



MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO
UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS - ESCOLA DE AGRONOMIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E
MELHORAMENTO DE PLANTAS



PLANO DE ENSINO

Disciplina: Bioinformática	
Área de concentração: Genética e Melhoramento de Plantas	
Linha de pesquisa: Genética e Genômica de Plantas	
Tipo de disciplina: () Formação pedagógica (X) Formação para a pesquisa	
Professor responsável: Alexandre Siqueira Guedes Coelho	
Carga Horária: 64 h	Nº créditos: 4
Fluxo: Anual, segundo semestre	Código no SIGAA: GMP0049

Semestre: 2025/2	
Dia da semana: terça-feira	Horário: 08:00 - 12:00
Início: 12/08/2025	Previsão de término: 02/12/2025
Formato: presencial	Local: Sala 19 (Prédio Central/EA)

Ementa
Histórico. Ferramentas de análise genômica. Métodos de sequenciamento de DNA. Sequenciamento e anotação de genomas e transcritomas. Filogenia molecular. Análise de RNAseq. Metagenômica.

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

Conhecimento prévio desejado
Conceitos básicos de Genética Molecular.

Conteúdo	Carga horária
1. Histórico. A demanda por ferramentas de Bioinformática.	4 h
2. Introdução à análise genômica. 2.1. Estrutura genômica de procariotos e eucariotos. 2.2. Ferramentas de análise genômica. - A Tecnologia do DNA Recombinante. - Construção de bibliotecas de DNA. 2.3. Métodos de sequenciamento de DNA. - O método de Sanger e suas derivações. - Os métodos de sequenciamento de próxima geração (<i>Next Generation Sequencing – NGS</i>).	8 h

3.	Ferramentas básicas de análise de sequências de DNA e proteínas.	4 h
3.1.	Recursos e ferramentas de análise do NCBI e do <i>Phytozome</i> .	
3.2.	A análise BLAST.	
3.3.	Ferramentas de desenho de <i>primers</i> .	
3.4.	Ferramentas de identificação de microssatélites.	
3.5.	Ferramentas de predição aplicadas a sequências de proteínas.	
4.	Introdução à Filogenia Molecular.	8 h
4.1.	Conceitos básicos.	
4.2.	Alinhamento de sequências.	
4.3.	Introdução aos métodos de reconstrução de árvores filogenéticas utilizando dados de sequenciamento de DNA e proteínas.	
5.	Controle de qualidade de dados de sequenciamento de DNA.	4 h
5.1.	<i>Base-calling</i> . A estatística <i>phred</i> .	
5.2.	Deteção e remoção de sequências de baixa qualidade e de adaptadores.	
6.	<i>Assembly</i> de genomas <i>de novo</i> .	12 h
6.1	Estratégias de sequenciamento de genomas.	
6.2	Caracterização preliminar de genomas utilizando dados NGS.	
6.3	Montagem de genomas utilizando <i>short</i> e <i>long reads</i> .	
7.	Ferramentas de anotação de genomas.	4 h
7.1.	Deteção de elementos genéticos repetitivos.	
7.2.	Identificação e anotação preliminar de genes.	
8.	Ressequenciamento de genomas.	4 h
8.1.	Ferramentas de alinhamento de <i>reads</i> a sequências genômicas de referência.	
9.	Ferramentas de detecção e análise de polimorfismos de um único nucleotídeo (SNPs).	4 h
9.1.	Identificação e genotipagem de SNPs por sequenciamento.	
10.	Análise de RNAseq.	8 h
10.1.	Reconstrução do transcrito de referência.	
10.2.	Análise de expressão gênica.	
11.	Introdução à análise de dados de metagenômica.	4 h

Metodologia

- Exposição oral.
- Aulas práticas, com utilização de dados reais e *softwares* de análise de dados de sequenciamento (em computadores pessoais e em ambiente de servidor de alto desempenho).

Processos e critérios de avaliação

A nota final será constituída pela média aritmética das notas atribuídas aos relatórios de atividades práticas (NF). Para a atribuição dos conceitos, será utilizada a seguinte escala:

8,5 ≤ NF ≤ 10,0 : Conceito A - Muito Bom, aprovado com direito a crédito.

7,0 ≤ NF < 8,5 : Conceito B - Bom, aprovado com direito a crédito.

6,0 ≤ NF < 7,0 : Conceito C - Regular, aprovado com direito a crédito.

NF < 6,0 : Conceito D - Insuficiente, reprovado sem direito a crédito.

Referências

* Artigos selecionados.

Bassi, S. **Python for Bioinformatics**. 2ª ed. CRC Press. 2017. 462p.

Baxeavanis, A.D.; Bader, G.D. Wishart, D.S. **Bioinformatics - A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins**. 4ª ed. Wiley. 2020. 656p.

Bradnam, K. **Command-line Bootcamp**. Apostila. 2015. 35p.

Bradnam, K.; Korf, I. **Unix and Perl Primer for Biologists**. Apostila. 2016. 199p.

Bradnam, K.; Korf, I. **Unix and Perl to the Rescue!: A Field Guide for the Life Sciences (and Other Data-rich Pursuits)**. Cambridge University Press. 2012. 428p.

Gibas, C.; Jambeck, P. **Desenvolvendo a Bioinformática**. Campus. 2002. 440p.

Lesk, A.M. **Introduction to Bioinformatics**. 5ª ed. Oxford University Press. 2019. 432p.

Lemey, P.; Salemi, M.; Vandamme, A.-M. **The Phylogenetic Handbook: A Practical Approach to Phylogenetic Analysis and Hypothesis Testing**. 2ª ed. Cambridge University Press. 2009. 750p.

Model, M.L. **Bioinformatics Programming Using Python**. O'Reilly Media. 2010. 524p.

Mount, D.W. **Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis**. 2ª ed. Cold Spring Harbor Laboratory Press. 2004. 692p.

Paradis, E. **Analysis of Phylogenetics and Evolution with R**. 2ª ed. Springer. 2012. 386p.

Polanski, A. & Kimmel, M. **Bioinformatics**. Springer. 2007. 393p.

Tisdall, J. **Beginning Perl for Bioinformatics**. O'Reilly Media. 2001. 400p.

Xiong, J. **Essential Bioinformatics**. Cambridge University Press. 2006. 352p.

Ye, S.Q. **Bioinformatics - A Practical Approach**. Chapman & Hall/CRC. 2019. 648p.