

## ANÁLISE DE REDES LEVANDO EM CONSIDERAÇÃO O CONTEÚDO GC EM SEQÜÊNCIAS DNA MITOCÔNDRIAL

Luciane Bernardi (PIBIC-CNPq), Günther J. L. Gerhardt (orientador), Gilberto Corso, Ney Lemke, Sergio Echeverrigaray, Rogerio J. Panis Filho - Deptº Física e Química, Cento de Ciências Exatas e Tecnologia/UCS - [fofalu@terra.com.br](mailto:fofalu@terra.com.br)

O DNA é uma molécula formada por unidades de desoxirribonucleotídeos que, por sua vez, são formados por: um açúcar (a desoxirribose), uma base nitrogenada, que pode ser uma Purina (Adenina [A] ou uma Guanina [G]); ou uma Pirimidina (Timina [T] ou uma Citosina [C]) e por um grupo fosfato. Estas bases se pareiam ao longo do DNA formando a fita dupla. Devido a sua complexa estrutura há a necessidade de utilizar e criar novas ferramentas e neste trabalho utilizamos uma ferramenta alternativa que consiste em descrever a seqüência do DNA, baseada em conceitos de redes de tripletes (conjunto de três nucleotídeos) que formam 64 possibilidades de vértices. Esta rede foi montada considerando-se o apelo biológico natural dos "codons". Mediu-se, a partir desta rede, um Coeficiente de clusterização, visando mesurar o nível de organização no uso dos tripletes na forma de "triconons" (ou candidatos a isto). Obtemos resultados preliminares utilizando o DNA mitocondrial de 767 organismos, dentre eles cordados, invertebrados, plantas, fungos e protistas, controlando a variação do conteúdo GC, ou quantidade de guanina e citosina presentes nos organismos. Realizamos estudos com diferentes tamanhos de seqüências dentro de cada genoma. Resultados mostram um agrupamento para diferentes classes de organismos (mostrando autoconsistência) e um desvio do aleatório que depende da classificação do genoma com seu conteúdo GC. Esta característica é independente de outros viéses conhecidos das seqüências de DNA.

Palavras-chave: DNA Mitocondrial, redes, conteúdo GC

Apoio: UCS, CNPq