

Análise Mutacional da Enzima Mitochondrial ATP6 via Códigos Corretores de Erros

Alice Noronha de Oliveira¹, Anderson José de Oliveira², Diogo Guilherme Pereira³

¹Discente do Programa de Pós-Graduação em Estatística Aplicada e Biometria, UNIFAL, Alfenas-MG, Brasil

²Professor Adjunto do curso Matemática-Licenciatura, Instituto de Ciências Exatas, UNIFAL, Alfenas-MG, Brasil

³Analista de Tecnologia da Informação, UNIFAL, Alfenas-MG, Brasil

Resumo: Estudos recentes mostraram, pela primeira vez, a existência de códigos corretores de erros associados às sequências de DNA. Desse modo, sequências de DNA podem ser identificadas e reproduzidas como palavras código de códigos BCH (Bose, Chaudhuri e Hocquenghen) sobre a extensão de um anel de Galois. O presente trabalho tem como objetivo a reprodução de uma sequência de DNA relacionada à enzima mitocondrial ATP6, por meio do algoritmo de geração de proteínas, que realiza a construção de códigos BCH. Na reprodução dessa sequência foi possível observar que ocorre a troca de um nucleotídeo na posição da trinca 17. Assim, será analisado como essa alteração pode modificar a arquitetura biológica da sequência gerada.

Palavras-chave: Palavras-chave: Álgebra, Códigos BCH, DNA, Enzima ATP6.

Desenvolvimento

Em um sistema de comunicação digital, as informações são enviadas de um transmissor a um determinado receptor através de um canal de comunicação. No entanto, esse canal pode sofrer interferências que fazem com que a mensagem recebida seja diferente da original. Para corrigir esses erros, é utilizada a teoria dos códigos corretores de erros. No sistema biológico, especificamente no sistema de comunicação de informação genética, também ocorrem processos de transmissão e tradução de informação. Neste processo, também podem acontecer erros que ocasionam interferências na leitura da informação. Embasados nessas semelhanças, pesquisadores sugeriram a existência de códigos corretores de erros nas sequências de DNA. Tal premissa foi comprovada no trabalho de [2] e [3], onde apontaram a existência dos códigos corretores de erros relacionados a sequências de DNA, além de apresentarem um algoritmo de geração de proteínas que faz a predição mutacional em sequências de DNA por meio do processo de decodificação. Para a execução desse algoritmo é necessário atender duas condições: a sequência de DNA deve ter comprimento ímpar, isto é, $n = 2^r - 1$, em que r denota o grau da extensão e é preciso obter uma sequência de DNA original postada no *NCBI* (National Center for Biotechnology Information). Segundo [2], existe um grande número de sequências que podem ser geradas por esse algoritmo. A enzima mitocondrial ATP sintase, também conhecida como complexo V, está

¹alice_noronhaa@hotmail.com

²anderson.oliveira@unifal-mg.edu.br

³diogo.bioinformatica@gmail.com

localizada na parte interna da mitocôndria e a sua principal função é a de prover energia às células, sendo esta armazenada em forma de ATP ([1]). Essa enzima é composta por 13 diferentes subunidades de proteínas e é uma sequência de DNA de comprimento extenso. No entanto, a subunidade 6 da membrana de ATP sintase, ATP6, possui comprimento de $2^6 - 1 = 63$ nucleotídeos, e atende as restrições do algoritmo. Este trabalho tem como objetivo gerar a sequência de DNA associada ao ATP6, através do algoritmo de geração de proteínas, a fim de identificar onde ocorre a troca de nucleotídeo na sequência gerada e como essa alteração pode modificar a classificação de um aminoácido.

Desenvolvimento

Para a reprodução da enzima ATP6 será utilizado o algoritmo de geração de proteínas, que realiza de forma exaustiva a construção de códigos BCH sobre a estrutura de anel, com parâmetros $(63, k, d_H)$. A Figura 1, apresenta a sequência de DNA: Homo sapiens [P30049 - 12587], ATP synthase subunit delta, mitochondrial precursor, inner membrane 6, gerada pelo algoritmo.

```
Oaa:  .L..P..A..A..L..L..R..R..P..G..L..G..R..L..V..R..H..A..R..A..Y.
Ont:  CTGCCCGCCGCGCTGCTCCGCCGCCGGGACTTGGCCGCCTCGTCCGCCACGCCCGTGCCTAT
OLb:  231222122121231232212212221110233112212232132212202122213122303
GLb:  231222122121231232212212221110233112212232132212201122213122303
Gnt:  CTGCCCGCCGCGCTGCTCCGCCGCCGGGACTTGGCCGCCTCGTCCGCCAGGCCCGTGCCTAT
Goo:  .L..P..A..A..L..L..R..R..P..G..L..G..R..L..V..R..Q..A..R..A..Y.
```

Figure 6.11: Sequência da enzima mitocondrial ATP6 com 63 nucleotídeos.

Abreviações: Oaa = aminoácido original; Ont = nucleotídeos originais; Olb = rotulagem original; Glb = rotulagem gerada; Gnt = nucleotídeos gerados; Goo = aminoácido gerado.

Resultados e discussões

Sob o ponto de vista biológico, notamos que na sequência gerada da enzima ATP6 ocorreu a troca do nucleotídeo citosina (C) pelo nucleotídeo guanina (G), na posição da trinca 17, acarretando alteração no aminoácido histidina pelo aminoácido glutamina. Porém essa mudança não altera a polaridade desse aminoácido, pois ocorre dentro da mesma classe hidrofílica. Os resultados dessas análises poderão ser úteis no estudo de mutações genéticas, pois a troca de um aminoácido na enzima ATP6 pode acarretar na Doença de Leigh e na NARP (neuropatia, ataxia, retinite pigmentosa).

Agradecimentos:

Agradecemos à Unifal-MG e à Fapemig pelo apoio financeiro.

Referências

[1] A. A. Gabbai, B. H. Kiyomoto e I. E. Nasseh. Doenças mitocondriais, Revista Neurociências, edição 9, volume 2, pág. 60-69, 2001.

[2] A. S. L. Rocha e Jr. R. Palazzo. Modelo de sistema de comunicação digital para o mecanismo de importação de proteínas mitocondriais através de códigos corretores de erros, Tese (Doutorado) - Faculdade de Engenharia Elétrica e de Computação, Unicamp, 2010.

[3] L. C. B. Faria e Jr. R. Palazzo. Existências de Códigos Corretores de Erros e Protocolos de Comunicação em Sequências de DNA, Tese (Doutorado) - Faculdade de Engenharia

