

EMENTA DE DISCIPLINA

202 /

Nome da disciplina: Introdução à análise de genomas bacterianos

Código: **Carga horária (h):** 30

Coordenador(es): Marinella Silva Laport

Professor(es) envolvido(s): Bruno Francesco Rodrigues de Oliveira (PPGMPA-UFF e PPGBM-IEAPM/UFF)

Discente(s) em treinamento didático envolvido(s):

Ementa: Conceitos básicos em genômica bacteriana. Sequenciamento de genomas bacterianos: histórico, principais estratégias, vantagens e desvantagens associadas e cenário futuro. Montagem de genomas bacterianos: abordagens por referência e *de novo*, visão geral de principais algoritmos, métodos e ferramentas utilizadas, checagem completa de qualidade dos genomas recém-montados, *scaffolding* e *gap filling*. Anotação de genomas bacterianos: princípios de predição computacional gênica, anotação manual vs. automática, anotação estrutural vs. funcional, emprego de anotadores de referência e exemplos de ferramentas/bancos de dados contemporâneos para anotação funcional completa, *genome browsers* e visualização de mapas genômicos. Fundamentos de genômica comparativa bacteriana: ortologia, sintenia, mapeamento, introdução à pangenômica bacteriana. Aplicações das análises de genomas bacterianos nos contextos de Microbiologia Médica e Biotecnologia Microbiana. Práticas relativas às etapas básicas de montagem, anotação, comparação e visualização de genomas bacterianos com ferramentas/*softwares* executados majoritariamente por linha de comando disponíveis e de licença aberta.

Informações pertinentes para inscrição: os discentes interessados necessitam enviar uma carta de justificativa sobre a importância da realização do curso em seu projeto de pesquisa de Mestrado ou Doutorado, o qual deve envolver imprescindivelmente análise genômica bacteriana. Essa carta deve ser assinada pelos discentes e respectivos orientadores e será avaliada pelos docentes coordenadores do curso para aprovação na inscrição na disciplina. Mesmo não constituindo em pré-requisito, é desejável que os candidatos com inscrição aprovada possuam familiaridade e/ou experiência prévia com bioinformática básica. Os discentes inscritos necessitarão levar computador pessoal (*notebook*) para as aulas práticas.

Idioma:

☒ Português ☐ Inglês ☐ Outro:

Pré-requisitos:

☒ Não há

Cronograma da disciplina:

Data Inicial:

Data final:

Horário: 9-16h

☒ Segunda-feira ☒ Terça-feira ☒ Quarta-feira ☒ Quinta-feira ☒ Sexta-feira**Tipos de aulas da disciplina:**☒ Teóricas ☒ Práticas ☐ Seminários ☐ Demonstrativas☐ Outro:**Tipo de avaliação:**☐ Prova ☐ Conceito ☐ Estudo Dirigido ☐ Seminário ☒ Trabalho☐ Outro:

Número mínimo e máximo de vagas: 8

A disciplina Escolher um item.

Áreas:

☒ Bacteriologia	☒ Genética de Microrganismos	☒ Microbiologia Industrial
☐ Biologia Celular	☐ Imunologia	☒ Microbiologia Médica
☐ Bioquímica	☐ Micologia	☐ Parasitologia
☒ Biotecnologia	☐ Microbiologia Ambiental	☐ Virologia

☐ Outra: Clique ou toque aqui para inserir o texto.

A disciplina:

☒ Trabalha aspectos gerais de uma área, com a apresentação de todos os conceitos necessários para o bom aproveitamento pelo discente. Não exige conhecimentos prévios.

☐ Trabalha conceitos específicos dentro de uma área ou subárea, de forma aprofundada.
☐ Apesar de introduzir os aspectos mais gerais da área, os conhecimentos prévios discriminados abaixo são necessários para o melhor aproveitamento pelo discente.

☐ Trabalha conceitos específicos dentro de uma área ou subárea, e de forma aprofundada.
☐ Os conhecimentos prévios discriminados abaixo são absolutamente necessários para o bom aproveitamento da disciplina pelo discente.

☐ Tem como enfoque conhecimentos técnicos e metodológicos.

Conhecimentos prévios necessários: [Clique ou toque aqui para inserir o texto.](#)

Linha(s) de pesquisa:

- ☒ Biologia Celular, Bioquímica e Genética de Microrganismos
- ☒ Aplicações Biotecnológicas de Microrganismos e seus Produtos
- ☒ Diversidade, Taxonomia e Ecologia de Microrganismos
- ☒ Antimicrobianos: Mecanismos de Ação e Aspectos Epidemiológicos e Moleculares da Resistência
- ☒ Patogênese, Epidemiologia, Diagnóstico, Prevenção e Tratamento de Doenças Infecciosas
- ☐ Interações Microrganismos/Vírus-Hospedeiros
- ☐ Biologia da Resposta Imunitária

Clique ou toque aqui para inserir o texto.

Programa Detalhado:

Data	Horário	Tipo de aula	Título da Aula	Professor(a)
10/02/25	09h-12h	Teórica	- Conceitos básicos em genômica bacteriana - Sequenciamento de genomas bacterianos	Marinella Laport Bruno de Oliveira
10/02/25	13h-16h	Prática	- Introdução ao Linux - Familiarização com <i>download</i> de programas e ferramentas para análises de genomas bacterianos por linha de comando - <i>Download</i> a partir dos bancos de dados públicos e avaliação da qualidade geral dos dados brutos derivados do sequenciamento de genomas bacterianos	Marinella Laport Bruno de Oliveira
11/02/25	09h-12h	Teórica	- Montagem de genomas bacterianos	Marinella Laport Bruno de Oliveira
11/02/25	13h-16h	Prática	- “Em busca do genoma bacteriano perfeito”: montagem <i>de novo</i> de genomas bacterianos pela abordagem híbrida	Marinella Laport Bruno de Oliveira
12/02/25	09h-12h	Teórica	- Anotação de genomas bacterianos	Marinella Laport Bruno de Oliveira
12/02/25	13h-16h	Prática	- Emprego dos anotadores automáticos de referência Prokka e Bakta e de outras ferramentas <i>online</i> para anotação funcional	Marinella Laport Bruno de Oliveira
13/02/25	09h-12h	Teórica	- Fundamentos de genômica bacteriana comparativa	Marinella Laport Bruno de Oliveira
13/02/25	13h-16h	Prática	- Práticas com Artemis, Artemis Comparison Tool, BRIG e Proksee para comparação e visualização de genomas bacterianos montados e anotados	Marinella Laport Bruno de Oliveira
14/02/25	09h-12h	Teórica/ Prática	- Aplicação das análises de genomas bacterianos no contexto de Microbiologia Médica e Biotecnologia Microbiana	Marinella Laport Bruno de Oliveira
14/02/25	13h-16h	Prática	Entrega de trabalhos e possível visita à Plataforma de Sequenciamento (UFRJ)	Marinella Laport Bruno de Oliveira

Bibliografia:

Básica

- Snyder, L. *Bacterial Genetics and Genomics*. 2 ed. Boca Raton: CRC Press, 2024.
- Azevedo, V., Schneider, M. P., da Silva, A. C., Miyoshi, A., Borém, A (organizadores). *Manual Prático-Teórico: Sequenciamento, Montagem e Anotação de Genomas Bacterianos*. 1 ed. Visconde do Rio Branco: Editora UFV, 2011.
- Brown, T. A. *Genomes 5*. 5 ed. Boca Raton: CRC Press, 2023.

Complementar

- Sites dos repositórios no GitHub e específicas dos programas/ferramentas utilizadas para a análise dos genomas bacterianos

- Koonin, E. V., Makarova, K. S., & Wolf, Y. I. (2021). Evolution of Microbial Genomics: Conceptual Shifts over a Quarter Century. *Trends in Microbiology*, 29(7), 582–592. <https://doi.org/10.1016/j.tim.2021.01.005>

- Land, M., Hauser, L., Jun, S. R., Nookaew, I., Leuze, M. R., Ahn, T. H., Karpinets, T., Lund, O., Kora, G., Wassenaar, T., Poudel, S., & Ussery, D. W. (2015). Insights from 20 years of bacterial genome sequencing. *Functional & Integrative Genomics*, 15(2), 141–161. <https://doi.org/10.1007/s10142-015-0433-4>

- Field, D., Garrity, G., Gray, T., Morrison, N., Selengut, J., Sterk, P., Tatusova, T., Thomson, N., Allen, M. J., Angiuoli, S. V., Ashburner, M., Axelrod, N., Baldauf, S., Ballard, S., Boore, J., Cochrane, G., Cole, J., Dawyndt, P., De Vos, P., DePamphilis, C., ... Wipat, A. (2008). The minimum information about a genome sequence (MIGS) specification. *Nature biotechnology*, 26(5), 541–547. <https://doi.org/10.1038/nbt1360>

- Baltrus, D. A., Cuomo, C. A., Dennehy, J. J., Dunning Hotopp, J. C., Maresca, J. A., Newton, I. L. G., Rasko, D. A., Rokas, A., Roux, S., & Stajich, J. E. (2019). Future-Proofing Your Microbiology Resource Announcements Genome Assembly for Reproducibility and Clarity. *Microbiology Resource Announcements*, 8(36), e00954-19. <https://doi.org/10.1128/MRA.00954-19>

- Mardis, E., McPherson, J., Martienssen, R., Wilson, R. K., & McCombie, W. R. (2002). What is finished, and why does it matter. *Genome Research*, 12(5), 669–671. <https://doi.org/10.1101/gr.032102>

- Fraser-Liggett C. M. (2005). Insights on biology and evolution from microbial genome sequencing. *Genome Research*, 15(12), 1603–1610. <https://doi.org/10.1101/gr.3724205>

- Loman, N. J., & Pallen, M. J. (2015). Twenty years of bacterial genome sequencing. *Nature Reviews Microbiology*, 13(12), 787–794. <https://doi.org/10.1038/nrmicro3565>

- Kozińska, A., Seweryn, P., & Sitkiewicz, I. (2019). A crash course in sequencing for a microbiologist. *Journal of Applied Genetics*, 60(1), 103–111. <https://doi.org/10.1007/s13353-019-00482-2>

- Dominguez Del Angel, V., Hjerde, E., Sterck, L., Capella-Gutierrez, S., Notredame, C., Vinnere Pettersson, O., Amselem, J., Bouri, L., Bocs, S., Klopp, C., Gibrat, J. F., Vlasova, A., Leskosek, B. L., Soler, L., Binzer-Panchal, M., & Lantz, H. (2018). Ten steps to get started in Genome Assembly and Annotation. *F1000Research*, 7, ELIXIR-148. <https://doi.org/10.12688/f1000research.13598.1>

- Wajid, B., & Serpedin, E. (2016). Do it yourself guide to genome assembly. *Briefings in Functional Genomics*, 15(1), 1–9. <https://doi.org/10.1093/bfpg/elu042>

- Bankevich, A., Nurk, S., Antipov, D., Gurevich, A. A., Dvorkin, M., Kulikov, A. S., Lesin, V. M., Nikolenko, S. I., Pham, S., Prjibelski, A. D., Pyshkin, A. V., Sirotkin, A. V., Vyahhi, N., Tesler, G., Alekseyev, M. A., & Pevzner, P. A. (2012). SPAdes: a new genome assembly algorithm and its applications to single-cell sequencing. *Journal of Computational Biology*, 19(5), 455–477. <https://doi.org/10.1089/cmb.2012.0021>

- Gurevich, A., Saveliev, V., Vyahhi, N., & Tesler, G. (2013). QAST: quality assessment tool for genome assemblies. *Bioinformatics* (Oxford, England), 29(8), 1072–1075. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btt086>
- Chklovski, A., Parks, D. H., Woodcroft, B. J., & Tyson, G. W. (2023). CheckM2: a rapid, scalable and accurate tool for assessing microbial genome quality using machine learning. *Nature Methods*, 20(8), 1203–1212. <https://doi.org/10.1038/s41592-023-01940-w>
- Wick, R. R., Judd, L. M., & Holt, K. E. (2023). Assembling the perfect bacterial genome using Oxford Nanopore and Illumina sequencing. *PLoS Computational Biology*, 19(3), e1010905. <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1010905>
- Wick, R. R. (2023). Assembling the perfect bacterial genome - GitHub Tutorial. Disponível em: <https://github.com/rrwick/Perfect-bacterial-genome-tutorial?tab=readme-ov-file>
- Bouras, G., Judd, L. M., Edwards, R. A., Vreugde, S., Stinear, T. P., & Wick, R. R. (2024). How low can you go? Short-read polishing of Oxford Nanopore bacterial genome assemblies. *Microbial Genomics*, 10(6), 10.1099/mgen.0.001254. <https://doi.org/10.1099/mgen.0.001254>
- Bouras, G., Houtak, G., Wick, R. R., Mallawaarachchi, V., Roach, M. J., Papudeshi, B., Judd, L. M., Sheppard, A. E., Edwards, R. A., & Vreugde, S. (2024). Hybracter: enabling scalable, automated, complete and accurate bacterial genome assemblies. *Microbial Genomics*, 10(5), 001244. <https://doi.org/10.1099/mgen.0.001244>
- Stein L. (2001). Genome annotation: from sequence to biology. *Nature Reviews Genetics*, 2(7), 493–503. <https://doi.org/10.1038/35080529>
- Ejigu, G. F., & Jung, J. (2020). Review on the Computational Genome Annotation of Sequences Obtained by Next-Generation Sequencing. *Biology*, 9(9), 295. <https://doi.org/10.3390/biology9090295>
- Seemann T. (2014). Prokka: rapid prokaryotic genome annotation. *Bioinformatics* (Oxford, England), 30(14), 2068–2069. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu153>
- Schwengers, O., Jelonek, L., Dieckmann, M. A., Beyvers, S., Blom, J., & Goesmann, A. (2021). Bakta: rapid and standardized annotation of bacterial genomes via alignment-free sequence identification. *Microbial Genomics*, 7(11), 000685. <https://doi.org/10.1099/mgen.0.000685>
- Edwards, D. J., & Holt, K. E. (2013). Beginner's guide to comparative bacterial genome analysis using next-generation sequence data. *Microbial Informatics and Experimentation*, 3(1), 2. <https://doi.org/10.1186/2042-5783-3-2>
- Carver, T., Berriman, M., Tivey, A., Patel, C., Böhme, U., Barrell, B. G., Parkhill, J., & Rajandream, M. A. (2008). Artemis and ACT: viewing, annotating and comparing sequences stored in a relational database. *Bioinformatics* (Oxford, England), 24(23), 2672–2676. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btn529>
- Carver, T., Harris, S. R., Berriman, M., Parkhill, J., & McQuillan, J. A. (2012). Artemis: an integrated platform for visualization and analysis of high-throughput sequence-based experimental data. *Bioinformatics* (Oxford, England), 28(4), 464–469. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btr703>
- Alikhan, N. F., Petty, N. K., Ben Zakour, N. L., & Beatson, S. A. (2011). BLAST Ring Image Generator (BRIG): simple prokaryote genome comparisons. *BMC Genomics*, 12, 402. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-12-402>
- Grant, J. R., Enns, E., Marinier, E., Mandal, A., Herman, E. K., Chen, C. Y., Graham, M., Van Domselaar, G., & Stothard, P. (2023). Proksee: in-depth characterization and visualization of bacterial genomes. *Nucleic Acids Research*, 51(W1), W484–W492. <https://doi.org/10.1093/nar/gkad326>