

Proceeding Series of the Brazilian Society of Computational and Applied Mathematics

Aplicações de Elementos de Matemática Discreta e Álgebra no Estudo do Código Genético

Paulo Júnio de Paula¹

Daiane Lourenço Nogueira²

Curso Matemática-Licenciatura, Instituto de Ciências Exatas, UNIFAL, Alfenas, MG

Anderson José de Oliveira³

Instituto de Ciências Exatas, UNIFAL, Alfenas, MG

1 Introdução

Investigações celulares, genéticas e proteicas são uma das áreas de desenvolvimento mais importantes das ciências. Proporcionam conhecimentos relacionados ao funcionamento dos organismos, descrevendo suas características. Recursos como o Reticulado Booleano e o Diagrama de Hasse, ferramentas da Matemática Discreta, e as relações isomorfas, conteúdos da Álgebra Abstrata, permitem analisar interações nos códons do código genético. Desenvolveu-se um trabalho intitulado “Aplicações de ferramentas matemáticas na modelagem de problemas biológicos”, onde tais recursos, dentre outros, exemplificam a presença de ferramentas matemáticas aplicadas em contextos biológicos auxiliando em melhoramentos genéticos e no desenvolvimento de técnicas que permitem o avanço científico.

2 Materiais e Métodos

Análises que especificam propriedades e características do código genético como a hidropaticidade dos aminoácidos podem ser feitas pela construção do Reticulado Booleano e do Diagrama de Hasse [1]. Estas ferramentas permitem uma melhor visualização dos códons do código genético, organizando-os convenientemente a fim de observar não somente a hidropaticidade, mas também outras de suas características e/ou comportamentos.

O processo de soma entre códons no estudo de mutações é analisado a partir de um alfabeto quartuário isomorfo a um biológico de bases nitrogenadas $\{A, C, G, T/U\}$, representando a adenina, citosina, guanina e timina/uracila respectivamente, e também, pela característica isomorfa entre grupos de códons, que seguem as regras descritas por [3], e o grupo de classe de restos \mathbb{Z}_{64} . Este processo é importante porque os organismos estão

¹paulojunio@outlook.com

²daia.lonog@hotmail.com

³anderson.oliveira@unifal-mg.edu.br

sujeitos a alterações em sua estrutura genética, principalmente quando ocorrem alterações em um ou mais códons, o que acarreta em alguns casos, na troca do aminoácido codificado.

Tais aplicações tem grande potencial no desenvolvimento científico, pois relacionam-se à fenômenos genéticos e patológicos. Desta forma, além de oferecerem suporte para estudos em Biologia e Matemática, possibilitam desenvolver pesquisas que visam solucionar problemas ainda existentes.

3 Resultados e Discussões

Com a construção dos Reticulados Booleanos e Diagramas de Hasse para as permutações 0312 e 2031 em \mathbb{Z}_4 cujos representantes biológicos são $\{A, G, U, C\}$ e $\{C, U, A, G\}$, respectivamente, percebe-se que, em ambos, a característica de hidropaticidade (hidrofílicos e hidrofóbicos) dos aminoácidos associados aos códons do código genético foi regular, mantendo agrupados tanto os códons que codificam aminoácidos hidrofílicos quanto os que codificam os aminoácidos hidrofóbicos.

A partir da permutação 2310 que tem como representante biológico $\{G, U, C, A\}$ e, considerando também a permutação 1023, descrita biologicamente por $\{C, A, G, U\}$, construiu-se tabelas \mathbb{Z}_{64} , baseadas em [2], isomorfas aos grupos de códons correspondentes, respeitando os critérios definidos por [3]. Além disso, verificou-se a validade dos três algoritmos de soma entre códons encontrados em [1] e [3] para as tabelas elaboradas.

4 Conclusões

Com a construção do Diagrama de Hasse notou-se uma melhor visualização dos códons do código genético, organizando-os de forma que características diversas possam ser analisadas. Percebeu-se, também, que os pesquisadores além de buscarem aplicabilidades de ferramentas matemáticas em Biologia, dedicam-se a otimizar técnicas existentes. Fato perceptível durante a verificação dos algoritmos de soma entre códons, que baseiam-se na utilização dos mesmos conceitos mas diferem-se no grau de dificuldade.

Agradecimentos

Este trabalho foi realizado com o apoio financeiro da FAPEMIG, Brasil.

Referências

- [1] A. J. de Oliveira e R. Palazzo Júnior, Análise Algébrica dos Rotulamentos Associados ao Mapeamento do Código Genético, Dissertação de Mestrado, Unicamp, 2012.
- [2] H. H. Domingues, and G. Iezzi. *Álgebra Moderna*. Atual, São Paulo, 2011.
- [3] R. Sánchez, E. Morgado and R. Grau. Gene algebra from a genetic code algebraic structure, *Journal of Mathematical Biology*, 51:431-457, 2005.