  

**CURSO**

**RNAs n˜ao-codificadores: uma introduc¸˜ao**

Universidade Federal de Goia´s

Professoras: Tain´a Raiol Alencar1 e Maria Em´ılia M. T. Walter2

Tutores: Daniel S. Souza e Joa˜o Victor A. Oliveira

Per´ıodo: 21 a 23 de setembro de 2015

Local: Sala de informática 104 da EA-UFG (Centro de Aulas Pequi)

1. **Apresentac¸a˜o**

H´a alguns anos, apenas as por¸c˜oes dos cromossomos que codificavam prote´ınas, os genes, tinham pap´eis considerados importantes para os mecanismos celulares. Atualmente, outras regio˜es tˆem sido mais cuidadosamente investigadas. Particularmente, pesquisas vˆem mostrando que RNAs que n˜ao participam diretamente da s´ıntese de prote´ınas, denominados de RNAs n˜ao-codificadores (em inglˆes, *non-coding RNAs* - ncRNAs), exercem outras func¸o˜es importantes da c´elula. Embora sejam conhecidas t´ecnicas espec´ıficas, laboratoriais e computacionais, e milhares de familias de ncRNAs, n˜ao foram ainda determinados m´etodos bem padronizados que permitam identificar ncRNAs ou determinar suas caracter´ısticas espec´ıficas.

1. **Objetivo**

Neste curso, o objetivo ´e discutir conceitos b´asicos de ncRNAs, bem como t´ecnicas de sequenciamento de RNAs e m´etodos computacionais e bancos de dados utilizados para investigar ncRNAs. Esses conceitos, ferramentas e bancos de dados podera˜o ser aplicados a projetos espec´ıficos, de interesse dos alunos.

1. **Ementa**
   * Biologia Molecular: ´acidos nuc´eicos, prote´ınas, Dogma Central da Biologia Molecular, ncRNAs
   * T´ecnicas de sequenciamento de RNAs
   * M´etodos computacionais e algoritmos de comparac¸a˜o de sequˆencias (conceitos de similaridade x homologia, alinhamento de sequˆencias: global e local, programac¸a˜o dinaˆmica, BLAST)
   * M´etodos de classificac¸a˜o e identificac¸a˜o de ncRNAs e ferramentas (Infernal, Vienna, Portrait, snoReport, ncRNA-Agents)
   * Bancos de dados de ncRNAs (Rfam, snoRNAdb, miRBase)
   * Aplica¸c˜oes a projetos espec´ıficos, de interesse dos alunos
2. **Atividades**
   * Dia 21 de setembro:
     + 9h-10h15: Biologia Molecular
     + 10h15-10h30: Intervalo
     + 10h30-12h: T´ecnicas de sequenciamento de RNAs

**–** 12h-13h30: Almo¸co

* + - 13h30-15h: M´etodos computacionais e algoritmos de comparac¸a˜o de sequˆencias
    - 15h-15h15: Intervalo
    - 15h15-16h15: M´etodos de classificac¸a˜o e identificac¸a˜o de ncRNAs e ferramentas
    - 16h15-17h: Bancos de dados de ncRNAs
    - 17h-18h: Discussa˜o de projetos
  + Dia 22 de setembro:
    - 9h-10h30: Pra´tica: Biologia Molecular e t´ecnicas de sequenciamento de RNAs
    - 10h30-10h45: Intervalo
    - 10h45-12h: Pra´tica: Algoritmos de compara¸c˜ao de sequˆencias

**–** 12h-13h30: Almo¸co

* + - 13h30-15h: Ferramentas de classificac¸a˜o e identificac¸a˜o de ncR- NAs
    - 15h-16h: Bancos de dados de ncRNAs
    - 16h-16h15: Intervalo
    - 16h-18h: Desenvolvimento dos projetos
  + Dia 23 de setembro:
    - 9h-11h: Desenvolvimento dos projetos
    - 11h-11h15: Intervalo
    - 11h15-12h30: Desenvolvimento dos projetos

**–** 12h30-13h30: Almo¸co

* + - 13h30-15h30: Apresentac¸a˜o e discussa˜o dos resultados
    - 15h30-15h45: Intervalo
    - 15h45-16h45: Apresentac¸a˜o e discussa˜o dos resultados
    - 16h45-17h: Fechamento do curso