
Ano Letivo 2023-24

Unidade Curricular GENÓMICA, TRANSCRIPTÓMICA E PROTEÓMICA

Cursos 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 18361022

Área Científica CIÊNCIAS BIOLÓGICAS

Sigla CB

Código CNAEF (3 dígitos) 421

Contributo para os Objetivos de
Desenvolvimento Sustentável - 2, 3, 4
ODS (Indicar até 3 objetivos)

Línguas de Aprendizagem Português ou Inglês no caso de haver estudantes que não falem Português

Modalidade de ensino

Presencial

Docente Responsável

Eduardo José Xavier Rodrigues de Pinho e Melo

DOCENTE	TIPO DE AULA	TURMAS	TOTAL HORAS DE CONTACTO (*)
---------	--------------	--------	-----------------------------

* 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
2º	S1	15T; 10TP	78	3

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

Precedências

Sem precedências

Conhecimentos Prévios recomendados

Bioquímica, Biologia Molecular e Biologia Celular

Objetivos de aprendizagem (conhecimentos, aptidões e competências)

Aquisição de conhecimentos teóricos, consulta de bases de dados e contacto com algumas das técnicas experimentais básicas usadas nas áreas da genómica, transcritómica e proteómica. Exemplo de impactos das áreas da genómica, transcriptómica e proteómica nas ciências biológicas, produção biológica e saúde humana.

Conteúdos programáticos

Genómica e Transcriptómica:

Introdução aos genes, genomas e transcritomas. Organização dos genomas em procariotas e eucariotas. Evolução dos genomas e origem das famílias de genes. Genómica comparativa e a bioinformática. Aplicações da genómica. Estudos de associação genómica (GWAS); Metodologias avançadas na sequenciação dos genomas e transcritomas. Metagenómica e suas aplicações. Mecanismos de regulação e comparação da expressão génica em procariotas e em eucariotas. Tecnologias aplicadas à modulação da expressão génica e epigenética. Tecnologias para a análise quantitativa da expressão génica: RNAseq, PCR em tempo real, microarrays e transcriptómica single-cell.

Proteómica:

Introdução à Proteómica e suas aplicações. Estratégias experimentais para o estudo do proteoma (Top-down e Bottom-up). Digestão de proteínas em péptidos e identificação por espectrometria de massa. Proteómica quantitativa

Metodologias de ensino (avaliação incluída)

Ensino presencial, teórico, teórico-prático e laboratorial. O ensino teórico aborda os conhecimentos fundamentais na área da genómica, transcriptómica e proteómica. O ensino teórico-prático aborda a resolução de problemas e a consulta de bases de dados, bem como a possibilidade de os alunos apresentarem oralmente um artigo na área da proteómica, que aborde novos desenvolvimentos. O ensino laboratorial incide sobre a aplicação de técnicas básicas de genómica e de proteómica. A avaliação consiste num exame final onde os conhecimentos teóricos e teórico-práticos são avaliados e num relatório laboratorial sobre as experiências efetuadas. No caso da apresentação oral de um artigo científico, esta será ponderada na avaliação final em percentagem a discutir com os alunos. As percentagens propostas para as diferentes componentes da avaliação, a serem discutidas com os alunos serão: 70 % para o exame teórico, 20 % para o relatório laboratorial e eventualmente 10 % para o seminário.

Bibliografia principal

Slides das aulas teóricas e endereços web de vídeos científicos disponibilizados

Campbell, A. and Heyer, L., Discovering Genomics, Proteomics and Bioinformatics, Benjamin Cummings, 2006.

Klug, William, Cummings, Michael, Spencer, Charlotte, Palladino, Michael, Killian, Darrell. Concepts of Genetics, 12th Edition, Global edition, 2019.

Liebler, D.C., Introduction to Proteomics, Humana Press, New Jersey, 2002.

Mount, D., Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis (Mount, Bioinformatics) 2nd Edição, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2004

Veenstra, T.D. and Yates III, J.R., Proteomics for Biological Discovery, John Wiley & Sons, New Jersey, 2006.

Livros online disponíveis na biblioteca do NIH (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/>):

Brown TA. 2022- [Genomes. 2nd edition.](#) Oxford: Wiley-Liss

[The NCBI Handbook \[Internet\]. 2nd edition.](#) Bethesda (MD): National Center for Biotechnology Information (US); 2013

Academic Year 2023-24

Course unit

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

(*) Optional course unit for this course

Faculty / School FACULTY OF SCIENCES AND TECHNOLOGY

Main Scientific Area

Acronym BC GB

CNAEF code (3 digits) 421

Contribution to Sustainable Development Goals - SGD (Designate up to 3 objectives) 2, 3, 4

Language of instruction Portuguese or English if non-speaking portuguese students attend the UC

Teaching/Learning modality In person

Coordinating teacher Eduardo José Xavier Rodrigues de Pinho e Melo

Teaching staff	Type	Classes	Hours (*)
----------------	------	---------	-----------

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

Contact hours	T	TP	PL	TC	S	E	OT	O	Total
	15	10	0	0	0	0	0	0	78
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, Molecular Biology and Cell Biology

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

Acquisition of knowledge, database search and laboratory practices of basic experimental techniques in the areas of genomics, transcriptomics and proteomics. Some examples on the impact of these sciences on Biology, biological production and human health.

Syllabus

Genomics and transcriptomics:

Introduction to genes, genomes and transcriptomes. Genome organization in prokaryotes and eukaryotes. Evolution of genomes and gene families. Comparative genomics and bioinformatics. Genomics applications. Genome-wide association studies. Advanced methodologies to sequencing genomes and transcriptomes. Metagenomics and applications. Mechanisms of regulation and comparison of gene expression in prokaryotes and eukaryotes. Technologies applied to control gene expression and epigenetics. Technologies used to the quantitative analysis of gene expression: RNAseq, real-time PCR, microarrays and transcriptomics at the single-cell level.

Proteomics:

Introduction to proteomics and applications. Experimental strategies to study the proteome (top-down and bottom-up). Protein cleavage in peptides and protein identification by mass spectrometry. Quantitative proteomics.

Teaching methodologies (including evaluation)

In-person teaching with lectures, solving-problems and database searching classes and laboratory wet experiments. Lectures aim to provide basic knowledge on genomics, transcriptomics and proteomics. Classes to solve problems and to database searching are planned as well as the possibility for students to present a seminar based on a scientific paper containing new/recent development on proteomics. In the laboratory, students will carry out some basic techniques used in genomics and proteomics. Students will be evaluated by a written exam focused on the contents of the lectures and solving problems classes and by a report regarding the laboratory experiments performed. In case students have presented a seminar it will be considered for the final grade, according to a percentage discussed with students. Proposed percentages for the grades to be discussed with students will be: 70 % for the written exam, 20 % for the laboratory report and eventually 10 % for the seminar.

Main Bibliography

Slides from lectures and web addresses from trusted sources for scientific vídeos.

Campbell, A. and Heyer, L., Discovering Genomics, Proteomics and Bioinformatics, Benjamin Cummings, 2006.

Klug, William, Cummings, Michael, Spencer, Charlotte, Palladino, Michael, Killian, Darrell. Concepts of Genetics, 12th Edition, Global edition, 2019.

Liebler, D.C., Introduction to Proteomics, Humana Press, New Jersey, 2002.

Mount, D., Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis (Mount, Bioinformatics) 2nd Edição, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2004

Veenstra, T.D. and Yates III, J.R., Proteomics for Biological Discovery, John Wiley & Sons, New Jersey, 2006.

Online books from NIH library (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/>):

Brown TA. 2022- [Genomes. 2nd edition.](#) Oxford: Wiley-Liss

[The NCBI Handbook \[Internet\]. 2nd edition.](#) Bethesda (MD): National Center for Biotechnology Information (US); 2013