

**NG110 - TÓPICOS ESPECIAIS EM GENÉTICA - TURMA RVS**

**Tema: Genes na história: conceitos e relações na sociedade**

Créditos: 4

Horário: Quinta-feira das 14:00 às 18:00

Local/Sala: IB-10, Prédio da CPG-IB, Bloco O - 2o piso

Período de oferecimento: Todo o 1º semestre (de 05/03/2020 a 02/07/2020)

Vagas: 25

Mínimo de alunos: 5

Responsável: **Ana de Medeiros Arnt**

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

**PROGRAMA E CRONOGRAMA:**

Genes na história: conceitos e relações na sociedade. História das concepções sobre hereditariedade e evolução nas ciências biológicas. Genética, genes e evolução na sociedade. Teorias evolutivas e movimentos eugênicos e higienistas no Brasil e no Mundo. Genes, biologia e definições de seres humanos.

**BIBLIOGRAFIA:**

A ser disponibilizada no período do oferecimento da disciplina

**NG110 - TÓPICOS ESPECIAIS EM GENÉTICA - TURMA FRS**

**Tema: Métodos Computacionais em Bioinformática**

Créditos: 4

Horário: Segunda-feira das 8:00 às 12:00

Local/Sala: **Sala de Treinamento 1- Embrapa Informática Agropecuária, dentro do Campus da Unicamp/Campinas**

Período de oferecimento: Todo o 1º semestre (de 02/03/2020 a 29/06/2020)

Vagas: 25

Mínimo de alunos: 10

Responsável: **Felipe Rodrigues da Silva**

Colaboradores: **Marcelo Falsarella Carazzolle, Marcelo Mendes Brandão, Renato Vicentini dos Santos, Sérgio Furtado dos Reis**

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

**PROGRAMA:**

Alinhamento

Montagem de genomas

Bancos de Dados e Buscas em Bancos de Dados

Transcriptoma

Introdução a Biologia de Sistemas

Análise Metagenômica e Metatranscriptômica.

Filogenia Molecular e Filogenômica

Bioinformática Estrutural

## CRONOGRAMA:

Tópicos do programa ministrados de 2/3/2020 a 22/6/2020

Prova final em 29/6/2020

## BIBLIOGRAFIA:

A ser disponibilizada no período do oferecimento da disciplina.

## NG280 - TÓPICOS AVANÇADOS DO PPG-GBM I - TURMA MMB

**Tema:** 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 que questões ligadas ao dogma central da Biologia Molecular. Assim, as propostas atuais de projetos de pesquisa, passaram a incorporar questões mais complexas, com traveses 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.

Créditos: 1

Horário: Segunda-feira - das 14:00 às 16:00

Local/Sala: **Auditório do CBMEG**

Período de oferecimento: 2ª metade do 1º semestre (de 07/05/2020 a 04/07/2020)

Vagas: 20

Mínimo de alunos: 8

Responsável: **Marcelo Mendes Brandão**

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

## PROGRAMA:

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;
3. Biologia Molecular (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. Técnicas de montagem de transcriptomas e genomas de novo;
  2. Técnicas de mapeamento de leituras de sequenciamento em referências moleculares (Genoma e transcriptoma);
  3. Análise de expressão diferencial por RSEM e edgeR;
  4. Análise de redes de co-expressão;
  5. Uso de metadados para anotação de sequências;

## **CRONOGRAMA:**

Semana 1 a 2 - Nivelamento: Sistemas operacionais, usando o Linux para resolver problemas

Semana 1 a 2 - Nivelamento: Histórico da Bioinformática. Técnicas de lógica e programação simples para uso em Biologia computacional

Semana 3 a 4 - Biologia Molecular: Dogma central e sistema de sequenciamentos de nova geração. Base calling e Qualidade de sequenciamento.

Semana 4 a 6 - Biologia Computacional Teoria e prática: Técnicas de montagem baseadas em modelos e de novo. Uso de mapeamento de leituras de sequenciamento e métodos estatísticos para proposição de expressão diferencial de genes e contigs. Proposição e análise de redes de co-expressão

Semana 7 a 8 - Biologia Computacional: Análise de metadados para anotação funcional de sequencias. Técnicas de Big data para identificação de alvos de interesse.

Obs.: Este curso surgiu da necessidade apresentada pelos alunos para análise de dados de NGS. O curso será do tipo "hands on" utilizando toda a infraestrutura de servidores do Laboratório de Biologia Integrativa e Sistema do CBMEG. Teremos duas aulas ministradas pela Profa. Dra. Karina Lucas da Silva Brandão e pela Dra. Natália Faraj Murad

## **BIBLIOGRAFIA:**

(Chevreux et al., 2004; Dean & Ghemawat, 2004; Ludwig et al., 2004; Koski et al., 2005; Mlecnik et al., 2005; Calvo et al., 2007; Kanehisa et al., 2008; Manning et al., 2008; Moreno-Hagelsieb & Latimer, 2008; Kumar & Blaxter, 2010; Eddy, 2011; Grabherr et al., 2011; Kersey et al., 2011; Li & Dewey, 2011; Supek et al., 2011; Fu et al., 2012; He et al., 2012; Kadota et al., 2012; Clarke et al., 2013; Haas et al., 2013; R-Core-Team, 2013; Waterhouse et al., 2013; Zhou et al., 2013; Zou et al., 2013; Finn et al., 2014; Buchfink et al., 2015)

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.

Chevreux 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, Yadukumar, Buchner A, Lai T, Steppi S, Jobb G, Forster W, Brettske I, Gerber S, Ginhart AW, Gross O, Grumann S, Hermann S, Jost R, König 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.

## **NG281 - TÓPICOS AVANÇADOS DO PPG-GBM II - TURMA LBK**

**Tema: Teoria Sintética da Evolução e Síntese Estendida**

Créditos: 2

Horário: Quarta-feira das 14:30 às 16:30

Local/Sala: **Barracão da Genética**

Período de oferecimento: Todo o 1º semestre (de 04/03/2020 a 01/07/2020)

Vagas: 16

Mínimo de alunos: 4

Responsável: **Louis Bernard Klaczko**

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

### **PROGRAMA:**

A SER DETALHADO MAIS TARDE:

A Teoria Sinética da Evolução:

Lei de Hardy-Weinberg.

Forças evolutivas: seleção, mutação, migração e deriva genética

A Teoria Estendida

Plasticidade Fenotípica

Conflito Genético

Níveis de seleção

Construção de nicho

### **CRONOGRAMA:**

Quartas-feiras das 14h30 às 16h30 no Barracão da Genética

### **BIBLIOGRAFIA:**

A ser disponibilizada no período do oferecimento da disciplina.

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

### Tema: Sinalização Molecular em Plantas

A disciplina abordará as bases moleculares dos processos fisiológicos relacionados ao metabolismo energético, à sinalização de hormônios, à nutrição mineral e à resposta a estresses causados por fontes bióticas e abióticas. Enfatizaremos as redes gênicas que permitem as plantas perceberem e responderem adequadamente a condições sempre flutuantes do meio ambiente. A dinâmica da disciplina será baseada em literatura específica e na discussão de artigos científicos recentes e revisões sobre os assuntos abordados.

Créditos: 3

Horário: Quarta-feira - das 9:00 às 12:00

Local/Sala: IB-17, Prédio da CPG-IB, Bloco O - 1o piso

Período de oferecimento: Todo o 1º semestre (de 04/03/2020 a 01/07/2020)

Vagas: 20

Mínimo de alunos: 5

Responsável: **Américo José Carvalho Viana**

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

### PROGRAMA E CRONOGRAMA:

Aula 1: Introdução aos mecanismos moleculares da percepção e transdução de sinais em plantas

Aula 2: Componentes da percepção, transdução e resposta aos sinais ambientais

Aula 3: Percepção e transdução de padrões moleculares associados a patógeno

Aula 4: Mecanismos moleculares do controle do metabolismo energético em plantas: sinalização por açúcares I

Aula 5: Mecanismos moleculares do controle do metabolismo energético em plantas: sinalização por açúcares II

Aula 6: Uso de plantas mutantes no estudo da fisiologia molecular: mutantes para o metabolismo energético

Aula 7: Processos fisiológicos regulados pelo relógio circadiano

Aula 8: Primeira avaliação

Aula 9: Base molecular das respostas ativadas por fitohormônios I

Aula 10: Base molecular das respostas ativadas por fitohormônios II

Aula 11: Uso de plantas mutantes no estudo da fisiologia molecular: mutantes para sinalização hormonal

Aula 12: Genes envolvidos na nutrição mineral

Aula 13: Métodos de biologia molecular utilizados no estudo da fisiologia

Aula 14: Fechamento e avaliação

### BIBLIOGRAFIA:

Buchanam, B.B.; Grisse, W. & Jones, R.L. (Eds.). Biochemistry and molecular biology of plants.[s.l.] : Wiley Blackwell, 2015.

LEHNINGER, A. L.; NELSON, D. L.; COX, M. M. Principles of biochemistry. [s.l.] : New York, NY: W. H. Freeman, c2008., 2008.

Smith, A. M.; Coupland, G.; Dolan, L.; Harberd, N.; Jones, J.; Martin, C.; Sablowski, R.; Amey, A. Plant Biology. 1<sup>st</sup>, Garland Science, 2010.

Taiz L, Zeiger E. 2006. Plant physiology, 4th edition. Sinauer Associates, Sunderland.

The Arabidopsis Book. e-ISSN: 1543-8120. <http://arabidopsisbook.org/>

Revisões e artigos escolhidos no momento da disciplina.

Créditos: 4

Horário: Quarta-feira das 12:00 às 14:00

Local/Sala: Auditório 1 e 2 , Prédio da CPG-IB, Bloco O - Térreo

Período de oferecimento: Todo o 1º semestre (de 04/03/2020 a 01/07/2020)

Vagas: 40

Mínimo de alunos: 5

Responsável: **Marco Aurélio Ramirez Vinolo**

Colaboradores: **Alessandro dos Santos Farias, Marcelo Alves da Silva Mori, Pedro Manoel Mendes de Moraes Vieira, Daniel Martins de Souza e Henrique Marques de Souza**

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

**PROGRAMA:**

Palestras semanais com pesquisadores referências na área de Biologia Molecular e Celular.

**CRONOGRAMA:**

O cronograma será informado aos alunos matriculados na disciplina no início do semestre, após a confirmação dos palestrantes de cada aula/semana.

**BIBLIOGRAFIA:**

Artigos científicos relacionados aos temas das palestras listadas no programa semestral da disciplina