

Rodrigo Teixeira Silva

Proposta de Sistema Web para a Área de Biotecnologia Vegetal na
Universidade Federal de Lavras

Monografia de graduação apresentada ao
Departamento de Ciência da Computação
da Universidade Federal de Lavras como
parte das exigências do curso de Ciência
da Computação para a obtenção do título
de Bacharel em Ciência da Computação.

Lavras

Minas Gerais – Brasil

2007

Rodrigo Teixeira Silva

Proposta de Sistema Web para a Área de Biotecnologia Vegetal na
Universidade Federal de Lavras

Monografia de graduação apresentada ao Departamento de Ciência da Computação da Universidade Federal de Lavras como parte das exigências do curso de Ciência da Computação para a obtenção do título de Bacharel em Ciência da Computação.

Áreas de Concentração:
Sistemas de Informação, Banco de Dados e Engenharia de Software

Orientador:
Prof. Ricardo Martins de Abreu Silva

Lavras

Minas Gerais – Brasil

2007

Ficha Catalográfica preparada pela Divisão de Processo Técnico da Biblioteca Central da UFLA

Silva, Rodrigo Teixeira

Proposta de Sistema Web para a Área de Biotecnologia Vegetal na Universidade Federal de Lavras/ Rodrigo Teixeira Silva – Minas Gerais, 2007, 35 p.: il.

Monografia de Graduação – Universidade Federal de Lavras. Departamento de Ciência da Computação.

1. Bioinformática. 2. Gestão de Conteúdo Web. 3. Biotecnologia. I. SILVA, R. T. II. Universidade Federal de Lavras. III. Título.

Rodrigo Teixeira Silva

Proposta de Sistema Web para a Área de Biotecnologia Vegetal na
Universidade Federal de Lavras

Monografia de graduação apresentada ao
Departamento de Ciência da Computação
da Universidade Federal de Lavras como
parte das exigências do curso de Ciência
da Computação para a obtenção do título
de Bacharel em Ciência da Computação.

Aprovada em 22 de março de 2007

Prof. Luciano Vilela Paiva

Prof. Thiago de Souza Rodrigues

Prof. Antonio Chalfun Júnior

Prof. Ricardo Martins de Abreu Silva
(Orientador)

Lavras
Minas Gerais – Brasil

*Dedico este trabalho à minha mãe.
Tudo que sou hoje, devo a ela*

AGRADECIMENTOS

Agradeço,

A Deus.

À pessoa mais importante do mundo, Helenice, minha mãe, a ela devo minha vida. Sou muito grato pelos ensinamentos e conselhos, por todas as vezes que me senti perdido e ela me amparou.

Aos parentes e amigos que sempre tiveram uma palavra de incentivo na minha longa caminhada.

A todos os meus companheiros de repúblicas, obrigado pelas risadas e farras.

Aos colegas de sala, pela atenção, ajuda e companheirismo, em especial ao Nelton e Luca que não era da minha turma mas foi igualmente importante.

A todo o pessoal do Laboratório Central de Biologia Molecular, lá fiz amigos, aprendi muito e despertei meu interesse pela Bioinformática.

Por último, ao meu orientador, o professor Ricardo Martins de Abreu Silva, que me auxiliou a realizar este trabalho e a todos os outros professores do Departamento de Ciência da Computação da UFLA.

PROPOSTA DE SISTEMA WEB PARA A ÁREA DE BIOTECNOLOGIA NA UNIVERSIDADE FEDERAL DE LAVRAS

RESUMO

Este trabalho apresenta o desenvolvimento de um sistema de gestão de conteúdo para a Área de Biotecnologia Vegetal na Universidade Federal de Lavras. A importância em poder encontrar em um só local as ferramentas de Bioinformática e bancos de dados biológicos mais utilizados levou a criação deste sistema web. O entendimento de conceitos de Bioinformática e gestão de conteúdo web tornou-se essencial para a concepção deste trabalho. Este sistema web traz grande auxílio aos seus usuários na utilização de ferramentas de Bioinformática e acesso a bancos de dados biológicos, bem como proporciona a troca de informações e conhecimento sobre pesquisas na área.

Palavras-chave: Bioinformática, gestão de conteúdo web, Biotecnologia.

SUGGESTION OF SYSTEM WEB FOR THE AREA OF BIOTECHNOLOGY IN THE FEDERAL UNIVERSITY OF LAVRAS

ABSTRACT

This work presents the development of a content management system for the Area of Biotechnology in the Federal University of Lavras. The importance to be able to find in one place the Bioinformatics tools and the most used biological data bases took to the creation of this web system. The comprehension about Bioinformatics concepts and content management web became essential to this work conception. This web system brings important support to its users in using the Bioinformatics tools biological data bases, as well as it provides the exchange of information and knowledge on research in the area.

Key-words: Bioinformatics, content management web, Biotechnology.

Sumário

LISTAS DE FIGURAS.....	X
1 INTRODUÇÃO.....	1
1.1 CONTEXUALIZAÇÃO E MOTIVAÇÃO.....	1
1.2 OBJETIVO	2
2 REFERENCIAL TEÓRICO	3
2.1 BIOINFORMÁTICA	3
2.2 FERRAMENTAS DE BIOINFORMÁTICA	6
2.2.1 Alinhamento e busca de seqüência.....	6
2.2.2 Predição de genes	7
2.2.3 Alinhamento múltiplo de seqüências.....	7
2.2.4 Análise filogenética.....	8
2.2.5 Extração de padrões e perfis de dados de seqüências.....	8
2.2.6 Análise de seqüências de proteínas	8
2.2.7 Predição da estrutura protéica	8
2.2.8 Análise de genomas completos	9
2.2.9 Design de primers.....	9
2.2.10 Análise de Proteoma.....	9
2.3 PORTAL WEB	10
2.3.1 Portal Web de Bioinformática	12
3 METODOLOGIA	13
3.1 TIPOS DE PESQUISA.....	13
3.2 PROCEDIMENTOS	13
3.2.1 MySQL.....	13
3.2.2 TomCat.....	14
3.2.3 Xampp	14
3.2.4 Xoops.....	14
3.2.5 Bancos de Dados e Ferramentas de Bioinformática	15
3.2.6 Estrutura do portal	Erro! Indicador não definido.
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	21
4.1 RESULTADOS	21
4.2 DISCUSSÃO DOS RESULTADOS	22
4.3 TRABALHOS FUTUROS	23

5 CONCLUSÃO	24
ANEXO	25
ANEXO A	25
ANEXO B	31
REFERENCIAL BIBLIOGRÁFICO	34

Índice de Figura

Figura 3.1 Estrutura do portal.....	17
Figura 7.1 Painel de controle do Xampp	25
Figura 7.2 Página de configuração do Xampp	25
Figura 7.3 Página de instalação do Xoops.....	26
Figura 7.4 Página de criação do login do administrador	26
Figura 7.5 Página de gerenciamento dos módulos	26
Figura 7.6 Página de gerenciamento dos blocos.....	27
Figura 7.7 Página de configuração do fórum	27
Figura 7.8 Página de configuração de parceiros e projetos	27
Figura 7.9 Fluxograma do visitante.....	28
Figura 7.10 Fluxograma do usuário.....	29
Figura 7.11 Fluxograma do administrador	30
Figura 7.12 Parte do sistema do fluxograma do administrador	31
Figura 7.13 Página inicial do portal	31
Figura 7.14 Página de login.....	32
Figura 7.15 Página de login efetuado com sucesso	32
Figura 7.16 Página da seção de web links	33

1 INTRODUÇÃO

1.1 Contextualização e Motivação

Da interação das espécies e populações às funções dos tecidos e células em um organismo individual, a biologia é definida como o estudo dos seres vivos. Nesse estudo, os biólogos coletam e interpretam dados. Agora no início do século 21, usamos tecnologia sofisticada, o que permite uma coleta de dados mais rápida do que a sua interpretação. Há grandes volumes de dados de seqüências de DNA ao nosso alcance. Mas como descobrir quais partes desse DNA controla os vários processos químicos da vida? Conhecemos a função e a estrutura de algumas proteínas, mas como determinar a função de novas proteínas? Como prever a aparência de uma proteína com base no conhecimento da sua seqüência? Entendemos o código relativamente simples que traduz o DNA em proteína. Mas como achar novas palavras com significado no código e adicioná-las ao dicionário proteína-DNA? A Bioinformática é a ciência que usa as informações para entender a biologia, ou seja, é a ferramenta que se pode usar como auxílio para solucionar estes problemas.

Atualmente a Bioinformática utiliza os mais variados algoritmos, bancos de dados, interfaces de usuário e ferramentas estatísticas que possibilitam realizar tarefas de enorme interesse e gerar resultados significativos mas que, no entanto, encontram-se distribuídos em diferentes endereços pela Internet. Essas ferramentas também oferecem a oportunidade de interpretar maior quantidade de dados e atribuir significado onde não existe nenhum. Não se pode exagerar a importância do entendimento das limitações dessas ferramentas, mas após entendê-las e tornar-se um consumidor inteligente dos métodos de Bioinformática, a velocidade com que sua pesquisa progride pode ser realmente incrível.

Neste contexto, é vantajoso para um biólogo poder encontrar todas estas ferramentas, num só local. Diminuindo a necessidade de navegar por diversos sites a procura das ferramentas necessárias. Visto que a praticidade e a economia de tempo são fatores de suma importância em qualquer pesquisa científica.

1.2 Objetivo

Esta monografia tem por objetivo aplicar as áreas de Sistemas de Informação, Banco de Dados e Engenharia de Software no desenvolvimento de um sistema web para a Área de Biotecnologia Vegetal na Universidade Federal de Lavras. Desenvolver um portal haja vista a sua contribuição para os pesquisadores no acesso a banco de dados e utilização de demais ferramentas computacionais referentes à Bioinformática, além dos demais ganhos que um sistema web pode proporcionar aos usuários, como a troca de informações e conhecimento.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Bioinformática

A Bioinformática combina conhecimentos de química, física, biologia e ciência da computação para processar dados biológicos. Para tratar os dados existentes é necessário desenvolver softwares para identificar genes, prever a configuração tridimensional de proteínas, identificar inibidores de enzimas, organizar e relacionar informação biológica, simular células biológicas, agrupar proteínas homólogas, montar árvores filogenéticas, analisar experimentos de avaliação da expressão gênica dentre outro sem número de aplicações [1].

Assim, empregando-se a matemática, estatística, a informática e a ciência da computação, a biologia tem sido estudada e entendida, principalmente no aspecto das moléculas. A importância da Bioinformática está em extrair a informação biológica contida nas seqüências de DNA. Utilizando a Bioinformática é possível comparar seqüências de aminoácidos e pesquisar as funções da proteína codificada, e por vezes inferindo até sua localização celular, ou mesmo a via metabólica que ele participa [2].

Informações sobre função e hereditariedade do organismo são armazenadas como DNA, RNA e proteínas. O ácido desoxirribonucleico, DNA, é considerado a molécula fundamental da maioria dos seres vivos. É ele que contém todas as informações genéticas de cada indivíduo, e que tem a capacidade de transmiti-las à sua descendência. É uma molécula grande, formada por repetições de apenas quatro unidades básicas, o que a tornou uma forte candidata a ser o material hereditário desde que foi identificada. Watson e Crick, em 1953, publicaram na revista Nature uma descrição completa das propriedades da molécula e foram os primeiros a sugerir sua função. As quatro unidades básicas do DNA são os nucleotídeos: Adenina (A), Citosina(C), Guanina (G) e Timina (T). Timina e Citosina são pirimidinas; Adenina e Guanina são purinas. O DNA é formado por uma fita de nucleotídeos ligados em ordens diversas e outra fita complementar, ou seja, com nucleotídeos que se encaixem na outra fita: A com T e C com G. Essas duplas formadas são chamadas pares de bases. O DNA tem duas funções básicas: Replicação (responsável pela hereditariedade) e Transcrição (de genes, para fornecer mensagens). O RNA resultante pode ser de três tipos: mRNA (mensageiro), rRNA (ribossômico) e tRNA (transportador). Juntos, eles realizam a Tradução, que dá como produto final um polipeptídeo de cada gene.

Polipeptídeos podem ser proteínas ou parte delas, e são a parte ativa e funcional da célula. Assim, o DNA, RNA e proteínas podem ser representadas por seqüências de símbolos. Essas seqüências podem ser comparadas para localizar semelhanças que sugerem uma relação das moléculas pela forma ou função.

A comparação seqüencial é possivelmente a ferramenta computacional mais útil para os biólogos moleculares. A Web possibilita que um único banco de dados público de seqüências de genoma ofereça serviços por meio de uma interface uniforme com uma comunidade mundial de usuários. Com um programa de computador comum, chamado BLAST, um biólogo molecular pode comparar uma seqüência de DNA desconhecida com a coleção publica completa de seqüências de DNA públicas.

No fim dos anos 80, os rápidos programas de computador para comparar seqüências mudaram a biologia molecular para sempre. A comparação entre pares de base de seqüências biológicas é o princípio das técnicas de Bioinformática mais amplamente usadas. Muitas ferramentas amplamente disponibilizadas para a comunidade da biologia – incluindo desde alinhamento múltiplo, análise filogenética, identificação de motivos e software de modelagem por homologia, até serviços de pesquisa em bancos de dados na Web – contam com os algoritmos de comparação de pares de seqüências como o principal elemento da sua função.

Atualmente, um biólogo pode encontrar dúzias de combinações de seqüências em segundos, utilizando programas de alinhamento de seqüências como o BLAST. Esses programas são utilizados com tanta freqüência que o primeiro contato com as ferramentas de Bioinformática e com os bancos de dados biológicos provavelmente será por meio da interface de Web.

Muitos procedimentos hoje que fazem parte da Bioinformática - comparação de seqüências, pesquisa em bancos de dados, análise de seqüências - são bem mais complexos do que apenas projetar e preencher banco de dados. A ciência quantitativa interage com a biologia em todos os níveis, desde a análise de dados de seqüências e da estrutura protéica, até a modelagem metabólica, a análise quantitativa das populações e a ecologia [2].

A Bioinformática é antes de qualquer coisa um componente das ciências biológicas. O principal objetivo dessa disciplina não é desenvolver algoritmos mais elegantes ou análises mais fantásticas. Seu propósito é descobrir como os seres vivos funcionam. Assim como os métodos da biologia molecular, que expandiram imensamente o espectro do que os biólogos podem estudar, a Bioinformática é uma ferramenta e não um fim em si mesma.

Os especialistas em Bioinformática são construtores de ferramentas, sendo muito importante que conheçam os problemas biológicos, bem como as soluções computacionais, para que possam produzir ferramentas úteis.

A pesquisa em Bioinformática abrange desde a representação matemática de características de um sistema biológico até a implementação de novos algoritmos para análise de dados e o desenvolvimento de bancos de dados e ferramentas para Web.

O aspecto funcional da Bioinformática é a representação, o armazenamento e a distribuição de dados. Projetos inteligentes de formatos e bancos de dados, criação de ferramentas para consultar esses bancos de dados e o desenvolvimento de interfaces de usuários que juntem ferramentas diferentes para permitir que o usuário faça perguntas complexas sobre os dados, são todos os aspectos do desenvolvimento da infra-estrutura da Bioinformática.

O objetivo da biologia, na era dos projetos genoma, é desenvolver um entendimento quantitativo de como os seres vivos são formados com base no genoma que os codifica.

Quebrar o código do genoma é uma tarefa complexa. No nível mais simples, ainda é difícil identificar os genes desconhecidos pela análise de computador da sequência genômica.

Além do nível da simples molécula, os desafios são imensos. A quantidade de dados está crescendo em ritmo exponencial, e à medida que os tipos de dados além do DNA, do RNA e da sequência de proteínas começam a sofrer o mesmo tipo de explosão, simplesmente gerenciar, acessar e apresentar esses dados aos usuários de uma forma inteligível é uma tarefa complicada. Os especialistas na interação homem-máquina precisam trabalhar estreitamente com os pesquisadores acadêmicos e médicos nas ciências biológicas para tratar tal quantidade de dados.

As questões que orientam (e fundam) a pesquisa em Bioinformática são as mesmas questões humanas que vêm sendo trabalhadas na biologia aplicada nas últimas centenas de anos. Como curar doenças? Como prevenir infecções? Como produzir alimento suficiente para a humanidade toda? As empresas no ramo de desenvolvimento de remédios, produtos químicos para agricultura, plantas híbridas, plásticos e outros derivados de petróleo, e as abordagens biológicas da recuperação ambiental entre outras, estão desenvolvendo novas divisões da Bioinformática e utilizando-a para fornecer novas metas e ajudar a substituir os recursos naturais escassos.

A existência dos projetos genoma indica a nossa intenção para o uso dos dados que eles geram. Os objetivos implícitos da biologia molecular moderna são, de maneira simplificada, ler os genomas completos de todos os seres vivos, identificar cada gene, combinar cada gene com a proteína que ele codifica e determinar a estrutura e a função de cada proteína. A expectativa é de que o conhecimento detalhado da seqüência gênica, da estrutura e da função da proteína, e dos padrões de expressão do gene nos forneça a habilidade de entender como a vida funciona do modo mais exato possível. Está implícita nessa expectativa a habilidade de manipular os seres vivos com precisão e exatidão.

2.2 Ferramentas de Bioinformática

A pesquisa em biologia molecular é uma área em rápida expansão. A quantidade e o tipo de dados que podem ser reunidos está crescendo muito, e a tendência de armazenar esses dados em bancos de dados públicos está ultrapassando os limites das seqüências genômicas para todos os outros tipos de dados biológicos. A Bioinformática lida com tais dados experimentais, procurando identificar padrões com relevância biológica. Desta forma, necessita, de diversas noções ligadas à análise exploratória de dados. A Bioinformática é fundamental para análise de dados obtidos experimentalmente. Por isso, desde o início do Projeto Genoma, surgiu um conjunto de ferramentas computacionais para tratar os tipos de dados públicos – DNA, seqüências de proteínas e estrutura protéica. Assim o Projeto Genoma Humano e os projetos de seqüenciamento e identificação funcional de genomas que a ele se seguiram foram o reconhecimento de que, para realizar avanços biotecnológicos sólidos, o conhecimento científico disponível nos anos 1980 e início dos 90 era insuficiente e que o grande avanço da biotecnologia deu-se no desenvolvimento de tais “ferramentas”.

A criação dessas ferramentas possibilitou aos biólogos métodos computacionais para a análise de dados. Abaixo são citados alguns desses métodos [3].

2.2.1 Alinhamento e busca de seqüência

A capacidade de comparar pares de seqüências de DNA ou proteínas, e extrair combinações parciais possibilitou o uso de uma seqüência biológica como uma consulta de banco de dados. A pesquisa baseada em seqüência é outra habilidade importante dos

biólogos. Uma pequena exploração dos bancos de dados biológicos no começo de um projeto freqüentemente permite a economia de muito tempo valioso de laboratório. A identificação de seqüências homólogas fornece uma base para a análise filogenética e para o conhecimento de padrões nas seqüências. A pesquisa com base em seqüência pode ser feita on-line por meio de formulário web, de maneira que não seja necessária nenhuma habilidade computacional especial, mas para julgar a qualidade dos resultados da sua pesquisa, você precisa entender como o método de alinhamento de seqüências subjacente funciona e ir além do simples alinhamento de seqüências para outros tipos de análise.

2.2.2 Predição de genes

A predição de genes é apenas um dos métodos para tentar detectar sinais significativos em seqüências de DNA não caracterizadas. Até recentemente, a maioria das seqüências depositadas no *GenBank*(banco de dados) já estava caracterizada no momento do depósito. Entretanto, agora que os projetos genoma estão em plena atividade, há muitas seqüências de DNA que não estão caracterizadas.

O software para a predição das fases de leitura abertas, genes, sítios de *splicing*, sítios de ligação ao promotor, seqüências repetitivas e genes de tRNA ajuda os biólogos moleculares a darem sentido a esse DNA não mapeado.

2.2.3 Alinhamento múltiplo de seqüências

Os métodos de alinhamento múltiplo de seqüências montam alinhamentos par-a-par para muitas seqüências relacionadas em uma figura de homologia de seqüência entre todos os membros de uma família de genes. Os alinhamentos múltiplos auxiliam a identificação visual de locais em um DNA ou em uma seqüência de proteínas que pode ser funcionalmente importante. Tais locais são normalmente conservados, ou seja, o mesmo aminoácido está presente nesse local em cada um dos grupos das seqüências relacionadas. Os alinhamentos múltiplos também podem ser analisados quantitativamente para extrair informações sobre uma família de genes. Os alinhamentos múltiplos são uma etapa integral na análise filogenética de uma família de seqüências relacionadas, e eles também fornecem a base para identificar os padrões de seqüências que caracterizam famílias de determinadas proteínas.

2.2.4 Análise filogenética

A análise filogenética tenta descrever o relacionamento evolutivo de um grupo de seqüências. Uma árvore filogenética tradicional ou cladograma agrupa espécies em um diagrama que representa sua divergência evolutiva relativa. As ramificações da árvore que ocorrem mais distante da raiz separam as espécies individuais, e as ramificações que ocorrem perto da raiz agrupam as espécies em reinos, filos, classes, famílias, gênero etc.

2.2.5 Extração de padrões e perfis de dados de seqüências

Um motivo é uma seqüência de aminoácidos que define uma subestrutura em uma proteína que pode ser relacionada à função ou estabilidade estrutural. Em um grupo de seqüências de genes relacionadas evolutivamente, os motivos aparecem como sítios conservados. Os locais em uma seqüência gênica tendem a ser conservados - permanecerem os mesmos em todos ou na maioria dos representantes de uma família de seqüências – onde há pressão seletiva contra as cópias do gene que tem mutações nesse local. As partes de menor importância de seqüência gênica irão divergir umas das outras no curso da evolução, assim as regiões de motivo conservado surgem como um sinal num mar de ruído mutacional. Os perfis de seqüências são descrições estatísticas desses sinais de motivos. Os perfis podem ajudar a identificar as proteínas relacionadas, selecionando um sinal de motivo até mesmo em uma seqüência que divergiu radicalmente de outros membros da mesma família.

2.2.6 Análise de seqüências de proteínas

O conteúdo de aminoácidos de uma seqüência de proteínas pode ser usado como base de muitas análises, desde a computação do ponto isoelétrico e do peso molecular da proteína, e os padrões de digestão característicos que se formarão quando um peptídeo for digerido com uma determinada protease, até a predição de características da estrutura secundária e de locais de modificação pós-traducional.

2.2.7 Predição da estrutura protéica

É muito mais difícil determinar a estrutura de uma proteína experimentalmente do que obter os dados da seqüência do DNA. Uma área muito ativa da pesquisa em bioinformática e em biologia computacional é o desenvolvimento de métodos para prever a estrutura protéica com base na seqüência de proteínas. Métodos como a predição da

estrutura secundária e o encadeamento podem ajudar a determinar a maneira como uma proteína pode ser dobrada, classificando-a junto com outras proteínas que têm topologia similar, mas eles não fornecem um modelo estrutural detalhado. O método mais eficaz e prático de previsão de estrutura protéica é a modelagem por homologia – usando uma estrutura conhecida como modelo para dar forma a uma estrutura com uma seqüência similar. Na falta de homologia, não há como prever uma estrutura tridimensional completa para uma proteína.

2.2.8 Análise de genomas completos

Quanto mais e mais genomas são completamente seqüenciados, a análise dos dados brutos de genomas vem se tornando uma tarefa mais importante. Há varias perspectivas de onde é possível examinar os dados de genoma: por exemplo, eles podem ser tratados como uma longa seqüência linear, mas normalmente é mais útil integrar as informações da seqüência do DNA com os dados genéticos existentes e com o mapa físico. Esse procedimento permite a navegação em um genoma muito grande e a localização do que você deseja.

2.2.9 Construção de *primers*

Muitos protocolos de biologia molecular exigem o projeto de *primers* de oligonucleotídeos. O design de *primers* apropriados é importante para o sucesso da PCR (reação em cadeia de polimerase), da hibridização com oligonucleotídeos, do sequenciamento de DNA e dos experimentos de *microarrays*. Os *primers* devem ser hibridizados com o DNA alvo para fornecer uma resposta clara a resposta feita, mas eles também não devem se auto-hibridizar ou dimerizar e não devem ter vários alvos dentro da seqüência sob investigação. Há vários serviços na web para que os usuários submetam uma seqüência de DNA e detectem automaticamente os *primers* apropriados, ou computem as propriedades da seqüência de DNA do *primer* desejado.

2.2.10 Análise de Proteoma

Antes de serem cristalizadas e caracterizadas bioquimicamente, as proteínas são freqüentemente estudadas usando uma combinação de eletroforese em gel, seqüenciamento parcial e espectroscopia em massa. A eletroforese em gel bidimensional pode separar uma mistura de milhares de proteínas em componentes distintos. Os pontos individuais de material podem aparecer como borrões que podem ser recortados do gel e analisados.

Simples ferramentas computacionais podem fornecer algumas informações para auxiliar no processo de análise de misturas de proteínas. É fácil computar o peso molecular e o pH de uma seqüência de proteína. Usando esses valores combinados, conjuntos de possíveis candidatos podem ser encontrados para cada ponto em um gel. Também é possível computar, com base em uma seqüência de proteínas, a “impressão digital” do peptídeo, que é criada quando essa proteína é quebrada em fragmentos pelas enzimas com sítios específicos de clivagem de proteína. A análise de espectrometria de massa dos fragmentos de proteínas pode ser comparada às impressões digitais do peptídeo computadas para restringir ainda mais a pesquisa.

2.3 Portal Web

Com os inúmeros avanços tecnológicos, ocorre o excesso de informações, sendo imprescindível a aplicação da gestão da informação para administrar esse caos informacional do mundo digital. Muitas vezes as informações estão armazenadas em equipamentos de informática de forma não integrada, espalhadas em seus bancos de dados, dificultando seu acesso e, conseqüentemente, o desempenho das atividades necessárias ao pleno funcionamento da instituição. Devido à proliferação de arquivos eletrônicos produzidos individualmente pelos usuários, sem o intuito de compartilhamento de informações, e de várias aplicações de bancos de dados, desenvolvidas ao longo do tempo para atender a demandas específicas, falta assim, uma visão global de seus próprios dados e informações [4].

São vários os benefícios associados aos portais web. Dentre esses benefícios, se destaca a facilidade de acesso às informações distribuídas nos diversos sistemas, arquivos e bases de dados institucionais. Para conseguir concretizar esse benefício, é fundamental que o projeto do portal leve em consideração a interação dos usuários com sua interface. Sua capacidade de facilitar o acesso dos usuários às informações institucionais está intrinsecamente relacionada à facilidade de uso, aprendizado e satisfação do usuário, isto é, à usabilidade de sua interface web.

Há três ou quatro anos, o que hoje é chamado de portal era conhecido como máquina de busca, cujo objetivo era facilitar o acesso às informações contidas em documentos espalhados pela Internet. Inicialmente, as máquinas de busca possibilitavam ao usuário da Internet localizar documentos a partir de pesquisas booleanas e navegação associativa entre links. Para reduzir ainda mais o tempo de busca na Internet e auxiliar os

usuários menos experientes, vários sites de busca incluíram categorias, isto é, passaram a filtrar sites e documentos em grupos pré-configurados de acordo com seu conteúdo - esportes, meteorologia, turismo, finanças, notícias, cultura etc. O passo seguinte foi a integração de outras funções, como, por exemplo, as comunidades virtuais e suas listas de discussão, chats em tempo real, possibilidade de personalização dos sites de busca e acesso a conteúdos especializados e comerciais. Essa nova concepção de máquina de busca é que passou a ser chamada de portal [5].

É possível identificar-se as seguintes fases do progresso do portal web: pesquisa booleana, navegação por categorias, personalização e, por fim, funções expandidas para outras áreas dos mundos informacionais e comerciais. Essa evolução dos portais web, ou portais públicos, chamou a atenção da comunidade corporativa, a qual vislumbrou a possibilidade de utilização dessa mesma tecnologia para organizar e facilitar o acesso às informações e recursos.

Alguns dos requisitos importantes de um portal:

- habilidade de gerenciar o ciclo de vida das informações, estabelecendo níveis hierárquicos de armazenamento e descartando as informações ou documentos quando não mais necessários;
- capacidade de localizar especialistas na organização, de acordo com o grau de conhecimento exigido para o desempenho de alguma tarefa;
- habilidade de satisfazer as necessidades de informação de todos os tipos de usuários da organização;
- possibilidade de troca de informações com clientes, fornecedores, revendedores etc., fornecendo uma infra-estrutura informacional adequada também para o comércio eletrônico.

Os sistemas de gerenciamento de conteúdo, tendo como "ancestrais" os sistemas de suporte à decisão e os sistemas de informações gerenciais, são o próximo passo no desenvolvimento de interfaces de usuário às informações corporativas. Adaptando o ambiente organizacional para atender às necessidades dos usuários e otimizar a interação, a distribuição e a gerência dos recursos informacionais internos e externos, o portal permite que os usuários acessem as informações corporativas de forma mais ágil e personalizada, resultando, teoricamente, em aumento de produtividade, redução de custos e aumento de competitividade da organização.

Sua capacidade de facilitar o acesso dos usuários às informações institucionais está intrinsecamente relacionada à facilidade de uso, aprendizado e satisfação do usuário com sua interface web. Para conseguir concretizar esse benefício, portanto, é fundamental que o projeto do portal corporativo leve em consideração a interação dos usuários com sua interface e tenha como objetivo minimizar seus problemas de usabilidade.

A proposta de uma tecnologia de aplicação de métodos de avaliação de usabilidade, adaptada ao contexto de portais, portanto, será útil para qualquer instituição que mantenha informações sob a forma digital, disponíveis a partir da interface web de seu portal, servindo como orientação e como prova prática das vantagens e desvantagens dos métodos de avaliação utilizados na identificação de problemas de usabilidade.

2.3.1 Portal Web de Bioinformática

Sistemas de gerenciamento de conteúdo na área de Bioinformática vem cooperar na ampliação e implementação do conhecimento nesta área de pesquisa, abordando questões relevantes para a elaboração de ações estratégicas para facilitar a elaboração e execução de projetos de interesse da área. Estes portais tem os seguintes objetivos:

- Favorecer o acesso a recursos de bioinformática;
- Desenvolvimento profissional e institucional para capacitação em Bioinformática;
- Realização de atividades de aprimoramento técnico-científico;
- Integração das atividades de um núcleo de pesquisa com iniciativas semelhantes de outros núcleos para promoção do desenvolvimento científico;
- Promover transferência de tecnologia.

Como exemplos destes portais podemos citar o MIPS (Munich Information Center of Protein Sequences) que o centro de informações sobre seqüências de proteínas de Munich, na Alemanha e Wageningen Bioinformatics Webportal que é o portal de bioinformática da Universidade de Wageningen, na Holanda [6 e 7].

3 METODOLOGIA

3.1 Tipos de Pesquisa

Segundo [8] e observando o método científico tem-se que este projeto é de natureza aplicada, com objetivos de caráter exploratório, utilizando procedimentos experimentais.

A pesquisa é de natureza aplicada pois objetiva a aplicação dos conhecimentos básicos na geração de novos produtos, processos, patentes e serviços. Constitui-se como exploratória porque visa a descoberta de teorias e práticas que modificarão as existentes – inovações tecnológicas. É experimental devido a busca de descobrir novos materiais, métodos, técnicas, protótipos de software – ensaios e estudos de laboratório, modelagem, simulação e sistemas.

3.2 Procedimentos

Primeiramente foi feito um levantamento das ferramentas e de seus respectivos sites já existentes com relação a Bioinformática. Deste modo foi possível conhecer melhor o estado da arte.

Concomitantemente, realizou-se um estudo da tecnologia Xoops usada para gestão de conteúdo web. Utilizamos esta tecnologia para a implementação do portal.

Após esta fase inicial de aquisição de conhecimento, iniciou-se a fase de desenvolvimento. Onde se criou uma modelagem do sistema antes de começar a implementação.

A primeira parte do projeto relativo ao portal requeri a seguinte estrutura: banco de dados MySQL, servidor TomCat, administrados através da ferramenta Xampp, sistema de gestão de conteúdo Xoops e ferramentas de Bioinformática.

3.2.1 MySQL

O MySQL é um sistema de gerenciamento de banco de dados (SGBD), que utiliza a linguagem SQL (Structured Query Language - Linguagem de Consulta Estruturada) como interface. É atualmente um dos bancos de dados mais populares, com mais de 4 milhões de instalações pelo mundo. Suas principais características são a portabilidade, compatibilidade, pouco exigente em termos de recursos de hardware e é um software livre [9].

3.2.2 TomCat

O software Tomcat, desenvolvido pela Fundação Apache, permite a execução de aplicações para web. Sua principal característica técnica é estar centrada na linguagem de programação Java, mais especificamente nas tecnologias de Servlets e de Java Server Pages (JSP). Esta abordagem rivaliza, por exemplo, com a usada pela Microsoft com o ASP (baseada na linguagem Visual Basic).

A Fundação Apache, mais conhecida pelo seu servidor web de mesmo nome, permite, como no caso do servidor Apache, que o TomCat seja usado livremente, seja para fins comerciais ou não.

O Tomcat está escrito em Java e, por isso, necessita que a versão Java 2 Standard Edition (J2SE) esteja instalada no mesmo computador onde ele será executado. No entanto, não basta ter a versão runtime de Java instalada, pois o Tomcat necessita compilar (e não apenas executar) programas escritos em Java. O projeto Jakarta da Fundação Apache, do qual o subprojeto Tomcat é o representante mais ilustre, tem como objetivo o desenvolvimento de soluções código aberto baseadas na plataforma Java [10].

3.2.3 Xampp

Consiste numa ferramenta Open Source que apresenta uma série de programas compilados e já pré-configurados para você baixar, descompactar e utilizar. Dentre estes programas podemos citar o Apache e Mysql. E o mais interessante desta ferramenta é que todos os arquivos de configuração estão em uma única pasta prontos para serem alterados e depois ao reiniciar o servidor ele estará de acordo com as necessidades do usuário. [11].

3.2.4 Xoops

XOOPS é um poderoso, flexível e fácil de usar Sistema de Gerenciamento de Conteúdo, mais conhecido pelo acrônimo inglês CMS - Content Management System. Quando instalado em um servidor web com PHP e o banco de dados MySQL, o sistema possibilita a criação e administração de sites totalmente dinâmicos, revelando-se uma ferramenta excelente para a construção dos mais variados tipos de portais, e contando ainda com diversos recursos modulares, como administração de associados, troca simples de layout, além da inserção e administração visual de conteúdos. Todas estas ações são efetuadas através de uma interface web simples e funcional, deixando aos administradores, praticamente só a tarefa de gerenciar o conteúdo do site [12].

A palavra XOOPS (pronuncia-se "czups") é um acrônimo de "eXtensible Object Oriented Portal System". O XOOPS foi concebido sob os termos da GNU - General Public License - GPL (Licença Pública Geral), o que significa que você pode usá-lo e modificá-lo livremente, desde de que de acordo com os termos da referida licença.

Depois de instalado, um website em XOOPS pode ser gerenciado sem a necessidade de ferramentas externas ou conhecimentos avançados de tecnologias da Internet.

A vantagem de se utilizar o XOOPS Portal é a adaptação do site às necessidades de cada projeto. O programa é dividido em módulos, que podem ser adicionados ou retirados, conforme a vontade do administrador.

Dentre os módulos disponíveis destacam-se o módulo de notícias, enquetes e votações, fórum, artigos, downloads, links, entre outros.

O painel de controle do Xoops é o cérebro do site. Todas as decisões relacionadas ao gerenciamento do portal são tomadas aqui.

Para ter acesso à área de controle do Sistema XOOPS Portal, o primeiro passo é logar-se no sistema. Utiliza-se um nome de usuário e senha. Estas informações estão cadastradas no banco de dados do site.

Após logar-se, o usuário acessa a página de controle, ou painel de controle. Nesta página estão as áreas de administração de todos os módulos instalados no site.

O cuidado com o acesso a esta área deve ser de extrema importância já que o acesso de pessoas estranhas pode prejudicar o bom andamento do portal, assim o administrador deve ser cuidadoso ao delegar permissões aos usuários do portal.

3.2.5 Bancos de Dados e Ferramentas de Bioinformática

Todas estas ferramentas e bancos de dados mais utilizados nas pesquisas da área de Biotecnologia estão disponíveis no portal, divididas de acordo com os seguintes tópicos, na sessão de web links: Banco de Dados de Nucleotídeos e Proteínas, Banco de Dados de Genoma, Alinhamento, Predição de Genes, Predição de Estrutura, Vias metabólicas, Análise Filogenética, Padrões, Desenho de Primers, Estrutura Molecular, Chips de DNA e Análise de Genoma [13].

Aqui estão alguns exemplos de ferramentas e bancos de dados que podem ser encontrados no portal:

- NCBI (National Center for Biotechnology Information) - Bancos de dados (BD) públicos, pesquisa em biologia computacional, desenvolvimento de programas para analisar dados do genoma e disseminação de informação biomédica [14].
- SWISS-PROT (Protein Knowledgebase) - BD de seqüências de proteínas curado - alto nível de anotação, mínimo de redundância e alto de integração com outros BDs [15].
- TC (Transport Commission) - Sistema de classificação para proteínas de transporte de membrana conhecido como sistema TC [16].
- GO (Gene Ontology Consortium) - Vocabulário de produtos de genes dinâmico controlado com potencial de ser aplicado a todos os organismos [17].
- AMIGO (GO Browser from BDGP) - Busca um termo GO e mostra todos os produtos de gene anotados para este, ou procura por produto de gene e mostra suas associações [18].
- NCBI BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) - Programas de busca de similaridade projetados para explorar todas as bases de dados disponíveis de seqüências de proteínas ou DNA [19].
- OrfFinder (Open Reading Frame Finder) - Ferramenta gráfica da análise que encontra ORFs em uma seqüência do usuário ou em uma seqüência já existente no banco de dados [20].
- KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes) - Acesso via informática do conhecimento de biologia celular e molecular da interação de moléculas ou genes [21].
- MetaMEME (Motif-based hidden markov modeling of biologicals) - Kit de ferramentas para construção e utilização de modelos baseados em motivos de DNA e proteínas. Localização de motivos em grupos de seqüências de DNA ou proteínas relacionadas / busca em banco de dados [22].
- PFAM (Pfam database of protein domains and HMMs) - Coleção de alinhamentos múltiplos de seqüências e de modelos cobrindo os mais comuns domínios de proteínas [23].

Para implementação, utilizamos um Pentium IV, de 2,4 GHz, 512 mega bytes de memória ram, com sistema operacional Windows XP. Realizamos os testes preliminares e após a verificação de que os softwares estavam funcionando neste ambiente, construímos os primeiros protótipos do portal.

3.2.6 Estrutura do Portal

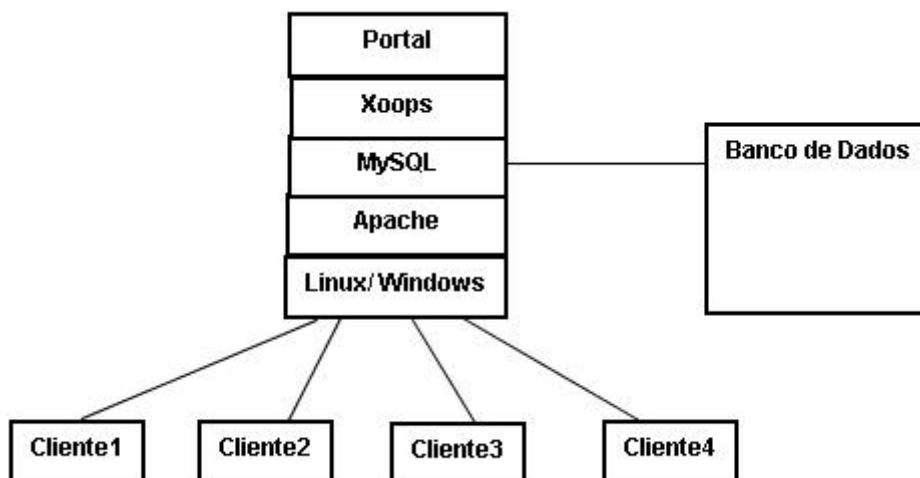


Figura 3.1 Estrutura do portal

Primeiramente é necessário a existência de um sistema operacional rodando na máquina, podendo tanto ser Linux como Windows. O nosso foi desenvolvido no Windows. Para que nossa máquina funcionasse como um servidor foi instalado o software Apache TomCat já descrito acima e também foi utilizada como sistema de gerenciamento do nosso banco de dados o software MySql. A administração e configuração destes dois importantes softwares para o funcionamento do portal foi obtida através da ferramenta Xampp.

Após baixar o Xampp, deve-se iniciar sua instalação de maneira normal como em qualquer outro software. Não existe nada de mais, primeiramente escolhe-se a linguagem de instalação, aceita-se os termos da licença de uso e escolhe-se onde ele ficará instalado. Após feito isso clica-se na opção terminar e se reinicia o computador. Será criado um painel de controle do Xampp, como pode ser visto na figura 7.1 do Anexo A na página 26, nele é iniciado o Apache e MySql. É necessário verificar o Firewall do Windows, Norton ou quaisquer programas que possuam anti-vírus, pois os mesmos bloqueiam o Apache e MySql. Pode desbloquear o Firewall sem problemas. Com relação à segurança, pode-se ficar tranquilo, a não ser que a máquina esteja aberta, ou seja, o modem adsl com as portas liberadas.

Agora se deve abrir o navegador e digitar o seguinte endereço: <http://localhost/xampp>, aparecerá a tela, figura 7.2 do Anexo A na página 27. Clique na opção Security, onde será criada a senha do banco de dados, lembrando sempre que o nome do usuário é root. Pronto, o Xampp está configurado, agora resta fazer a instalação do xoops.

Primeiro é necessário entrar em C:\apachefriends\xampp\htdocs, aqui vamos criar uma pasta, com nome definido por nós mesmos, e dentro dessa pasta vamos copiar todos arquivos que estão dentro da pasta html do xoops.

Lembrando que esse nome será o nome que vamos digitar o nosso navegador para acessar o nosso site em localhost. Por exemplo: se nome da pasta é xoops

<http://localhost/xoops>.

Após criarmos a pasta e copiar todos os arquivos, dê permissão de escrita no arquivo mainfile.php. O próximo passo é entrar novamente no nosso navegador e digitar o seguinte endereço: <http://localhost/nomedasuapasta/install>.

Feito isso, aparecerá a tela, figura 7.3 do Anexo A na página 27.

Aqui você escolherá a linguagem e irá clicando em prosseguir conferindo os dados existentes nas telas subseqüentes até que você criará o banco de dados e aparecerá a tela, figura 7.4 do Anexo A na página 27. Nesta tela você preencherá os dados solicitados, lembrando que esse nome de usuário e senha, são os que vamos usar para acessar o portal como administrador. Clicando em prosseguir você chegará a página inicial do portal, mas antes de logar, entre no endereço: C:\apachefriends\xampp\htdocs\nomedasuapasta, vamos localizar o arquivo mainfile.php e dar somente permissão de leitura para o mesmo, e vamos localizar a pasta install e vamos apagar a mesma. Agora o Xoops já está instalado, agora vamos a parte de configuração do Xoops.

Esta é a parte onde deixamos o portal com a nossa configuração desejada. Primeiramente, vamos entrar no site, com a nossa senha de administrador, entrar em administração, com a seguinte tela, figura 7.4 do Anexo A na página 27.

Na administração do sistema, entrando em configurações gerais, você pode mudar opções como:

- Nome do portal, o nosso passou a ser Portal da Biotecnologia Vegetal da Universidade Federal de Lavras;
- Slogan do portal, A Biotecnologia perto de você;
- E-mail do administrador;
- Fuso horário;
- Temas.

A parte de temas é muito importante porque foi criado um tema especial para o nosso portal o RMBio, então agora explicaremos como adicionar o seu *layout* (tema) ao Xoops. Crie uma pasta com o nome do seu tema, fatie o seu tema de acordo como estão

recortados os temas já existentes no Xoops. Fazendo estes recortes com as dimensões corretas, você poderá colocar o seu tema dentro da pastas themes e as imagens vão ser carregadas de maneira correta. Depois disso é só selecionar o seu tema nas configurações gerais.

Ao entrar na parte de configurações de usuários, alteramos:

- Tamanho máximo e mínimo das senhas dos usuários cadastrados;
- Tamanho máximo do nome de usuário;
- Modo de ativação do cadastro do usuário, sendo de responsabilidade do administrador a aprovação ou não de um usuário.

Outra parte da administração do portal que foi alterada por nós foi a de Gerenciamento de Módulos, figura 7.5 do Anexo A na página 28. Aqui você escolhe quais os módulos farão parte do portal. No nosso caso foram escolhidos: sistema, cadastro, downloads, web links, fórum, notícias, faq, parceiros e projetos, usuários e votações. A administração destes módulos é muito fácil, basta apenas clicar em instalar ou desinstalar para acrescentar ou remover determinado módulo.

O Gerenciamento de Blocos, figura 7.6 do Anexo A na página 28, aqui será onde o administrador irá escolher se o bloco vai ser visível e para que tipo de usuário, qual a posição que o bloco vai ocupar dentro de uma página do portal e também fazer a edição de um bloco, podendo alterar seu nome, seu tempo de cachê e determinar em quais páginas este bloco será visível.

As demais partes da administração do sistema, tais como banners, imagens, avatares, etc, foram deixados como no default, pois não havia a necessidade de mudança alguma.

Após feita a escolha de quais módulos farão parte do portal, alguns deles como fórum, parceiros e projetos necessitaram de alguns ajustes, figuras 7.7 e 7.8 do Anexo A na página 29.

Configurações do Fórum, nesta parte você deve criar uma categoria para o fórum, podendo ser criadas várias categorias. Com a categoria criada, basta apenas incluir um fórum que vai ter como opções:

- Nome do fórum;
- Descrição do fórum;
- Categoria usada para o fórum;
- Moderadores do fórum;

- Nível de acesso;
- Mensagens por página.

Configurações de Parceiros e Projetos, aqui é a parte onde incluímos parceiros e projetos, com:

- Imagem, endereço da imagem, deve ser colocado por completo, sendo o tamanho de 102 x 42;
- URL, o link do parceiro ou projeto;
- Título;
- Descrição.

Na opção de preferências, foi alterado o número de Parceiros e Projetos no bloco, 5, e a ordem de exibição, ordem decrescente.

No que diz respeito a administração estas foram as mudanças necessárias para deixar nosso portal da forma em que ele se encontra agora.

O fluxograma do portal expõe as seções e as informações, sistemas e interatividades de cada seção. No Anexo A, figuras 7.9 a 7.12, páginas 30 a 33, você encontrará três diagramas que representam o fluxograma do visitante, do usuário e do administrador do portal. O fluxograma do usuário é um diagrama após a efetuação do login, pois antes disso ele é apenas um visitante. Com respeito ao administrador seu fluxograma tratará da área da administração do portal porque suas outras possibilidades de navegação são as mesmas do usuário.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Resultados

Como a primeira parte do projeto era pesquisar quais as ferramentas de Bioinformática mais utilizadas e de importância mais relevante, foi feito um levantamento no qual resultou nas ferramentas presentes no portal e já descritas anteriormente. Foi criado até um tutorial, que está presente na seção de downloads, de como se deve portar para se fazer a anotação e mineração de genes presentes em um banco de dados.

Uma outra pesquisa também foi realizada para definição de qual tecnologia utilizaríamos para construção do portal e, após análises de diversos sistemas de gerência de conteúdo web, decidimos por utilizar a ferramenta Xoops, devido a sua maleabilidade e fácil administração.

Com a ferramenta para construção do portal já escolhida, era necessário termos um layout exclusivo, então criou-se um novo tema com o nome de RMBio que se destina a Biotecnologia Vegetal na Universidade Federal de Lavras. Tendo este novo layout em mãos foi construído a primeira versão do portal, contendo as seguintes seções:

- Início, onde podemos encontrar uma breve descrição sobre o portal;
- Cadastro, o usuário pode alterar as suas informações presentes no portal;
- Downloads, aqui pode ser postado algo que seja do interesse dos usuários;
- Web Links, as ferramentas de Bioinformática encontram-se nesta seção;
- Fórum, para compartilhar idéias, ajuda, dicas, orientação técnica;
- Notícias, podem ser encontradas matérias relevantes sobre Biologia e Bioinformática;
- FAQ, para que todas aquelas dúvidas comuns, rápidas de serem resolvidas;
- Usuário, aqui você pode procurar por algum usuário do portal;
- Votações, enquetes sobre Bioinformática ou sobre o portal;
- Parceiros e Projetos, todos os parceiros e projetos do portal estão nesta seção.

Assim, com o primeiro protótipo, foram realizados diversos testes na parte de administração do sistema. Fizemos mudanças quanto ao posicionamento das seções dentro do portal, se determinada seção seria visível em outra. Foram alterados blocos e módulos do sistema para averiguar o seu correto funcionamento. Com relação aos usuários, foram feitas alterações nas permissões de acesso ao sistema, criando-se os grupos: visitantes, sem

nenhum tipo de permissão, usuário, tem acesso mas, não pode alterar o sistema e moderador, tem acesso e permissão para alterar o sistema, no entanto suas alterações passam pelo crivo do administrador que é a entidade máxima no gerenciamento do sistema. Depois destes testes foi possível criar uma nova versão do portal com os melhoramentos que eram necessários.

As seções descritas anteriormente ficam no menu principal que está localizado logo abaixo do menu pessoal que é onde o usuário fará o seu login. No menu pessoal consta o perfil do usuário, a opção de edição deste perfil, avisos e caixa de entrada para possíveis avisos e mensagens que ele possa receber e a opção sair para logout. Além disso, no caso do administrador e do moderador dependendo das permissões concedidas a ele, existe também a opção administração para se fazer alterações no sistema.

Na opção perfil do usuário, você vai encontrar informações do tipo: nome completo, e-mail, localidade, ocupação, interesses, desde quando é usuário, sua posição no portal, sua última visita, seus últimos downloads, links e notícias, e informações extras.

No anexo B pode-se visualizar algumas das páginas do portal, acessíveis aos usuários como a página inicial e página de login.

4.2 Discussão dos Resultados

A gestão de conteúdo vem permitir a industrialização da construção e do funcionamento de sítios web que têm restrições críticas, como no caso da Bioinformática que seriam segurança, atualização frequente e conteúdo disperso pela Internet. Neste contexto, a criação deste Sistema Web para a Biotecnologia Vegetal vem para contribuir para a pesquisa relacionada a esta área.

São inúmeros e variados os tipos de portais web, bem como as maneiras como estes se relacionam com sua comunidade de usuários. Não existe consenso entre os especialistas sobre uma tipologia ou taxonomia universal. Entre as aplicações típicas de um sistema de gestão de conteúdo, pode-se citar que o presente portal se enquadra na categoria de portal corporativo, pois se trata de uma aplicação que pode ser acessada pela intranet, extranet e internet. Dentre vários benefícios, essa aplicação permite capitalizar a informação, o conhecimento relevante sobre Bioinformática. Essa capitalização foi feita da maneira mais estruturada e coerente possível, tentando garantir segurança no acesso às informações públicas e privadas. Esses são papéis importantes cumpridos pela ferramenta de gestão de conteúdo que é parte de todo portal corporativo.

Assim, esse tipo de aplicação requer a utilização de tecnologia e padrões universais avançados, capazes de permitir uma gestão adequada da informação, tanto estruturada quanto não estruturada, portanto algumas falhas acontecidas ao longo da execução do projeto foram relacionadas a tecnologia Xoops que apesar de ter se demonstrado como uma poderosa ferramenta de gestão de conteúdo, apresentou alguns problemas que interferiram de alguma maneira no resultado final do projeto.

4.3 Trabalhos Futuros

Como trabalhos futuros propomos um estudo mais avançado sobre a tecnologia Xoops, pois assim seria possível a criação não só de novos temas para o portal, mas também de novos módulos, de acordo com a necessidade dos usuários do portal. Um dos trabalhos futuros que pode ser desenvolvido, é que já foi previsto na etapa de desenvolvimento do portal, é colocar dentro do nosso próprio servidor algumas das ferramentas de Bioinformática mais utilizadas para efeito de maior segurança dos nossos dados. Para tanto, já foi reservada uma seção do portal com o nome de Ferramentas. Outra tarefa posterior também poderia ser a construção de uma ferramenta de Bioinformática própria do nosso portal, haja vista que a experiência no manuseio das mais importantes ferramentas leva-nos a conhecer o que realmente é importante para se fazer análises biológicas e que tipo de nova ferramenta poderia contribuir para avanços em pesquisas relacionadas a Biotecnologia.

5 CONCLUSÃO

Com o surgimento dos Projetos Genoma, as pesquisas na área de Biotecnologia vêm crescendo de maneira assustadora nos últimos anos, gerando resultados de suma importância para o conhecimento de como a vida funciona da maneira mais exata possível. E estes resultados devido a sua enorme quantidade estão localizados em bancos de dados públicos.

Para a análise destes dados, surgiram inúmeras ferramentas computacionais que são responsáveis pelo grande avanço da Biotecnologia, pois após compreender o seu funcionamento e tornar-se um usuário constante desses métodos de Bioinformática, a velocidade com que a pesquisa progride pode ser realmente incrível.

No entanto, estes bancos de dados que contêm informações tão importantes para a análise genômica e as ferramentas que possibilitariam tal análise encontram-se dispersos pela web. E seria de suma importância para os pesquisadores poderem encontrar todo este conteúdo concentrado num só local, evitando a perda de tempo ao se ter que navegar pela web a procura de tais informações. Além disso, poder ter todas as ferramentas em mãos aliadas aos bancos de dados biológicos traria mais praticidade a execução de uma pesquisa.

Conclui-se assim que, a construção deste portal trará grande contribuição para os pesquisadores no acesso a banco de dados e utilização de demais ferramentas computacionais referentes à Biotecnologia. Soma-se ainda o fato de que o portal pode ser um entreposto para que os pesquisadores possam compartilhar idéias, ajuda, dicas, orientação técnica, onde todas aquelas dúvidas comuns possam ser rapidamente resolvidas, ou seja, um compartilhamento de informações.

ANEXO

Anexo A



Figura 7.1 Painel de controle do Xampp

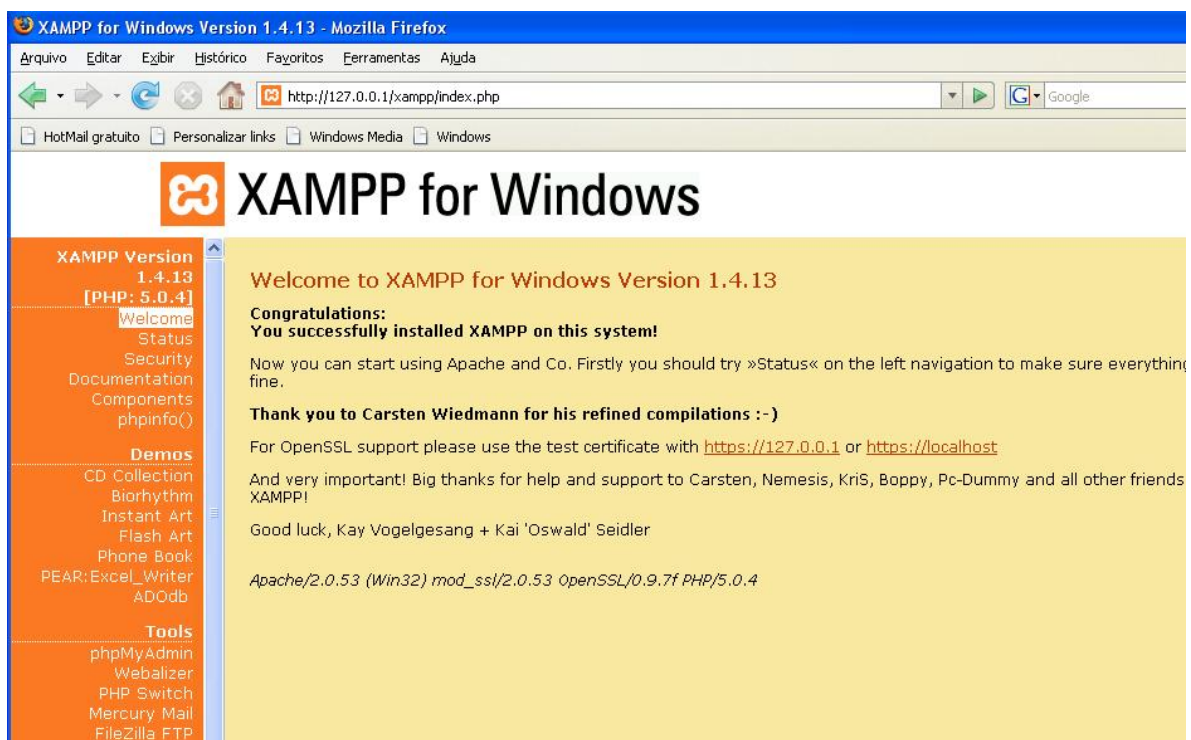


Figura 7.2 Página de configuração do Xampp



Figura 7.3 Página de instalação do Xoops

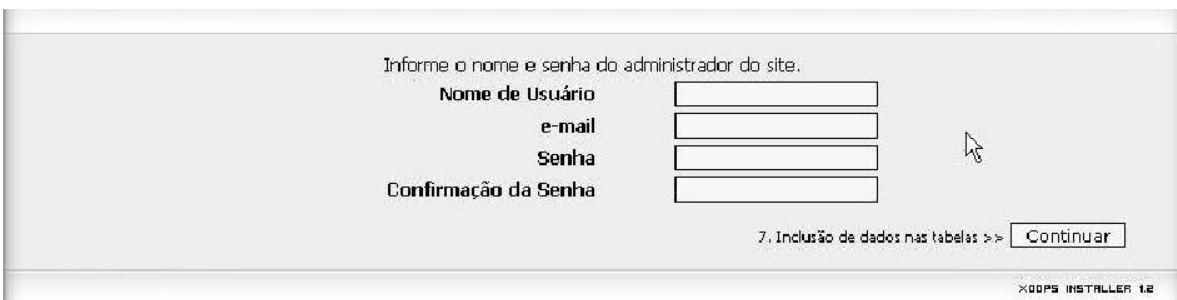


Figura 7.4 Página de criação do login do administrador

Módulo	Versão	Última atualização	Ativado	Ordem (0 = ocultar)	Ação
Sistema	1	25/01/2007 22:54	<input checked="" type="checkbox"/>		
Cadastro	1	13/02/2007 16:28	<input checked="" type="checkbox"/>	1	
Downloads	1.1	25/01/2007 23:08	<input checked="" type="checkbox"/>	1	
Web Links	1.1	25/01/2007 23:08	<input checked="" type="checkbox"/>	1	
Fórum	1	25/01/2007 23:08	<input checked="" type="checkbox"/>	1	

Figura 7.5 Página de gerenciamento dos módulos

Gerenciamento de blocos

Mostrar blocos visíveis em Grupo Visível

Descrição do bloco	Título	Módulo	Tipo			Posição	Visível	Ação
			Esquerda	Centro	Direita			
Menu pessoal	Menu pessoal	Sistema	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="text" value="0"/>	<input checked="" type="radio"/> Sim <input type="radio"/> Não	Editar
Entrar	Entrar	Sistema	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="text" value="0"/>	<input checked="" type="radio"/> Sim <input type="radio"/> Não	Editar
Pesquisa	Pesquisa	Sistema	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="text" value="0"/>	<input type="radio"/> Sim <input checked="" type="radio"/> Não	Editar
Conteúdo pendente	Conteúdo pendente	Sistema	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="text" value="0"/>	<input type="radio"/> Sim <input checked="" type="radio"/> Não	Editar
Menu principal	Menu principal	Sistema	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="text" value="0"/>	<input checked="" type="radio"/> Sim <input type="radio"/> Não	Editar
Sobre o site	Sobre o site	Sistema	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="text" value="0"/>	<input type="radio"/> Sim <input checked="" type="radio"/> Não	Editar
Mais Participativos:	Mais Participativos:	Sistema	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="text" value="0"/>	<input type="radio"/> Sim <input checked="" type="radio"/> Não	Editar
Novos usuários	Novos usuários	Sistema	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="text" value="0"/>	<input type="radio"/> Sim <input checked="" type="radio"/> Não	Editar
Últimos comentários	Últimos comentários	Sistema	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="text" value="0"/>	<input type="radio"/> Sim <input checked="" type="radio"/> Não	Editar
Avisos	Avisos	Sistema	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="text" value="0"/>	<input type="radio"/> Sim <input checked="" type="radio"/> Não	Editar

Figura 7.6 Página de gerenciamento dos blocos

Configurações do fórum

Criar um fórum: Este link será redirecionado para a página onde você poderá incluir um fórum no banco de dados.
 Editar um fórum: Este link te permite editar um fórum existente.
 Definir permissões para um fórum: Este link te permite configurar o acesso aos fóruns privados.
 Sincronizar índice de Fóruns/Assuntos: Sincroniza os índices do fórum e os assuntos para restaurar qualquer irregularidade que possa surgir.
 Criar uma categoria: Cria uma nova categoria a um fórum.
 Editar título de uma categoria: Este link te permite editar o título de uma categoria.
 Excluir uma categoria: Este link te permite Excluir qualquer categoria do banco de dados.
 Reordenar Categorias: Este link te permite alterar a seqüência pela qual as suas categorias são mostradas na página principal dos fóruns.

Figura 7.7 Página de configuração do fórum

Configuração do módulo

Tempo para contar novo acesso:
 Número de parceiros no bloco: (0 = sem limite)
 Exibir no bloco:
 Ordem:
 Ordem:

Parceiros e Projetos

- Incluir parceria
- Gerenciar parcerias
- Preferências

[Fechar]

Figura 7.8 Página de configuração de parceiros e projetos

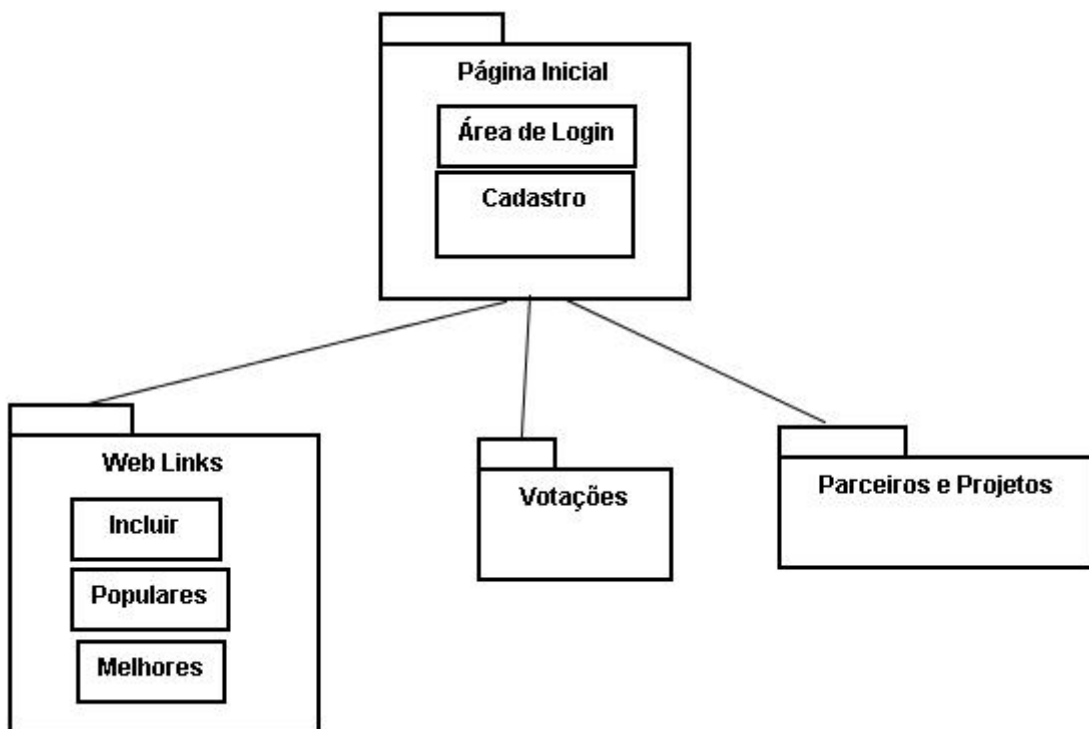


Figura 7.9 Fluxograma do visitante

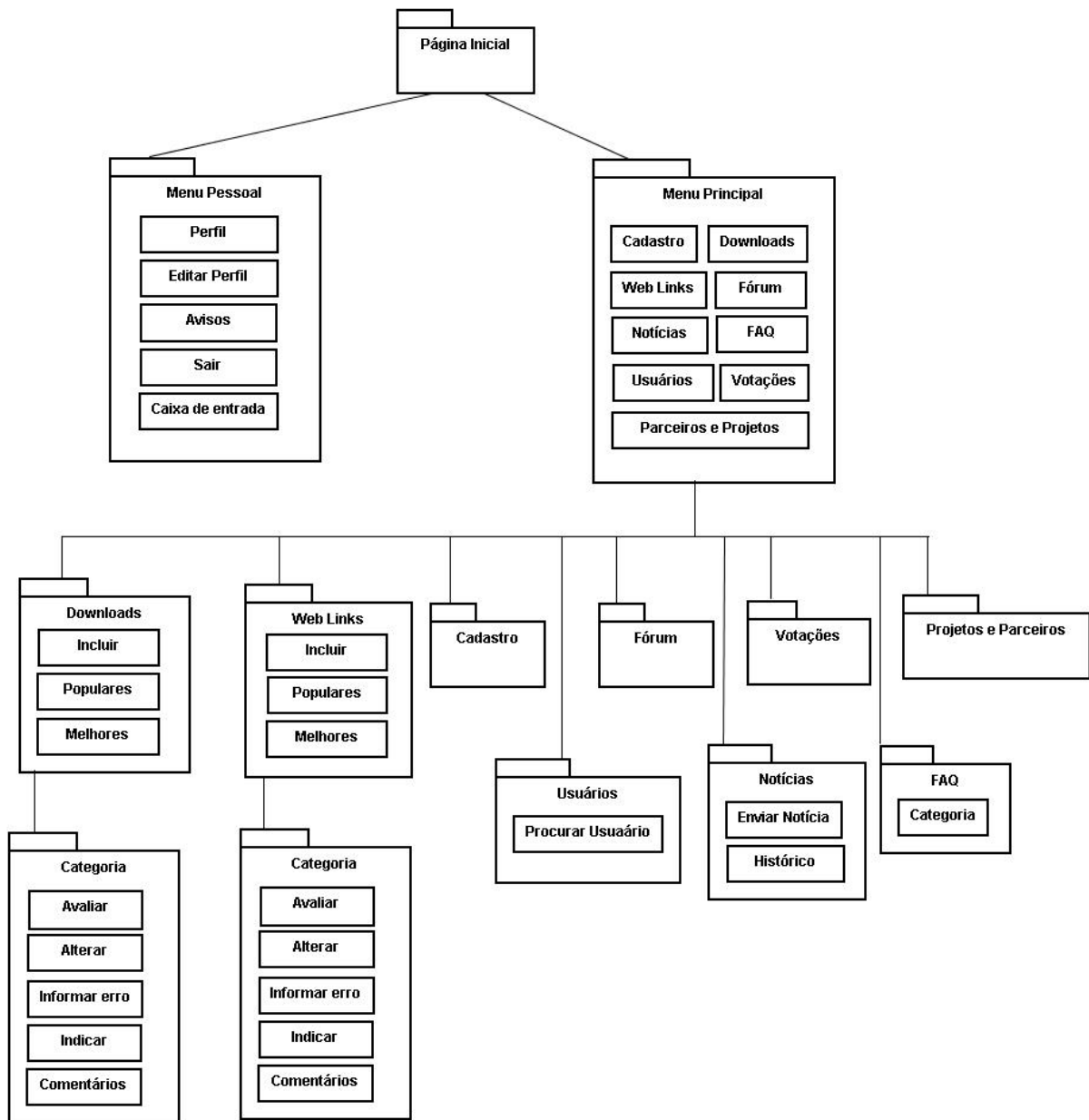


Figura 7.10 Fluxograma do usuário

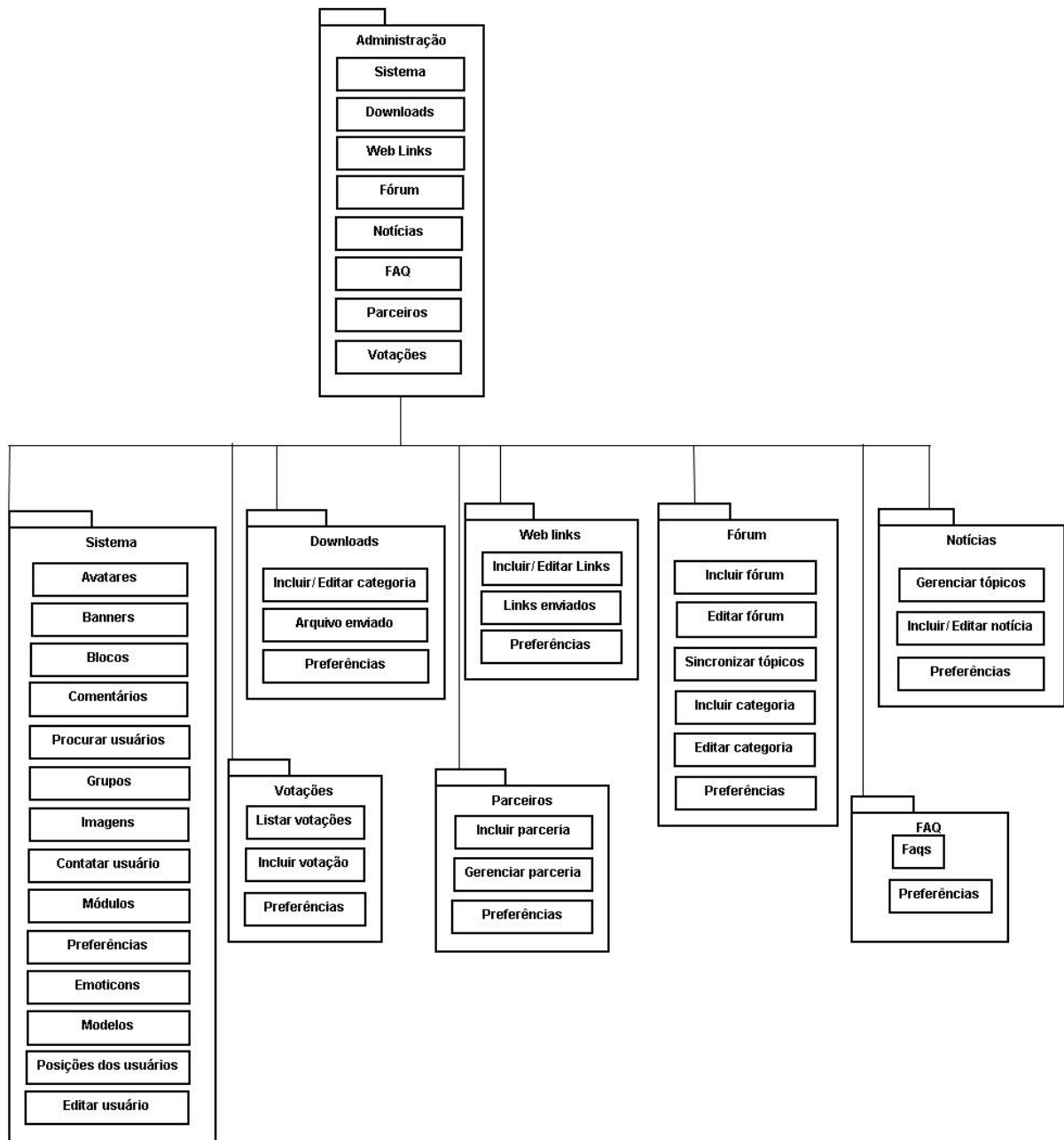


Figura 7.11 Fluxograma do administrador

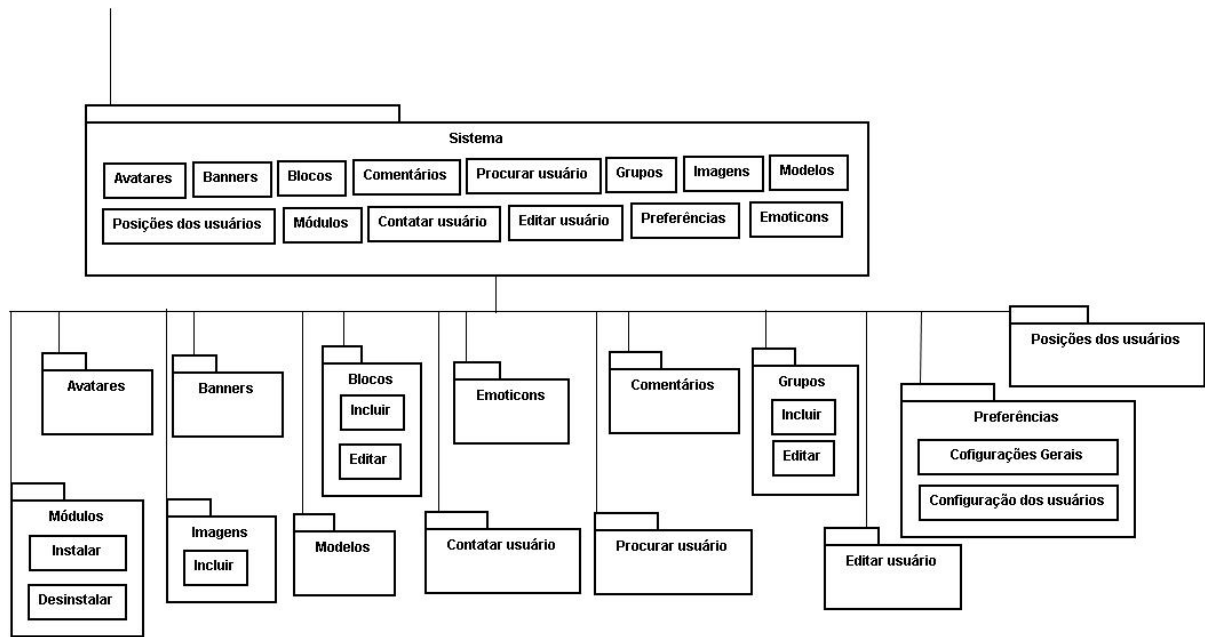


Figura 7.12 Parte do sistema do fluxograma do administrador

Anexo B

The screenshot shows the homepage of the 'Portal da Rede Mineira de Biotecnologia'. The browser address bar shows 'http://localhost/xoops/html/index.php'. The page features a navigation menu with links for HOME, NEWS, Ferramentas, FORUM, DOWNLOAD, LINKS, FAQ, and CONTACT. On the left, there is a 'Menu pessoal' with options like Perfil, Editar perfil, Avisos, Sair, and Caixa de entrada, and a 'Menu principal' with links to Início, Cadastro, Downloads, Web Links, Fórum, Notícias, FAQ, Usuários, Votações, and Parceiros e Projetos. The main content area is titled 'Bem vindo ao Portal da Rede Mineira de Biotecnologia' and contains a detailed introduction to biotechnology and bioinformatics, along with a list of site features such as user registration, downloads, forums, and news. On the right side, there are sections for 'Notícia do dia', 'Parceiros e Proj.', and 'Usuários online'.

Figura 7.13 Página inicial do portal



Figura 7.14 Página de login

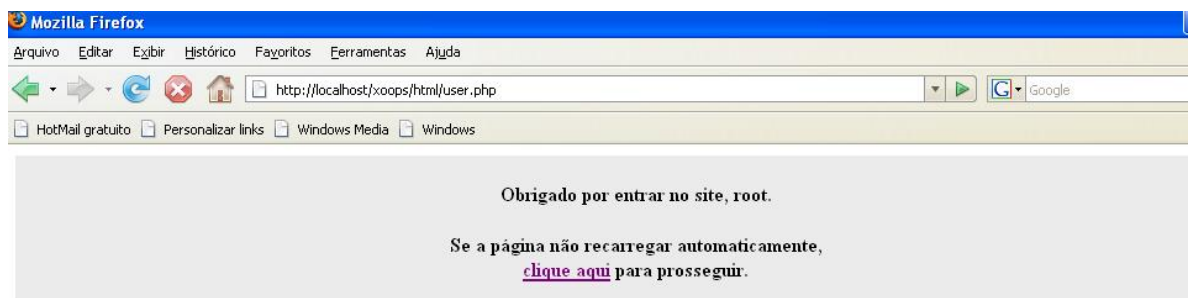


Figura 7.15 Página de login efetuado com sucesso

Portal da Rede Mineira de Biotecnologia - Web Links - Mozilla Firefox

Arquivo Editar Exibir Histórico Favoritos Ferramentas Ajuda

http://localhost/xoops/html/modules/mylinks/viewcat.php?cid=4

HotMail gratuito Personalizar links Windows Media Windows

RMB
REDE MINEIRA DE BIOTECNOLOGIA

HOME NEWS Ferramentas FORUM DOWNLOAD LINKS FAQ CONTACT

Menu pessoal

- Perfil
- Editar perfil
- Avisos
- Sair
- Caixa de entrada
- Administração

Menu principal

- Início
- Contato
- Downloads
- Web Links
- Incluir
- Populares
- Melhores
- Fórum
- Notícias
- FAQ
- Usuários
- Votações
- Parceiros

web Links

Início : Alinhamento :

Ordenar por: Título (▲▼) Data (▲▼) Notas (▲▼) Popularidade (▲▼)
Ordenados por: Título (A a Z)

Categoria Alinhamento

ALFRESCO (Front-End for Sequence Comparison) Última atualização: 31/01/2007 11:49

Descrição:
Análise comparativa entre seqüências de genomas.

Acessos: 0 **Notas:** 0.00 (0 votos)

Avaliar | Alterar | Informar erro | Indicar | Comentários (0)

Categoria Alinhamento

ALIGN (Compendium of Protein Sequence Alignments) Última atualização: 31/01/2007 11:50

Descrição:
ALIGN é uma coleção de alinhamentos multiples de seqüências.

Acessos: 0 **Notas:** 0.00 (0 votos)

Avaliar | Alterar | Informar erro | Indicar | Comentários (0)

Usuários online
2 visitantes online (1 seção: **Web Links**)

Usuários: 1
Visitantes: 1
root, mais...

Figura 7.16 Página da seção de web links

REFERENCIAL BIBLIOGRÁFICO

[1] Biologia Molecular da Célula / Bruce Alberts, Denis Bray, Julian Lewis, Martin Raff, Keith Roberts, James D. Watson: trad. Amauri Braga simonetti...[et al.] – 3 ed. - Porto Alegre: Artes Médicas, 1997.

[2] Genes VII / Benjamin Lewin; trad. Henrique Ferreira...[et al.] - Porto Alegre: Artmed Editora, 2001.

[3] Desenvolvendo Bioinformática : ferramentas de software para aplicações em biologia / Cynthia Gibas & Per : tradução Milarepa Ltda. – Rio de Janeiro : Campus, 2001.

[4] BALLA, John. Corporate portals: what they see is what they get. Intranet Journal, Jan. 2000. Disponível em: <http://www.intranetjournal.com/management/portals021400.html> acessado em 14 de agosto de 2006.

[5] PLUMTREE SOFTWARE. Corporate portals in brief: a simple overview of corporate portals benefits, technologies and markets. Disponível em: <http://www.plumtree.com/moreinfo/specialoffer.html> acesado em 15 de agosto de 2006.

[6] Mips – Munich information center of protein sequences. Disponível em: <http://mips.gsf.de/> acessado em 10 de janeiro de 2007.

[7] Wageningen Bioinformatics Webportal. Disponível em: <http://www.bioinformatics.nl/> acessado em 10 de janeiro de 2007.

[8] JUNG, C. F. Metodologia para a pesquisa & desenvolvimento: aplicada a novas tecnologias, produtos e processos. Rio de Janeiro/RJ: Axcel Books do Brasil Editora, 2004.

[9] Wikipedia, MySQL. Disponível em: <http://pt.wikipedia.org/wikipedia/MySQL> acessado em 18 de agosto de 2006.

[10] Jeveaux, Matheus, TomCat. Disponível em: <http://portaljava.com.br> acessado em 18 de julho de 2006.

[11] Apache Friends, Xampp. Disponível em: http://www.apachefriends.org/pt_br/index.html acessado em 18 de agosto de 2006.

[12] XoopsTotal, Xoops. Disponível em: <http://www.xoopstotal.com.br/> acessado em 19 de agosto de 2006.

[13] LGE – Laboratório de Genômica e Expressão, Ferramentas. Disponível em: http://www.lge.ibi.unicamp.br/pagina/estrutura/montagem_script/index_ferramentas.html acessado em 27 de agosto de 2006.

[14] NCBI, National Center for Biotechnology Information. Disponível em : <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/> acessado em 03 de setembro de 2006.

- [15] SWISS-PROT, Protein Knowledgebase. Disponível em: <http://ca.expasy.org/sprot> acessado em 03 de setembro de 2006.
- [16] TC, Transport Comission. Disponível em: <http://www.biology.ucsd.edu/~msaier/transport/> acessado em 03 de setembro de 2006.
- [17] GO, Gene Ontology Consortium. Disponível em: <http://www.geneontology.org/> acessado em 03 de setembro de 2006.
- [18] AMIGO, GO Browser from BDGP. Disponível em: <http://www.godatabase.org/cgi-bin/amigo/go.cgi> acessado em 03 de setembro de 2006.
- [19] NCBI BLAST, Basic Local Alignment Search Tool. Disponível em: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST> acessado em 04 de setembro de 2006.
- [20] OrfFinder, Open Reading Frame Finder. Disponível em: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/gorf/gorf.html> acessado em 04 de setembro de 2006.
- [21] KEGG, Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes. Disponível em: <http://www.genome.ad.jp/kegg/> acessado em 04 de setembro de 2006.
- [22] MetaMEME, Motif-based hidden markov modeling of biologicals. Disponível em: <http://metameme.sdsc.edu/> acessado em 04 de setembro de 2006.
- [23] PFAM, Pfam database of protein domains and hidden markov modelings. Disponível em: <http://pfam.jouy.inra.fr/> acessado em 04 de setembro de 2006.