

Test de hipótesis que verifica la 2da ley generalizada de Chargaff

Eduardo Alarcón Bustamante
Facultad de Matemáticas
Pontificia Universidad Católica de Chile

Resumen

Watson y Crick descubrieron la estructura de doble hebra del ADN, en 1953, donde se explicó la complementariedad química que existe entre los nucleótidos de Timinas (T) y Adeninas (A), y entre los de Citocinas (C) y Guaninas (G). Entretanto, previo a este descubrimiento, Edwin Chargaff ya había establecido la igualdad en los porcentajes de estas dos parejas de nucleótidos en las dos hebras del ADN (1ra Ley de Chargaff).

En su 2da Ley, Chargaff establece que existe una similitud entre los porcentajes de cada pareja ($A - T$ y $C - G$) en cada hebra del ADN, por separado. A pesar de que esta ley ha sido corroborada a través de correlaciones simples, en diversos genomas, no hay un consenso sobre la causa física o biológica de este resultado.

La generalización de la 2da Ley de Chargaff postula la similitud entre los porcentajes de secuencias de nucleótidos con largo mayor o igual a 1, y sus secuencias reversas y complementarias.

Actualmente, los métodos para corroborar esta generalización carecen de precisión, y quizás por eso no se ha logrado determinar hasta qué punto esta ley se cumple en los genomas, o una causa física o biológica de esta regla. Por tales motivos, en este trabajo se propone un nuevo test estadístico basado en el test de razón de verosimilitud que busca verificar la hipótesis de que la proporción de una secuencia de nucleótidos de largo particular, es estadísticamente igual a la proporción de la secuencia de nucleótidos reversa y complementaria en una cadena de largo N .

Este estadístico ha sido implementado en Perl y corrobora la generalización de la 2da Ley de Chargaff en secuencias de genomas de Bacterias, Virus, Cloroplastos, Mitocóndrias y secuencias de plásmidos. En este trabajo se presentan los resultados del test de hipótesis en secuencias de genomas de Virus y se compara con resultados del test para secuencias aleatorias de mismo largo y composición nucleotídica.

Trabajo realizado en conjunto con:

Ignacio Vidal Instituto de Matemática y Física, Universidad de Talca, Talca, Chile.

Gonzalo Riadi Departamento de Bioinformática, Universidad de Talca, Talca, Chile.

Karen Oróstica Departamento de Ciencias de la Computación, Universidad de Chile, Santiago, Chile.

Referencias

- [1] MITCHELL, D., BRIDGE, R., *A test of Chargaff's second rule*, Biochemical and Biophysical Research Comunicaciones **340**, (2006). 90-94.
- [2] FORSDYKE, D., MORTIMER, J., *Chargaff's legacy*, Gene **261**, (2000). 127-137.
- [3] NIKOLAOU, CH., ALMIRANTS, Y., *Deviations from Chargaff's second parity rule in organellar DNA Insights into the evolution of organellar genomes*, Gene **381**, (2006). 34-41.