

ESTUDO COMPUTACIONAL DA ESTRUTURA CRISTALINA DA PROTEÍNA p53, UTILIZANDO O SOFTWARE RASMOL PARA ANÁLISE BIOQUÍMICO-ESTRUTURAL (APOIO UNIP)

Aluna: Ana Laura Seneda

Orientador: Prof. Dr. Renato Massaharu Hassunuma

Curso: Biomedicina

Campus: Bauru

Cânceres podem ser causados por mutações em genes supressores de tumores, que inibem a proliferação celular, como é o caso do TP53. Esse gene codifica a proteína p53, responsável por detectar erros na sequência de DNA e impedir a progressão da célula mutada no ciclo celular. Caso os danos do DNA sejam muito extensos e seu reparo não seja possível, a p53 induz a apoptose da célula. Quando uma mutação ocorre na proteína p53, o desempenho adequado de sua função torna-se impossível, de modo que células mutantes podem se proliferar e originar uma neoplasia. Com o objetivo de estudar o sítio de ligação entre a proteína p53 e o DNA, foi realizado um levantamento de arquivos depositados no *site Protein Data Bank* (PDB) relacionados à proteína p53. Baseada na escolha do arquivo 1TUP.pdb, foi realizada uma busca no *site PubMed* para localizar o artigo cuja pesquisa originou este arquivo. Com base em análises do artigo obtido e do arquivo 1TUP.pdb no *software RasMol*, versão 2.7.4.2, foram coletadas informações estruturais importantes sobre a p53 e sua interação com o DNA. O *software RasMol* também foi utilizado para o desenvolvimento de um *script* para representar os sítios de ligação da p53 com o DNA e os resíduos que apresentam maior frequência de mutação.