



UNIVERSIDADE FEDERAL DE SANTA CATARINA
CENTRO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS
Campus Trindade, Caixa postal 476 – Florianópolis/SC – Brasil – 88040-900
Fone: (48) 3721-2713. E-mail: ppgbtc@contato.ufsc.br
www.biociencia.ufsc.br



SEMESTRE 2025.1

I. IDENTIFICAÇÃO DA DISCIPLINA

CÓDIGO	NOME DA DISCIPLINA	HORAS-AULA SEMESTRE		
		PRESENCIAL		ENSINO REMOTO
		TEÓRICAS	PRÁTICAS	
BTC-410045	Tópicos Especiais em Biotecnologia e Biociências: Bioinformática Aplicada à Análise da Microbiota-Métodos e Aplicações	15 h/a (1 crédito)	15 h/a (1 crédito)	0 h/a (0%)

II. OFERTA

PERÍODO	Nº VAGAS	HORÁRIO	LOCAL DAS AULAS
18/03 à 09/04	10	Verificar cronograma	Verificar cronograma

III. PROFESSORES MINISTRANTES

Prof. Dr. Carlos Rodrigo Zárate-Bladés (E-mail: zarate.blades@ufsc.br; CCB/ Córrego Grande, bloco F, 8º andar, sala nº801-803)
Dra. Livia Budziarek Eslabão (E-mail: livia.eslabao@posgrad.ufsc.br; CCB/ Córrego Grande, bloco F, 8º andar, sala nº801-803)

IV. PRÉ-REQUISITO

CÓDIGO	NOME DA DISCIPLINA
Não apresenta	Não apresenta

V. CURSO PARA O QUAL A DISCIPLINA É OFERECIDA

Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia e Biociências/UFSC – Nível (×) Mestrado e/ou (×) Doutorado
Discentes de outros PPGs também poderão ser matricular nesta disciplina

VI. EMENTA

Análise de dados de sequenciamento de 16S rRNA aplicados à microbiota. Pipeline de processamento de dados utilizando QIIME: importação, limpeza, controle de qualidade, classificação taxonômica e construção de árvores filogenéticas. Predição de funções metabólicas com PICRUSt2. Estudo de diversidade microbiana: diversidade alfa e beta. Aplicação de métodos estatísticos na análise de dados de microbiota, incluindo testes de hipóteses e visualização de dados. Integração dos resultados biológicos com implicações ecológicas e funcionais da microbiota.

VII. OBJETIVOS

Capacitar os alunos a processarem e analisarem dados de sequenciamento de 16S rRNA de microbiotas, utilizando ferramentas bioinformáticas avançadas. Ensinar os conceitos e as metodologias envolvidas no controle de qualidade, limpeza e análise taxonômica desses dados, empregando o software QIIME. Promover o entendimento sobre a construção de árvores filogenéticas e a aplicação de métodos de predição funcional, como o PICRUSt2. Demonstrar a importância das análises de diversidade alfa e beta para a compreensão da estrutura e função da microbiota. Apresentar métodos estatísticos apropriados para a análise e interpretação de dados de microbiota, integrando conhecimentos biológicos, ecológicos e funcionais.

VIII. METODOLOGIA DE ENSINO/DESENVOLVIMENTO DO PROGRAMA

A disciplina será oferecida por meio de aulas teóricas e práticas, em formato presencial, com atividades realizadas na sala de informática do departamento ou nos computadores próprios dos alunos. O uso de tecnologias de informação será fundamental para o desenvolvimento das análises bioinformáticas. As aulas práticas serão focadas no uso de softwares específicos, como QIIME e PICRUSt2, para análise de dados de sequenciamento de 16S rRNA, com acompanhamento e execução em tempo real pelos alunos.

As aulas teóricas serão complementadas por leitura e discussão de artigos científicos relacionados ao tema, bem como a resolução de problemas práticos que simulem situações reais na análise de dados de microbiota. Aulas expositivas e interativas, com suporte audiovisual (projeções, vídeos demonstrativos), serão utilizadas para introduzir os conceitos e metodologias.

Os materiais de apoio (tutoriais, artigos, vídeos, scripts de análise) serão disponibilizados aos alunos na plataforma online Moodle antes ou após os encontros presenciais, de acordo com o cronograma. Os alunos poderão tirar dúvidas e receber orientações tanto presencialmente quanto por meio da plataforma de ensino virtual e e-mail.

O controle de frequência será realizado nas aulas presenciais, e a avaliação levará em consideração a participação nas atividades práticas, bem como a entrega e desenvolvimento dos projetos e exercícios propostos.

IX. AVALIAÇÃO

A avaliação da disciplina será dividida em dois principais componentes:

1. **Apresentação e Discussão de Artigos Científicos:** Os alunos, organizados em grupos, deverão selecionar e apresentar um artigo científico relevante ao tema de análise bioinformática da microbiota, com foco em sequenciamento de 16S rRNA, taxonomia, ou diversidade microbiana. Cada grupo será responsável por explicar o contexto do estudo, as metodologias empregadas e discutir criticamente os resultados apresentados no artigo. A nota será atribuída com base na clareza da apresentação, na capacidade de interpretar e criticar o artigo, e na participação nas discussões.
2. **Análise de Sequências de 16S rRNA e Relatório:** Os alunos, novamente em grupos, receberão um conjunto de sequências de 16S rRNA e deverão realizar uma análise completa dos dados, incluindo controle de qualidade, classificação taxonômica, construção de árvore filogenética, e predições funcionais com PICRUSt2. Cada grupo deverá apresentar um relatório descrevendo as etapas da análise e discutindo os principais resultados obtidos. A nota será atribuída com base na precisão e completude da análise, e na clareza e profundidade do relatório.

A nota final será a média simples entre as duas atividades avaliativas.

X. CONTEÚDO PROGRAMÁTICO E CRONOGRAMA

DATA	LOCAL E HORÁRIO	ASSUNTO	HORAS-AULA			PROFESSOR
			PRESENCIAL		SÍNCRONA	
			TEÓRICA	PRÁTICA		
Terça-feira 18/03	CCB-PG5 15:00-18:00	Introdução à Bioinformática e à Análise da Microbiota (Aula Teórica 1) a) Apresentação da disciplina, objetivos e cronograma b) Conceitos básicos de microbiota e sequenciamento de 16S rRNA	3 h/a	0	Atividade presencial	Carlos Zárate
Sexta-feira 21/03	CCB-PG5 09:00-12:00	Diversidade Microbiana: Conceitos e Análises (Aula Teórica 2) a) Conceitos de diversidade alfa e beta b) Aplicações da análise de diversidade na pesquisa biomédica e ambiental	3 h/a	0	Atividade presencial	Carlos Zárate
Segunda-feira 24/03	CCB-PG2 09:00-12:00	Fluxo de Trabalho Bioinformática: Do Sequenciamento à Análise Funcional (Aula Teórica 3) a) Visão geral do pipeline de análise b) Etapas: Importação, limpeza, classificação taxonômica e construção de árvore filogenética c) Introdução ao uso de ferramentas de predição funcional	3 h/a	0	Atividade presencial	Lívia Budziarek Eslabão
Quarta-feira 26/03	CCB-PG5 14:00-18:00	Interpretação de Dados e Discussão de Resultados (Aula Teórica 4) a) Análise de artigos científicos b) Como interpretar e comunicar resultados de análises de microbiota c) Discussão de gráficos e tabelas	3 h/a	0	Atividade presencial	Carlos Zárate
Sexta-feira 28/03	Sala de Informátic a 14:00-17:00	Instalação de Programas e Primeiros Passos no Linux (Aula Prática 1) a) Configuração do ambiente de análise: QIIME e PICRUSt2 b) Introdução a comandos	0	3 h/a	Atividade presencial	Lívia Budziarek Eslabão

		básicos de Linux c) Organização de arquivos e execução de scripts básicos				
Segunda-feira 31/03	Sala de Informática 14:00-17:00	Análise de Sequenciamento de 16S rRNA com QIIME (Aula Prática 2) a) Importação e controle de qualidade dos dados b) Remoção de sequências indesejadas	0	3 h/a	Atividade presencial	Lívia Budziarek Eslabão
Quarta-feira 02/04	Sala de Informática 14:00-17:00	Classificação Taxonômica e Construção de Árvores Filogenéticas (Aula Prática 3) a) Classificação taxonômica com QIIME b) Construção de árvores filogenéticas c) Visualização e exportação de resultados	0	3 h/a	Atividade presencial	Lívia Budziarek Eslabão Carlos Zárate
Sexta-feira 04/04	Sala de Informática 14:00-17:00	Predição Funcional com PICRUST2 (Aula Prática 4) a) Preparação dos dados para predição funcional b) Execução e análise dos resultados do PICRUST2 c) Integração de dados taxonômicos e funcionais	0	3 h/a	Atividade presencial	Lívia Budziarek Eslabão Carlos Zárate
Segunda-feira 07/04	Sala de Informática 13:00-16:00	Análises Estatísticas para Microbiota em R (Aula Prática 5) a) Testes para diversidade alfa e beta b) Análise de diferenças entre grupos microbiológicos c) Visualização de resultados em gráficos com R	0	3 h/a	Atividade presencial	Lívia Budziarek Eslabão
Quarta-feira 09/04	Lab-iREG F801-803	Confecção de atividade avaliativa e entrega do trabalho final	3 h/a			Carlos Zárate

XI. BIBLIOGRAFIA

BIBLIOGRAFIA BÁSICA:

- Bolyen E, Rideout JR, Dillon MR, Bokulich NA, Abnet CC, Al-Ghalith GA, Alexander H, Alm EJ, Arumugam M, Asnicar F, Bai Y, Bisanz JE, Bittinger K, Brejnrod A, Brislawn CJ, Brown CT, Callahan BJ, Caraballo-Rodríguez AM, Chase J, Cope EK, Da Silva R, Diener C, Dorrestein PC, Douglas GM, Durall DM, Duvallet C, Edwardson CF, Ernst M, Estaki M, Fouquier J, Gauglitz JM, Gibbons SM, Gibson DL, Gonzalez A, Gorlick K, Guo J, Hillmann B, Holmes S, Holste H, Huttenhower C, Huttley GA, Janssen S, Jarmusch AK, Jiang L, Kaehler BD, Kang KB, Keefe CR, Keim P, Kelley ST, Knights D, Koester I, Kosciolk T, Kreps J, Langille MGI, Lee J, Ley R, Liu YX, Loftfield E, Lozupone C, Maher M, Marotz C, Martin BD, McDonald D, McIver LJ, Melnik AV, Metcalf JL, Morgan SC, Morton JT, Naimey AT, Navas-Molina JA, Nothias LF, Orchanian SB, Pearson T, Peoples SL, Petras D, Preuss ML, Priesse E, Rasmussen LB, Rivers A, Robeson MS, Rosenthal P, Segata N, Shaffer M, Shiffer A, Sinha R, Song SJ, Spear JR, Swafford AD, Thompson LR, Torres PJ, Trinh P, Tripathi A, Turnbaugh PJ, Ul-Hasan S, van der Hooft JJJ, Vargas F, Vázquez-Baeza Y, Vogtmann E, von Hippel M, Walters W, Wan Y, Wang M, Warren J, Weber KC, Williamson CHD, Willis AD, Xu ZZ, Zaneveld JR, Zhang Y, Zhu Q, Knight R, and Caporaso JG. 2019. Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using QIIME 2. *Nature Biotechnology* 37: 852–857. <https://doi.org/10.1038/s41587-019-0209-9>
- Douglas, G.M., Maffei, V.J., Zaneveld, J.R. et al. PICRUST2 for prediction of metagenome functions. *Nat Biotechnol* 38, 685–688 (2020). <https://doi.org/10.1038/s41587-020-0548-6>
- Bolger, A. M., Lohse, M., & Usadel, B. (2014). Trimmomatic: A flexible trimmer for Illumina Sequence Data. *Bioinformatics*, btu170.

BIBLIOGRAFIA COMPLEMENTAR:

- Artigos científicos sobre os assuntos abordados nas atividades podem ser encontrados no banco de dados PubMed da National Library of Medicine (NLM) dos Estados Unidos (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/> em inglês). Acesso gratuito à maioria dos artigos publicados dentro da rede UFSC de internet (a rede UFSC possui chave de acesso).
- Artigos científicos sobre os assuntos abordados nas atividades podem ser também encontrados no banco de dados Scielo:

<http://www.scielo.org/php/index.php> (em português, espanhol e inglês).

LINKS EXTERNOS:

Assinatura digital do coordenador da disciplina