

Unidade Curricular	Genómica e Proteómica	Área Científica	Biologia e bioquímica
Licenciatura em	Biologia e Biotecnologia	Escola	Escola Superior Agrária de Bragança
Ano Letivo	2020/2021	Ano Curricular	3
Tipo	Semestral	Semestre	1
Horas totais de trabalho	162	Horas de Contacto	T 30 TP - PL 30 TC - S - E - OT 4 O -
Nível	1-3	Créditos ECTS	6.0
Código	9029-510-3105-00-20		

T - Ensino Teórico; TP - Teórico Prático; PL - Prático e Laboratorial; TC - Trabalho de Campo; S - Seminário; E - Estágio; OT - Orientação Tutoria; O - Outra

Nome(s) do(s) docente(s) Altino Branco Choupina, Joaquina Teresa Gaudêncio Dias

Resultados da aprendizagem e competências

No fim da unidade curricular o aluno deve ser capaz de:

1. Compreender a estrutura de genomas eucariotas e procaríotas.
2. Construir mapas físicos de genes e cromossomas e fazer o sequenciamento e análise de genomas inteiros.
3. Conhecer as principais técnicas de comparação de genomas.
4. Construir e analisar bibliotecas genómicas e de cDNA.
5. Fazer a detecção de transcritos e estudo da expressão diferencial de transcritos.
6. Compreender a natureza dinâmica do proteoma.
7. Conhecer as metodologias utilizadas na análise do proteoma incluindo a electroforese bi-dimensional, espectrometria de massa, cromatografia, cristalografia de raio-X e métodos bioinformáticos.
8. Desenvolver competências que permitam aplicar as diferentes abordagens metodológicas no domínio da Genómica e Proteómica.

Pré-requisitos

Antes da unidade curricular o aluno deve ser capaz de:

Conhecimentos de informática, biologia molecular, genética, engenharia genética e estatística.

Conteúdo da unidade curricular

Mapas físicos de genes e cromossomas e sequenciamento e análise de genomas. Estrutura de genomas eucariotas e procaríotas. Construção e análise de bibliotecas genómicas e de cDNA. Detecção de transcritos e estudo da sua expressão diferencial. Conceitos gerais da Proteómica. Métodos de análise do proteoma: electroforese mono e bidimensional, cromatografia e espectrometria de massa. Determinação e previsão de estruturas de proteínas: cristalografia de raio-X, RMN, modelação por homologia.

Conteúdo da unidade curricular (versão detalhada)

1. Estratégias de sequenciamento de genomas:
 - YACS.
 - Cosmídeos.
 - Enzimas de corte frequente.
2. Mapeamento de genomas por métodos físicos:
 - Marcação e localização das extremidades dos cosmídeos ou YACS.
 - Fish e Prins.
3. Anotação génica e genómica comparativa:
4. Construção de bibliotecas de cDNA (convencional, substrativa e normalizada)
5. Sequenciamento e análise do transcriptoma: ESTs e ORESTES.
6. Avaliação da expressão génica: Differential display, SAGE, RT-PCR, Microarrays, iRNA.
7. Conceitos gerais da Proteómica.
8. Principais metodologias utilizadas em Proteómica de Expressão:
 - Processamento de amostras para preparação do extrato proteico.
 - Métodos de separação de proteínas: electroforese em gel de poliacrilamida mono- e bi-dimensional.
 - Métodos de detecção de proteínas em gel.
 - Métodos de identificação de proteínas: espectrometria de massa, anticorpos.
 - Análise de dados obtidos por electroforese dimensional com ferramentas bioinformáticas.
 - Métodos cromatográficos de separação de proteínas: troca iónica, exclusão molecular e afinidade.
9. Exemplos de aplicações biotecnológicas e clínicas da proteómica de expressão:
 - Descoberta de biomarcadores proteicos em diferentes patologias.
 - Descoberta de proteínas alvo para o desenvolvimento de novos fármacos.
 - Descoberta de novos produtos proteicos de origem natural de alto valor comercial.
10. Principais metodologias utilizadas em Proteómica Estrutural:
 - Determinação de estruturas 3D de proteínas por cristalografia de raio-X e RMN.
 - Previsão da estrutura 3D de proteínas : modelação por homologia e Ab Initio.

Bibliografia recomendada

1. Ginsburg G. S. and Huntington F. W. (2013). Genomic and Personalized Medicine, Second Edition. Elsevier Inc.
2. Lesk. A. M. (2012). Introduction to Genomics Second Edition. Amazon. com, Inc.
3. Pevsner J. (2015). Bioinformatics and Functional Genomics, Third Edition. Wiley-Blackwell Inc.
4. Lovric J. (2011) Introducing Proteomics: From Concepts to Sample Separation, Mass Spectrometry and Data Analysis. First Edition, Wiley-Blackwell Press, New Jersey, USA.
5. Sallam R. M. (2015) Proteomics in cancer biomarkers discovery: challenges and applications. Disease Markers, Review, 1-12.

Métodos de ensino e de aprendizagem

Aulas teóricas – 2 aulas semanais de 1 hora. Metodologia expositiva, com recurso a meios audiovisuais. Disponibilização de materiais de estudo por via dos recursos de e-learning. Aulas práticas – 1 aula semanal de 2 horas. Realização de trabalhos práticos laboratoriais, com recursos a equipamentos disponível nos laboratórios de Biologia Molecular, Bioquímica e Informática.

Alternativas de avaliação

- Alternativa 1 - (Ordinário, Trabalhador) (Final, Recurso, Especial)
 - Prova Intercalar Escrita - 25% (Componente teórica de Genómica.)
 - Exame Final Escrito - 25% (Componente teórica de Proteómica.)

Alternativas de avaliação

- Relatório e Guiões - 50% (Componente prática: Relatórios escritos sobre trabalhos práticos laboratoriais e computacionais.)

Língua em que é ministrada

1. Português
2. Inglês

Validação Eletrónica

Altino Branco Choupina, Joaquina Teresa Gaudêncio Dias	Rui Miguel Vaz de Abreu	Altino Branco Choupina	Maria José Miranda Arabolaza
02-11-2020	11-11-2020	11-11-2020	12-11-2020