

[English version at the end of this document](#)

Ano Letivo 2022-23

Unidade Curricular SEMINÁRIOS EM METAGENÓMICA

Cursos BIOLOGIA MOLECULAR E MICROBIANA (2.º Ciclo)

Unidade Orgânica Faculdade de Ciências e Tecnologia

Código da Unidade Curricular 14611043

Área Científica CIÊNCIAS BIOLÓGICAS

Sigla CB

Código CNAEF (3 dígitos) 421

**Contributo para os Objetivos de
Desenvolvimento Sustentável -** 13;14;15
ODS (Indicar até 3 objetivos)

Línguas de Aprendizagem Português e Inglês

Modalidade de ensino

Presencial

Docente Responsável

Maria Leonor Faleiro

DOCENTE	TIPO DE AULA	TURMAS	TOTAL HORAS DE CONTACTO (*)
Maria Leonor Faleiro	OT; S	S1; OT1	28S; 4OT

* 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	28S; 4OT	104	4

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

Precedências

Sem precedências

Conhecimentos Prévios recomendados

Os alunos devem ter completado a UC Ecologia Microbiana

Objetivos de aprendizagem (conhecimentos, aptidões e competências)

Os objetivos da unidade curricular incluem a demonstração aos alunos do aparecimento e desenvolvimento desta área complementar da genómica. Nesta unidade curricular são perspectivados os instrumentos e abordagens em metagenómica que permitem o estudo de comunidades microbianas, a partir diretamente do seu ambiente sem recorrer ao cultivo e isolamento individual das espécies em laboratório. Estão incluídas as estratégias da metagenómica que permitem a identificação de genes e proteínas de interesse para as diferentes áreas.

Os alunos serão capazes de 1)identificar e descrever os aspectos técnicos da aquisição de sequências genómicas e identificar as vantagens e limitações dos procedimentos técnicos de sequenciação; 2) interpretar as sequências obtidas e discriminar os procedimentos a aplicar no controlo da qualidade; 3) especificar algumas bases de dados e recursos bioinformáticos do âmbito da metagenómica; 4) compreender a interdisciplinaridade entre as diferentes áreas da genómica.

Conteúdos programáticos

1. Compreender as comunidades microbianas; o papel da metagenómica.
 2. Os passos da metagenómica: seleção, estratégia de amostragem e recuperação do metagenoma.
 3. Os genes ribossomais na identificação, as relações filogenéticas e o gene 16S rRNA. Produção de sequencias de DNA em larga escala e montagem de genomas completos.
 4. Tecnologias de sequenciação, sistemas de expressão genética e análises de célula individual.
 5. Os dados metagenómicos e a sua gestão.
 6. Projetos pioneiros em metagenómica: The Human-Microbiome Project, The Sargasso Sea Metagenomics Survey and Community Profiling, The Soil-Resistome Project.
 7. Seminários que englobam as diferentes aplicações da metagenómica.
-

Metodologias de ensino (avaliação incluída)

Ensino teórico e teórico - prático. As aulas práticas envolvem a utilização de programas bioinformáticos de aplicação na análise de sequencias. Aprendizagem através de exercícios teórico-práticos e estudo/exposição de material científico.

A avaliação é realizada através de um mini-teste que engloba os fundamentos das plataformas e os métodos de análise em metagenómica que no seu total contribuirá com um peso de 30 %. A elaboração de um trabalho escrito sobre um potencial projeto em metagenómica ou uma revisão bibliográfica sobre a utilização da metagenómica numa área de interesse contribui com um peso de 70 %. O trabalho desenvolvido é apresentado em seminário.

É obrigatória a frequência a 75 % das aulas. É igualmente obrigatória a entrega do trabalho escrito e a respetiva apresentação oral.

Bibliografia principal

Nagarajan M (Ed.) 2017. Metagenomics- 1st Edition, Perspectives, Methods, and Applications. Academic Press. eBook ISBN: 9780128134030.

Yinglin Xia, Jun Sun and Ding-Geng Chen (Eds) 2018. Statistical Analysis of Microbiome Data with R. Springer. eBook ISBN 978-981-13-1534-3.

Singh, R.P., Kothari, R., Koringa, P.G., Singh, S.P. (Eds). 2017. Understanding Host-Microbiome Interactions - An Omics Approach. Omics of Host-Microbiome. Springer Nature. ISBN 978-981-10-5050-3. DOI 10.1007/978-981-10-5050-3.

Kim, J.H. (2019) Next-Generation Sequencing Technology and Personal Genome Data Analysis. In Genome Data Analysis, Learning Materials in Biosciences. Springer, Singapore https://doi.org/10.1007/978-981-13-1942-6_2

Izard, J., Rivera, M.C. (Eds). 2015. Metagenomics for Microbiology. Elsevier, London, UK

Artigos científicos disponibilizados na plataforma MOODLE

Academic Year 2022-23

Course unit SEMINARS IN METAGENOMICS

Courses MOLECULAR AND MICROBIAL BIOLOGY
Common Branch

Faculty / School FACULTY OF SCIENCES AND TECHNOLOGY

Main Scientific Area

Acronym BC GB

CNAEF code (3 digits) 421

Contribution to Sustainable
Development Goals - SGD 13;14;15
(Designate up to 3 objectives)

Language of instruction Portuguese and English

Teaching/Learning modality Face to face

Coordinating teacher Maria Leonor Faleiro

Teaching staff	Type	Classes	Hours (*)
Maria Leonor Faleiro	OT; S	S1; OT1	28S; 4OT

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

Contact hours	T	TP	PL	TC	S	E	OT	O	Total
	0	0	0	0	28	0	4	0	104

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

The students must have completed the UC Microbial Ecology.

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

The objectives of the course include the demonstration to the students of the appearance and development of complementary genomics. In this course are put in perspective the tools and the approaches comprising metagenomics that allow the study of microbial communities directly from their environment without cultivation and isolation of individual species in the laboratory. The strategies in metagenomics applications that allow the identification of genes and proteins of interest to the different areas are included. Students will be able to 1) identify and describe the technical aspects of the acquisition of genomic sequences and identify the advantages and limitations of the technical procedures for sequencing; 2) interpret the obtained sequences and discriminate the procedures to be applied in the quality control; 3) specify some databases and bioinformatics resources in the context of the metagenomics; 4) understand the interdisciplinarity between the different areas of genomics

Syllabus

1. Understanding the microbial communities - the role of metagenomics.
2. The steps of metagenomics: selection, sampling and recovery of metagenomic strategy.
3. The ribosomal genes in the identification, phylogenetic relationships and the 16S rRNA gene. Production of DNA sequences on a large scale and assembly of the complete genomes.
4. The sequencing technologies, gene expression and individual cell analysis systems.
5. Metagenomic data and its management.
6. Pioneer Projects in metagenomics: The Human Microbiome Project,, The Sargasso Sea Metagenomics Survey and Community Profiling, The Soil-Resistome Project.
7. Seminars, which cover different applications of metagenomics.

Teaching methodologies (including evaluation)

The instruction is theoretical and practical. Practical classes involve the use of bioinformatic application programs for the analysis of sequences. Learning through practical exercises and study/exposure of scientific material.

The evaluation is carried out through a mini-test that covers the basis of the platforms and the methods of analysis in metagenomics, which in total will contribute with a weight of 30%. The elaboration of a written work on a potential project in metagenomics or a literature review on the use of metagenomics in an area of interest contributes with a weight of 70%. The work developed is presented in a seminar.

Attendance at 75% of classes is compulsory. It is also mandatory to submit the written work and its oral presentation.

Main Bibliography

Nagarajan M (Ed.) 2017. Metagenomics- 1st Edition, Perspectives, Methods, and Applications. Academic Press. eBook ISBN: 9780128134030.

Yinglin Xia, Jun Sun and Ding-Geng Chen (Eds) 2018. Statistical Analysis of Microbiome Data with R. Springer. eBook ISBN 978-981-13-1534-3.

Singh, R.P., Kothari, R., Koringa, P.G., Singh, S.P. (Eds). 2017. Understanding Host-Microbiome Interactions - An Omics Approach. Omics of Host-Microbiome. Springer Nature. ISBN 978-981-10-5050-3. DOI 10.1007/978-981-10-5050-3.

Kim, J.H. (2019) Next-Generation Sequencing Technology and Personal Genome Data Analysis. In Genome Data Analysis, Learning Materials in Biosciences. Springer, Singapore https://doi.org/10.1007/978-981-13-1942-6_2

Izard, J., Rivera, M.C. (Eds). 2015. Metagenomics for Microbiology. Elsevier, London, UK.

Scientific articles available at MOODLE platform.

