

Análise das Propriedades dos Aminoácidos por meio do Código de Gray Aplicado ao Rotulamento A do Código Genético

Sara M. F. C. Neves¹ Anderson J. de Oliveira²
UNIFAL-MG, Alfenas, MG

O código genético é a tradução das informações na estrutura das moléculas de DNA e RNA em sequências de proteínas. Os códons do código genético são formados por uma trinca de bases nitrogenadas que possui 64 combinações diferentes. Assim, o código genético se trata da associação das trinças do RNA mensageiro, formadas pelas bases nitrogenadas e os aminoácidos presentes nas proteínas.

Segundo [1] e [4], o alfabeto 4-ário do código genético, associado ao conjunto de nucleotídeos representado por $N = \{A, C, G, T/U\}$, correspondente às bases adenina (A), citosina (C), guanina (G), e timina (T) ou uracila (U), pode ser relacionado ao anel $\mathbb{Z}_4 = \{0, 1, 2, 3\}$. Através desta relação, existem 24 permutações que podem ser divididas em três conjuntos que contêm oito permutações cada um, os quais são classificados como rotulamentos A, B e C.

Nesse contexto, diversos estudos têm sido desenvolvidos sobre a modelagem do código genético através de estruturas matemáticas, a fim de identificar as propriedades relacionadas aos aminoácidos e possíveis interferências em diversas situações, como, por exemplo, no estudo de mutações genéticas. Uma das possibilidades é a utilização do código de Gray para analisar as características de cada um dos códons do código genético.

De acordo com [3], o código genético pode ser representado por um hipercubo booleano 6-dimensional. No código de Gray do código genético, um hipercubo n -dimensional, representado por Q_n , consiste em 2^n nós, cada um endereçado por um número de identificação único de n bits; dois nós de Q_n só estão conectados se seus endereços de nó diferem em exatamente uma posição de bit.

Segundo [5], o código de Gray “é representado por uma sequência de todos os números binários de n bits, tal que quaisquer dois números sucessivos diferem em somente uma posição de bit.” Um exemplo de código de Gray é a sequência $G_2 = \{00, 01, 11, 10\}$, a qual representa o código de Gray 2-bit. Cada códon do código genético pode ser associado a uma palavra-código do código de Gray 6-bit.

O objetivo deste trabalho é apresentar as palavras-código de um código de Gray associadas à permutação 2310 do rotulamento A do código genético, bem como caracterizar as propriedades físico-químicas dos aminoácidos associados a essa construção, e comparar o resultado com o diagrama de Hasse construído em [2].

A Figura 1, construída a partir do procedimento de [3], apresenta a representação binária, os códons e os aminoácidos correspondentes à permutação 2310. Os aminoácidos estão representados pelas letras L(leucina), V(valina), I(isoleucina), R(arginina), S(serina), G(glicina), C(cisteína), F(fenilalanina), W(triptofano), Y(tirosina), P(prolina), D(aspartato), M(metionina), K(lisina), H(histidina), T (treonina), Q(glutamina), E(glutamato), N(asparagina), A(alanina) e STOP.

¹sara.neves@sou.unifal-mg.edu.br

²anderson.oliveira@unifal-mg.edu.br

Bin.	Códon	Amin.	Bin.	Códon	Amin.	Bin.	Códon	Amin.	Bin.	Códon	Amin.
000011	UUA	L	000010	UUG	L	000000	UUU	F	000001	UUC	F
100001	GUC	V	100000	GUU	V	100010	GUG	V	100011	GUA	V
110011	AUA	I	110010	AUG	M	110000	AUU	I	110001	AUC	I
010001	CUC	L	010000	GUU	L	010010	CUG	L	010011	CUA	L
011011	CGA	R	011010	CGG	R	011000	CGU	R	011001	CGC	R
111001	AGC	S	111000	AGU	S	111010	AGG	R	111011	AGA	R
101011	GGA	G	101010	GGG	G	101000	GGU	G	101001	GGC	G
001001	UGC	C	001000	UGU	C	001010	UGG	W	001011	UGA	STOP
001111	UAA	STOP	001110	UAG	STOP	001100	UAU	Y	001101	UAC	Y
101101	GAC	D	101100	GAU	D	101110	GAG	E	101111	GAA	E
111111	AAA	K	111110	AAG	K	111100	AAU	N	111101	AAC	N
011101	CAC	H	011100	CAU	H	011110	CAG	Q	011111	CAA	Q
010111	CCA	P	010110	CCG	P	010100	CCU	P	010101	CCC	P
110101	ACC	T	110100	ACU	T	110110	ACG	T	110111	ACA	T
100111	GCA	A	100110	GCG	A	100100	GCU	A	100101	GCC	A
000101	UCC	S	000100	UCU	S	000110	UCG	S	000111	UCA	S

Figura 1: Código de Gray associado à permutação 2310 do código genético.

A Figura 1 representa o código de Gray associado à permutação 2310 do rotulamento A do código genético, na qual os dígitos 00 correspondem à base U, os dígitos 01 correspondem à base C, os dígitos 10 correspondem à base G e os dígitos 11 correspondem à base A. As características de cada códon tomaram como referência a construção do diagrama de Hasse dessa permutação, proposto em [2].

Assim como no diagrama de Hasse proposto em [2], na Figura 1, os códons que codificam os aminoácidos hidrofílicos (azul) estão separados dos que codificam os aminoácidos hidrofóbicos (vermelho). Além disso, na lateral direita do diagrama de Hasse, os aminoácidos hidrogênio (amarelo), básicos (ciano) e hidroxila (rosa) estão próximos e, na lateral esquerda, os aminoácidos hidroxila (rosa) e cadeia alifática (laranja) também estão próximos. O mesmo ocorre com esses aminoácidos na Figura 1. Também é possível perceber que, na Figura 1, os aminoácidos sulfidrila ou tiol (roxo), anel aromático (verde) e STOP (preto) estão próximos, assim como no diagrama de Hasse.

Percebe-se uma importante caracterização do código genético, por meio da construção do código de Gray e a conexão com a construção do diagrama de Hasse, proposto em [2].

Agradecimentos

Agradecemos à UNIFAL-MG e ao CNPq, pelo apoio financeiro.

Referências

- [1] L. C. B. Faria. “Existências de Códigos Corretores de Erros e Protocolos de Comunicação em Sequências de DNA”. Tese de doutorado. Unicamp, 2011.
- [2] R. S. Fernandes. “Aplicações do diagrama de Hasse na análise das propriedades dos aminoácidos do código genético”. Dissertação de mestrado. Unifal-MG, 2021.
- [3] M. A. Jimenez-Montano, C. R. Mora-Basáñez e T. Poschel. “On the Hypercube Structure of the Genetic Code”. Em: **Bioinformatics and genome research** (1994), p. 445.
- [4] A. S. L. Rocha. “Modelo de sistemas de comunicação digital para o mecanismo de importação de proteínas mitocondriais através de códigos corretores de erros”. Tese de doutorado. Unicamp, 2019.
- [5] C. Y. Takemoto. “O método de Dobramento Recursivo para Imersão em Hipercubos e suas Aplicações”. Dissertação de mestrado. USP, 1998.