

2010 Octubre, 2(1): 1-1

vPEG 1.0: DESARROLLO DE UNA APLICACIÓN WEB PARA EL ANÁLISIS DE PERFILES DE EXPRESIÓN GÉNICA EN EL CÁNCER DE MAMA.

Lacunza E^{1,2}, Aldaz CM³, Segal-Eiras A¹, Croce MV¹, Abba MC^{1,2*}.

Centro de Investigaciones Inmunológicas Básicas y Aplicadas (CINIBA). Facultad de Ciencias Médicas – UNLP.

²Cátedra de Biología. Facultad de Ciencias Médicas – UNLP.

Department of Carcinogenesis, MD Anderson Cancer Center Science Park - Research Division. TX – USA.

*mcabba@gmail.com

Introducción

En la última década han sido desarrolladas nuevas metodologías para el análisis de transcriptomas, con las cuales miles de ARNm pueden ser evaluados simultáneamente. Entre las más populares se encuentran las plataformas basadas en la metodología de hibridación reversa (microarreglos de ADN) o en la secuenciación (SAGE). El fundamento de SAGE (*Serial Analysis of Gene Expression*) es la generación de secuencias cortas de 14-26 pb, denominadas "tags", específicas de cada ARNm. Estas secuencias son concatenadas, clonadas y secuenciadas para su posterior cuantificación.

Objetivo

El objetivo de la aplicación web *vPEG 1.0* (visualizador de Perfiles de Expresión Génica) es el de proveer un marco de referencia para la búsqueda de genes asociados al proceso de carcinogénesis mamaria humana que permita la cooperación entre múltiples grupos de investigación.

Metodología

vPEG1.0 se desarrolló en una infraestructura WAMP (Windows – Apache – MySQL – PHP) y se encuentra hospedada en el URL <http://mca.netau.net>. Actualmente, disponemos de una base de datos con el perfil de expresión génica de 46 muestras de tejido mamario normal (n=4), carcinomas ductales *in situ* (n=7) y carcinomas ductales invasores (n=35). Estas librerías fueron creadas mediante el empleo de la metodología SAGE a una resolución de 100.000 tags por librería, lo cual genera una base de datos de más de 4.700.000 tags, permitiendo el monitoreo de aproximadamente 25.000 genes por librería. Para una búsqueda de datos más eficiente mediante la aplicación *vPEG 1.0*, se pre-computaron los genes diferencialmente expresados entre las muestras normales y las neoplasias benignas y malignas con la prueba de ANOVA ($p < 0.01$) mediante el empleo del programas TIGR Multi-experiment Viewer 3.0.

Resultados

El código de búsqueda permite la consulta de más de 1400 genes diferencialmente expresados y asociados a la carcinogénesis mamaria humana. Se obtiene además información relacionada con la localización cromosómica, función molecular, secuencia del tag, resultados estadísticos y distribución de frecuencias del gen de interés.

Conclusiones

La aplicación web *vPEG 1.0* es una infraestructura sobre la cual se planea integrar transcriptomas derivados de otras plataformas experimentales y nuevos algoritmos relacionados con la minería de datos de los mismos.