

**Disciplina** Biologia Molecular para o Bacharelado – **BIO 0307 – IB-USP**  
**Trabalho Computacional – Análise de Ácido Nucléicos *in silico***  
**2017**

<b>GRUPO 2</b>	Arthur Kim Chan
	Marco Antônio Lima Caribé Filho
	Ricardo Alberto Chiong Zevallos

<b>Sequências a serem analisadas</b>	a	NM_004004
	b	NM_024009
	c	NM_001110219

**Roteiro:**

- (1) Definir as sequências genômica e peptídica das sequências (a), (b) e (c). Descreva a estrutura genômica de cada uma delas.
- (2) Qual a similaridade entre as sequências nucleotídicas desta família gênica? E a similaridade entre a sequência de aminoácidos?
- (3) A mutação **c.35delG** foi encontrada no gene (a) em um indivíduo. Qual o efeito esperado sobre o RNAm e a proteína?
- (4) Em relação à mutação acima (3), o que há na literatura e nos bancos de dados sobre o fenótipo associado?
- (5) Por causa de sua frequência e a facilidade de detecção deste alelo, a identificação da mutação c.35delG é o primeiro passo na triagem de causas genéticas de surdez. No entanto, muitos pacientes surdos são detectados com esta mutação em heterozigose. O que deve ser feito nestes casos para se desvendar a causa do fenótipo?
- (6) Defina e detalhe uma estratégia para descobrir se as pessoas de diferentes famílias e diferentes locais geográficos, que têm a mutação c.35delG, herdaram essa mutação de um ancestral comum ou se a mutação ocorreu em diferentes cromossomos fundadores.

Tempo para apresentação: 15 minutos

Sugestão: 10 a 12 slides powerpoint

Entregar relatório no mesmo dia (um relatório por grupo)