



BIOESTATÍSTICA

Unidade curricular:

Bioestatística

Docente responsável e respetiva carga letiva na unidade curricular:

Ricardo Manuel Soares Parreira (18 horas)

Outros docentes e respetiva carga letiva na unidade curricular:

Ana Barroso Abecasis (6 horas)

ECTS:

3

Objetivos de aprendizagem (conhecimentos, aptidões e competências a desenvolver pelos estudantes):

No final desta unidade curricular os alunos devem ser capazes de:

1. Demonstração de capacidade para reconhecer as potencialidades da bioinformática no domínio biomédico.
2. Aplicação dos conhecimentos teóricos adquiridos à resolução de problemas complexos, incluindo: construção de *contigs* de sequência nucleotídica e identificação de sequências codificantes, utilização de bases de dados de acesso público e pesquisa de sequências homólogas usando diversos algoritmos ou análise funcional de uma sequência proteica.
3. Aquisição de competências básicas no domínio da filogenia molecular e inferência filogenética, e aplicação das mesmas à construção e interpretação de árvores filogenéticas e à análise exploratória de sequências desconhecidas.
4. Demonstração da capacidade para uma apresentação crítica dos dados decorrentes de dois projetos de investigação propostos (avaliação).

Conteúdos programáticos:

Introdução à bioinformática. Pesquisa da literatura em bases de dados. Apresentação das bases de dados GenBank, EMBL, UniProtKB, SwissProt, PDB, InterPro e Pfam. Formatos e anotação de sequências nucleotídicas. Conceito de homologia, homologia posicional, e similaridade. Tipos de substituições nucleotídicas. Alinhamentos de sequências nucleotídicas ou de aminoácidos e suas aplicações: global vs local, de pares vs alinhamento múltiplo. Construção de alinhamentos múltiplos de sequências: algoritmos progressivos (Clustal) e iterativos (MAFFT, Muscle). Árvores filogenéticas, modelos evolutivos e distâncias genéticas corrigidas. Reconstrução de filogenias: junção de vizinhos vs máxima verosimilhança. Robustez da topologia de uma árvore. Análise de mosaicos. Composição (G+C), estrutura de moléculas de RNA e proteínas, mapeamento físico de DNA, pesquisa de genes. Utilização de diversas ferramentas tendo em vista a identificação, caracterização, análise da possível função de proteínas.