

---

**Ano Letivo** 2019-20

---

**Unidade Curricular** GENÓMICA FUNCIONAL

---

**Cursos** BIOQUÍMICA (1.º ciclo)

---

**Unidade Orgânica** Faculdade de Ciências e Tecnologia

---

**Código da Unidade Curricular** 14921116

---

**Área Científica** BIOQUÍMICA

---

**Sigla**

---

**Línguas de Aprendizagem** Português

---

**Modalidade de ensino** Presencial

---

**Docente Responsável** José Manuel Peixoto Teixeira Leitão

---

DOCENTE	TIPO DE AULA	TURMAS	TOTAL HORAS DE CONTACTO (*)
José Manuel Peixoto Teixeira Leitão	PL; T	T1; PL1	20T; 10PL
Eduardo José Xavier Rodrigues de Pinho e Melo	PL; T	T1; PL1	10T; 10PL

\* 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
3º	S1,S2	30T; 20PL	168	6

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

#### Precedências

Sem precedências

#### Conhecimentos Prévios recomendados

Bioquímica e Biologia ou Genética Molecular.

#### Objetivos de aprendizagem (conhecimentos, aptidões e competências)

Pretende-se que os alunos obtenham conhecimentos relativamente sólidos e muito atuais nas áreas de Genómica, Transcriptómica e Proteómica, e com uma visão alargada da multiplicidade de aplicações de implicações dos conhecimentos nestas áreas do saber

#### Conteúdos programáticos

A organização dos genomas procariotas e eucariotas. Evolução natural dos genomas. Técnicas de alteração dos genomas; a) Poliploidização; b) Mutagénese experimental; c) Engenharia genética; d) Tecnologia de edição genómica. Sequenciação massiva paralela vs. sequenciação por Sanger. Os marcadores DNA. Clonagem de genes referenciados pelo seu impacto no fenótipo. As bases de dados genómicas. Bibliotecas genómicas e bibliotecas de expressão. Do dot-blot aos microarrays. A RNAseq. O PCR em tempo real. Um genoma, vários proteomas. Resolução de misturas complexas de proteínas por técnicas cromatográficas e géis 2D. Técnicas de digestão de proteínas em péptidos. Proteómica quantitativa: marcação com isótopos (ICAT) ou sondas fluorescentes (DIGE). Análise de massa e sequência de péptidos por espectrometria de massa. Identificação de modificações pós-tradução. Arrays proteicos.

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

No seu conjunto, os múltiplos aspetos abordados nesta disciplina, desde a organização dos genomas e seu funcionamento ao conhecimento alargado e crítico das múltiplas técnicas de análise e sua utilização, permitirá aos estudantes obter os conhecimentos básicos que lhes permitirão integrar-se em áreas de atividade de investigação, produção ou comercialização, em que os tópicos abordados, ou de que deles decorram, estejam presentes.

#### Metodologias de ensino (avaliação incluída)

O curso consiste em aulas teóricas, onde utilizando apresentações em power point, vídeos e outro material online são abordados os aspetos mais importantes da matéria, em aulas práticas onde alunos desenvolvem pequenos projetos (engenharia genética de plantas, análise de similaridade genética por RAPDs, etc.) e em seminários, onde os alunos apresentam e discutem artigos científicos. A avaliação é feita em dois testes durante o período de aulas e em exame final (80% da classificação final). Para a classificação dos alunos contribui a apresentação e defesa do relatório das aulas práticas e a sua performance nos seminários, cada componente com 10%. As notas obtidas nas aulas práticas e seminários caducam no final do ano académico.

---

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

O ensino é ministrado em aulas formais teóricas e aulas práticas laboratoriais.

As aulas teóricas são efetuadas com o apoio da projeção de ?power point? contendo os aspetos abordados mais importantes. Os alunos são aconselhados a utilizar estas apresentações, disponíveis online, como guião mais completo e atualizado, do que programas e sumários, para a sua preparação em período de estudo não presencial.

Nas aulas práticas, organizados em pequenos grupos, os alunos realizam os seus trabalhos laboratoriais baseando-se nos protocolos fornecidos previamente pelos docentes, com apoio presencial dos mesmos e dos técnicos laboratoriais. Cada grupo apresentará um relatório dos trabalhos práticos. Os relatórios serão objeto de discussão e exame oral individual cuja classificação contará para 20% da nota final. No início das aulas, cada grupo de alunos receberá um artigo científico áreas da genómica, transcriptómica ou proteómica, que deverá ser apresentado e discutido como *case study* durante as aulas teóricas. A apresentação e discussão deste artigo, classificadas numa escala de 4: 1) não aceite (reprovado); 2) aceite (0 valores), 3) Bom (1 valor) e 4) Muito Bom (2 valores), é absolutamente obrigatória e necessária para obtenção da frequência à disciplina. Os alunos poderão ser aprovados por nota positiva a dois testes de frequência realizados, respetivamente a meio e no final do semestre.

---

### Bibliografia principal

1. Apresentações ?power point? das aulas teóricas.
2. Protocolos das aulas práticas.
3. Artigos apresentados nas aulas disponíveis na tutoria eletrónica.
4. Bookshelf do ncbi (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/>)
5. Artigos de revisão (vários) sobre assuntos específicos (p.ex. Microarrays, RNA seq, etc)
6. Brown TA. Genomes 3, Garland Sciences, 2006.
7. Liebler, D.C., Introduction to Proteomics, Humana Press, New Jersey, 2002.8. Veenstra, T.D. and Yates III, J.R., Proteomics for Biological Discovery, John Wiley & Sons, New Jersey, 2006.9. Campbell, A. and Heyer, L., Discovering Genomics, Proteomics and Bioinformatics, Benjamin Cummings, 2006.

**Academic Year** 2019-20

**Course unit** FUNCTIONAL GENOMICS

**Courses** BIOCHEMISTRY (1st Cycle)

**Faculty / School** FACULTY OF SCIENCES AND TECHNOLOGY

**Main Scientific Area** BIOQUÍMICA

**Acronym**

**Language of instruction** Portuguese

**Teaching/Learning modality** Face to face learning

**Coordinating teacher** José Manuel Peixoto Teixeira Leitão

Teaching staff	Type	Classes	Hours (*)
José Manuel Peixoto Teixeira Leitão	PL; T	T1; PL1	20T; 10PL
Eduardo José Xavier Rodrigues de Pinho e Melo	PL; T	T1; PL1	10T; 10PL

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

### Contact hours

T	TP	PL	TC	S	E	OT	O	Total
30	0	20	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

Biochemistry and Molecular Biology or Molecular Genetics

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

Students are supposed to acquired a broad and solid theoretical knowledge and basic practical skills in the field of Genomics, Transcriptomics and Proteomics and a broad perspective of the multiplicity of the applications and implications of this scientific field.

### Syllabus

Genome organization of prokaryotic and eukaryotic genomes. Natural evolution of genomes. Techniques for genome alteration: a) Polyploidization; b) Experimental mutagenesis; c) Genetic engineering; d) Gene editing technologies. Next generation sequencing techniques vs. Sanger sequencing. DNA markers. Map based cloning of genes uniquely recognizable by their phenotypic expression. Genomic databases. Genomic and expression libraries. From dot-blot to microarrays. The RNAseq. Real time PCR. One genome, multiple proteomes. Resolution of complex mixes of proteins via chromatography and 2D gels. Digestion of proteins into polypeptides. Quantitative proteomics: isotope (ICAT) and fluorescent labelling (DIGE). Mass spectrometry analysis of protein mass and protein sequences. Identification of post-translational modifications. Protein arrays.

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

As a whole the multiple covered topics, from the organization and functioning of the genomes to the broad and critical knowledge of the multiple analytical techniques and their utilization, will allow students to acquire the basic knowledge needed for integration in research, production or commercial activities in the field.

### Teaching methodologies (including evaluation)

This course consists on theoretical classes where the main issues are explained using power point presentations, scientific videos and other online materials and on practical classes where students develop small projects, and by seminars where students present and discuss scientific papers. Students evaluation is done in two tests during the classes or final examination (80% of the classification). The reports of practical classes and performance in the seminars contribute respectively with 10% each for the final classification. Classification marks obtained in practical classes and seminars expire at the end of the academic year.

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

The theoretical and practical classes as well as seminars and tutorial classes allow students to get acquainted with the topics covered in the course and to promote their individual development in this field of knowledge.

The elaboration and discussion of practical classes reports the presentation and discussion of scientific articles allow students to become experienced in the writing and public presentation of reports and knowledge, while promoting the individual study and individual search of new knowledge and improving their ability of "to learn how to learn".

---

### **Main Bibliography**

1. Class power point presentations.
2. Protocols of practical classes.
3. Articles presented and discussed in the seminars.
4. NCBI bookshelf (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/>)
5. Up to date review articles on multiple topics covered in the classes.
6. Brown TA. Genomes 3, Garland Sciences, 2006.
7. Liebler, D.C., Introduction to Proteomics, Humana Press, New Jersey, 2002.8. Veenstra, T.D. and Yates III, J.R., Proteomics for Biological Discovery, John Wiley & Sons, New Jersey, 2006.9. Campbell, A. and Heyer, L., Discovering Genomics, Proteomics and Bioinformatics, Benjamin Cummings, 2006.