



9º Congresso Interinstitucional de Iniciação Científica – CIIC 2015
10 a 12 de agosto de 2015 – Campinas, São Paulo

☒ **ARMAZENAMENTO DE DADOS DE GENOTIPAGEM E FENOTIPAGEM PARA ESTUDOS DE GENÉTICA ANIMAL .**

Gabriel Bueno de **Oliveira**¹; Roberto Hiroshi **Higa**²

Nº 15603

RESUMO – *Programas de melhoramento genético animal, atualmente, estão se preparando para incorporar metodologias baseadas em seleção genômica ampla, que utilizam marcadores do tipo Single Nucleotide Polymorphisms (SNP) para avaliar o perfil genômico dos animais e prever características fenotípicas de interesse econômico. A incorporação de tais métodos gera uma crescente demanda por armazenamento de grandes volumes de dados, o que tornou indispensável a implementação concisa, eficiente e segura de um modelo para armazenamento que contemple tanto os tradicionais dados fenotípicos e os genotípicos utilizados pelos procedimentos de seleção genômica. O que propomos é um banco de metadados que possa conter as informações de marcadores, fenótipos e genótipos de diferentes espécies e armazenados em diferentes repositórios, garantido assim o acesso e centralização das informações e sua utilização pelos pesquisadores de melhoramento genético animal. A implementação é baseada no Sistema Gerenciador de Banco de Dados (SGBD) Postgresql e linguagem de programação Python.*

Palavras-chaves: Banco de dados genérico, armazenamento de dados genéticos, melhoramento genético animal.

1 Autor, Bolsista CNPq(PIBIC): Graduação em Engenharia de Computação, Unicamp, Campinas; xgabriel.bueno@gmail.com.

2 Orientador: Pesquisador da Embrapa Informática Agropecuária, Campinas-SP; roberto.higa@embrapa.br.



9º Congresso Interinstitucional de Iniciação Científica – CIIC 2015
10 a 12 de agosto de 2015 – Campinas, São Paulo

ABSTRACT- *Animal breeding programs currently are getting prepared to incorporate methodologies based on genome-wide selection, using as markers single nucleotide polymorphisms (SNP) to assess the genomic profile of animals and predict phenotypic traits of economic interest. The incorporation of these methods generates an increasing demand for storing large amounts of data, which makes indispensable concise implementation, efficient and safe storage of a model that includes both traditional phenotypic and genotypic data used by genomic selection procedures. What we propose is a database of metadata containing information about markers, phenotypes and genotypes of different species and stored in different repositories, thereby ensuring access e centralization of information and its use by animal breeding researchers. The implementation is based on the Database Management System (DBMS) PostgreSQL and Python programming language.*

Key-words: Generic Database, generic data storage, animal breeding.