

PPG-GENÉTICA E BIOLOGIA MOLECULAR

Disciplinas do 2º. Semestre/2021 e da 1ª. e 2ª. metade do 2º.semestre/2021

NG110 - TÓPICOS ESPECIAIS EM GENÉTICA - TURMA MFC

Tema: Bioinformática aplicada à biotecnologia

Créditos: 4

Horário: Quartas-feiras, 8:00 às 12:00 - disciplina online via google meet

Período de oferecimento: Todo o 2º semestre (de 11/08/2021 a 08/12/2021)

Vagas: 30

Mínimo de alunos: 10

Responsável: **Marcelo Falsarella Carazzolle** - mcarazzo@unicamp.br

Colaboradora: **Juliana José**

Estudantes especiais: aceita - solicitar autorização do professor responsável e seguir [instruções](#)

PROGRAMA:

A disciplina tem como objetivo ampliar o escopo de análises de bioinformática com o foco em aplicações biotecnológicas. O curso terá aulas teóricas e práticas (ambiente linux) englobando análises de (meta)genômica, (meta)transcriptômica, metabolômica e integração entre ômicas num contexto de biologia de sistemas. Serão trabalhados dados in silico que envolvem desenvolvimento de leveduras industriais evoluídas e/ou geneticamente modificadas, análises de contaminações e perfis transcricionais em fermentações industriais e mineração em bancos de dados biológicos na identificação de novas enzimas e vias metabólicas.

1. Introdução ao conceito de biologia de sistemas industrial
2. Introdução ao uso de sistema operacional LINUX
3. Conceitos de engenharia evolutiva e introdução a genômica
4. Análises de genômica com foco na identificação de SNPs e INDELS
5. Introdução a metataxômica, metagenômica e metatranscriptômica
6. Análises de meta(s) aplicada a processos biotecnológicos industriais
7. Introdução a bancos de dados biológicos
8. Busca por assinaturas proteicas e padrões moleculares utilizando aprendizado de máquina
9. Introdução a filogenômica
10. Evolução de famílias gênicas com foco na identificação de genes alvos de metabolismo
11. Análises integradas de transcriptômica e metabolômica
12. Análises de fluxo metabólico

CRONOGRAMA:

11/08 – 18/08 Introdução à bioinformática e biotecnologia

25/08 – 08/09 Genômica aplicada a engenharia evolutiva de microrganismos

15/09 – 29/09 Aplicações de metagenômica em biotecnologia

06/10 – 27/10 Mineração em bancos de dados biológicos

03/11 – 08/12 Transcriptômica e metabolômica com foco em engenharia metabólica de microrganismos

BIBLIOGRAFIA: A ser disponibilizada no período do oferecimento da disciplina.

NG245 - SEMINÁRIOS DO CURSO PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E BIOLOGIA MOLECULAR - TURMA KBM

Tema: Ciclo de Seminários da Pós-Graduação do Instituto de Biologia

Créditos: 2

Horário: Quartas-feiras, 11:00 às 13:00 (**Disciplina será ministrada online/Google Classroom e Meet**)

Período de oferecimento: Todo o 2º semestre (de 11/08/2021 a 14/12/2021)

Vagas: 100

Mínimo de alunos: 5

Responsável: **Katlin Brauer Massirer**

Colaborador: **Mario Henrique Bengston**

Estudantes especiais: Não aceita

PROGRAMA:

Palestras a serem proferidas por professores da UNICAMP e de outras instituições, personalidades do meio científico nacional e internacional e alunos do curso, sobre temas relacionados aos atuais desafios da educação em ciência e da sua divulgação nos vários setores da sociedade.

CRONOGRAMA:

A ser disponibilizada no período do oferecimento da disciplina. Incluirá temas atuais variados. É esperado que os alunos interajam com perguntas que poderão ser feitas em inglês ou português. Haverá também orientação em como montar e como avaliar seminários.

BIBLIOGRAFIA: A ser disponibilizada no período do oferecimento da disciplina.

NG262 - GENÉTICA DE POPULAÇÕES - TURMA MIZ

Créditos: 4

Horário: Segundas-feiras, 8:00 às 14:00

Período de oferecimento: 2ª metade do 2º semestre (de acordo com o cronograma)

Vagas: 30

Mínimo de alunos: 10

Responsável: **Maria Imaculada Zucchi**

Colaborador: **Alessandro Alves Pereira**

Estudantes especiais: Não aceita

PROGRAMA:

PARTE TEÓRICA

A disciplina tem como objetivo principal apresentar e discutir os fundamentos teóricos da Genética de Populações, suas aplicações para a Biologia da Conservação e para o Melhoramento de Plantas, e atual transição para Genômica Populacional e técnicas modernas de análise. Espera-se proporcionar aos alunos uma visão moderna dos mecanismos envolvidos na dinâmica dos genes nas populações naturais e artificiais, bem como das ferramentas atuais de análise destes processos. Do ponto de vista teórico, o conteúdo da disciplina abrange os seguintes tópicos:

1) Introdução à Genética de Populações; 2) Constituição genética de populações (frequências genotípicas e gênicas); 3) Marcadores moleculares e seu uso na análise genética de populações; 4) Equilíbrios genéticos, Hardy-Weinberg; 5) Equilíbrio de ligação; 6) Equilíbrio de Wright; 7) Sistemas reprodutivos e de cruzamento; 8) Deriva genética; 9) Estrutura genética de populações naturais e artificiais (estatísticas-F de Wright e correlatas); 10) Equilíbrio mutação-deriva; 11) Tamanho efetivo populacional; 12) Metodologias de sequenciamento de nova geração; 13) Genômica de populações.

PARTE PRÁTICA

Utilização de programas computacionais em aulas práticas para estimação de parâmetros populacionais e análises especializadas com base em dados de marcadores moleculares de segunda e nova geração. Exemplos de programas computacionais a serem utilizados: Genepop, MLTRwin, Structure, DARwin, PopTree, Lositan, NewHybrids, Rstudio (R

CRONOGRAMA:

CRONOGRAMA DE ATIVIDADES

Dia 11-10-21 Manhã

Introdução à disciplina – textos dirigidos. Introdução à genética de populações. Estado da Arte: marcadores moleculares e seu uso na estimação de parâmetros genéticos populacionais. Frequências genotípicas e gênicas. Equilíbrio de Hardy-Weinberg.(MIZ)

Dia 11-10-21 Tarde

Equilíbrio de Hardy-Weinberg.(MIZ)- Exercício: gel de marcadores SSR e SNPs.

Aula prática: determinação de frequências genotípicas e gênicas, estimativas de diversidade genética, testes do Equilíbrio de Hardy-Weinberg (hierfstat, adegenet, e pegas) (MIZ e AAP)

Dia 18-10-21 Manhã

Equilíbrio de Wright Endogamia. Sistemas reprodutivos e de cruzamento. Estimação da taxa de fecundação cruzada em plantas (MIZ)

Dia 18-10-21 Tarde

Introdução à utilização de métodos de reamostragem e utilização em parâmetros populacionais.(LC).

Aula prática: estimação do coeficiente de endogamia e das taxas de cruzamento aparente e multiloco em plantas. (MLTRwin, diveRcity) (MIZ e AAP)

Dia 25-10-21 Manhã

Parte1: Deriva genética. Estrutura genética de populações. Estatísticas-F de Wright, GST de Nei e correlatos.(MIZ)

Dia 25-10-21 Tarde

Parte2: Deriva genética. Estrutura genética de populações. Estatísticas-F de Wright, GST de Nei e correlatos. (MIZ)

Dia 01-10-21 - Manhã

Análise da Variância Molecular (AMOVA). Migração e fluxo gênico. (MIZ)

Exercício: estimativa de diferenciação genética (MSM)

Dia 01-11-21 - Tarde

Aula prática: Estimativas de divergência e estrutura genética. (adegenet, poppr, hierfstat). Simulação de deriva genética usando R. (MIZ e AAP)

Dia 08-11-21- Manhã

Estrutura genética de populações com o programa Structure.

Aula prática: demonstração do programa Structure.

Inferência da estrutura genética com métodos bayesianos no Programa Structure (AAP)

Dia 08-11-21- Tarde

Fluxo Gênico e Especiação

Seleção: tipos e suas implicações. Mutação. Equilíbrio mutação-deriva.

Demonstração de seleção de locos utilizando o pacotes computacionais.

Dia 15-11-21

Não haverá aula

Dia 22-11-21 Manhã

Medidas de similaridade e de distância genética. Análise de divergência genética. Utilização de métodos de agrupamento e de ordenação na análise de divergência genética. (MIZ)

Aula prática: Estimativas de similaridade e distância genética, construção de dendrogramas e análise de componentes principais. (PopTree, DARwin, hierfstat, poppr) (MIZ e AAP)

Dia 22-11-21 Tarde

Metodologias de sequenciamento de nova geração (MIZ e AAP)

Introdução à Genômica Populacional e as novas abordagens de sequenciamento de nova geração. Utilização de pacotes para busca de SNPs em genoma modelo e não modelo (MIZ e AAP) Detecção da seleção natural por marcadores moleculares

Dia 29-11-21 Manhã

Apresentação dos seminários e entrega dos projetos.

Dia 29-11-21 Tarde

Apresentação dos seminários. e entrega de projetos.

BIBLIOGRAFIA:

- ALLENDORF, F.; LUIKART G.; AITKEN, S.N. Conservation and the Genetics of Populations. Blackwell Publishing, Oxford, UK, 2013. 602p.
- BORÉM, A.; CAIXETA, E. T. Marcadores Moleculares, Viçosa, MG, 2006, 374p.
- CROW, F.; KIMURA, M. An Introduction to Population Genetics Theory. Harper & Row Publishers, New York, NY, USA, 1970.
- FALCONER, D.S. & MACKAY, T. Introduction to Quantitative Genetics. 4ª ed. Longman Scientific & Technical, London, UK, 1996.
- FRANKHAN. R.; BALLOU J.D.; BRISCOE, D.A.; Fundamentos de Genética da Conservação, 2008. 262p. FUTUYMA, D.J. Evolutionary Biology. 3ª ed. Sinauer Associates, Sunderland, MA, USA, 2006. 763p.
- GILLESPIE, J.H. Population Genetics: A Concise Guide. 2ª ed. Johns Hopkins University Press, Baltimore, MD, USA, 2004. 232p.
- HARTL, D.L. A primer of Population Genetics. 3ª ed. Sinauer Associates, Sunderland, MA, USA, 2000. 221p. HARTL, D.L. & CLARK, A.G. Princípios de Genética de Populações, 4ª ed. ArtMed Editora, Porto Alegre, RS, 2010. 217p.
- HEDRICK, P.W. Genetics of Populations. 3ª ed. Jones and Bartlett Publishers, Sudbury, MA, USA, 2004. 737p.
- KEMPTHORNE, O. An Introduction to Genetic Statistics. The Iowa State University Press, Ames, IA, USA, 1957. LI, C.C. Population Genetics. Un

NG265 - FUNDAMENTOS DA TAXONOMIA E POTENCIAL BIOTECNOLÓGICO DAS BACTÉRIAS - TURMA FFG

Créditos: 3

Horário: Quintas-feiras, 9:00 às 12:00 - modo remoto

Período de oferecimento: Todo o 2º semestre (de acordo com o cronograma)

Vagas: 30

Mínimo de alunos: 10

Responsável: **Fabiana Fantinatti Garboggini** - fabianaf@cpqba.unicamp.br

Estudantes especiais: aceita - solicitar autorização do professor responsável e seguir [instruções](#)

PROGRAMA:

Introdução à taxonomia bacteriana

- Histórico da taxonomia bacteriana
- Conceitos básicos

Métodos de caracterização fenotípica e fisiológica

Métodos de caracterização genotípica

- 16S
- Sequenciamento de DNA
- Banco de dados de sequências
- Construção de árvores filogenéticas
- Conteúdo de CG
- MLSA
- HDD

Métodos de caracterização quimiotaxonômica

- Microscopia e Estrutura peptidoglicano
- Ácido teitóico e caracterização de Gram positiva

- Identificação de lipídeo polar em procariotos
- Ácidos graxos em bactérias
- Lipoquinonas
- Ácido micólico
- Poliaminas
- Pigmentos
- MALDI-TOF Mass

Comparação de genomas completos em taxonomia

Coleções de culturas e métodos de preservação de micro-organismos

Legislação de acesso ao PG e ao CTA - Lei da biodiversidade, aplicação e consequências

Aplicação Industrial dos micro-organismos

- Produtos e processos da microbiologia industrial
- Produtos da degradação microbiana
- Produtos de síntese microbiana
- Antibióticos e outros agentes quimioterápicos
- Biorremediação

CRONOGRAMA:

12/08/2021

Apresentação do curso

Introdução à taxonomia bacteriana

- Histórico da taxonomia bacteriana
- Conceitos básicos

19/08/2021

Métodos de caracterização fenotípica e fisiológica

26/08/2021

Métodos de caracterização genotípica

- 16S
- Sequenciamento de DNA
- Banco de dados de sequências
- Construção de árvores filogenéticas

09/09/2021

Métodos de caracterização genotípica

- Conteúdo de CG
- MLSA
- HDD

16/09/2021

Métodos de caracterização quimiotaxonômica

- Microscopia e Estrutura peptidoglicano
- Ácido teitóico e caracterização de Gram positiva

- Identificação de lipídeo polar em procariotos
- Ácidos graxos em bactérias
- Lipoquinonas

23/09/2021

Métodos de caracterização quimiotaxonômica

- Ácido micólico
- Poliaminas
- Pigmentos
- MALDI-TOF Mass

30/09/2021

Comparação de genomas completos em taxonomia

07/10/2021

Coleções de culturas e métodos de preservação de micro-organismos

Legislação de acesso ao PG e ao CTA - Lei da biodiversidade, aplicação e consequências

14/10/2021

Aplicação Industrial dos micro-organismos

- Produtos e processos da microbiologia industrial
- Produtos da degradação microbiana
- Produtos de síntese microbiana
- Antibióticos e outros agentes quimioterápicos
- Biorremediação

21/10/2021

Aplicação Industrial dos micro-organismos

- Produtos e processos da microbiologia industrial
- Produtos da degradação microbiana
- Produtos de síntese microbiana
- Antibióticos e outros agentes quimioterápicos
- Biorremediação

28/10/2021

- Prova

4. a 25/11/2021

- **Palestra com professor convidado**
- **Seminários dos alunos**

02/12/2021

- **Exame**

BIBLIOGRAFIA:

Microbial Genome - FRASER, C. M.; READ, T. D.; NELSON, K. E., Humana Press, 2004.

Bergey's manual of systematic bacteriology - BOONE, D. R.; CASTENHOLZ, R. W., Second Edition, Ed.Springer-Verlag, vol. 1, 2001.

Systematics and Evolution. Part A and Part B. - MCLAUGHLIN, D. J.; MCLAUGHLIN, E. G.; LEMKE, P. A.,Springer-Verlag, 2001.

Polyphasic taxonomy, a consensus approach to bacterial systematics - VANDAMME P., POT B., GILLIS M., DEVOS P., KERBSTERS K., SWINGS J., Microbiological Reviews, vol. 60, pag. 407-438, 1996.

Taxonomy of Prokaryotes, First Edition, RAINEY & OREN, Elsevier, p 473, 2011.

New approaches to Prokaryotic Systematics, First Edition, GOODFELLOW, SUTCLIFFE & CHUN, p 327, 2014.

NG280 - TÓPICOS AVANÇADOS DO PPG-GBM I - TURMA CEB

Créditos: 1

Horário: Quartas-feiras, 14:00 às 15:00 - será ministrada online de forma remota

Período de oferecimento: Todo o 2º semestre (de acordo com o cronograma)

Vagas: 30

Mínimo de alunos: 4

Responsável: **Celso Eduardo Benedetti** - celso.benedetti@Inbio.cnpem.br

Colaboradora: **Andrea Balan Fernandes**

Estudantes especiais: aceita - solicitar autorização do professor responsável e seguir [instruções](#)

Tema O curso abordará aspectos básicos de biologia molecular com ênfase nas técnicas de clonagem, expressão e purificação de proteínas em sistemas heterólogos. Temas a serem abordados incluem: desenho de oligonucleotídeos, estratégias de clonagem para expressão de proteínas em bactérias, células de mamíferos, insetos, leveduras e plantas; expressão de proteínas de membrana, sistema de mono e duplo híbrido, análise de expressão gênica em larga escala, estratégias de purificação de proteínas, purificação de proteínas de membrana e análise de complexos, mutagenese sítio-dirigida, com ênfase na análise estrutural e funcional de proteínas.

PROGRAMA:

11/08 Introdução e estratégias de clonagem

Overview do curso e apresentação do programa (vamos ter 4 grupos de alunos)

Estratégias de clonagem e expressão de proteínas

18/08 Sistemas de clonagem

Gateway, In-fusion, GeneArt, Topo XL, exercícios de síntese de óligos

25/08 Expressão em procariontos

Sistema pET de expressão

Exercício de síntese de óligos

01/09 Bioinformática, estratégias de clonagem e expressão de proteínas de membrana

Métodos de análise de sequências e avaliação de estratégias

Estratégias para clonagem, células, complexos proteicos e fusões

08/09 Expressão em levedura e células de inseto

Expressão em levedura

Expressão em células de insetos

15/09 Sistemas de expressão de proteínas de membrana

Principais sistemas, características, hospedeiros

22/09 Expressão em células de mamífero

Expressão constitutiva e induzida

29/09 Expressão em sistema “cell-free” e exemplos de aplicação (Alunos – Grupo 1)

06/10 Purificação de proteínas

Afinidade, Gel filtração, Troca iônica, Interação hidrofóbica

13/10 Purificação de proteínas de membrana

Técnicas de purificação, principalmente evidenciando as diferenças, detergentes e exemplos

20/10 Métodos para caracterização estrutural de proteínas de membranas

Apresentação das técnicas mais usadas para a resolução de estruturas de proteínas de membrana, cristalografia de raios X e Crio-microscopia eletrônica.

27/10 Técnicas espectroscópicas na caracterização de proteínas

03/11 Princípios da técnica e uso da termoforese na análise funcional de proteínas (Alunos)

Alunos apresentam artigos sobre o tema e exemplos do uso da técnica (Grupo 2)

10/11 Mutagênese sítio-dirigida

17/11 Estudos funcionais e estruturais de proteínas de membrana

Foco em formas de estudar funcional e estruturalmente as proteínas de membrana – discussão de artigos

24/11 Apresentação de artigos, comparação e discussão de metodologias para estudos de proteínas de membrana

01/12 Interação proteína-proteína (Alunos)

Sistema duplo-híbrido em bactérias (Grupo 3)

Sistema duplo-híbrido CrY2H (Grupo 4)

08/12 Avaliação do curso

CRONOGRAMA:

Uma hora de aula por semana

BIBLIOGRAFIA:

A ser disponibilizada no período do oferecimento da disciplina.

NG282 - TÓPICOS AVANÇADOS DO PPG-GBM III - TURMA RVS

Tema: Análise de Dados Biológicos em R

Créditos: 3

Horário: Sextas-feiras, 9:00 às 12:00 - Google Classroom e Google Meet

Período de oferecimento: Todo o 2º semestre (de 13/08/2021 a 14/12/2021)

Vagas: 20

Mínimo de alunos: 30

Responsável: **Renato Vicentini dos Santos**

Colaborador: **Lucas Miguel de Carvalho**

Estudantes especiais: Não aceita

PROGRAMA:

A disciplina abordará conceitos básicos e avançados em análise de dados utilizando a Linguagem R. Destinada a alunos que têm a intenção de analisar dados qualitativos e quantitativos como ferramenta de estudo em seus projetos de pesquisa, mesmo aqueles que não tenham conhecimento em programação. Ao final dessa disciplina, esperamos que o aluno seja capaz de analisar seus próprios dados, aplicando testes estatísticos, produzindo gráficos simples e complexos, aplicando análises de classificação e produzindo relatórios de dados.

Os temas a serem abordados serão:

1. Lógica Computacional
2. R básico
3. Estatística básica
4. Dataframes e arquivos
5. Manipulações de datasets
6. Limpeza de dados
7. Funções
8. Dplyr e Tidyverse
9. Ggplot
10. Teste t
11. ANOVA
12. Testes não paramétricos
13. Teste qui-quadrado
14. Regressões lineares
15. Principal Component Analysis (PCA)
16. Heatmaps
17. Clustering – Parte 1
18. Clustering – Parte 2
19. Árvore de decisão
20. Curvas ROC
21. Árvore de regressão
22. Mapas
23. Cálculos hiper geométricos e ajuste de p-values
24. Relatório de dados

CRONOGRAMA: Será disponibilizado no início da disciplina.

BIBLIOGRAFIA:

Wickham H, Golemund G. R for Data Science. O'Reilly; 2017.

Kabacoff RI. R in action: Data analysis and graphics with R. Manning; 2015. Teetor P. R Cookbook. O'Reilly; 2011.

Bivand RS, Pebesma E, Gómez-Rubio V. Applied spatial data analysis with R. Springer; 2013.

STHDA: Statistical tools for high-throughput data analysis. Disponível em <http://www.sthda.com/english/> Tutorials point: simply easy learning. Disponível em: <https://www.tutorialspoint.com/r/index.htm>.

Lantz, Brett. Machine Learning with R - Second Edition; Packt Publishing; 2015.

NG282 - TÓPICOS AVANÇADOS DO PPG-GBM III - TURMA LWB

Tema: Ecologia Molecular

Créditos: 3

Horário: Quartas-feiras, 9:00 às 12:00 - Online (Google Meet e Classroom)

Período de oferecimento: Todo o 2º semestre (de 11/08/2021 a 14/12/2021)

Vagas: 30

Mínimo de alunos: 5

Responsável: **Luana Walvarens Bergano** - lwb@unicamp.br

Estudantes especiais: aceita - solicitar autorização do professor responsável e seguir [instruções](#)

PROGRAMA:

A disciplina abordará o uso de diferentes marcadores moleculares para a caracterização da diversidade biológica em diferentes níveis hierárquicos, contribuindo para a investigação dos padrões e processos evolutivos/ecológicos de populações naturais. Abordaremos análises de genética e genômica de populações, filogeografia, identificação molecular de espécies para resolução de incertezas taxonômicas, genética da conservação e filogenia. Serão realizadas atividades semanais (leitura de artigos e elaboração de resumos, exercícios práticos) e um projeto semestral.

CRONOGRAMA:

Introdução a Ecologia Molecular; Marcadores moleculares; Sequenciamento de DNA e alinhamento; Bancos de dados; Novas tecnologias de sequenciamento (seq capture, RAD-seq e RNA-seq – filogenômica, genômica pop e adaptação); Introdução à Genética de Populações; Equilíbrio de Hardy-Weinberg; Origem da variabilidade genética e forças evolutivas; Estudo de uma única população; Estudo de mais de uma população; Variabilidade interpopulacional, estrutura genética, fluxo gênico; Programas de análises populacionais; Filogeografia; Genética/genômica da conservação; Abordagens moleculares na Ecologia Comportamental; Filogenia molecular

BIBLIOGRAFIA:

A ser disponibilizada no período do oferecimento da disciplina.

NG296 - ESCRITA ACADÊMICA - TURMA MFN

Créditos: 4

Horário: Sextas-feiras, 8:00 às 14:00 - Ambiente Virtual – Google Meet

Período de oferecimento: 1ª metade do 2º semestre (de acordo com o cronograma)

Vagas: 40

Mínimo de alunos: 10

Responsável: **Mariana Freitas Nery**

Estudantes especiais: Não aceita

PROGRAMA:

Outline: The course is based on activities done in class and homework. Proofreading is not part of this discipline, rather the students are going to plan, write, and revise their own text. My aim is to improve student's writing skills, raising their awareness about text organisation, flow and coherence. Students are going to build up their toolkit to self-improve their skills after the course.

Main Goals

- To develop students' ability to write appropriate and accurate scientific papers in English
- To develop effective strategies in proofreading and identifying errors
- To deepen awareness of and ability to produce appropriate academic genres
- To develop effective analysis skills to enable a better understanding of key features of scientific writing
- To encourage students to build up their own 'phrasebook' of high quality writing in their field of study
- To develop greater accuracy with lexico-grammatical features of scientific writing
- To help students become more independent in their approach to improving their writing skills

CRONOGRAMA:

Week 1: 13 August - Need Analysis, Characteristics of Scientific Writing, Outline of the course

Week 2: 20 August - Abstract - Planning your writing

Week 3: 27 August - Introduction - Connectors

Week 4: 3 September - Methods, Results, Discussion, Conclusions

Week 5: 10 September - Figures, Tables, Legends - Conciseness

Week 6: 17 September - Paragraphs I

Week 7: 24 September - Paragraph II - Cohesion and Ambiguity

Week 8: 01 October - Revision, Peer analysis and improve your writing

Week 9: 08 October - Presentations and assessment

The class will be conducted from 8 am to 10 am every Friday. The remaining 4 hours will be dedicated to writing activities.

BIBLIOGRAFIA:

Reading suggestions

□ Gastel B., Day R. A. (2016) "How to Write and Publish a Scientific Paper", 8th Edition. Greenwood.

□ Schimel J. (2012) "Writing Science: How to Write Papers That Get Cited and Proposals That Get Funded". Oxford: Oxford University Press.

□ Schuster, Ethel, Levkowitz, Haim, Oliveira Jr., Osvaldo N. (Eds) (2014) "Writing Scientific Papers in English Successfully: Your complete roadmap", Gráfica Compacta.

Other materials will be suggested or made available (via Moodle) throughout the course.

NG300 - DO GENE AO FENÓTIPO: UMA INTRODUÇÃO AO PIPELINE DE BIOTECNOLOGIA AVANÇADA - TURMA PA

Créditos: 3

Horário: Quintas-feiras, 16:00 às 18:00 - Plataforma online (Zoom ou Google Meet)

Período de oferecimento: Todo o 2º semestre (de 12/08/2021 a 14/12/2021)

Vagas: 90

Mínimo de alunos: 10

Responsável: **Paulo Arruda**

Estudantes especiais: aceita - solicitar autorização do professor responsável e seguir [instruções](#)

A disciplina será ministrada predominantemente em Português, porem teremos algumas apresentações em inglês. Ela será ministrada por pesquisadores nacionais e internacionais associados ao GCCRC (Genomics for Climate Change Research Center), vinculado a UMIPGenClima, Unidade Mista de Pesquisa Embrapa Unicamp.

OBSERVAÇÃO IMPORTANTE: "Alunos Especiais devem enviar email para parruda@unicamp.br com cópia para gccrc@unicamp.br"

PROGRAMA:

Iremos abordar as etapas envolvidas no desenvolvimento de plantas com fenótipos desejados através do uso de ferramentas de genômica aplicada, como transformação genética, edição genômica e microbioma. Será apresentado o pipeline de biotecnologia avançada que vai do gene ao trait. As aulas abordarão os temas de: seleção de genes candidatos por ferramentas de bioinformática tais como GWAS, genômica comparativa e transcriptoma, ferramentas de análise de microbioma como diversidade microbiana, metagenômica e ensaios de inoculação, ferramentas de edição genômica, transformação de plantas, genotipagem, fenotipagem, experimentação em campo, propriedade intelectual e assuntos regulatórios.

CRONOGRAMA:

Cronograma será disponibilizado no primeiro dia de aula.

BIBLIOGRAFIA:

A disciplina será ministrada por pesquisadores nacionais e internacionais associados ao GCCRC (Genomics for Climate Change Research Center), vinculado a UMIPGenClima, Unidade Mista de Pesquisa Embrapa Unicamp.

Créditos: 3

Horário: Quartas-feiras, 14:00 às 18:00 - Google Classroom

Período de oferecimento: 2ª metade do 2º semestre (de 13/10/2021 a 14/12/2021)

Vagas: 30

Mínimo de alunos: 10

Responsável: **Marcelo Mendes Brandão**

Estudantes especiais: Não aceita

PROGRAMA:

EMENTA:

O advento das tecnologias de sequenciamento de alto desempenho, também conhecido como de nova geração, ocasionou a possibilidade de obtenção de um grande volume de dados biológicos, com efeitos diretos no estudo de questões ligadas ao dogma central da Biologia Molecular. Assim, as propostas atuais de projetos de pesquisa, passaram a incorporar questões mais complexas, com travesses mais preditivos, descritivos e agrupando informações de diferentes fontes de dados moleculares para o estudo dos sistemas e componentes biológicos envolvidos no projeto proposto.

Esta revolução na aquisição de dados está sendo acompanhada de perto pela Biologia Computacional e Bioinformática, com o desenvolvimento de novas ferramentas estatísticas, matemáticas e computacionais capazes de lidar com esses grandes volumes de dados e a correlação destes com diferentes bancos de dados biológicos.

Esta disciplina visa apresentar aos estudantes abordagens práticas de Biologia Computacional e Bioinformática capacitando-os para análise qualitativa dos arquivos de sequenciamentos, proposição de montagens de transcritos de novo ou baseada em modelos genômicos disponíveis, avaliação da expressão diferencial de genes/contigs entre situações diversas e anotação funcional dos transcritos envolvidos na análise.

Adicionalmente, capacitar ou atualizar os alunos na utilização de ferramentas disponíveis no sistema operacional GNU/LINUX para a execução de todas as metodologias apresentadas durante o curso.

In English:

The advent of high-performance sequencing technologies, also known as next generation, has led to the possibility of obtaining a large volume of biological data, with direct effects on the studies related to the central dogma of Molecular Biology. Thus, the current research projects proposals are able to incorporate more complex issues, with more predictive, descriptive elements and gathering information from different sources of molecular data for the study of biological systems and components involved in the proposed project.

This revolution in data acquisition is being closely monitored by Computational Biology and Bioinformatics, with the development of new statistical, mathematical and computational tools capable of handling these large volumes of data and their correlation with different biological databases.

This course aims to present to the students practical approaches on Informational Technology, Computational Biology and Bioinformatics enabling them to qualitatively analyze the sequencing files, proposition of de novo transcripts or based on available genomic models, evaluation of the differential expression of genes / contigs between different situations and functional annotation of the transcripts involved in the analysis.

Additionally, to train or update students in the use of tools available in the GNU / LINUX operating system to execute all the methodologies presented during the course.

PÚBLICO ALVO:

Alunos de pós-graduação de áreas afins aos tópicos cobertos pelo curso.

Pós doutorandos com interesses ligados às abordagens analíticas apresentadas no curso

OBJETIVOS:

1. Mostrar aos alunos como a Computação tem ajudado na exploração de dados biológicos;
2. Introduzir o conceito de lógica de programação aplicada a análise de dados moleculares;
3. Habilitar o aluno a utilizar ferramentas computacionais modernas para propor uma montagem de transcriptomas/Genomas de novo ou baseada em modelos disponíveis. Ainda, apresentar protocolos de análises destes dados;
4. Capacitar o aluno a utilizar as facilidades do sistema GNU/LINUX a seu favor, ajudando-o a responder perguntas biológicas, bem como, levantar novas hipóteses a serem testadas.

CRONOGRAMA:

1. **Histórico da bioinformática;**
2. **Tecnologia de Informação aplicada à Biologia (BioTI)**
 1. Introdução ao uso do sistema operacional GNU/LINUX (Como usar o Linux ao seu favor);
 2. Uso de gerenciadores de fila de execução de trabalhos computacionais;
 3. Utilização de DOCKER para distribuição e execução dos sistemas de análise de dados;
 4. Controle de versão através do GIT;
 5. Lógica de programação aplicada à Bioinformática.
3. **Biologia Molecular (Este ano o foco será em sequenciamento de nova geração)**
 1. O quê é sequenciamento de nova geração?
 2. Conceito de qualidade de bases ligado à técnicas de sequenciamento;
 3. Como checar a qualidade do meu sequenciamento?
4. **Biologia Computacional**
 1. Uso de repositórios públicos de dados moleculares;
 2. Técnicas de montagem de transcriptomas e genomas de novo;
 3. Técnicas de mapeamento de leituras de sequenciamento em referências moleculares (Genoma e transcriptoma);
 4. Análise de expressão diferencial por RSEM e edgeR;
 5. Análise de redes de co-expressão;
 6. Uso de metadados para anotação de sequências;

Obs.: Será utilizada a estrutura do Workspaces disponibilizado pela UNICAMP e LaBIS Cloud do LaBIS - CBMEG

BIBLIOGRAFIA:

Buchfink B, Xie C, Huson DH. 2015. Fast and sensitive protein alignment using DIAMOND. *Nat Methods* 12(1): 59-60.

Calvo B, Larranaga P, Lozano JA. 2007. Learning Bayesian classifiers from positive and unlabeled examples. *Pattern Recognition Letters* 28(16): 2375-2384.

Chevreur B, Pfisterer T, Drescher B, Driesel AJ, Muller WE, Wetter T, Suhai S. 2004. Using the miraEST assembler for reliable and automated mRNA transcript assembly and SNP detection in sequenced ESTs. *Genome Res* 14(6): 1147-1159.

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

Dean J, Ghemawat S. 2004. MapReduce: simplified data processing on large clusters. In: *Proceedings of the 6th conference on Symposium on Operating Systems Design & Implementation - Volume 6*. San Francisco, CA: USENIX Association. 10-10.

Eddy SR. 2011. Accelerated Profile HMM Searches. *PLoS Comput Biol* 7(10): e1002195.

Finn RD, Bateman A, Clements J, Coggill P, Eberhardt RY, Eddy SR, Heger A, Hetherington K, Holm L, Mistry J, Sonnhammer EL, Tate J, Punta M. 2014. Pfam: the protein families database. *Nucleic acids research* 42(Database issue): D222-230.

Fu L, Niu B, Zhu Z, Wu S, Li W. 2012. CD-HIT: accelerated for clustering the next-generation sequencing data. *Bioinformatics* 28(23): 3150-3152.

Grabherr MG, Haas BJ, Yassour M, Levin JZ, Thompson DA, Amit I, Adiconis X, Fan L, Raychowdhury R, Zeng Q, Chen Z, Mauceli E, Hacohen N, Gnirke A, Rhind N, di Palma F, Birren BW, Nusbaum C, Lindblad-Toh K, Friedman N, Regev A. 2011. Full-length transcriptome assembly from RNA-Seq data without a reference genome. *Nat Biotechnol* 29(7): 644-652.

Haas BJ, Papanicolaou A, Yassour M, Grabherr M, Blood PD, Bowden J, Couger MB, Eccles D, Li B, Lieber M, Macmanes MD, Ott M, Orvis J, Pochet N, Strozzi F, Weeks N, Westerman R, William T, Dewey CN, Henschel R, Leduc RD, Friedman N, Regev A. 2013. De novo transcript sequence reconstruction from RNA-seq using the Trinity platform for reference generation and analysis. *Nat Protoc* 8(8): 1494-1512.

He JZ, Zhang Y, Li X, Shi P. 2012. Learning naive Bayes classifiers from positive and unlabelled examples with uncertainty. *International Journal of Systems Science* 43(10): 1805-1825.

Kadota K, Nishiyama T, Shimizu K. 2012. A normalization strategy for comparing tag count data. *Algorithms Mol Biol* 7(1): 5.

Kanehisa M, Araki M, Goto S, Hattori M, Hirakawa M, Itoh M, Katayama T, Kawashima S, Okuda S, Tokimatsu T, Yamanishi Y. 2008. KEGG for linking genomes to life and the environment. *Nucleic acids research* 36(Database issue): D480-484.

Kersey PJ, Staines DM, Lawson D, Kulesha E, Derwent P, Humphrey JC, Hughes DST, Keenan S, Kerhornou A, Koscielny G, Langridge N, McDowall MD, Megy K, Maheswari U, Nuhn M, Paulini M, Pedro H, Toneva I, Wilson D, Yates A, Birney E. 2011. Ensembl Genomes: an integrative resource for genome-scale data from non-vertebrate species. *Nucleic acids research* 40(D1): D91-D97.

Koski LB, Gray MW, Lang BF, Burger G. 2005. AutoFACT: an automatic functional annotation and classification tool. *Bmc Bioinformatics* 6: 151.

Kumar S, Blaxter ML. 2010. Comparing de novo assemblers for 454 transcriptome data. *BMC Genomics* 11: 571.

Li B, Dewey CN. 2011. RSEM: accurate transcript quantification from RNA-Seq data with or without a reference genome. *Bmc Bioinformatics* 12: 323.

Ludwig W, Strunk O, Westram R, Richter L, Meier H, Yadhukumar, Buchner A, Lai T, Steppi S, Jobb G, Forster W, Brettske I, Gerber S, Ginhart AW, Gross O, Grumann S, Hermann S, Jost R, Konig A, Liss T, Lussmann R, May M, Nonhoff B, Reichel B, Strehlow R, Stamatakis A, Stuckmann N, Vilbig A, Lenke M, Ludwig T, Bode A, Schleifer KH. 2004. ARB: a software environment for sequence data. *Nucleic acids research* 32(4): 1363-1371.

Manning CD, Raghavan P, Schütze H. 2008. *Introduction to information retrieval*. New York: Cambridge University Press.

Mlecnik B, Scheideler M, Hackl H, Hartler J, Sanchez-Cabo F, Trajanoski Z. 2005. PathwayExplorer: web service for visualizing high-throughput expression data on biological pathways. *Nucleic acids research* 33(Web Server issue): W633-637.

Moreno-Hagelsieb G, Latimer K. 2008. Choosing BLAST options for better detection of orthologs as reciprocal best hits. *Bioinformatics* 24(3): 319-324.

R-Core-Team. 2013. *R: A language and environment for statistical computing*. Book R: A language and environment for statistical computing.

Supek F, Bosnjak M, Skunca N, Smuc T. 2011. REVIGO summarizes and visualizes long lists of gene ontology terms. *PLoS One* 6(7): e21800.

Waterhouse RM, Tegenfeldt F, Li J, Zdobnov EM, Kriventseva EV. 2013. OrthoDB: a hierarchical catalog of animal, fungal and bacterial orthologs. *Nucleic acids research* 41(Database issue): D358-365.

Zhou S, Liao R, Guan J. 2013. When cloud computing meets bioinformatics: a review. *J Bioinform Comput Biol* 11(5): 1330002.

Zou Q, Li XB, Jiang WR, Lin ZY, Li GL, Chen K. 2013. Survey of MapReduce frame operation in bioinformatics. *Brief Bioinform*.

NI207 - ABORDAGEM ATUALIZADA DE TEMAS EM IMUNOLOGIA - TURMA LV

Créditos: 3

Horário: Quintas-feiras, 9:00 às 11:00 - ensino remoto

Período de oferecimento: Todo o 2º semestre (de acordo com o cronograma)

Vagas: 20

Mínimo de alunos: 05

Responsável: **Liana Verinaud** - verinaud@unicamp.br

Estudantes especiais: aceita - solicitar autorização do professor responsável e seguir [instruções](#)

PROGRAMA:

Aprofundar o entendimento do desenvolvimento, funcionamento e regulação do sistema imune. Este curso é dirigido a alunos que já possuem conhecimentos básicos de imunologia e buscam uma perspectiva avançada sobre o conhecimento da imunologia e as pesquisas recentes, incluindo tópicos controversos e que estão atualmente sob intensa investigação.

A disciplina será ministrada por docentes da Unicamp e contará com a participação de pesquisadores convidados, internos e externos à Universidade, que ministrarão palestras.

CRONOGRAMA:

OBS.: Algumas palestras serão ministradas em inglês

12/08 – INICIO DO CURSO / APRESENTAÇÃO

I. REVISÃO DA IMUNOLOGIA BÁSICA

19/08 – Mecanismos de defesa precoce e não adaptativos

26/08 – Mecanismos de defesa adaptativos: os linfócitos T e B

02/09 - O complexo maior de histocompatibilidade e a apresentação de antígenos

09/09 – Mecanismos efetores humorais e celulares

16/09 – O Sistema Imune Regional

23/09 – Tolerância e Autoimunidade

30/09 – Doenças causadas por reações imunes

II. ESTRATÉGIAS TERAPÊUTICAS EM IMUNOLOGIA

07/10 - Desenvolvimento de Fármacos e Vacinas

14/10 – Células Dendríticas no tratamento de tumores

04/11– CAR-T cells

11/11– Regeneração nervosa utilizando linfócitos

18/11 – Desenvolvimento de anticorpos monoclonais terapêuticos

25/11 – Estratégias terapêuticas para combate de vírus emergentes

02/12 – Abordagens atualizadas para o tratamento de doenças autoimunes

BIBLIOGRAFIA:

1. Fundamental Immunology by William E. Paul (ISBN: 0781714125)
2. Immunobiology by C. Janeway (ISBN: 0815341016)

NI208 - TÓPICOS ESPECIAIS EM IMUNOLOGIA - TURMA MAV

Créditos: 8

Horário: Terças-feiras, 14:00 às 18:00 - online

Período de oferecimento: Todo o 2º semestre (de acordo com o cronograma)

Vagas: 30

Mínimo de alunos: 10

Responsável: **Marco Aurélio Ramirez Vinolo** - mvinolo@unicamp.br

Colaboradores: **Alessandro Farias dos Santos** e **Rafael Elias Marques**

Estudantes especiais: aceita - solicitar autorização do professor responsável e seguir [instruções](#)

PROGRAMA:

Nesta disciplina temos como objetivo aprofundar o entendimento a respeito do desenvolvimento, funcionamento e regulação do sistema imune. Este curso é dirigido a alunos que já possuem conhecimentos básicos de imunologia e buscam uma perspectiva aprofundada nas pesquisas e avanços recentes nesta área. A disciplina terá aulas teóricas ministradas por docentes e seminários apresentados pelos alunos de acordo com cada módulo.

CRONOGRAMA:

Bloco 1 – REVISÃO DE IMUNOLOGIA

Prof. Marco Aurélio R. Vinolo

Dias 17 e 24 de agosto

Bloco 2 – IMUNOLOGIA DE MUCOSAS E INTERAÇÃO MICROBIOTA-HOSPEDEIRO

Prof. Marco Aurélio R. Vinolo

Dias 31 de agosto, 14, 21 e 28 de setembro.

Bloco 3 – RESPOSTA IMUNE A VÍRUS

Prof. Rafael Elias Marques

Dias 05, 19 e 26 de outubro.

Bloco 4 – ASPECTOS FUNCIONAIS DOS LINFÓCITOS T CD4+ E TCD8+

Prof. Alessandro Farias dos Santos

Dias 09, 16 e 23 de novembro.

BIBLIOGRAFIA:

Artigos de periódicos na área de imunologia, imunologia de mucosa e metabolismo.
William Paul, Fundamental immunology Seventh Edition