

COEFICIENTES DE CLUSTERIZAÇÃO MÉDIOS EM DNA

Rogério Jose Panis (BIC-UCS), Günther J. L. Gerhardt (orientador), Laurita dos Santos (bolsista), Ana Cláudia Basso (BIC-UCS), Scheila de A. e Silva (BIC-UCS), Gilberto Corso (pesquisador) - Depto. de Física e Química/Centro de Ciências Exatas e Tecnologia/UCS - rjpanisf@ucs.br

Cada genoma possui um certo grau de organização interno que ainda não está bem compreendido. Em uma microescala, os nucleotídeos que o compõem estão organizados em tripletes, ou seja, códons. As possíveis combinações de nucleotídeos para forma códons são 64 (usando-se as 4 bases ATCG que compõem o DNA). Este trabalho objetiva a correlação entre seqüências distintas dos seres: *Leptospira interrogans* serovar cromossomo I, *Saccharomyces cerevisiae* cromossomo XV, *Anopheles gambiae* cromossomo X e *Thermus thermophilus* em comparações trio a trio (triplets), indicando correspondência ao códon. Para o último caso foi utilizada uma metodologia baseada em redes de 64 vértices e calculada uma variação de coeficiente de clusterização média ao longo das seqüências. Em todos os casos, os valores acabam por se manter acima do valor randômico, mostrando uma organização interna direta nos tripletes.

Palavras-chave: Codons, Clusterização, Redes de 64 vértices

Apoio: UCS, CNPq e FAPERGS