



UNICAMP



2º Ciclo de Capacitação em Bioinformática – UNESP Araraquara



Prof. Dr. Edson Zangiacomi Martinez

**Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto
Universidade de São Paulo (USP)**

Bolsista de Produtividade em Pesquisa do CNPq - Nível 1D

Interesses em Pesquisa/ Expertise

Bioestatística, métodos Bayesianos, modelos de regressão, meta-análise, análise de sobrevivência, epidemiologia.

Palestra de Abertura: A Falácia do valor de " p "

Palestra aberta aos todos os interessados (Docentes, Pós-graduandos e Graduandos)

Dia 5/08/2019 8:00 h – Sala 646 - Faculdade de Odontologia de Araraquara-UNESP

Disciplinas Oferecidas: Pré-Inscrição até 26/7/2019: (<https://forms.gle/FUAIjK2oAkxC99kcb9>). Podem ser inscrever: Pós-Graduandos de qualquer Programa Pós-Graduação (UNESP ou não), Pós-Doutorandos e Docentes. **Resultado e Confirmação Inscrições: De 29/7/19 a 01/08/19**

Disciplina de Pós-Graduação (Odontologia) (2 créditos regulares) – 20 vagas

Revisão Sistemática e Metanálise com enfoque em Meta-Regressão

De 05 a 07/08/2019 - Aulas Teórico-Práticas, Disciplina condensada, 8:30-12:00h e 14:30 – 18:00h

Coordenador(es): Prof. Dr. Edson Z. Martinez e Profa. Dra. Raquel M. Scarel-Caminaga

Necessário levar laptop próprio para utilizar nas aulas práticas.

Recomenda-se ter cursado previamente:

Princípios de Revisão Sistemática e Metanálise aplicadas à Saúde (2018)

Disciplina de Pós-Graduação (Odontologia) (2 créditos regulares) – 20 vagas

Identificação e anotação de variações genéticas utilizando dados de Exoma

Dias 08 e 09/08/2019 - Aulas Teórico-Práticas, Disciplina condensada, 9:00-12:00h e 13:00 – 18:00h

Coordenador(es): Profa. Dra. Raquel Scarel-Caminaga, Prof. Osvaldo Reis Jr. (LACTAD-UNICAMP) e Prof. Dr. Vagner Katsumi Okura (LACTAD-UNICAMP).

Necessário levar laptop próprio para utilizar nas aulas práticas

Recomenda-se ter cursado previamente:

Nivelamento em Biologia Molecular ou Técnicas de Biologia Molecular e Celular

Apoio: Programa de Pós-Graduação em Odontologia –FOAr-UNESP

Maiores Informações

Todos os inscritos receberão certificado de participação. Além disso, os pós-graduandos matriculados que forem aprovados receberão os créditos correspondentes.

Disciplina 1: **Revisão Sistemática e Metanálise com enfoque em Meta-regressão**
Créditos: **02 (30 h/aula) Teórico-Práticas**

Docentes:

Responsáveis: Profa. Dra. Raquel Mantuaneli Scarel Caminaga (FOAr- UNESP)

Prof. Dr. Edson Zangiacomi Martinez (FMRP-USP)

Objetivo Específico

Capacitar os alunos nas diferentes análises e protocolos que envolvem a revisão sistemática com metanálise associadas à saúde. O conjunto de dados e protocolos serão construídos de forma personalizada especificamente para cada objetivo de revisão sistemática com ou sem metanálise apresentados pelos alunos previamente no pedido de matrícula. A proposta didática do curso integrando conhecimentos teóricos e aplicações práticas específicas para cada aluno serão utilizados de forma a induzir um caminho lógico e crítico da definição de uma pergunta clara para desenvolvimento de uma revisão sistemática, da seleção e análise da literatura existente, da extração de informações e dados numéricos dos estudos e das diversas análises estatísticas que envolvem a metanálise, incluindo análises de viés e meta-regressão.

Sistema de avaliação

Os alunos serão avaliados em função da participação nas aulas teóricas e do desenvolvimento da revisão sistemática e metanálise relacionados a cada tópico teórico nas aulas práticas. Aprovação por conceito mínimo "C". Presença mínima em 75% das aulas.

Conteúdo programático

AULA	DATA	HORÁRIO	ASSUNTO / ATIVIDADE
01	Segunda 05/08	8h30 às 12h	- Apresentação do curso - Apresentação das diretrizes PRISMA e MOOSE - Atividade prática: Análise do checklist PRISMA e definição da pergunta principal seguindo os princípios "PICO" ou "PECO"
02	Segunda	14h30 às	- Apresentação das estratégias de pesquisa em revisão sistemática

	05/08	18h	- Apresentação dos softwares EndNote a Mendeley - <u>Atividade prática</u> : Pesquisas eletrônicas nos diversos bancos de dados utilizando os softwares EndNote / Mendeley
03	Terça 06/08	8h30 às 12h	- Apresentação das estratégias de seleção dos estudos e avaliação da qualidade dos estudos - Atividade prática: Avaliação da qualidade dos estudos
04	Terça 06/08	14h30 às 18h	- Metanálise: heterogeneidade, <i>Forest plots</i> e outros gráficos - Apresentação do software R e do pacote Metafor - <u>Atividade prática</u> : Construção do <i>Forest Plot</i> e outros gráficos utilizando o software R
05	Quarta 07/08	8h30 às 12h	- Meta-regressão - <u>Atividade prática</u> : Meta-regressão utilizando os softwares R e Open Meta-Analyst
06	Quarta 07/08	14h30 às 18h	- Análise de sensibilidade e viés de publicação - <u>Atividade prática</u> : Análise de sensibilidade utilizando o software R

Disciplina 2: Identificação e anotação de variações genéticas utilizando dados de Exoma

Créditos: 02 (30 h/aula) Teórico-Práticas

Docentes

Responsáveis: Profa. Dra. Raquel Mantuaneli Scarel Caminaga (FOAr-UNESP)

Prof. Osvaldo Reis Junior e Prof. Dr. Vagner Katsumi Okura (LACTAD, UNICAMP)

Objetivos Específicos

O presente curso tem como objetivos específicos ensinar:

- O que são variações genéticas e suas implicações nos fenótipos;
- Como identificar estas variações;
- Como anotar as variações utilizando bancos de dados públicos;
- Como interpretar os resultados de uma análise de exoma;

- Quais são as limitações deste tipo análise.

Conteúdo Programático

Módulo teórico

Nivelamento conceitual: Neste item serão apresentados conceitos básicos de Linux e utilização do console de sistema. Também serão apresentados conceitos básicos de genética e biologia molecular, tecnologias de sequenciamento e formatos de arquivos de sequenciamento.

Ferramentas para a análise de exomas e banco de dados biológicos: Neste item abordaremos quais são as ferramentas utilizadas para análises de exoma, quais bancos de dados biológicos podem ser utilizados para anotação de variações genéticas e os formatos de arquivos utilizados para armazenar as variações identificadas.

Módulo prático

Conectando em servidores remotos através de SSH e desmistificando o terminal do Linux: Aqui abordaremos como se conectar no servidor onde iremos analisar os dados e também quais os principais comandos do terminal do Linux.

Alinhamento de sequências: A primeira etapa para identificar variações biológicas é mapear as sequências do exoma no genoma de referência.

Identificação de variações biológicas: Neste item vamos utilizar os resultados do alinhamento e executar os softwares necessário para identificar variações biológicas.

Anotação das variantes: Aqui vamos classificar as variações encontradas e aprender a interpretar esses resultados.

Sistema de avaliação

Os alunos serão avaliados em função da participação nas aulas teóricas e da resolução dos exercícios específicos relacionados a cada tópico teórico nas aulas práticas. Aprovação por conceito mínimo "C". Presença mínima em 75% das aulas.