

Construção e análise do diagrama de Hasse por meio da posição dos bits no estudo do código genético

Edmara Viana da Silva¹

Discente do Curso de Matemática - Licenciatura, Unifal-MG, Alfenas-MG

Anderson José de Oliveira²

Docente do Departamento de Matemática, Unifal-MG, Alfenas-MG

1 Introdução

A modelagem matemática do código genético é algo que diversos pesquisadores vem desenvolvendo, a fim de analisar propriedades, características, semelhanças, diferenças e possibilidades de aplicações em diversos estudos, como por exemplo, análises de mutações genéticas.

Em [3] e [1] é feita a proposta de um modelo de um sistema de codificação e decodificação genética, no qual é feita uma bijeção de um alfabeto biológico, denotado por $N = \{A, C, G, T/U\}$, onde A-adenina, C-citosina, G-guanina, T/U-timina/uracila, com um alfabeto matemático, através de um anel \mathbb{Z}_4 , denotado por $\mathbb{Z}_4 = \{0, 1, 2, 3\}$. Por meio dessa bijeção, é possível identificar 24 permutações, as quais podem ser divididas em três rotulamentos, denotados como A, B e C, de acordo com a caracterização geométrica de cada um.

Em [2] é feita a proposta da construção de um diagrama de Hasse para analisar as propriedades físico-químicas dos aminoácidos. A construção é feita baseada na modelagem matemática dos rotulamentos associados ao mapeamento do código genético, através da construção dos reticulados booleanos algébricos, além dos diagramas de Hasse para os rotulamentos B e C, como forma de compará-los com o já existente do rotulamento A, de [4].

Este trabalho tem como objetivo apresentar a construção do diagrama de Hasse para a permutação 1023 associada ao rotulamento A, tendo como ideia central a posição dos bits nos códons, baseado nos reticulados booleanos construídos.

2 Desenvolvimento

A construção do diagrama de Hasse, proposta por [2] reflete características biológicas relevantes no estudo do código genético, classificando os códons em hidrofóbicos ou hidrofílicos, além de apresentar a regularidade na separação desses códons de acordo com a hidropaticidade. Tomando como referência a complementaridade biológica das bases nitrogenadas, a existência de dois elementos não-comparáveis, um elemento máximo e um elemento mínimo, foram construídos os reticulados booleanos primal e dual, através de operações de álgebra booleana, além do diagrama de Hasse correspondente, onde se observou a separação dos códons no diagrama. A proposta deste trabalho é utilizar a ordem dos bits, que estão associados a cada um dos códons. Essa modelagem foi denotada como “ideia dos bits”, na qual ao invés de analisarmos as complementaridades biológicas das bases nitrogenadas, analisamos os bits associados a elas e o seu bit complementar. Nesta modelagem,

¹edmaraviana076@gmail.com

²ajoliveira01@gmail.com

além de observarmos a separação dos códons hidrofóbicos e hidrofílicos, também observamos onde está localizado o aminoácido triptofano (aminoácido responsável pelo bem estar do ser humano) e o quão próximo ele se encontra dos códons STOP, uma vez que essa proximidade pode ser fator fundamental em uma mutação genética.

A Figura 1 apresenta o diagrama de Hasse para a permutação 1023 do rotulamento A, escolhida aleatoriamente, usando a associação C-00, G-11, U-01 e A-10.

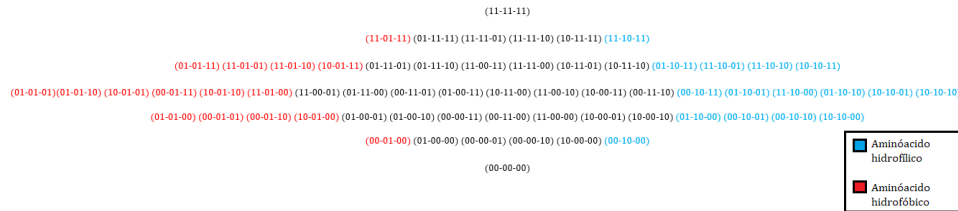


Figura 1. Análise dos bits do diagrama de Hasse segundo o rotulamento A.

3 Considerações Finais

Após a construção do diagrama de Hasse, observamos que os aminoácidos hidrofílicos são aqueles que tem os bits 10 na segunda posição, já os aminoácidos hidrofóbicos são aqueles que tem os bits 01 na segunda posição, ou seja, uns são complementares dos outros. O aminoácido triptofano, que é identificado como (01-11-11), permaneceu próximo de pelo menos um dos códons STOP na construção.

Os três códons STOP existentes são codificados como: (01-11-10), (01-10-11) e (01-10-10), pode-se observar que dois desses códons possuem apenas uma base diferente do triptofano e isso significa que a chance de ocorrer uma mutação genética envolvendo esse aminoácido é grande, e como ele é muito importante para o organismo humano, isso pode acarretar em graves problemas na saúde, um dos problemas analisados é que a falta dele no organismo pode gerar a depressão.

Referências

- [1] L. C. B Faria, R. Palazzo Jr. Existências de códigos corretores de erros e protocolos de comunicação em sequências de DNA, Tese de Doutorado, FEEC-Unicamp, 2011.
- [2] A. J. Oliveira, R. Palazzo Jr. Análise Algébrica dos Rotulamentos Associados ao Mapeamento do Código Genético, Dissertação de Mestrado, FEEC-Unicamp, 2012.
- [3] A. S. L. Rocha, R., R. Palazzo Jr., M.C. Silva-Filho. Modelo de sistema de comunicações digital para o mecanismo de importação de proteínas mitocondriais através de códigos corretores de erros, Tese de Doutorado, FEEC-Unicamp, 2010.
- [4] Sanchez R.; Morgado E.; Grau R. The genetic Code Boolean Lattice, MATCH Commun.Math.Comp.Chem,52pp. 29-46, (2004).