

Título: “Descubrimiento de pequeños marcos de lectura en el cromosoma 2 de drosophila melanogaster.”

Alumno/a: MAGJOR, Pamela

Director/a: RIVERA POMAR, Rolando

Fecha de defensa: 29/12/2011

RESUMEN

El número de genes que codifican proteínas en eucariotas superiores identificados por proyectos de genoma es más bajo que lo esperado, mientras que ha sido detectada una considerable cantidad de transcritos putativamente no codificantes. Esto refleja, nuevamente, las limitaciones de los sistemas predictivos. Pero en caso de ser correctas, ¿cómo es posible que la enorme variabilidad fenotípica de los organismos tenga como origen un pequeño número de genes mayormente conservados? Varias respuestas han sido propuestas: interacciones génicas complejas, splicing alternativo, y genes no codificantes. Otra posibilidad menos discutida podría ser muchos genes no canónicos y por lo tanto no identificados, escapen a la detección de los programas de anotación génica. Algunos métodos de detección génica y anotación permiten encontrar genes con sORFs (pequeños marcos abiertos de lectura, del inglés small open reading frames) que codificarían pequeños péptidos, los cuales esperan caracterización. En el presente trabajo se analizó el genoma del cromosoma 2 de *Drosophila melanogaster* en busca de sORFs codificados en ARNs policistrónicos, descubriéndose que los sORFs efectivamente existen en el genoma de *Drosophila*. Se utilizaron métodos bioinformáticos novedosos que permitieron detectar dichos genes.