

193

ANÁLISE MODULAR DE REDES DE INTERAÇÃO PROTEÍCA. *Fernanda Pereira da Cruz Benetti, Rita Maria Cunha de Almeida (orient.) (UFRGS).*

A informação genética de um indivíduo é contida em seu genoma na forma de seqüências de bases do DNA. Ela é expressa através da síntese de proteínas, um processo determinado pelos genes. O estudo das funções individuais dessas proteínas é insuficiente para analisar o sistema genômico. O mapeamento das redes de interação proteína-proteína possibilita a melhor compreensão do efeito de cada gene no funcionamento celular. Crescentes estudos de organização de redes fornecem novas ferramentas para isso. Têm-se observado que, em redes geradas pela natureza, as ligações entre cada elemento (nodo) não são estabelecidas aleatoriamente, ou seja, há um fator probabilístico que determina ao qual nodo um novo nodo se conecta. Um dos modelos destas redes é o de Barabasi, cuja regra de formação favorece o crescimento em torno dos nodos mais interativos, resultando no desenvolvimento de um cluster principal. Entretanto, este modelo não contempla a formação de módulos distintos. Assim, o objetivo deste projeto é desenvolver um método de organização do genoma, cuja rede apresenta uma configuração multimodular. Para tanto, criamos uma matriz representativa das interações protéicas dos genomas de *Homo sapiens*, *Escherichia coli* e *Saccharomyces cerevisiae* utilizando bases de dados disponíveis em bibliotecas públicas como o banco de dados SAGE (disponibilizado pelo National Institute of Health). A matriz é reordenada computacionalmente usando técnicas de Monte Carlo com a finalidade de aproximar os nodos mais interligados, tornando aparentes os módulos da rede. A identificação dos módulos possibilita a análise de suas funções biológicas e suas interações, fornecendo uma ferramenta fundamental para o estudo do genoma como um sistema dinâmico e não apenas como uma seqüência de genes. (PIBIC).