

UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO
EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS



DISCIPLINA : *Bioinformática*
PROFESSOR : *Alexandre Siqueira Guedes Coelho*

CARGA HORÁRIA: 60h (4 créditos)

Objetivo

- Proporcionar ao aluno o desenvolvimento de uma visão clara e atualizada a respeito da Bioinformática e de suas modernas aplicações na análise genômica.

- g. Reconstrução do transcrito via *RNAseq*.
- h. Análise de expressão gênica por *RNAseq*.
- i. Análise de dados de metagenômica.

Programa

1. Histórico. A demanda por ferramentas de Bioinformática.
2. Introdução à análise genômica.
 - a. Estrutura genômica de procariotos e eucariotos.
 - b. Ferramentas de análise genômica. Tecnologia do *DNA* Recombinante. Construção de bibliotecas de *DNA*.
 - c. Métodos de sequenciamento de *DNA*.
 - i. O método de Sanger e suas derivações.
 - ii. Os métodos de sequenciamento de *DNA* de próxima geração (*Next Generation Sequencing* - *NGS*).
 - d. Estratégias de sequenciamento de genomas.
3. Ferramentas básicas de análise de seqüências de *DNA* e proteínas.
 - a. Recursos e ferramentas de análise do *NCBI*.
 - b. A análise *BLAST*.
 - c. Ferramentas de desenho de *primers*.
 - d. Ferramentas de identificação de microssatélites.
4. Utilização da filogenia molecular como ferramenta de anotação gênica.
 - i. Alinhamento de seqüências.
 - ii. Introdução aos métodos de reconstrução de árvores filogenéticas.
5. Ferramentas de análise de dados de sequenciamento (*Sanger*).
 - a. *Base-calling*. A estatística *phred*.
 - b. Detecção de vetores/fragmentos contaminantes.
 - c. Ferramentas de *assembly*.
 - d. Ferramentas de *clusterização*.
6. Ferramentas de análise de dados de sequenciamento (*NGS*).
 - a. Controle de qualidade.
 - b. Re-sequenciamento de genomas.
 - c. *Assembly* de genomas *de novo*.
 - d. Ferramentas de detecção e análise de polimorfismos de uma única base (*SNPs*).
 - e. Detecção de elementos genéticos repetitivos.
 - f. Identificação e anotação preliminar de genes.

Bibliografia básica

* Artigos selecionados.

- Baxevanis, A.D.; Ouellette, B.F.F. (2001) *Bioinformatics - A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins*. 2ª ed. John Wiley & Sons Inc., New York, USA. 470p.
- Gibas, C. & Jambeck, P. (2001) *Desenvolvendo a Bioinformática*. Campus, R' de Janeiro, RJ. 440p.
- Golding, B. & Morton, D. (2000) *Elementary Sequence Analysis*. Apostila. 164p.
- Lesk, A.M. (2014) *Introduction to Bioinformatics*. 4ª ed. Oxford University Press, New York, USA. 480p.
- Lemey, P.; Salemi, M.; Vandamme, A.-M. (2009) *The Phylogenetic Handbook: A Practical Approach to Phylogenetic Analysis and Hypothesis Testing*. 2ª ed. Cambridge University Press, New York, USA. 751p.
- Mount, D.W. (2013) *Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis*. 2ª ed. Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York, USA. 692p.
- Polanski, A. & Kimmel, M. (2007) *Bioinformatics*. Springer-Verlag, Berlin, Alemanha. 386p.
- Xiong, J. (2006) *Essential Bioinformatics*. Cambridge University Press, New York, USA. 339p.
- Ye, S.Q. (2008) *Bioinformatics - A Practical Approach*. Chapman & Hall/CRC, London, UK. 618p.

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sites/entrez?db=books>

Bibliografia complementar

- Bassi, S. (2010) *Python for Bioinformatics*. Chapman & Hall/CRC, Boca Raton, USA. 576p.
- Bradnam, K. & Korf, I. (2011) *Unix and Perl Primer for Biologists*. Apostila. 135p.
- Bradnam, K. & Korf, I. (2012) *Unix and Perl to the Rescue!* Cambridge University Press, New York, USA. 430p.
- Model, M.L. (2010) *Bioinformatics Programming Using Python*. O'Reilly Media Inc., Sebastopol, USA. 492p.
- Tisdall, J. (2001) *Beginning Perl for Bioinformatics*. O'Reilly Media Inc., Sebastopol, USA. 384p.