

Unidade Curricular	Introdução à Bioinformática		Área Científica	Ciências informáticas	
CTeSP em	Biotecnologia e Inovação		Escola	Escola Superior Agrária de Bragança	
Ano Letivo	2018/2019	Ano Curricular	2	Nível	0-2
Tipo	Semestral	Semestre	1	Créditos ECTS	3.0
				Código	4082-615-2105-00-18
Horas totais de trabalho	81	Horas de Contacto	T -	TP -	PL -
			TC -	S -	E -
			OT 30	O 51	

T - Ensino Teórico; TP - Teórico Prático; PL - Prático e Laboratorial; TC - Trabalho de Campo; S - Seminário; E - Estágio; OT - Orientação Tutórica; O - Outra

Nome(s) do(s) docente(s) Altino Branco Choupina, Sérgio Alípio Domingues Deusdado

Resultados da aprendizagem e competências

No fim da unidade curricular o aluno deve ser capaz de:

1. Desenvolver estratégias para a abordagem in silico de informação biológica.
2. Usar software e bases de dados de índole biológica.
3. Utilizar ferramentas bioinformáticas, disponíveis, para a análise e anotações de informação biológica.
4. Utilizar métodos estatísticos capazes de analisar grandes quantidades de dados biológicos e prever estruturas e funções de biomoléculas.

Pré-requisitos

Antes da unidade curricular o aluno deve ser capaz de:

Conhecimentos de informática, biologia molecular, genética, engenharia genética e estatística.

Conteúdo da unidade curricular

Dados biológicos. Bases de dados biológicos. Bioinformática on-line na WWW. Ferramentas bioinformáticas para analisar, alinhar e prever sequências biológicas. Microarrays e expressão génica. Análise filogenética.

Conteúdo da unidade curricular (versão detalhada)

1. Tecnologia de bases de dados e obtenção de dados biológicos.
2. Bases de Dados Biológicas (ADN, ARN e proteínas).
3. Bioinformática na WWW.
4. Ferramentas de software para análise e predição de sequências biológicas.
5. Princípios de programação orientada à computação biológicas (Perl).
6. Análise de sequências: padrões, alinhamentos, perfis, motivos.
7. Modelos estatísticos e probabilísticos para análise e predição de genes.
 - Modelos de Markov.
 - Programação Dinâmica.
 - Data Mining.
 - Processo de extração de conhecimento.
8. Optimização.
 - Redes Neurais.
 - CBR e Algoritmos Genéticos.
 - Integração de Bases de Dados e Serviços Bioinformáticos.
 - Redes e computação de alto rendimento (computação paralela).
9. Microarrays.
10. Bioinformática e Filogenia.
11. Modelação e simulação computacional da estrutura e função das proteínas.

Bibliografia recomendada

1. An Introduction to Bioinformatics Algorithms (Computational Molecular Biology), Neil C. Jones and Pavel A. Pevzner, 2004.
2. Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis, David W. Mount, 2004.
3. Bioinformatics: A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins, Third Edition by Andreas D. Baxevanis and B. F. Francis Ouellette, 2004.
4. Biological Sequence Analysis : Probabilistic Models of Proteins and Nucleic Acids by Richard Durbin, Sean R. Eddy, Anders Krogh, and Graeme Mitchison, 2004.
5. Beginning Perl for Bioinformatics by James Tisdall , 2001. Structural Bioinformatics by Philip E. Bourne and Helge Weissig, 2003.

Métodos de ensino e de aprendizagem

Aulas teórica-práticas. Metodologia expositiva, com recurso a meios audiovisuais. Disponibilização de materiais de estudo por via dos recursos de e-learning. Parte prática: realização de trabalhos práticos laboratoriais, com recursos a equipamentos e software disponível nos laboratórios de informática.

Alternativas de avaliação

- Alternativa 1 - (Ordinário, Trabalhador) (Final, Recurso, Especial)
 - Exame Final Escrito - 50%
 - Trabalhos Práticos - 50%

Língua em que é ministrada

Português

Validação Eletrónica

Altino Branco Choupina, Sérgio Alípio Domingues Deusdado	Pedro Miguel Lopes Bastos	Maria José Miranda Arabolaza
08-11-2018	09-11-2018	09-11-2018