

GENETIME CONFERENCE 2026

11 a 14 de agosto 2026

TÍTULO: INTEGRAÇÃO DE FERRAMENTAS WEB E LINGUAGEM R PARA ANÁLISE GENÔMICA VISANDO A IDENTIFICAÇÃO DE ALVOS BIOTECNOLÓGICOS

EMENTA (conteúdo abordado): O curso abrange o fluxo completo de análise genômica bacteriana, iniciando pelo download automatizado de dados do NCBI e seguindo para a anotação genômica e funcional. Serão exploradas ferramentas de taxonomia digital (ANI e dDDH), análise de sintenia, e técnicas para refinamento de montagens incompletas. O conteúdo também foca no processamento de dados e visualização gráfica de categorias funcionais e similaridade genômica utilizando a linguagem R.

Pequeno Resumo: Minicurso prático voltado para o uso de bioinformática na identificação de potenciais biotecnológicos em genomas bacterianos. Os alunos aprenderão a utilizar plataformas online e scripts em R para transformar sequências brutas em informações biológicas interpretáveis, como mapas genômicos, árvores filogenômicas e matrizes de identidade nucleotídica.

Tópicos a serem abordados:

- Configuração de credenciais em plataformas de bioinformática (KEGG, RAST, Galaxy).
- Download e manipulação de genomas via linha de comando.
- Anotação funcional e busca de genes (Prokka, BlastKOALA, RAST).
- Classificação taxonômica digital (FastANI, TYGS) e filogenômica (iTOL).
- Refinamento de genomas com MEDUSA Web Server.
- Análise de sintenia com DiGAlign.
- Geração de gráficos de pizza e Heatmaps de ANI em ambiente R.

Metodologia: O curso será ministrado de forma prática (hands-on), seguindo um fluxo de trabalho lógico: Download → Anotação → Análises → Visualização. Os participantes utilizarão servidores web para processamento de dados e o terminal/ambiente R para análise estatística e geração de figuras de alta qualidade para publicação.

Objetivos do curso:

- Capacitar o aluno a obter e gerenciar dados genômicos públicos de forma automatizada.
- Habilitar o uso de pipelines de anotação funcional para identificar alvos de interesse biotecnológico.
- Demonstrar a aplicação de métricas de identidade (ANI/dDDH) para delimitação de espécies.
- Ensinar a criação de visualizações complexas (heatmaps e mapas circulares) para interpretação de dados comparativos.

CARGA HORÁRIA: () 3H (X) 6H