

Identificação de *tandem repeats* no dermatófito *Trichophyton rubrum*

Matheus Eloy Franco¹, Ana Lucia Fachin Saltoratto², Mozart de Azevedo Marins²

¹Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Sul de Minas Gerais – *Campus Machado*

²Departamento de Biotecnologia – Universidade de Ribeirão Preto (UNAERP)

1. Objetivos

Considerando que repetições de DNA e proteínas é uma característica do genoma de vários organismos eucariotos e procariotos, neste trabalho consideramos a hipótese de que a análise computacional do genoma de fungos dermatófitos poderá revelar repetições de DNA úteis para o aprimoramento de diagnósticos moleculares. O objetivo deste trabalho é investigar os diversos recursos computacionais que podem ser utilizados na identificação de tandem repeats no DNA de fungos dermatófitos especialmente da espécie *Trichophyton rubrum*.

2. Material e Métodos

Neste trabalho foi realizado um levantamento bibliográfico acerca da genômica dos fungos dermatófitos e ferramentas computacionais para identificação de repetições adjacentes. Foram analisados vários algoritmos para detectar repetições em tandem, em uma sequência de nucleótidos, especificamente os implementados nos softwares: ETANDEM, mREPS, Tandem Repeat Finder, SERV. A partir deste momento pretende-se implementar uma ferramenta otimizada para identificação de repetições adjacentes em fungos dermatófitos, integrada a um *pipeline* de funções genômicas.

3. Resultados e discussão

Até abril de 2007 apenas 524 sequências de nucleotídeos do dermatófito *Trichophyton rubrum* foram encontradas no GenBank (YANG *et al.*, 2007). Atualmente o genoma dos dermatófitos está completo com boa cobertura, mas pode haver ainda alguns ajustes, principalmente de anotação (Dr^a. Nilce Martinez-Rossi, comunicação pessoal). Um esboço do sequenciamento está disponível (BROAD INSTITUTE, 2012). Através de buscas nos *contigs* do dermatófito *Trichophyton rubrum* utilizando-se o software *Tandem Repeat Finder* (BENSON, 1999), pode-se constatar que todos possuem repetições adjacentes que poderão ser utilizadas para geração de hipóteses acerca de da patologia.

4. Conclusão

Através dos levantamentos conclui-se que a tipagem molecular de dermatófitos pode fornecer novas hipóteses/informações sobre a epidemiologia, biologia populacional e patogenicidade desses fungos.

5. Referências

- BENSON G. Tandem repeats finder: a program to analyze DNA sequences. *Nucleic Acids Research* v. 27, p. 573–580. (1999)
- BROAD INSTITUTE. Dermatophyte Comparative Database. Disponível em www.broadinstitute.org. (2012)
- YANG, J.; L. CHEN; L. WANG; W. ZHANG; T. LIU; Q. JIN. TrED: the *Trichophyton rubrum* Expression Database. *BMC Genomics* v. 8, p. 250. (2007)