

**Universidade de São Paulo**  
**Instituto de Química**  
**Departamento de Bioquímica**

**QBQ-2507 Biologia Molecular Computacional (graduação)**

**IBI-5035 Biologia Molecular Computacional (pós-graduação)**

*Oferecimento no 2o semestre de 2013*

**Professor:** João Carlos Setubal ([setubal@iq.usp.br](mailto:setubal@iq.usp.br))

Este documento é um portfolio dos relatórios finais dos projetos das disciplinas acima, tais como submetidos por seus autores. Os projetos realizados estão listados abaixo na ordem com que aparecem no documento.

	<b>aluno</b>	<b>título</b>
1	Patricia Pereira Adriani e Gabriel Stephani de Oliveira	Análise Genômica Comparativa de quatro espécies de bactérias do gênero <i>Mycobacterium</i>
2	Éverton Araújo Menezes e Tatiana Comporte Stabelini	Análise filogenética de genes de famílias de proteínas efetoras em espécies de <i>Xanthomonas</i>
3	Maria Alejandra Ferreira Torres e Maria Paula Parada Pinilla	Análise do cluster do composto antitumoral tipo PKS II Cosmomicina D no <i>Streptomyces olindensis</i>
4	Giovanne Baroni Diniz	Desenvolvimento de uma plataforma computacional para automação e otimização de anotação genômica e sua aplicação em oomicetos da ordem <i>Peronosporale</i>
5	Lucas Ferreira da Silva e Gabriel Francisco Zaniboni	Procura por motivos alvos de RBPs relacionados ao decaimento de lncRNAs
6	Cícero Alves Lima Júnior	IDENTIFICAÇÃO DE GENES DO OSCILADOR CENTRAL DO RITMO CIRCADIANO E SUA CONSERVAÇÃO EVOLUTIVA EM RODÓFITAS
7	Ester Riserio Matos Bertoldi	Análise de sequências de receptores celulares para estudo co-evolutivo entre <i>Homo sapiens</i> e <i>Schistosoma mansoni</i>
8	Priscila Karla Ferreira dos Santos	Árvore filogenética de abelhas corbiculadas a partir do Cytochrome c oxidase I
9	Gianluca Major e Leandro	Pipeline computacional para análises de diversidade e

	Nascimento Lemos	abundância de genes relacionados ao processamento de carboidratos em estudos metagenômicos
10	Fernando Henrique Martins	Genômica comparativa de cepas patogênicas e não-patogênicas de <i>Escherichia coli</i>
11	Joyce Suellen Coelho Pires	Avaliação da complexidade dos <i>pools</i> de DNA obtidos na seleção de aptâmeros com afinidade pela cadeia alfa da Hemoglobina
12	Diana Rego Amazonas	Análise transcritômica das glândulas veneníferas de <i>Bothrops atrox</i> (jararaca-do-norte)
13	Luciano Lopes Queiroz	Análise dos traços funcionais das comunidades de micro-organismos em sedimentos de sub-superfície oceânicos
14	Daniel Bracher Mariani	Evolução na linhagem humana de proteínas traduzidas por genes relacionados à transtornos psiquiátricos
15	Stalin Sarango e Silvia Barrera	Análises da estrutura da comunidade de bactérias da filosfera e rizosfera de <i>Euterpe edulis</i> e <i>Guapira opposita</i> em uma floresta de Restinga
16	Fábio Pértille	IDENTIFICAÇÃO DE POLIMORFISMOS EM REGIÃO DO CROMOSSOMO 4 DA GALINHA ASSOCIADO À PESO VIVO AOS 35 E 41 DIAS DE IDADE
17	Danielle Izilda Rodrigues da Silva e Pablo de Morais Andrade	Estudo comparativo de expressão gênica a partir de dados de RNA-Seq e Oligoarranjo, para amostra de cana-de-açúcar
18	Lucas Palma Perez Braga	RECRUTAMENTO DE GENOMAS EM METAGENOMA DO ZOOLOGICO DE SÃO PAULO A PARTIR DE ORGANISMOS DECOMPOSITORES DE CELULOSE
19	George Epamino e Gabriel Marcos Domingues de Souza	Montagem do genoma de <i>Bothrops jararaca</i>
20	Theo Gremen de Oliveira e Louise Teixeira Cerdeira	Quick and efficient pipeline to differential coverage binning analysis for 454 metagenomic data
21	Bruno Ferreira de Souza e Diogo Pellegrina	MEGs em <i>Schistosoma mansoni</i> e <i>Schistosoma japonicum</i>
22	Cassio Alves	Estudo e avaliação de dois métodos de alinhamento estrutural por meio das funções score Fr-TM-align e Dali
23	Francisco Ivanio Arruda Alves	T-Silico. Ferramenta de simulação de dados e análise de resultados para projetos de análises de transcriptomas sequenciados em plataformas de segunda geração