

# Programa Analítico de Disciplina

## BQI 760 - Bioinformática Aplicada as Ômicas

Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular - Centro de Ciências Biológicas e da Saúde

Catálogo: 2024

Número de créditos: 4

Carga horária semestral: 60h

Carga horária semanal teórica: 2h

Carga horária semanal prática: 2h

Semestres: II

### Ementa

Ambiente Linux

Obtenção e estrutura de dados gerados por tecnologias de sequenciamento de genomas e transcriptomas

Análise e triagem de qualidade de sequências

Algoritmos de montagem de genomas e transcriptomas

Algoritmos de anotação de genomas e transcriptomas

Estratégia de análise de genes diferencialmente expressos em transcriptomas

Obtenção de dados gerados por proteômica quantitativa livre de gel

Análise de proteínas diferencialmente expressas

Obtenção de dados gerados por metabolômica

Análise qualitativa e quantitativa de metabólitos em amostras complexas

### Conteúdo

| Unidade  | T  | P  | To |
|--|----|----|----|
| <b>1. Ambiente Linux</b><br>1. Utilização de linhas de comando<br>2. Linguagens de programação<br>3. Automatização de análise utilizando scripts<br>4. Plataforma R  | 4h | 4h | 8h |
| <b>2. Obtenção e estrutura de dados gerados por tecnologias de sequenciamento de genomas e transcriptomas</b><br>1. Análise da bioinformática aplicada a genômica estrutural e funcional<br>2. Preparo de amostras e controle de qualidade<br>3. Principais tecnologia de sequenciamento em larga escala<br>4. Estrutura dos dados gerados por tecnologias de sequenciamento | 2h | 2h | 4h |
| <b>3. Análise e triagem de qualidade de sequências</b><br>1. Principais parâmetros de qualidade<br>2. Seleção de dados de alta qualidade<br>3. Visualização de qualidade dos dados   | 2h | 2h | 4h |
| <b>4. Algoritmos de montagem de genomas e transcriptomas</b><br>1. Montagem por referência<br>2. Montagem de novo  | 4h | 4h | 8h |
| <b>5. Algoritmos de anotação de genomas e transcriptomas</b>   | 4h | 4h | 8h |

A autenticidade deste documento pode ser conferida no site <https://siadoc.ufv.br/validar-documento> com o código: 24EB.OECE.DAP5

|  |            |            |            |
|--|------------|------------|------------|
| <ul style="list-style-type: none"> <li>1. Bancos de dados</li> <li>2. Análise de alinhamentos</li> <li>3. Curadoria automática e manual</li> </ul>   |            |            |            |
| <p><b>6. Estratégia de análise de genes diferencialmente expressos em transcriptomas</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>1. Correção de dados</li> <li>2. Normalização de dados</li> <li>3. Métodos estatísticos de comparação de dados</li> </ul>            | 4h         | 4h         | 8h         |
| <p><b>7. Obtenção de dados gerados por proteômica quantitativa livre de gel</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>1. Preparação de amostras</li> <li>2. Estrutura dos dados</li> <li>3. Métodos de correção e normalização de dados</li> </ul>                  | 2h         | 2h         | 4h         |
| <p><b>8. Análise de proteínas diferencialmente expressas</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>1. Correção de dados</li> <li>2. Normalização de dados</li> <li>3. Identificação de proteínas</li> <li>4. Métodos estatísticos de comparação de dados</li> </ul> | 3h         | 3h         | 6h         |
| <p><b>9. Obtenção de dados gerados por metabolômica</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>1. Preparação de amostras</li> <li>2. Estrutura dos dados</li> <li>3. Métodos de correção e normalização de dados</li> </ul>  | 2h         | 2h         | 4h         |
| <p><b>10. Análise qualitativa e quantitativa de metabólitos em amostras complexas</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>1. Bancos de dados</li> <li>2. Algoritmos de identificação de metabólitos</li> <li>3. Quantificação absoluta de metabólitos</li> </ul>  | 3h         | 3h         | 6h         |
| <b>Total</b>   | <b>30h</b> | <b>30h</b> | <b>60h</b> |

Teórica (T); Prática (P); Total (To);

## BQI 760 - Bioinformática Aplicada as Ômicas

### Bibliografias básicas

| Descrição  | Exemplares |
|--|------------|
| MANDOIU, I. and ZELIKOSVKY, A. Computational Methods for Next Generation Sequencing Data Analysis. Wiley. 2016. 464p.  | 0          |
| VERLI, H. Bioinformática da biologia à flexibilidade molecular. Porto Alegre. 2014. 282p. Disponível gratuitamente em: <a href="http://www.ufrgs.br/bioinfo/ebook/">http://www.ufrgs.br/bioinfo/ebook/</a> | 0          |
| MOREIRA, L. M. Ciências genômicas: Fundamentos e aplicações. 2016. Disponível gratuitamente em: <a href="http://moreiralab.net">http://moreiralab.net</a>  | 0          |

### Bibliografias complementares

*Não definidas*

### Pontos de controle

| Campo    | Anterior                                | Atual                             |
|----------|---|-----------------------------------|
| Nome     | Bioinformática I                        | Bioinformática Aplicada as Ômicas |
| Conteúdo | Há alterações no conteúdo da disciplina |                                   |

# Syllabus

## BQI 760 - Bioinformatics Applied to Omics

Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular - Centro de Ciências Biológicas e da Saúde

Catalog: 2024

Number of credits: 4

Total hours: 60h

Weekly workload - Theoretical: 2h

Weekly workload - Practical: 2h

Period: II

### Content

Linux environment

Obtaining and structuring data generated by genome and transcriptome sequencing technologies

Sequence quality analysis and screening

Genome and transcriptomes assembly algorithms

Genome and transcriptome annotation algorithms

Analysis strategy of differentially expressed genes in transcriptomes

Obtaining data generated by gel-free quantitative proteomics

Analysis of differentially expressed proteins

Obtaining data generated by metabolomics

Qualitative and quantitative analysis of metabolites in complex samples

### Course program

| Unit  | T  | P  | To |
|---|----|----|----|
| <b>1. Linux environment</b><br>1. Using command lines<br>2. Programming languages<br>3. Analysis automation using scripts<br>4. R platform  | 4h | 4h | 8h |
| <b>2. Obtaining and structuring data generated by genome and transcriptome sequencing technologies</b><br>1. Analysis of bioinformatics applied to structural and functional genomics<br>2. Sample preparation and quality control<br>3. Major large-scale sequencing technologies<br>4. Structure of data generated by sequencing Technologies | 2h | 2h | 4h |
| <b>3. Sequence quality analysis and screening</b><br>1. Main quality parameters<br>2. High quality data selection<br>3. Data Quality Visualization  | 2h | 2h | 4h |
| <b>4. Genome and transcriptomes assembly algorithms</b><br>1. Reference assembly<br>2. Assembly again   | 4h | 4h | 8h |
| <b>5. Genome and transcriptome annotation algorithms</b>  | 4h | 4h | 8h |

A autenticidade deste documento pode ser conferida no site <https://siadoc.ufv.br/validar-documento> com o código: 24EB.OECE.DAP5

|  |            |            |            |
|--|------------|------------|------------|
| <ul style="list-style-type: none"> <li>1. Databases</li> <li>2. Alignment analysis</li> <li>3. Automatic and manual curation</li> </ul>  |            |            |            |
| <p><b>6. Analysis strategy of differentially expressed genes in transcriptomes</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>1. Data correction</li> <li>2. Data normalization</li> <li>3. Statistical data comparison methods</li> </ul>                   | 4h         | 4h         | 8h         |
| <p><b>7. Obtaining data generated by gel-free quantitative proteomics</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>1. Sample preparation</li> <li>2. Data structure</li> <li>3. Data correction and normalization methods</li> </ul>                       | 2h         | 2h         | 4h         |
| <p><b>8. Analysis of differentially expressed proteins</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>1. Data correction</li> <li>2. Data normalization</li> <li>3. Protein identification</li> <li>4. Statistical data comparison methods</li> </ul>        | 3h         | 3h         | 6h         |
| <p><b>9. Obtaining data generated by metabolomics</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>1. Sample preparation</li> <li>2. Data structure</li> <li>3. Data correction and normalization methods</li> </ul>   | 2h         | 2h         | 4h         |
| <p><b>10. Qualitative and quantitative analysis of metabolites in complex samples</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>1. Databases</li> <li>2. Metabolite identification algorithms</li> <li>3. Absolute quantification of metabolites</li> </ul> | 3h         | 3h         | 6h         |
| <b>Total</b>   | <b>30h</b> | <b>30h</b> | <b>60h</b> |

Theoretical (T); Practical (P); Total (To);

## BQI 760 - Bioinformatics Applied to Omics

### Fundamental references

| Description  | Copies |
|--|--------|
| MANDOIU, I. and ZELIKOSVKY, A. Computational Methods for Next Generation Sequencing Data Analysis. Wiley. 2016. 464p.  | 0      |
| VERLI, H. Bioinformática da biologia à flexibilidade molecular. Porto Alegre. 2014. 282p. Disponível gratuitamente em: <a href="http://www.ufrgs.br/bioinfo/ebook/">http://www.ufrgs.br/bioinfo/ebook/</a> | 0      |
| MOREIRA, L. M. Ciências genômicas: Fundamentos e aplicações. 2016. Disponível gratuitamente em: <a href="http://moreiralab.net">http://moreiralab.net</a>  | 0      |

### Complementary references

*Not defined*

### Pontos de controle

| Campo    | Anterior                                | Atual                             |
|----------|---|-----------------------------------|
| Nome     | Bioinformática I                        | Bioinformática Aplicada as Ômicas |
| Conteúdo | Há alterações no conteúdo da disciplina |                                   |