

A linhagem de células de neuroblastoma humano SH-SY5Y pode ser induzida a um fenótipo neuronal dopaminérgico maduro através de tratamentos com uma variedade de agentes, incluindo ácido retinóico e BDNF. No entanto, os detalhes moleculares desse processo ainda são muito pouco compreendidos e não há caracterização de um grupo de genes ou proteínas que sejam os principais responsáveis pelo fenótipo dopaminérgico. Nesse contexto, o objetivo do presente trabalho foi o de analisar os perfis de expressão gênica de células SH-SY5Y submetidas à diferenciação neuronal, a fim de identificar proteínas (ou genes) responsáveis pela indução desse fenótipo. O interatoma completo de *Homo sapiens* foi extraído do banco de dados público *String*, que fornece as informações para se montar uma rede de interação proteica de um organismo. Tal informação foi processada pelo algoritmo *Cost Function Minimized (CFM)*, para ordenamento das proteínas pelo grau de conectividade entre elas no interatoma. Esse ordenamento de proteínas traz consigo a informação de modularidade, já demonstrado em trabalhos anteriores. Microarranjos de células SH-SY5Y diferenciadas por ácido retinóico ou BDNF foram obtidos no banco *Gene Expression Omnibus*. Os sinais das sondas dos microarranjos foram normalizados com o programa *Expression Console*, da *Affymetrix*, em RMA e processados pelo algoritmo *Transcriptogram*. Assim, os dados de expressão foram plotados sobre o ordenamento realizado via *CFM*, tornando possível a visualização global do comportamento de módulos proteicos ao longo do processo. Os módulos que apresentaram grande desvio em relação à célula indiferenciada foram selecionados para análise individual, e as redes de interação desses módulos foram obtidas com o programa *Cytoscape* para caracterização funcional e cálculos de propriedades topológicas. Foram identificados grupos de genes altamente conectados que são, em média, suprimidos durante o processo de diferenciação, estando eles relacionados a processos de regulação do ciclo celular, como as vias de sinalização de Wnt, p53 e Hedgehog. Tais resultados nos possibilitarão a identificação de proteínas cuja remoção do interatoma resulte no colapso da rede, indicando genes essenciais para a diferenciação dopaminérgica, sendo essa informação de grande utilidade no desenvolvimento de terapias de reposição celular em condições neurodegenerativas do sistema dopaminérgico.