



XXV ENCONTRO DE JOVENS PESQUISADORES
VII MOSTRA ACADÊMICA DE INOVAÇÃO E TECNOLOGIA

De 17 a 19 de outubro de 2017
Campus-Sede da UCS • Caxias do Sul



ANÁLISE DA COMPOSIÇÃO DE NUCLEOTÍDEOS DE PROMOTORES DE *ESCHERICHIA COLI* RECONHECIDOS PELO FATOR S54

Pedro Lenz Casa (BIC-UCS), Gabriel Dall Alba, Scheila de Avila e Silva (Orientador(a))

A regulação da expressão gênica é mediada pela enzima RNA polimerase a qual se liga à uma sequência promotora adjacente a um determinado gene para iniciar o processo de transcrição. Em procaríotos, subunidades chamadas fatores sigma, interagem com a RNA polimerase e conferem especificidade a expressão gênica de acordo com demandas ambientais. Os fatores sigma são separados em duas famílias, sendo elas: sigma 70 e sigma 54. Genes constitutivos, que são expressos mais frequentemente, são reconhecidos pelo fator sigma 70 por meio da ligação da RNAP nos nucleotídeos localizados nas regiões -35 e -10 upstream ao TSS (sítio de início de transcrição). Por outro lado, fatores sigma 54 encontram-se geralmente envolvidos na assimilação de nitrogênio e possuem como regiões de reconhecimento as posições -12 e -24 upstream ao TSS. Este trabalho tem como objetivo reconhecer diferentes padrões dos promotores reconhecidos pelo fator sigma 54, a fim de elencar características biológicas para ferramentas computacionais de predição de promotores. Nessa pesquisa foram utilizadas 1306 sequências promotoras da bactéria gram-negativa *Escherichia coli*, extraídas do banco de dados RegulonDB, cada uma relacionada com um fator sigma. Os dados obtidos foram transformados em numéricos de acordo com uma metodologia previamente descrita na literatura. Após, a técnica de clusterização foi aplicada utilizando o algoritmo K-means, com $K = 20$. Posteriormente foi empregada a ferramenta WebLogo para permitir uma melhor visualização dos agrupamentos gerados. Do total de grupos gerados, dois foram inteiramente compostos por sequências reconhecidas pelo sigma 54. Isso já era esperado uma vez que as regiões de reconhecimento no DNA deste fator sigma são diferentes dos outros. O principal diferenciador entre os dois grupos foi o grau de conservação de nucleotídeos em cada posição, que foi mais alto em um e bem baixo no outro. Isso acontece por causa da degeneração de posição e de conteúdo dos nucleotídeos. Apesar deste fenômeno ser tolerado no processo de transcrição gênica, ele se apresenta como um desafio para as técnicas computacionais de predição de promotores, já que resulta na predição de falsos positivos. Dessa forma, é importante o estudo das características estruturais dos promotores para promover o melhoramento de ferramentas computacionais.

Palavras-chave: Promotores, Sigma 54, Bioinformática

Apoio: UCS