

### INTRODUÇÃO

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.

### OBJETIVO

Implementar melhorias no portal *BacPP* visando a aplicação de correções e uma maior vida útil ao portal.

### METODOLOGIA

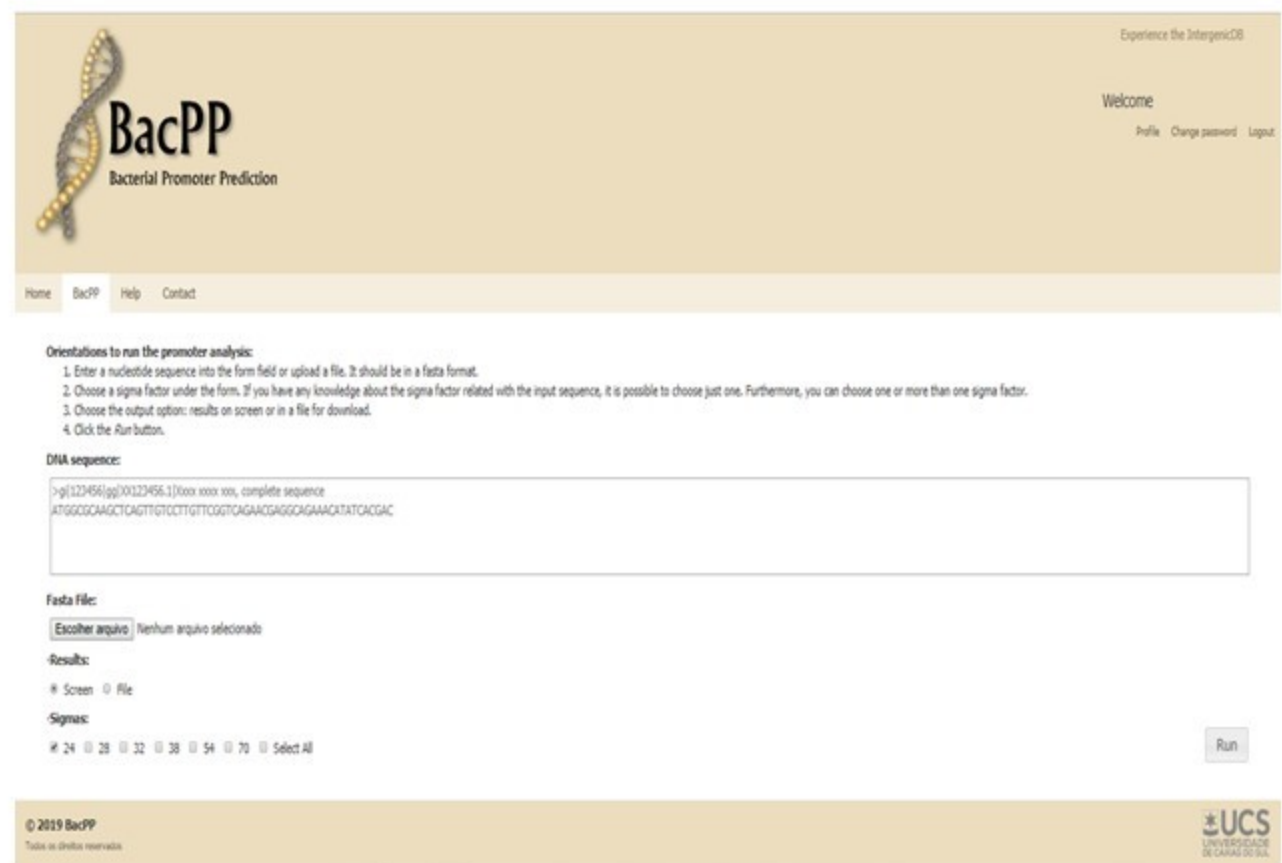
Foi realizada a avaliação dos principais componentes do sistema, visando encontrar possíveis falhas e processos nos quais o desempenho necessitava de melhorias. Os seguintes passos foram adotados:



APOIO:

### RESULTADOS E DISCUSSÃO

A avaliação do sistema 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.



Tela da ferramenta da plataforma *BacPP*

As correções que foram implementadas garantem ao portal *BacPP* uma melhora em sua performance e maior segurança ao sistema.

### CONSIDERAÇÕES FINAIS

Além de melhorar a performance e segurança, as alterações realizadas no sistema viabilizam a incorporação de uma segunda etapa de classificação, aprimorando a capacidade da ferramenta em prever e identificar as regiões promotoras através da implementação de nova metodologia para classificação dos promotores utilizando as informações de estabilidade da sequência de DNA.

### REFERÊNCIAS

- DENNIS, Alan. *Análise e projeto de sistemas*. 5. Rio de Janeiro LTC 2014 1 recurso online ISBN 978-85-216-2634-3.
- E SILVA, Scheila de Ávila; ECHEVERRIGARAY, Sergio. Bacterial promoter features description and their application on *E. coli* in silico prediction and recognition approaches. In: *Bioinformatics*. InTech, 2012.
- GAMMA, Erich et al. *Padrões de projeto: soluções reutilizáveis de software orientado a objetos*. Porto Alegre: Bookman, 2000. xii, 364 p. ISBN 9788573076103.