

CÓDIGO	NOME	(T - P)
SG5030	Ferramentas de Bioinformática para estudos genômicos e evolutivos em plantas	15-45

DOCENTE: Filipe de Carvalho Victoria

IDENTIFICAÇÃO DA DISCIPLINA:

OBJETIVOS - ao término da disciplina o aluno deverá ser capaz de:

A disciplina visa proporcionar aos alunos o aprendizado dos conceitos de Biologia Molecular e Bioinformática aplicados à estudos evolutivos em plantas, enfatizando as noções práticas, conceitos relacionados a organização experimental, a partir do oferecimento de atividades *in silico* associadas a subsídios teóricos.

Ao término da disciplina, o aluno deverá estar apto a compreender e analisar dados genômicos e transcriptômicos utilizando ferramentas computacionais de bioinformática aplicadas a evolução de plantas.

EMENTA

Fundamentos de bioinformática (comandos e *Scripts* em perl); Bancos de dados genômicos e transcriptômicos; Processamento e tratamento de banco de dados; análise de sequenciamento de genomas; análise de transcriptomas; análise de RNA-Seq; Evolução Molecular; Codon bias; comparação de genomas e organismos modelo; alinhamentos de sequências nucleicas e protéicas; identificação de genes e transcritos alternativos em base de dados; prospecção de SSR; desenho de primers.

PROGRAMA:

TÍTULO E DISCRIMINAÇÃO DAS UNIDADES

CONTEÚDO PROGRAMÁTICO

1. INTRODUÇÃO A BIOINFORMÁTICA
 - a. Comandos e Scripts em Perl
 - b. Ambiente de bioinformática em terminal LINUX/UNIX
2. MONTAGEM E ANOTAÇÃO DE GENOMAS
 - a. Plataforma Galaxy
 - b. Upload de *reads* de NGS para utilização no Galaxy
 - c. Transformação de formatos de sequencias (FASTA/FASTQ)
 - d. Ferramentas de Montagem de Genomas (Velvet/MIRA/SOAP)
 - e. Anotação de Genomas (TREPID/REVIGO)
3. MONTAGEM E ANOTAÇÃO DE TRANSCRIPTOMAS
 - a. Plataforma Galaxy
 - b. Ferramentas de montagem de transcriptomas (OASIS/CUFFLINKS)
4. ANÁLISE DE RNA-SEQ
 - a. Plataforma Galaxy
 - b. Organização dos experimentos no CUFFLINKS
 - c. Visualização dos Resultados no RStudio (CummeRbund)

5. EVOLUÇÃO MOLECULAR

- a. Análise de Códon Bias
- b. Apresentação do Datamonkey
- c. Evolutionary Fingerprint
- d. Análise de modelos de substituição nucleotídica
- e. Alinhamento de sequencias
- f. Análise de pressão de seleção (Ka/Ks)
- g. Análise de Máxima verossimilhança
- h. Análise de Inferência Bayesiana

6. PROPECÇÃO DE SSR

- a. Seleção de bancos de dados
- b. Utilização do SSRLocator
- c. Análise e seleção de Motivos SSR.

7. DESENHO DE PRIMERS PARA ESTUDOS EVOLUTIVOS ASSISTIDOS POR MARCADORES MOLECULARES.

BIBLIOGRAFIA

- 1. Periódicos Científicos atualizados relacionados aos temas abordados no conteúdo programático.

Data: ___/___/___

Coordenador do Curso

Data: ___/___/___

Coordenador Acadêmico