# Gerações de Sequenciamento

SCC02713 - Introdução à Bioinformática —

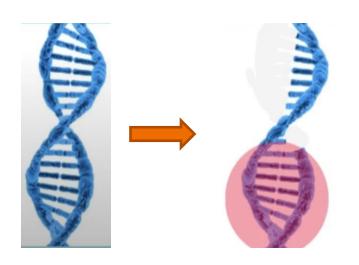
#### Evolução das Técnicas de Sequenciamento

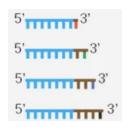
Histórico

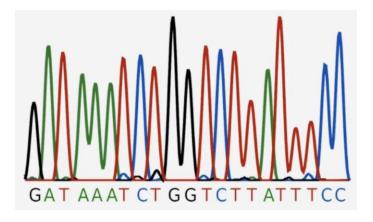


Frederick Sanger

- Método mais utilizado por várias décadas:
  - Baseado na incorporação seletiva de dideoxinucleotídeos que terminam a extensão da molécula durante o processo







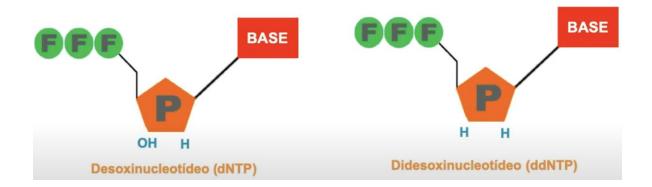
Projeto Genoma Humano



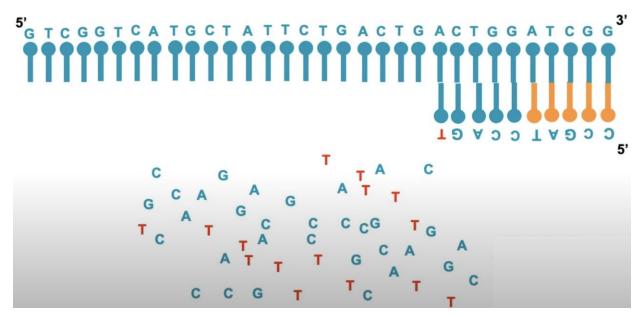




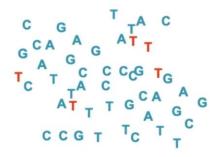
- Síntese de DNA por uma polimerase
  - Utiliza nucleotídeo "defeituoso"

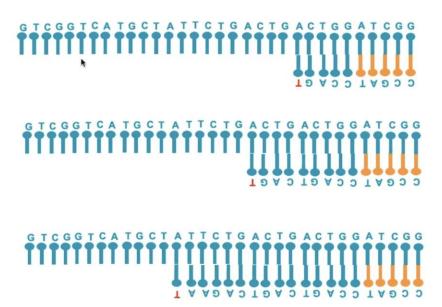


- Síntese de DNA ddNTP
  - Utiliza nucleotídeo "defeituoso"

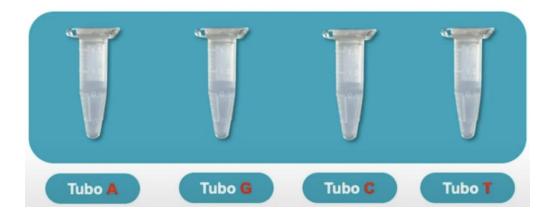


Síntese de DNA – dNTP e ddNTP



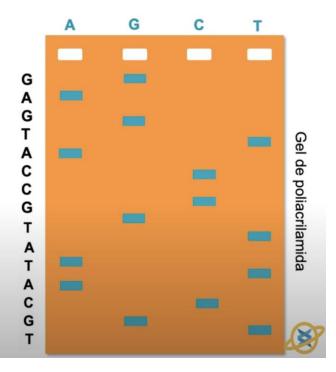


- Geração de fragmentos de todos os tamanhos. Em cada tubo:
  - o DNA alvo, que queremos sequenciar
  - DNA polimerase: replicação
  - Primer: inicia a síntese
  - o dNTP
  - Um tipo de ddNTP



#### Muito custoso! Isso era feito antigamente!

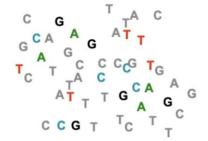


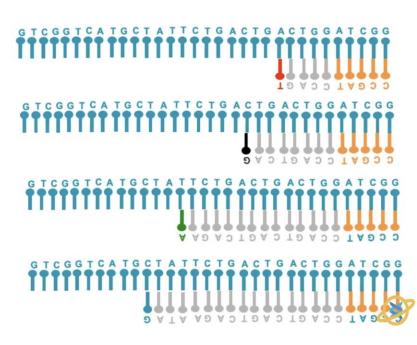




- Marcação dos ddNTPs com fluoróforos
  - Usa apenas um tubo

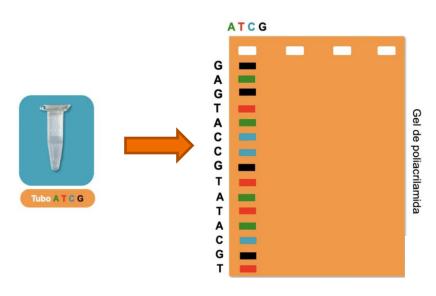


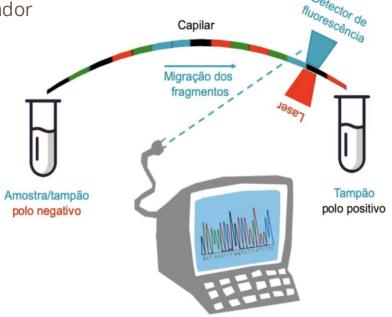




Geração de fragmentos de todos os tamanhos.

• Usa-se um capilar ao invés de gel e um computador







SeqStudio Thermo Fisher Spectrum Promega



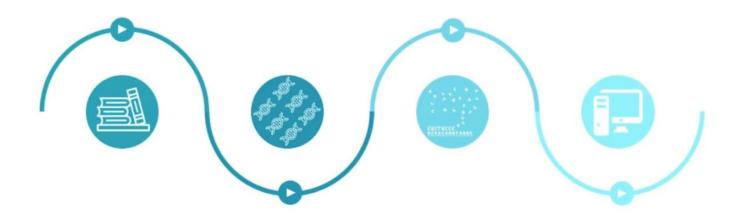


#### Evolução das Técnicas de Sequenciamento

Histórico



- Sequenciamento Sanger
  - o Alta precisão e acurácia, porém baixa capacidade de produção e alto custo
- Sequenciamento de Nova Geração (NGS)
  - Produção em larga escala e diminuição de custo
  - o Amplificação em massa de fragmentos de DNA e sequenciamento em paralelo
- Possível sequenciar genomas inteiros em questão de dias
  - Custo muito menor
  - Identificação de variantes genéticas
  - Identificação de mutações
  - 0 ...



#### **Biblioteca**

Geração de fragmentos de tamanhos compatíveis com a tecnologia. Adição de adaptadores e marcadores.

#### Amplificação

Geração de cópias de cada fragmento a ser sequenciado.

#### Sequenciamento

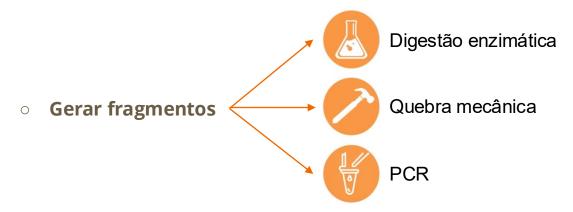
Processo de leitura da sequência

#### Análise dos dados

Alinhamento, montagem, quantificação, chamada de bases, chamada de variantes.



- Construção da biblioteca
  - Gerar fragmentos
  - Adicionar adaptadores às extremidades dos fragmentos
  - Adicionar marcadores de amostra

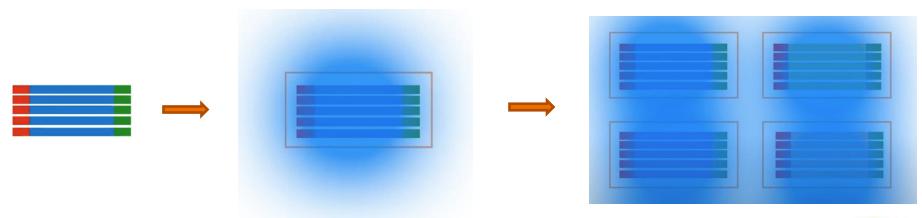


- Construção da biblioteca
  - Gerar fragmentos
  - Adicionar adaptadores às extremidades dos fragmentos
  - Adicionar marcadores de amostra
  - Adicionar adaptadores às extremidades dos fragmentos
    - DNA conhecido

- Construção da biblioteca
  - Gerar fragmentos
  - Adicionar adaptadores às extremidades dos fragmentos
  - Adicionar marcadores de amostra
  - Adicionar marcadores de amostra

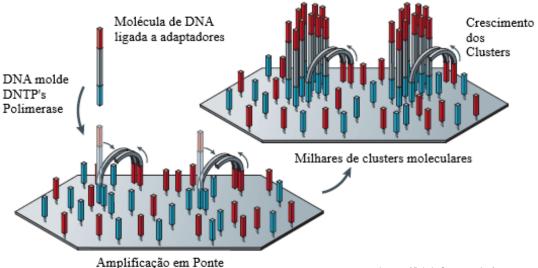


- Amplificação
  - PCR para geração de fluorescência



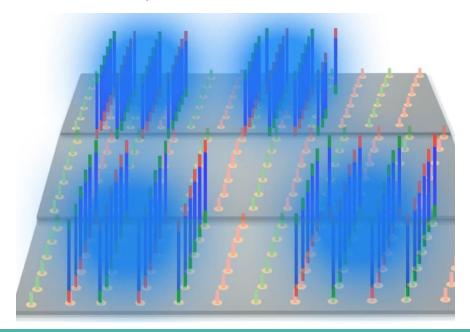
- Amplificação Illumina
  - Primers complementares aos adaptadores

#### Plataforma Illumina

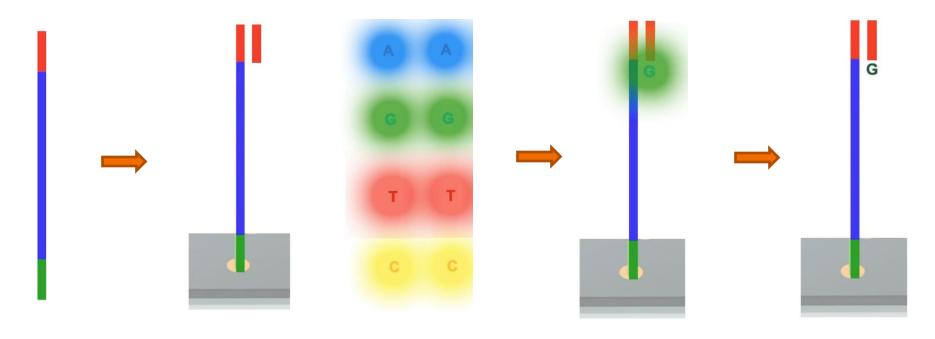


https://bioinfo.com.br/sequenciamento-ngs-status-e-perspectivas/

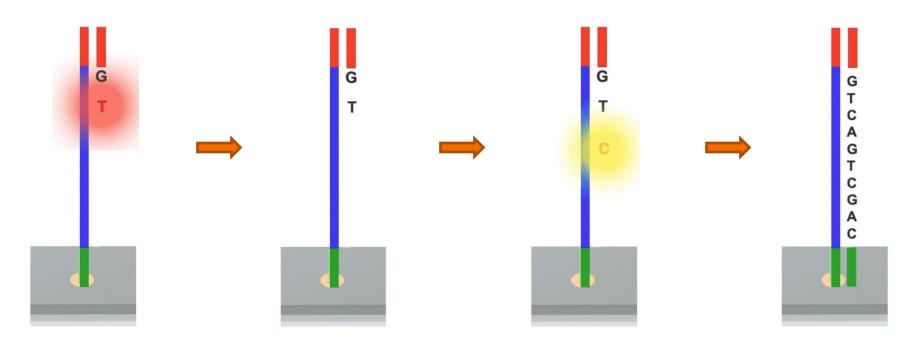
- Amplificação Illumina
  - Primers complementares aos adaptadores
  - Fluorescência



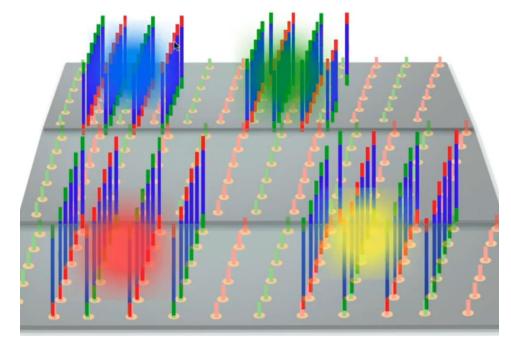
Sequenciamento - Illumina



Sequenciamento - Illumina

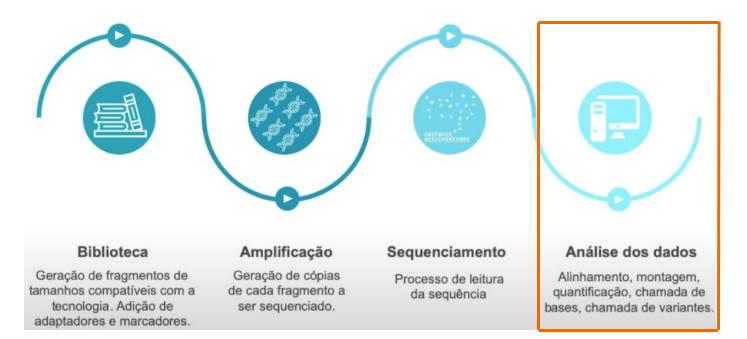


Sequenciamento - Illumina



Plataforma Illumina





- Várias aplicações
  - Genotipagem
  - Identificação humana
  - Metagenoma
  - Detecção de mutação
  - Análise de expressão gênica
  - Detecção de aneuploidias
  - Sequenciamento de novo
  - Sequenciamento de exoma



#### Evolução das Técnicas de Sequenciamento

Histórico

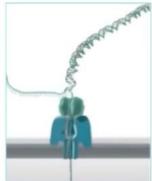


- Sequenciamento em tempo real
  - Leitura direta da sequencia de nucleotídeos do DNA
  - Não há necessidade de amplificar sequencias e sintetizar cópias
- Diferentes abordagens
  - Detecção de mudanças na condutividade elétrica
  - o Detecção de incorporação de nucleotídeos fluorescentes durante a síntese de DNA
- Leitura de sequencias muito mais longas
  - Útil para montagem de genomas complexos
  - Identificação de variantes genéticas em regiões de difícil sequenciamento



- Sequenciamento por nanoporos
  - Não há necessidade de grandes sequenciadores
  - Capacidade de sequenciar fragmentos de milhões de pares de bases
  - Sem amplificação prévia
  - Processo de geração de dados diferente. Não é síntese.

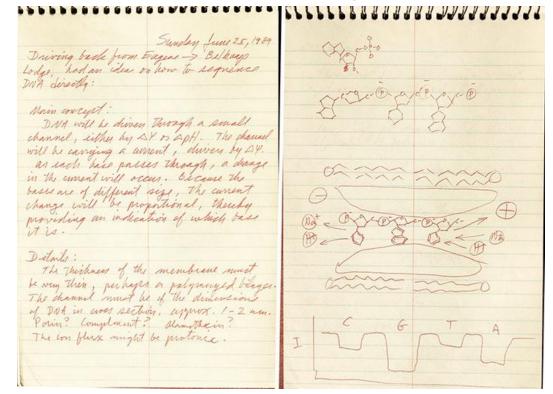








 O esboço inicial do professor David Deamer para sequenciar o DNA usando um nanoporo



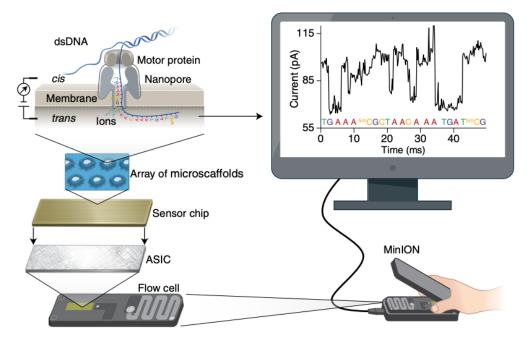


Sequenciamento por nanoporos - MinION

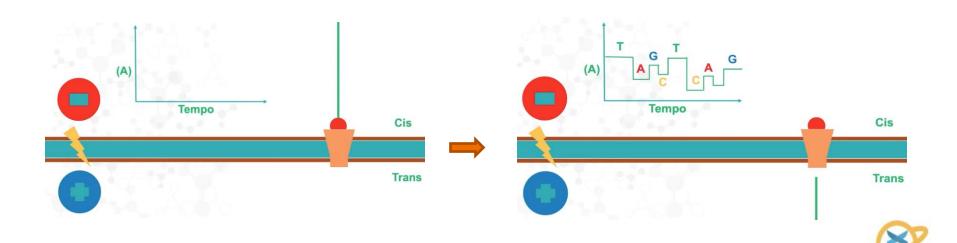




Sequenciamento por nanoporos - MinION



Sequenciamento por nanoporos - MinION



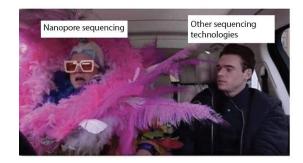
biologia molecular

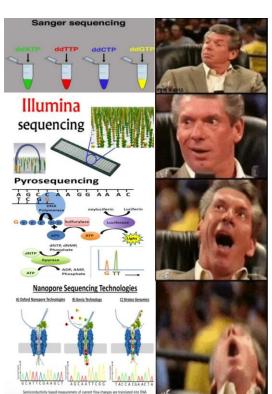
Sequenciamento por nanoporos - MinION





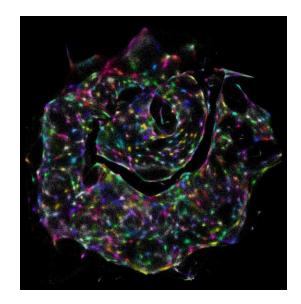
- Várias aplicações
  - o Montagem de genomas de qualidade superior
  - Identificação de modificações epigenéticas em larga escala
  - Sequenciamento de regiões altamente repetitivas no genoma





#### Sequenciamento de Quarta Geração

- Ainda em desenvolvimento.
  - Nada disponível comercialmente
  - Novas gerações de tecnologias por nanoporos
  - Técnicas baseadas em microscopia





https://www.bbc.com/future/article/20230210-the-man-whose-genome-you-can-read-end-to-end