FERRAMENTA COMPUTACIONAL PARA ANÁLISE E ANOTAÇÃO GENÔMICA DE SEQÜÊNCIAS EXPRESSAS GERADAS POR SAGE EM TUMORES DE CÉLULAS ESCAMOSAS DE CABEÇA E PESCOÇO

Paulo César Costa dos Santos[1,2,3,*]; Clarice Gameiro da Fonseca Pachi[1,2]; Márcia Perez Resende Oliveros[1]; Luis Fernandez Lopez [1,4]

*E-mail: pccs@dim.fm.usp.br

[1] Faculdade de Medicina da Universidade de São Paulo, FMUSP, Av.Dr. Arnaldo 455, CEP: 01246-903, SP-SP, Brasil.
[2] Academic Network at São Paulo, ANSP, R:Dr. Ovídio P. de Campos, 215 CEP: 05403-010, SP-SP Brasil.
[3] Departamento de Biotecnologia do Instituto de Ciências Biomédicas da Universidade de São Paulo, Brasil
[4] CIARA – (Center for Internet Augmented Research and Assessment) – Florida International University, Florida, USA4.

Palavras-chave: Análise de seqüências de DNA, Bioestatística, Bioinformática, Biotecnologia, Carcinoma de células escamosas, Expressão gênica.

RESUMO

O objetivo desse trabalho é apresentar o desenvolvimento de um software específico denominado AnalyticSAGE©, cuja finalidade é gerar dados confiáveis para o estudo das seqüências expressas geradas pelas técnicas SAGE em tumores de células escamosas de cabeça e pescoço.

Embora existam diversas ferramentas de bioinformática capazes de gerenciar e analisar seqüências *tags*, podemos observar ainda deficiências numa resposta adequada desses aplicativos.

O programa AnalyticSAGE© é uma ferramenta inovadora e pode auxiliar o usuário em pesquisas e estudos de expressão gênica pela técnica SAGE a realizar, de forma organizada e segura, o processo de análise de dados gerados e suas respectivas inferências estatísticas. Este aplicativo pode executar a tarefa de extrair as *tags*, comparar e armazenar esses resultados em banco de dados e, posteriormente, aplicar de forma automática o método estatístico apropriado. Esta rotina minimiza os possíveis erros operacionais humanos, pois diminui a quantidade de digitação na entrada dos dados. O programa fornece ao usuário todas as possibilidades de escolha de suas preferências, fato que minimiza o tempo gasto pelo pesquisador e garante resultados mais confiáveis.

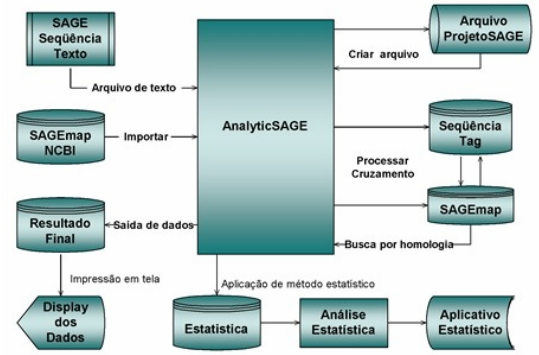

Diagrama de contexto do programa AnalyticSAGE©

Referências:

1. Lash, A.E.; Tolstoshev, C.M.; Wagner, L..; Schuler, G.D.; Strausberg, R.L.; Riggins, G.J.; And Altschul, S.F. SAGEmap: A Public Gene Expression Resource**. Genome Research**, v.10, p.1051-1060, 2000.

2. Salesiotis, N.A.; Cullen, K.J. Molecular markers predictive of response and prognosis in the patient with advanced squamous cell carcinoma of the head and neck: evolution of a model beyond TNM staging. **Current Opinion Oncology**, v.12, p.229-239, 2000.