PPG-GENÉTICA E BIOLOGIA MOLECULAR

Disciplinas do 2º semestre/2025e da 1ª e 2ª metade do 2º semestre/2025

NG245 - SEMINÁRIOS DO CURSO PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E BIOLOGIA MOLECULAR – TURMA MB

Créditos: 2
Horário: Quartas-feiras,14:00 às 16:00
Local/Sala: **Auditório da CPG, Prédio da CPG-IB, Bloco O – Térreo, exceto dias 06/08 , 15/10 e 05/11, serão na sala IB-22, Prédio da CPG-IB, Bloco O - 2º piso**
Período de oferecimento:Todo o 2º semestre (de 06/08/2025 a 03/12/2025)
Vagas: 50
Mínimo de alunos: 10
Responsável: **Marcelo Brocchi -** mbrocchi@unicamp.br
Colaborador: **Cristina Elisa Alvarez Martinez; Marielton**
Estudantes especiais: aceita - solicitar autorização do professor responsável e seguir instruções

PROGRAMA:

Palestras a serem proferidas por professores da UNICAMP e de outras instituições, personalidades do meio científico nacional e internacional e alunos do curso, sobre temas relacionados aos atuais desafios da educação em ciência e da sua divulgação nos vários setores da sociedade.

CRONOGRAMA:

A ser disponibilizada no período do oferecimento da disciplina.

BIBLIOGRAFIA:

A ser disponibilizada no período do oferecimento da disciplina.

NG266 - BIOLOGIA MOLECULAR DE MAMÍFEROS – TURMA FP

Créditos: 6
Horário: Segundas-feiras, 9:00 às 12:00
Local/Sala: **IB-21, Prédio da CPG-IB, Bloco O - 2º piso**
Período de oferecimento:Todo o 2º semestre (de acordo com o Cronograma)
Vagas: 15
Mínimo de alunos: 2
Responsável: **Fabio Papes -** papesf@unicamp.br
Estudantes especiais: Não aceita

PROGRAMA:

Docente:
Prof. Dr. **Fábio Papes,** Deptº de Genética, Evolução, Microbiologia e Imunologia, Fone (19) 3521.6223

Organização geral da disciplina

O curso está organizado em aulas ministradas pelo professor responsável, tratando cada tema nuclear pela exploração dos conceitos essenciais, vantagens e desvantagens de sua aplicação em projetos de pesquisa, alguns aspectos práticos, combinados, por vezes, com a apresentação de pesquisas atuais onde o tema da aula é foco central.

Avaliação

A nota final será composta por:
- 50% = nota da prova 1 (P1)
- 50% = nota da prova 2 (P2)

A nota final será de 0 a 10 e os conceitos resultantes serão dados conforme a tabela a seguir:
Nota Final = 8.5 a 10.0 = conceito A
Nota Final = 6.5 a 8.4 = conceito B
Nota Final = 5.0 a 6.4 = conceito C
Nota Final abaixo de 5.0 = reprovação

CRONOGRAMA:

04/08 e 11/08	**Apresentação do curso. Entrega do Programa.** **Tema 1 – Cultura de Células – o Básico**
18/08 e 25/08	**Tema 2 – Cultura de Células – Métodos para transfecção e transdução**
01/09 e 09/09	**Tema 3 – Cultura de Células – Emprego de marcadores fluorescentes e técnicas avançadas de microscopia**
16/09 e 23/09	**PROVA P1** **Tema 4 - Transgenia animal – o Básico**
30/09 e 06/10	**Tema 5 - Transgenia animal – transgênicos indutíveis, condicionais e estratégias intersectivas**
13/10 e 20/10	**Tema 6 – Métodos de análise da expressão gênica**
27/10 e 03/11	**Tema 7 - Uso de vetores virais**
10/11	**PROVA P2**

BIBLIOGRAFIA:

Molecular Biology of the Gene. Watson, J. (org.) 2014, Pearson. 7th edition.
Recombinant DNA: Genes and Genomes - A Short Course. Watson, J. (org.) 2007 3rd Edition

NG281 - TÓPICOS AVANÇADOS DO PPG-GBM II – TURMA MAV

Tema: Nesta disciplina serão discutidos temas de diferentes áreas incluindo Imunologia, Microbiologia, Bioquímica, Biologia Celular e Molecular.

Créditos: 2
Horário: Quarta-feira, das 12:00 às 14:00
Local/Sala: **IB-20, Prédio da CPG-IB, Bloco O - 2º piso**
Período de oferecimento:Todo o 2º semestre (de acordo com o Programa/Cronograma)
Vagas: 30
Mínimo de alunos: 5
Responsável: **Marco Aurélio Ramirez Vinolo**- mvinolo@unicamp.br
Colaboradores: **Alessandro dos Santos Farias**; **Daniel Martins de Souza**; **Marcelo Alves da Silva Mori**; **Pedro Manoel Mendes de Moraes Vieira**.
Estudantes especiais: aceita - solicitar autorização do professor responsável e seguir instruções

PROGRAMA:

Aula 1 - 06 de agosto
Aula 2 - 20 de agosto
Aula 3 - 03 de setembro
Aula 4 - 17 de setembro
Aula 5 - 01 de outubro
Aula 6 - 22 de outubro
Aula 7 - 05 de novembro
Aula 8 - 19 de novembro
Aula 9. - 03 de dezembro Discussão e encerramento da disciplina.

CRONOGRAMA:

Ciclo de seminários, a cada 15 dias, ministrados pelos alunos participantes da disciplina e por pesquisadores convidados do Experimental Medicine Research Cluster (EMRC).

BIBLIOGRAFIA: A ser disponibilizada no período do oferecimento da disciplina.

NG283 - TÓPICOS AVANÇADOS DO PPG-GBM IV – TURMA MMT

Tema: A disciplina aborda tópicos avançados e atuais em genética molecular, biotecnologia e bioengenharia, com foco em técnicas modernas de clonagem, expressão gênica, edição de genomas e produção de organismos geneticamente modificados. Também serão discutidos aspectos legais e de propriedade intelectual.

Créditos: 4
Horário: Sextas-feiras, 8:00 às 12:00
Local/Sala: **IB-22, Prédio da CPG-IB, Bloco O - 1º piso**
Período de oferecimento:Todo o 2º semestre (de acordo com o Programa/Cronograma)
Vagas: 40
Mínimo de alunos: 15
Responsável: **Marcelo Menossi Teixeira**- menossi@unicamp.br
Colaboradores: **Fábio Papes e Renato Vicentini dos Santos**
Estudantes especiais: aceita - solicitar autorização do professor responsável e seguir instruções

PROGRAMA:

Ao final da disciplina, espera-se que o aluno seja capaz de:

- Explicar os princípios e aplicações de ferramentas modernas de biologia molecular.
- Aplicar técnicas de clonagem e expressão gênica em diferentes sistemas biológicos.
- Avaliar abordagens de edição genômica e engenharia de proteínas.
- Discutir aspectos legais e éticos relacionados à biotecnologia moderna.
- Integrar conhecimentos para desenvolver propostas de projetos ou aplicações em pesquisa biotecnológica.

A nota final da disciplina será a média entre Prova 1 (peso 4) e Prova 2 (peso 4). Cada prova terá 6 questões, sendo um por aula. As questões da prova serão apresentadas para os discentes logo após a aula teórica e serão respondidas por extenso no dia de cada prova. Durante a prova não será permitido consulta a nenhum material. O debate versará sobre um dos temas da disciplina e terá peso 2.

Os conceitos serão atribuídos de acordo com a seguinte escala:

Média	Conceito
7 - 10	A - Excelente
6 - 6,9	B - Bom
5,0 - 5,9	C - Regular
Menor que 5,0	D - Insuficiente
Abandono	E - Abandono

CRONOGRAMA:

Data	Tema
08/08/2025	1. PCR e PCR em tempo real; Projetos genoma e NGS
15/08/2025	2. Legislação de biossegurança
22/08/2025	3. Alinhamento de sequências
29/08/2025	4. Vetores e técnicas de clonagem (Gibson, Gateway, Golden Gate, etc.)
05/09/2025	5. Mutagênese sítio-dirigida e engenharia de proteínas
12/09/2025	6. Expressão em bactérias e purificação de proteínas recombinantes
19/09/2025	**Prova 1**
26/09/2025	7. Plantas transgênicas
03/10/2025	8. Produção e uso de leveduras transgênicas
10/10/2025	9. Produção e uso de animais transgênicos
17/10/2025	10. Edição de genoma
24/10/2025	11. Patentes
31/10/2025	12. Debate sobre temas abordados
07/11/2025	**Sem aula – feriado (sexta-feira)**
14/11/2025	**Prova 2**

BIBLIOGRAFIA:

A ser disponibilizada no período do oferecimento da disciplina.

NG300 - DO GENE AO FENÓTIPO: UMA INTRODUÇÃO AO PIPELINE DE BIOTECNOLOGIA AVANÇADA – TURMA MFC

Créditos: 3
Horário: (de acordo com o Cronograma)
Local/Sala: **Auditório da CPG, Prédio da CPG-IB, Bloco O - Térreo**
Período de oferecimento: 2ª metade do 2º semestre (de acordo com o Cronograma)
Vagas: 50
Mínimo de alunos: 10
Responsável: **Marcelo FalsarellaCarazzolle** - mcarazzo@unicamp.br
Colaboradores:**Isabel Gerhardt**; **Juliana Yassitepe**; **Ricardo Dante**; **Sylvia Tinoco**
Estudantes especiais: aceita - solicitar autorização do professor responsável e seguir instruções

PROGRAMA:

A disciplina aborda o percurso da pesquisa básica à aplicação biotecnológica no melhoramento de plantas e no uso de microbiomas, com foco em casos bem-sucedidos que ilustram a tradução do conhecimento científico em produtos e tecnologias. Serão discutidas as etapas envolvidas no desenvolvimento de traits agronomicamente relevantes, como tolerância a estresses, eficiência no uso de nutrientes e resistência a pragas e doenças. O curso contempla o uso integrado de ferramentas genômicas, incluindo sequenciamento de genomas, descoberta e caracterização de genes, análise de expressão, edição genômica e transformação genética. Também serão abordadas abordagens de análise de comunidades microbianas por meio do sequenciamento de 16S rRNA e metagenomas, destacando a aplicação de consórcios microbianos como bioinsumos. A disciplina enfatiza os desafios técnicos, regulatórios e estratégicos envolvidos no desenvolvimento de produtos biotecnológicos, promovendo uma visão integrada e crítica da inovação na interface entre genômica, biotecnologia e agricultura sustentável.

CRONOGRAMA:

Segunda-feira, 03 de novembro de 2025

08h15: – 08h45h: Boas-vindas

EdiSartorato (GCCRC e Unicamp) e Stanley Oliveira (chefe-geral da Embrapa Agricultura Digital)

08h45 - 9h00: Apresentação do Curso

Marcelo Carazzolle (Unicamp), Isabel Gerhardt (Embrapa e GCCRC) e Ricardo Dante (Embrapa e GCCRC)

09h00 - 10h15: Palestra 1

10h15 - 10h45: *Coffee Break*

10h45 - 12h00: Palestra 2

12h00 - 13h30: Almoço

13h30 - 13h45: *Short talk1*

13h45 - 15h00: Estudo de Caso 1

15h00 - 15h30: *Coffee Break*

15h30 - 15h45: *Short talk2*

15h45 - 17h00: Estudo de Caso 2

Terça-feira, 04 de novembro de 2025

08h30 - 08h45: Apresentação do tema das palestras

08h45 - 9h00: *Short talk3*

09h00 - 10h15: Palestra 3

10h15 - 10h45: *Coffee Break*

10h45 - 12h00: Palestra 4

12h00 - 13h30: Almoço

13h30 - 13h45: Short Talk R&D 1

13h45 - 14h00: *Short talk4*

14h00 - 15h15: Estudo de Caso 3

15h15 - 15h45: *Coffee Break*

15h45 - 17h00: Estudo de Caso 4

Quarta-feira, 05 de novembro de 2025

08h30 - 08h45: Apresentação do tema das palestras

08h45 - 9h00: *Short talk5*

09h00 - 10h15: Palestra 5

10h15 - 10h45: *Coffee Break*

10h45 - 12h00: Palestra 6

12h00 - 13h30: Almoço

13h30 - 13h45: Short Talk R&D 2

13h45 - 14h00: *Short talk6*

14h00 - 15h15: Estudo de Caso 5

15h15 - 15h45: *Coffee Break*

15h45 - 17h00: Estudo de Caso 6

Quinta-feira, 06 de novembro de 2025

08h30 - 08h45: Apresentação do tema das palestras

08h45 - 9h00: *Short talk7*

09h00 - 10h15: Palestra 7

10h15 - 10h45: *Coffee Break*

10h45 - 12h00: Palestra 8

12h00 - 13h30: Almoço

13h30 - 13h45: Short Talk R&D 3

13h45 - 14h00: *Short talk8*

14h00 - 15h15: Estudo de Caso 7

15h15 - 15h45: *Coffee Break*

15h45 - 17h00: Estudo de Caso 8

Sexta-feira, 07 de novembro de 2025

08h30 - 09h00: Apresentação do tema das palestras | Orientações sobre a visita ao GCCRC | Informes sobre avaliação e certificados

Marcelo Carazzolle (Unicamp), Isabel Gerhardt (Embrapa e GCCRC) e Ricardo Dante (Embrapa e GCCRC)

09h00 - 10h15: Palestra 9

10h15 - 10h45: *Coffee Break*

10h45 - 12h00: Estudo de Caso 9

12h00 - 13h30: Almoço

13h30 - 15h45: Visita ao GCCRC

BIBLIOGRAFIA:

A disciplina será ministrada por pesquisadores nacionais e internacionais associados ao GCCRC (Genomics for ClimateChangeResearch Center), vinculado a UMIPGenClima, Unidade Mista de Pesquisa Embrapa Unicamp.

NG302 - BIOLOGIA SISTÊMICA E INTEGRATIVA APLICADA NA ANÁLISE DE DADOS MOLECULARES – TURMA MMB

Créditos: 3
Horário: Segundas-feiras14:00 às 17:00 e de Quartas-feiras 14:00 às 17:00
Local/Sala: **Auditório do CBMEG**
Período de oferecimento:2ª metade do 2º semestre (de 01/10/2025 a 03/12/2025)
Vagas: 45
Mínimo de alunos: 8
Responsável: **Marcelo Mendes Brandao** - brandaom@unicamp.br
Estudantes especiais: aceita - solicitar autorização do professor responsável e seguir instruções

PROGRAMA:

O avanço das tecnologias de sequenciamento de alto desempenho e o crescimento exponencial dos dados ômicos transformaram a biologia molecular em uma ciência orientada por dados. A Biologia Sistêmica e Integrativa surge como abordagem fundamental para compreender a complexidade dos sistemas biológicos, integrando diferentes camadas de informação molecular (genômica, transcriptômica, proteômica, metabolômica) por meio de ferramentas computacionais, estatísticas e, mais recentemente, de inteligência artificial (IA) e aprendizado de máquina.

Esta disciplina capacita estudantes de pós-graduação a utilizar metodologias modernas de bioinformática e biologia computacional para análise, integração e interpretação de dados moleculares em larga escala. O curso enfatiza a aplicação prática de ferramentas em ambiente GNU/Linux, o uso de IA para análise preditiva e descritiva, a construção e consulta de bancos de dados, a reprodutibilidade científica e o desenvolvimento de projetos integrativos. Ao final, o aluno estará apto a propor soluções inovadoras para desafios em biologia molecular, utilizando o estado da arte em ciência de dados moleculares.

Objetivos de Aprendizagem:

- Compreender os princípios da biologia sistêmica e integrativa e sua aplicação na análise de dados moleculares;
- Desenvolver habilidades práticas em programação, análise estatística e uso de ferramentas de IA aplicadas à bioinformática;
- Integrar dados de múltiplas fontes ômicas para modelagem e simulação de sistemas biológicos complexos;
- Garantir a reprodutibilidade e a transparência das análises por meio de boas práticas computacionais;
- Preparar-se para atuar em ambientes de pesquisa multidisciplinares e conectados globalmente, utilizando tecnologias de ponta.

CRONOGRAMA:

Aula	Tema	Conteúdo
1	**Introdução à Biologia Sistêmica e Integrativa**	Conceitos fundamentais, histórico, aplicações e desafios atuais. Visão geral dos dados ômicos e integração.
2	**Ambiente Computacional para Bioinformática**	Nivelamento em GNU/Linux, gerenciamento de ambientes, containers, versionamento e automação de workflows.
3	**Fundamentos de Programação para Bioinformática**	Lógica de programação, introdução a Python e R, manipulação de dados biológicos.
4	**Inteligência Artificial e Aprendizado de Máquina em Biologia Molecular**	Conceitos de IA/ML, principais algoritmos, aplicações em dados ômicos, exemplos práticos.
5	**Análise e Integração de Dados Ômicos**	Estratégias de integração multi-ômica, pipelines de análise, qualidade de dados, normalização.
6	**Construção, Consulta e Gerenciamento de Bancos de Dados Biológicos**	Bancos públicos (NCBI, EBI, UniProt), construção de bancos locais, consulta programática e via web.
7	**Expressão Diferencial, Anotação Funcional e Estrutural**	Análise de expressão diferencial, QC, anotação funcional, enriquecimento e interpretação biológica.
8	**Reprodutibilidade, Ciência Aberta e Boas Práticas em Bioinformática**	Documentação, containers, notebooks, FAIR data, publicação de workflows e dados.
9	**Projetos Práticos e Seminários Temáticos**	Desenvolvimento de projetos integrativos, discussão de estudos de caso, apresentação de resultados.

BIBLIOGRAFIA:

Buchfink B, Xie C, Huson DH. 2015. Fast and sensitive protein alignment using DIAMOND. Nat Methods 12(1): 59-60. Calvo B, Larranaga P, Lozano JA. 2007. Learning Bayesian classifiers from positive and unlabeled examples. Pattern Recognition Letters 28(16): 2375-2384. Chevreux B, Pfisterer T, Drescher B, Driesel AJ, Muller WE, Wetter T, Suhai S. 2004. Using the miraEST assembler for reliable and automated mRNA transcript assembly and SNP detection in sequenced ESTs . Genome Res 14(6): 1147-1159. Clarke K, Yang Y, Marsh R, Xie L, Zhang KK. 2013. Comparativeanalysisof de novo transcriptomeassembly. Sci China Life Sci 56(2): 156-162. Dean J, Ghemawat S 2004. MapReduce: simplified data processing on large clusters.In. Proceedings of the 6th conference on Symposium on Opearting Systems Design & Implementation - Volume 6. San Francisco, CA: USENIX Association. 10-10. Eddy SR. 2011. Accelerated Profile HMM Searches. PLoSComputBiol 7(10): e1002195. Finn RD, Bateman A, Clements J, Coggill P, Eberhardt RY, Eddy SR, Heger A, Hetherington K, Holm L,

Mistry J, Sonnhammer EL, Tate J, Punta M. 2014. Pfam: the protein families database. Nucleic acids research 42(Database issue): D222-230. Fu L, Niu B, Zhu Z, Wu S, Li W. 2012. CD-HIT: accelerated for clustering the next-generation sequencing data. Bioinformatics 28(23): 3150-3152. Grabherr MG, Haas BJ, Yassour M, Levin JZ, Thompson DA, Amit I, Adiconis X, Fan L, Raychowdhury R, Zeng Q, Chen Z, Mauceli E, Hacohen N, Gnirke A, Rhind N, di Palma F, Birren BW, Nusbaum C, Lindblad-Toh K, Friedman N, Regev A. 2011. Fulllength transcriptome assembly from RNA-Seq data without a reference genome. Nat Biotechnol 29(7): 644-652. Haas BJ, Papanicolaou A, Yassour M, Grabherr M, Blood PD, Bowden J, Couger MB, Eccles D, Li B, Lieber M, Macmanes MD, Ott M, Orvis J, Pochet N, Strozzi F, Weeks N, Westerman R, William T, Dewey CN, Henschel R, Leduc RD, Friedman N, Regev A. 2013. De novo transcript sequence reconstruction from RNA-seq using the Trinity platform for reference generation and analysis. Nat Protoc 8(8): 1494-1512. He JZ, Zhang Y, Li X, Shi P.

2012.Learning naive Bayes classifiers from positive and unlabelled examples with uncertainty. International Journal of Systems Science 43(10): 1805-1825. Kadota K, Nishiyama T, Shimizu K. 2012.A normalization strategy for comparing tag count data. Algorithms MolBiol 7(1): 5. Kanehisa M, Araki M, Goto S, Hattori M, Hirakawa M, Itoh M, Katayama T, Kawashima S, Okuda S, Tokimatsu T, Yamanishi Y. 2008. KEGG for linking genomes to life and the environment. Nucleic acids research 36(Database issue): D480-484. Kersey PJ, Staines DM, Lawson D, Kulesha E, Derwent P, Humphrey JC, Hughes DST, Keenan S, Kerhornou A, Koscielny G, Langridge N, McDowall MD, Megy K, Maheswari U, Nuhn M, Paulini M, Pedro H, Toneva I, Wilson D, Yates A, Birney E. 2011. Ensembl Genomes: an integrative resource for genome-scale data from non-vertebrate species. Nucleic acids research 40(D1): D91-D97. Koski LB, Gray MW, Lang BF, Burger G. 2005. AutoFACT: an automatic functional annotation and classification tool. Bmc Bioinformatics 6: 151. Kumar S, Blaxter ML. 2010. Comparing de novo assemblers for 454 transcriptome data. BMC Genomics 11: 571. Li B, Dewey CN. 2011. RSEM: accurate transcript quantification from RNA-Seq data with or without a reference genome. Bmc Bioinformatics 12: 323. Ludwig W, Strunk O, Westram R, Richter L, Meier H, Yadhukumar, Buchner A, Lai T, Steppi S, Jobb G, Forster W, Brettske I, Gerber S, Ginhart AW, Gross O, Grumann S, Hermann S, Jost R, Konig A, Liss T, Lussmann R, May M, Nonhoff B, Reichel B, Strehlow R, Stamatakis A, Stuckmann N, Vilbig A, Lenke M, Ludwig T, Bode A, Schleifer KH. 2004. ARB: a software environment for sequence data. Nucleic acids research 32(4): 1363-1371. Manning CD, Raghavan P, Schütze H. 2008.Introduction to information retrieval. New York: Cambridge University Press. Mlecnik B, Scheideler M, Hackl H, Hartler J, Sanchez-Cabo F, Trajanoski Z. 2005. PathwayExplorer: web service for visualizing high-throughput expression data on biological pathways. Nucleic acids research 33(Web Server issue): W633-637. Moreno-Hagelsieb G, Latimer K. 2008.Choosing BLAST options for better detection of orthologs as reciprocal best hits. Bioinformatics 24(3): 319-324. R-Core-Team. 2013. R: A language and environment for statistical computing. Book R: A language and environment for statistical computing. Supek F, Bosnjak M, Skunca N, Smuc T. 2011. REVIGO summarizes and visualizes long lists of gene ontology terms. PLoS One 6(7): e21800. Waterhouse RM, Tegenfeldt F, Li J, Zdobnov EM, Kriventseva EV. 2013. OrthoDB: a hierarchical catalog of animal, fungal and bacterial orthologs. Nucleic acids research 41(Database issue): D358-365. Zhou S, Liao R, Guan J. 2013. When cloud computing meets bioinformatics: a review. J BioinformComputBiol 11(5): 1330002. Zou Q, Li XB, Jiang WR, Lin ZY, Li GL, Chen K. 2013. SurveyofMapReduce frame operation in bioinformatics. BriefBioinform.