

Metodologia computacional para análise de interação de proteínas

Problema

A cristalografia de raios X e a ressonância magnética nuclear são duas das técnicas recomendadas e utilizadas para caracterização de estruturas e complexos proteicos em estudos. Entretanto, uma parcela significativa das proteínas não é passível de ser analisada por tais métodos. Atualmente, existe uma limitação de metodologias que permitam a análise de interação proteína-proteína em larga escala. O mapeamento da região de interação do epítopo, ou seja, a área da molécula do antígeno que se liga aos receptores celulares e aos anticorpos, é uma tarefa desafiadora e o desenvolvimento de medicamentos depende desse mapeamento.

Solução

A tecnologia propõe um método que, quando aplicado a misturas proteicas e posterior análise pela técnica de espectrometria de massas, permite a caracterização de complexos proteicos, mapeamento de epítotos e de interação proteína-proteína em larga escala. As identificações das interações são realizadas utilizando um software desenvolvido pela equipe. Dessa forma, a solução funciona como uma alternativa aos métodos convencionais de análise de biologia estrutural.

Diferencial

Estudo de interação de alta complexidade

Processamento de dados eficaz e rápido

Análise quantitativa de interações

Estágio de Desenvolvimento



O que buscamos?

Comercialização das metodologias juntamente com o software.

QUER SABER MAIS? ENTRE EM CONTATO!

Inventores

Paulo Costa Carvalho



Aponte a câmera do celular para escanear o QR Code



Campus Fiocruz Maré - Av. Brasil, 4036 - Maré, Rio de Janeiro - RJ

CEP: 21040-361

✉ portfolio@fiocruz.br

☎ +55 (21) 3282-9080