



B161

AVALIAÇÃO TEÓRICA DE UM NOVO MÉTODO DE IDENTIFICAÇÃO DE PROTEÍNAS BASEADO EM MÚLTIPLAS RESTRIÇÕES A BASE DE DADOS

Itaraju Junior Baracuchy Brum (Bolsista FAPESP) e Prof. Dr. José Camillo Novello (Orientador), Instituto de Biologia – IB, UNICAMP

Utilizando diferentes técnicas de proteômica é possível obter um conjunto de dados que pode caracterizar um peptídeo numa mistura obtida por digestão e ligá-lo à sua proteína originária. Este conjunto de dados consiste de: presença ao menos de uma cisteína no peptídeo; uma faixa de MW (Peso Molecular) para a proteína originária; uma faixa de pI (Ponto Isoelétrico) e MW para o peptídeo). Este trabalho visa avaliar teoricamente a eficiência de tal conjunto de dados na identificação de proteínas e também estimar a precisão que seria necessária para medidas experimentais. Para isso, o conjunto de ORFs do genoma da *Xylella fastidiosa* foi digerido *in silico*, criando um conjunto de seqüências de peptídeos que foi armazenada em Banco de Dados em conjunto com informações teóricas de pI/MW de cada seqüência. Após armazenamento, consultas com diferentes restrições foram executadas contra o Banco de Dados. Como resultados, viu-se que das 2830 ORFs estudadas, 83% contém cisteínas e potencialmente podem ser identificadas. Consultas sob diferentes tamanhos de faixas de valores para as propriedades levaram a uma única identificação em 88% a 91% dos testes. Este número, mostra que o método tem o potencial de identificar um número maior de proteínas do que os métodos atualmente disponíveis.

Proteômica – Identificação de Proteínas – Bioinformática