

ZAIGHY, M.; MOSMANN T.,
J. Immunol. Methods; Alley M.C.,
Cancer Research, 48, 589, 1988.
ZAYRA, T.; MELOS, J.L.R.; ECHEVAR
RIA, A. Síntese de 5- arilideno-2,4-
tiazolidinedionas *Condensação de
Knoevenagel*; v.21, p.112-117, 2008.
ZHANG, R.; KRENTZ, A.J ; BAILEY,
C. J.. *Drugs*, 2005, 65, 385.

ZHANG, X.; ZHANG, R.; ZHAO, H.;
etal Preclinical Pharmacology of the
Natural Product Anticancer Agent
Bryostatin 1 *Cancer
Research*, v.56, p.802-8, 2008.
ZYMOVICH, S.; VERINI, M. A. Cultura
de tecido na pesquisa de substâncias.
Rev. Ins. Antibiot., v.21, p. 193-204,
1982.

Sistema de informação sobre marcadores moleculares e elementos regulatórios

Narciso, M.G.(1); Bevitori, R.(1); Mello, R.(1); Souza, T.L.(1); Menezes, I.P.P.(1)

narciso@cnpaf.embrapa.br

(1) Departamento de Biotecnologia, Embrapa Arroz e Feijão, Goiania-GO.

RESUMO

Este trabalho visa a mostrar um sistema de informação sobre marcadores moleculares (MM), um outro sobre elementos regulatórios (ER) e um conjunto de ferramentas que possibilita consultas nas duas bases de dados simultaneamente, MM e ER. Será feita uma introdução sobre MM e ER, a forma de construção dos sistemas de informação para MM, ER e as ferramentas de integração entre estas duas bases de dados, os resultados obtidos por estes sistemas e a conclusão sobre as vantagens destes sistemas. Assim, o objetivo deste trabalho é mostrar os sistemas MM, ER e a integração entre estes para geração de conhecimento. Estas bases são sobre arroz, feijão, e Arabidopsis thaliana, mas pode ser usadas para outras culturas, com pouco esforço de adaptação. Vale a pena mencionar que estas bases (MM e ER) são sobre arroz, feijão, e Arabidopsis thaliana, mas pode ser usadas para outras culturas, com pouco esforço de adaptação.

Palavras-chave: Marcadores moleculares, sistema de informação, elementos regulatórios, integração entre bases de dados.

INTRODUÇÃO

Os marcadores moleculares vêm sendo utilizados como ferramentas na identificação e discriminação de genótipos, em análises de diversidade genética, na construção de mapas genéticos e no mapeamento de QTLs, entre outras aplicações. Desta forma,

esforços têm sido feitos na identificação de marcadores moleculares (MM) e na caracterização de genótipos e populações utilizando-se esses marcadores. Uma vez que existam informações sobre estes MM, estas podem ser armazenadas de forma estruturada, o que permite fácil recuperação e aplicação dos dados. Um

dos enfoques deste trabalho é o desenvolvimento de um banco de dados de MM de feijão e arroz, que permite o armazenamento estruturado das características genotípicas de acessos e populações e a recuperação destas informações através de um sistema de busca, assim como a obtenção de saídas em formato de arquivo html ou csv (comma separated value), que é facilmente lido por uma planilha Excel ou Calc, disponíveis para diversos fins de análise.

Um outro objetivo deste trabalho é descrever sobre elementos regulatórios, que são pequenas sequências que atuam na expressão de genes e também em rotas metabólicas e assim tem grande importância em ser estudado, visto que pode ser aplicado a temas de interesse como resistência a estresse hídrico, doenças e pragas, aumento de produtividade, etc. Genes responsáveis pelas características descritas tem como fatores que ajudam sua expressão ou não elementos regulatórios, também chamados de cis elementos. Uma base de dados sobre este tema foi feita, bem como uma interface para acessos diversos e recuperação de dados.

Muitas vezes os marcadores moleculares e os elementos regulatórios se relacionam de alguma maneira. Para isso, foi construído um conjunto de ferramentas que possibilita o usuário a fazer consultas por palavras chaves, tal como é feito nas buscas oferecidas pelo site do Google, e assim poder obter resultados de duas bases distintas porém com possibilidade de ser integradas. Assim, outro objetivo é mostrar uma forma de integração entre bases de dados distintas.

MATERIAIS E MÉTODOS

O sistema sobre MM foi construído usando-se a linguagem PHP (PHP,

2011), JavaScript e sistema gerenciador de banco de dados MySQL (MYSQL, 2011). Para inserir dados na base de dados, foi feita uma interface para ler dados manualmente ou por arquivo do tipo texto ou cvs (comma separated values) e então inserir os dados na base de dados sobre MM. A interface web, que permite acesso ao sistema, feita em PHP e HTML, e a base de dados são executados no servidor web da Embrapa Arroz e Feijão. O programa JavaScript é executado no computador do usuário para montagem de formulário e verificação de correto preenchimento de dados, notificando se algum dado foi preenchido incorretamente. A forma de acesso ao sistema, bem como os dados que o sistema fornece como resultados são conforme especificação de pesquisados e técnicos da Embrapa Arroz e Feijão envolvidos na criação do sistema e sua construção é de acordo com técnicas de Engenharia de Software (Pressmam et al, 2010) e Interface Homem-Computador (Baranauskas, 2009). Além de dados sobre marcadores, o sistema armazena também dados sobre fenótipos, relacionados aos marcadores. Assim, exemplificando, em um dado resultado da consulta, na qual aparecem os acessos e seus marcadores, basta “clique com o mouse” em um acesso (BRS Campeiro, por exemplo) que uma outra janela no navegador aparecerá para mostrar dados fenotípicos deste acesso. Sobre a integração entre as bases de dados, seja o exemplo de consulta: quais são os MM de um dado gene e quais são os elementos regulatórios que influenciam uma dada característica, como a resistência a seca, por exemplo. Para fazer esta consulta, faz-se necessário acessar duas bases de dados distintas. Assim, o mecanismo de busca, feito em PHP (pode ser feito em JSP também) faz a busca nas duas bases e

encontra dados sobre os genes, MM e cis elementos sobre os genes. O sistema identifica palavras-chaves a partir da consulta, tal como é feita no site do Google, e retorna os dados obtidos, em formato csv ou HTML. Assim, tem-se um mecanismo de busca para duas bases distintas. Este mecanismo pode ser usado em mais bases de dados distintas, caso venha a existir, bastando para isso uma configuração adicional.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Serão apresentados os sistemas de informação sobre MM, inicialmente, e depois sobre ER e o mecanismo de busca entre as bases.

Um dos maiores desafios atuais dos pesquisadores é a organização da informação, de forma que ela esteja acessível para as análises diversas. Este sistema mantém as informações sobre marcadores moleculares organizadas e possibilita a recuperação selecionada desses dados através de filtros. As consultas são realizadas por cultura (feijão e arroz) e, posteriormente por variedades ou acessos. A busca ainda se dá por tipo de marcador e, por fim, por tipo de saída (HTML ou CSV, para ser lido por programas de planilha eletrônica). A Figura 1 ilustra as opções do sistema.



Banco de Dados de marcadores moleculares por

Escolha uma espécie, suas variedades e seus locos e r

Escolha uma espécie:

Escolha os acessos/variedades:

Escolha o tipo de Marcador:

Escolha os Marcadores:

Escolha o tipo de saída:

Figura 1 – Opções de consulta aos dados armazenados

A Figura 2 ilustra o preenchimento do formulário para a busca de dados sobre marcadores SSR ou microssatélites de feijão. Este sistema funciona como uma árvore: ao se escolher uma espécie, por exemplo o feijão, aparecem os acessos ou variedades disponíveis para o feijão. Escolhendo-se o(s) acesso(s), surgem opções de marcadores disponíveis para esses acessos (SSR, SNP, etc.) e, posteriormente, marcadores armazenados para esses acessos (por exemplo, BM 154 e BM 155). A última escolha é o formato do arquivo de saída: html ou csv (Figura 3). Feitas as escolhas, o sistema apresenta os dados existentes na base de dados (Figura 4). Os dados que estão sendo apresentados na Figura 4 são fictícios e têm o propósito de ilustração de uma possível resultado do sistema.

Escolha uma espécie:

Escolha os acessos/variedades:

Escolha o tipo de Marcador:

Escolha os Marcadores:

Escolha o tipo de saída:

Figura 2 – Exemplo de preenchimento do formulário de busca

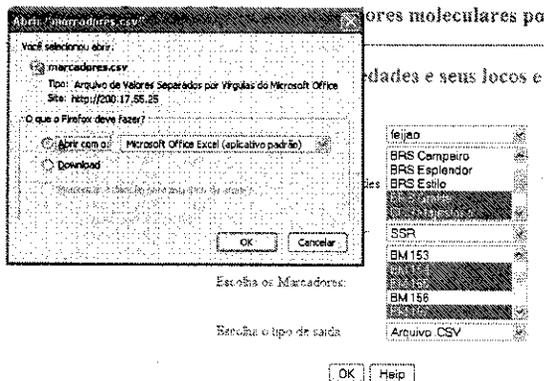


Figura 3 – Exemplo de escolha de resultados de saída (no caso, CSV)

Nome da Espécie: feijão	Azeite1	Azeite2	Azeite1	Azeite2	Azeite1	Azeite2	Azeite1	Azeite2
BRS Grafite	158	158	158	158	173	173	159	159
BRS Majes	158	158	158	158	172	172	159	159

Figura 4 – Exemplo de resultado de consulta em formato CSV, carregado em planilha Excel

Os dados podem ser inseridos no sistema pelo usuário gerador, que também decide se os disponibiliza total ou parcialmente para outros usuários. O usuário que insere os dados no sistema é o único que pode alterá-los ou removê-los, o que garante a integridade das informações armazenadas. Por estar instalado no servidor da Embrapa Arroz e Feijão, os dados ficam assegurados tanto de perdas devido a falhas nos computadores individuais, quanto de acessos indesejados por usuários externos ao sistema. Vale a pena mencionar que este sistema é software livre e qualquer um pode usar sem restrições. O sistema pode ser adquirido através de contato com os autores.

Sobre o sistema de informação sobre elementos regulatórios, será apresentado sobre ERD (Early Responsive to Dehydration), o qual é importante quanto a elementos regulatórios sobre seca ou resistência à deficiência hídrica.

Sequencia Cis	CisActing	Variedade	ERD
CATGTG	MYC	Arabidopsis Thaliana	ERD1
CATGTG	MYC	Arabidopsis Thaliana	ERD6
CATGTG	MYC	Arabidopsis Thaliana	ERD10
CATGTG	MYC	Arabidopsis Thaliana	ERD16
CATGTG	MYC	Arabidopsis Thaliana	ERD15
CATGTG	MYC	Arabidopsis Thaliana	ERD13
CATGTG	MYC	Arabidopsis Thaliana	ERD4
CACATG	MYC	Arabidopsis Thaliana	ERD1
CACATG	MYC	Arabidopsis Thaliana	ERD6
CACATG	MYC	Arabidopsis Thaliana	ERD10
CACATG	MYC	Arabidopsis Thaliana	ERD16
CACATG	MYC	Arabidopsis Thaliana	ERD15
CACATG	MYC	Arabidopsis Thaliana	ERD13
CACATG	MYC	Arabidopsis Thaliana	ERD4

Figura 5 – resultado de uma busca por palavras (drought)

A busca ilustrada na Figura 5 mostra uma série de ERDs e também as variedades e dados sobre cis-elementos (sequência e cis Acting). Para fazer uma busca dessa sem ter um sistema, seria necessário obter todos os genes relativos a ERD, obter a sequência upstream e com esta gerar um resultado que conteria todos os links. Com todos estes links, seriam feitas consultas em todas as páginas para então saber qual tem alguma característica ligada à seca (drought). Outros resultados que o usuário pode ter é quanto a consultas por cis-elementos conhecidos e funções. Um exemplo de saída, em HTML, seria tal como ilustra a Figura 6. Outras consultas são com respeito a busca por cis-elementos comuns entre ERDs (o que os ERDs cadastrados no sistema têm em comum) e busca por cis-elementos por ERDs (o que cada ERDs tem com respeito a cis-elementos). Com estes resultados fica mais fácil visualizar a participação de cada cis-

elementos em um dado conjunto de ERDs. A interface web e o banco de dados vazio podem ser disponibilizados ao público, bem com todo o procedimento de captura de dados e sua inserção no banco de dados para consulta pelo sistema.

Nome do ERDS	CisActing	Espécie	Sequência Cis
ERD1	10PEHVPSBD	Arabidopsis Thaliana	TATTCT
ERD1	14BPATERD1	Arabidopsis Thaliana	CACTAAATTGTAC
ERD1	2SSEEDPROTBANAPA	Arabidopsis Thaliana	CAAACAC

Figura 6 – Trecho de um resultado de uma consulta por Cis-Elementos e sua função

O sistema que faz varredura entre as bases de dados possui um repositório de dados que guarda as os nomes das bases de dados disponíveis para consulta e também os dados sobre tabelas de cada base e suas variáveis. Com estes dados sobre as bases de dados, o sistema consegue buscar os dados sobre palavras-chaves digitadas e então faz as buscas pedidas.

A página inicial deste sistema está ilustrada na Figura 7.

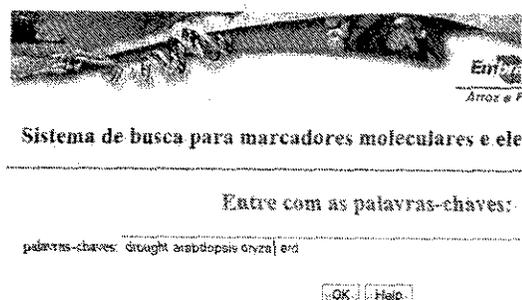


Figura 7 – Busca por ERD/cis elementos em arabidopsis e Oryza sativa

Os resultados podem ser apresentados em formato HTML ou CSV. Um exemplo de um trecho dos resultados apresentados está mostrado a seguir

Os resultados obtidos com as palavras-chaves drought, arabidopsis, oryza e erd foram

Sequencia Cis	Cis Acting	Variedade	ERD
CATGTG	MYC	Arabidopsis thaliana	ERD 1
CATGTG	MYC	Oryza sativa	ERD 5
CATGTG	MYC	Arabidopsis thaliana	ERD 6
CATGTG	MYC	Oryza sativa	ERD 15
CATGTG	MYC	Arabidopsis thaliana	ERD 16
CATGTG	MYC	Oryza sativa	ERD 16

Figura 8 – Trecho de resultado da busca por ERD/cis elementos em arabidopsis e Oryza sativa

CONCLUSÕES

A informação, quando organizada e acessível, amplia a possibilidade de geração de conhecimento, por expandir sua aplicação para além dos objetivos para os quais ela foi primariamente produzida. A utilização de ferramentas de informática é crítica para o armazenamento seguro da imensa quantidade de dados moleculares gerados diariamente nos laboratórios de biotecnologia. Além disso, sistemas de informação para MM como o aqui desenvolvido são essenciais para a integração dos dados moleculares com os dados fenotípicos gerados por outras áreas de conhecimento, contribuindo para a consolidação do uso de informações genéticas avançadas à rotina dos programas de melhoramento de plantas e às ações de curadoria dos bancos de germoplasma.

Sobre o mecanismo de busca em bases de dados diferentes, este é simples de usar, isto é, basta inserir palavras-chaves e então este sistema faz a varredura nas bases de dados configuradas (MM e ER) e então os resultados são apresentados, que podem

gerar conhecimento, pelo fato de correlacionar temas distintos (MM e ER).

Os sistemas apresentados são software livre e podem ser adquiridos por contato aos autores.

REFERÊNCIAS

Baranauskas, M. L. **Interface Homem-Computador**. Publicações Unicamp-SP, 2009.

Dean, C., Schmidt, R. Plant genomes: a current molecular description. **Annual Review of Plant Physiology and Plant Molecular Biology**, Palo Alto, v.46, n.xxx, p. 395-418, 1995.

Pressman, R. **Engenharia de Software**. Ed McGraw Hill, 2007.

PHP. Disponível em www.php.net. Visitado em 20 de agosto de 2011.

MYSQL. Disponível em www.mysql.org. Visitado em 20 de agosto de 2011.

TERMITOFAUNA (INSECTA: ISOPTERA) EM REMANESCENTE DE MATA ATLÂNTICA INSERIDO EM CANAVIAL DA ZONA DA MATA SUL DO ESTADO DE PERNAMBUCO

Couto, A.A.V.O (1); Dutra, D.S. (1); Bezerra, D.M. (1); Albuquerque, A.C. (1); Oliveira, M.P. (1)
alane.couto@gmail.com

(1) Universidade Federal Rural de Pernambuco

Resumo

A Mata Atlântica encontra-se atualmente reduzida a pequenas 'ilhas' de floresta em grande parte de sua área de distribuição original. A devastação deste bioma tem contribuído para que um grupo de grande importância ecológica, os cupins, venha a ser considerado praga, ocasionando danos tanto em meio urbano quanto em culturas de importância econômica como é o caso da cana-de-açúcar. O presente trabalho teve por objetivo avaliar o efeito que a proximidade com o canavial exerce sobre a taxocenose de térmitas em um remanescente de Mata Atlântica na zona da Mata Sul do Estado de Pernambuco. Foram demarcados 3 transectos de 200m², distantes 10, 50 e 300m do canavial. Cada transecto foi dividido em 20 setores e em 10 setores intercalados os cupins foram procurados. Para cada transecto foi obtido riqueza e diversidade e para cada gênero encontrado foram determinados os Padrões de Ocorrência (PO) e Dominância (PD). A proximidade com o canavial agiu negativamente sobre a riqueza e diversidade de térmitas. Dos 19 gêneros encontrados, 5 foram encontrados anteriormente em associação com a cultura de cana-de-açúcar. Recomenda-se o acompanhamento periódico do remanescente de Mata Atlântica, bem como do canavial ao seu entorno, a fim de se evitar possíveis infestações.

Palavras-chave: Cupins; Efeito de borda; Cana-de-açúcar.

Introdução

Os cupins ou térmitas, insetos pertencentes à Ordem Isoptera,

encontram-se amplamente distribuídos entre as regiões tropicais e subtropicais do mundo entre as latitudes de 52° N e