

A decorative background featuring a network diagram with nodes and edges. The nodes are represented by circles of varying sizes and colors (blue, grey, white), connected by thin lines. Some nodes are highlighted with blue outlines. The network is distributed across the top-left and bottom-right corners of the slide.

Ferramentas para Bioinformática



Olá!

Meu nome é Marcos Castro

mcastrosouza@live.com



A decorative network diagram at the top of the slide, featuring a complex web of interconnected nodes and lines. The nodes are represented by circles of varying sizes, some solid and some dashed, connected by thin lines. A central node is highlighted with a larger, dashed circle around it, containing a blue double quote symbol.

“

*Existem várias ferramentas em
Bioinformática...*



“

TASSEL

*(Trait Analysis by aSSociation,
Evolution and Linkage)*

*Análise de características por
associação, evolução e ligação*



“

*O objetivo de qualquer estudo de
associação é identificar
associações entre o fenótipo e um
ou mais marcadores genéticos.*



“

Marcador genético é uma característica capaz de detectar diferenças entre dois ou mais indivíduos.



“

TASSEL possui uma variedade de ferramentas como por exemplo um visualizador de alinhamentos de sequências.



“

*Com o TASSEL podemos detectar
SNPs (polimorfismo de único
nucleotídeo).*



“

SNP é uma variação na sequência de DNA que afeta somente uma base (adenina, timina, citosina ou guanina).



“

*SNPs são marcadores genéticos.
Têm se tornado marcadores de
preferência devido à abundância e
desenvolvimento de tecnologias
de genotipagem em larga escala.*



“

SNP

CTTAGCTT

CTTAGTTT

↑
SNP



“

*Exemplo de outra ferramenta:
GATK
(Genome Analysis Toolkit)
Serve para detecção de variações
genéticas.*



“

*Outra ferramenta:
Clustering of biological sequences
Agrupamento de sequência
biológicas*



“

*Outra ferramenta:
Clustering of biological sequences
Endereço do projeto:*

[https://github.com/marcoscastro/
clustering_bio_sequences](https://github.com/marcoscastro/clustering_bio_sequences)