



## FERRAMENTA COMPUTACIONAL PARA COMPARAÇÃO VISUAL DE PROTEOMA

Itaraju Junior Baracuhy Brum (Bolsista FAPESP) e Prof. Dr. Eduardo Galembeck (Orientador), Instituto de Biologia - IB, UNICAMP

Desenvolvimento de uma ferramenta, para Internet, que possibilite a comparação direta de géis de referência experimentais com seqüências de ORFs (*Open Reading Frames*). A partir do cálculo de  $pI$  (ponto isoelétrico) e  $MW$  (peso molecular) das seqüências de aminoácidos que compõem ORFs, é plotada uma imagem gráfica, um gel 2D teórico, sobre uma imagem de gel de referência usando-se a escala deste gel para possibilitar a comparação entre dados experimentais e teóricos. Em comparações entre mapas teórico e experimental de *Escherichia coli* (pH de 4 a 8), *Escherichia coli* (pH de 6 a 11), *Saccharomyces cerevisiae* e tecido de fígado de rato, pôde-se verificar a ocorrência de discrepâncias justificáveis com uma distância relativa ( $dr$ ) média de 15% nos spots, sendo que 58% deles mostram uma  $dr$  menor que 10% e 87% deles menor que 25%. O mapa 2D teórico de modo a facilita a comparação com o gel experimental, devido ao recurso de ajuste de escala. As diferenças entre géis experimentais e teóricos, podem ser explicadas pelo fato de que a posição de spots nos géis de referência sofre influencia de fatores independentes do genoma, como modificações pós-transcricionais, fragmentação e estrutura terciária de proteínas. A ferramenta em uso combinado com outros dados experimentais, como o seqüenciamento N-terminal contribui significativamente para a identificação de proteínas.

Bioinformática - Proteoma - Eletroforese Bidimensional