# **Resumo**

Genes são estruturas que contém a informação para a manifestação da vida. Sua expressão deve ser corretamente regulada para que os organismos se adaptem e enfrentem as oscilações do meio em que habitam. Tal processo regulatório ocorre, principalmente, numa região gênica denominada de promotor. Essa estrutura ancora sequencias curtas de nucleotídeos, chamada de elementos *cis*-regulatórios (ECRs), que são reconhecidas por proteínas denominadas fatores de transcrição (FTs), as quais são responsáveis pela expressão (ativação) dos genes. Para um determinado gene ser ativado por um dado FT é necessário que ele possua em seu promotor o elemento ECR reconhecido por essa proteína. Diferentes famílias de FTs reconhecem diferentes ECRs. Atualmente, existem diversos métodos moleculares para a mineração de associação entre ECR-FT. Tais descobertas levaram a construção de diversos bancos de dados que alocam matrizes de posição, as quais indicam os motivos de sequencias reconhecidos por diferentes famílias de FTs. Nesses bancos, o usuário fornece a sequência de nucleotídeos de um promotor e ferramentas computacionais tratam de processar, visando encontrar os padrões pré-determinados nas matrizes. Tal ação atribui a um determinado gene, FTs pelos quais podem ser regulados, agregando dados sobre a sua dinâmica e informações sobre seu potencial biotecnológico. O presente trabalho tem como objetivo uma análise comparativa entre as diversas estratégias computacionais utilizadas pelas ferramentas de bioinformática para a mineração de ECRs em promotores de vegetais e como a precisão dos dados gerados a partir desse processamento pode influenciar na análise biológica.