

---

**Ano Letivo** 2017-18

---

**Unidade Curricular** GENÓMICA E TRANSCRIPTÓMICA

---

**Cursos** BIOTECNOLOGIA (2.º ciclo)

---

**Unidade Orgânica** Faculdade de Ciências e Tecnologia

---

**Código da Unidade Curricular** 15481014

---

**Área Científica** CIÊNCIAS BIOLÓGICAS

---

**Sigla** CB

---

**Línguas de Aprendizagem**  
Português e Inglês

---

**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; TP	T1; TP1; PL1	11T; 14TP; 10PL
Maria Leonor Faleiro	PL; T; TP	T1; TP1; PL1	4T; 6TP; 5PL

\* 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	S1	15T; 20TP; 15PL	168	6

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

#### Precedências

Sem precedências

#### Conhecimentos Prévios recomendados

Bioquímica, Biologia celular e Biologia Molecular

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

O objectivo principal deste curso é permitir aos estudantes obter uma visão muito alargada e, simultaneamente, relativamente profunda das áreas, em rápida expansão e desenvolvimento, da genómica, transcriptómica e proteómica e do seu profundo impacto em todos os campos da investigação e produção biológica e na saúde humana. No término do curso os estudantes deverão ter adquirido conhecimentos teóricos e práticos suficientes que lhes permitam integrar com maior confiança empresas modernas dedicadas à produção biológica ou laboratórios de bom nível científico, ou iniciar programas de estudo mais avançados.

#### Conteúdos programáticos

A organização dos genomas procariotas e eucariotas. Programas de sequenciação genómica. Diferentes estratégias de sequenciação de genomas. Técnicas de sequenciação massiva paralela. Os marcadores DNA. Mapeamento genético e físico dos genomas. Diferentes estratégias de mapeamento. As bases de dados genómicas. Isolamento e clonagem de genes baseada em mapas. Bibliotecas genómicas e bibliotecas de expressão. Do dot-blot aos microarrays. Differential display e técnicas subtrativas. Os polimorfismos de expressão - a técnica do cDNA\_AFLP. A RNAseq. O PCR em tempo real. A modulação epigenética. 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 pos-tradução. Arrays proteicos.

### **Metodologias de ensino (avaliação incluída)**

O curso consiste em aulas teóricas onde se abordam em detalhe os tópicos lecionados, utilizando apresentações em "power point" disponíveis para os alunos na tutoria electrónica, vídeos científicos e outros materiais online; em aulas práticas onde os estudantes desenvolvem pequenos projetos em análise de diversidade genética e análise de proteínas; e em seminários durante os quais os estudantes apresentam e discutem alguns artigos científicos. A avaliação de conhecimentos é feita em dois testes durante o período de aulas ou por exame final (80% da classificação final), O relatório das aulas práticas e os seminários contribuem respectivamente com 10% cada para a classificação final. Classificação positiva a todas as componentes da avaliação confere aprovação à disciplina.

---

### **Bibliografia principal**

1. Apresentações power point das aulas teóricas.
2. Protocolos das aulas práticas.
3. Artigos apresentados nas aulas disponíveis na tutoria electrónica.
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** 2017-18

**Course unit** GENOMICS AND TRANSCRIPTOMICS

**Courses** BIOTECHNOLOGY

**Faculty / School** Faculdade de Ciências e Tecnologia

**Main Scientific Area** CY BI

**Acronym** BC GB

**Language of instruction** Portuguese or English

**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; TP	T1; TP1; PL1	11T; 14TP; 10PL
Maria Leonor Faleiro	PL; T; TP	T1; TP1; PL1	4T; 6TP; 5PL

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

### Contact hours

T	TP	PL	TC	S	E	OT	O	Total
15	20	15	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, Cellular and Molecular Biology.

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

The main expected outcome of the course is students to acquire a broad wide vision of the fast developing fields of genomics, transcriptomics and proteomics, and of their impact on all areas of biological studies, biological production and Human health. Students are supposed to acquire theoretical knowledge and basic practical skills enabling them to feel more confident when joining modern companies involved in bioproduction, to perform high-level modern scientific research or to initiate more advanced study programs.

### Syllabus

Genome organization: prokaryotic and eukaryotic genomes. Mechanisms of genome alteration and genome evolution. Genome sequencing programs. Different strategies for genome sequencing. Genomic databases. Next generation sequencing techniques. DNA markers. Genetic and physical mapping. Different mapping approaches. Map-based cloning. Genomic and expression libraries. Differential display and subtractive techniques. From dot-blot to microarrays. cDNA-AFLP. The RNAseq. Real time PCR. Epigenetic modulation. One genome multiple proteomes. Resolutions of complex protein mixes through chromatographic techniques and 2D gele electrophoresis. Digestion techniques of proteins in peptides. Quantitative proteomics: Isotope (ICT) and Fluorescence (DIGE) labelling. Analysis of proteins by mass spectrometry. Identification of post-translational modifications. Protein arrays.

### Teaching methodologies (including evaluation)

This course consists on theoretical classes where the main issues are explained in some detail using power point presentations, scientific videos and other materials online; by practical classes were students develop small projects on genomic diversity and protein analysis; and by seminars where students present and discuss scientific papers. The evaluation of student is done in two tests during the classes and in final examinations (80% of the final classification). The student performance in practical classes and seminars contributes, respectively for 10% of the final classification. Positive mark in the three components (tests or final exam, seminars and practical classes) is needed for final approval to this subject.

### Main Bibliography

1. ?Power point? presentations used in theoretical classes.
2. Protocols of practical works
3. Articles discussed in seminars
4. NCBI Bookshelf (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/>)
5. AReview rticles on tough topics (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.