

169

SISTEMA DE PADRONIZAÇÃO DE BANCOS DE DADOS GENÔMICOS. *Rejane Apolo Ferreira, Jean Schmith, Fabiana Herédia, Cláudia K. Barcellos, Ney Lemke, José Carlos M. Mombach* (Laboratório de Bioinformática e Biologia Computacional – UNISINOS).

Nos últimos anos vem ocorrendo um grande aumento no número de seres vivos cujo genoma tem sido seqüenciado. Com isto, um elevado número de dados foi produzido e banco de dados genômicos (GBD) foram construídos para armazenar estas informações. No entanto, encontramos muitas inconsistências nestes GBD, o que dificulta as pesquisas e análises avançadas destes dados. Neste sentido, este trabalho se propõe a construir um sistema de padronização das informações contidas no banco de dados de rotas metabólicas KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes - <http://www.genome.ad.jp/kegg>). Com este objetivo, fez-se um programa utilizando a linguagem PERL, que filtra e armazena organizadamente nomes de genes, enzimas, reações químicas bem como rotas metabólicas, para 93 organismos que encontram-se no KEGG. Com esse sistema de padronização, os dados podem ser utilizados para a construção de grafos, que relacionam diferentes enzimas através dos substratos e produtos utilizados. Este tipo de análise pode, por exemplo, ajudar-nos a identificar uma enzima que poderá ser um bom alvo para fabricação de fármacos. (CNPq, Fapergs, UNIBIB).