
Ano Letivo 2020-21

Unidade Curricular GENÓMICA E TRANSCRIPTÓMICA

Cursos BIOTECNOLOGIA (2.º ciclo)

RECURSOS BIOLÓGICOS MARINHOS (2.º Ciclo) - ERASMUS MUNDUS (*)

(*) Curso onde a unidade curricular é opcional

Unidade Orgânica Faculdade de Ciências e Tecnologia

Código da Unidade Curricular 15481014

Área Científica CIÊNCIAS BIOLÓGICAS

Sigla CB

Línguas de Aprendizagem Inglês ou Português (na ausência de alunos que não falem 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; TP	T1; TP1; PL1	11T; 12TP; 10PL
Eduardo José Xavier Rodrigues de Pinho e Melo	PL; T; TP	T1; TP1; PL1	4T; 4TP; 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; 16TP; 15PL	156	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. Mecanismos de manutenção, alteração e evolução dos genomas. A recombinação genómica. Os marcadores moleculares. Identificação de genes unicamente referenciáveis pelo seu impacto no fenótipo : a) mapeamento genético; b) Estudos de associação genómica (GWAS); c) Identificação de regiões de homozigotia. As bases de dados genómicas. Bibliotecas genómicas e bibliotecas de expressão. Técnicas e estratégias de sequenciação de genomas. Análise quantitativa da expressão génica. Do dot-blot aos microarrays. 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 pós-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 (mínimo de 8 valores em cada teste) durante o período de aulas ou por exame final (80% da classificação final), A participação nas aulas práticas (e respetivos relatórios) e seminários contribuem com 20% para a classificação final..

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 2020-21

Course unit GENOMICS AND TRANSCRIPTOMICS

Courses BIOTECHNOLOGY
MARINE BIOLOGICAL RESOURCES (2nd Cycle) - ERASMUS MUNDUS (*)

(*) Optional course unit for this course

Faculty / School FACULTY OF SCIENCES AND TECHNOLOGY

Main Scientific Area CY BI

Acronym BC GB

Language of instruction English (or Portuguese in the absence of no speaking Portuguese students)

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; 12TP; 10PL
Eduardo José Xavier Rodrigues de Pinho e Melo	PL; T; TP	T1; TP1; PL1	4T; 4TP; 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	16	15	0	0	0	0	0	156

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

Genomes organization. Mechanisms of genome stability and evolution. Methods of artificial genome alterations. Genomic recombination. DNA markers. Identification of genes only recognizable by their impact in the phenotype: a) Map based cloning; b) Genome wide association studies (GWAS); c) Identification of regions of homozygosity (ROHs). Genomic and expression libraries. DNA sequencing. Different strategies for genome sequencing. Genomic databases. Next generation sequencing techniques. Quantitative analysis of gene expression. From dot-blot to microarrays. The RNAseq. Real time PCR. Epigenetic modulation. One genome multiple proteomes. Resolution of complex protein mixes through chromatographic techniques and 2D gel 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. Students are evaluated in two tests during the classes (8.0 minimal mark on each test) or by final examinations (80% of the final mark). The student performance in practical classes and seminars contributes for 20% of the final mark.

Main Bibliography

1. Power point presentations used in theoretical classes.
2. Protocols of practical works
3. Articles discussed in seminars
4. NCBI Bookshelf (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books>)
5. Review articles on taught topics (p.ex. Microarrays, RNA seq, etc)
6. Brown TA. Genomes 3, Garland Sciences, 2006. (Campus Library)
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.