



Uma ferramenta WEB para identificação e visualização de seqüências repetitivas em lócus gênico de animais e plantas.

Roberto H. Herai (rherai@cnptia.embrapa.br) – Doutorando, Genética e Biologia Molecular, UNICAMP
Michel E. B. Yamagishi (michel@cnptia.embrapa.br) – Supervisor, Laboratório de Bioinformática Aplicada, CNPTIA, EMBRAPA

V Mostra de Trabalhos de Estagiários e Bolsistas
Campinas, SP – 26 a 30 de outubro de 2009

Introdução

Seqüências repetitivas (SR) em lócus gênico de animais e plantas podem estar envolvidas em diversos fenômenos biológicos, como interferência por RNAi (Fire et al., 1998) e trans-splicing (Di Segni et al., 2008). A maioria das SR localiza-se em regiões de introns e, usualmente, seus estudos envolvem apenas seqüências de mRNA, sendo necessário a estrutura intron-exon dos genes. Desta forma, é preciso realizar um mapeamento dos genes em seu respectivo genoma de referência para identificação de quatro tipos de SR: repetição reversa e complementar, repetição direta e complementar, repetição reversa e repetição direta.

Objetivos

Este trabalho apresenta uma ferramenta WEB, chamada RepGraph, a qual integra algoritmos e ferramentas de bioinformática para identificar os pares que formam cada tipo de SR e uma representação gráfica para ilustrar sua relação em dois lócus gênicos.

Material e Métodos

RepGraph baseia-se em uma arquitetura de software WEB de 3 camadas e um modelo de controle MVC. Implementada em Java e com o framework MVC Apache Struts, ela integra, conforme Fig. 1, um conjunto de ferramentas de bioinformática e de bases de dados de genomas.

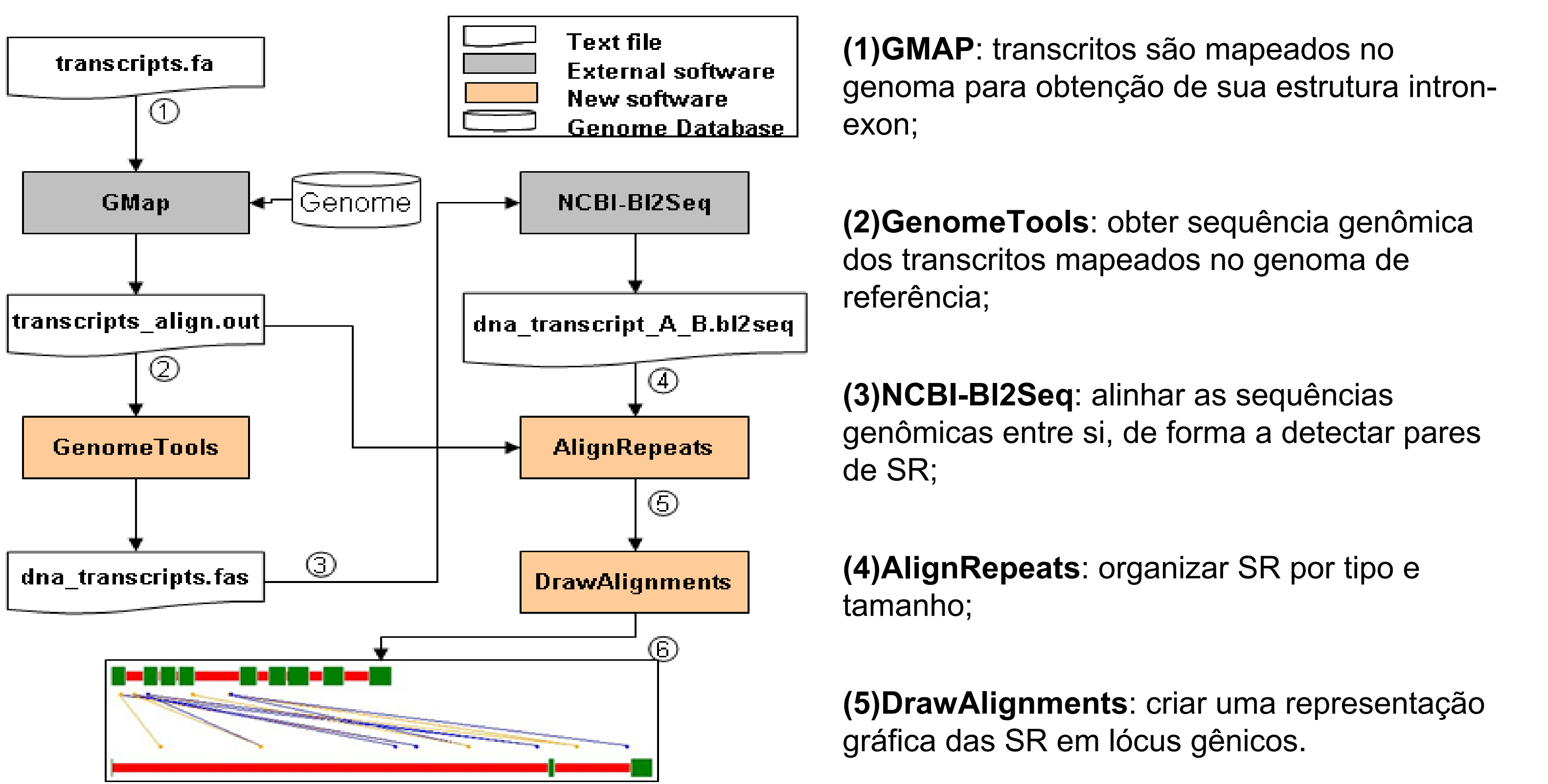


Figure 1 – Estrutura da ferramenta RepGraph para geração de representações gráficas de seqüências repetitivas em lócus gênicos.

Agradecimentos:

Resultados e Discussão

RepGraph já foi utilizada para confirmar a presença de SR do tipo reverso e complementar em lócus gênico (Herai & Yamagishi, 2009) como evidência ao fenômeno de trans-splicing intercromossomal em genes normais de humanos, podendo ser aplicada em outros organismos, tanto em animais quanto em plantas. Na Fig. 2 é apresentada a interface WEB do sistema.

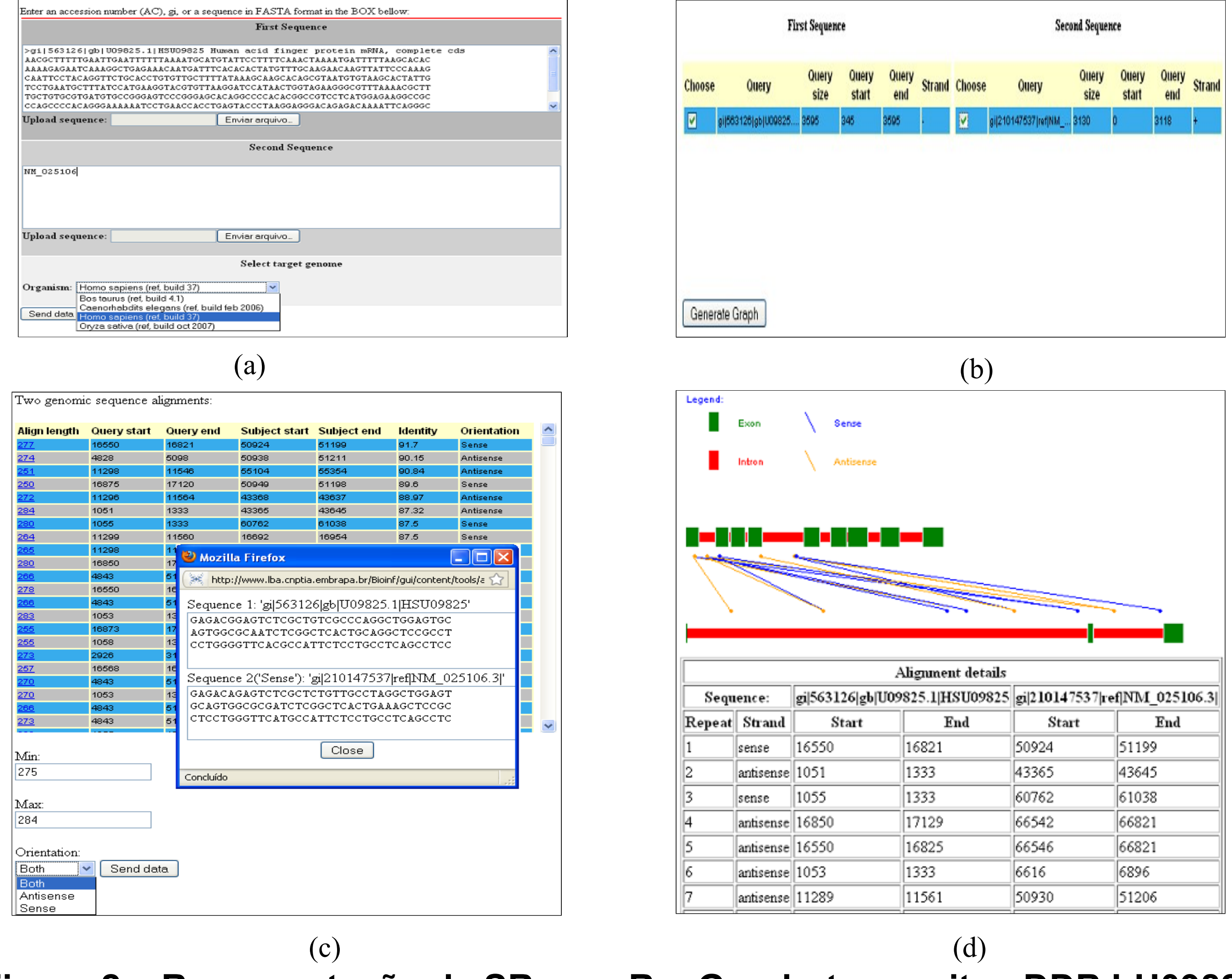


Figura 2 – Representação de SR com RepGraph: transcritos DDBJ:U09825 e GenBank:NM_025106. (a) seqüências de entrada; (b) seleção de mapeamentos para busca por SR; (c) seleção dos tipos e tamanhos de SR para visualização; (d) representação gráfica das SR.

Conclusões

RepGraph permite analisar SR que são mapeadas na estrutura intron-exon de um gene, e pode ajudar na identificação de novos padrões a respeito da relação, quantidade, tamanho e região de ocorrência de cada SR. Além disso, a ferramenta pode ainda ser atualizada para que seja aplicada em genomas de organismos que ainda serão sequenciados.

Referências Bibliográfica

Di Segni, G; Gastaldi, S; Tocchini-Valentini, GP. Cis- and trans-splicing of mRNAs mediated by tRNA sequences in eukaryotic cells. PNAS (2008), 105:6864-6869.
Fire, A; Xu, S; Montgomery, MK; Kostas, SA; et al. Potent and specific genetic interference by double-stranded RNA in *Caenorhabditis elegans*. Nature (1998), 391 (6669): 806–811.
Herai, RH; Yamagishi, MEB. Detection of Human Interchromosomal Trans-Splicing in Sequence Databanks. Briefings in Bioinformatics, Oxford Journals (2009) (aceito para publicação).