



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

Genômica e Bioinformática

Turma: 2505	Carga horária: 60h	Créditos: 4
Tipo: Recomendada		Modalidade: Presencial

Docentes Responsáveis	CV Lattes
Gisele Lopes Nunes, PhD	http://lattes.cnpq.br/3556038649723252
Santelmo Vasconcelos, PhD	http://lattes.cnpq.br/8188022776360266
Renato Renison Moreira Oliveira, PhD	http://lattes.cnpq.br/4392006636286456

OBJETIVOS, METODOLOGIA E RESULTADOS ESPERADOS

Disciplina teórico-prática sobre montagem e anotação de genomas mitocondriais e plastidiais utilizando ferramentas de bioinformática. Estudos filogenéticos também serão abordados na disciplina.

A disciplina visa introduzir o aluno e desenvolver habilidades iniciais em genômica e bioinformática. O foco do curso é embasado no aprendizado de montagem e anotação de genomas mitocondriais e plastidiais, assim como análises filogenéticas com base em genes que compõem mitogenomas e/ou cloroplastos. Serão fornecidos acesso ao cluster do ITV, permitindo a utilização de ferramentas de bioinformática e dados brutos de sequenciamento para que possam realizar as atividades práticas durante a disciplina. A cada atividade 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. 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.

Requisitos:

- Pré-requisito – conhecimento em Linux.
- Mínimo de 8 inscritos para ocorrência da disciplina.

AVALIAÇÃO

A avaliação da disciplina consistirá na entrega de um relatório contendo as montagens realizadas, metodologias e conclusões com apresentação oral contemplando aspectos teóricos e aplicados durante a disciplina.

ESTRUTURA

1. Introdução à genômica;
2. Algoritmos para montagem de genomas;
3. Tratamento de qualidade das sequências de DNA;
4. Montagem de genomas plastidiais e mitocondriais;
5. Anotação de genomas plastidiais e mitocondriais;
6. Curadoria da montagem e anotação;
7. Filogenia.

BIBLIOGRAFIA RECOMENDADA

Biologia Molecular Básica, Zaha A et al., 5ª Edição, Editora Artmed.

Biologia Molecular do Gene, Watson JD et al., 7ª Edição, Editora ArtmedCanhos V. et al. 2004.

Global Biodiversity Informatics: setting the scene for a “new world” of ecological forecasting. **Biodiversity Informatics** 1, 1-13.

PEVZNER, Pavel; SHAMIR, Ron (Ed.). **Bioinformatics for biologists**. Cambridge University Press, 2011.

MOUNT, David. **Bioinformatics**: Sequence and Genome Analysis. 2013.



Nicolas Dierckxsens, Patrick Mardulyn, Guillaume Smits, NOVOPlasty: de novo assembly of organelle genomes from whole genome data, **Nucleic Acids Research**, Volume 45, Issue 4, 28 February 2017, Page e18, <https://doi.org/10.1093/nar/gkw955>