

GD BIOMOL 1 de Novembro

Cada grupo deverá enviar a questão de seu número para bioinfo@gmail.com, até quarta às 7h (acesse <http://cromatina.icb.ufmg.br> para verificar os géis das aulas práticas nesta segunda-feira).

1. Quais são as duas formas principais nas quais um plasmídeo obtido de uma miniprep aparece em uma eletroforese em gel de agarose? Como é possível sugerir que plasmídios diferentes possuem insertos diferentes a partir da análise da eletroforese?
2. O que acontece com as duas formas do plasmídeo relacionadas na questão 1 quando o mesmo é digerido com uma enzima de restrição que corte o plasmídeo a 5' (ou a 3') do inserto? Qual é a melhor maneira de determinar o PM dos diferentes plasmídios?
3. Quais seriam as duas maneiras de isolar os insertos dos plasmídios?
4. Digamos que os insertos desses plasmídios representassem cDNA de *Schistosoma mansoni* adulto clonado nos plasmídios e que os insertos fossem seqüenciados parcialmente a partir das extremidades apenas 1 vez. Que nome se dá a esse produto de seqüenciamento?
5. Determine o número de ESTs dos organismos abaixo presentes na data atual no GenBank: *Homo sapiens*, *Mus musculus*, *Oryza sativa*, *Zea mays*, *Bos taurus*, *Xenopus tropicalis*, *Arabidopsis thaliana*, *Drosophila melanogaster*, *Caenorhabditis elegans*, *Schistosoma mansoni*. Use `gbdiv_est [PROP]` para delimitar a pesquisa.
6. Compare o número de ESTs com o número de entradas protéicas existentes para os organismos acima e identifique projetos onde a caracterização de proteínas está atrasada com relação ao número de ESTs geradas. O que acontece se a pesquisa do número de entradas protéicas for limitada à base de dados RefSeq? Use a opção "Limits": "only from" - "RefSeq" do menu, ou diretamente `srcdb_refseq[PROP]`.
7. Quais as duas modalidades de BLAST que poderiam ser usadas para identificar ESTs de *Homo sapiens* homólogas a ESTs de *Arabidopsis thaliana* e qual delas seria mais eficiente? Considere que ESTs são seqüências de nucleotídeos e inclua em sua discussão a conservação evolutiva das regiões codificadoras *versus* a das seqüências de aminoácidos.
8. Utilizando o site Taxonomy (NCBI), verifique como está progredindo a caracterização 3D das proteínas dos organismos em questão. Alternativamente, verifique quantas entradas existem em "Structure" para esses organismos. Selecione uma entrada de cada organismo e gere uma apresentação PowerPoint (use RasMol e exporte GIF).

Após o GD (10-11h) a aula prosseguirá com um seminário apresentado pela Coordenadora de Bioinformática do Laboratório Nacional de Computação Científica e presidente da Associação Brasileira de Bioinformática e Biologia Computacional (bloco F2):

“As atividades de bioinformática do LNCC/MCT : de onde viemos e para onde vamos”
Ana Tereza R. Vasconcelos