

Simpósio de Integração Acadêmica

“Ciências Básicas para o Desenvolvimento Sustentável”

SIA UFV 2023



Análise de splicing alternativo associado ao amadurecimento de laranja

Saymon Gazolla Reis da Silva, Miquéias Fernandes, Tiago Antonio de Oliveira Mendes

saymon.silva@ufv.br, bio@mikeias.net, tiagoamendes@ufv.br

Splicing alternativo, bioinformática

Introdução

Splicing alternativo é o processo no qual um mesmo gene pode gerar mais de um tipo de mRNA e por consequência, mais de um tipo de proteína. A bioinformática é uma ferramenta crucial para analisar os dados de splicing alternativo nas amostras, visualizar e selecionar alvos para uma validação experimental da expressão gênica em diferentes condições de amostra.

Objetivos

Objetivo Geral:

Identificar potenciais eventos de splicing alternativos da laranja *Citrus sinensis* associados ao processo de amadurecimento do fruto utilizando dados de RNASeq

Objetivos específicos:

-Obtenção e caracterização de dados de RNASeq referente ao amadurecimento de laranja *Citrus sinensis*

-Predição de isoformas de splicing alternativo utilizando o programa 3D-RNASeq

-Análise estatística da variação de expressão de isoformas alternativas ao longo do amadurecimento do fruto

Material e Método

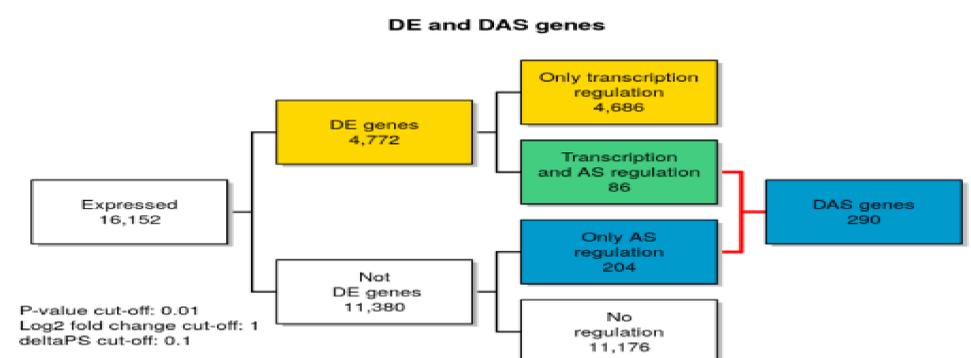
Utilizando o banco de dados do National Center for Biotechnology Information (NCBI) é retirada leituras de sequenciamento referentes aos dias de amadurecimento da laranja. Essas leituras são carregadas na plataforma web Galaxy Europe, onde é feita o controle de qualidade e a quantificação de abundância de leitura de sequenciamento de RNA. O output do Galaxy juntamente com uma tabela que relaciona gene com transcrito é utilizado no 3D RNA-seq. Dessa forma, o 3D RNA-seq fornece os eventos de splicing alternativo

Apoio financeiro



Resultados e Discussão

Contrast	DEonly	DE&DTU	DTUonly
X180.DAF-X80.DAF	3178	207	248



Conclusões

Foram encontrados 290 genes que sofreram splicing alternativo. Sendo assim, esses genes são possíveis alvos de estudo uma vez que podem estar associados ao amadurecimento do fruto.

Bibliografia

- Andrews, S. (n.d.). FastQC A Quality Control tool for High Throughput
- Krueger, F. (2021). Trim Galore. In GitHub repository. GitHub.
- Ewels, P., Magnusson, M., Lundin, S., & KÅrler, M. (2016). MultiQC: summarize analysis results for multiple tools and samples in a single report.
- Srivastava, A., Malik, L., Smith, T., Sudbery, I., & Patro, R. (2019). Alevin
- Patro, R., Duggal, G., Love, M. I., Irizarry, R. A., & Kingsford, C. (2017). Salmon provides fast and bias-aware quantification of transcript expression.

Agradecimentos