Estudo Dirigido – Biologia Molecular Computacional

07 de Outubro de 2016

1. O sequenciamento de DNA experimentou uma verdadeira revolução tecnológica, o que resultou em crescimento vertiginoso na quantidade de genomas sequenciados, depositados e disponíveis para consulta. Sobre o sequenciamento de DNA, descreva os principais métodos de sequenciamento de genomas em larga escala, suas vantagens e desvantagens.

2. O banco de dados do NCBI (Entrez) é uma das bases mais completas disponíveis para a consulta. Suponha que um pesquisador deseja realizar uma consulta para sobre as sequências do(s) gene(s) do receptor PPAR (*Peroxissome proliferator-activated receptor*) em humanos. Que tipo de consulta pode ser feita para se averiguar:
    a. A existência deste gene no genoma humano.
    b. A quantidade de diferentes genes que codificam receptores PPAR.
    c. A quantidade de produtos gênicos que pode ser gerada através de splicing alternativo para este(s) gene(s).

    Para responder a esta pergunta, descreva precisamente as palavras-chave empregadas para esta busca e o resultado (resumidamente) obtido através desta consulta.

3. Descreva, com exemplos, a diferença entre um **alinhamento local** e um **alinhamento global**.
4. Descreva, sucintamente, a matriz de pontos como método de comparação de sequências.
5. Descreva, sucintamente, o método de programação dinâmica como um método de alinhamento de duas sequências.
6. Que vantagens o método de k-tuplas oferece em relação ao método de programação dinâmica? A que custo?
7. Descreva o método progressivo, como um método de alinhamento de múltiplas sequências.
8. Que tipo de informação evolutiva pode ser extraída a partir de um alinhamento múltiplo. Como esta informação pode ser utilizada na construção de uma árvore filogenética?
9. Como uma árvore filogenética pode ser avaliada? Descreva sucintamente um método que possa ser empregado para este tipo de análise.
10. A análise de sequências de produtos gênicos (sequências de proteínas) pode ser utilizada para a análise de propriedades (físico-químicas, estruturais, etc). Descreva três destes métodos e cite uma aplicação para cada um destes métodos.
11. Você recebeu duas sequências de DNA para alinhar: ACGTCCTTCATT e GTCTCATG. Você tem um esquema de pontuação onde um *match* resulta em um escore +1, um *mismatch*, resulta em 0 e a abertura de gap resulta em -10. Anote o melhor alinhamento das duas sequências.

12. Você tem um esquema de escore em que um *match* resulta em um escore de +1, um *mismatch* resulta em -1 e a abertura de um gap custa -1. Anote o melhor alinhamento para as mesmas duas sequências de DNA.