

Apresentação do Desenho Experimental do Estudo

Pablo Rodrigo Sanches

Departamento de Genética – FMRP/USP

psanches@usp.br

Dermatófitos

- Dermatófitos
 - Fungos filamentosos capazes de invadir tecidos queratinizados, em humanos e animais.
- Causam os principais tipos de micoses → Dermatofitoses ou Tineas
 - Pele, pêlos, cabelos e unhas.



Tinea pedis



Tinea capitis



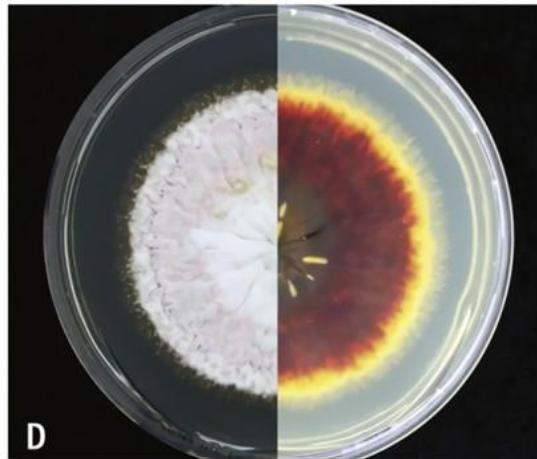
Tinea unguium
onicomicose

Dermatófitos - Classificação

- Principais Gêneros
 - Epidermophyton, Microsporum e Trichophyton
 - De acordo com características de morfologia, de conídios, microconídios e macroconídios.
- Espécies (nicho preferencial)
 - Geofílicas, Zoofílicas e Antropofílicas.

Trichophyton rubrum

- Espécie antropofílica;
- Responsável por ~70% das infecções por dermatófitos em humanos;
- Resistência a tratamentos e grande adaptação ao hospedeiro;
- Infecções superficiais (onicomicoses e *tinea pedis*).



Colônias cotonosas e brancas; o reverso apresenta pigmentação avermelhada

(Zhan, 2018)

Ácido Undecanoico (UDA)

- É o mais tóxico dos ácidos graxos saturados de cadeia média, utilizado como medicamento de uso tópico.

Estratégia

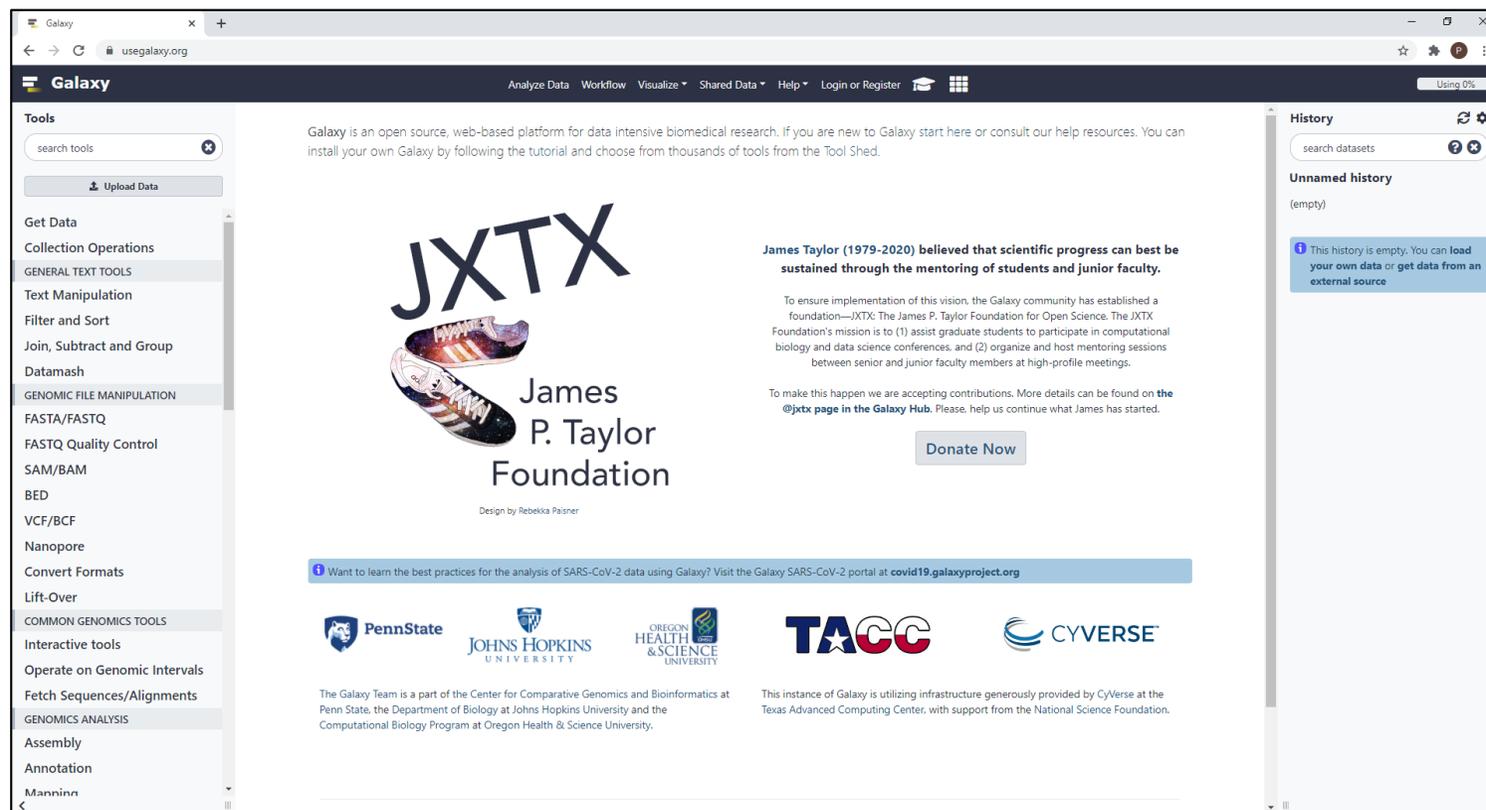
- Analisar os genes diferencialmente expressos de *T. rubrum* em resposta ao UDA visando identificar vias envolvidas na adaptação ao estresse provocado pela droga.
- Grupos de trabalho
 - Turma 1 – Genes de resposta a droga
 - Turma 2 – Genes de reparo de DNA

Desenho experimental

- **Linhagem**
 - *Trichophyton rubrum* CBS 118892
- **Condições**
 - 0 horas (cultivo sem droga)
 - 3 horas (exposição ao UDA)
 - 12 horas (exposição ao UDA)
- **Extração do RNA total**
- **Sequenciamento**
 - 9 bibliotecas de RNA-Seq
 - Triplicata das condições
 - 2 *paired-end* e 1 *single-end* para cada condição

Ambiente de Trabalho - Galaxy

- Plataforma aberta;
- Facilita o processo de análise de dados de RNA-Seq, por meio de ferramentas acessíveis via navegadores;
- Alguns links:
 - <https://galaxyproject.org/>
 - <https://usegalaxy.org/>



The screenshot shows the Galaxy web interface. The main content area features a large graphic for the JXTX James P. Taylor Foundation. The graphic includes the text "JXTX" in a large, stylized font, a pair of sneakers, and the text "James P. Taylor Foundation" below it. To the right of the graphic, there is a paragraph of text: "James Taylor (1979-2020) believed that scientific progress can best be sustained through the mentoring of students and junior faculty. To ensure implementation of this vision, the Galaxy community has established a foundation—JXTX: The James P. Taylor Foundation for Open Science. The JXTX Foundation's mission is to (1) assist graduate students to participate in computational biology and data science conferences, and (2) organize and host mentoring sessions between senior and junior faculty members at high-profile meetings. To make this happen we are accepting contributions. More details can be found on the @jtx page in the Galaxy Hub. Please, help us continue what James has started." Below this text is a "Donate Now" button. At the bottom of the page, there are logos for PennState, Johns Hopkins University, Oregon Health & Science University, TACC, and CyVerse. A footer note states: "The Galaxy Team is a part of the Center for Comparative Genomics and Bioinformatics at Penn State, the Department of Biology at Johns Hopkins University and the Computational Biology Program at Oregon Health & Science University. This instance of Galaxy is utilizing infrastructure generously provided by CyVerse at the Texas Advanced Computing Center, with support from the National Science Foundation." The left sidebar shows a "Tools" menu with categories like "Get Data", "Collection Operations", "Text Manipulation", "Filter and Sort", "Join, Subtract and Group", "Datamash", "GENOMIC FILE MANIPULATION", "FASTA/FASTQ", "FASTQ Quality Control", "SAM/BAM", "BED", "VCF/BCF", "Nanopore", "Convert Formats", "Lift-Over", "COMMON GENOMICS TOOLS", "Interactive tools", "Operate on Genomic Intervals", "Fetch Sequences/Alignments", "GENOMICS ANALYSIS", "Assembly", "Annotation", and "Manning". The right sidebar shows a "History" section with a search bar and a message: "This history is empty. You can load your own data or get data from an external source."

Vamos praticar?

