

Aula 4 – Tecnologias de Sequenciamento de DNA - Parte 2: Terceira Geração

Desvendando o DNA em Tempo Real: A Revolução da Terceira Geração de Sequenciamento


Você já parou para pensar como os cientistas conseguem "ler" o código da vida, o nosso DNA? É uma tarefa complexa, como tentar decifrar um livro gigantesco escrito em uma linguagem que só agora estamos começando a dominar. Nas últimas décadas, a tecnologia de sequenciamento de DNA avançou a passos largos, permitindo-nos desvendar mistérios genéticos e impulsionar a medicina e a biotecnologia a níveis inimagináveis.

Esta aula é um convite para mergulhar na vanguarda dessa revolução. Se você é um estudante universitário buscando aprofundar seus conhecimentos ou um candidato a concurso público que precisa de um certificado que demonstre sua capacitação em genômica, está no lugar certo. Nosso objetivo é que, ao final desta jornada, você não apenas compreenda as tecnologias de sequenciamento de terceira geração, mas também visualize suas aplicações práticas e o impacto que elas têm no mundo real.

Na aula anterior, exploramos as bases do sequenciamento e as tecnologias de segunda geração, que revolucionaram a capacidade de ler milhões de fragmentos de DNA simultaneamente. No entanto, como em qualquer campo da ciência, sempre há um "próximo nível" a ser alcançado. A segunda geração, apesar de poderosa, tinha suas limitações, especialmente quando se tratava de ler longas sequências ou de desvendar regiões complexas do genoma.

É exatamente aí que a terceira geração entra em cena, prometendo superar esses desafios e abrir novas fronteiras. Prepare-se para conhecer tecnologias que permitem ler o DNA em tempo real, molécula por molécula, e entender como essa capacidade está transformando a pesquisa, o diagnóstico e até mesmo a vigilância de doenças. Vamos explorar as plataformas que estão moldando o futuro da genômica.

A Busca por Leituras Mais Longas: Por Que a Segunda Geração Não Era Suficiente?

 **Analogia:** Imagine que você está tentando montar um quebra-cabeça de mil peças, mas todas as peças são minúsculas e parecem muito semelhantes.

Essa era, em essência, a realidade do sequenciamento de segunda geração, como o da Illumina. Ele era incrivelmente eficiente em gerar milhões de "peças" (leituras curtas de DNA) de uma só vez, a um custo muito baixo. Isso revolucionou a genômica, permitindo o sequenciamento de genomas inteiros em uma escala sem precedentes.

Limitações das Leituras Curtas

Algumas regiões são repetitivas, outras contêm grandes rearranjos estruturais, e muitas vezes, a informação crucial está na conexão entre esses fragmentos

Problema de Montagem

Tentar montar um genoma complexo apenas com leituras curtas é como tentar reconstruir um livro inteiro tendo apenas frases soltas

Lacunas Inevitáveis

As lacunas e ambiguidades eram inevitáveis, limitando nossa compreensão completa do genoma

Essa limitação gerou um problema significativo para a pesquisa e o diagnóstico. Como identificar grandes deleções, inserções ou inversões no DNA se você só consegue ler pequenos pedaços? Como montar o genoma de um novo organismo, sem um genoma de referência para guiar a montagem dos fragmentos curtos? A necessidade de "ver o quadro maior", de obter leituras de DNA muito mais longas, tornou-se um gargalo para o avanço da genômica.

Foi essa busca por uma visão mais completa e contínua do DNA que impulsionou o desenvolvimento das tecnologias de sequenciamento de terceira geração. Elas não vieram para substituir completamente a segunda geração, mas sim para complementá-la, oferecendo uma nova perspectiva e resolvendo desafios que antes pareciam intransponíveis. A história da genômica é uma jornada de superação de limites, e a terceira geração é um capítulo emocionante dessa saga.

Sequenciamento de Molécula Única em Tempo Real (SMRT): A Visão do DNA "Ao Vivo"

📌 **Analogia:** Pense em um trem de alta velocidade que percorre uma trilha luminosa, e a cada vagão que passa por um sensor, ele emite uma cor diferente.

Essa é uma analogia simplificada para entender o Sequenciamento de Molécula Única em Tempo Real (SMRT), uma tecnologia pioneira desenvolvida pela PacBio (Pacific Biosciences). Ao contrário das gerações anteriores, que sequenciavam milhões de fragmentos em paralelo e depois os montavam, o SMRT permite observar a DNA polimerase "lendo" uma única molécula de DNA em tempo real.

01

ZMWs (Zero-Mode Waveguides)

Minúsculas estruturas como poços microscópicos onde apenas a luz de um laser pode penetrar no fundo

03

Incorporação de Nucleotídeos

A polimerase incorpora nucleotídeos marcados com fluorocromos em suas extremidades

02

DNA Polimerase Anexada

Uma única molécula de DNA é anexada a uma DNA polimerase no fundo do poço

04

Detecção em Tempo Real

Quando um nucleotídeo é incorporado, o fluorocromo emite um flash de luz detectado no ZMW

Quando um nucleotídeo correto é incorporado, o fluorocromo é liberado e emite um flash de luz que é detectado no fundo do ZMW. Como a luz só é detectada no volume minúsculo do poço, apenas o fluorocromo que está sendo incorporado no momento é visível, eliminando o ruído de fundo. É como ter um holofote apontado para o exato ponto onde a ação está acontecendo. Essa detecção em tempo real e em nível de molécula única é o que confere ao SMRT sua capacidade de gerar leituras incrivelmente longas.

SMRT: Vantagens, Desvantagens e Aplicações Práticas

Principais Vantagens

- **Leituras extremamente longas:** podem ultrapassar 25.000 bases
- **Detecção de modificações:** metilação diretamente, sem tratamentos químicos
- **Tecnologia HiFi:** alta precisão com leituras circulares de consenso
- **Resolução de regiões complexas:** ideal para regiões repetitivas

Principais Desvantagens

- **Custo por gigabase:** mais alto que segunda geração
- **Rendimento total:** menor por corrida
- **Taxa de erro histórica:** mitigada pela tecnologia HiFi
- **Equipamento:** não portátil, requer infraestrutura

Aplicações Transformadoras

Montagem de Genomas *De Novo*

Ferramenta de escolha para desvendar o código genético de novas espécies, seja para entender a biodiversidade ou identificar genes de interesse

Detecção de Variantes Estruturais

Cruciais para identificar grandes deleções, inserções, inversões e translocações associadas a doenças genéticas e câncer

Medicina de Precisão

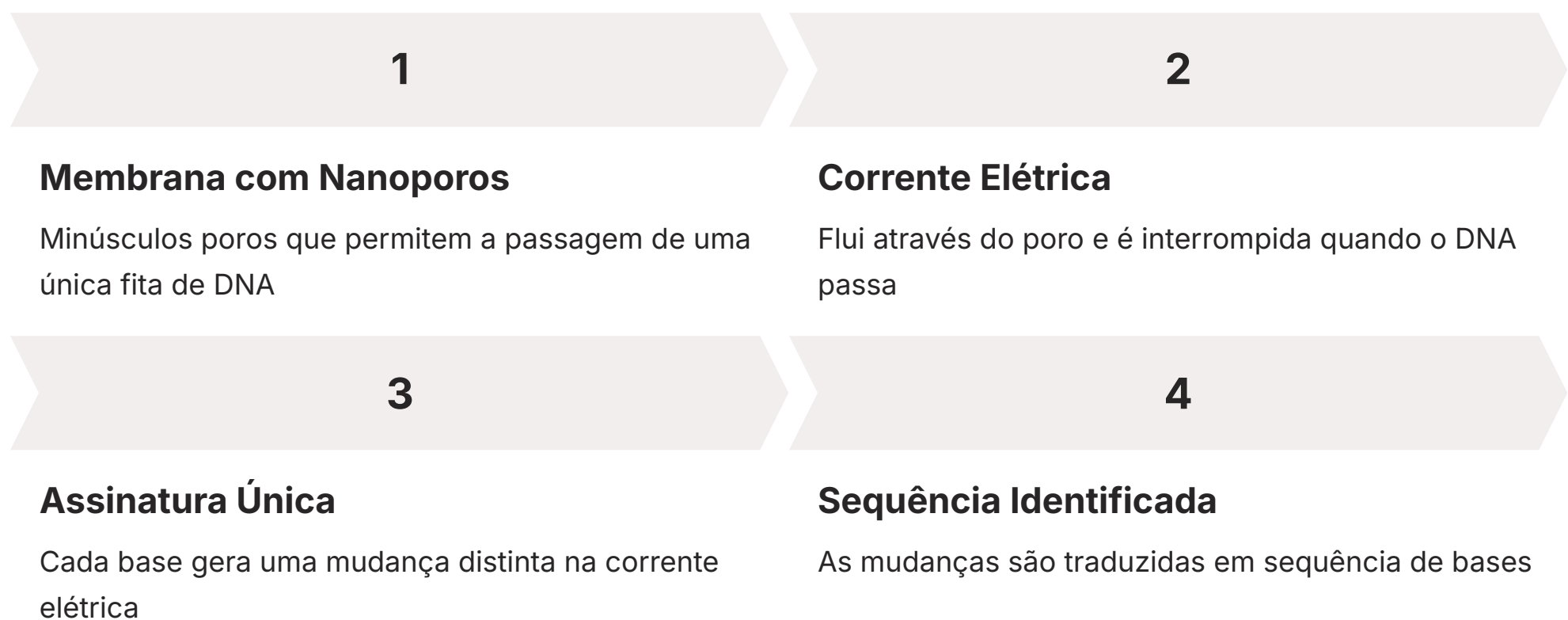
Caracterização completa de genomas de pacientes com doenças raras ou câncer, identificando rearranjos genéticos complexos

A abordagem HiFi envolve sequenciar a mesma molécula circular de DNA várias vezes, gerando uma "leitura circular de consenso" que corrige os erros aleatórios, resultando em leituras longas e de alta precisão. Conectando com a medicina de precisão, o SMRT permite uma caracterização mais completa de genomas de pacientes com doenças raras ou câncer, identificando rearranjos genéticos que poderiam passar despercebidos por outras tecnologias. É uma ferramenta poderosa para desvendar a arquitetura completa do genoma, revelando informações que antes eram invisíveis.

Sequenciamento por Nanoporos: A Genômica na Palma da Mão

📄 **Revolução da Portabilidade:** Imagine um dispositivo do tamanho de um pen drive, capaz de sequenciar DNA em qualquer lugar, desde um laboratório de pesquisa até uma floresta tropical ou uma clínica de campo.

Se o SMRT da PacBio nos trouxe a capacidade de ver o DNA sendo lido em tempo real, o sequenciamento por nanoporos da Oxford Nanopore Technologies (ONT) levou essa ideia a um novo patamar: a **portabilidade**. Essa é a promessa e a realidade dos sequenciadores por nanoporos, como o famoso MinION.



A tecnologia por trás dos nanoporos é fascinante e relativamente simples em seu conceito. Pense em um "leitor de código de barras molecular". O coração do sistema é uma membrana sintética ou biológica que contém minúsculos poros, os **nanoporos**. Cada nanoporo é grande o suficiente para permitir que uma única fita de DNA (ou RNA) passe através dele. Quando uma molécula de DNA passa pelo poro, ela causa uma interrupção na corrente elétrica que flui através do poro.

Cada base nitrogenada (A, T, C, G) tem um formato e um volume ligeiramente diferentes. À medida que a fita de DNA se move através do nanoporo, cada base, ou um pequeno grupo de bases, bloqueia o poro de uma maneira única, gerando uma assinatura elétrica distinta. Essa mudança na corrente elétrica é capturada e traduzida em uma sequência de bases. É como se cada base "sussurrasse" sua identidade ao passar pelo sensor.

Nanoporos: Velocidade, Flexibilidade e Desafios

Vantagens Revolucionárias

- **Sequenciamento em tempo real:** dados gerados imediatamente
- **Portabilidade extrema:** MinION do tamanho de um pen drive
- **Flexibilidade:** leituras de comprimentos variados
- **DNA e RNA diretos:** sem necessidade de conversão
- **Detecção de modificações:** metilação de forma nativa
- **Custo inicial baixo:** acessível a laboratórios menores

Desafios Atuais

- Taxa de erro historicamente mais alta
- Dependência da qualidade da amostra
- Preparação crítica do DNA
- Algoritmos em constante evolução

Aplicações Transformadoras



Vigilância Epidemiológica

Rastreamento da evolução de vírus (como SARS-CoV-2) e bactérias resistentes a antibióticos em tempo real, diretamente no local do surto



Montagem *De Novo*

Especialmente de microrganismos, combinando leituras longas com portabilidade para pesquisa em campo



Diagnóstico Rápido

Identificação de infecções e caracterização de tumores em ambientes clínicos, onde a velocidade pode fazer a diferença

A grande revolução trazida pelos sequenciadores de nanoporos é a sua **capacidade de sequenciamento em tempo real** e a **portabilidade**. Uma vez que a amostra é preparada e carregada, os dados de sequenciamento começam a ser gerados imediatamente, permitindo análises rápidas e até mesmo a tomada de decisões em campo. Essa característica é inestimável em situações de emergência, como surtos de doenças, onde a identificação rápida do patógeno pode ser crucial para conter a propagação.

Apesar dos desafios, as aplicações dos nanoporos são vastas e crescentes. A genômica de campo, antes um sonho distante, agora é uma realidade graças aos nanoporos.

Comparando os Gigantes da Terceira Geração: SMRT vs. Nanoporos

📄 **Analogia de Transporte:** Um carro de luxo (PacBio SMRT) oferece conforto e alta precisão, ideal para longas distâncias. Uma motocicleta (Oxford Nanopore) é mais ágil, portátil e tem custo inicial menor, mas pode ser menos precisa em certas condições.

No mundo do sequenciamento de terceira geração, não existe uma tecnologia "melhor" em absoluto, mas sim a mais adequada para um determinado problema ou objetivo. Tanto o SMRT da PacBio quanto o sequenciamento por nanoporos da Oxford Nanopore Technologies (ONT) oferecem a capacidade de gerar leituras longas, mas eles o fazem de maneiras distintas, com diferentes perfis de desempenho, custo e aplicação.

PacBio SMRT

Foco: Precisão versus rendimento/portabilidade

Ideal para: Leituras longas de altíssima precisão, montagem *de novo* de genomas complexos, detecção de variantes estruturais raras

Oxford Nanopore

Foco: Velocidade, portabilidade e custo-benefício

Ideal para: Sequenciamento em tempo real e em campo, mesmo que a precisão de uma única leitura possa ser ligeiramente menor

A principal distinção reside na **precisão versus rendimento/portabilidade**. O PacBio SMRT, especialmente com a tecnologia HiFi, é conhecido por suas leituras longas de **altíssima precisão**, tornando-o ideal para aplicações que exigem a máxima fidelidade. A ONT, por sua vez, se destaca pela **velocidade, portabilidade e custo-benefício** para sequenciamento em tempo real e em campo.

Ambas as tecnologias representam um avanço significativo em relação à segunda geração, que produz leituras curtas. A terceira geração preenche as lacunas deixadas pelas leituras curtas, permitindo uma visão mais completa e contínua do genoma. Muitas vezes, a abordagem mais poderosa é a **híbrida**, combinando a alta precisão das leituras curtas da segunda geração com a capacidade de resolução de leituras longas da terceira geração para montar genomas ainda mais completos e precisos.

Quadro Comparativo: PacBio SMRT vs. Oxford Nanopore Technologies

Para consolidar as diferenças e semelhanças entre essas duas tecnologias de ponta, observe o quadro comparativo abaixo. Ele resume os pontos-chave que você deve considerar ao avaliar qual plataforma é mais adequada para um determinado projeto. Lembre-se que o cenário tecnológico está em constante evolução, e as características podem ser aprimoradas rapidamente.

Característica Principal	PacBio SMRT (ex: Sequel IIe, Revio)	Oxford Nanopore Technologies (ex: MinION, PromethION)
Princípio de Operação	Detecção de fluorocromos em ZMWs durante síntese de DNA	Mudança na corrente elétrica ao passar por nanoporos
Comprimento de Leitura	Extremamente longas (10-100+ kb), HiFi (10-25 kb)	Extremamente longas (10-100+ kb), até megabases
Precisão (Leitura Única)	Alta (especialmente com HiFi, >99.9%)	Moderada a Alta (em constante melhoria, ~99%)
Velocidade/Tempo Real	Não em tempo real (processamento após corrida)	Sim, dados gerados e analisados em tempo real
Portabilidade	Não portátil (equipamento de bancada)	Altamente portátil (MinION), também bancada (PromethION)
Custo por Gb	Geralmente mais alto que NGS de 2ª geração	Competitivo, varia com o rendimento e aplicação
Detecção de Modificações	Sim (metilação, etc.)	Sim (metilação, etc.)
Aplicações Típicas	Montagem <i>de novo</i> de genomas complexos, detecção de SVs, genomas completos de microrganismos	Vigilância epidemiológica, sequenciamento em campo, diagnóstico rápido, montagem <i>de novo</i> de microrganismos, transcriptômica direta

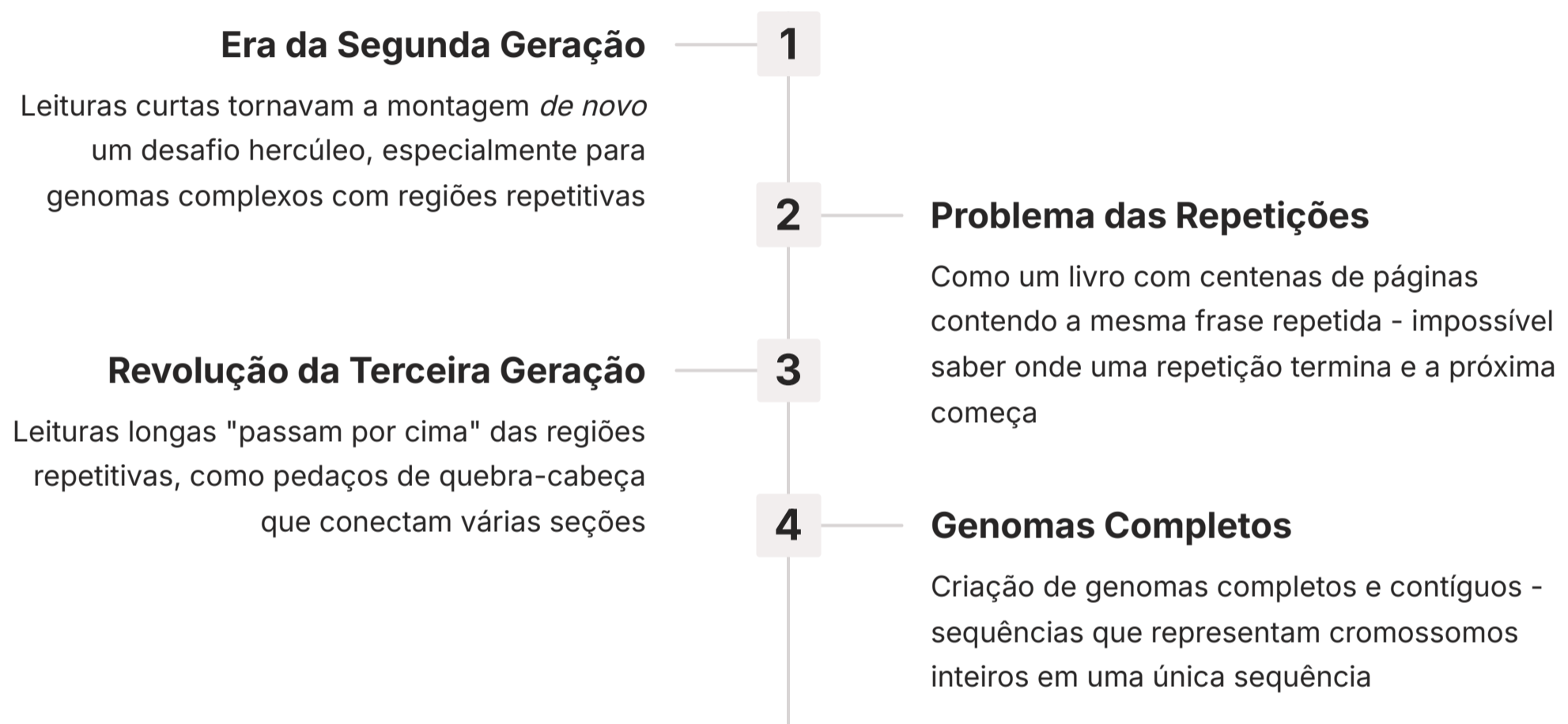
Decisão Final: Este quadro serve como um guia rápido, mas a decisão final sempre dependerá dos objetivos específicos do seu projeto, do orçamento disponível e da infraestrutura de bioinformática para análise dos dados.

A beleza da terceira geração é que ela oferece opções robustas para desvendar os segredos do DNA em uma escala e velocidade sem precedentes.

Aplicações Transformadoras: Montagem de Genomas *De Novo*

O Desafio: Imagine que você descobriu uma nova espécie de bactéria, uma planta com propriedades medicinais únicas, ou até mesmo um novo vírus. Para entender completamente esses organismos, precisamos "ler" seu código genético do zero, sem ter um genoma de referência para guiar a montagem.

Uma das aplicações mais impactantes das tecnologias de sequenciamento de terceira geração é a **montagem de genomas *de novo***. É como montar um quebra-cabeça sem a imagem da caixa.



Impacto Transformador



Pesquisa Básica

Descoberta de novos genes, vias metabólicas e elementos regulatórios em organismos pouco estudados



Biotecnologia

Revelação de enzimas para bioprodução ou genes de resistência a antibióticos em microrganismos



Agricultura

Compreensão da genética de plantas para melhoramento e desenvolvimento de culturas mais resistentes

Essa capacidade é vital para a pesquisa básica, permitindo a descoberta de novos genes, vias metabólicas e elementos regulatórios em organismos pouco estudados. Em suma, a terceira geração nos dá a chave para desvendar a arquitetura completa do genoma de qualquer organismo, abrindo portas para um conhecimento mais profundo da vida.

Aplicações Transformadoras: Detecção de Variantes Estruturais (SVs)

Além da montagem *de novo*, outra área onde as tecnologias de terceira geração brilham intensamente é na **detecção de variantes estruturais (SVs)**. As SVs são alterações no DNA que envolvem grandes segmentos, tipicamente maiores que 50 pares de bases.

Deleções Perda de um segmento de DNA	Inserções Adição de um segmento de DNA
Inversões Segmento que se inverte	Translocações Segmento que se move para outro local

Por Que as SVs São Tão Importantes?

Porque elas podem ter um impacto profundo na função dos genes e estão associadas a uma vasta gama de condições, desde doenças raras e síndromes genéticas até doenças complexas como o câncer e distúrbios neurológicos. Por exemplo, uma deleção em um gene supressor de tumor pode levar ao desenvolvimento de câncer, ou uma inversão pode ativar um oncogene.

Limitações da Segunda Geração

As tecnologias de sequenciamento de segunda geração, com suas leituras curtas, têm dificuldade em detectar SVs. É como tentar identificar um grande buraco em um tapete usando apenas um microscópio que só consegue ver pequenos fios.

- Não conseguem "cobrir" a extensão de uma SV
- Repetições nas bordas confundem algoritmos
- Pontos cegos em regiões complexas

Poder da Terceira Geração

As leituras longas podem facilmente abranger essas grandes alterações. É como ter uma câmera de alta resolução que fotografa grandes seções, revelando claramente os buracos e remendos.

- Identificação precisa de SVs
- Resolução de regiões repetitivas
- Eliminação de pontos cegos

Essa capacidade é crucial para o diagnóstico genético, a pesquisa do câncer e a compreensão da variação genômica humana, abrindo novas avenidas para a medicina de precisão.

Aplicações Transformadoras: Medicina de Precisão e Vigilância Epidemiológica

A capacidade de sequenciar o DNA com leituras longas e em tempo real não é apenas uma proeza tecnológica; ela tem implicações diretas e transformadoras na saúde humana. Duas áreas onde a terceira geração de sequenciamento está fazendo uma diferença notável são a **Medicina de Precisão** e a **Vigilância Epidemiológica**.

Medicina de Precisão


O objetivo é personalizar o tratamento médico com base nas características genéticas únicas de cada indivíduo. Para pacientes com câncer, a identificação de variantes estruturais complexas ou fusões de genes pode ser crucial para selecionar a terapia-alvo mais eficaz.

- Caracterização completa do genoma do tumor
- Revelação de rearranjos invisíveis às leituras curtas
- Mapa genético detalhado para decisões de tratamento
- Diagnóstico de doenças raras

Vigilância Epidemiológica

Revolucionada especialmente com sequenciadores portáteis de nanoporos. Rastreamento da evolução de vírus durante pandemias ou identificação rápida da fonte de surtos de intoxicação alimentar.

- Sequenciamento direto no local do surto
- Resposta ágil a crises de saúde pública
- "Detetive genético" em tempo real
- Implementação rápida de medidas de controle

 **Impacto Real:** Com o MinION da Oxford Nanopore, cientistas e profissionais de saúde podem sequenciar patógenos diretamente no local do surto, seja em um hospital, aeroporto ou área remota, eliminando dias ou semanas de espera.

Essa capacidade de sequenciamento em tempo real e em campo permite uma resposta muito mais ágil a crises de saúde pública. É como ter um "detetive genético" que pode identificar a "impressão digital" de um microrganismo quase instantaneamente, permitindo que as autoridades de saúde implementem medidas de controle mais rapidamente e com maior precisão. A terceira geração de sequenciamento não é apenas uma ferramenta de pesquisa; é uma ferramenta poderosa para proteger a saúde pública e personalizar o cuidado médico.

Desafios e o Futuro do Sequenciamento de Terceira Geração

Apesar dos avanços notáveis, as tecnologias de sequenciamento de terceira geração ainda enfrentam desafios que a comunidade científica e as empresas estão trabalhando para superar.

Desafios Atuais

- **Custo por gigabase:** ainda mais elevado comparado à segunda geração para projetos de grande escala
- **Análise de dados:** leituras longas geram arquivos massivos e complexos
- **Bioinformática:** necessidade de algoritmos e ferramentas eficientes
- **Expertise:** requer conhecimento especializado e poder computacional

Futuro Promissor

- **Novas químicas:** investimento em aprimoramentos de hardware
- **Miniaturização:** sequenciamento ainda mais acessível
- **Inteligência Artificial:** integração com IA e machine learning
- **Automação:** interpretação de modificações com maior precisão

☐ **Analogia:** É como ter um mapa incrivelmente detalhado, mas precisar de um guia experiente para interpretá-lo e navegar por ele.

O Profissional do Futuro

01

Conhecimento Multidisciplinar

Não basta apenas entender a biologia; é preciso familiaridade com as tecnologias

03

Aplicações Práticas

Compreensão das aplicações clínicas e de pesquisa das tecnologias

02

Competência em Bioinformática

Habilidades para processar e interpretar dados complexos de leituras longas

04

Visão Inovadora

Capacidade de identificar oportunidades em saúde, agricultura e biotecnologia

O papel do profissional da genômica nesse cenário é cada vez mais multidisciplinar. A terceira geração de sequenciamento não é apenas uma ferramenta; é um portal para uma compreensão mais profunda da vida e um catalisador para inovações em saúde, agricultura e biotecnologia.

Consolidação: A Genômica em Nova Dimensão

Chegamos ao fim da nossa jornada pela fascinante paisagem das tecnologias de sequenciamento de DNA de terceira geração. Vimos como a busca por leituras mais longas e a capacidade de sequenciar moléculas únicas em tempo real abriram novas fronteiras que as gerações anteriores não podiam alcançar.



Compreendemos que não há uma tecnologia "melhor", mas sim a mais adequada para cada desafio, e que a combinação dessas abordagens com as tecnologias de segunda geração (abordagem híbrida) muitas vezes oferece a solução mais completa.

- Em Prática:** A capacidade de obter leituras longas e de alta qualidade permite resolver regiões complexas do genoma, como repetições e variantes estruturais, que antes eram pontos cegos. A portabilidade e o sequenciamento em tempo real abrem portas para aplicações em campo e diagnósticos rápidos.

Dominar esses conceitos é fundamental para quem atua ou pretende atuar na vanguarda da genômica, seja na pesquisa, no desenvolvimento de novas terapias ou na saúde pública.

Autoavaliação

- Qual das seguintes características é uma vantagem primária das tecnologias de sequenciamento de terceira geração em comparação com as de segunda geração?
 - a) Menor custo por gigabase de dados.
 - b) Geração de leituras de DNA significativamente mais longas.
 - c) Maior rendimento total de dados por corrida.
 - d) Preparação de amostras mais complexa e demorada.
- A tecnologia de Sequenciamento de Molécula Única em Tempo Real (SMRT) da PacBio é particularmente eficaz para qual das seguintes aplicações?
 - a) Sequenciamento de exomas para identificação de SNPs.
 - b) Montagem *de novo* de genomas complexos e detecção de variantes estruturais.
 - c) Quantificação de expressão gênica em larga escala via RNA-Seq.
 - d) Sequenciamento de genomas virais em tempo real em ambientes de campo.
- Qual das seguintes plataformas de sequenciamento é conhecida por sua portabilidade e capacidade de sequenciamento em tempo real, sendo amplamente utilizada em vigilância epidemiológica em campo?
 - a) Illumina NovaSeq
 - b) PacBio Sequel IIe
 - c) Oxford Nanopore MinION
 - d) Ion Torrent S5
- A detecção de variantes estruturais (SVs), como grandes deleções e inversões, é um desafio para as tecnologias de segunda geração devido a qual limitação?
 - a) Baixa precisão das leituras.
 - b) Alto custo por leitura.
 - c) Comprimento limitado das leituras.
 - d) Dificuldade na preparação da amostra.
- Explique brevemente como a capacidade de sequenciamento em tempo real, oferecida por tecnologias como a Oxford Nanopore, pode impactar a resposta a uma crise de saúde pública, como um surto viral.

Gabarito

1 b) Geração de leituras de DNA significativamente mais longas.

2 b) Montagem *de novo* de genomas complexos e detecção de variantes estruturais.

3 c) Oxford Nanopore MinION.

4 c) Comprimento limitado das leituras.

Questão 5 - Resposta Esperada:

A capacidade de sequenciamento em tempo real permite a identificação rápida e no local do patógeno causador do surto, bem como o rastreamento de sua evolução genética. Isso acelera a tomada de decisões por parte das autoridades de saúde, permitindo a implementação de medidas de contenção, diagnóstico e tratamento de forma mais ágil e eficaz, potencialmente salvando vidas e controlando a propagação da doença mais rapidamente.

Próxima Aula: Aula 5 – Genômica Comparativa



O Que Vem Por Aí

Na próxima aula, daremos um passo adiante e exploraremos a **Genômica Comparativa**. Você aprenderá como as informações genômicas de diferentes espécies ou indivíduos são comparadas para desvendar a evolução, identificar genes de interesse e compreender a base genética de doenças.



Conexão de Conhecimentos

Será uma ponte entre o conhecimento das tecnologias de sequenciamento e suas aplicações mais amplas na biologia e na medicina.

Recursos Adicionais

Artigos Científicos Recentes


Para aprofundar-se nas últimas pesquisas e aplicações das tecnologias de terceira geração.

Websites de Fabricantes

PacBio e Oxford Nanopore para explorar detalhes técnicos, *white papers* e casos de estudo.

Cursos Online de Bioinformática

Para desenvolver habilidades na análise de dados de sequenciamento de leituras longas.

 **NOTA IMPORTANTE:** As informações regulatórias/legais/técnicas desta aula estão atualizadas até 2025. Consulte sempre fontes oficiais para verificar alterações.