

Caracterização de Propriedades dos Aminoácidos por meio do Hipercubo Booleano

Bianca L. Ribeiro¹
 PPGEAB/UNIFAL-MG, Alfenas, MG
 Anderson J. Oliveira²
 DEMAT/UNIFAL-MG, Alfenas, MG

A modelagem do código genético por meio de estruturas matemáticas permite caracterizar propriedades associadas aos aminoácidos e possíveis interferências em diversas situações, como no caso das mutações genéticas, sendo o diagrama de Hasse, o código de Gray e o hipercubo booleano importantes estruturas para essas análises. Por meio do mapeamento das bases nitrogenadas adenina, citosina, guanina, timina/uracila, representadas por $N = \{A, C, G, T/U\}$ com o alfabeto 4-ário da estrutura de anel, denotado por $\mathbb{Z}_4 = \{0, 1, 2, 3\}$, é possível identificar 24 permutações, as quais podem ser organizadas em três rotulamentos (A, B e C), de acordo com as características geométricas associadas a cada uma dessas permutações [1], [2]. O diagrama de Hasse do código genético é composto por 64 códons, organizados em 7 linhas, a fim de analisar as propriedades dos aminoácidos. Outra importante modelagem do código genético é utilizando um hipercubo booleano 6-dimensional, construído a partir da tabela do código de Gray, em que os vértices são representados pelos códons [3]. Esse hipercubo representa simultaneamente todo o conjunto de códons e mantém o controle de quais códons são adjacentes.

O objetivo deste trabalho é apresentar a construção do hipercubo booleano associado à permutação 1302 (caso primal) do rotulamento C do código genético, a fim de apresentar uma caracterização das propriedades dos aminoácidos, além de verificar possíveis semelhanças e diferenças com as construções realizadas em [3].

A construção do hipercubo booleano associado ao código genético (64 códons, ou seja, o caso 6-dimensional) foi realizada a partir da identificação da diferença de um bit existente de um vértice para o outro, tomando como referência os casos apresentados para as dimensões 1 a 4, conforme Figura 1.

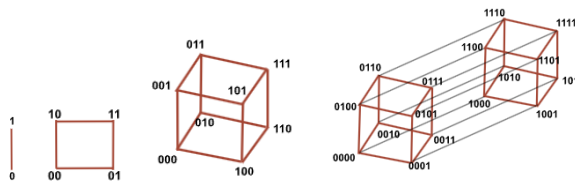


Figura 1: Hipercubo booleano associado às dimensões 1, 2, 3 e 4. Fonte: [3].

A partir das construções apresentadas anteriormente, para os casos das dimensões de 1 a 4, foi realizada a associação de um hipercubo booleano 6-dimensional com uma representação do código genético e seus 64 códons. Cada vértice do hipercubo é representado por um cubo, totalizando oito

¹bianca.ribeiro@sou.unifal-mg.edu.br

²anderson.oliveira@unifal-mg.edu.br

cubos, em que cada um de seus vértices podem ser representados por \mathbb{Z}_2^6 , todas as combinações possíveis de seis bits, neste trabalho representadas pelas trinças dos códons associados.

O hipercubo booleano associado à permutação 1302 (caso primal) do rotulamento C , está apresentado na Figura 2. Pode-se notar que cada um dos códons, representados por uma trinca, podem ser associados a um elemento da extensão do corpo primo $GF(2)$ para $GF(2^6)$, onde cada um dos 64 códons do código genético tem um representante na extensão.

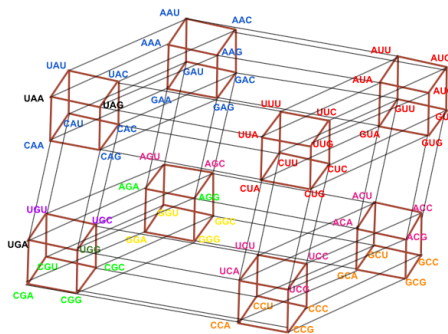


Figura 2: Hipercubo Booleano (caso primal) referente à permutação 1302 do rotulamento C . Fonte: dos autores.

As cores indicam as propriedades dos aminoácidos. Nesse sentido, os códons hidrofóbicos estão representados pela cor vermelha. Os códons hidrofílicos estão representados pela cor azul. O códon UGG é um anel aromático, que codifica o aminoácido triptofano, responsável pela sensação de bem estar está representado pela cor verde musgo. Os códons em amarelo representam o hidrogênio. Em laranja são classificados como cadeia alifática. Em rosa são classificados como hidroxila. Ademais, os aminoácidos sulfidril ou tiol estão representados pela cor roxa. Os básicos pela cor verde claro. Por fim, o códon STOP pela cor preta.

A partir da construção realizada é possível analisar propriedades físico-químicas associadas a cada um dos aminoácidos, além de relacionar um elemento da extensão $GF(2^6)$ a cada um dos códons do código genético.

Agradecimentos

À UNIFAL-MG, ao PPGEAB e à CAPES, pela concessão da bolsa.

Referências

- [1] R. S. Fernandes. “Aplicações do diagrama de Hasse na análise das propriedades dos aminoácidos do código genético”. Dissertação de mestrado. Unifal-MG, 2021.
- [2] R. S. Fernandes e A. J. Oliveira. “Caracterização das propriedades dos aminoácidos por meio do diagrama de Hasse associado ao rotulamento A do código genético”. Em: **Brazilian Electronic Journal of Mathematics** 4 (2021), pp. 81–100. DOI: 10.14393/BEJOM-v2-n4-2021-57416.
- [3] M. A. Jimenez-Montano, C. R. La Mora-Basanez e T. Poeschel. “On the Hypercube Structure of the Genetic Code”. Em: **arXiv preprint cond-mat/0204044**. 2002, pp. 1–14. DOI: 10.48550/arXiv.cond-mat/0204044.