

Construção do hipercubo booleano associado à permutação 1203 do rotulamento A do código genético

Bianca Lapa Ribeiro¹
Anderson José de Oliveira²

Resumo: O estudo do código genético, por meio da modelagem, análise e interpretação de diversos fenômenos, utiliza estruturas matemáticas, a fim de caracterizar propriedades associadas aos aminoácidos e possíveis interferências em diversas situações, como no caso das mutações genéticas. O diagrama de Hasse, o código de Gray e o hipercubo booleano são algumas dessas estruturas. De acordo com [1] e [2], o 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 $\mathbb{Z}_4 = \{0, 1, 2, 3\}$, permite obter 24 permutações, organizadas em três rotulamentos (A, B e C), de acordo com as características geométricas associadas a cada uma das permutações. O diagrama de Hasse é composto por 64 códonos, dispostos em 6 linhas, com o objetivo de organizar os códonos do código genético, para analisar as propriedades dos aminoácidos e classificar os códonos conforme suas características. Segundo [3], o código genético pode ser representado por um hipercubo booleano 6-dimensional, construído a partir da tabela do código de Gray, em que os vértices são representados pelos códonos. O hipercubo representa simultaneamente todo o conjunto de códonos e mantém o controle de quais códonos são adjacentes.

Em [3] é proposta a construção do hipercubo booleano 6-dimensional, associado ao código genético, no entanto, não é apresentado um procedimento sistemático para a realização dessa construção.

O objetivo deste trabalho é apresentar a construção do hipercubo booleano associado à permutação 1203 do rotulamento A do código genético, para analisar as possíveis semelhanças e diferenças com as construções realizadas em [3].

O hipercubo booleano associado à permutação 1203 (caso primal) do rotulamento A, está apresentado na Figura 1. Pode-se notar que cada um dos elementos refere-se a um elemento da extensão do corpo primo $\text{GF}(2)$ para $\text{GF}(2^6)$, onde cada um dos 64 códonos do código genético tem um representante na extensão.

As cores são representadas de acordo com as propriedades dos aminoácidos. Os códonos hidrofóbicos (representados pela cor vermelha), são aqueles que não possuem “afinidade” com a água. Os códonos hidrofílicos (representados pela cor azul), são os que possuem “afinidade” com a água. O códon UGG é um anel aromático, que codifica o aminoácido triptofano, responsável pela sensação de bem estar (representado pela cor verde musgo). Os códonos em amarelo representam o hidrogênio. Os códonos representados em laranja são

¹Discente do Mestrado em Estatística Aplicada e Biometria - Universidade Federal de Alfenas - UNIFAL-MG, bianca.ribeiro@sou.unifal-mg.edu.br

²Professor orientador, Departamento de Matemática, Universidade Federal de Alfenas - UNIFAL-MG, anderson.oliveira@unifal-mg.edu.br

classificados como cadeia alifática. Os códons em rosa são classificados como hidroxila. Ademais, observa-se os aminoácidos sulfidríla ou tiol (representados pela cor roxa) e os básicos (representados pela cor verde claro). Por fim, o códon STOP (representado pela cor preta), que é utilizado para interromper a proteína antes de seu término.

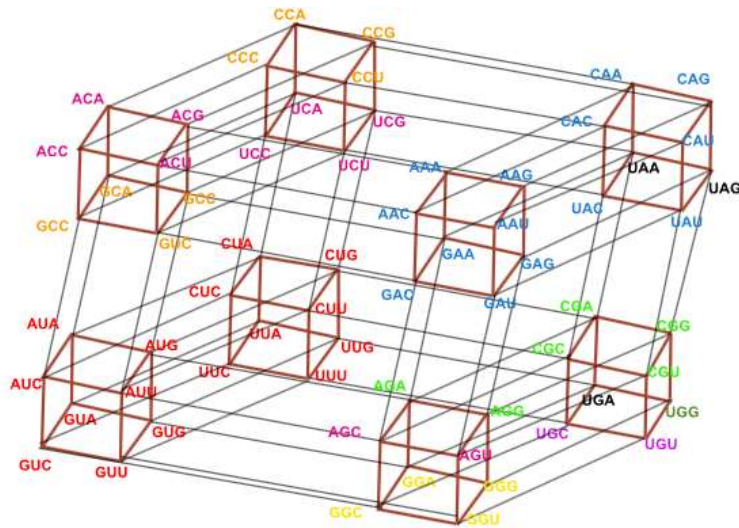


Figura 1: Hipercubo booleano associado à permutação 1203 (primal) do rotulamento A.

Desta forma, é possível analisar conexões existentes entre Biologia, Álgebra, Geometria e Engenharia, no processo de caracterização do código genético e transmissão de informações genéticas, por meio de estruturas matemáticas.

Referências

- [1] FERNANDES, R. S. **Aplicações do diagrama de Hasse na análise das propriedades dos aminoácidos do código genético**. Dissertação (Mestrado em Estatística Aplicada e Biometria). Mestrado, Universidade Federal de Alfenas-UNIFAL, Alfenas, 2021.
- [2] FERNANDES, R. S.; OLIVEIRA, A. J. Caracterização das propriedades dos aminoácidos por meio do diagrama de Hasse associado ao rotulamento A do código genético. **Brazilian Electronic Journal of Mathematics**, v. 2, n. 4, p. 81-100, 2021.
- [3] JIMÉNEZ-MONTAÑO, M. A.; MORA-BASÁÑEZ, C. R.; POSCHEL, T. 2002. On the Hypercube Structure of the Genetic Code. **Elsevier Science Publishers**. Disponível em: <https://arxiv.org/pdf/cond-mat/0204044.pdf>.