

419

CONSTRUÇÃO DA REDE DE INTERAÇÕES FÍSICAS ENTRE PROTEÍNAS PARA A PREDIÇÃO IN SILICO DA FUNÇÃO DE PROTEÍNAS DESCONHECIDAS DE HELICOBACTER PYLORI. *Daiana Fontes, José Carlos M. Mombach, Norma Machado da Silva,*

Ney Lemke (orient.) (Centro de Ciências Exatas e Tecnológicas, UNISINOS).

A predição da função de proteínas é um importante desafio para a era pós-genômica. Com o acesso às seqüências do genoma completo de vários organismos, a era proteômica volta seu foco para a realização de experimentos que permitam elucidar a função dos produtos dos genes. Para tanto, experimentos sistemáticos têm sido realizados e análises in silico complementam tais resultados. Análises computacionais das redes de interação física entre proteínas são úteis, pois sabe-se que proteínas que interagem podem pertencer, pelo menos, a uma classe funcional comum. Portanto, podemos tentar prever a função de uma proteína, quando a função das outras proteínas com quem ela interage é conhecida, ou seja, com base na função mais freqüente dentre as proteínas interagentes. Este método proposto por Vazques et al. (2003), para *Saccharomyces cerevisiae*, e também leva em consideração as interações entre as proteínas de função desconhecida. Os dados das interações entre as proteínas são visualizados num grafo onde os nós representam as proteínas e as linhas que interligam os nós representam as interações, identificadas experimentalmente, entre as proteínas pelo método dos “dois híbridos”, segundo Ito et al., 2000. No presente trabalho pretendemos construir a rede de interações para *Helicobacter pylori*, uma bactéria habitante natural do nosso estômago e duodeno, podendo ser causadora da úlcera gástrica, úlcera duodenal ou até câncer de estômago, e prever a classificação funcional de conjuntos protéicos ainda não conhecidos deste organismo. (FAPERGS/IC).