



UNIVERSIDADE FEDERAL DE SANTA CATARINA
CENTRO DE CIÊNCIAS DA SAÚDE
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM FARMÁCIA
SEMESTRE 2023.2

**I. IDENTIFICAÇÃO DA DISCIPLINA**

CÓDIGO	NOME DA DISCIPLINA	Nº DE HORAS-AULA		Nº TOTAL DE CRÉDITOS
		TEÓRICA	PRÁTICA	
FAR410101	ESTRATÉGIAS ÔMICAS PARA O ESTUDO DE MICRORGANISMOS E DA FISIOPATOLOGIA DE DOENÇAS	27 h	27 h	03 créditos

II. OFERTA

PERÍODO	Nº VAGAS	HORÁRIO	LOCAL DAS AULAS
18 de setembro a 27 de outubro	15	14 às 18 h	H006, H211 (Bloco H, CCS) - B005 (906) (Bloco B, CCS)

III. PROFESSOR (ES) MINISTRANTE

Profa. Dra. Jussara Kasuko Palmeiro (Departamento de Análises Clínicas, ACL/CCS, E-mail: jussara.kasuko@ufsc.br) - RESPONSÁVEL

Prof. Dr. Dany Mesa (Instituto de Pesquisa Pelé Pequeno Príncipe, IPPPP, Curitiba-PR, E-mail: dmesaf7@gmail.com) – PESQUISADOR VISITANTE

Profa. Dra. Thaís Cristine Marques Sincero (Departamento de Análises Clínicas, ACL/CCS, E-mail: thaís.sincero@ufsc.br)

Profa. Dra. Karin Silva Caumo (Departamento de Análises Clínicas, ACL/CCS, E-mail: k.caumo@ufsc.br)

IV. PRÉ-REQUISITO

Não apresenta

V. CURSO(S) PARA O(S) QUAL(IS) A DISCIPLINA PODE SER OFERECIDA

Programa de Pós-Graduação em Farmácia ou áreas afins.

Nível (X) Mestrado e/ou (X) Doutorado

VI. EMENTA

Conceitos e princípios das Ciências Ômicas. Instrumentação, metodologias e técnicas relacionadas à Genômica, Transcriptômica, Metagenômica e Proteômica. Aplicações de diversas abordagens das Ciências Ômicas no âmbito do estudo de microrganismos e fisiopatologia de doenças. Desenho de estudo. Ferramentas de Bioinformática e bancos de dados para análise de dados biológicos.

VII. OBJETIVOS

Objetivo geral: apresentar sobre conceitos, métodos, análise e aplicações de estratégias ômicas para o estudo de microrganismos e da fisiopatologia de doenças.

Objetivos específicos: desenvolver nos alunos habilidades para: (i) planejamento, condução, análise e discussão de metodologia que utilize estratégias ômicas de forma única ou integrada; (ii) buscar e compreender ferramentas para análise dos dados gerados por tais estratégias; e (iii) raciocínio científico e crítico em relação à literatura da área.

VIII. METODOLOGIA DE ENSINO / DESENVOLVIMENTO DO PROGRAMA

As metodologias consistirão em (i) aulas expositivas, dialogadas e/ou interativas, (ii) aulas práticas com atividades computacionais, (iii) discussão em pequenos e grandes grupos, (iv) análise e discussão de publicações científicas, (v) pesquisa em bancos de dados biológicos e (vi) aplicação de metodologias ativas, como seminários, painel integrado. Os materiais da disciplina serão disponibilizados no Ambiente Virtual de Ensino e Aprendizagem (AVEA) Moodle e serão de uso exclusivo dos estudantes regularmente matriculados na disciplina. O controle de frequência será realizado por meio do recurso Presenças no AVEA Moodle. As atividades computacionais serão realizadas utilizando o laptop do próprio aluno ou em laboratório de informática a definir.

IX. METODOLOGIA DE AVALIAÇÃO

A avaliação será trabalhada de forma individual e consistirá na apresentação de seminários e na resolução de estudo dirigido. A nota final da disciplina será constituída da média ponderada das notas de (i) apresentação do seminário módulo 1 (peso 2), (ii) estudo dirigido (peso 2), (iii) apresentação do seminário módulo 2 (peso 5) e (iv) participação e assiduidade (peso 1). Será considerado aprovado o aluno que obtiver média final igual ou superior a 6,0 e que tenha frequentado, no mínimo, 75% das atividades da disciplina.

X. CONTEÚDO PROGRAMÁTICO E CRONOGRAMA

DATA	HORÁRIO (CH)	ASSUNTO	ATIVIDADE	PROFESSOR
18/09	14:00 às 17:00 (3 h/a)	Apresentação da disciplina. Genética de microrganismos. Distribuição dos temas para os seminários.	Aula expositiva-dialogada	Jussara
20/09	14:00 às 17:00 (3 h/a)	Workflow da genômica 1 (sequenciamento <i>short read</i>) – Geração de sequências. Desenho de estudo. Instrumentação. Protocolos metodológicos.	Aula expositiva-dialogada	Jussara
21/09	14:00 às 17:00 (3 h/a)	Workflow da genômica 2 – Avaliação de qualidade. Montagem por referência e <i>de novo</i> . Anotação. Curadoria, depósito de genomas.	Aula expositiva-dialogada	Jussara
22/09	14:00 às 17:00 (3 h/a)	Workflow da genômica 3 (sequenciamento <i>long read</i>) – Desenho de estudo. Instrumentação. Protocolos metodológicos.	Aula expositiva-dialogada	Thaís
25/09	14:00 às 16:00 (2 h/a)	Workflow da metagenômica – Desenho de estudo. Instrumentação. Protocolos metodológicos.	Aula expositiva-dialogada	Jussara
28/09	14:00 às 17:00 (3 h/a)	Atividade avaliativa	Apresentação dos seminários	Jussara
29/09	14:00 às 16:00 (2 h/a)	Atividade avaliativa	Apresentação dos seminários	Jussara
02/10	14:00 às 18:00 (4 h/a)	Pipeline de dados (ferramentas de análise) – Genômica 1	Aula prática	Dany
03/10	14:00 às 18:00 (4 h/a)	Pipeline de dados (ferramentas de análise) – Genômica 2	Aula prática	Dany
04/10	15:00 às 18:00 (3 h/a)	Pipeline de dados (ferramentas de análise) – Metagenômica 1	Aula prática	Dany
05/10	14:00 às 18:00 (4 h/a)	Pipeline de dados (ferramentas de análise) – Metagenômica 2	Aula prática	Dany
06/10	14:00 às 18:00 (4 h/a)	Pipeline de dados (ferramentas de análise) – Metagenômica 3. Entrega do estudo dirigido.	Aula prática	Dany
09/10	14:00 às 16:00 (2 h/a)	Princípios e aplicações da proteômica e espectrometria de massas para o estudo de	Aula expositiva-dialogada	Karin

		microrganismos patogênicos. Preparo de amostras para análise em larga escala, métodos de fracionamento e enriquecimento de proteínas e peptídeos.		
16/10	14:00 às 16:00 (2 h/a)	Proteoma e superfícima de microrganismos patogênicos e proteômica comparativa para o estudo de fatores de virulência e biomarcadores.	Apresentação de Seminários e discussão	Karin
19/10	14:00 às 16:00 (2 h/a)	Proteômica aplicada ao estudo de mecanismos de resistência a drogas e atividade biológica de moléculas frente a microrganismos.	Apresentação de Seminários e discussão	Karin
20/10	14:00 às 16:00 (2 h/a)	Aplicação do MALDI no diagnóstico laboratorial de doenças infecciosas.	Aula expositiva-dialogada, Apresentação de Seminários e discussão	Karin
26/10	14:00 às 18:00 (4 h/a)	Visita ao laboratório de espectrometria de massas - UFSC	Aula prática	Karin
27/10	14:00 às 17:00 (3 h/a)	Bioinformática aplicada ao estudo de proteomas - processamento de dados utilizando plataformas de análise e anotação funcional dos proteomas.	Aula expositiva-dialogada	Karin

XI. BIBLIOGRAFIA BÁSICA 1

Zaha, A; Ferreira, HB; Passaglia, LMP. *Biologia Molecular Básica*. 5ª. Edição. Editora Artmed, 2014.

Watson, JD; Baker, TA; Bell, SP; Gann, A; Levine, M; Losick, R. *Biologia Molecular do Gene*. 7ª. Edição. Editora Artmed, 2015.

Snustad, P & Simmons, MJ. *Fundamentos de Genética*. 7ª. Edição. Editora Guanabara Koogan, 2017.

Moreira, L.M. (2015). *Ciências Genômicas: Fundamentos e Aplicações*. Sociedade Brasileira de Genética, Ribeirão Preto, Brasil. **Disponível para download gratuitamente** (<https://docero.com.br/doc/n0vexen>).

Verli, H. (2014). *Bioinformática: da Biologia à Flexibilidade Moleculares*. 1ª edição, Porto Alegre, Brasil. **Disponível para download gratuitamente** (<https://www.ufrgs.br/bioinfo/ebook/>).

Lesk, A. (2008). *Introdução à Bioinformática*. Tradução da 2ª edição. Editora Artmed, Porto Alegre, Brasil. **Disponível para download gratuitamente** (<https://www.doccity.com/pt/introducao-a-bioinformatica-arthur-m-lesk-completo/4823006/>).

XII. BIBLIOGRAFIA BÁSICA 2

AEBISCHER, T. Leishmania spp. Proteome Data Sets: A Comprehensive Resource for Vaccine Development to Target Visceral Leishmaniasis. **Front Immunol**, v. 5, p. 260, 2014. ISSN 1664-3224.

BAUTISTA, J. M. et al. Malaria proteomics: insights into the parasite-host interactions in the pathogenic space. **J Proteomics**, v. 97, p. 107-25, Jan 31 2014.

BILLER, L. et al. Comparison of two genetically related Entamoeba histolytica cell lines derived from the same isolate with different pathogenic properties. **Proteomics**, v. 9, n. 17, p. 4107-20, Sep 2009. ISSN 1615-9861.

BOYER, A. E. et al. Quantitative mass spectrometry for bacterial protein toxins--a sensitive, specific, high-throughput tool for detection and diagnosis. **Molecules**, v. 16, n. 3, p. 2391-413, 2011. ISSN 1420-3049.

BREKER, M.; SCHULDINER, M. The emergence of proteome-wide technologies: systematic analysis of proteins comes of age. **Nat Rev Mol Cell Biol**, v. 15, n. 7, p. 453-64, Jul 2014. ISSN 1471-0072.

HEFFNER, K. M. et al. Exploiting the proteomics revolution in biotechnology: from disease and antibody targets to optimizing bioprocess development. **Curr Opin Biotechnol**, v. 30c, p. 80-86, Jul 2 2014. ISSN 0958-1669.

MANZANO-ROMAN, R. et al. Protein arrays as tool for studies at the host-pathogen interface. **J Proteomics**, v. 94, p. 387-400, Dec 6 2013.

XIAO, D. et al. The Construction and Evaluation of Reference Spectra for the Identification of Human Pathogenic Microorganisms by MALDI-TOF MS. **PLoS One**, v. 9, n. 9, p. e106312, 2014. ISSN 1932-6203.

WAGNER, G. et al. The Trypanosoma rangeli trypomastigote surfaceome reveals novel proteins and targets for specific diagnosis. **J Proteomics**, v. 82, p. 52-63, Apr 26 2013.

Han L, Chang PV. Activity-based protein profiling in microbes and the gut microbiome. *Curr Opin Chem Biol*. 2023 Jul 8;76:102351. doi: 10.1016/j.cbpa.2023.102351. Epub ahead of print. PMID: 37429085.

Mappa C, Alpha-Bazin B, Pible O, Armengaud J. Evaluation of the Limit of Detection of Bacteria by Tandem Mass Spectrometry Proteotyping and Phylopeptidomics. *Microorganisms*. 2023 Apr 29;11(5):1170. doi: 10.3390/microorganisms11051170. PMID: 37317144; PMCID: PMC10223342.

XIII. BIBLIOGRAFIA COMPLEMENTAR 1

Agostino, M. (2012). *Practical Bioinformatics*. Garland Science, 1st edition, USA.

Baxevanis, A.D. & Ouellette, B.F.F. (2005). *Bioinformatics: A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins*. 3rd edition. John Wiley & Sons, Inc., New York, USA.

Brown, S.M. (2013). *Next-Generation DNA Sequencing Informatics*. Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1st edition, USA.

Brown, T.A. (2006). *Genomes 3*. Garland Science, 3rd edition, USA.

Lesk, A.M. (2012). *Introduction to Genomics*. Oxford University Press, 2nd edition, USA.

Lesk, A.M. (2014). *Introduction to Bioinformatics*. Oxford University Press, 4th edition, USA.

Mount, D.W. (2004). *Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis*. 2nd edition. Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, USA.

Pevzner, P. & Shamir, R. (2011). *Bioinformatics for Biologists*. Cambridge University Press, 1st edition, UK.

William Shotts. *The Linux Command Line*, 3rd Internet Edition. (<http://linuxcommand.org/tlcl.php>)

XIV. BIBLIOGRAFIA COMPLEMENTAR 2

Charles W. Gehrke Proteomics Center: University of Missouri <http://proteomics.missouri.edu/>

Banco de dados de phosphoproteínas de plantas - ferramentas para criação de banco de dados FASTA randomizado e reverso, concatenado ao original. www.p3db.org/

Center of Biological Sequence Analysis - University of Denmark. Diversas ferramentas de predição da localização de proteínas através de diferentes algoritmos. <http://www.cbs.dtu.dk/services/>

Expasy Proteomics Server: diversas ferramentas para pesquisas relacionadas ao proteoma. Alinhamentos, blast, redução de redundância, etc. <http://ca.expasy.org/>

Insource: diversas informações a respeito de espectrometria de massas, tutoriais, etc. <http://www.ionsource.com/>

Sociedade Brasileira de Espectrometria de massas. <http://www.brmass.com.br/index.asp>

American Society for Mass Spectrometry. <http://www.asms.org/>

Human Proteome Organization. <http://www.hupo.org/>

MUSC Nephrology Proteomics Facility: vários tutoriais e protocolos úteis em diversas linhas de proteoma. <http://www.hupo.org/>

XV. BIBLIOGRAFIA COMPLEMENTAR 3

Artigos científicos de revistas indexadas.

Periódicos científicos em Bioinformática:

- Bioinformatics
- BMC Bioinformatics
- Briefings in Bioinformatics
- Computational Biology and Chemistry
- Computers in Biology and Medicine
- DATABASE: The Journal of Biological Databases and Curation
- In Silico Biology
- Journal of Biomedical Informatics
- Journal of Computational Biology
- Journal of Integrative Bioinformatics
- Online Journal of Bioinformatics
- PLOS Computational Biology

XVI. LINKS PARA ACESSO VIA INTERNET

Programa para criação de máquinas virtuais – virtualização

- Máquinas virtuais para Win, Mac e Linux (freeware): <https://www.virtualbox.org/>

Distribuições e ambientes de trabalho – Linux

- Ubuntu: <https://ubuntu.com/>
- Tutorial - Introduction to Linux for bioinformatics (<https://www.bits.vib.be/index.php/training/124-linux-for-bioinformatics>)

Acesso a livros gratuitos em formato eletrônico e tutoriais

- NCBI Bookshelf (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/>)
- SlideShare (<https://pt.slideshare.net/>)
- ZLibrary.LA (<https://z-lib.org/>)

DANY ALBERTO
MESA FIAGA:
01223073998

MESA FIAGA:01223073998
DN: C=BR, O=ICP-Brasil, OU=AC SOLUTI
Multipla v6, OU=2825000000169,
OU=Videoconferencia, OU=Certificado PF A1,
CN=DANY ALBERTO MESA FIAGA:
01223073998
Razão: Eu sou o autor deste documento
Localização:
Data: 2023-07-11 19:45:14

Prof. Dr. Dany Mesa



Documento assinado digitalmente

Jussara Kasuko Palmeiro

Data: 11/07/2023 18:19:42-0300

CPF: ***.846.529-**

Verifique as assinaturas em <https://v.ufsc.br>

Profª Dra. Jussara Kasuko Palmeiro



Documento assinado digitalmente

Karin Silva Caumo

Data: 11/07/2023 18:23:18-0300

CPF: ***.472.970-**

Verifique as assinaturas em <https://v.ufsc.br>

Profª Dra. Karin Silva Caumo



Documento assinado digitalmente

Thais Cristine Marques Sincero

Data: 11/07/2023 18:21:04-0300

CPF: ***.292.249-**

Verifique as assinaturas em <https://v.ufsc.br>

Profª. Dra. Thaís Cristine Marques Sincero