

BBMS⁺⁺ – Metapesquisador Bioinformático

Márcio S. Carocho¹ e Sérgio Deusdado²

¹Superior Agrarian School, Polytechnic Institute of Bragança, 5301-855 Bragança, Portugal

²CIMO – Mountain Research Center, IPB, 5301-855 Bragança, Portugal,
sergiiod@ipb.pt

Resumo

Neste artigo descreve-se a criação implementação de um meta-pesquisador [1-7] na área da bioinformática (BBMS – Basic Bioinformatics Meta-searcher), desenvolvido de raiz na língua portuguesa. O BBMS permite um acesso centralizado aos motores de busca online das principais bases de dados biológicas primárias, bastante fácil de entender e que permite aceder a informação biológica contida nas mais importantes bases de dados públicas mundiais, sem que, para isso o utilizador tenha que sair do “website” desenvolvido. O BBMS tem sido actualizado para abranger um maior leque de fontes de bioinformação, mas centra-se mormente em nucleótidos, proteínas e vias metabólicas [8,9]. Adicionalmente, o BBMS também pesquisa bibliografia científica nas principais publicações de índole bioinformática. O programa é autónomo, apenas é necessário introduzir as palavras-chave da pesquisa e apontar para que base de dados a pesquisa deve ser feita. Por defeito, os resultados são disponibilizados em Inglês, mas um painel de tradução, incorporado no nosso meta-pesquisador, permite que estes sejam traduzidos para várias línguas, incluindo o Português, em tempo real e sem demoras. Outro aspecto importante é a pesquisa global na Internet, que pode ser utilizada quando o utilizador não sabe onde procurar especificamente. Deste modo, o meta-pesquisador BBMS realiza a pesquisa em bases de dados, motores de busca específicos, bancos de imagens e vídeos, entre outros locais relevantes. Para esta operação, baseia-se no funcionamento do “Bioinformatic Harvester” [10], um outro meta-pesquisador. Outra aplicação integrada no BBMS é a pesquisa por artigos científicos, permitindo uma pesquisa rigorosa nas bases de dados mais importantes. Na segunda versão do BBMS, o BBMS⁺⁺, além das melhorias gráficas, foi adicionado o acesso a aplicações bioinformáticas online, tais como a realização de “BLAST's” e “e-PCR”, entre outras.

De modo a ter uma percepção da usabilidade, utilidade e eficiência do BBMS foi levado a cabo um inquérito, envolvendo cerca de 30 inquiridos, sendo os resultados finais muito satisfatórios.

O BBMS⁺⁺ está acessível em <http://www.esa.ipb.pt/bbms>

Referências

1. Akula, S., Miriyala, R., Thota, H., Rao, A., Gedela, S.: Techniques for integrating - omics data. *Bioinformatics*. 3, 284-286 (2009).
2. Goble, C., Stevens, R.: State of the nation in data integration for bioinformatics. *Journal of Biomedical Informatics*. 41, 687-693 (2008).
3. Stein, L.D.: Integrating biological databases. *Nature Reviews. Genetics*. 4, 337-345 (2003).
4. Dreilinger, D., Howe, A.E.: Experiences with selecting search engines using metasearch. *ACM Transactions on Information Systems*. 15, 195-222 (1997).
5. Meng, W., Yu, C., Liu, K.: Building efficient and effective metasearch engines. *ACM Computing Surveys*. 34, 48-89 (2002).
6. Vailaya, A.: An architecture for biological information extraction and representation. *Bioinformatics*. 21, 430-438 (2004).
7. Lacroix, Z.: Biological data integration: wrapping data and tools. *IEEE Transactions on Information Technology in Biomedicine*. 6, 123-128 (2002).
8. Diehn, M., Sherlock, G., Binkley, G., Jin, H., Matese, J.C., Hernandez-Boussard, T., Rees, C.A., Cherry, J.M., Botstein, D., Brown, P.O., Alizadeh, A.A.: SOURCE: a unified genomic resource of functional annotations, ontologies, and gene expression data. *Nucleic Acids Research*. 31, 219-223 (2003).
9. Liebel, U.: 'Harvester': a fast meta search engine of human protein resources. *Bioinformatics*. 20, 1962-1963 (2004).
10. Lushbough, C., Bergman, M.K., Lawrence, C.J., Jennewein, D., Brendel, V.: BioExtract Server - An Integrated Workflow-Enabling System to Access and Analyze Heterogeneous, Distributed Biomolecular Data. *IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics*. 7, 12-24 (2010).