

## ANEXO II - FORMULÁRIO PARA DISCIPLINAS DA PÓS-GRADUAÇÃO

UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DO RIO DE JANEIRO PRO-REITORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO SECRETARIA ACADÊMICA DE PÓS-GRADUAÇÃO (SAPG)

# PROGRAMA ANALÍTICO

### **DISCIPLINA**

Código: 132899	Nome: T.E.C.S. BIOTECNOLOGIA E BIOINFORMÁTICA APLICADAS À MICROBIOLOGIA DO SOLO
Créditos*:0 2 (ver Obs.)	Carga Horária: 02 cr, 15 T: 30 P, carga horária total: 45

<sup>\*</sup>Cada crédito Teórico corresponde a 15 horas-aula e cada Prático a 30 ou 45 horas.

DEPARTAMENTO DE: SOLOS	
INSTITUTO DE: AGRONOMIA	
PROFESSOR(ES): Jean Luiz Simões de Araújo e Márcia Soares Vidal	

### **OBJETIVOS:**

Fornecer os fundamentos básicos da Biotecnologia Moderna e da Bioinformática de forma a possibilitar o seu desenvolvimento utilizando métodos computacionais de análise filogenética e populacional aplicados ao estudo da diversidade genética da microbiota do solo.

## **EMENTA**:

O solo é o maior reservatório de microrganismos do planeta que, direta ou indiretamente, estão envolvidos com a ciclagem e transformação de diversas substâncias importantes para a nutrição vegetal. Contudo, apenas uma pequena parte da abundância e diversidade dos microrganismos é conhecida e uma parte ainda menor utilizada pela agricultura ou pela indústria. Este panorama começou a mudar a partir da identificação do DNA (Ácido Desoxirribonucléico) como material hereditário e a elucidação de sua estrutura por Watson e Crick em 1953. Estas descobertas possibilitaram o surgimento da Biotecnologia Moderna que tem provocado uma revolução sem precedentes no estudo dos seres vivos, incluindo microrganismos. Nesses estudos, o DNA total da microbiota do solo pode ser extraído e a partir da análise de genes específicos é possível determinar a diversidade genética destas comunidades microbianas naturais e também a identificação filogenética dos membros da comunidade. Esses avanços geraram novas áreas de pesquisa que, associados à genômica e metagenômica, têm potencial para produzir um nível de conhecimento dos microrganismos do solo em uma escala nunca antes alcançado através da utilização de métodos dependentes de cultivo. A utilização desta nova abordagem vem gerando um grande número de bancos de sequências que podem ser utilizados para diferentes fins, como por exemplo: classificação, identificação e estudos de filogenia de microrganismos, bem como utilização biotecnológica. Estes avanços abrem perspectivas para uma melhor capacidade de avaliação e utilização da biodiversidade dos solos tropicais de maneira sustentável. Diante desse novo paradigma têm surgido inúmeras discussões e questionamento de ordem Técnica e Científica no que se refere à utilização destas novas abordagens. Além disso, há uma lacuna de conhecimento nos profissionais da área de solos em relação ao potencial da Biotecnologia Moderna e da Bioinformática no cotidiano do pesquisador.

## CONTEÚDO PROGRAMÁTICO:

- Biodiversidade e Biotecnologia: um panorama geral;
- O dogma central da biologia molecular;
- Extração de DNA de amostras ambientais;
- Obtenção da informação genética:
- Amplificação por PCR;
- Desenho de iniciadores para amplificação por PCR;
- Isolamento e caracterização de genes (bioprospecção);
- Metagenômica;
- Sequenciamento de genomas;
- Métodos de sequenciamento em larga escala;
- Bandos de dados de sequências: NCBI, RDP;
- Análise de similaridade de sequências Programa BLAST;
- Predição da função de proteínas com base na sequência;
- Introdução à análise filogenética;
- Uso de sequência para determinação de relações filogenéticas;
- Alinhamento múltiplo ClustalW;
- Construção de dendograma e árvores filogenéticas;
- Utilização do programa MEGA.

## **METODOLOGIA:**

Item exigido em alguns Programas de Pós-graduação.

### **BIBLIOGRAFIA:**

#### Livros:

GRIFFITHS, A. J. F., MILLER, J. H., SUZUKI. T. D., LEWONTIN, R. C., GELBART, W. M. Introdução à Genética. 6ª ed. Rio de Janeiro. Ed. Guanabara Koogan. 1998. 855p.

NELSON, D. L., COX, M. M. Lehninger Principles of Biochemistry. 3rd ed. New York, Worth Publishers, 2000.1152p.

LESK M.A. Introduction to Bioinformatic, 3rd Edition. Oxford. 2008, 474 p.

GIBAS, C; JAMBECK, P. Desenvolvendo Bioinformática: Ferramentas de software para aplicação em biologia. Rio de Janeiro, 2001, 440 p.

### Periódicos:

BULL, A. T., WARD, A. C., GOODFELLOW, M. Search and discovery for biotechnology: the paradigm shift. Microbiology and Molecular Biology Reviews, v. 64, p. 573-606, 2000.

BULL, A.T., GOODFELLOW, M., AND SLATER, J.H. Biodiversity as a Source of Innovation in Biotechnology. Annual Review of Microbiology

Vol. 46: 219-246 (Volume publication date October 1992)

DOI: 10.1146/annurev.mi.46.100192.001251.