AULA	TURMAS	TOTAL HORAS DE CONTACTO (*)
Clévio David Rodrigues Nóbrega	TP	TP1	1TP
Paulo José Garcia de Lemos Trigueiros de Martel	TP	TP1	15TP
Matthias Erwin Futschik	TP	TP1	12TP
Ana Maria Duarte Inácio Marreiros	TP	TP1	4TP
Guilhermina Isabel dos Santos Duarte	TP	TP1	13TP

* 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
1º	S2	45TP	168	6

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

Precedências

Sem precedências

Conhecimentos Prévios recomendados

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

Objetivos de aprendizagem (conhecimentos, aptidões e competências)

Pretende-se que:

- O aluno adquira conhecimentos básicos no fundamento e aplicação de técnicas e ferramentas computacionais de bioinformática à genética, biologia molecular e biologia estrutural, através da análise da sequência e estrutura do DNA, RNA e proteínas.
- O aluno adquira conhecimentos sobre: análise biológica estrutural; análise estatística aplicada a estudos médicos/genéticos; estudos genómicos funcionais; e análise de sistemas e redes biológicos.
- O aluno adquira conhecimentos da utilização avançada de bases de dados para análise e previsão de fenómenos biológicos.
- O aluno se familiarize com técnicas de programação utilizando a linguagem funcional e de análise R, com aplicações concretas no domínio da bioinformática.

Conteúdos programáticos

1. Introdução à bioinformática
 1. Conceitos básicos em bioinformática
 2. Alinhamento de sequências
 3. Análise comparativa de sequências (BLAST)
2. Introdução à bioestatística utilizando R
 1. Introdução à programação R
 2. Estatística descritiva
 3. Testes de hipóteses
 4. Confiança estatística
 5. Correlações entre variáveis
3. Transcriptómica (em R)
 1. Tecnologias atuais e aplicações
 2. Microarrays e sequenciação de RNA
 3. Análise de expressão génica diferencial
 4. Análise de enriquecimento funcional
 5. Visualização dos resultados da análise
4. Bioinformática estrutural
 1. Bancos de dados de estruturas
 2. Técnicas de determinação estrutural
 3. Previsão da estrutura secundária e terciária das proteínas
 4. Modelação por homologia
 5. Técnicas de modelação molecular
 6. Interacções proteína-ligando
5. Biologia de Sistemas
 1. Redes moleculares
 2. Bases de dados de interacções moleculares
 3. Construção de redes in silico
 4. Motivos característicos nas redes moleculares
 5. Detecção de módulos
 6. Integração de dados
 7. Biologia quantitativa

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

Este curso pretende constituir uma introdução a vários aspectos da Biologia Computacional, ao uso de diversas ferramentas de software e iniciar os alunos na prática de programação. Os tópicos escolhidos (análise de sequências, genómica funcional, bioinformática estrutural e biologia de sistemas) proporcionam uma visão ampla do campo da Biologia Computacional. Desta forma os conteúdos programáticos possibilitam a realização dos objectivos propostos para a unidade curricular.

Metodologias de ensino (avaliação incluída)

A metodologia de ensino utilizada valoriza a demonstração interactiva e a aprendizagem através de exemplos, de forma a que os alunos adquiram conhecimentos nesta área de forma mais ativa. As aulas são teórico-práticas combinando exposição de aspetos teóricos, com a resolução exercícios que combinam programação e utilização de ferramentas para a análise de dados provenientes de problemas científicos reais, ganhando assim experiência na aplicação dos conceitos em situações práticas.

A avaliação dos alunos será efetuada por exame no final de cada módulo programático.

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

As metodologias de ensino empregues estão perfeitamente adequadas a uma unidade curricular onde se enfatiza fortemente a aplicação prática dos conceitos expostos a situações reais. Através da interactividade da exposição e do diálogo permanente com os alunos, os docentes mantêm um clima activo de participação. As actividades nas aulas teórico-práticas reforçam esta atitude ao confrontar os alunos com situações reais de aplicação dos conceitos.

Bibliografia principal

1. Campbell AM, Heyer LJ ?Discovering Genomics, Proteomics and Bioinformatics? (2nd Ed.) Benjamin Cummings, 2006
2. ?Structural Bioinformatics? Gu J, Bourne PE (Eds.) (2nd Ed.) Wiley-Blackwell, 2009
3. Applied bioinformatics: an introduction. Selzer P, Marhofer R, and Towher A. Springer, 2008
4. Brown, T.A. (2018). Genomes 4. Garland Science.
5. Williams, B. (1993). Biostatistics - Concepts and applications for biologists. Chapman & Hall.
6. Mount, D.W. (2001). Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis. Cold Spring Harbor Laboratory Press.
7. Dalgaard, P. (2008). Introductory Statistics with R. Springer.

Academic Year 2019-20

Course unit COMPUTATIONAL BIOLOGY

Courses BIOMEDICAL SCIENCES
Tronco comum

Faculty / School DEPARTMENT OF BIOMEDICAL SCIENCES AND MEDICINE

Main Scientific Area CIÊNCIAS BIOMÉDICAS

Acronym

Language of instruction Portuguese.

Teaching/Learning modality Day. Presential.

Coordinating teacher Clévio David Rodrigues Nóbrega

Teaching staff	Type	Classes	Hours (*)
Clévio David Rodrigues Nóbrega	TP	TP1	1TP
Paulo José Garcia de Lemos Trigueiros de Martel	TP	TP1	15TP
Matthias Erwin Futschik	TP	TP1	12TP
Ana Maria Duarte Inácio Marreiros	TP	TP1	4TP
Guilhermina Isabel dos Santos Duarte	TP	TP1	13TP

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

Contact hours

T	TP	PL	TC	S	E	OT	O	Total
0	45	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 Genetics, Molecular Biology, Statistics, and Biochemistry.

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

It is intended that the student acquire basic knowledge in the basis and application of computational techniques and tools of bioinformatics to genetics, molecular biology, and structural biology, through the analysis of the sequence and structure of DNA, RNA, and proteins. The student will acquire knowledge about: structural biological analysis; statistical analysis applied to medical/genetic studies; functional genomic studies; and analysis of biological systems and networks. It is also intended that the student acquire knowledge of the advanced use of databases for analysis and prediction of biological phenomena. It is also intended to introduce the student to programming techniques using the functional language R, with concrete applications in the field of bioinformatics.

Syllabus

1. Introduction to Bioinformatics
 1. Basic Concepts in Bioinformatics
 2. Sequence alignment
 3. Comparative sequence analysis (BLAST)
2. Introduction to biostatistics using R
 1. Introduction to R programming
 2. Descriptive statistics
 3. Hypothesis testing
 4. Statistical significance
 5. Correlations between variables
3. Transcriptomic (in R)
 1. Current technologies and applications
 2. Microarrays and RNA sequencing
 3. Differential gene expression analysis
 4. Functional enrichment analysis
 5. Visualization of the analysis results
4. Structural Bioinformatics
 1. Structure databases
 2. Structural Determination Techniques
 3. Prediction of the secondary and tertiary structure of proteins
 4. Homology modeling
 5. Molecular modeling techniques
 6. Protein-ligand interactions
5. Biology of Systems
 1. Molecular networks
 2. Molecular Interaction Databases
 3. In silico networks construction
 4. Motifs in molecular networks
 5. Module Detection
 6. Data integration
 7. Quantitative Biology

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

This course is intended to be an introduction to several aspects of Computational Biology, as well as to the use of several software tools and also to initiate students in the practice of programming. The chosen topics (sequence analysis, functional genomics, structural bioinformatics, and systems biology) provide a broad view of the field of Computational Biology. In this way, the syllabus contents allow the achievement of the proposed objectives for the curricular unit.

Teaching methodologies (including evaluation)

The teaching methodology values interactive demonstration and learning through examples so that students actively acquire knowledge in this area. The classes are theoretical-practical combining exposition of theoretical aspects with the resolution of exercises that combine programming and the use of tools to analyze data from real scientific problems, thus gaining experience in applying the concepts in practical situations.

The evaluation of the students will be made through an exam for each module of the program.

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

The teaching methodologies employed are adequate to a curricular unit where the practical application of concepts exposed to real situations is strongly emphasized. Through the interactivity of the exhibition and the permanent dialogue with the students, the teachers maintain an active participation environment. The activities in the theoretical-practical classes reinforce this attitude when confronting the students with real situations of application of the concepts.

Main Bibliography

1. Campbell AM, Heyer LJ ?Discovering Genomics, Proteomics and Bioinformatics? (2nd Ed.) Benjamin Cummings, 2006
2. ?Structural Bioinformatics? Gu J, Bourne PE (Eds.) (2nd Ed.) Wiley-Blackwell, 2009
3. Applied bioinformatics: an introduction. Selzer P, Marhofer R, and Towher A. Springer, 2008
4. Brown, T.A. (2018). Genomes 4. Garland Science.
5. Williams, B. (1993). Biostatistics - Concepts and applications for biologists. Chapman & Hall.
6. Mount, D.W. (2001). Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis. Cold Spring Harbor Laboratory Press.
7. Dalgaard, P. (2008). Introductory Statistics with R. Springer.