



B0265

DESENVOLVIMENTO DE SOFTWARE PARA ANÁLISE DE REDUNDÂNCIA EM BIBLIOTECAS DE ESTS

Lucas Pedersen Parizzi (Bolsista PIBIC/CNPq), Eduardo Fernandes Formighieri (Co-Orientador) e Prof. Dr. Gonçalo Amarante Guimarães Pereira (Orientador), Instituto de Biologia - IB, UNICAMP

Projetos Genoma que utilizam como alvo do seqüenciamento cDNAs geram seqüências denominadas ESTs (*expressed sequence tags*). Estes projetos comparam diferentes situações de interesse em determinada espécie. Para cada situação é construída uma ou mais bibliotecas de clones. Quanto mais clones são seqüenciados, maior a chance de que as mesmas regiões sejam amostradas causando desperdício de recursos. Foi desenvolvida uma aplicação para cálculo e análise da redundância em bibliotecas de ESTs e exibição dos resultados em forma de tabelas e gráficos. Foi utilizada a linguagem Perl e o formato de arquivo FASTA. Após a submissão das placas, são selecionados os trechos de boa qualidade das seqüências, aumentando a confiabilidade das análises, que comparam cada read das placas contra os reads da própria placa, contra os da biblioteca e da espécie correspondentes. Para comparação das seqüências e separação dos trechos não redundantes é utilizado o programa Blast. As análises podem ser ajustadas variando os parâmetros para alinhamento do Blast, qualidade das bases, tamanho mínimo de trecho de alta qualidade, período de atualização das análises e configuração dos gráficos gerados. A aplicação auxilia o acompanhamento do seqüenciamento e na decisão sobre a continuidade do mesmo e a avaliação da qualidade das bibliotecas.

Bioinformática - Seqüenciamento de ESTs - Redundância