

TEORIA DE GRAFOS E SEQÜÊNCIAS DE DNA

Cleber Saraiva (PIBIC/CNPq), Sergio Echeverrigaray Laguna, Ana Paula Longaray, Gunther J. L. Gerhardt (orientador) -
cleber_saraiva08@yahoo.com.br

Neste trabalho utilizamos ferramentas computacionais baseadas em Grafos para caracterizar seqüências de DNA. Existem várias formas de fazer caracterização de seqüências de nucleotídeos, mas as ferramentas baseadas na informação obtida somente a partir das seqüências possuem uma conotação especial no estudo da genômica evolutiva. Neste trabalho se explorou a possibilidade de utilização de uma ferramenta baseada em Grafos para clusterizar seqüências de DNA bacteriano tendo como objetivo central separar Genomas de Mycoplasmas de uma mistura de DNA. O trabalho realizado pelo nosso grupo tem como base a separação das seqüências do DNA em trincas de nucleotídeos de tipo códon (responsáveis pela síntese de proteínas), sendo dividido em nodos (as trincas de nucleotídeos) e as justaposições das trincas na seqüência (como as ligações entre os nodos). O trabalho é computacional, utilizando-se de Genomas Bacterianos obtidos de bancos de dados públicos. Os resultados mostram que estas ferramentas podem representar mais um passo na direção de caracterizar as seqüências apenas por si mesmas. Os resultados foram comparados com o conteúdo GC (ligação entre as bases nitrogenadas Guanina e Citosina) e a periodicidade 3 bp (3 pares de base), de possível origem evolutiva nos genomas.

Palavras-chave: grafos, DNA, padrões.

Apoio: UCS, CNPq .