**Navegação e busca de banco de dados Metodologia Científica 1, 18/04/2022.**

***Acessos Nacionais para busca de projetos de pesquisa.***

No site do ICB <https://ww3.icb.usp.br/>, procure barra institucional, Departamentos. Escolha cada um dos deptos e escolha os docentes. Veja pelo menos um docente de cada Depto, para identificar a sua linha de pesquisa. Você também poderá procurar o docente pela suas linhas de pesquisa no catálogo de pesquisa do ICB: <https://ww3.icb.usp.br/pes/wp-content/uploads/2019/10/Catalogo-de-Pesquisa.pdf>

Guarde pelo menos dois nomes de docentes que trabalham com algo que pode lhe interessar.

Procure também Biblioteca Virtual da FAPESP (https://bv.fapesp.br/pt/) e faça a busca que desejar. Use palavras chaves como câncer, inflamação, farmacologia, terapia, células, COVID-19, etc. e acrescente Biomédicas USP. Depois veja a lista de projetos de pesquisa em andamento naquela área, no ICB.

Busque também o nome de pelo menos docentes que gostaria de conhecer melhor. Navegue um pouco nas páginas e você vai ver vários projetos que estão sendo financiados pela FAPESP para pesquisa em diferentes áreas.

Entre na Plataforma Lattes <http://lattes.cnpq.br/> e busque (buscar currículo) nome de dois docentes para acessar seus currículos. Trata-se de um dos melhores bancos de currículos do mundo. Veja em cada um dos currículos que escolheu onde o professor estudou, quando fez seu doutorado, onde trabalha, seus projetos e sua produção científica. VOCÊ VAI TER O SEU CV Lattes.

***Busca internacional:***

Acesse o site do PUBMED- <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/>

Busque por palavras chaves (em inglês) para encontrar trabalhos naquela área:

Sugestões: aging, cianobactéria, evolution, origins of life, cancer, etc...

Você vai receber listas de artigo científicos na área. A grande maioria oferece gratuitamente o abstract, assim você pode saber do que se trata cada um dos artigos.

Além disso, alguns desses artigos poderão ser obtidos inteiros gratuitamente (OPEN ACCESS), outros só serão obtidos através de pagamento, mas a CAPES apresenta o portal de periódicos, que dá acesso, dos IPs (computadores) das universidades, a vários artigos científicos.

**Busca de genes e suas proteínas: (RESPONDA CADA PERGUNTA E ENTREGUE PELO EDISCIPLINAS- faça com alguns de seus colegas, mas entregue individualmente)**

Ainda no PUBMED, clique no NIH (em cima da página), você vai acessar a página do NCBI. Onde está marcado All database, escolha GENE.

Agora você pode, mediante uma palavra chave qualquer gene já sequenciado.

Vamos buscar primeiro (e juntos) a DNA polymerase gamma (que é a DNA polimerase mitocondrial). Na lista de genes fornecidas, busque o gene humano.

1) Qual o nome e símbolo para esse gene?

2) Clique no nome e navegue na página do gene. Em que cromossomo humano ele se encontra?

3) Após Variations, clique em Variants in CLINVAR. Esses são mutações encontradas em seres humanos com problemas (pathogenic!). Clique no link [Search instead for all ClinVar records that mention ***POLG***](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/clinvar/?term=POLG%5Ball%5D). Cite três sintomas possíveis de doenças relacionados a mutações nesse gene.

4) Volte para a página do gene e procure do lado direito abaixo “RefSeq RNAs”. Clique no link e depois no link do mRNA da POLG, variante 1. Você está na informação do mRNA desse gene humano. Leia o “Summary”- veja quanta informação já tem do produto desse mRNA!!!!

Vamos buscar a sequência desse mRNA. Para isso clique em FASTA. Responda o que é modo FASTA?

5) Copie o FASTA (a sequencia do mRNA do POLG). Vá para a página do ORF Finder: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/orffinder/>. No espaço dado cole a sequência do mRNA do POLG e clique “submit”. Esse site vai encontrar as possíveis ORFs de seu mRNA, e com isso a provável proteína codificada por ele. Quantas ORFs o programa encontrou? Por que o programa analisou 6 fases de leitura e não apenas 3, já que o codon tem 3 nucleotídeos para cada proteína?

6) Qual ORF o programa preferiu? Por que?

7) Procure sequencias similares a essa proteína humana em outros organismos: Clique em BLAST abaixo da sequência (e depois BLAST de novo). No BLAST usado apenas organismos modelos são buscados. No resultado qual o primeiro organism não humano que ele identificou?

8) Clique em “Graphic Summary”, passe o cursor nas linhas vermelhas. Clique em alinhamento (alignement). Qual a porcentagem de identidade de aminoácidos entre a proteína humana e a proteína do primeiro animal não humano? Qual a porcentagem de positivos?

9) Volta à página do ORF FINDER que contém a sua sequência do mRNA de POLG. Clique agora em SMART BLAST. Copie a árvore filogenética gerada pelo programa e cole em sua folha de respostas.

10) Clique em um dos organismos que aparecem como próximos à proteina humana. Sugiro *Saccharomyces cereviseae*. Qual a porcentagem de identidade de aminoácidos entre a proteína humana e a proteína do primeiro animal não humano? Qual a porcentagem de positivos?

11)(FAZER EM CASA) Agora volte à página inicial e escolha qualquer outro gene que você gostaria de procurar (de qualquer organismo). Refaça o procedimento e responda as questões **1), 4),** Faça o ORFFINDER para esse gene e apresente o resultado respondendo a questão **9).**

12) Faça a busca de genomas de SARS-Cov2 em Genome (e depois encontre a sequência do genoma da linhagem de Wuhan). Faça um ORF-Finder. Que genes são mais prováveis?