

Genômica Funcional e Bioinformática

Ocorrência: 2.º Ano, 1.º Semestre

Carga Horária: TP: 30,0; PL: 15,0

Área Científica: Biotecnologia

Objetivos de aprendizagem (conhecimentos, aptidões e competências a desenvolver pelos estudantes):

Esta UC tem como principal objetivo fornecer aos estudantes uma visão integrada da estrutura organizacional e do funcionamento dos genes e genomas, tendo em conta os avanços tecnológicos nos métodos de sequenciação, anotação e análise do funcionamento dos mesmos. Os estudantes devem ainda adquirir conhecimentos acerca das ferramentas e metodologias bioinformáticas para buscas e análises de sequências e suas potencialidades para prever a função, bem como análise de dados de expressão genética ao nível do ARN e proteínas.

Conteúdos programáticos:

- 1-Estrutura organizacional de genomas; Sequenciação de genomas; Anotação e análise de genomas; Metagenómica.
- 2-Mecanismos de evolução dos genomas e filogenia molecular; Genómica comparativa; Definição de Genes ortólogos e parálogos.
- 3-Análise da expressão genética à escala do genoma: transcritómica e proteómica de expressão.
- 4-Genómica funcional. Metabolómica, RNómica, metagenómica e outras ómicas.
- 5-Introdução à Bioinformática. Alinhamento de sequências: simples e múltiplos; Pesquisa de motivos: representação de motivos e sistemas de pesquisa disponíveis na web; Análise de dados de microarrays.
- 6-Aplicações em Biotecnologia.

Prática laboratorial:

Utilização de ferramentas bioinformáticas para realizar alinhamentos de sequências e pesquisas em bases de dados (BLAST e Clustal), análises filogenéticas e cladogramas, pesquisa de motivos e previsão funcional de genes, efetuar a previsão de estrutura de proteínas, interpretação do significado biológico de dados à escala do genoma.

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

Esta UC visa fornecer aos estudantes uma visão integrada e global dos genomas e metodologias para os analisar, com recurso a técnicas de bioinformática. O programa da UC está de acordo com os objetivos propostos.

Metodologias de ensino (avaliação incluída):

A UC é lecionada recorrendo a métodos expositivos e demonstrativos com suporte informático de PowerPoint. A UC é composta por uma componente teórico-prática, em que os estudantes discutirão temas da atualidade no campo da genómica estrutural, evolutiva e funcional e das novas tecnologias ómicas. A componente prática laboratorial tem por objetivo familiarizar os estudantes com as ferramentas e bases de dados disponíveis, e aplicar os conteúdos teóricos na análise bioinformática aplicada a diversos casos estudo.

A avaliação poderá ser contínua, ao longo do semestre, constituída pela realização de 2 frequências (25% cada Teste), avaliação dos trabalhos práticos (40%) e do desempenho em contexto de sala de aula (10%). Para além disso, a avaliação poderá ainda ser composta unicamente pelo exame final (100%) ou o exame pode substituir as frequências e desempenho em sala de aula (tendo um peso de 60%).

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

As metodologias de ensino incluem aulas teóricas/práticas que recorrem a uma estratégia de exposição em sala de aula com o objetivo de transmitir conceitos, definições e aplicação em casos estudo dos mesmos para discussão. A exposição teórica pretende transmitir ao estudante o conhecimento necessário para a persecução dos objetivos da unidade curricular. A componente prática das aulas visa que o estudante adquira competência para compreender, descrever e relacionar o conhecimento. Esta é ainda complementada com as aulas práticas-laboratoriais em que se pretende que os estudantes apliquem os conhecimentos teóricos na interpretação dos resultados dos trabalhos e adquiram competências na manipulação de ferramentas bioinformáticas relevantes para o desenvolvimento biotecnológico. O regime de avaliação por trabalhos, testes e em contexto de sala de aula, foi estabelecido para uma aferição acompanhada das competências adquiridas, ao longo do semestre. A avaliação por exame final ou em conjugação com os trabalhos práticos permite também aferir se as competências de integração de conhecimentos foram alcançadas.

Bibliografia:

- C.W. Sensen, Handbook of Genome Research, vol. I e vol. II, 2005. (ISBN 3-527-31348-6).
- T. A. Brown, Gene Cloning and DNA Analysis, An Introduction, 2010, 6.ª edição, Wiley-Blackwell.
- Terry Brown, Genomes 3. Bios Scientific Publishers, 2006, Oxford. (ISBN 9780815341383).
- Robert F. Weaver, Molecular Biology, 5.ª edição, McGraw Hill, 2011. (ISBN: 9780073525327).
- A.D. Baxevanis, B.F.F. Ouellette, Bioinformatics: A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins, 3.ª edição, 2005, Wiley Interscience. (ISBN 978-0-471-38391-8).
- M. Borodovsky, S. Ekisheva, Problems and Solutions in Biological Sequence Analysis, Cambridge University Press, 2007. (ISBN 978-0-521-61230-2).
- Mount, D., Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis, 2.ª edição, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2004. (ISBN 978-0-879-69712-9).
- Durbin, R., Eddy, S.R., Krogh, A., Mitchison, G., Biological Sequence Analysis: Probabilistic Models of Proteins and Nucleic Acids, Cambridge University Press, 2004. (ISBN 978-0-521-62971-3).
- Artigos científicos e outros documentos fornecidos pelo docente.

Functional Genomics and Bioinformatics

Calendar: 2nd Year, 1st Semester

Contact Hours: TP: 30.0; PL: 15.0

Scientific Area: Biotechnology

Intended learning outcomes (knowledge, skills and competences to be developed by the students):

This curricular unit is designed primarily to provide students with an integrated view of the structure and function of genes and genomes, taking into account advances in methods of sequencing, annotation and analysis. Students are expected to use bioinformatics' tools to perform sequence searches and analysis and comprehend their usefulness for function prediction as well as acquiring knowledge about the analysis of RNA and protein expression.

Syllabus:

- 1-Organizational structure of genomes; Methods for genome sequencing, genome analysis and annotation.
- 2-Evolution of genomes and molecular phylogeny. Comparative Genomics. Definition of orthologs and paralogs genes.
- 3-Analysis of the genome-wide gene expression by proteomics and transcriptomics approach.
- 4-Functional Genomics. Metabolomics, RNomics, metagenomics and other omics.
- 5-Applications of bioinformatics in genomics. Algorithms for sequence alignment: single and multiple alignments; motif-search algorithms: motif representation and search systems available on the web.
- 6-Biotechnological applications.

Laboratorial practical classes:

Use of bioinformatic tools to perform sequence alignments and sequence database searches (BLAST e Clustal), phylogenetic analysis and cladograms, motif search and prediction of gene function, prediction of protein structure, interpretation of biological significance of genome-scale data.

Evidence of the syllabus coherence with the curricular unit's intended learning outcomes:

This curricular unit aims to provide students with an integrated and comprehensive view of genomes and methodologies to analyse them, by means of a bioinformatics tools. The CU program is according to the proposed objectives.

Teaching methodologies (including evaluation):

The curricular unit is taught using expository and demonstrative methods with computer support PowerPoint presentations. The curricular unit consists of a theoretical and practical component in which students discuss current topics in the field of structural, evolutionary and functional genomics. The assessment can be continuous throughout the semester, composed by 2 tests (25% each), the elaboration of the practical classes works (40%) and the evaluation of performance in classroom. Furthermore, the evaluation may also be composed by the final exam solely (100%) or alternatively, the final exam may substitute the Tests and performance in classroom (60%).

Evidence of the teaching methodologies coherence with the curricular unit's intended learning outcomes:

The teaching methods include theoretical-practical classes in which a strategy of theoretical exposure in the classroom with the goal of passing concepts, definitions and their application through case studies will be used. The lectures are intended to convey to the student the knowledge to pursue the objectives of the curricular unit while the theoretical and practical component of the lessons aims that the student acquires competences to understand, describe and relate knowledge. Furthermore, the curricular unit comprises laboratory practical classes that aim enabling the students to employ the theoretical concepts to analyse and interpret data, while getting familiarized with bioinformatic tools that are the basis for biotechnological development. The evaluation scheme for assignments, performance in classroom and tests was established for an accompanied assessment of skills acquired throughout the semester. The evaluation by final exam or exam plus assignments also allows to assess whether the skills to integrate knowledge were achieved.

Bibliography:

- C.W. Sensen, Handbook of Genome Research, vol. I and vol. II, 2005. (ISBN 3-527-31348-6).
- T. A. Brown, Gene Cloning and DNA Analysis, An Introduction, 2010, 6th edition, Wiley-Blackwell.
- Terry Brown, Genomes 3. Bios Scientific Publishers, 2006, Oxford. (ISBN 9780815341383).
- Robert F. Weaver, Molecular Biology, 5th edition, McGraw Hill, 2011. (ISBN: 9780073525327).
- A.D. Baxevanis, B.F.F. Ouellette, Bioinformatics: A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins, 3rd edition, 2005, Wiley Interscience. (ISBN 978-0-471-38391-8).
- M. Borodovsky, S. Ekisheva, Problems and Solutions in Biological Sequence Analysis, Cambridge University Press, 2007. (ISBN 978-0-521-61230-2).
- Mount, D., Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis, 2nd edition, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2004. (ISBN 978-0-879-69712-9).
- Durbin, R., Eddy, S.R., Krogh, A., Mitchison, G., Biological Sequence Analysis: Probabilistic Models of Proteins and Nucleic Acids, Cambridge University Press, 2004. (ISBN 978-0-521-62971-3).
- Scientific papers and other documents provided by the teacher.