



APRIMORAMENTO E FUNCIONALIDADES DA FERRAMENTA BACPP

Guilherme Vanzin Hoffmann (BIC-UCS), Scheila de Avila e Silva (Orientador(a))

A análise biológica sobre a função que um determinado gene assume compreende o estudo de suas regiões promotoras, uma vez que ela é responsável pelo início da transcrição gênica. A identificação de promotores por meio de ferramentas computacionais vem ganhando aplicabilidade. Nesse sentido o núcleo de pesquisa em Bioinformática da Universidade de Caxias do Sul desenvolveu uma ferramenta para este fim denominada *BacPP* (Bacterial Promoter Prediction). Este portal encontra-se disponível na internet para utilização gratuita e conta atualmente com mais de 800 usuários. O portal *BacPP*, assim como todo sistema de informação, está suscetível a problemas envolvendo: desempenho de processamento, obsolescência de tecnologias utilizadas na sua construção, falhas de codificação e eventuais utilizações inesperadas, por parte de usuários, não previstas no início de sua implementação. Assim, o objetivo deste trabalho foi implementar melhorias no portal *BacPP* visando aplicar correções e proporcionar uma maior vida útil ao portal. A metodologia de implementação do aprimoramento do portal BacPP se deu por meio de uma avaliação dos principais componentes do sistema, visando encontrar possíveis falhas e processos nos quais o desempenho necessitava de melhorias. O sistema foi duplicado em um servidor local e simulações de utilização foram feitas, o que possibilitou a identificação de erros pontuais, resultando em alguns ajustes, como: (i) correção na função responsável pelo pré-processamento de trechos de DNA informados pelo usuário; (ii) substituição de funções obsoletas por funções em versões atualizadas utilizadas pelos módulos de envio e recebimento de *e-mail*; (iii) substituição do banco de dados utilizado para armazenar informações relevantes ao sistema e documentação de trechos de código. Assim, essas correções que foram implementadas garantem ao portal *BacPP* uma melhora em sua performance e maior segurança ao sistema, além de viabilizar a implementação, num futuro próximo, de uma segunda etapa de classificação, aprimorando a capacidade da ferramenta em prever e identificar as regiões promotoras. Como trabalhos futuros, destaca-se a implementação de nova metodologia para classificação dos promotores utilizando as informações de estabilidade da sequência de DNA.

Palavras-chave: BacPP, bioinformática, regiões promotoras

Apoio: UCS, outros