

Resumo da Aula 5 – Biologia Computacional

Danilo Santiago Baptista – DRE: 124057567

¹PESC – Universidade Federal do Rio de Janeiro (UFRJ)

`danilo.santiago.20241@poli.ufrj.br`

A Bioinformática é a área de interseção da Biologia Molecular com a Ciência da Computação. Ela teve como marco inicial a descoberta da dupla hélice, em 1953, e tem grande importância no cenário mundial, uma vez que auxilia em questões como mapeamento genético de vírus e bactérias, detecção de DNA em cenas de crime e medicina molecular.

Além disso, um subconjunto da Bioinformática é a Genômica (estudo do genoma). Essa área consiste em ações como mapeamento de genes, transcrição e tradução de DNA, sequenciamento e comparação de material genético.

Um ponto interessante trazido na palestra foi o barateamento do custo de sequenciamento genético com o passar dos anos, relacionado com a Lei de Moore, a qual defende a tese de que a cada dois anos o número de transistores no mundo dobra.

Foi abordado também um aspecto mais teórico a respeito de como o sequenciamento e montagem. O sequenciamento consiste no armazenamento de bases nitrogenadas através de informações bit a bit como a base propriamente dita, a qualidade da base e a posição relativa dela no genoma. Já a montagem pode ser feita algumas formas como: Guloso (Greedy), Overlap, Layout, Consensus (OLC) e Grafo de Bruijn (DBG). Ademais, os códons estão localizados em ORFs (janelas abertas de leitura), são eles que especificam o sequenciamento.

A respeito de Similaridade e Homologia, a primeira refere-se a porcentagem evolucionária comum, ou seja, se alguém possui 50% do DNA italiano e 50% do DNA Alemão, a segunda refere-se a quantidade de partes similares de um DNA com outro, exemplo: 30.000 códons iguais.

Houve também a apresentação da ferramenta "BLAST", que tem a finalidade de detectar padrões de sequência. Basicamente o profissional da área computacional treina a ferramenta fornecendo sequências já prontas e posteriormente insere um genoma inteiro para o seu sequenciamento, tal técnica se assimila com o treinamento e execução de uma inteligência artificial

Referências

Diogo A Tschoeke. Cross talk between metagenomic, machine learning and data science analysis. https://moodle.cos.ufrj.br/pluginfile.php/49464/mod_resource/content/1/metagenome-dat-pesc-1-66.pdf. Acessada em 1 de maio de 2024.