Mestrado em Bioinformática

Ano Letivo 2014/2015

Docentes: Prof. Miguel Rocha



**Graphs for Networking analyzes of Metabolic pathways from Kegg**

Algoritmos Avançados de Bioinformática

**Grupo 3:**

**Daniel Oliveira (PG27667)**

**Jorge Reis (PG26544)**

**Raquel Silva (PG27668)**

**Introdução Teórica**

A aplicação do método matemático, teoria dos grafos, para perceber redes biológicas metabólicas tem potenciais aplicações como por exemplo a identificação de drug target, atribuir funções a genes ou proteínas ou diminuir o tempo de atribuição de uma patologia a um diagnóstico médico.

A análise de um cluster pode ser utilizado num basto número de aplicações como microarrays e análise de filogenia e pode ajudar a encontrar entidades biológicas semelhantes como proteínas homólogas em diferentes organismos. Para quantificar a coesão de um no num grupo é medido o coeficiente de clustering que se define pelo número de arcos existentes entre vizinhos do nó e numero total de arcos que poderiam existir entre vizinhos do nó.

A utilização da base de dados Kegg neste trabalho possibilitou criar um grafo de uma rede metabólica com as seguintes caraterísticas: