

## INTRODUÇÃO

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.

## OBJETIVO

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.

## METODOLOGIA

1º  
ETAPA

**RegulonDB**  
Escherichia coli K12 Transcriptional Network



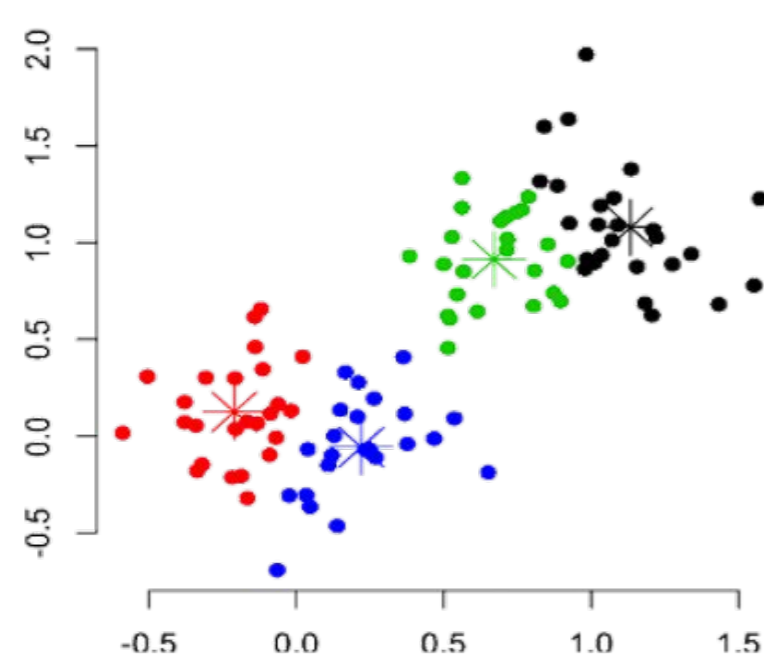
2º  
ETAPA



Extração de sequências promotoras do banco de dados RegulonDB.

Transformação das sequências em valores de curvatura e maleabilidade.

3º  
ETAPA



Aplicação do algoritmo de clusterização K-Means

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

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.

Cluster	Nº de sequências	Fator sigma dominante	% do fator sigma dominante
1	79	Sigma 24	41
2	57	Sigma 24	42
3	87	Sigma 24	39
4	68	Sigma 24	35
5	24	Sigma 24	58
6	72	Sigma 24	57
7	77	Sigma 24	32
8	73	Sigma 24	42
9	49	Sigma 24	57
10	89	Sigma 24	51
11	54	Sigma 24	50
12	67	Sigma 24	42
13	27	Sigma 24	56
14	131	Sigma 24	31
15	48	Sigma 24	40
16	43	Sigma 24	37
17	87	Sigma 24	48
18	52	Sigma 24	38
19	39	Sigma 32	36

## CONSIDERAÇÕES FINAIS

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.

## REFERÊNCIAS

- MEYSMAN, Pieter et al. Structural properties of prokaryotic promoter regions correlate with functional features. *PLoS one*, v. 9, n. 2, p. e88717, 2014.
- 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.
- KUMAR, Aditya; BANSAL, Manju. Unveiling DNA structural features of promoters associated with various types of TSSs in prokaryotic transcriptomes and their role in gene expression. *Dna Research*, 24, no. 1, 25-35, 2016.