Universidade de São Paulo
Mestrado em Ciência da Computação

Instituto de Matemática e Estatística
Tópicos em Ciência da Computação

PLANO DE ESTUDOS: ANÁLISE COMPARATIVA DE SEQÜÊNCIAS DE GENOMA

Jesús Mena-Chalco
jmena@ime.usp.br

Orientador: Prof. Dr. Roberto Marcondes Cesar Junior

9 de abril de 2004

1 Introdução

Apresentaremos neste documento o plano de estudos a ser seguido no primeiro semestre do 2004 que servirá de apoio para a elaboração de nossa tese de mestrado na análise comparativa de seqüências de genoma sendo a pesquisa concentrada na área de *Bioinformática*.

2 Área de estudo

2.1 Pipeline bioinformático para projetos genoma

A obtenção de uma seqüência de um organismo completamente montado e anotado involucra muitos passos biológicos e computacionais, nos passos biológicos se utilizam técnicas, os quais estão amplamente descritos e não são tratados aqui; os passos computacionais são conhecidos como *pipeline bioinformáticos* e atualmente existem vários desenvolvidos com este objetivo com características próprias de cada projeto.

Para a montagem e anotação genômica de um organismo são adotados os métodos de seqüenciamento de fragmentar todo o genoma em milhares de pequenos pedaços[10, 9] para depois ser lidos por uma maquinaria de seqüenciamento, já que com a tecnologia atual é impossível seqüenciar diretamente bloques contínuos de milhares de pares de base.

Um *pipeline bioinformático* de dados de genomas de organismos pode ser organizado como um conjunto de passos expressados na figura 1: