

Paula R.Kuser Falcão

EMBRAPA-Centro Nacional de Pesquisa de Informática Agropecuária

STING é uma suíte de programas que agrega várias ferramentas em único servidor web para a realização de uma análise compreensiva da relação entre seqüência-estrutura-função e estabilidade de proteínas. Com a utilização do Sting é possível analisar: relação estrutura-função, qualidade da estrutura, natureza e volume dos contatos atômicos inter e intra-cadeias, conservação relativa do aminoácidos em posições específicas baseando-se em alinhamentos múltiplos de seqüências, indicação dos aminoácidos essenciais para folding, cavidades na estrutura da proteína, etc. O servidor Sting pode trabalhar com arquivos já depositadas no banco de dados de estruturas de proteínas (PDB) ou com arquivos locais que contenham estruturas de proteínas ainda não disponíveis publicamente.

O programa STING apresenta um grande número de descritores de seqüência, estrutura, função, estabilidade e interações de uma maneira concisa e de fácil visualização, tendo também a capacidade de selecionar aminoácidos que satisfaçam valores dos parâmetros descritores de acordo com a definição do usuário. Esta característica permite responder perguntas interessantes sobre as proteínas, como por exemplo: existe um conjunto de descritores das estruturas que podem definir de uma maneira única um conjunto de aminoácidos que coincida com o sítio ativo de uma dada proteína ou coincida com aminoácidos identificados experimentalmente como essenciais para o seu funcionamento?