**ESTUDO DE CASO DO ENSINO DE BIOINFORMÁTICA E AVALIAÇÃO DE UM SERVIDOR DE BAIXO CUSTO PARA PROCESSAMENTO DAS LEITURAS CURTAS**

Ronilson Santos dos Santos 1;

Pablo Henrique Caracciolo Gomes de Sá2.

1. Bolsista PIBIC/PIVIC, Graduando em Licenciatura em Ciências biológicas, Universidade Federal Rural da Amazônia, Tomé-Açu, e-mail: ronilson.ssantos01@gmail.com;

2. Orientador, Universidade Federal Rural da Amazônia, Tomé-Açu, e-mail: pablogomesdesa@gmail.com.

**RESUMO:**

Com o desenvolvimento e aplicação de sequenciamento de alto rendimento nos últimos anos houve uma grande revolução nas técnicas de análise e sequenciamento de DNA e RNA. Este cenário impactou diretamente no desenvolvimento das técnicas de bioinformática. Atualmente a quantidade de dados gerada pelas plataformas de sequenciamento vem crescendo exponencialmente com custos cada vez mais baixos. Isso permite que o número de projetos de sequenciamento aumente. Porém, sabendo que a importância da bioinformática ainda é crescente, as Universidades responderam à falta de profissionais desenvolvendo programas de mestrado e doutorado em Bioinformática. No entanto, há uma necessidade evidente de melhorar as habilidades quantitativas e analíticas dos estudantes de ciências da vida. Nesse sentido, além de ser necessário o pensamento de inclusão da bioinformática na educação, é preciso pensar de que forma isso irá ocorrer. Em países desenvolvidos como a Alemanha e Inglaterra, a bioinformática na educação vem sendo trabalhada principalmente em cursos de graduação e pós-graduação. Em contraponto em países menos desenvolvidos, como os do continente africano, o interesse dos alunos nesta área ainda é algo que está em um processo lento de crescimento. Apesar disso, nota-se que, independentemente da região, a necessidade de trabalho na área de bioinformática vem sendo reconhecida mundialmente. Assim, o objetivo deste trabalho é avaliar a dificuldade de aprendizagem e a compreensão das principais análises da bioinformática para alunos de graduação, que não possuem conhecimentos prévios na área. Dois alunos de graduação em ciências biológicas realizaram as principais análises de bioinformática e relataram as dificuldades enfrentadas para a instalação do programa, realização da análise e interpretação dos resultados. Essas dificuldades foram classificadas em fáceis, moderadas e difíceis. Foram utilizados cinco conjuntos de leituras simuladas geradas pelo programa Art, com coberturas diferentes (10x, 50x, 100x, 200x e 400x). Os programas utilizados pelos alunos foram: para análise de qualidade o FASTQC, o processo de análise de qualidade faz uma verificação para encontrar erros gerados no processo de sequenciamento; para filtro e trimming dos dados, Fastxtoolkit, Prinseq, Trimommatic e Ngsshort, o método de filtro de qualidade busca remover leituras de baixa qualidade do conjunto total de leituras já a técnica de Trimming de qualidade consiste no processo de limpeza das sequências produzidas, ou seja, é a retirada de regiões de baixa qualidade nas extremidades da leitura; para alinhamento das leituras Bowtie2; para montagem do genoma SPADES, Velvet, Soapdenovo e Megahit, a montagem é o processo de reconstrução da sequência de DNA de um organismo; e para avaliação de montagem, Quast. Os cinco conjuntos de leituras foram analisados em todos os programas, pelos dois alunos separadamente. Com o resultado deste trabalho identificou-se através da avaliação de dificuldade, que o único programa considerado de fácil instalação, execução e interpretação foi o FASTQC. Todos os programas de montagem do genoma foram considerados difíceis e os programas restantes variam entre moderados e difíceis. Assim, com o resultado deste trabalho, foi possível avaliar, mesmo que de forma simples, a dificuldade dos alunos em relação a realização das principais análises de bioinformática.

**PALAVRAS-CHAVE:** bioinformática[[1]](#footnote-1); ensino; educação.

1. Link do Vídeo:<https://youtu.be/n4vheSAzr9Y> [↑](#footnote-ref-1)