



UNIVERSIDADE ESTADUAL DE SANTA CRUZ – UESC
DEPARTAMENTO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS - DCB



PLANO DE ENSINO/PROGRAMA DE DISCIPLINA

PROFESSOR(A): ERIC ROBERTO GUIMARÃES ROCHA AGUIAR

CARACTERIZAÇÃO DA DISCIPLINA

CÓDIGO: CIB083

SEMESTRE: 2024.1

DISCIPLINA:

T.E. EM GBM IV: CONSTRUÇÃO E ANÁLISE DE BIBLIOTECAS DE SEQUENCIAMENTO EM LARGA ESCALA DE RNA

PRÉ-REQUISITOS:

CARGA HORÁRIA:

Teórica:60

Prática:0

Total: 60 horas

CRÉDITO:

Teórica:4

Prática:0

Total: 4 créditos

EMENTA:

Introdução à Genética Molecular; Introdução ao Sequenciamento de Nova Geração e construção de bibliotecas; Planejamento de Experimentos; Os pequenos RNAs e seu papel na interação patógeno-hospedeiro: siRNA, miRNAs e piRNAs; Principais Formatos de Arquivos; Análise de padrões moleculares; Análise de miRNAs; Linux e R; Longos RNAs, Pequenos RNAs e expressão diferencial;

OBJETIVOS:

- Fornecer ao aluno fundamentação teórica básica de aspectos da Bioinformática, Dados derivados de Sequenciamento de Nova Geração (NGS), Instrumentos de Sequenciamento, Construção de Bibliotecas de Sequenciamento e ferramentas de processamento de dados.
- Desenvolver o senso crítico de observação e análise de trabalhos de Bioinformática e NGS, sob o ponto de vista científico.

METODOLOGIA:

- Aula expositiva participativa
- Aulas práticas com auxílio de computadores
- Exploração de ilustrações e esquemas
- Aplicação de exercícios, Leitura orientada e discussão de artigos científicos
- Acesso a servidor e prática de Linux

AValiação:

Realizada de forma qualitativa, pela observação direta da participação do aluno nas discussões e apresentação de seminários, e quantitativa, pela correção de questões escritas e desenvolvimento de atividades nas aulas práticas.

CONTEÚDO PROGRAMÁTICO:

1. Dogma Central da Biologia
 - 1.1. Genomas e genes
 - 1.2. Transcrição e Tradução
 - 1.3. Elementos não codificantes
2. Sequenciamento de Nova Geração



UNIVERSIDADE ESTADUAL DE SANTA CRUZ – UESC
DEPARTAMENTO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS - DCB



- 2.1. Principais Estratégias de sequenciamento
- 2.2. Aplicações do Sequenciamento de Nova Geração
- 2.3. Construção de bibliotecas de sequenciamento
- 2.4. Planejamento de experimentos
- 2.5. Limitações
3. Principais Formatos de Arquivo
 - 3.1. Fasta
 - 3.2. FastQ
 - 3.3. SAM/BAM
 - 3.4. GFF
 - 3.5. BED
4. Bancos de Dados Biológicos
 - 4.1. Bancos de dados Primários e Secundários
 - 4.2. Bancos de Dados Gerais
 - 4.3. Bancos de Dados Específicos
5. Introdução ao terminal Linux
 - 5.1. O que é e para que serve
 - 5.2. Principais comandos (cd, ls, cp, rm, etc)
 - 5.3. Acessando servidores remotos
6. Sequenciamento de Nova Geração
 - 6.1. Principais Estratégias de sequenciamento
 - 6.2. Aplicações do Sequenciamento de Nova Geração
 - 6.3. Construção de bibliotecas de Sequenciamento de RNA
 - 6.4. Planejamento de experimentos
 - 6.5. Limitações
7. Processamento de dados de Sequenciamento de Nova Geração
 - 7.1. FastQC
 - 7.2. Trimmomatic (remoção de adaptadores e filtro por qualidade)
 - 7.3. Mapeamento de transcritos e Quantificação
 - 7.4. DESeq e expressão diferencial de Genes e MicroRNAs
8. R e Gráficos
 - 8.1. Introdução à linguagem R
 - 8.2. Importação de dados genômicos e transcriptômicos
 - 8.3. Lidando com dados de quantificação e expressão diferencial
 - 8.4. Heatmaps e clusterização

REFERÊNCIAS:

Bibliografia e artigos de referência:

1. Giachetto, Poliana Fernanda, and Roberto Hiroshi Higa. "Bioinformática aplicada à agricultura." Embrapa Informática Agropecuária-Capítulo em livro científico (ALICE) (2014).
2. Jean-Michel, C., & Notredame, C. (2007). Bioinformatics for Dummies. Wiley Publishing, Inc, 111, 07030-5774.
3. Sasd LESK, Arthur. Introduction to bioinformatics. Oxford university press, 2019.
4. MOREIRA, L. M. Ciências genômicas: fundamentos e aplicações. Moreira, LM & Varani, AM Plasticidade e fluxo genômico. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, v. 1, p. 101-116, 2015.
5. Wang, Z., Gerstein, M., & Snyder, M. (2009). RNA-Seq: a revolutionary tool for transcriptomics. Nature reviews genetics, 10(1), 57-63.
6. MacLean, D., Jones, J. D., & Studholme, D. J. (2009). Application of next-generation sequencing technologies to microbial genetics. Nature Reviews Microbiology, 7(4), 96-97.



UNIVERSIDADE ESTADUAL DE SANTA CRUZ – UESC
DEPARTAMENTO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS - DCB



7. Alberts, B., Johnson, A., Lewis, J., Morgan, D., Raff, M., Roberts, K., ... & Hunt, T. (2010). Biologia molecular da célula. Artmed Editora.
8. LeBlanc, Dee-Ann. *Linux for dummies*. John Wiley & Sons, 2006.
9. Lesk, Arthur M. *Introdução à bioinformática*. Artmed, 2nd Edição. 2021.

Revistas especializadas:

Bioinformatics, BMC Bioinformatics, Nature Reviews Genetics, Nature Microbiology, Nature Biotechnology, PNAS, Plant Journal, EMBO

Videos relacionados:

Dogma Central da Biologia – Khan academy

<https://www.youtube.com/watch?v=cSCQ1NW3DrI>

O que é Bioinformática – Online Bioinfo

<https://www.youtube.com/watch?v=GTtHJ10u2jQ>

Formatos de Arquivos

<https://www.youtube.com/watch?v=zp6zi-d8i90>

Linux e Bash na Bioinformática

<https://www.youtube.com/watch?v=FJ8cB-CmbGY>

Sites:

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>

<https://www.ebi.ac.uk/services>

<http://labbi.uesc.br>,

www.sanger.ac.uk/Software/Pfam/

LOCAL:

DATA:

ASSINATURA PROFESSOR(A):