

Disciplina: Genômica comparativa como ferramenta para a busca de alvos biotecnológicos

Código: NUP712

Carga Horária: 30 horas

Créditos: 2

Professor: Prof. Dr. Leandro Marcio Moreira
Laboratório de genômica e interação bactérias-ambiente
Sala 40, iceb II superior, Fone 3559-1698
lmmorei@gmail.com

Introdução

A genômica compreende o ramo da ciência que analisa, estuda e compara os genomas completos (materiais genéticos) de organismos, investigando, desta forma, um grande número de genes simultaneamente. Após o completo seqüenciamento do genoma de *Haemophylus influenzae* em 1995 a genômica vem ganhando espaço como uma ciência fundamental para que se conheça a biologia e a evolução dos organismos. Atualmente, bancos de dados de domínio público registram informações de mais de 5000 genomas de organismos nos três ramos de classificação Archea, Bacteria e Eucaria, e este número tende a aumentar de forma significativa em decorrência das novas técnicas de obtenção destas informações, a exemplo da técnica de pirosequenciamento. Se não bastasse, com a vertente científica da biologia de sistemas, compreender a estrutura e funcionalidade dos genomas passou a ser uma ferramenta indispensável na correlação funcional acerca da funcionalidade de genes na determinação de fenótipos e fisiologia dos organismos.

Objetivos

O objetivo básico é que o aluno de pós-graduação possa ter acesso a fimd e compreender como um genoma é estruturado e de que forma seu trabalho em laboratório pode ser mais correlacionado quando faz uso destas informações genéticas disponibilizadas em bancos de dados públicos. Para alunos envolvidos em técnicas de análise em larga escala (*high-throughput screening*), esta proposta tem uma finalidade ainda mais integradora e articuladora na busca de resultados cada vez mais integrativos.

Objetivos específicos:

- Saber quais são as técnicas disponíveis para obtenção de dados genômicos, comparando-as em seus potenciais atributos.
- Entender a origem, evolução e estrutura dos genomas, possibilitando assim entender a estruturação e importância na obtenção destas seqüências.
- Entender os princípios básicos do projeto de bases de dados e seu desenvolvimento e organização.
- Conhecer os avanços genômicos e pós-genômicos num âmbito mundial, mas também saber que estas linhas são também realizadas com sucesso no Brasil.

Pré-requisitos desejáveis*

- O conhecimento da estrutura do DNA, RNA e de proteínas.



PROGRAMA DE PÓS GRADUAÇÃO EM BIOTECNOLOGIA

NUPEB - Bloco I / Universidade Federal de Ouro Preto – Campus Universitário
Morro do Cruzeiro / CEP 35.400-000 – Ouro Preto – MG – Brasil Tel: 55 (31) 3559-1680
E-mail: biotec.nupeb@ufop.edu.br / www.nupeb.ufop.br/biotec

- Conhecimento básico de Bioquímica, Biologia Molecular e Biotecnologia.
- Possuir habilidades computacionais básicas, e ter disposição para aprender algo novo na área.
- Ter acesso a um computador e à rede mundial de computadores para que possa estudar de forma prática os conhecimentos difundidos em sala de aula.

* O curso é projetado para comportar diferentes níveis e formação acadêmica, embora a exigência de avaliação seja a mesma para todos os alunos. A diversidade de conhecimento é fundamental para expandir as propostas de aprendizado.

Ementa:

Sequenciamento genômico. Montagem de genomas. Anotação de genomas. Comparação de genomas. Busca de regiões únicas e conservadas. Análise de regiões com perfil QTL. Análise do perfil metabólico baseado em presença e ausência de genes. Herança vertical e horizontal. Mecanismos de transferência horizontal de genes. Estrutura e função de plasmídeos.

Programa:

Introdução geral à genômica.

Arquitetura de genomas: estrutura de genomas de vírus, bactérias, archaeas, fungos, plantas e animais

Métodos e plataformas de sequenciamento

Sanger (*Shotgun*, EST, ORESTES) e pirosequenciamento

Genomas completos e incompletos (problemas no fechamento)

Identificação de Genes nos genomas (anotação)

Genômica comparativa.

MUMMER

Análise de regiões de interesse específico

QTL

Aquisição e evolução de genes associados com função adaptativa

Mecanismos de evolução de genomas.

Ilhas de transferência lateral

Ilhas de patogenicidade.

Determinação de GC, Codon Bias, e outras assinaturas.

Prevalência de genes em linhagem específica (perda e transferência lateral).

Genômica molecular: Diagnóstico baseado em InDels de sequências

Evolução molecular baseada em análise de sequências.

Uso de sequência dos genes ribossomais para análise filogenética.

Uso de outros genes para análise filogenética

Uso de programas: MEGA, Phylogeny.fr, entre outros

Genômica epidemiológica.

Filogeografia genômica



PROGRAMA DE PÓS GRADUAÇÃO EM BIOTECNOLOGIA

NUPEB - Bloco I / Universidade Federal de Ouro Preto – Campus Universitário

Morro do Cruzeiro / CEP 35.400-000 – Ouro Preto – MG – Brasil Tel: 55 (31) 3559-1680

E-mail: biotec.nupeb@ufop.edu.br / www.nupeb.ufop.br/biotec

Sistema de avaliação

A avaliação se dará por apresentação de seminários e participação ativa nas aulas. Será considerado aprovado o aluno que obter frequência superior a 75% do total de aulas dadas e notas superiores a 7,0.

Referências Bibliográficas:

1. Bergman, N.H., editor. *Comparative Genomics*. Totowa (NJ): Humana Press Inc., Part of Springer Science+Business Media; c2007.
2. Brown, T. A. *Genomes*, John Wiley & Sons, 1999.
3. Koonin, Eugene V; Galperin, Michael Y. *Sequence - Evolution - Function: Computational Approaches in Comparative Genomics*. Norwell (MA): Kluwer Academic Publishers ; c2003.
4. Hartl, D. L., Jones, E. W. *Genetics: Analysis of Genes and Genomes*, 5th ed., Jones and Bartlett, 2000.
5. Wen-Hsiung Li. *Molecular Evolution*. Sinauer Associates; illustrated edition edition (July 1997).

Estes livros estão disponíveis na seção BOOKS do NCBI



PROGRAMA DE PÓS GRADUAÇÃO EM BIOTECNOLOGIA

NUPEB - Bloco I / Universidade Federal de Ouro Preto – Campus Universitário
Morro do Cruzeiro / CEP 35.400-000 – Ouro Preto – MG – Brasil Tel: 55 (31) 3559-1680
E-mail: biotec.nupeb@ufop.edu.br / www.nupeb.ufop.br/biotec