

MONTAGEM DE REDES EM DNA BACTERIANO COMPARANDO O GENE 16S

Rogério J. Panis Filho (PIBIC-CNPq), Günther J. L. Gerhardt (orientador), Luciane Bernardi, Sergio Echeverrigaray - Deptº Física e Química/Centro de Ciências Exatas e Tecnologia/UCS - rjpanisf@ucs.br

O DNA (também conhecido como código da vida de todos os seres) é formado por quatro bases nitrogenadas, ou nucleotídeos: A, T, G e C; que ligam entre si, formando uma cadeia dupla em forma de hélice e muito grande. Devido ao grande conteúdo de informações codificados nesta estrutura e sua importância fundamental na biotecnologia, ela vem sendo estudada exaustivamente nos últimos anos. Mas para isso, se faz necessário a utilização de várias ferramentas. Neste trabalho, verificamos as possibilidades de uma ferramenta baseada em conceitos de redes de tripletes (trinca de bases ao longo da seqüência) na estrutura filogenética de bactérias. Estes tripletes são inspirados no tamanho dos codons, codificadores de aminoácidos, que formam 64 possibilidades (20 aminoácidos em um código altamente degenerado). Nossa rede possui estes tripletes como vértices e as conexões entre eles ocorre por simples justaposição ao longo do genoma. A partir desta rede, mediu-se um Coeficiente de clusterização, medindo assim o grau de organização que a molécula possui em nível de tripletes. Utilizamos a seqüência genômica completa de algumas bactérias para formação de uma medida global (usando todo o DNA) e comparamos com a rede do gene 16S do mesmo organismo.

Palavras-chave: DNA, Rede, Gene 16S

Apoio: UCS, CNPq