IGOR RODRIGUES DA COSTA

Locos anônimos

Rio de Janeiro

2014

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO DE JANEIRO

INSTITUTO DE BIOQUÍMICA MÉDICA LEOPOLDO DE MEIS

PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM QUÍMICA BIOLÓGICA

IGOR RODRIGUES DA COSTA

LOCOS ANÔNIMOS

Dissertação de Mestrado apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Química Biológica, Instituto de Bioquímica Médica Leopoldo de Meis, Universidade Federal do Rio de Janeiro, como requisito parcial à obtenção do título de Mestre.

Orientador: Prof. Francisco Prosdocimi, Ph.D

Co-orientador: William Bryan Jennings, Ph.D

Rio de Janeiro

2014

|  |
| --- |
| Costa, Igor Rodrigues da  Locos Anônimos/ Igor Rodrigues da Costa. – Rio de Janeiro: UFRJ/IBqM, 2015.  XXII, 132 p.: il.; 29,7 cm.  Orientador: Francisco Prosdocimi  Dissertação (mestrado) – UFRJ/IBqM/Programa de Pós-graduação em Química Biológica, 2015.  1. Locos Anônimos. 2. Bioinformática. 3. Genômica Comparativa. II. Universidade Federal do Rio de Janeiro, Instituto de Bioquímica Médica Leopoldo de Meis, Programa de Pós-graduação em Química Biológica. III. Título. |

IGOR RODRIGUES DA COSTA

LOCOS ANÔNIMOS

Dissertação de Mestrado apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Química Biológica, Instituto de Bioquímica Médica Leopoldo de Meis, Universidade Federal do Rio de Janeiro, como requisito parcial à obtenção do título de Mestre.

Aprovada em / /

\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_

Prof. Francisco Prosdocimi, Ph.D, UFRJ

\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_

Bryan Jennings, Ph.D, UFRJ

\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_

Prof. <Nome do membro da banca>, <título ex.: Ph.D, DSc>, <filiação ex.: UFRJ>

\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_

Prof. <Nome do membro da banca>, <título ex.: Ph.D, DSc>, <filiação ex.: UFRJ>

\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_

Prof. <Nome do membro da banca>, <título ex.: Ph.D, DSc>, <filiação ex.: UFRJ>

<Dedicatória>

Agradecimentos

<Epígrafe>

Resumo

COSTA, Igor Rodrigues da. **Locos Anônimos**. 2015. <número de folhas>. Tese (Mestrado em Química Biológica) – Instituto de Bioquímica Médica Leopoldo de Meis, Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, 2015.

O resumo deve ser redigido em só parágrafo, de preferência, na 3ª pessoa do singular e o verbo na voz ativa com, no máximo, 500 palavras e no mínimo 150 palavras. Sugere-se que o resumo venha antecedido por uma referência bibliográfica do trabalho.

Palavras-chave: <lista de palavras-chave>

Abstract

COSTA, Igor Rodrigues da. **Locos Anônimos**. 2015. <número de folhas>. Tese (Mestrado em Química Biológica) – Instituto de Bioquímica Médica Leopoldo de Meis, Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, 2015.

O resumo deve ser redigido em só parágrafo, de preferência, na 3ª pessoa do singular e o verbo na voz ativa com, no máximo, 500 palavras e no mínimo 150 palavras.Sugere-se que o resumo venha antecedido por uma referência bibliográfica do trabalho.

Keywords: <lista de palavras-chave>

Lista de Figuras

[Figura 1: <descrição da figura> 20](#_Toc405213978)

[Figura 2: <descrição da figura> 20](#_Toc405213979)

[Figura 1: Frequência das topologias observadas 22](#_Toc405213980)

Lista de Tabelas

[Quadro 1: <descrição da tabela> 3](#_Toc338858942)

[Quadro 2: <descrição da tabela> 3](#_Toc338858943)

Lista de Siglas

|  |  |
| --- | --- |
| LA | Loco Anônimo |
| <sigla 2> | <palavras e expressões correspondentes grafadas por extenso> |
| <sigla 3> | <palavras e expressões correspondentes grafadas por extenso> |
| <sigla 4> | <palavras e expressões correspondentes grafadas por extenso> |
| <sigla 5> | <palavras e expressões correspondentes grafadas por extenso> |

Lista de Símbolos

|  |  |
| --- | --- |
| <símbolo 1> | <significado> |
| <símbolo 2> | <significado> |
| <símbolo 3> | <significado> |
| <símbolo 4> | <significado> |
| <símbolo 5> | <significado> |

Sumário

[Introdução 16](#_Toc405213423)

[1.1 Marcadores moleculares 16](#_Toc405213424)

[1.1.1 Utilidade dos marcadores moleculares 16](#_Toc405213425)

[1.1.2 Microssatélites 16](#_Toc405213426)

[1.1.3 SNPs 16](#_Toc405213427)

[1.1.4 Locos Anônimos 16](#_Toc405213428)

[1.2 Genômica 17](#_Toc405213429)

[1.2.1 Sequenciamento de nova geração 17](#_Toc405213430)

[1.2.2 Genomas completos e parciais 17](#_Toc405213431)

[1.3 Genômica Computacional 17](#_Toc405213432)

[1.3.1 Bancos de dados 17](#_Toc405213433)

[1.3.2 Softwares para análise de dados 17](#_Toc405213434)

[1.4 Genética de População 17](#_Toc405213435)

[1.4.1 Parâmetros de interesse para estudo 17](#_Toc405213436)

[1.4.2 O modelo dos *Hominidae* na genética de população 17](#_Toc405213437)

[2 Objetivo 18](#_Toc405213438)

[3 Desenvolvimento 19](#_Toc405213439)

[3.1 Pipeline para busca de Locos Anônimos em genomas completos 19](#_Toc405213440)

[3.1.1 Busca por regiões anônimas 19](#_Toc405213441)

[3.1.2 Filtragem por conservação e unicidade 19](#_Toc405213442)

[3.1.3 Alinhamento dos Locos Anônimos 19](#_Toc405213443)

[3.2 Pipeline para busca de Locos Anônimos em genomas parciais 19](#_Toc405213444)

[3.2.1 Filtro de qualidade das sequencias 19](#_Toc405213445)

[3.2.2 Concatenamento das sequencias *pair-ended* 19](#_Toc405213446)

[3.2.3 Predição de primers 19](#_Toc405213447)

[3.2.4 Verificação de primers por PCR *in silico* 19](#_Toc405213448)

[3.3 Figuras 20](#_Toc405213449)

[3.4 Tabelas 20](#_Toc405213450)

[3.5 Notas de rodapé 20](#_Toc405213451)

[4 Resultados 21](#_Toc405213452)

[4.1 Predição das regiões anônimas do genoma humano 21](#_Toc405213453)

[4.2 Homologia e unicidade dos Locos Anônimos hipotéticos humanos em quatro genomas de *Hominidae* 21](#_Toc405213454)

[4.3 Análise dos Locos Anônimos de *Hominidae* 21](#_Toc405213455)

[4.3.1 Mapeamento dos Locos Anônimos por cromossomo 21](#_Toc405213456)

[4.3.2 Modelos de substituição 21](#_Toc405213457)

[4.3.3 Filogenia 21](#_Toc405213458)

[4.3.4 Estimativa da população efetiva e tempo de divergência 21](#_Toc405213459)

[4.3.5 CpG e taxa de mutação 21](#_Toc405213460)

[4.3.6 Teste de neutralidade 21](#_Toc405213461)

[Conclusão 22](#_Toc405213462)

[Referências 23](#_Toc405213463)

[Glossário 24](#_Toc405213464)

[Anexos 25](#_Toc405213465)

[ANEXO A - PÁGINA DE ROSTO 25](#_Toc405213466)

[Apêndices 26](#_Toc405213467)

[APÊNDICE A – Código Fonte Dos programas utilizados 26](#_Toc405213468)

[Índice 27](#_Toc405213469)

Introdução

Normal normal normal

## Marcadores moleculares

Normal normal normal

### Utilidade dos marcadores moleculares

### Microssatélites

### SNPs

### Locos Anônimos

#### Vantages e desvantagens dos Locos Anônimos sobre os outros marcadores

#### Estado da arte na descoberta e descrição de Locos Anônimos

Normal normal normal

## Genômica

### Sequenciamento de nova geração

### Genomas completos e parciais

## Genômica Computacional

### Bancos de dados

### Softwares para análise de dados

## Genética de População

### Parâmetros de interesse para estudo

#### Estimativa de tempo de divergência

#### Estimativas de população efetiva

### O modelo dos *Hominidae* na genética de população

# Objetivo

Desenvolver uma metodologia para descoberta de Locos Anônimos tanto em genomas completos quanto para dados brutos de sequenciamento e aplicá-la no modelo dos *Hominidae* e dos Beija-Flores.

# Desenvolvimento

# Resultados

Normal normal normal

## Pipeline para busca de Locos Anônimos em genomas completos

### Busca por regiões anônimas

#### Separação em Locos Anônimos hipotéticos

1. 1;
2. 2;
3. 3;

### Filtragem por conservação e unicidade

### Alinhamento dos Locos Anônimos

1. A;
2. B;
3. C.

## Pipeline para busca de Locos Anônimos em genomas parciais

### Filtro de qualidade das sequencias

### Concatenamento das sequencias *pair-ended*

### Predição de primers

### Verificação de primers por PCR *in silico*

“citação citaçãocitaçãocitaçãocitaçãocitaçãocitaçãocitaçãocitaçãocitaçãocitaçãocitaçãocitaçãocitaçãocitaçãocitaçãocitaçãocitaçãocitaçãocitaçãocitaçãocitaçãocitaçãocitaçãocitaçãocitaçãocitaçãocitaçãocitaçãocitaçãocitaçãocitaçãocitaçãocitaçãocitaçãocitaçãocitaçãocitaçãocitaçãocitação”

## Figuras



Figura : <descrição da figura>



Figura : <descrição da figura>

## Tabelas

Quadro : <descrição da tabela>

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| Coluna 1 | Coluna 2 | Coluna 3 |
| A | B | C |
| B | C | A |

Quadro : <descrição da tabela>

|  |  |
| --- | --- |
| Coluna A | Coluna B |
| 23 | 55 |
| 34 | 12 |

## Notas de rodapé

Nota[[1]](#footnote-2)

## Predição das regiões anônimas do genoma humano

Normal normal normal

## Homologia e unicidade dos Locos Anônimos hipotéticos humanos em quatro genomas de *Hominidae*

## Análise dos Locos Anônimos de *Hominidae*

### Mapeamento dos Locos Anônimos por cromossomo

### Modelos de substituição

### Filogenia

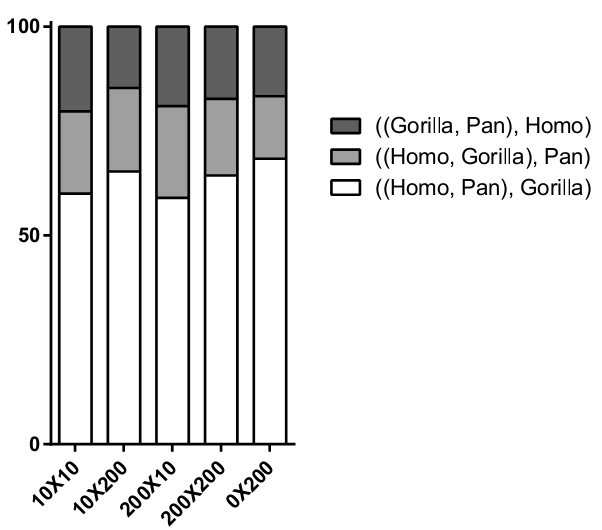


Figura : Frequência das topologias observadas

### Estimativa da população efetiva e tempo de divergência

### CpG e taxa de mutação

CpG

Close: 0,490479667 +- 0,094620764

### Teste de neutralidade

Normal normal normal

## Análise dos Locos Anônimos do genôma parcial de *Amazilia versicolor*

### Amplificação em *Calypte anna*

### Sequenciamento

Conclusão

Normal normal normal

Referências

Glossário

Relação de palavras ou expressões técnicas de uso restrito ou de sentido obscuro, utilizadas no texto, acompanhadas das respectivas definições. É um elemento opcional, elaborado em ordem alfabética.

Anexos

Elemento opcional, que consiste em um texto ou documento não elaborado pelo autor, que serve de fundamentação, comprovação e ilustração.

ANEXO A - PÁGINA DE ROSTO

Apêndices

Elemento opcional que consiste em um texto ou documento elaborado pelo autor, a fim de complementar sua argumentação,sem prejuízo da unidade nuclear do trabalho.

APÊNDICE A – Código Fonte Dos programas utilizados

Normal normal normal

Índice

É a lista de palavras ou frases, ordenadas segundo um determinado critério, que localiza e remete para as informações contidas no texto. O índice aparece no final da publicação.

1. Descrição da nota de rodapé [↑](#footnote-ref-2)