

O mapeamento genômico fornece uma grande quantidade de dados sobre os genes, identificando-os e as proteínas codificadas por eles. Tais proteínas formam uma rede complexa de interações que define a saúde e o funcionamento celular. A participação de algumas proteínas no processo funcional celular é conhecida, mas devido à complexidade da rede, isso não é suficiente para compreender o funcionamento do genoma. Uma análise estrutural da rede possibilita a identificação de módulos constituídos por proteínas altamente interativas entre si, dessa forma isolando subsistemas que são mais facilmente estudados. Tal análise é possível usando um algoritmo de ordenamento da rede, no qual é criada uma matriz representativa das interações que é reordenada através de técnicas de Monte Carlo, buscando aproximar as proteínas que mais interagem entre si. Esse processo foi aplicado à rede protéica do genoma de *Escherichia coli*. Em vários módulos encontrados, as proteínas participam das mesmas funções celulares. O objetivo deste trabalho é obter os ordenamentos e comparar resultados de expressão gênica para genomas de células submetidos a diversos tipos de tratamentos, inicialmente para *Escherichia coli* e futuramente para outras bactérias. Ao identificar quais são os módulos em que a expressão é mais afetada, esse processo se torna uma ferramenta de diagnóstico de funcionamento celular.