

Ciências Biológicas

## **Tecnologias de sequenciamento genético de leitura curta e longa**

Grazielle Cioletti - 9o módulo de Medicina Veterinária, UFLA, iniciação científica voluntária.

Lívia Oliveira Senra Silva - 9o módulo de Medicina Veterinária, UFLA

Victor Satler Pylro - Orientador DBI, UFLA - Orientador(a)

### **Resumo**

“Esta revisão de literatura fornece uma análise abrangente das ‘short-read and long-read genetic sequencing technologies’, ou tecnologias de sequenciamento genético de leitura curta e leitura longa, respectivamente; elucidando seu impacto transformativo na genômica e biologia molecular. O sequenciamento de leitura curta – exemplificado pelas plataformas Illumina e Ion Torrent – revolucionou a geração de dados dentro do ‘Next Generation Sequencing’, ou Sequenciamento de Próxima Geração (NGS), devido às suas capacidades de alto rendimento. Sua alta precisão e qualidade acompanhada de uma baixa taxa de erro, juntamente com ótima escalabilidade, facilita uma infinidade de aplicações em genômica, metagenômica e transcriptômica. No entanto, ainda persistem desafios na resolução de sequências repetitivas que exigem métodos e abordagens mais complexas. Por outro lado, tecnologias de sequenciamento de leitura longa – também conhecidas como ‘Third-Generation Sequencing’, ou Sequenciamento de Terceira Geração – englobam a Pacific Biosciences (PacBio) e a Oxford Nanopore Technologies (ONT), as quais procuram resolver essas complexidades. Ao gerar fragmentos de DNA longos, elas ultrapassam as limitações de ‘short-reads’, permitindo uma montagem mais eficaz de regiões genômicas complexas. Além disso, são consideradas mais adequadas para a montagem de genomas ‘de novo’ e identificação de modificações epigenéticas, como a metilação. Ao explorar os prós e contras de ambos métodos de sequenciamento de leitura curta e longa, são enfatizadas suas contribuições e aplicações para o avanço tecnológico da genômica e bioinformática. Além disso, discute uma combinação emergente de métodos que utilizam ambas as tecnologias para maximizar suas vantagens. O sequenciamento de Próxima Geração (NGS) e o Sequenciamento de Terceira Geração se apresentam como cruciais para a pesquisa moderna, catalisando o desenvolvimento de diversos campos por meio de técnicas computacionais.”

Palavras-Chave: sequenciamento genético, bioinformática, biologia molecular.

Link do pitch: <https://youtu.be/PM0ks2xwyBU>