



USP ESALQ – ASSESSORIA DE COMUNICAÇÃO

Veículo: Maxpress

Data: 10/04/2013

Link: <http://www.maxpressnet.com.br/>

Assunto: ESALQ realiza workshop sobre bioinformática

ESALQ realiza workshop sobre bioinformática

Acontece essa semana, na Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” (USP/ESALQ), o Workshop de Bioinformática. Desde segunda-feira, 08/04, o curso ministrado pelo americano Matt Settles, da Universidade de Idaho, Estados Unidos, está difundindo o uso da bioinformática como ferramenta em pesquisas de sequenciamento de RNA.

A atividade realizada pelo Núcleo de Apoio à Pesquisa em Genômica Funcional (NAPGF), e coordenada pelos professores Luiz Lehman Coutinho, docente do Departamento de Zootecnia (LZT), e Ricardo Zanella, pesquisador da Embrapa Genética e Melhoramento Animal, ocorre até o dia 12 de abril, das 8h30 às 17h, na sala “Prof. Roland Vencovsky”, do Departamento de Genética (LGN). Participantes de diversas instituições estão acessando informações exclusivas sobre bioinformática, em uma oportunidade de conhecer os avanços no uso desta ferramenta, útil também para todos os demais tipos de pesquisa.

“A bioinformática é importante porque, graças à evolução das pesquisas em biologia, a quantidade de dados gerados durante os trabalhos é muito grande, e seria impossível analisá-los sem a ajuda da informática”, afirma Coutinho. A bioinformática serve para unir a informática à biologia e assim ajudar a informatizar os dados. “O Brasil possui grupos de excelência trabalhando com pesquisas na área, mas a quantidade de pesquisadores trabalhando com esta ferramenta ainda é restrita. Um dos objetivos desse workshop é fomentar esses pesquisadores”, explica.

Marcos Vinicius Barbosa da Silva, pesquisador da Embrapa Gado de Leite, participa do evento e conta que trabalha com bioinformática há mais de uma década, com foco no sequenciamento de genoma. Ele disse que compareceu ao workshop para obter mais conhecimento sobre a ferramenta. “Meu objetivo é fazer um aprimoramento na análise de dados, especificamente de RNA-Seq. Nós temos na Embrapa alguns projetos envolvendo essa metodologia e agora queremos fazer o treinamento para que possamos aproveitar ao máximo os dados que estão sendo gerados em nossas pesquisas”, conta o pesquisador.

O evento também representa a chance de alguns pesquisadores solucionarem os problemas com suas metodologias de pesquisa, como é o caso de Danilo Oliveira de Alvarenga. O biólogo, doutorando em Ciências no Centro de Energia Nuclear na Agricultura (CENA), na área de Biologia na Agricultura e Meio Ambiente, trabalha com o genoma de cianobactérias encontradas em um solo na Amazônia. Antes do doutorado, nunca havia utilizado a bioinformática em suas pesquisas. “Trabalhamos com cianobactérias produtoras de cianotoxinas, e temos certa dificuldade em analisar o genoma delas, pela quantidade de dados gerados. Por isso estamos procurando por novas metodologias”, conta Alvarenga.

O workshop segue até a próxima sexta-feira e, até lá, o público terá contato com conceitos e aplicações sobre avaliação da qualidade da sequência, limpeza de dados e mapeamento, sequenciamento de RNA e interpretação e análise de expressão diferencial.