Projetos para disciplina Biologia Molecular Computacional – Prof. João Carlos Setubal

2014 - 20 semestre

Teremos as seguintes categorias de projetos:

- A. Projeto com dados públicos definido pelo professor ou pelo aluno ou equipe.
- B. Projeto com dados não públicos definido pelo professor, com objetivo de publicação. Autorização do orientador de cada aluno é necessária. Co-autoria somente com contribuição significativa. Compromisso de confidencialidade é necessário.
- C. Projeto com dados não públicos definido pelo aluno ou equipe.
- D. Projeto de programação.

Para a categoria A, as opções são as seguintes:

- 1. Dada uma família de proteínas "não convencional":
 - a. Coletar seus membros
 - b. Fazer alinhamento múltiplo (AM)
 - c. Avaliar e editar AM, possivelmente usando informações de estrutura
 - d. Gerar árvore filogenética
 - e. Comparar com resultados existentes em sites indicados pelo professor
 - f. Avaliar e discutir
- 2. Dados um ou mais genomas de procariotos:
 - a. Escolher genomas próximos
 - b. Realizar alinhamentos de replicons inteiros ou quase inteiros com softwares tais como MUMmer, Mauve, MUGSY, ou outros
 - c. Avaliar e discutir
- 3. Dados um ou mais genomas de procariotos:
 - a. Escolher genomas próximos
 - b. Criar famílias de homólogos de todos os genes presentes nesses genomas
 - c. Criar diagramas de Venn
 - d. Avaliar e discutir
- 4. Dado um metagenoma:
 - a. Usar MG-RAST e/ou IMG/M e/ou EBI para estudá-lo sob os seguintes aspectos

- i. Composição de espécies: presença e abundância
- ii. Proteínas: presença e abundância
- iii. Comparação com outros metagenomas relacionados
- 5. Análise da anotação de genomas e famílias gênicas de espécies do gênero *Phytophthora*. São eucariotos patógenos de plantas. **Exige saber programação**.

Para a categoria **B**, as opções são as seguintes:

- 6. Análise de genomas de espécies de *Xanthomonas*. Trata-se de um gênero de patógenos de citros (bactérias) que tem causado grande estrago no estado de São Paulo.
- 7. Análise de um genoma de *Mycobacterium*. Trata-se de patógeno humano que tem um papel em infecções hospitalares.
- 8. Análise de genomas de *Agrobacterium*. São também genomas de patógenos de plantas. Colaboração com pesquisadores dos EUA.
- 9. Análise de dados metagenômicos provindos do Zoológico de São Paulo.
- 10. Análise do genoma de Bothrops jararaca.