



USP ESALQ – ACESSORIA DE COMUNICAÇÃO

Veículo: Agência USP

Data: 10/11/09

Link: <http://www.usp.br/agen/?p=10638>

Caderno / Página: - / -

Assunto: Sistema interliga dados sobre interação protéica em plantas

Sistema interliga dados sobre interação protéica em plantas

Da Assessoria de Comunicação da Esalq

Na Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” (Esalq) da USP em Piracicaba, um novo sistema interliga bancos de dados de interações protéicas em *Arabidopsis thaliana*, planta modelo para pesquisas científicas por ter o genoma totalmente seqüenciado e apresentar crescimento rápido com cultivo relativamente simples. Denominado *Arabidopsis thaliana Protein Interaction Network* (AtPIN), o projeto recebeu o prêmio de Melhor Ferramenta em Bioinformática e Banco de Dados na 5ª Conferência Internacional da Associação Brasileira de Bioinformática e Biologia Computacional, realizada em Angra dos Reis (RJ) no mês de outubro.



O sistema AtPIN integra cinco bancos de dados internacionais, já disponíveis à comunidade científica, para desenvolver cálculos de confiabilidade dessas interações bem como localizar estas dentro dos múltiplos compartimentos celulares. Várias dessas interações já estavam descritas em outros bancos de dados, mas era complicado, para um pesquisador, buscar de forma aleatória o local exato em

que essas informações estavam depositadas. A partir desses estudos é possível inferir interações protéicas em outros organismos, como a cana-de-açúcar.

Durante a conferência, o software foi apresentado pela primeira vez. “Foram duas etapas, uma demonstrativa e outra entrevista com a comissão organizadora que detalhou cada aspecto do nosso trabalho com intenção de verificar o mérito”, relata o biólogo Marcelo Brandão, autor do projeto e responsável pela área de bioinformática do Laboratório de Biologia Molecular de Plantas do Departamento de Genética (LGN) da Esalq. “É um prêmio importante para a Escola, pois mostra que as pesquisas em biologia computacional realizadas aqui estão ao nível de competição com grupos no exterior”.

Interações

Na finalização do projeto, a pesquisadora Luiza Barros Dantas verificou experimentalmente se algumas das interações preditas depositadas no AtPIN eram válidas. “Os modelos fornecidos pelo sistema foram testados em ensaios com as mesmas proteínas, e o sucesso não poderia ter sido maior”, revela a mestranda do programa de pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da Escola, que pesquisa o duplo direcionamento protéico com base nas informações do AtPIN. “Unir informática com biologia é a melhor forma de auxiliar a busca por respostas que, de forma experimental, demorariam um tempo infinitamente maior e com um índice de confiança relativamente mais baixo”.

Marcelo Brandão salienta que existem outros métodos biológicos para identificar relações protéicas, mas são caros e demandam quantidade elevada de proteínas para identificar quais são aquelas que de fato promovem a interação. “A vantagem do AtPIN é que os pesquisadores conseguem focar suas atividades em sistemas que já estão preditos na literatura ou em banco de dados. Então, o sistema confirma suas buscas e agiliza as pesquisas na área da genômica, por exemplo”, explica. “A quantidade de dados hoje disponíveis não pode mais ser processada apenas em um caderno de laboratório e a demanda por cálculos gera uma infinita necessidade pelo agrupamento em banco de dados. Na década de 1970, surgem os primeiros

repositórios de informações referentes às estruturas protéicas, mas o boom da bioinformática aconteceu com o genoma”.

No Laboratório de Biologia Molecular de Plantas do LGN, a bioinformática é um suporte de bancada que acelera a seleção das seqüências genéticas a serem observadas. “Há com isso diminuição de gastos e uma agilidade de cálculo espantosa e uma convergência disciplinar para o mesmo foco”, comenta Brandão, que atua no laboratório há um ano. “Não só os matemáticos e os profissionais da computação se voltaram para a biologia, mas os biólogos acabaram se envolvendo com a informática.”

O professor Márcio de Castro Silva Filho, coordenador do laboratório, aponta que o AtPIN é o banco referência em interações de proteínas listado no TAIR, consórcio internacional de curadores dos dados moleculares de *Arabidopsis*. “Alcançar esse nível de detalhamento de informação nas pesquisas jamais seria possível somente nas bancadas”, ressalta. “Sem o desenvolvimento matemático, não estaríamos vivendo hoje a era da genômica, tal a grandeza de processamento de dados permitida a partir da biologia computacional.”

Mais informações: (19) 3447-8613