



Universidade Federal do Ceará
Pró-Reitoria de Pesquisa e Pós-Graduação

FORMULÁRIO PARA CRIAÇÃO DE COMPONENTE CURRICULAR

1. IDENTIFICAÇÃO DO PROGRAMA:		
Programa	Pós-Graduação em Farmacologia	
2. TIPO DE COMPONENTE:		
Atividade ()	Disciplina ()	Módulo (X)
3. NÍVEL:		
Mestrado (x)	Doutorado (x)	
4. IDENTIFICAÇÃO DO COMPONENTE:		
Nome:	TECNOLOGIAS AVANÇADAS E BIOINFORMÁTICA APLICADA ÀS CIÊNCIAS “ÔMICAS”	
Name:	ADVANCED TECHNOLOGIES AND BIOINFORMATICS APPLIED TO THE “OMICS” SCIENCES	
Código:	SGP8666	
Carga Horária Prática:	16 h/a	
Carga Horária Teórica:	32 h/a	
Nº de Créditos:	03	
Optativa:	Sim (x)	Não ()
Obrigatória:	Sim ()	Não (X)
Área de Concentração:	Medicina, Farmacologia e Biomedicina	
5. DOCENTES RESPONSÁVEIS: Sintia Almeida Fábio Miyajima		
6. JUSTIFICATIVA: Na última década tem havido um substancial avanço tecnológico no campo das ciências ômicas (genômica, transcriptômica, proteômica, metabolômica, micro/metagenômica). Ao possibilitar abordagens globais livres de hipóteses, houve um vertiginoso aumento na geração de dados por essas novas tecnologias que não foi necessariamente acompanhada pela nossa capacidade de processar e interpretar essas informações. Apesar do incremento na produção científica em temas complexos, a geração de conhecimentos e avanço científico não foram ainda maximizados, havendo claramente a necessidade de mais soluções na integração efetiva multi-ômica e de metadados E priorização na formação de recursos humanos especializados. O conhecimento básico da bioinformática é essencial para o entendimento dos processos envolvidos		

nos trabalhos que se utilizam de sequenciamento de material genético. Existem diversas ferramentas para análise bioinformática, e o conhecimento é necessário para que as aplicações sejam adequadas e as perguntas biológicas associadas aos projetos sejam devidamente respondidas.

7. OBJETIVOS:

Ao final do curso, o aluno deverá estar habilitado a:

- Executar análises primárias de bioinformática;
- Identificar as aplicações e limitações de algumas ferramentas bioinformáticas;
- Escolher abordagens estatísticas que respondam a demanda do projeto;
- Desenvolver estratégias para acessar a informação dos dados de sequenciamento;
- Planejar experimentos escolhendo número de amostras e profundidade de sequenciamento.

8. EMENTA: Introdução a sistemas operacionais e uso de terminais UNIX. Replicação, Transcrição e Tradução. Noções de programação. Alinhamento de Sequências simples (Needleman-Wunsch, Smith-Waterman, BLAST). Métodos de alinhamentos múltiplos. Filogenia. Análise de Clusters. Desenho experimental. Métodos de sequenciamento, montagem e anotação funcional. Análise de dados ômicos.

9. PROGRAMA DA DISCIPLINA/ATIVIDADE/MÓDULO:

Teórico: Sistemas operacionais/Usos de Terminal; Métodos e técnicas de pesquisa em bioinformática; Bancos de dados em bioinformática; Alinhamento de sequências; Sequenciamento NGS/Formatos de arquivos; Conceitos de Desenho experimental; Análise e avaliação de experimentos ômicos; Montagem/Anotação de dados ômicos; Expressão diferencial; Exoma / Variantes de sequências / GWAS; Abordagens para estudos de Microbiomas.

Prático: Comandos básicos em Linux; Pesquisa e obtenção de dados públicos; Análise de qualidade e Filtragem de dados de sequenciamento; Normalização; Anotação funcional automática e manual; Ferramentas de montagem e anotação de dados ômicos.

- Os recursos computacionais para as aulas serão utilizados em conjunto com a central genômica e de bioinformática acessados via terminal remoto conectado ao Workstation Tereido do Labbmar e/ou acessados via terminal remoto conectado à Plataforma de Bioinformática do Instituto René Rachou – Fiocruz Minas, ou da UFMG.

10. AVALIAÇÃO:

- Frequência
- Seminários com debates
- Avaliação do desempenho e integração do aluno nas aulas teóricas e práticas

A nota de seminário levará em consideração a qualidade didática, cumprimento do tempo previsto, apresentação e pensamento crítico do apresentador em relação ao artigo científico/tarefa designada e assuntos relacionados ora em exposição, bem como qualidade dos slides e material apresentado, organização, clareza de idéias e capacidade de responder a perguntas e oferecer soluções/alternativas.

11. BIBLIOGRAFIA BÁSICA

BAXEVANIS, A. D.; FRANCIS OUELLETTE, B. F. *Bioinformatics: A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins*. Second Edition. Wiley, 2001.

LESK, A. M. *Introdução à bioinformática*. 2ª ed. Porto Alegre: Artmed, 2008.

RAMSDEN, J. *Bioinformatics: an introduction*. Second edition. Springer, 2009.

12. BIBLIOGRAFIA COMPLEMENTAR

DI BELLA et al. High throughput sequencing methods and analysis for microbiome research. *Journal of Microbiological Methods*, 2013

EDWARDS, D.; STAJICH, J. E.; HANSEN, D. *Bioinformatics: Tools and Applications*. Springer, 2009.

FULEKAR, M. H. *Bioinformatics: applications in life and environmental sciences*. Springer, 2009.

MILLOT, G. *Comprendre et réaliser les tests statistiques à l'aide de R*. de Boeck. 4e Édition | Janvier 2018

MOUNT, D.W. *Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis*, 2ª ed. Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2004.

SPERSCHNEIDER, V.; SPERSCHNEIDER, J.; SCHEUBERT, L. *Bioinformatics: problem solving paradigms*. Springer, 2008.

ZHANG, W. (Ed.). *Computational and statistical approaches to genomics*. Boston: Kluwer Academic Publishers, 2002 329 p.

Controle de qualidade e limpeza de dados de sequenciamento

• FASTQC: <http://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc/Help/>

• Cutadapt: <http://cutadapt.readthedocs.org/en/stable/guide.html>

Montagem de Transcriptomas

• Trinity: <https://github.com/trinityrnaseq/trinityrnaseq/wiki>

Grabherr MG, et al. (2011) Full-length transcriptome assembly from RNA-Seq data without a reference genome. *Nat Biotechnol* 29(7):644-652. (<http://dx.doi.org/10.1038/nbt.1883>)

• Cufflinks: <http://cole-trapnell-lab.github.io/cufflinks/manual/>

Trapnell C, et al. (2012) Differential gene and transcript expression analysis of RNA-seq experiments with TopHat and Cufflinks. *Nature protocols* 7(3):562-578.

(<http://www.nature.com/nprot/journal/v7/n3/full/nprot.2012.016.html>)

• Comparisons and reviews

Martin JA, Wang Z (2011) Next-generation transcriptome assembly. *Nat Rev Genet* 12(10): 671-682.

(<http://www.nature.com/nrg/journal/v12/n10/full/nrg3068.html>)

Clarke K, Yang Y, Marsh R, Xie L, Zhang KK (2013) Comparative analysis of de novo transcriptome assembly. *Science China Life sciences* 56(2):156-162.

(<http://link.springer.com/article/10.1007%2Fs11427-013-4444-x>)

Zhao QY, et al. (2011) Optimizing de novo transcriptome assembly from short-read RNA-Seq data: a comparative study. *BMC Bioinformatics* 12 Suppl 14:S2. (<http://www.biomedcentral.com/1471-2105/12/S14/S2>)

Expressão gênica

• eXpress: <http://bio.math.berkeley.edu/eXpress/overview.html>

• EdgeR: <https://bioconductor.org/packages/release/bioc/html/edgeR.html>

• Expander: <http://acgt.cs.tau.ac.il/expander/index.html>

Metagenoma/r16S

MGRAB: <https://www.mg-rast.org/>

Qiime2: <https://qiime2.org>

Tag.me: <https://gabrielrfernandes.github.io/tagme/>