

202

INVESTIGAÇÃO COMPUTACIONAL DA ROBUSTEZ DA REDE DE INTERAÇÃO DE PROTEÍNAS DA SACCHAROMYCES CEREVISIAE. *Jean Schmith, José Carlos M. Mombach, Cláudia K. Barcellos, Ney Lemke (orient.)* (Programa Interdisciplinar de Pós-Graduação em Comp,

Centro de Ciências Exatas e Tecnológicas, UNISINOS).

Proteínas trabalham de maneira associada para executar importantes funções biológicas nos organismos. Medidas experimentais da interação física entre pares de proteínas já foram obtidas para alguns organismos, permitindo que se determine a rede de interação entre as mesmas. Trabalhos recentes indicam que a análise das características topológicas destas redes permite determinar proteínas que desempenham um papel mais importante que outras. Neste trabalho investigamos a levedura *Saccharomyces cerevisiae*. Para tanto utilizamos o banco de dados BRITE (Biomolecular Relations in Information Transmission and Expression - www.genome.ad.jp/brite) para obter informações sobre as interações físicas entre algumas proteínas deste organismo. Para a construção e visualização da rede de interações, desenvolvemos um pacote para o software MATHEMATICA. Nesta rede, pontos representam proteínas e linhas representam interação entre duas proteínas. Deletamos os pontos da rede um a um, e determinamos o número de pontos removidos da rede quando um dado ponto é excluído, definimos este número como dano. Analisando a distribuição do dano observamos que este segue uma lei de potência. A maioria das proteínas causam um dano baixo na rede, enquanto que umas poucas causam um dano alto. Dentre todas as proteínas analisadas existem as chamadas proteínas essenciais. Proteínas essenciais pertencem ao conjunto de proteínas necessárias para o organismo para sobreviver. Encontramos correlação entre dano e essencialidade. Assim, o dano é uma medida útil da importância de uma determinada proteína e pode ser usado na predição de proteínas essenciais em outros organismos. (CNPq, FAPERGS)