

# BIOBANCOS

1º Encontro

- *BLAST - Parte 1*



Mulheres em  
Bioinformática  
& Data Science LA  
*Promovendo a colaboração entre mulheres*

O que é o NCBI?

# NCBI

O NCBI é uma secção da United States National Library of Medicine (NLM).

A instituição foi fundada em 1988.

O NCBI mantém vários bancos de dados, por exemplo, dados provenientes do sequenciamento de genomas no seu banco GenBank e mantém um índice de artigos de investigação biomédica que disponibiliza nas bases de dados PubMed.



National  
Center for  
Biotechnology  
Information



Mulheres em  
Bioinformática  
& Data Science LA  
*Promovendo a colaboração entre mulheres*

O que o NCBI faz?

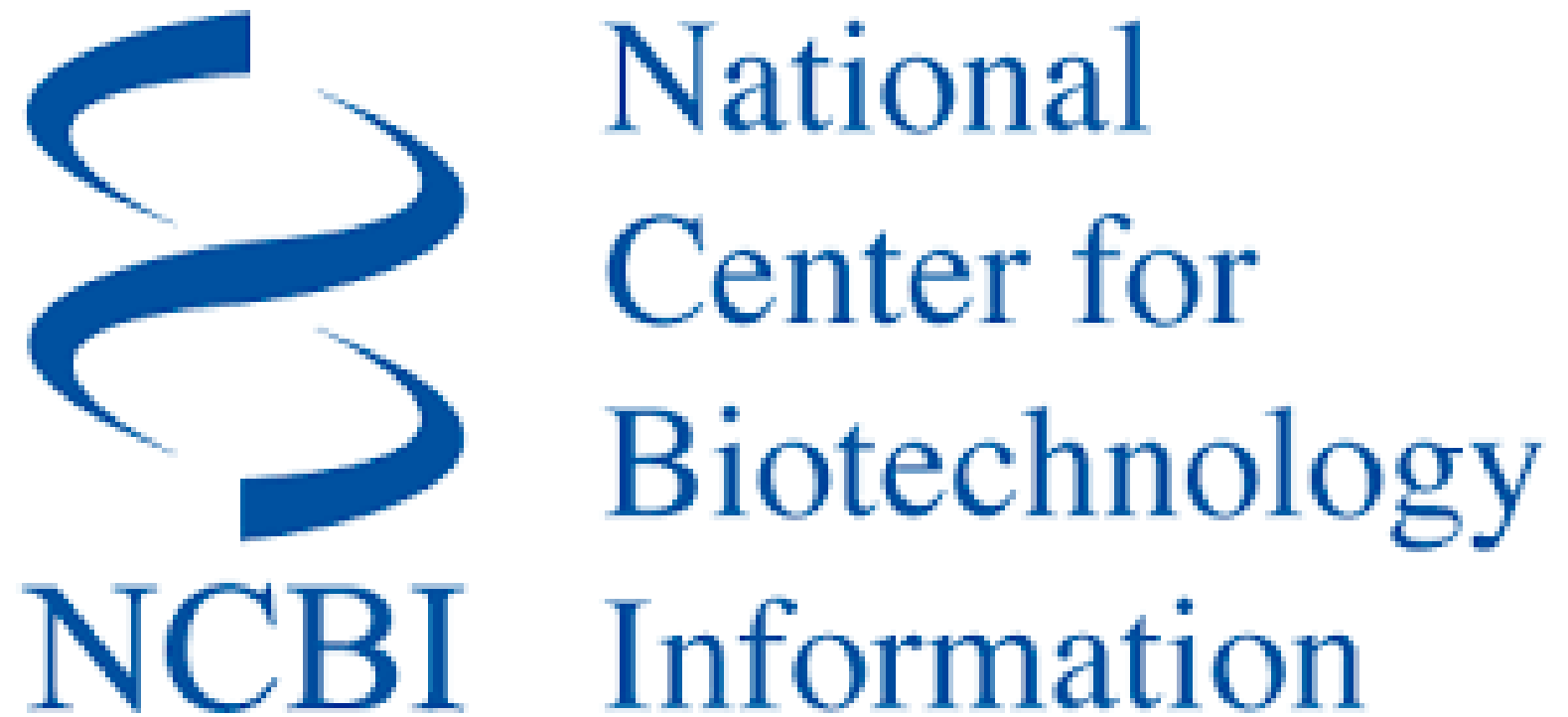
# NCBI

- Desenvolve e mantém bancos de dados moleculares e bibliográficos.
- Desenvolve software para pesquisa e análise desses dados.
- Fornece ponto de acesso à Web para dados e software.



National  
Center for  
Biotechnology  
Information

## Para debater - Parte 1...



- Como seria um mundo para a bioinformática sem o NCBI?
- Qualquer pessoa pode depositar no NCBI?
- O que você implementaria para melhorar no NCBI?
- Qual a diferença de biobancos primários e secundários?

- **Primário**

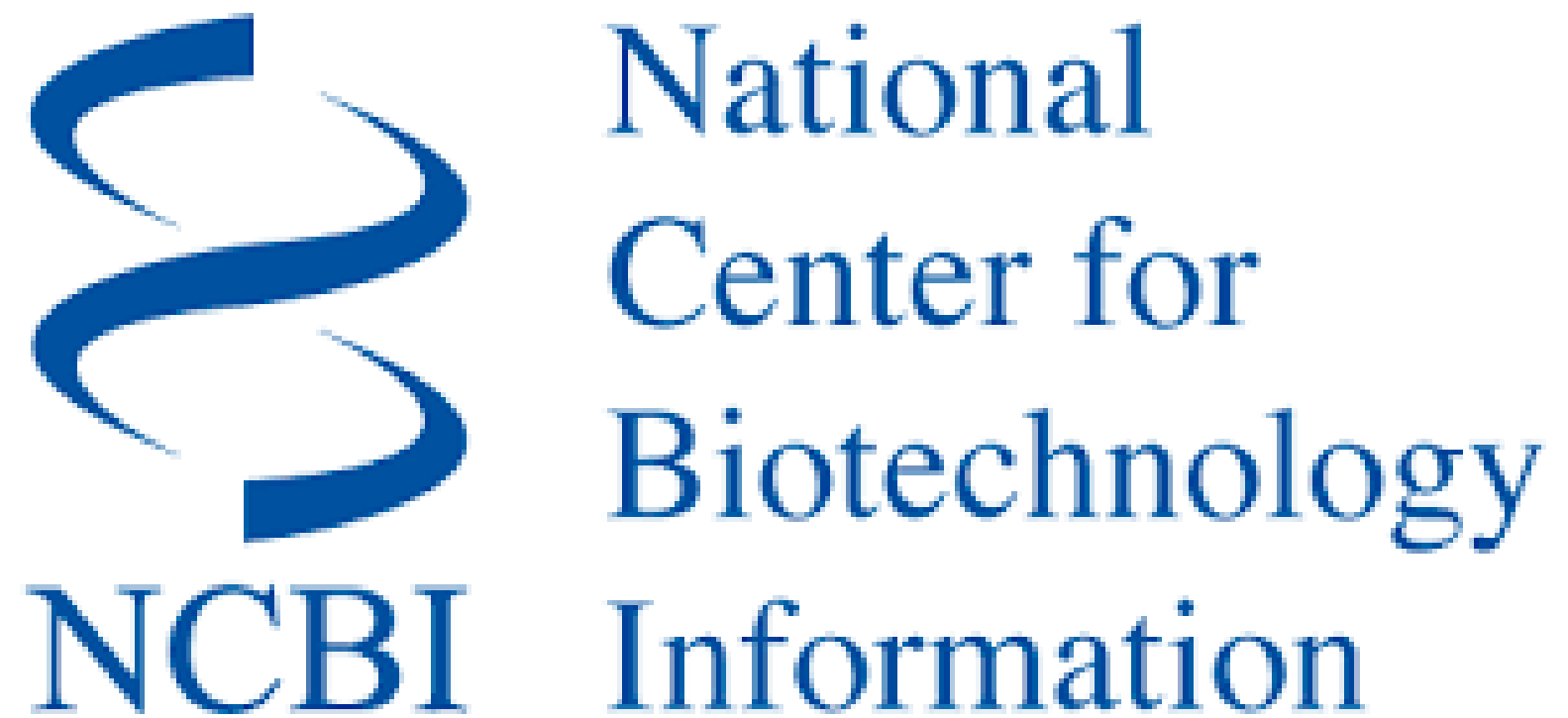
- Resultados experimentais diretamente no banco de dados
  - Nucleotídeos: GenBank, EMBL, DDBJ, PDB
  - Proteínas: UniProtKB

- **Secundário**

- Resultado de análises de bancos de dados primários
  - Motivos e famílias de proteínas: PROSITE, Pfam
  - Classificação de estruturas de proteínas: SCOPE, CATH



## Para debater - Parte 2...



- Quais BioBancos o NCBI mantém?
- Qual seu biobanco preferido do NCBI?  
Por que?
- Quais os biobancos do NCBI que mais usados?
- Qual a importância de aprender a usar os biobancos do NCBI?



NCBI  
X  
ENTREZ



O que é o ENTREZ?



# ENTREZ

- Principal sistema de busca e recuperação de texto do NCBI que integra o banco de dados PubMed de literatura biomédica com 38 outros bancos de dados de literatura e moleculares, incluindo sequências de DNA e proteínas, estrutura, gene, genoma, variação genética e expressão gênica.



# O que é o BLAST?

# BLAST

- BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) é uma ferramenta de busca online do NCBI;
- Permite “encontrar regiões de semelhança entre sequências biológicas” (nucleotídeos - DNA ou RNA e proteínas);
- O NCBI mantém um enorme banco de dados de sequências biológicas, com as quais compara as sequências de consulta para encontrar as mais semelhantes;



# Exercícios BLAST



# EXERCÍCIO # 1: GLOSÁRIO

PCR

Gene 16 rRNA

BLAST

.fasta

Árvore filogenética



# EXERCÍCIO # 1: OBJETIVO

Validar a identidade de uma amostra bacteriana desconhecida usando o banco de dados 16S rRNA

BLAST





## EXERCÍCIO # 1:

Como identificar amostras microbianas  
a nível de gênero, até de espécie?

- Com base em propriedades bioquímicas e de crescimento.
- Amplificando por PCR a região do gene 16S rRNA.



# EXERCÍCIO # 1:

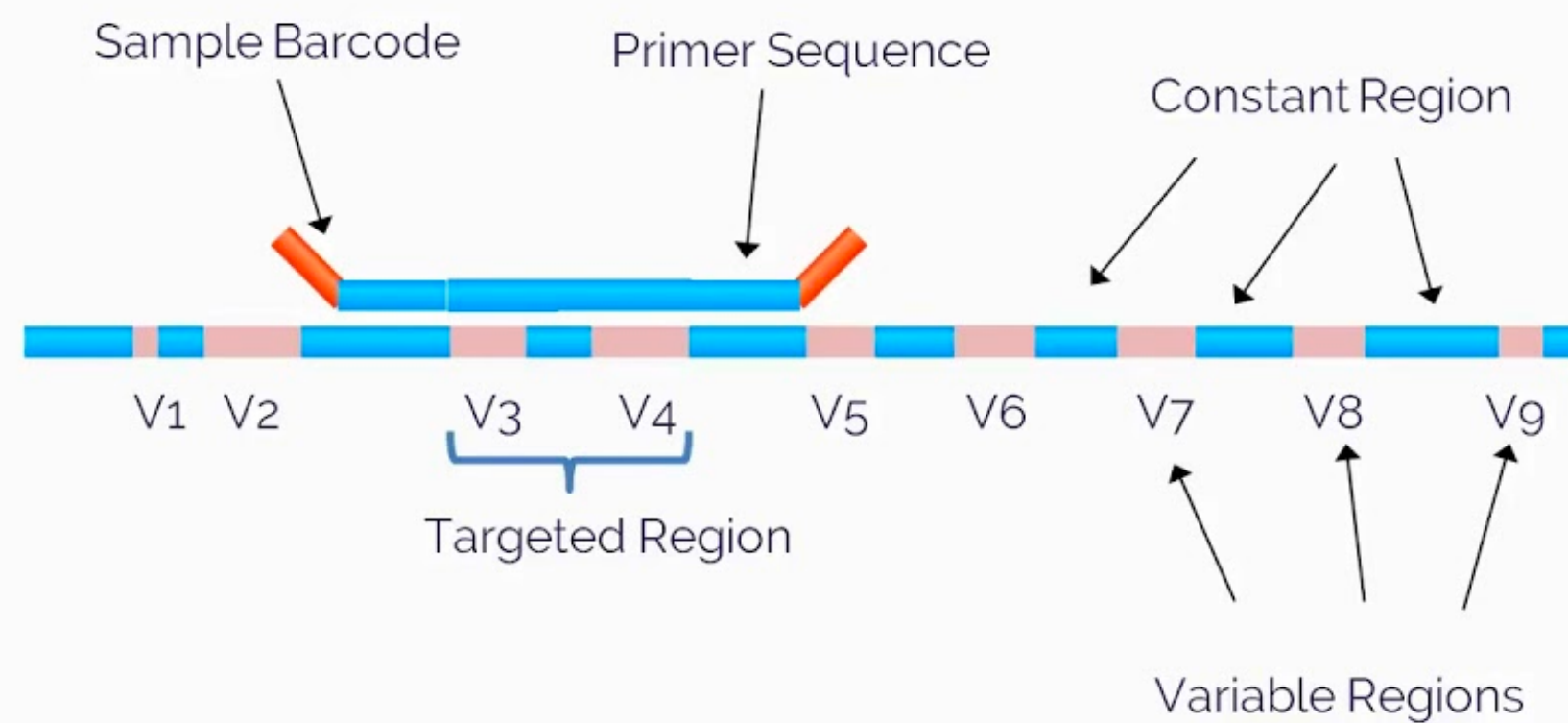
## Região hipervariável do gene 16S rRNA

O gene 16S rRNA tem uma sequência geral muito conservada. Isso permite o uso de primers “universais” para amplificação por PCR; Porém, o gene também contém algumas regiões hipervariáveis que fornecem uma ótima ferramenta para identificação de espécies microbianas.

# EXERCÍCIO # 1:

## Gene 16S rRNA

### Library Preparation



## PERGUNTA # 1: BIOMOL

O que é o 16S rRNA e  
qual a sua relevância na identificação de microrganismos?

