
Ano Letivo 2021-22

Unidade Curricular BIOLOGIA COMPUTACIONAL

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

Unidade Orgânica Faculdade de Medicina e Ciências Biomédicas

Código da Unidade Curricular 14341052

Área Científica CIÊNCIAS BIOLÓGICAS

Sigla CB

Código CNAEF (3 dígitos) 489

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

Línguas de Aprendizagem Português/Inglês.

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	13TP
Matthias Erwin Futschik	TP	TP1	12TP
Ana Maria Duarte Inácio Marreiros	TP	TP1	6TP
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 noções básicas de estatística no âmbito de diversas ferramentas bioinformáticas.
 - 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

Introdução à bioinformática

- Conceitos básicos em bioinformática
- Alinhamento de sequências
- Análise comparativa de sequências (BLAST)

Introdução à bioestatística utilizando R

- Introdução à programação R
- Estatística descritiva
- Testes de hipóteses
- Confiança estatística
- Correlações entre variáveis

Transcriptómica (em R)

- Tecnologias atuais e aplicações
- Microarrays e sequenciação de RNA
- Análise de expressão génica diferencial
- Análise de enriquecimento funcional
- Visualização dos resultados da análise

Bioinformática estrutural

- Bancos de dados de estruturas
- Técnicas de determinação estrutural
- Previsão da estrutura secundária e terciária das proteínas
- Modelação por homologia
- Técnicas de modelação molecular
- Interações proteína-ligando

Biologia de Sistemas

- Redes moleculares
- Bases de dados de interações moleculares
- Construção de redes in silico
- Motivos característicos nas redes moleculares
- Deteção de módulos Integração de dados Biologia quantitativa

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 de 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.

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. Williams, B. (1993). *Biostatistics - Concepts and applications for biologists*. Chapman & Hall.
5. Mount, D.W. (2001). *Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis*. Cold Spring Harbor Laboratory Press.
6. Dalgaard, P. (2008). *Introductory Statistics with R*. Springer.

Academic Year 2021-22

Course unit COMPUTATIONAL BIOLOGY

Courses BIOMEDICAL SCIENCES
Common Branch

Faculty / School

Main Scientific Area

Acronym BC GB

CNAEF code (3 digits) 489

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

Language of instruction Portuguese/English.

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	13TP
Matthias Erwin Futschik	TP	TP1	12TP
Ana Maria Duarte Inácio Marreiros	TP	TP1	6TP
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

Introduction to Bioinformatics

- Basic Concepts in Bioinformatics
- Sequence alignment
- Comparative sequence analysis (BLAST)

Introduction to biostatistics using R

- Introduction to R programming
- Descriptive statistics
- Hypothesis testing
- Statistical significance
- Correlations between variables

Transcriptomic (in R)

- Current technologies and applications
- Microarrays and RNA sequencing
- Differential gene expression analysis
- Functional enrichment analysis
- Visualization of the analysis results

Structural Bioinformatics

- Structure databases
- Structural Determination Techniques
- Prediction of the secondary and tertiary structure of proteins
- Homology modeling
- Molecular modeling techniques
- Protein-ligand interactions

Biology of Systems

- Molecular networks
- Molecular Interaction Databases
- In silico networks construction
- Motifs in molecular networks
- Module Detection
- Data integration
- Quantitative Biology

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.

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. Williams, B. (1993). Biostatistics - Concepts and applications for biologists. Chapman & Hall.
5. Mount, D.W. (2001). Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis. Cold Spring Harbor Laboratory Press.
6. Dalgaard, P. (2008). Introductory Statistics with R. Springer.