

B216

UMA FERRAMENTA PARA ESTUDO DE FUNÇÃO BIOLÓGICA DE GENES CORRELACIONANDO VIAS METABÓLICAS COM INFORMAÇÕES DE GENOMA, TRANSCRIPTOMA E PROTEOMA

Itaraju Junior Baracuhy Brum (Bolsista PIBIC/CNPq) e Prof. Dr. Eduardo Galembeck (Orientador), Instituto de Biologia - IB, UNICAMP

O volume crescente de dados disponíveis nas áreas de genoma, transcriptoma e proteômica nos permite novas abordagens para o estudo da biologia dos organismos. Como exemplo, temos disponíveis hoje bancos de dados e ferramentas computacionais que permitem busca e visualização de dados num dos níveis mais altos de abstração: as redes e vias metabólicas. Entretanto, estas ferramentas trabalham sobre conjuntos e formatos próprios de bancos de dados, levando à uma limitação nas possibilidades de uso destas. Neste trabalho é apresentado um novo mecanismo de busca customizado para novas necessidades e que utiliza dados do banco de dados do KEGG. Ele permite a submissão de dados de uma variedade mais ampla de fontes: seqüências genômicas, resultados de MS-fingerprinting, genes identificados por Microarray. Num primeiro passo, o conjunto de dados submetido é utilizado para gerar uma lista de enzimas candidatas, representando as seqüências e genes submetidos e assim relacionadas a um dado experimento estudado. Na segunda etapa, vias metabólicas de referência originadas do banco de dados do KEGG recebem uma pontuação de acordo com uma maior correlação com a lista de enzimas gerada. Na última etapa, cada via metabólica selecionada pode ser visualizada. Programas de computador necessários foram implementados em linguagem de programação Java e em PHP para permitir o acesso e submissão de dados via Internet. O banco de dados com dados de reações, enzimas, compostos e produtos de reações e mapas metabólicos de referência foram armazenados pelo sistema de gerenciamento de banco de dados MySQL, que também permite a execução de consultas à base de dados por parte dos programas. A presença de determinado gene num genoma não indica necessariamente que ele é expresso nas diferentes situações que a célula, ou tecido, é submetida. Mesmo havendo a expressão gênica, não se tem garantia de que haverá a síntese proteica. Assim, com essa ferramenta, pode-se analisar estas diferenças, no contexto das vias metabólicas, obtendo-se mais informações para um estudo de função de proteínas.

Genes - Genoma - Ferramenta