

D-MAPS - DNA-MICROARRAY PROJECTS

Taís Sineiro Herig - Marcelo Falsarella Carazzolle - Ana Carolina Deckmann - Gonçalo A. G. Pereira

LGE - Laboratório de Genômica e Expressão - Departamento de Genética e Evolução

E-mail: tsherig@lge.ibi.unicamp.br

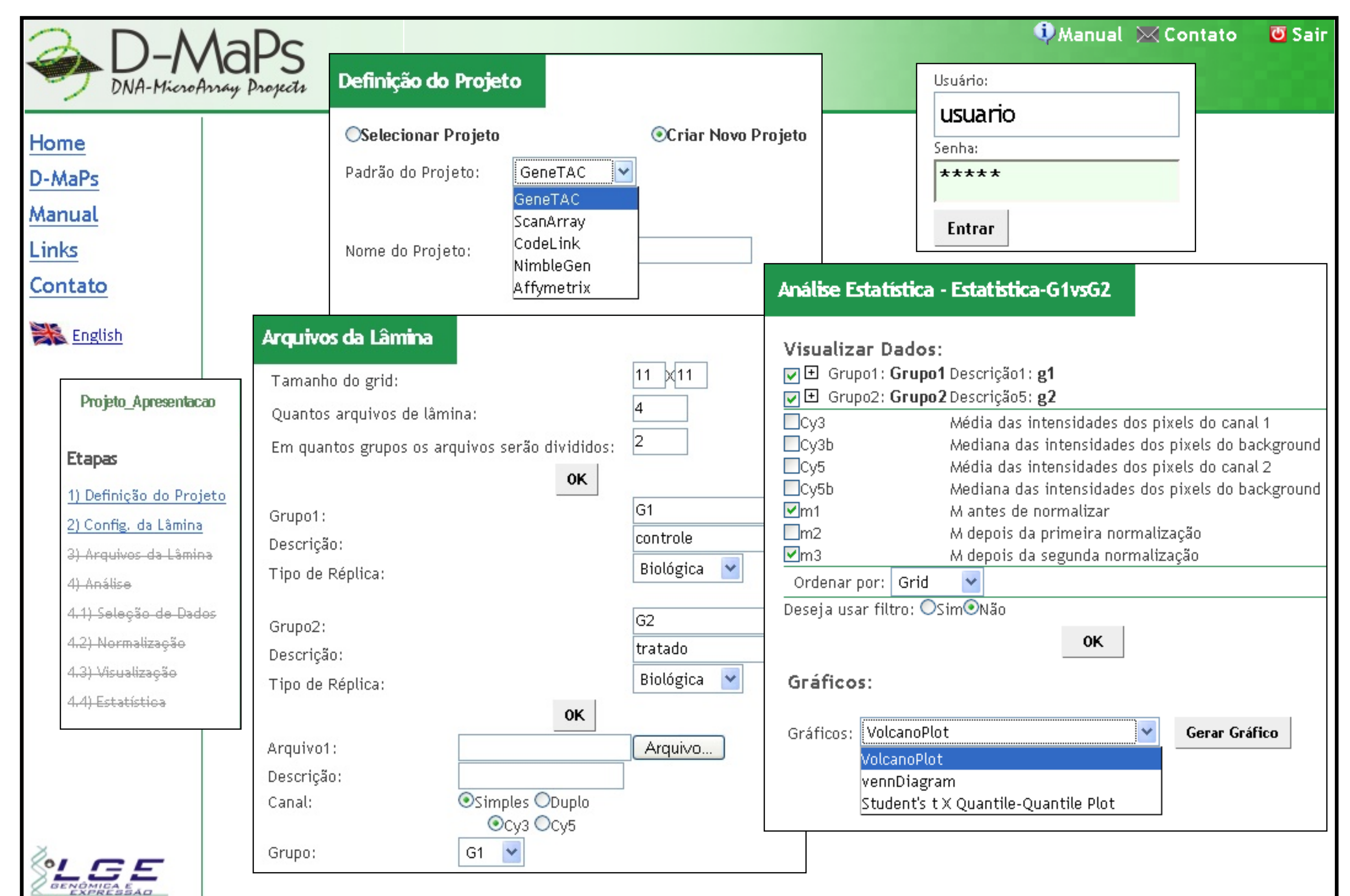
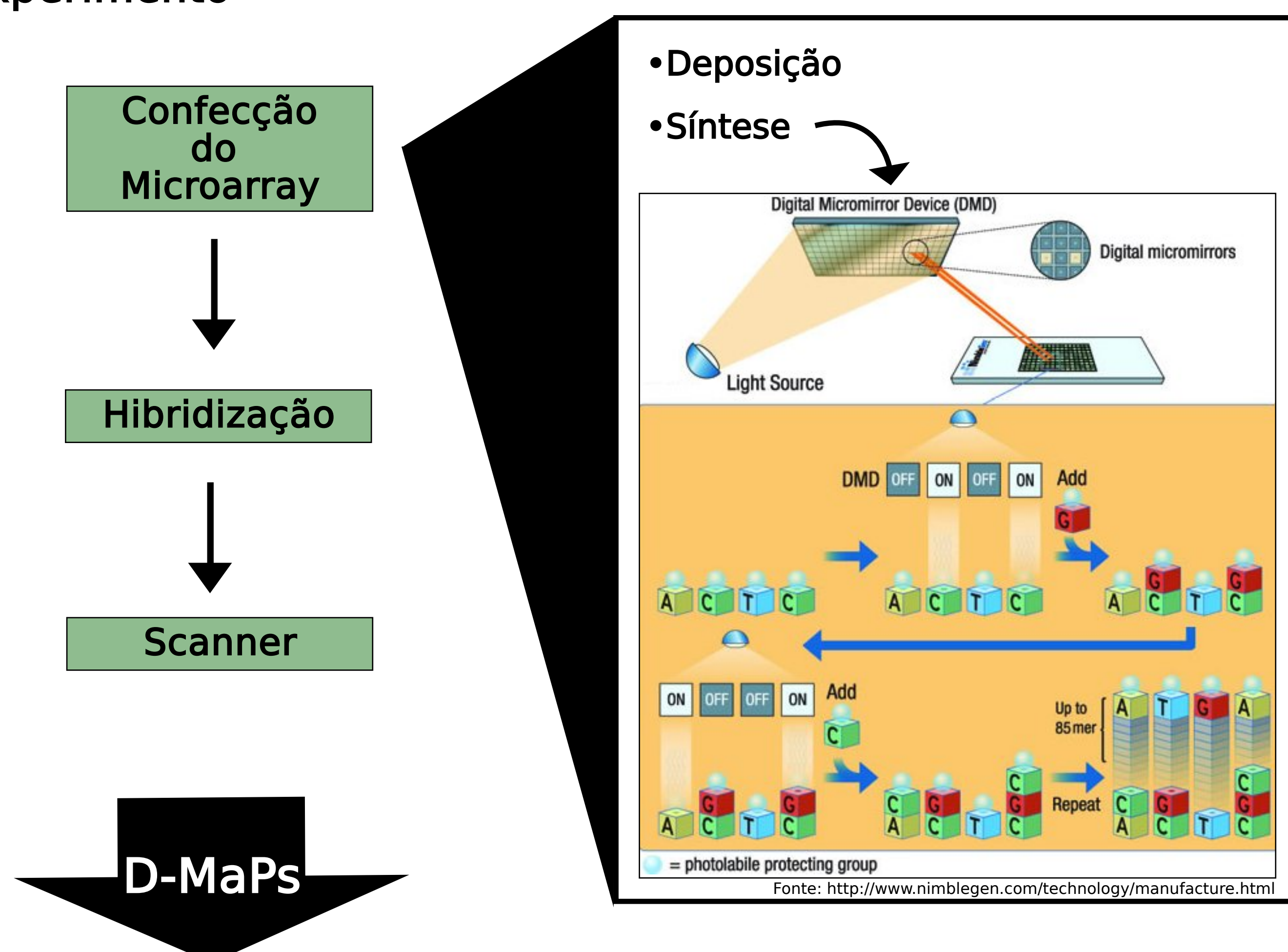
IB - INSTITUTO DE BIOLOGIA

CNPQ - Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico

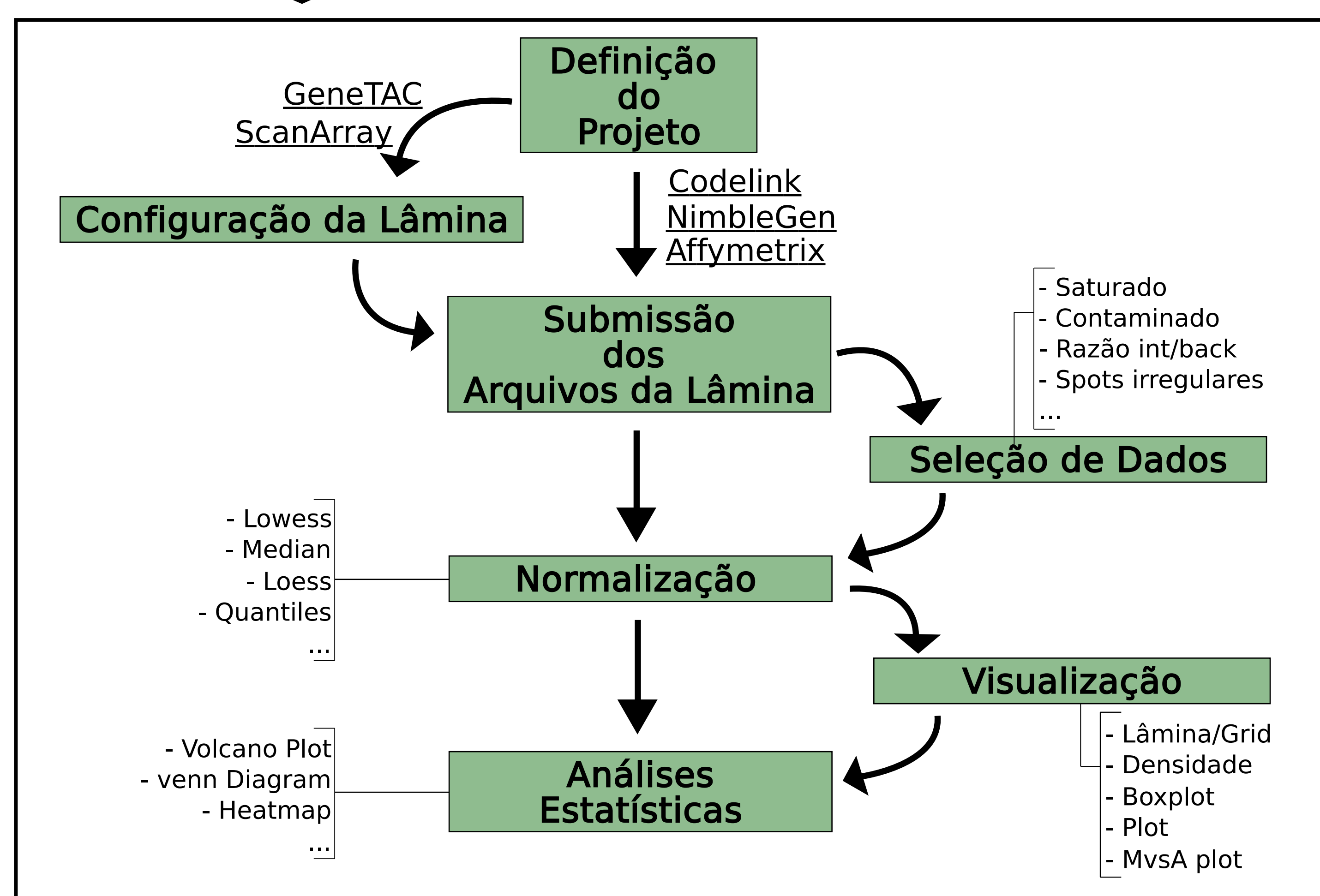
Palavras-chave: Bioinformática - Microarranjo de DNA - Software

Microarranjos de DNA vêm sendo utilizados para o estudo de expressão gênica de um conjunto grande de genes simultaneamente. A técnica permite a investigação de padrões de expressão gênica, de respostas celulares em detalhe e fornece informações sobre função e interação de genes. Uma vez que possibilita a análise simultânea de centenas de genes, grande quantidade de dados é gerada em cada experimento a partir desta técnica. Assim, o auxílio computacional para realizar a análise desses dados tornou-se indispensável. E portanto, para gerenciar e processar dados de microarranjos de DNA foi desenvolvido o software D-MaPs.

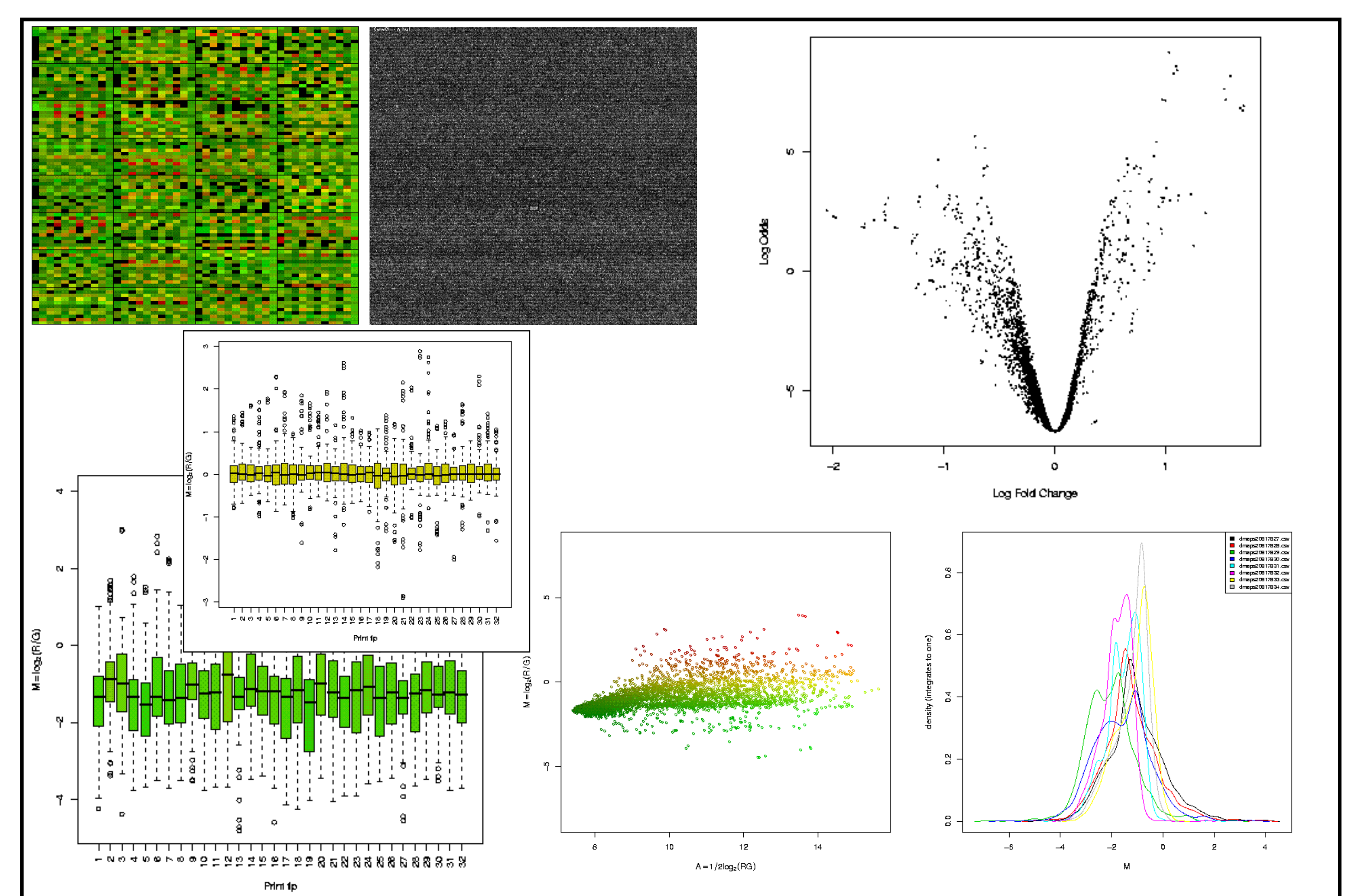
O experimento



Montagem de telas do software D-MaPs



Fluxograma do software, de acordo com as etapas nas quais está dividido



Imagens obtidas a partir de análises realizadas com o D-MaPs

D-MaPs é um sistema web e está disponível no seguinte domínio: <http://www.lge.ibi.unicamp.br/d-maps>. O software está estruturado em etapas para facilitar que usuários não familiarizados possam realizar facilmente suas análises. As análises estatísticas são realizadas com pacotes específicos do bioconductor (<http://www.bioconductor.org/>) para R (<http://www.r-project.org/>), de acordo com os cinco tipos de plataforma suportados pelo D-MaPs: GeneTAC, ScanArray, Codelink, NimbleGen e Affymetrix. Foram realizadas análises com dados publicados e o D-MaPs se mostrou eficaz para realizar análises de dados de microarranjos de DNA.