



MESTRADO PROFISSIONAL
“USO SUSTENTÁVEL DE RECURSOS NATURAIS EM REGIÕES TROPICAIS”

Genômica Ambiental

Turma: 2209	Carga horária: 60h	Créditos: 4	Tipo: Optativa
--------------------	---------------------------	--------------------	-----------------------

Docente Responsável	CV Lattes
Gisele Lopes Nunes, PhD	http://lattes.cnpq.br/3556038649723252
Santelmo Vasconcelos, PhD	http://lattes.cnpq.br/8188022776360266

OBJETIVOS, METODOLOGIA E RESULTADOS ESPERADOS

A disciplina visa introduzir o aluno e desenvolver habilidades iniciais em genômica e bioinformática. O foco do curso é embasado na solução de problemas genômicos a partir do desenvolvimento de um projeto com dados reais. Projetos envolvendo a análise de DNA *barcoding* e DNA *metabarcoding* serão apresentados e estes poderão ser escolhidos pelos alunos. Serão fornecidas ferramentas de bioinformática, acesso ao cluster do ITV e dados brutos relacionados ao projeto escolhido para a execução das atividades que devem ser desenvolvidas durante a disciplina. A cada grupo será indicado um tutor a fim de sanar as dúvidas recorrentes. O tutor irá apontar ao aluno a literatura adequada ao problema, discutir com o aluno as abordagens experimentais propostas, revisar o progresso no projeto, indicar outros pesquisadores ou pós-doutores para explicar um assunto específico, avaliar o projeto final. Os alunos terão alguns dias selecionados com o tutor para o acompanhamento do projeto. Nesse momento, o grupo apresentará o status do desenvolvimento do seu projeto e passos futuros. Espera-se que o aluno não somente execute o trabalho, mas que também tenha um entendimento dos processos e ferramentas utilizadas. Ao final será apresentado um relatório escrito e será feita uma apresentação oral dos resultados.



A disciplina terá poucos alunos pela sua natureza PBL (Problem-Based Learning) e aprendizado cooperativo. O aluno deve estar muito motivado e pronto para dedicar-se intensamente ao curso.

AVALIAÇÃO

A avaliação da disciplina consistirá em duas etapas: i) Seminários: apresentação de artigos científicos ii) Prática: apresentação de um projeto contemplando aspectos teóricos e aplicados de genômica e bioinformática.

SOBRE A CARGA HORÁRIA

1. Teórico: Aplicações Genômica, DNA *barcoding* e *metabarcoding* e filogenia;
2. Teórico: Discussão e seleção dos projetos;
3. Teórico: Leitura de literatura específica indicada pelo tutor;
4. Prático: Execução do projeto selecionado para cada grupo;
5. Prático: Apresentação de resultados e andamento do projeto;
6. Prático: Apresentação final dos resultados da análise.

CRONOGRAMA (04 a 15 jul. 2021)

Data	Hora	Conteúdo
1	9-12h	Aplicações da genômica e bioinformática na pesquisa contemporânea (Gisele) Seleção artigo científico (Seminário)
	14-17h	A abordagem do curso PBL e aprendizado cooperativo (Gisele) Apresentação dos projetos Seleção dos grupos Seleção dos projetos de trabalho por grupo Indicação do tutor
2	9-12h	DNA metabarcoding (Gisele)
	14-17h	Pipeline Pimba (Renato/Gisele)



3	9-12h	Prática – DNA Metabarcoding
	14-17h	Prática – DNA Metabarcoding
4	9-10h	Reunião com o tutor
5	9-12h	Reunião com o tutor
	14-17h	Apresentação Seminário
6	9-12h	Filogenética (Santelmo)
	14-17h	Filogenética (Santelmo)
7	9-10h	Reunião com o tutor
8	9-10h	Reunião com o tutor
9	9-10h	Reunião com o tutor
10	12-17h	Apresentação final dos trabalhos

BIBLIOGRAFIA RECOMENDADA

ZARA, A.; FERREIRA, H. B.; PASSAGLIA, L. M. P. (orgs). **Biologia Molecular Básica**. 5. ed. Porto Alegre: Editora Artmed, 2014.

WATSON, J. D. *et al.* **Biologia Molecular do Gene**. 7. ed. Porto Alegre: Editora Artmed, 2015.

CANHOS, V. P. *et al.* Global Biodiversity Informatics: setting the scene for a “new world” of ecological forecasting. **Biodiversity Informatics**, v.1, p. 1-13, 2004.

Oliveira, R. R. M.; Silva, R.; Nunes, G. L.; Oliveira, G. **PIMBA: A Pipeline for MetaBarcoding Analysis**. *In: Advances in Bioinformatics and Computational Biology*. Springer International Publishing, 2021.

PIMBA’s implementation is available at <https://github.com/reinator/pimba>

BARNES, C. J.; RASMUSSEN, L.; ASPLUND, M.; KNUDSEN, S. W.; CLAUSEN, M.-L.; AGNER, T.; HANSEN, A. J. Comparing DADA2 and OTU clustering approaches in studying the bacterial communities of atopic dermatitis. **J. Med. Microbiol.**, 69 (2020), pp. 1293-1302, 10.1099/jmm.0.001256

Haris Zafeiropoulos, Ha Quoc Viet, Katerina Vasileiadou, Antonis Potirakis, Christos Arvanitidis, Pantelis Topalis, Christina Pavludi, Evangelos Pafilis, PEMA: a flexible Pipeline for Environmental DNA Metabarcoding Analysis of the



16S/18S ribosomal RNA, ITS, and COI marker genes, GigaScience, Volume 9, Issue 3, March 2020, giaa022, <https://doi.org/10.1093/gigascience/giaa022>

OTHMAN, N. et al. A Review on Environmental DNA (eDNA) Metabarcoding Markers for Wildlife Monitoring Research. In: IOP Conference Series: Earth and Environmental Science. IOP Publishing, 2021. p. 012054.

ELSAIED, Hosam et al. Applications and challenges of DNA barcoding and metabarcoding in African fisheries. The Egyptian Journal of Aquatic Research, 2021.