



BACPP 2.0 - Atualização da Ferramenta de Promotores BIO IA- 2

PROBIC- FAPERGS

Autores: Eduarda Salvador Terhorst, Scheila De Avila e Silva

INTRODUÇÃO / OBJETIVO

As sequências promotoras desempenham um papel central na expressão gênica, sendo reconhecidas por fatores sigma específicos da RNA polimerase bacteriana. A identificação precisa desses promotores é essencial para entender a regulação gênica e os mecanismos de transcrição. No entanto, devido às suas características intrínsecas, como sequências curtas e falta de conservação, a predição computacional de promotores enfrenta desafios, incluindo uma taxa significativa de falsos positivos. O BacPP (Bacterial Promoter Prediction) foi o primeiro método computacional a classificar sequências de acordo com o fator sigma que as reconhece [1,2]. Neste contexto, o presente artigo tem como objetivo descrever um modelo de classificação de promotores denominado BACPP 2.0, baseado em duas etapas de classificação.

MATERIAL E MÉTODOS

A implementação do algoritmo foi baseada no trabalho de conclusão de curso da egressa Elize Peron Piovesan do curso Engenharia da Computação da Universidade de Caxias do Sul (UCS) [3], utilizando uma linguagem de programação python. As etapas estão descritas no esquema anterior da Figura 1.

(1) De RegulonDB

CCGATGATCCTCATCATCGTATA

(2) Tratamento de Dados

CCGATGATCCTCATA

Respectivo sigma

24 - 28 - 32 - 38 - 54 - 70

(3) Promotores definidos pelo seu valor de estabilidade

ATGTCTCCTAGACTGGTC

-1.2 -1.3 -1.5 -1.0 -1.3 -1.2 -1.4 -1.2 -1.5

(4) Comparação com regras já estabelecidas por meio de IA e estudos anteriores

Entrada de dados de um determinado sigma

Compara com as regras de cada sigma previamente estabelecido

(5) Identificação e análise de padrões para classificação de promotor através de estatística

BacPP 2.0

Figura 1- Esquema simplificado do funcionamento do algoritmo.

RESULTADOS OU RESULTADOS ESPERADOS

Os resultados ainda estão em análise; até o momento não há resultados definitivos, pois a pesquisa está em andamento no entanto tem-se a expectativa de reduzir falsos positivos e desenvolver uma nova ferramenta para a comunidade.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Com o presente estudo será possível ajudar a preencher a lacuna entre a geração e a análise de dados na era pós-genômica. Os possíveis resultados serão aplicado para o aprimoramento do Bacpp como classificador de segunda etapa, aumentando o grau de assertividade da predicação dessa ferramenta.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- [1] DE AVILA E SILVA, S.; ECHEVERRIGARAY, S.; GERHARDT, G. J. L. BacPP: Bacterial promoter prediction—A tool for accurate sigma-factor specific assignment in enterobacteria. Journal of Theoretical Biology, v. 287, p. 92–99, out. 2011.
- [2] FERRARI, C. G. Reengenharia do software BacPP. Repositorio.ucs.br, 5 jul. 2023.
- [3] PIOVESAN, P. E. IMPLEMENTAÇÃO E VALIDAÇÃO DE ALGORITMOS DE APLICAÇÃO EM BIOINFORMÁTICA. 2023.