

CURSO DE PÓS-GRADUAÇÃO

2017

Programa de Biologia Estrutural e Funcional

Sequenciamento de Nova Geração: Introdução a Bioinformática e Análises de Pipelines

INSCRIÇÃO: <http://www.bef.posgrad.com.br>

Professores Responsável: Janete Maria Cerutti

Número de Aulas: 6

Número de Créditos: 3

Datas: 06/11/2017 a 17/11/2017

Datas	Horário	Sala
06 de Novembro	9:00-12:00	Af. José Carlos Prates
07 de Novembro	9:00-12:00	Af. José Carlos Prates
08 de Novembro	9:00-12:00	Af. Ricardo Smith
08 de Novembro	14:00- 17:00	Af. José Carlos Prates
17 de Novembro	9:00-12:00	Af. José Carlos Prates
17 de Novembro	14:00-17:00	Af. José Carlos Prates

Número máximo de alunos: 20 (Se houverem números excedentes de inscrição, realizaremos uma seleção dos candidatos).

Forma de Avaliação:

Seminários: Serão selecionados trabalhos científicos relacionados ao assunto e que serão apresentados pro grupos de alunos no dia 17/11. Os grupos serão formados após encerramento das inscrições.

Ementa:

A primeira parte do curso engloba, o histórico do sequenciamento até as técnicas e plataformas atuais, com enfoque na plataforma Illumina e conceitos básicos em bioinformática.

Pipelines da análise de exoma e WGS

Serão discutidas alguns conceitos básicos de bioinformática importância, vantagens e desvantagens de se fazer WXS e WGS e conceitos básicos em bioinformática. Mostraremos o perfil do dado gerado pelo sequenciamento, como fazemos o controle de qualidade, como alinhá-lo ao genoma referência, as ferramentas mais utilizadas para isso e como essa informação é interpretada. Além disso, apresentaremos como os dados são preparados para a chamada de variantes, como a chamada é feita, incluindo filtros, anotação e interpretação do resultado. A Análise de *copy number variation* também será descrita, assim como as ferramentas para tal. Abordaremos a aplicabilidade de bancos de dados públicos específicos, como baixar os dados e que tipo de dados encontramos. Daremos ênfase à aplicabilidade das técnicas de bioinformática e resultados obtidos na área de oncologia molecular.

Pipelines da análise de RNA-seq

Esta parte do curso abrange, as técnicas e plataformas atuais e a importância, vantagens e desvantagens de se fazer sequenciamento de RNA. Mostraremos o perfil do dado gerado pelo sequenciamento, como fazemos o controle de qualidade e as ferramentas mais utilizadas no alinhamento. Além disso, apresentaremos ferramentas, métodos de análise e interpretação dos resultados para expressão genica e expressão genica diferencial, fusão gênica e chamada de mutação. Abordaremos a aplicabilidade de bancos de dados públicos, como baixar os dados e

que tipo de dados encontramos. Daremos ênfase à aplicabilidade das técnicas de bioinformática e resultados obtidos na área de oncologia molecular.

Programa:

06/11/2017

Histórico do Sequenciamento, Plataformas atuais de Sequenciamento de Nova Geração e construção de Bibliotecas WGS, Exoma, RNA-seq e target Sequencing com enfoque na plataforma Illumina.

Dra Fernanda Vhristtanini Koyama

07/11/2017

Conceitos Básicos em Bioinformática:

Prof. Dr. Reginaldo Massanobu Kuroshu

Instituto de Ciências e Tecnologia (ICT), UNIFESP

Campus São José dos Campos, SP

08/11/2017

Pipelines para Análise do WGS e Exoma

Dra Vanessa Galdeno

Centro de Oncologia Molecular

Hospital Sírio-Libanês

08/11/2017

Pipelines para Análise do RNA-Seq (Fusão gênica, análise de expressão, identificação de mutações e expressão diferencial)

Dra Vanessa Candiotti Buzatto

Centro de Oncologia Molecular

Hospital Sírio-Libanês

17/11

Seminários