

REDES DE TRIPLETES APLICADAS EM GENOMAS COMPLETOS. *Cleber Junior de Souza Saraiva, Rogério José Panis Filho, Laurita dos Santos, Ana Paula Dellamare, Sérgio Echeverrygaray, Ney Lemke, Gilberto Corso, Gunther Johannes Lewczuk Gerhardt (orient.)* (UCS).

Considerando o constante avanço das técnicas e informações sobre o estudo de seqüências genômicas pode-se dizer que esta é uma das áreas mais estudadas atualmente. Dentro destas técnicas de estudo, podemos destacar uma proposta organização de tripletes, que implica numa teoria do estudo de seqüências genômicas através de uma espécie de grafo (redes de tripletes). Nestas redes, as seqüências genômicas, são divididas em trincas de nucleotídeos, as quais são os nodos da rede, e a sua mera justaposição formam as ligações destas redes (as ligações entre os nodos). Usando este modelo, foi utilizado um coeficiente de clusterização para verificar se o grafo estava hierarquicamente organizado. Neste trabalho mostramos de que forma os valores calculados para caracterizar as redes estão relacionados 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. Além disso, foi possível mostrar que a hierarquia de organização dos tripletes, caracterizada pelo modelo de grafo, representa uma medida independente do DNA.