



ipb

INSTITUTO POLITÉCNICO DE BRAGANÇA
Escola Superior Agrária

6ª Edição

Workshop em Bioinformática

LIVRO DE RESUMOS

4 e 5 de novembro de 2015

Escola Superior Agrária de Bragança

Apoios:



INSTITUTO POLITÉCNICO DE BRAGANÇA Escola Superior Agrária



**Centro de
Investigação
de Montanha**

6º Edição

Workshop em Bioinformática

Venha conhecer e compreender as aplicações
e implicações da bioinformática

Livro de Resumos

4 e 5 de Novembro de 2015
Auditório Pequeno
Escola Superior Agrária de Bragança

A investigação e o desenvolvimento em Bioinformática sofreram um progresso extraordinário nos últimos anos, particularmente após a rápida acumulação de informação relativa a milhares de genomas, que veio abrir novas perspectivas de conhecimento e inovação. Hoje em dia, é muito difícil, senão impossível, avançar significativamente em diversas biociências sem o suporte da Bioinformática. O presente Workshop em Bioinformática aborda de forma abrangente os temas actuais da Bioinformática.

PROGRAMA

Quarta-feira, dia 4 de Novembro de 2015

Auditório Pequeno da ESA/IPB:

09h00 - Sessão de Abertura, com a presença do Exmo. Director da Escola Superior Agrária de Bragança, Professor Doutor Albino Bento

09:15 - *O que é e para que serve a bioinformática?*
Sérgio Deusdado, ESA/IPB e CIMO

10:00 - *“Docking” Molecular na elucidação do mecanismo de ação de derivados de thieno[3,2-b]pyridinas como inibidores da tirosina cinase VEGFR2*
Ricardo C. Calhelha, Isabel C.F.R. Ferreira, Maria-João R.P. Queiroz, Rui M.V. Abreu, ESA/IPB e CIMO, CQ-UM

10h45 - Coffee Break

11:00 - *Desempenho de ferramentas in silico: Avaliação de variantes de mutações missense do gene UGT1A1*
Carina Rodrigues, ESSa/IPB, Alice Santos-Silva, Elísio Costa, Elsa Bronze-da-Rocha, UCIBIO/REQUIMTE, Fac. de Farmácia, Univ. do Porto

11:45 - *Simulação Computacional do Contágio da Gripe Pessoa a Pessoa*
Ana Araújo, Carlos Balsa e João Paulo Almeida, ESTIG/IPB

12h30 - ALMOÇO

Sessões *Hands On* no Laboratório de Informática do CIESA:

14:30 - *Utilização de métodos informáticos para desenvolvimento de novos fármacos*
Rui M. V. Abreu, ESA/IPB e CIMO

16:00 - *Análise bioinformática da estrutura e função da informação biológica*
Altino Choupina e Sérgio Deusdado, ESA/IPB e CIMO

Quinta-feira, dia 5 de novembro de 2015

Auditório Pequeno da ESA/IPB

09:15- *NGS de Genomas e Exomas Humanos*
Hugo J.C. Froufe e Conceição Egas, GENOINSEQ, BiocantPark

09:45 - *Hvar: Base de Dados de Variações Humanas*
Joana V. S. Sousa, Hugo J. C. Froufe, Conceição Egas e Paulo J. Novais,
GENOINSEQ, BiocantPark e Dep. Informática, Univ. do Minho

10:15- *seqQI: Indicador de qualidade para RNA-Seq*
Abel. E. F. Sousa, Hugo. J. C. Froufe, Conceição Egas e Rui Mendes
GENOINSEQ, BiocantPark e Dep. Informática, Univ. do Minho

10h45 - Coffee Break

11:00 - *Utilização de redes de Bayes na descoberta de tendências de dados*
Pedro Bastos, ESA/IPB e CIMO

11h45 - *Desempenho comparativo do BLAST e do mpiBLAST*
José Rufino, ESTIG/IPB

12h30 - ALMOÇO

14:30 - *Análise da expressão genética com silenciamento de genes por iRNA*
Rodrigo Costa, Univ. de Salamanca e Altino Choupina, ESA/IPB e CIMO

Sessão *Hands On* no Laboratório de Informática do CIESA:

15:15 - *Anotação e Análise de Variantes Humanas*
Hugo J.C. Froufe e Conceição Egas, GENOINSEQ, BiocantPark

16:45 - Encerramento

Análise Bioinformática da Estrutura e Função da Informação Biológica

Altino Choupina e Sérgio Deusdado

*Instituto Politécnico de Bragança, Campus de Santa Apolónia, Bragança, Portugal.
CIMO- Centro de Investigação de Montanha, Campus de Santa Apolónia, Bragança, Portugal.*

O conhecimento derivado das tecnologias genómicas e computacionais aumenta em progressão geométrica. A compreensão dessa avalanche de dados está intimamente vinculada ao formidável desenvolvimento na área da bioinformática. Ao possibilitar a avaliação global dessa extraordinária quantidade de dados, a bioinformática tem acelerado consideravelmente as descobertas científicas.

No software de análise do genoma podem encontrar-se diversos pacotes de programas, os quais acompanham todo o processo desde a receção dos gráficos provenientes do sequenciador até à publicação dos dados em bases de dados on-line. Estas características, juntamente com o acesso grátis para académicos, a compatibilidade de ficheiros, e a sua data de conceção são os principais fatores de seleção nas escolhas realizadas.

Destacamos que muitos dos serviços realizados por estes programas são também realizados por alguns programas disponibilizados on-line, tendo estes a desvantagem de em cada consulta necessitarem de uma ligação à rede, não estando estes no PC ou MAC que hoje em dia se tornou indispensável no laboratório, mas tendo como vantagem o facto de estes recursos on-line serem atualizados regularmente.

Staden package (http://genome.wustl.edu/gs/new/staden/staden_home.html)

- pacote de programas bastante completo no âmbito da análise de sequências de nucleótidos, é gratuito para estudantes e investigadores, permitindo a requisição via correio ou diretamente da rede. Este pacote contém os seguintes programas:
- **Gap4** – Este programa é a ferramenta principal deste pacote, realiza a compilação, junção de sequências, retificação da compilação, lê pares de sequências e permite a adição das mesmas
- **Pregap4** – Permite uma análise de informação, receção de informação diretamente do sequenciador em vários formatos. É de certa forma, a porta de entrada para este pacote de programas.
- **Trev** – Rápido e eficaz, permite o visionamento de sequências em formatos ABI, ALF ou SRF;
- **Trace diff** – Realiza automaticamente a localização de pontos de mutação comparando a sequência com as sequências de referência. Suporta qualquer número de sequências e permite a visualização de resultados pelo Gap4;
- **Sip4** – Compara pares de sequências de diversas formas, apresentando muitas vezes os resultados graficamente. Permite a comparação, base com base, proteína com proteína e proteína com base;
- **Nip4** – Analisa sequências de nucleótidos para encontrar genes, locais de restrição, permite a tradução, etc.

Dnatools (www.dnatools.dk) – Outra proposta de pacote para PC é o *Dnatools*. Constitui um concorrente à altura da anterior referência, com uma atualização feita recentemente. Destaque-se, ainda uma atualização da biblioteca de enzimas de restrição «rebase» que data do início de 2001 e está em constante atualização. Neste pacote estão contidos os seguintes programas:

-**Clustral** – Aplicação que permite alinhamento de várias sequências e a sua manipulação. Este programa foi uma edição que por si só, permite a sua utilização sem o resto do pacote;

-**Blastall, Formatdb** – Permitem o acesso a bases de dados nos cinco programas blast;

-**Blastel3** – Juntamente com o pacote vem também esta opção, que realiza o mesmo trabalho que o anterior mas com a vantagem de ser completamente compatível com procuras do **NCBI**;