



<b>Evento</b>	XXI FEIRA DE INICIAÇÃO À INOVAÇÃO E AO DESENVOLVIMENTO TECNOLÓGICO – FINOVA/2012
<b>Ano</b>	2012
<b>Local</b>	Porto Alegre - RS
<b>Título</b>	Construção de uma ferramenta web para integração rede proteica e transcriptoma
<b>Autor</b>	BRUNO BARBOSA AFFELDT
<b>Orientador</b>	JOSE CLAUDIO FONSECA MOREIRA

## Construção de uma ferramenta web para integração rede proteica e transcriptoma

Bruno Barbosa, Fares Zeidán-Chuliá, José Luiz Rybarczyk-Filho, José Cláudio Fonseca Moreira

As rotas bioquímicas podem ser consideradas como uma rede de interações entre metabólitos, entre os quais muitos deles são proteínas codificadas a partir do genoma. Assim, o funcionamento de uma célula implica em interações que compõem uma rede complexa. Dados sobre o funcionamento celular em nível de interações proteína-proteína existem em abundância e apresentam diferentes origens: podem ser resultados de experimentos de alto desempenho (high throughput), que geram uma grande quantidade de informação, como técnicas de microarranjo (microarray), ou podem ser o resultado de alguma pesquisa focada em poucas proteínas ou genes que compõem uma rede.

Observamos que o genoma funciona na forma de uma rede e, sendo assim, um módulo de muitos genes medianamente superexpressos ou subexpressos podem causar um efeito não desprezível. No entanto tal modificação poderia não ter sido analisada seguindo o critério de escolher genes com modificação no nível de expressão muito intenso. Uma maneira de contornar essa situação é usar um método que considere os níveis de expressão do genoma completo com a organização de genes a partir de uma rede de interação proteica com dados de transcriptoma. É possível avaliar a nível global a expressão do organismo desejado. A carência de ferramentas para análise de transcriptomas é o nosso motivador. Por isso estamos desenvolvendo uma ferramenta web baseada num software publicado pelo grupo, intitulado **ViaComplex**. Este software tem como objetivo projetar dados de transcrição gênica sobre uma rede de interação proteica e foi implementado utilizando linguagem FORTRAN, que é ideal para cálculos, mas tratando-se de gráficos, é inferior a outras linguagens de programação. O aplicativo web que está sendo implementado permite maior interação do usuário com o programa. O usuário pode mudar o layout da rede como desejar, o que é impossível na versão ViaComplex. Combinando poderosas linguagens de programação voltadas para web como PHP ( PHP: Hypertext Preprocessor ), JavaScript e Java, além de integração com o banco de dados MySQL, é possível construir uma ferramenta completa e de fácil acesso, bastando que o usuário tenha acesso a internet para utilizá-la.

Foi construído um banco de dados com interações proteicas para *Homo sapiens*. Essas interações foram obtidas no banco de dados STRING. A ferramenta possui uma coleção de rotas metabólicas retiradas do KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes), onde o usuário pode escolher uma ou várias rotas metabólicas e então selecionar métodos de predição e escore mínimo para então a ferramenta buscar, filtrar e selecionar os dados que são mostrados em forma de rede proteica através do aplicativo Medusa.

Na atual versão da ferramenta, está sendo desenvolvida uma página para construção de gráfico de modularidade onde o usuário irá escolher um tamanho de janela, que será enviado a um programa que devolve coordenadas de um gráfico. Este gráfico será mostrado para o usuário.