



## **799 - EASY BIOINFORMATICS ANALISYS (EBIAN): DESENVOLVIMENTO DE FERRAMENTAS ONLINE PARA ANÁLISES DE BIOINFORMÁTICA** - Luiz

Carlos Bertucci Barbosa (Instituto de Química, UNESP, Araraquara), Ronaldo Souza de Barros (Instituto de Química, UNESP, Araraquara), Saulo Santesso Garrido (Instituto de Química, UNESP, Araraquara), Anderson Garcia (Instituto de Química, UNESP, Araraquara), Davi Barbosa Delfino (Instituto de Química, UNESP, Araraquara), Reinaldo Marchetto (Instituto de Química, UNESP, Araraquara) - [luizbertucci@yahoo.com.br](mailto:luizbertucci@yahoo.com.br)

**Introdução:** Ferramentas computacionais para análise de sequências de ácidos nucleicos e de estruturas primárias de proteínas são fundamentais para os trabalhos de bioquímicos, biólogos moleculares e bioinformatas. Java Script é uma linguagem orientada a objetos que é interpretada pela maioria dos navegadores de internet atuais. Em conjunto com as linguagens HTML e CSS, Java Script permite o desenvolvimento de várias ferramentas simples de bioinformática para manuseio de arquivos e análise de sequências de ácidos nucleicos e de proteínas ou peptídeos. **Objetivos:** Este trabalho de extensão, que foi iniciado em janeiro de 2009 no Instituto de Química de Araraquara, visa o desenvolvimento de ferramentas online de bioinformática rotineiramente usadas em análises *in silico*. O projeto também visa o desenvolvimento de programas inéditos, bem como o aprimoramento de ferramentas já consagradas até o momento. **Métodos:** No desenvolvimento deste trabalho, as linguagens HTML e CSS estão sendo utilizadas para a criação e formatação das páginas web, respectivamente. A linguagem Java Script está sendo usada no desenvolvimento dos scripts que formatam e manipulam os dados do usuário. **Resultados:** Até o momento 11 ferramentas foram desenvolvidas com êxito e as mesmas estão documentadas e referenciadas a partir de um site principal denominado Easy Bioinformatics Analisys (EBiAn). As ferramentas desenvolvidas permitem a conversão de arquivos GenBank e EMBL, comumente utilizados nos principais bancos de dados biológicos, para o formato FASTA. Além disso, ferramentas para conversões de sequências de proteínas em código de uma letra para código de três letras (e vice versa) e as primeiras versões dos principais programas de manipulação de sequências de DNA (realizando transcrição, tradução, complemento e análise com enzimas de restrição) já estão disponíveis no site. Ainda no âmbito das classes de biomoléculas peptídicas e de proteínas, ferramentas de verificação de sítios de clivagem proteolítica e de cálculo das massas dos respectivos fragmentos gerados, bem como um programa de criação de sequências peptídicas, já estão com suas primeiras versões prontas. As ferramentas do EBiAn podem ser acessadas no sítio <http://www.iq.unesp.br/EXTENSAO/EBiAn/html/ebian.html>