



XXVI ENCONTRO DE JOVENS PESQUISADORES
VIII MOSTRA ACADÊMICA DE INOVAÇÃO E TECNOLOGIA

16 A 18 DE OUTUBRO DE 2018

Cidade Universitária - Caxias do Sul



ANÁLISE DA CURVATURA E MALEABILIDADE DE SEQUÊNCIAS PROMOTORAS DE *ESCHERICHIA COLI*

Pedro Lenz Casa (PIBIC-CNPq), Fernanda Pessi de Abreu, Scheila de Avila e Silva (Orientador(a))

Fatores Sigma são subunidades proteicas que se ligam à RNA polimerase e medeiam a transcrição de genes em bactérias. A molécula de DNA exibe variações estruturais de curvatura, maleabilidade, estabilidade e outras propriedades em diferentes regiões dependendo da sua composição de nucleotídeos, característica que desempenha um papel funcional em uma variedade de processos biológicos. Este trabalho visa a caracterização de perfis de curvatura e maleabilidade dos promotores da bactéria Gram-negativa *Escherichia coli*, utilizando técnicas computacionais, a fim de melhorar ferramentas computacionais de predição de promotores. Foram utilizadas sequências promotoras extraídas do banco de dados RegulonDB. As sequências foram transformadas em valores de curvatura e maleabilidade segundo seis diferentes modelos matemáticos. Em seguida, foi empregada a técnica de clusterização com o algoritmo K-means. Como resultado, todos os agrupamentos apresentaram sequências reconhecidas por diferentes sigmas, ou seja, nenhum agrupamento teve sequências reconhecidas por um único fator sigma. Embora sequências de DNA similares geralmente apresentem estruturas de DNA similares, o reverso não é necessariamente verdadeiro. Moléculas de DNA com propriedades estruturais semelhantes podem surgir de diferentes sequências. Além disso, é possível perceber que os valores de curvatura e maleabilidade em todos os agrupamentos se tornam mais relevantes em regiões próximas ao TSS, comprovando que estas características são de fato interessantes para a diferenciação entre regiões regulatórias e não regulatórias. O aprimoramento das ferramentas de predição promotora é um desafio atual da bioinformática, visto que os métodos mais recentes não são totalmente confiáveis para a tarefa em questão. Portanto, o entendimento da estrutura do promotor e o modo como ele funciona é importante para a bioinformática.

Palavras-chave: Sigma 54, Clusterização, Bioinformática

Apoio: UCS, UCS, CNPq