



**UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA  
DE MÉXICO**

**FACULTAD DE CIENCIAS**

• • •

**MODELO ALGEBRAICO DEL CÓDIGO GENÉTICO Y  
SU REPRESENTACIÓN EN GRÁFICAS FENOTÍPICAS**

**T E S I S**

**QUE PARA OBTENER EL TÍTULO DE:**

**MATEMÁTICO**

**P R E S E N T A:**

**GABRIEL ZAMUDIO SOLÓRZANO**



**DIRECTOR DE TESIS:  
DR. MARCO ANTONIO JOSÉ VALENZUELA**

**2015**

Ciudad Universitaria, D. F.



Universidad Nacional  
Autónoma de México

Dirección General de Bibliotecas de la UNAM

**Biblioteca Central**



**UNAM – Dirección General de Bibliotecas**  
**Tesis Digitales**  
**Restricciones de uso**

**DERECHOS RESERVADOS ©**  
**PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL**

Todo el material contenido en esta tesis esta protegido por la Ley Federal del Derecho de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos (México).

El uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde la obtuvo mencionando el autor o autores. Cualquier uso distinto como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por el respectivo titular de los Derechos de Autor.



1. Datos del alumno  
Zamudio  
Solórzano  
Gabriel  
5570729739  
Universidad Nacional Autónoma de México  
Facultad de Ciencias  
Matemáticas  
308578397
  
2. Datos del tutor  
Dr  
Marco Antonio  
José  
Valenzuela
  
3. Datos del sinodal 1  
Dr  
Adonis Germinal  
Cocho  
Gil
  
4. Datos del sinodal 2  
Dr  
Arturo Carlos II  
Becerra  
Bracho
  
5. Datos del sinodal 3  
Dr  
Víctor Manuel  
Serrano  
Solís
  
6. Datos del sinodal 4  
Dra  
Natalia Bárbara  
Mantilla  
Beniers
  
7. Datos del trabajo escrito  
Modelo algebraico del código genético y su representación en gráficas  
fenotípicas  
76p  
2015

# Dedicatorias

A mi familia, por su apoyo y guía incondicional que me han dado en toda mi vida.

A mis amigos, por los grandes momentos que hemos pasado y su apoyo.

A la Universidad Nacional Autónoma de México, por darme la formación académica.

# Agradecimientos

A mi director de tesis, el Dr. Marco Antonio José Valenzuela, por ser pieza fundamental en mi formación y mi aprendizaje. Gracias por su atención y tiempo dedicado.

Un agradecimiento al Mtro. Juan R. Bobadilla, por su asistencia técnica en computación durante el desarrollo de mi tesis.

Un agradecimiento a mi jurado de tesis, Dr. Víctor Manuel Serrano Solís, el Dr. Adonis Germinal Cocho Gil, el Dr. Arturo Carlos II Becerra Bracho y la Dra. Natalia Bárbara Mantilla Beniers, por su tiempo para leer mi tesis y sus valiosos comentarios.

Un agradecimiento al Grupo de Biología Teórica de Instituto de Investigaciones Biomédicas UNAM, por su apoyo durante la realización de esta tesis.

Finalmente a la Facultad de Ciencias UNAM y a sus profesores por ser el primer pilar en formación científica.

Investigación realizada gracias al Programa de Apoyo a Proyectos de Investigación e Innovación Tecnológica (PAPIIT) de la UNAM IN224015, Predicción estocástica de la evolución de proteínas y de trNAs. Agradezco a la DGAPA-UNAM la beca recibida.



# Índice

<b>Introducción</b> .....	9
<b>Parte I : Evolución del código y Hoteles Genéticos</b>	
Biología del código genético y su evolución.....	11
Álgebra en el código genético .....	13
Proceso evolutivo del código genético.....	18
Hoteles genéticos.....	24
<b>Parte II: Gráficas fenotípicas</b>	
Traducción de los hoteles genéticos en aminoácidos.....	31
Medidas de centralidad en las gráficas.....	35
Requerimiento polar de los aminoácidos.....	37
El código primitivo RNY.....	39
<b>Conclusión</b> .....	43
<b>Anexos</b>	
Anexo I.....	45
Anexo II.....	53
Anexo III.....	61
Anexo IV.....	69
<b>Referencias</b> .....	73





# Introducción

La evolución se entiende como el proceso mediante el cual ocurren cambios en los alelos (formas alternativas de un gen en cada cromosoma de un organismo) en una población [1]. A pesar de la ausencia de una definición completamente aceptada de vida [2], en consenso se acepta que ésta no puede ser entendida en la ausencia de un código genético, el cual, consta de la existencia de un material genético con la capacidad de replicarse para su herencia. Una característica fundamental de todos los seres vivos es que comparten el mismo código genético [3].

El código genético estándar llevó a la hipótesis de que se ha congelado por accidente y por tanto no cambia [3], a su vez, ésta misma característica implicó la existencia de un último ancestro común universal o LUCA (Last Universal Common Ancestor) por sus siglas en inglés. Por tanto, la evolución debe tratar con la preservación de ciertas características o propiedades necesarias para la vida [4]. Una vez que existió un sistema auto-sustentable de replicación del código genético la evolución Darwiniana empezó a operar, ésta describe cómo un sistema de replicación dependerá de la disponibilidad de algunas moléculas en el ambiente. Si bien hay más de un código genético todos ellos cuentan con 20 aminoácidos y la señal de paro, lo que sugiere que éstos debieron evolucionar del código genético universal [5].

En este trabajo se presenta un modelo algebraico del código genético y se estudia un proceso evolutivo basado en la existencia de posibles errores de su sistema de traducción, posteriormente se analizan las implicaciones de este modelo en términos de

aminoácidos con el uso de la teoría de gráficas, el cual, de acuerdo a las teorías propuestas de su evolución, presentaría una estructura altamente simétrica y por tanto para obtener el código estándar con su degeneración, su evolución se daría por el rompimiento de simetrías. También se analizan códigos diferentes en el contexto de este modelo para encontrar las propiedades que describen estas diferencias.

# Parte I: Evolución del código y Hoteles Genéticos

## Biología del código genético y su evolución.

El material genético de los organismos está almacenado en las moléculas de DNA (Ácido desoxirribonucleico) o RNA (Ácido ribonucleico) que son cadenas de nucleótidos. Los nucleótidos, a su vez, están formados por una molécula de azúcar (desoxirribosa) y una base nitrogenada. Las bases nitrogenadas son: Adenina (A), Guanina (G), Citosina (C) y Timina (T) en el caso del DNA. A, G, C y Uracilo (U) en el caso de ser una molécula de RNA.

Secuencias del DNA llamadas regiones codificantes contienen la información genética acerca de la proteína que será sintetizada por esa región. El código genético estándar es usado por mecanismos celulares para descifrar la información contenida en las regiones codificantes con el fin de elaborar cadenas de aminoácidos, mismas que formarán las proteínas finales. La correspondencia entre secuencias de tres nucleótidos llamados codones y aminoácidos fue descifrada hace aproximadamente cinco décadas [3]. Esta correspondencia se considera casi universal, ya que todas las formas de vida de la tierra utilizan este código genético con algunas pequeñas variaciones. El mecanismo de traducción se da por moléculas llamadas RNA de transferencia (tRNA) las cuales traducen un RNA mensajero (mRNA) de codones a aminoácidos. El código genético posee 64 codones con señales de puntuación para marcar el inicio (ini-MET o AUG) y el final de una región codificante dada por tres codones de paro (Stop), el resto codifican para 20 aminoácidos (Tabla 1.1).

Aminoácido	Símbolo	Conjunto de tripletes	Aminoácido	Símbolo	Conjunto de tripletes
Prolina	Pro	CCC, CCU, CCA, CCG	Triptófano	Trp	UGG
Leucina	Leu	CUC, CUU, CUA, CUG, UUA, UUG	Treonina	Thr	ACC, ACU, ACA, ACG
Histidina	His	CAC, CAU	Isoleucina	Ile	AUC, AUU, AUA
Glutamina	Gln	CAA, CAG	Metionina	Met	AUG
Arginina	Arg	CGC, CGU, CGA, CGG, AGA, AGG	Asparagina	Asn	AAC, AAU
Serina	Ser	UCC, UCU, UCA, UCG, AGC, AGU	Lisina	Lys	AAA, AAG
Fenilalanina	Phe	UUC, UUU	Alanina	Ala	GCC, GCU, GCA, GCG
Tirosina	Tyr	UAC, UAU	Valina	Val	GUC, GUU, GUA, GUG
Stop	Ss	UAA, UAG, UGA	Ácido aspártico	Asp	GAC, GAU
Cisteína	Cys	UGC, UGU	Ácido glutámico	Glu	GAA, GAG
			Glicina	Gly	GGC, GGU, GGA, GGG

Tabla 1.1 - Muestra el conjunto de codones y el aminoácido que codifican junto con el símbolo que lo representa (en inglés).

Es ampliamente aceptado que existió una época en la que el RNA tuvo el papel de material genético y principal agente de actividad catalítica [6]. Tradicionalmente, este código genético es representado en forma de una tabla con tres entradas, sin embargo una representación espacial de los codones [7,8] ofrece mayor información acerca de sus vecindades y facilita el estudio de las simetrías de éste. La ubicación espacial de un codón está determinada por su reacción a mutación puntuales, las cuales son los cambios de un nucleótido.

Los nucleótidos del RNA pueden dividirse en dos grupos basados en su estructura química: las purinas y las pirimidinas, representados por las letras R y Y respectivamente. Estas se diferencian en que las purinas tienen dos anillos de carbono-nitrógeno y las pirimidinas solo uno, las cuales dividen los nucleótidos en  $R=\{A,G\}$  y  $Y=\{C,U\}$ . El código genético estándar se inicia con una estructura de tripletes de la forma RNY, donde la N central significa que esa posición puede ser ocupada por cualquier nucleótido, dado que existe la hipótesis de que al inicio de la vida los mecanismos biológicos podrían no ser precisos [9] se estudia un posible camino en la

evolución de este código dado por lo que se conoce como “cambios en el marco de lectura” lo que significa el inicio de la traducción del mRNA a partir del segundo o tercer nucleótido de la región codificante, esto implica el uso de tripletes de la forma NYR y YRN para finalizar con los constituidos de purinas o pirimidinas exclusivamente RRR y YYY .

## Álgebra en el código genético

La tabla del código genético estándar identifica los 64 codones existentes con los 20 aminoácidos y la señal de paro, a los que codifican, se puede observar que 64 no solo es el resultado de  $4^3$  el número de posibles codones distintos que se obtienen de los cuatro nucleótidos, sino que este número también puede resultar de calcular  $2^6$  . Éste cálculo nos proporciona la pauta para cambiar la representación de codones a un modelo basado en un conjunto binario ahora en seis dimensiones [10].

Dada esta nueva propuesta, cada nucleótido estaría representado con un conjunto binario de dos dimensiones, por lo tanto cada elemento del conjunto  $N=\{A,C,G,U\}$  estaría asociado a un elemento del conjunto  $M=\{00,01,10,11\}$  . Dado que existe complementariedad entre A y U y C con G en una cadena de DNA y RNA, entonces es conveniente realizar las asignaciones de las letras del código genético con pares de números que resulten de la misma forma complementarios.

El conjunto de pares de números  $M$  es también al mismo tiempo la representación en código binario de los números 0, 1, 2, 3, así la asignación de las purinas y pirimidinas puede hacerse para que las clasificaciones de bases  $R, Y$  coincidan con los números

pares o impares. Dado que existen  $4! = 24$  maneras distintas de asociar los elementos entre los conjuntos  $M$  y  $N$ , no todas estas formas nos permiten mantener que los grupos de bases  $R$  y  $Y$  sean de distinta paridad, esta restricción nos deja con solo ocho formas de asociar los nucleótidos a los números en código binario que son:  $(C,A,U,G)$ ,  $(C,U,A,G)$ ,  $(A,C,G,U)$ ,  $(A,G,C,U)$ ,  $(U,C,G,A)$ ,  $(U,G,C,A)$ ,  $(G,A,U,C)$  y  $(G,U,A,C)$  donde el ordenamiento  $(x,y,z,w)$  representa el apareamiento  $x \leftrightarrow 00$ ,  $y \leftrightarrow 01$ ,  $z \leftrightarrow 10$ ,  $w \leftrightarrow 11$ . Las series de seis números que constan del 0 y el 1 generan el hipercubo de seis dimensiones sobre el conjunto  $\mathbb{Z}_2 = \{0,1\}$ , para este trabajo se ha elegido la asignación  $(C,U,A,G)$  pero los resultados presentados pueden mostrarse de forma análoga para el resto de las asignaciones.

La adición modulo dos del conjunto  $\mathbb{Z}_2$  es la suma módulo dos también conocida como operador XOR que se usa en lógica simbólica. Dado que tenemos  $N = \mathbb{Z}_2^2$  entonces la suma módulo dos puede extenderse al conjunto producto  $\mathbb{Z}_2^2$  entrada por entrada, lo que da como resultado una operación de suma sobre el conjunto  $N$ . En la tabla 1.2 se ilustra que esta suma está dada por una estructura conocida como el grupo de Klein de cuatro elementos  $K_4$  [11].

+	C	U	A	G
C	C	U	A	G
U	U	C	G	A
A	A	G	C	U
G	G	A	U	C

Tabla 1.2 - Tabla de suma del código genético con el ordenamiento (C,U,A,G) de las bases.

### Definición - Grupo algebraico

Un grupo  $(G, \circ)$  es un conjunto al cual se le ha dado una operación binaria interna que cumple con los siguientes axiomas:

1.- Asociatividad:  $\forall a, b, c \in G \quad a \circ (b \circ c) = (a \circ b) \circ c$  .

2.- Elemento neutro:  $\exists e \in G, \forall A \in G \quad e \circ a = a \circ e = a$  .

3.- Elemento inverso:  $\forall a \in G, \exists a^{-1} \in G \quad a \circ a^{-1} = a^{-1} \circ a = e$

Para simplificar la notación el símbolo  $\circ$  será omitido de aquí en adelante cuando no haya posibilidad de error de interpretación, de tal forma que  $a \circ b$  será  $ab$  .

### Definición - Grupo abeliano

Un grupo  $G$  se dice que es abeliano si cumple que  $\forall a, b \in G$  se tiene que  $ab = ba$  .

En particular el grupo  $K_4$  cumple con ser un grupo abeliano donde el elemento identidad es  $C = 00$  , a su vez este grupo se puede interpretar como el grupo de simetrías de un rectángulo en el plano, las cuales son dos reflexiones ortogonales que son paralelas a los lados de éste.

### Definición - Campo algebraico

Un campo es una terna  $(F, +, \cdot)$  donde  $F$  es un conjunto no vacío dotado de las operaciones  $+ y \cdot$  , suma y producto, respectivamente las cuales cumplen las siguientes propiedades:

1.- Cerradura:  $\forall a, b \in F$  se cumplen  $a + b \in F$  y  $a \cdot b \in F$  .

2.- Asociatividad:  $\forall a, b, c \in F$  ,  $a + (b + c) = (a + b) + c$  y  $a \cdot (b \cdot c) = (a \cdot b) \cdot c$  .

3.- Conmutatividad:  $\forall a, b \in F$  , se cumplen  $a + b = b + a$  y  $a \cdot b = b \cdot a$



4.- Existencia de neutros:  $\exists u, v \in F$  tales que  $\forall x \in F$ ,  $u + x = x$  y  $v \cdot x = x$  los elementos identidad son representados con 0, 1 para la suma y el producto respectivamente.

5.- Existencia de inversos:  $\forall a \in F, \exists b_1 \in F$  tal que  $a + b_1 = 0$  y

$$\forall a \neq 0 \in F, \exists b_2 \in F \quad \text{que cumple } a \cdot b_2 = 1 .$$

6.-Distributividad:  $\forall a, b, c \in F$  se tiene  $a \cdot (b + c) = (a \cdot b) + (a \cdot c)$ .

Al conjunto  $\mathbb{N}$  también se le puede agregar la operación multiplicación y en particular dado que es un conjunto con cuatro elementos la operación binaria dada por el producto en el anillo de polinomios  $\mathbb{Z}_2[x]$  módulo el polinomio irreducible  $p(x) = x^2 + x + 1$  [12], con la identificación de las bases con los polinomios dada de la siguiente forma:  $C \leftrightarrow 0$ ,  $U \leftrightarrow 1$ ,  $A \leftrightarrow x$ ,  $G \leftrightarrow x + 1$ . Esto nos da una tabla de multiplicación bien definida (Tabla 1.3). El conjunto  $\mathbb{N}$  con la definición de suma anterior y esta multiplicación es entonces un campo. En particular es el campo de Galois de cuatro elementos que se denota  $GF(4)$ .

a)	<table border="1" style="border-collapse: collapse; text-align: center;"> <tr> <td style="padding: 5px;"><math>\bullet</math></td> <td style="padding: 5px;">0</td> <td style="padding: 5px;">1</td> <td style="padding: 5px;"><math>x</math></td> <td style="padding: 5px;"><math>x+1</math></td> </tr> <tr> <td style="padding: 5px;">0</td> <td style="padding: 5px;">0</td> <td style="padding: 5px;">0</td> <td style="padding: 5px;">0</td> <td style="padding: 5px;">0</td> </tr> <tr> <td style="padding: 5px;">1</td> <td style="padding: 5px;">0</td> <td style="padding: 5px;">1</td> <td style="padding: 5px;"><math>x</math></td> <td style="padding: 5px;"><math>x+1</math></td> </tr> <tr> <td style="padding: 5px;"><math>x</math></td> <td style="padding: 5px;">0</td> <td style="padding: 5px;"><math>x</math></td> <td style="padding: 5px;"><math>x+1</math></td> <td style="padding: 5px;">1</td> </tr> <tr> <td style="padding: 5px;"><math>x+1</math></td> <td style="padding: 5px;">0</td> <td style="padding: 5px;"><math>x+1</math></td> <td style="padding: 5px;">1</td> <td style="padding: 5px;"><math>x</math></td> </tr> </table>	$\bullet$	0	1	$x$	$x+1$	0	0	0	0	0	1	0	1	$x$	$x+1$	$x$	0	$x$	$x+1$	1	$x+1$	0	$x+1$	1	$x$
$\bullet$	0	1	$x$	$x+1$																						
0	0	0	0	0																						
1	0	1	$x$	$x+1$																						
$x$	0	$x$	$x+1$	1																						
$x+1$	0	$x+1$	1	$x$																						
b)	<table border="1" style="border-collapse: collapse; text-align: center;"> <tr> <td style="padding: 5px;"><math>\bullet</math></td> <td style="padding: 5px;">C</td> <td style="padding: 5px;">U</td> <td style="padding: 5px;">A</td> <td style="padding: 5px;">G</td> </tr> <tr> <td style="padding: 5px;">C</td> <td style="padding: 5px;">C</td> <td style="padding: 5px;">C</td> <td style="padding: 5px;">C</td> <td style="padding: 5px;">C</td> </tr> <tr> <td style="padding: 5px;">U</td> <td style="padding: 5px;">C</td> <td style="padding: 5px;">U</td> <td style="padding: 5px;">A</td> <td style="padding: 5px;">G</td> </tr> <tr> <td style="padding: 5px;">A</td> <td style="padding: 5px;">C</td> <td style="padding: 5px;">A</td> <td style="padding: 5px;">G</td> <td style="padding: 5px;">U</td> </tr> <tr> <td style="padding: 5px;">G</td> <td style="padding: 5px;">C</td> <td style="padding: 5px;">G</td> <td style="padding: 5px;">U</td> <td style="padding: 5px;">A</td> </tr> </table>	$\bullet$	C	U	A	G	C	C	C	C	C	U	C	U	A	G	A	C	A	G	U	G	C	G	U	A
$\bullet$	C	U	A	G																						
C	C	C	C	C																						
U	C	U	A	G																						
A	C	A	G	U																						
G	C	G	U	A																						

Tabla 1.3 - a) Muestra la tabla del producto en el conjunto de polinomios sobre el campo binario. b) Tabla del producto de las bases bajo la traducción del conjunto de polinomios a nucleótidos.

### Definición - Espacio Vectorial

Un espacio vectorial  $V$  sobre un campo  $F$  es un conjunto con dos operaciones, suma y producto, los elementos de  $V$  son llamados vectores y los de  $F$  escalares, y las

operaciones satisfacen que:

a) La suma es una función  $+: V \times V \rightarrow V$ , donde  $(u, v) \rightarrow u + v$

b) A su vez el producto es una función  $\cdot: F \times V \rightarrow V$ ,  $(a, x) \rightarrow ax$  que cumple con:

1.- Asociatividad:  $\forall a, b \in F, \forall x \in V$  se cumple  $a \cdot (bx) = (a \cdot b)x$ .

2.- Existencia de neutro:  $\exists a \in F$  tal que  $\forall x \in V$  se tiene  $ax = x$ .

3.- Distributividad en la suma vectorial:  $\forall a \in F, \forall x, y \in V$  cumplen  $a(x + y) = ax + ay$ .

4.- Distributividad en la suma escalar:  $\forall a, b \in F, \forall x \in V$  se mantiene  $(a + b)x = ax + bx$ .

El conjunto de bases nitrogenadas  $N$  con una representación binaria, es un espacio vectorial con origen en la base  $C$  y esta propiedad de espacio vectorial se extiende de forma natural al conjunto de tripletes dado por  $NNN$  para dar así un espacio vectorial de dimensión seis ya que cada entrada esta en dos dimensiones por la identificación  $N = \mathbb{Z}_2^2$  mencionada previamente. Al espacio vectorial  $NNN$  sobre el campo  $GF(4)$  se le puede dar la métrica de Hamming, conocida como métrica del taxista, dado que este conjunto también puede ser representado como el cubo unitario en seis dimensiones  $\mathbb{Z}_2^6$ .

### Definición - Métrica de Hamming

Esta distancia está definida por la función  $d: V \times V \rightarrow \mathbb{R}$  dada por:

$$d(x, y) = \sum_{i=1}^n |x_i - y_i|, \text{ donde } x = (x_1, \dots, x_n) \text{ y } y = (y_1, \dots, y_n).$$

## Proceso evolutivo del código genético.

El código primitivo del mundo de RNA es aquél que está compuesto por codones de la forma RNY [13], donde R y Y son el grupo de las purinas y pirimidinas respectivamente, mientras que el símbolo N representa que esa posición puede ser ocupada por cualquier nucleótido. Con la hipótesis de que al principio los mecanismos biológicos usados para hacer la traducción de una secuencia de mRNA a una proteína eran primitivos y por lo tanto podrían haber sido imprecisos, dando lugar a errores de lectura denominados: cambios de marco de lectura. Estos cambios en el marco de lectura provocarían que el inicio de la lectura no se diera al inicio de la secuencia, sino en la segunda y posiblemente la tercera base del mRNA, lo que tendría como consecuencia la lectura de codones distintos que no serían parte del código RNY. Estos nuevos codones estarían dados por ordenamientos de la forma NYR y YNR en el segundo y tercer marco de lectura respectivamente [9].

El primer marco de lectura, compuesto por el código RNY puede dividirse en los subcódigos RRY y RYY. Los codones con estos códigos y su representación binaria en la Tabla 1.4 nos permiten obtener ocho aminoácidos. Ambos subcódigos están compuestos por ocho tripletes. Al calcular la distancia entre éstos por medio de la métrica de Hamming, vemos que la distancia máxima entre ellos es tres y a su vez existen tres codones a distancia uno. Por ello es plausible hacer una representación geométrica de los tripletes en forma de cubos tridimensionales.

Al sumar a cada uno de los ocho codones de cada cubo el triplete CAC que es el vector canónico  $e_4$ , obtenemos el otro cubo, por lo tanto ambos cubos forman un hipercubo en cuatro dimensiones (Figura 1.1).

Aminoácido	Codón	Vector Asociado	Aminoácido	Codón	Vector Asociado
Thr	ACC	(1,0,0,0,0,0)	Asn	AAC	(1,0,1,0,0,0)
Thr	ACU	(1,0,0,0,0,1)	Asn	AAU	(1,0,1,0,0,1)
Ile	AUC	(1,0,0,1,0,0)	Ser	AGC	(1,0,1,1,0,0)
Ile	AUU	(1,0,0,1,0,1)	Ser	AGU	(1,0,1,1,0,1)
Ala	GCC	(1,1,0,0,0,0)	Asp	GAC	(1,1,1,0,0,0)
Ala	GCU	(1,1,0,0,0,1)	Asp	GAU	(1,1,1,0,0,1)
Val	GUC	(1,1,0,1,0,0)	Gly	GGC	(1,1,1,1,0,0)
Val	GUU	(1,1,0,1,0,1)	Gly	GGU	(1,1,1,1,0,1)

Tabla 1.4 - Izquierda) Codones del código RRY, el aminoácido por el que codifican y su vector asociado. Derecha) Codones del código RYY, el aminoácido por el que codifican y su vector asociado.

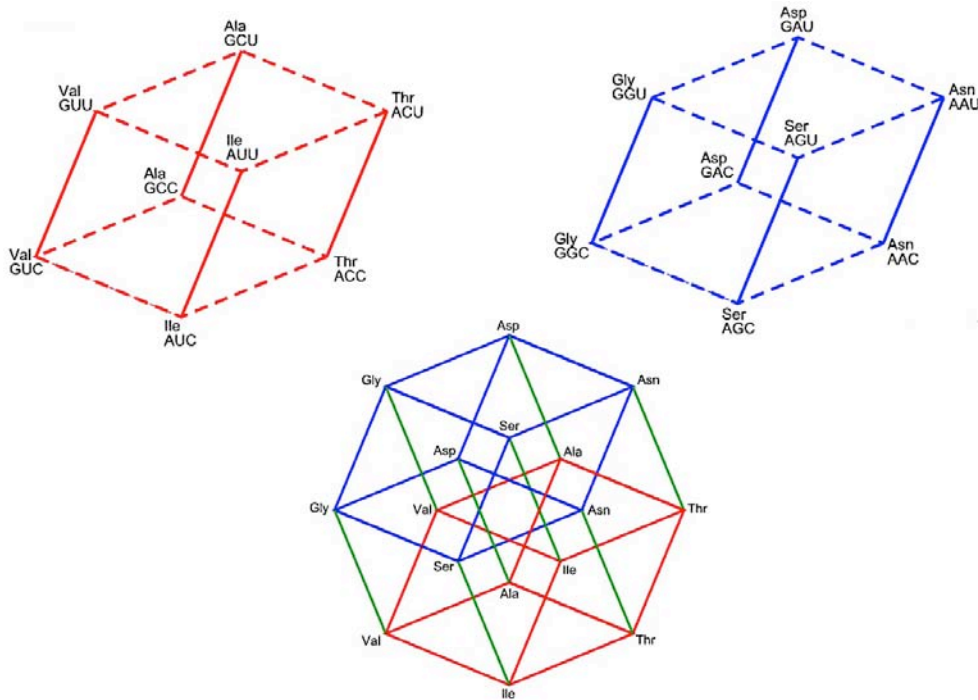


Figura 1.1 - a) Cubo formado por los codones RYY. b) Cubo formado por los codones RRY. c) Cubo en cuatro dimensiones formado por la unión del cubo RRY con el cubo RYY.

El segundo marco de lectura está dado por los codones NYR generados por un deslizamiento en la lectura a la segunda base del código primitivo RNY, el cual, de la misma forma que el primer marco de lectura se divide en los subcódigos RYR y YYR.

Dichos subcódigos están compuestos por ocho tripletes cada uno (Tabla 1.5) mismos que geoméricamente forman cubos de tres dimensiones y están relacionados por medio de la suma del vector  $e_2$  (Figura 1.2). Este segundo marco de lectura genera un

conjunto de codones que es disjuncto de los del primer marco RNY y da lugar a tres nuevos aminoácidos, Pro, Leu, Met. La relación entre los dos marcos de lectura está dada por la transformación lineal que permuta los vectores canónicos,  $e_1 \rightarrow e_5$ ,  $e_2 \rightarrow e_6$ ,  $e_3 \rightarrow e_1$ ,  $e_4 \rightarrow e_2$ ,  $e_5 \rightarrow e_3$ ,  $e_6 \rightarrow e_4$ , la cual es una permutación par que transforma los tripletes XYZ a la forma YZX. La matriz asociada a esta transformación lineal es ortogonal con determinante uno y por lo tanto mantiene la orientación de los cubos.

Aminoácido	Codón	Vector Asociado	Aminoácido	Codón	Vector Asociado
Pro	CCA	(0,0,0,0,1,0)	Thr	ACA	(1,0,0,0,1,0)
Pro	CCG	(0,0,0,0,1,1)	Thr	ACG	(1,0,0,0,1,1)
Leu	CUA	(0,0,0,1,1,0)	Ile	AUA	(1,0,0,1,1,0)
Leu	CUG	(0,0,0,1,1,1)	Met	AUG	(1,0,0,1,1,1)
Leu	UUA	(0,1,0,1,1,0)	Ala	CGA	(1,1,0,0,1,0)
Leu	UUG	(0,1,0,1,1,1)	Ala	GCA	(1,1,0,0,1,1)
Ser	UCA	(0,1,0,0,1,0)	Val	GUA	(1,1,0,1,1,0)
Ser	UCG	(0,1,0,0,1,1)	Val	GUG	(1,1,0,1,1,1)

Tabla 1.5 - Izquierda) Codones del código YYY, el aminoácido que codifican y su vector asociado. Derecha) Codones del código RYY, el aminoácido que codifican y su vector asociado.

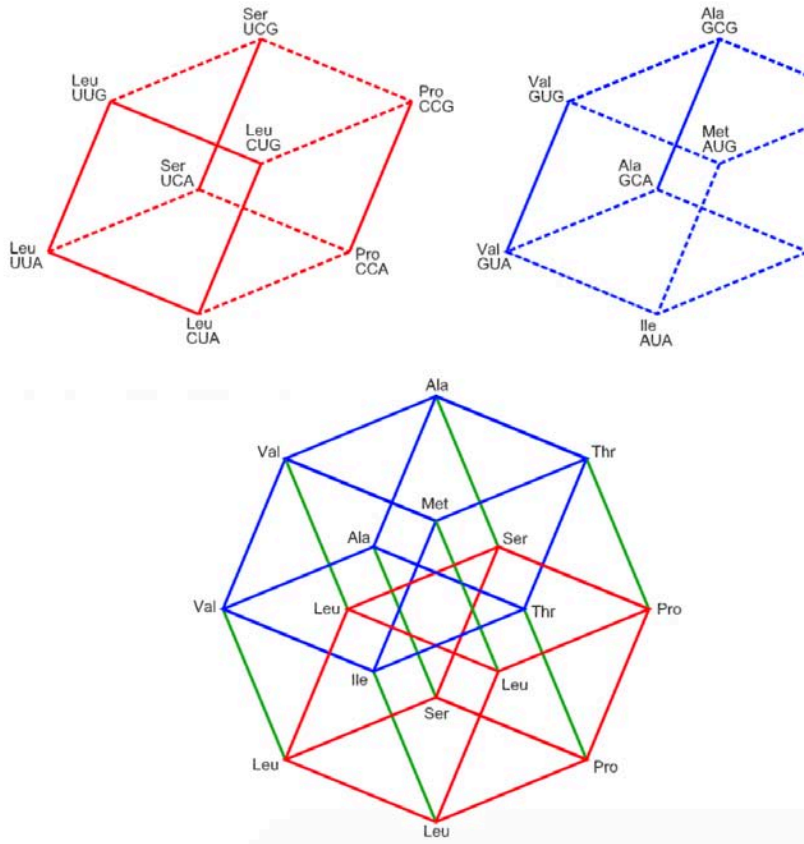


Figura 1.2 - a) Cubo formado por los codones YYY. b) Cubo formado por los codones RYY. c) Cubo en cuatro dimensiones formado por la unión de los cubos YYY con el cubo RYY.

El tercer marco de lectura consiste en los tripletes de la forma YRN. Este conjunto de codones es disjuncto de los marcos de lectura anteriores y por tanto forman un nuevo conjunto de codones que podrían traducirse en distintos aminoácidos. En este nuevo conjunto de codones aparece la señal de paro, junto con seis nuevos aminoácidos His, Gln, Arg, Tyr, Cys, y Trp. Al igual que los conjuntos anteriores este conjunto se puede dividir en ternas YRR y YRY que están compuestas por ocho elementos cada una (Tabla 1.6).

Aminoácido	Codón	Vector Asociado	Aminoácido	Codón	Vector Asociado
His	CAC	(0,0,1,0,0,0)	Gln	CAA	(0,0,1,0,1,0)
His	CAU	(0,0,1,0,0,1)	Gln	CAG	(0,0,1,0,1,1)
Arg	CGC	(0,0,1,1,0,0)	Arg	CGA	(0,0,1,1,1,0)
Arg	CGU	(0,0,1,1,0,1)	Arg	CGG	(0,0,1,1,1,1)
Tyr	UAC	(0,1,1,0,0,0)	Ss	UAA	(0,1,1,0,1,0)
Tyr	UAU	(0,1,1,0,0,1)	Ss	UAG	(0,1,1,0,1,1)
Cys	UGC	(0,1,1,1,0,0)	Ss	UGA	(0,1,1,1,1,0)
Cys	UGU	(0,1,1,1,0,1)	Trp	UGG	(0,1,1,1,1,1)

Tabla 1.6 - Izquierda) Codones del código YRY, el aminoácido que codifican y su vector asociado. Derecha) Codones del código YRR, el aminoácido que codifican y su vector asociado.

Estos ocho elementos forman dos cubos en tres dimensiones y están relacionados por una traslación por el vector canónico  $e_6$ , que representa al codón CCA y forman un cubo en cuatro dimensiones (Figura 1.3). La transformación lineal que permuta los vectores canónicos  $e_1 \rightarrow e_5$ ,  $e_2 \rightarrow e_6$ ,  $e_3 \rightarrow e_1$ ,  $e_4 \rightarrow e_2$ ,  $e_5 \rightarrow e_3$ ,  $e_6 \rightarrow e_4$  nos permite obtener este marco de lectura a partir del segundo y es la misma transformación que genera el código NYR a partir del RNY.

El conjunto de los tres marcos de lectura está compuesto por 48 codones de los cuales 45 codifican un total de 17 aminoácidos, mientras que los otros tres codones codifican para las señales de paro en las secuencias a traducir, a este código se le conoce como el código ARN extendido. Los 16 codones restantes son aquellos que tienen la forma

RRR y YYY, que son los compuestos por purinas o pirimidinas exclusivamente. Por ello no se pueden generar a partir de los errores en el mecanismo de lectura que mencionamos. Se les conoce como los triplete del mundo sin RNA.

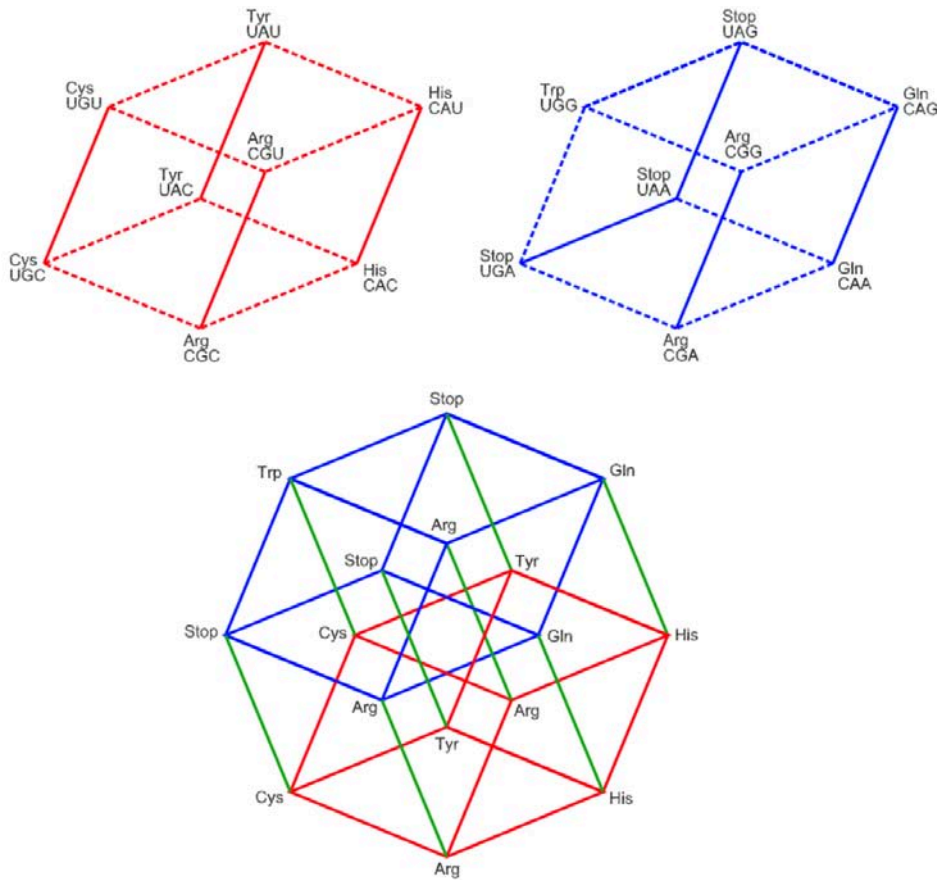


Figura 1.3 - a) Cubo formado por los codones YRY. b) Cubo formado por los codones YRR. c) Cubo en cuatro dimensiones formado por la unión de los cubos YRR con el cubo YRY.

Estos codones (Tabla 1.7) generan los triplete necesarios para obtener el código genético como existe en la actualidad, pues codifican los aminoácidos Phe, Lys y Glu. Geométricamente se pueden formar cubos compuestos por los triplete RRR y YYY respectivamente. Para relacionar esos dos cubos es necesaria una traslación por el vector  $(0,1,0,1,0,1)$ , que es equivalente a una traslación compuesta por los vectores canónicos  $e_2$ ,  $e_4$  y  $e_6$  lo que representa una traslación por el codón AAA (Figura 1.4). Esta es una traslación de longitud tres y por lo tanto la unión de estos cubos no

formaRA un poliedro regular en cuatro dimensiones sino un hiperprisma con un lado de longitud tres.

Aminoácido	Codón	Vector Asociado	Aminoácido	Codón	Vector Asociado
Pro	CCC	(0,0,0,0,0,0)	Lys	AAA	(1,0,1,0,1,0)
Pro	CCU	(0,0,0,0,0,1)	Lys	AAG	(1,0,1,0,1,1)
Leu	CUC	(0,0,0,1,0,0)	Arg	AGA	(1,0,1,1,1,0)
Leu	CUU	(0,0,0,1,0,1)	Arg	AGG	(1,0,1,1,1,1)
Ser	UCC	(0,1,0,0,0,0)	Glu	GAA	(1,1,1,0,1,0)
Ser	UCU	(0,1,0,0,0,1)	Glu	GAG	(1,1,1,0,1,1)
Phe	UUC	(0,1,0,1,0,0)	Gly	GGA	(1,1,1,1,1,0)
Phe	UUU	(0,1,0,1,0,1)	Gly	GGG	(1,1,1,1,1,1)

Tabla 1.7 -  
Izquierda) Codones del código YYY, el aminoácido que codifican y su vector asociado. Derecha) Codones del código RRR, el aminoácido que codifican y su vector asociado.

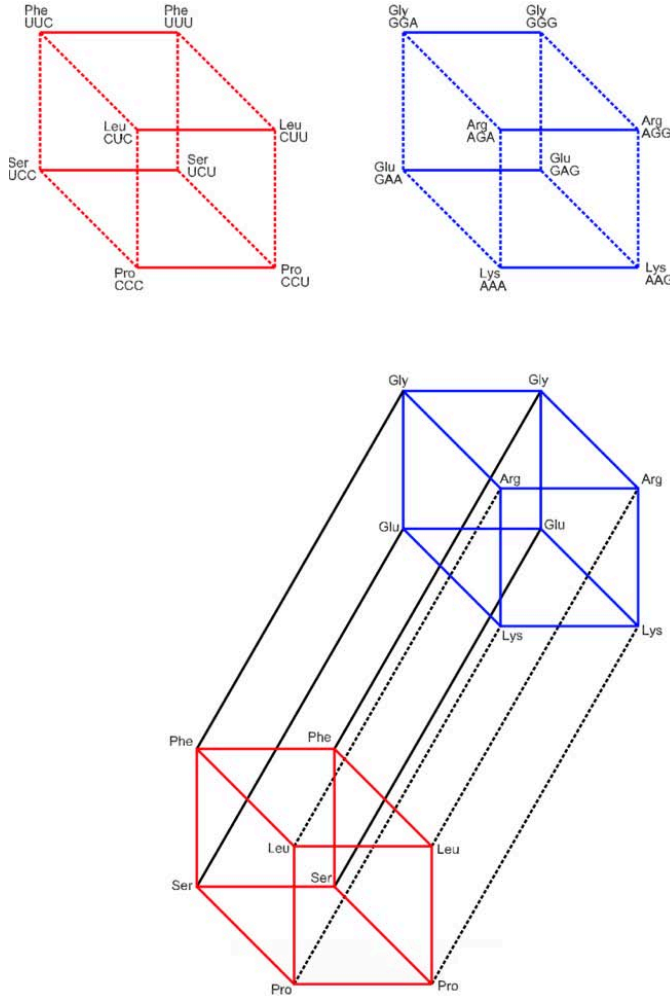


Figura 1.4 - a) Cubo formado por los codones YYY. b) Cubo formado por los codones RRR. c) Prisma en cuatro dimensiones formado por la unión de los cubos YRR con el cubo YRY.



# Hoteles Genéticos

Al hacer la asignación de las bases para obtener una definición de suma, relacionamos el conjunto  $\mathbb{N}$  con  $\mathbb{Z}_2^2$ . El segundo conjunto también es la representación en código binario de los números  $\{0,1,2,3\}$ , nos resulta la igualdad entre conjuntos  $\mathbb{N}\mathbb{N}=\{0,1,2,3\}^3$ , por lo tanto, podemos identificar los codones con un subconjunto de  $\mathbb{R}^3$  y entonces reducir el modelo de seis dimensiones a una representación en tres dimensiones en  $\mathbb{R}^3$  y haremos un enlace entre los codones que están que se diferencian entre si por una mutación y están a distancia uno. A esta representación euclidiana en tres dimensiones del código genético se le llama hotel genético [14].

Los hoteles genéticos son una visualización en tres dimensión del espacio vectorial de seis dimensiones y por tanto es necesaria una función que transforme el modelo en seis dimensiones en el modelo en  $\mathbb{R}^3$ . Esta función  $L:\mathbb{R}^6 \rightarrow \mathbb{R}^3$  esta dada por el cambio, de base dos a base diez, que transforma  $00 \rightarrow 0$ ,  $01 \rightarrow 1$ ,  $10 \rightarrow 2$ ,  $11 \rightarrow 3$ . Por tanto, cambiará el conjunto de bases canónicas  $\{e_1, e_2, e_3, e_4, e_5, e_6\}$  del espacio  $\mathbb{R}^6$  en los vectores  $\{e'_1, e'_2, e'_3\}$  generadores de  $\mathbb{R}^3$ . Esta transformación estaría definida por:  $e_1 \leftrightarrow (2,0,0) = 2e'_1$ ,  $e_2 \leftrightarrow (1,0,0) = e'_1$ ,  $e_3 \leftrightarrow (0,2,0) = 2e'_2$ ,  $e_4 \leftrightarrow (0,1,0) = e'_2$ ,  $e_5 \leftrightarrow (0,0,2) = 2e'_3$ ,  $e_6 \leftrightarrow (0,0,1) = e'_3$ , y se puede escribir como una matriz de tamaño

$$6 \times 3: \quad L = \begin{pmatrix} 2 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 2 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 2 & 1 \end{pmatrix}$$

que tiene rango tres, dado que las filas son linealmente independientes. El núcleo es el subespacio definido por  $\{x \in \mathbb{R}^6 \mid 2x_1 + x_2 = 0, 2x_3 + x_4 = 0, 2x_5 + x_6 = 0\}$ .

A los hoteles genéticos también se les puede asignar la métrica de Hamming definida previamente para el cubo en seis dimensiones, lo que nos dará el mínimo número de puntos o segmentos unitarios que unen dos elementos del conjunto NNN. Por tanto, la distancia máxima entre dos tripletes es nueve y se observa entre los puntos CCC y GGG, esto es una cuadrícula en  $\mathbb{R}^3$  que representara al código genético (Figura 1.5).

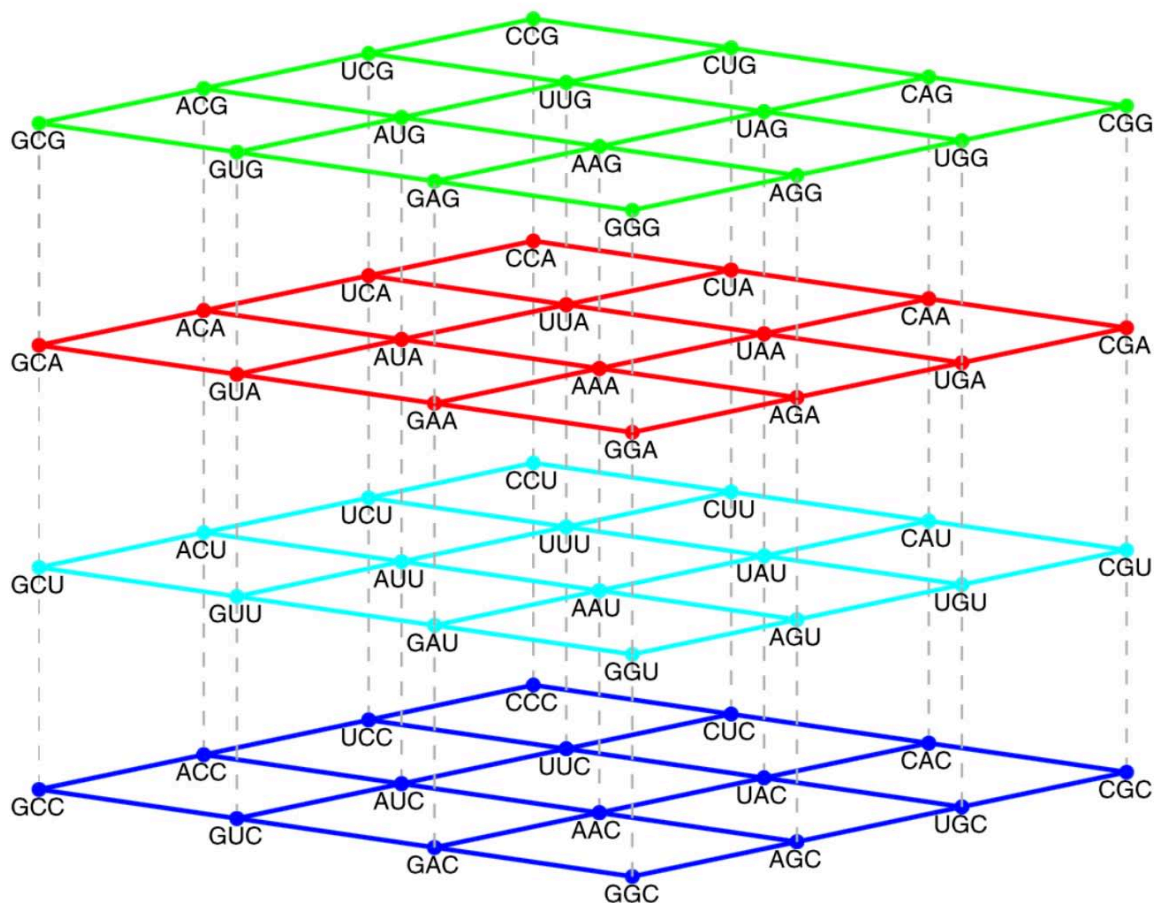


Figura 1.5 - El cubo NNN con la posición asignada a cada triplete, el plano NNC en azul, plano NNU en cian, plano NNA en rojo y el plano NNG en verde.



Las codones del hotel genético pueden cambiarse por el aminoácido que cada uno codifica. La molecula aminoacil-tRNA sintetasa (aaRS), es la que carga un aminoácido al tRNA y hay dos tipos, Clase I y Clase II (Tabla 1.8) exceptuando Phe y Tyr que son casos ambiguos a la clase que pertenecen ya que dependen de la especie la clase de aaRs que los cargará. Se puede ver cómo todos los aminoácidos codificados por varios codones están unidos por segmentos de líneas verticales las cuales pueden ser coloreadas de acuerdo a la clase de aaRs (Figura 1.6) [15].

<b>Ala</b>	<b>Lys</b>	<b>Val</b>	<b>Ss</b>	<b>Phe</b>
<b>Thr</b>	<b>Gly</b>	<b>Ile</b>	<b>Arg</b>	<b>Tyr</b>
<b>Ser</b>	<b>His</b>	<b>Glu</b>	<b>Gln</b>	
<b>Asp</b>	<b>Asn</b>	<b>Met</b>	<b>Trp</b>	
<b>Pro</b>		<b>Leu</b>	<b>Cys</b>	

Tabla 1.8 - Aminoácidos marcados por la clase de aaRs, clase I en rojo, Clase II en verde y los casos ambiguos en azul.

En este modelo tridimensional se pueden analizar también la evolución del código genético a través de los cambios en el marco de lectura a partir del código RNY y la anexión de los códigos RRR junto con YYY los cuales formarán prismas rectangulares en el hotel genético y dos cubos para los últimos subcódigos necesarios para completar el código genético (Figura 1.7)

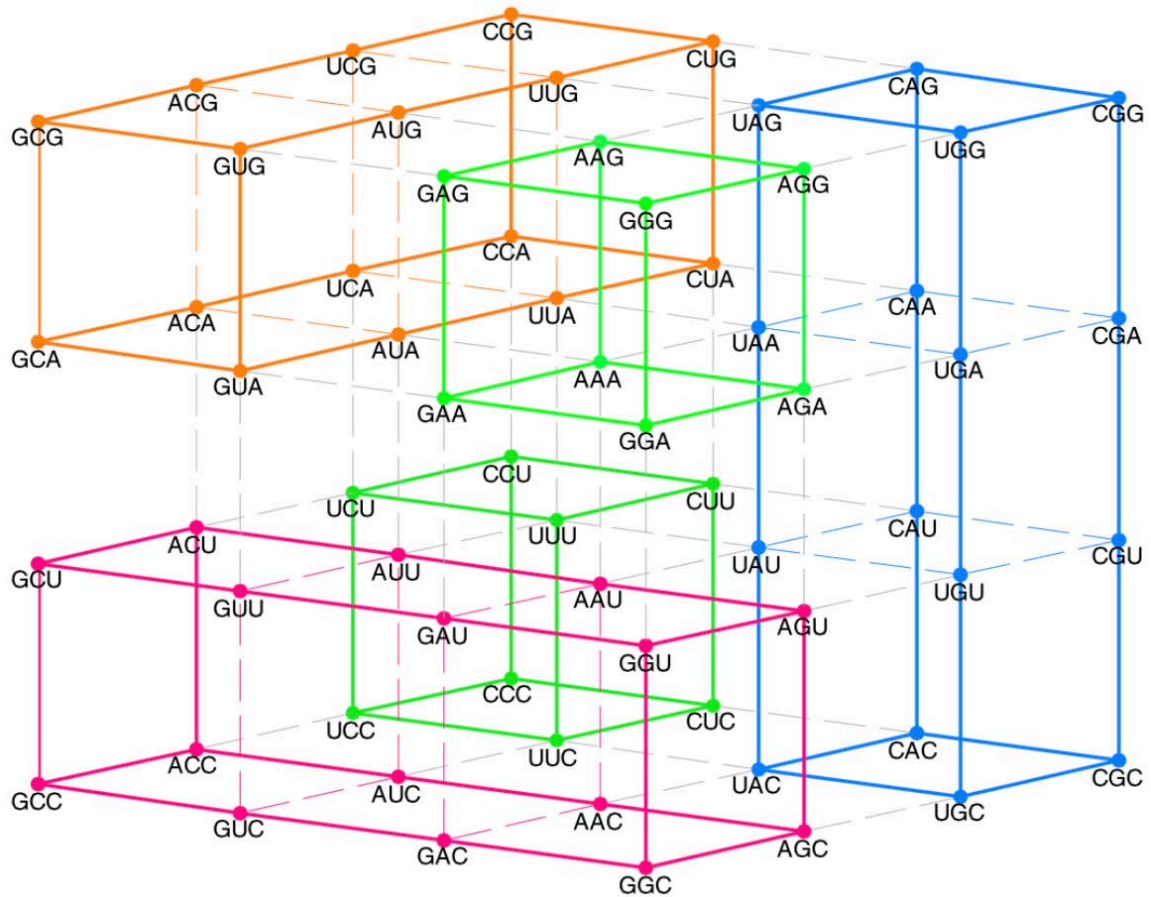


Figura 1.7 - Prisma RNY (rojo), NYR (naranja) y YRN (azul) y los cubos YYY y RRR (verde)

En principio existen 24 hoteles genéticos posibles dados por las permutaciones del conjunto  $N$  para generar los ordenamientos  $\{x, y, z, w\}$  que llevan a la asignación con el conjunto  $\{0, 1, 2, 3\}$  [16].

Al considerar un ordenamiento arbitrario  $\{x, y, z, w\}$  y el ordenamiento inverso  $\{w, y, z, x\}$ , la orientación de los ejes se invertirá, pero la posición relativa respecto a sus vecinos no se alterará. Por lo tanto, la orientación de los hoteles genéticos se invierte pero no la posición relativa de los triplete que los componen. Esto se ve reflejado en el hecho de que la matriz para realizar este cambio entre los ordenamientos

$\{x, y, z, w\}$  y  $\{w, y, z, x\}$  es la matriz cuadrada de tamaño  $4 \times 4$ ,  $T : \mathbb{R}^4 \rightarrow \mathbb{R}^4$  dada por:

$$T = \begin{pmatrix} 0 & 0 & 0 & 1 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}$$

Esta matriz se conoce como la matriz anti-diagonal identidad y representa la permutación de la primera con la última entrada y la segunda con la tercera.

Hotel genético	Ordenamiento	Hotel genético	Ordenamiento
1	(C,U,A,G)	7	(A,C,G,U)
2	(A,U,G,C)	8	(U,A,G,C)
3	(A,U,C,G)	9	(U,A,C,G)
4	(A,C,U,G)	10	(G,A,C,U)
5	(A,G,U,C)	11	(U,G,A,C)
6	(A,G,C,U)	12	(G,U,A,C)

Tabla 1.9 - Enumeración de los ordenamientos de bases que resultan en hoteles genéticos distintos.

Dado que la posición relativa de los codones en hoteles basados en ordenamientos inversos es la misma estos hoteles, pueden considerarse una y otra como equivalentes. Por tanto, sólo hay 12 hoteles genéticos distintos entre sí, y están dados por los ordenamientos que consideraremos en la Tabla 1.9, los cuales serán analizados en conjunto en la siguiente parte.



# Parte 2: Gráficas fenotípicas

En el capítulo anterior se describió algebraicamente el código genético estándar, ahora realizaremos un análisis del modelo anterior cuando los codones se traducen en aminoácidos. La traducción es el proceso en el que una cadena de mRNA sale del núcleo de la célula y pasa al ribosoma de la célula para dar lugar a una cadena de aminoácidos que forman una proteína.

## Traducción de los hoteles genéticos en aminoácidos.

El conjunto de codones  $\mathbb{N}^3$  forman un código degenerado ya que la mayoría de los aminoácidos están codificados por más de un codón. En el conjunto de codones se puede hacer una partición de forma natural con un sentido biológico inmediato. Esto lo describiremos con una relación de equivalencia en donde dos codones estarán relacionados si y solo si codifican el mismo aminoácido.

### Teorema

Una relación  $\sim$  que relaciona codones que codifican el mismo aminoácido es una relación de equivalencia sobre el conjunto de codones  $\mathbb{N}^3$ .

Demostración:

- 1.- Reflexividad: Sea  $x \in \mathbb{N}^3$ . Dado que  $x$  codifica un solo aminoácido entonces  $x \sim x$ .
- 2.- Simetría: Sean  $x, y \in \mathbb{N}^3$  tales que  $x \sim y$  entonces  $x$  y  $y$  codifican el mismo aminoácido. Por lo tanto  $y$  y  $x$  codifican al mismo aminoácido, así que  $y \sim x$ .
- 3.- Transitividad: Sean  $x, y, z \in \mathbb{N}^3$  tales que  $x \sim y$ ,  $y \sim z$  entonces  $x$  codifica el mismo



aminoácido que  $y$  el cual a su vez codifica al mismo aminoácido que  $z$  y por lo tanto  $x$  codificará al mismo aminoácido que  $z$ , entonces  $x \sim z$ .

Por lo tanto  $\sim$  es una relación de equivalencia sobre  $\mathbb{N}^3$ .

A continuación se define el concepto de gráfica no dirigida que es el concepto principal con el que se continuara el análisis del modelo.

### **Definición - Gráfica**

Una Gráfica  $G$  es un par ordenado  $G = (V, E)$ , donde:

$V$  es un conjunto de vértices o nodos y  $E \subseteq V^2$  es un conjunto de aristas que relacionan a los nodos y en este caso se cumple que si  $(x_1, x_2), (x_2, x_1) \in E$  entonces  $(x_1, x_2) = (x_2, x_1)$ . A estas gráficas se les llama gráficas no dirigidas o simples.

Los hoteles genéticos se pueden ver abstractamente como una gráfica donde los vértices son los codones y las aristas son los enlaces entre los triplete que están a distancia uno. Así,  $V = \mathbb{N}^3$  y  $E = \{(x_1, x_2) \in \mathbb{N}^3 \times \mathbb{N}^3 \mid d(x_1, x_2) = 1\}$ .

### **Definición - Matriz de adyacencia**

La matriz de adyacencia  $M$  asociada a una gráfica  $G$  es una matriz de tamaño

$$|V(G)| \times |V(G)|, \text{ donde las entradas } a_{ij} = \left\{ \begin{array}{l} 1 \text{ si } (i, j) \in E \\ 0 \text{ si } (i, j) \notin E \end{array} \right\} G$$

Para gráficas no dirigidas, como aquí, esta matriz resultará ser simétrica.

### **Definición - Clases de Equivalencia.**

Dado un conjunto  $X$  y una relación de equivalencia  $\sim$  se define la clase de equivalencia de  $a \in X$  como  $[a] = \{x \in X \mid a \sim x\}$ . Al conjunto de clases de equivalencia de  $X$  bajo la relación de equivalencia  $\sim$  se le denota como  $X/\sim$  y se le llama  $X$  módulo  $\sim$  o el conjunto cociente de  $X$  por  $\sim$ .

Dado que tenemos una relación de equivalencia sobre un conjunto, es posible calcular el conjunto cociente. Este cociente sobre el conjunto  $N^3$  nos dará subconjuntos de codones agrupados bajo la relación de equivalencia  $\sim$ . Los subconjuntos serán los tripletes que codifican a un mismo producto y tendremos 21 clases de equivalencia dadas por los 20 aminoácidos y la señal de paro. Al usar esta relación sobre los hoteles genéticos vistos como gráficas, obtendremos una nueva gráfica de aminoácidos donde estos estarán conectados con aristas de acuerdo con los enlaces del hotel.

### **Definición - Gráfica fenotípica**

Una gráfica fenotípica es una gráfica en la cual  $V = \{x \mid x \text{ es un amino ácido o señal de paro}\}$  y el conjunto de aristas  $E$  están dados de la siguiente forma, dos vértices estarán relacionados si existen elementos en sus clases de equivalencia que a su vez están unidos en el hotel genético.

Ejemplo:

Consideremos los codones CCC y CGC que son vecinos en alguna representación del hotel. Entonces, sus clases de equivalencia que corresponden a los aminoácidos prolina y arginina respectivamente, tendrán una arista que los una en la gráfica fenotípica asociada a este hotel.

Dado que tenemos 24 hoteles genéticos del CGS y sólo hay 12 que son realmente distintos, como vimos previamente, entonces tenemos 12 gráficas fenotípicas. Denotamos a las gráficas  $\{H_i\}_{i=1}^{12}$  como las gráficas de los hoteles genéticos, donde el índice representa el ordenamiento de las bases tomado según la Tabla 1.9. Sean  $\{F_i\}_{i=1}^{12}$  las correspondientes gráficas fenotípicas sobre cada hotel genético [17].

El código de tRNA estándar (S-tRNA) es el que utilizan las moléculas de tRNA para traducir el mRNA en aminoácidos. Este código difiere del código genético estándar en que contiene menos tripletes. En particular, omite los codones de la forma ANN. Todas las especies tienen un código de tRNA particularmente; el del humano, *Homo Sapiens Sapiens* (H-tRNA) es el dado por la Tabla 2.1 .

Aminoácido	Simbolo	Conjunto de tripletes	Aminoácido	Simbolo	Conjunto de tripletes
Prolina	Pro	CCU, CCA, CCG	Triptófano	Trp	UGG
Leucina	Leu	CUU, CUA, CUG, UUA, UUG	Treonina	Thr	ACU, ACA, ACG
Histidina	His	CAC, CAU	Isoleucina	Ile	AUC, AUU, AUA
Glutamina	Gln	CAA, CAG	Metionina	Met	AUG
Arginina	Arg	CGU, CGA, CGG, AGA, AGG	Asparagina	Asn	AAC, AAU
Serina	Ser	UCU, UCA, UCG, AGC	Lisina	Lys	AAA, AAG
Fenilalanina	Phe	UUC	Alanina	Ala	GCU, GCA, GCG
Tirosina	Tyr	UAC, UAU	Valina	Val	GUU, GUA, GUC
Stop	Ss	UAA, UAG	Ácido aspártico	Asp	GAC
Cisteína	Cys	UGC	Ácido glutámico	Glu	GAA, GAG
			Glicina	Gly	GGC, GGA, GGG

Tabla 2.1 - Tabla del código de tRNA del *Homo Sapiens Sapiens*.

A estos códigos se les puede aplicar el procedimiento anterior para obtener su representación en una gráfica. Como los códigos son distintos, las gráficas obtenidas también serán diferentes. Denotemos a las gráficas obtenidas del código S-tRNA como

$\{T_i\}_{i=1}^{12}$  y a las del H-tRNA como  $\{T'_i\}_{i=1}^{12}$ . Dado que el código H-tRNA es subcódigo del S-tRNA el cual también es subcódigo del CGS, se tiene que  $T'_i$  es subgráfica de  $T_i$  la cual a su vez es subgráfica de  $F_i$ .

## Medidas de centralidad en las gráficas.

Las gráficas como objeto matemático tienen mediciones que describen la importancia relativa de un nodo dentro de la gráfica. A éstas se les llama “medidas de centralidad”. Las medidas de centralidad principales son: grado, cercanía, intermediación y vector propio y se describen de la siguiente forma [18]:

Grado: Número de adyacencias que tiene un vértice en una gráfica.

Cercanía: Longitud promedio de los caminos más cortos de un vértice al resto de la gráfica. Dado un vértice  $i \in V(G)$ , la cercanía de  $i$  es dada por la fórmula

$$C(i) = \frac{1}{\sum_{i \neq j} \sigma_{ij}}$$

donde  $\sigma_{ij}$  denota la longitud del camino más corto entre los nodos  $i$  y  $j$ .

Intermediación: Medida de la frecuencia con que un vértice actúa como puente en un camino de longitud mínima entre otros dos vértices.

Cabe añadir que en general el camino de longitud mínima entre dos nodos puede no ser único. Esta medida también suele interpretarse como el flujo de información que corre por el vértice.

Vector Propio: Es el eigenvector asociado al eigenvalor principal en la matriz de adyacencias de la gráfica y se interpreta como la cohesión de cada vértice en la gráfica.

Las medidas mencionadas se calcularon para las gráficas  $F_i$ ,  $T_i$  y  $T'_i$  para cada una de las 12 representaciones y se promediaron, para poder así compararlas. En la comparación entraron sólo los 14 aminoácidos comunes en los tres códigos (Figura 2.1). Una prueba ANOVA de un factor permiten comparar los patrones de los promedios de las medidas de centralidad, la hipótesis nula es que los promedios son iguales por azar. Esto llevó a la observación de que las medidas de intermediación y los vectores propios son estadísticamente similares con valores  $p$ ,  $p < 0.89$  y  $p < 0.703$  respectivamente mientras que el grado y la cercanía son distintos con  $p < 0.012$  y  $p < 0.022$  siendo estadísticamente significativo.

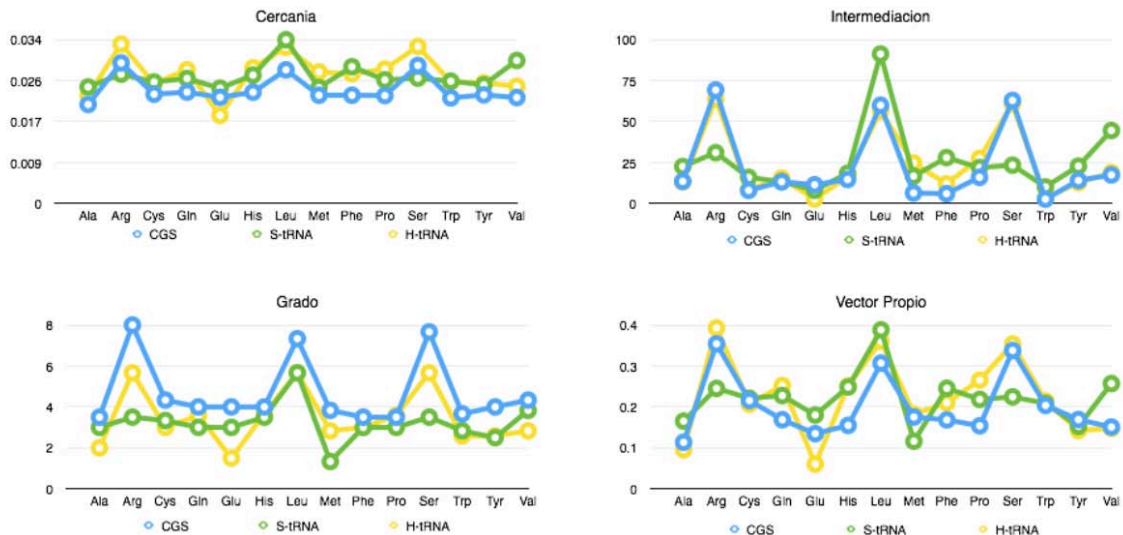


Figura 2.1 - Muestra los promedios de las medidas estadísticas calculadas sobre las gráficas de los códigos CGS (azul), S-tRNA (verde), H-tRNA (amarillo).

Este resultado muestra que la cohesión de los nodos y los caminos cortos se preservan en los tres códigos pero la cantidad de adyacencias así como el flujo de información en las gráficas son distintos, lo que captura algunas diferencias entre estos códigos.

## Requerimiento polar de los aminoácidos.

Uno de los problemas en biología evolutiva es identificar todos los factores que determinan la asociación de un codón con un aminoácido. Una de las teorías es la existencia de una interacción nucleótido - aminoácido [19]. Una de las pruebas de esta propuesta es el requerimiento polar de los aminoácidos, el cual mide la afinidad de los aminoácidos a una solución agua-piridina [20]. Estas cantidades pueden ser ordenadas en 4 categorías (Tabla 2.2), las categorías han sido usadas con una asignación de colores para su implementación en las gráficas, lo que nos da gráficas coloreadas.

UUU - Phe	UCU - Ser	UAU - Tyr	UGU - Cys
UUC - Phe	UCC - Ser	UAC - Tyr	UGC - Cys
UUA - Leu	UCA - Ser	<b>UAA - Ss</b>	<b>UGA - Ss</b>
UUG - Leu	UCG - Ser	<b>UAG - Ss</b>	UGG - Trp
CUU - Leu	CCU - Pro	CAU - His	CGU - Arg
CUC - Leu	CCC - Pro	CAC - His	CGC - Arg
CUA - Leu	CCA - Pro	CAA - Gln	CGA - Arg
CUG - Leu	CCG - Pro	CAG - Gln	CGG - Arg
AUU - Ile	ACU - Thr	AAU - Asn	AGU - Ser
AUC - Ile	ACC - Thr	AAC - Asn	AGC - Ser
AUA - Ile	ACA - Thr	AAA - Lys	AGA - Arg
AUG - Met	ACG - Thr	AAG - Lys	AGG - Arg
GUU - Val	GCU - Ala	GAU - Asp	GGU - Gly
GUC - Val	GCC - Ala	GAC - Asp	GGC - Gly
GUA - Val	GCA - Ala	GAA - Glu	GGA - Gly
GUG - Val	GCG - Ala	GAG - Glu	GGG - Gly

Tabla 2.2 - Código genético donde el fondo de cada celda es coloreada según la categoría de requerimiento polar a la que pertenece, los codones de paro aparecen negro dado que no se traducen en algún aminoácido.

En las gráficas coloreadas obtenidas (Figura 2.2) se puede observar cómo los aminoácidos del mismo color crean en general agrupamientos conexos en las mismas gráficas. Esto también ocurre para las gráficas obtenidas del código S-tRNA y del código H-tRNA,  $\{T_i\}_{i=1}^{12}$  y  $\{T'_i\}_{i=1}^{12}$  respectivamente. El resto de las gráficas obtenidas están en los Anexos I-III.

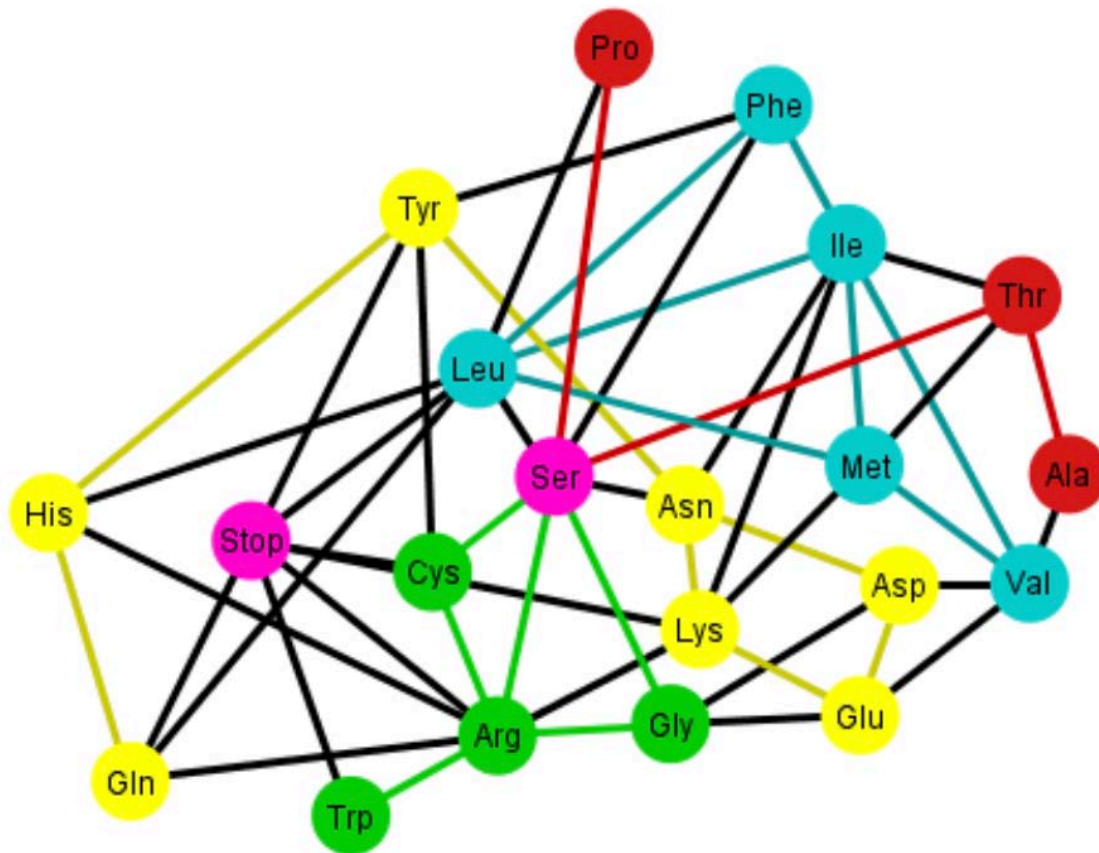


Figura 2.2 - Gráfica fenotípica del código CGS generada a partir del hotel genético con el ordenamiento (C,U,A,G) de las bases. Los vértices están coloreados de acuerdo con la categoría de requerimiento polar en la que caen sus tripletes correspondientes. Ser y Ss están en rosa ya que existen codones en distintas categorías. Los aristas que unen vértices del mismo color también están coloreados del color correspondiente.

## El código primitivo RNY

En el campo del origen del CGS existen muchas teorías. Algunas de ellas ubican su origen en los tripletes de la forma RRY que codificaban los aminoácidos polares (Gly, Glu, Lys y Arg) y los tripletes YYR, YRR y RYR que generan los no polares. Este modelo se destaca por considerar que, en sus inicios, el CGS no presentaba cisteína dada su naturaleza termolábil [21]. Otra teoría, más aceptada, es la que considera el origen del código a partir de codones RNY, que como se describió previamente, está en relación con los aminoácidos resultantes de los experimentos de Miller [22]. Los ocho aminoácidos codificados por el subcódigo RNY son Gly, Ala, Asp, Asn, Ser, Thr, Ile y Val, con ellos se calculará la grafica fenotípica del código RNY. Dichas gráficas denotadas por  $\{F'_i\}_{i=1}^{12}$  serán coloreadas con las categorías de requerimiento polar de los aminoácidos (Figura 2.3) [23]. El resto de las gráficas se presentan en el Anexo IV.

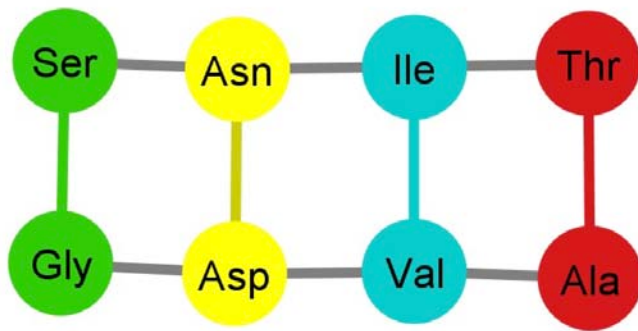


Figura 2.3 - Grafica fenotípica del subcódigo RNY generada por el ordenamiento (C,U,A,G) de las bases, aquí el grupo de simetrías corresponde con el de un rectángulo plano.

De las gráficas  $\{F'_i\}_{i=1}^{12}$  sólo algunas cumplen la condición de ser conexas, pero se puede observar cómo se forman dos alineamientos de cuatro aminoácidos. Estos alineamientos son los subconjuntos  $S_1 = \{\text{Thr, Ser, Ile, Asn}\}$  y  $S_2 = \{\text{Ala, Gly, Val, Asp}\}$ , en los que los aminoácidos de  $S_1$  tienen una escala mayor de requerimiento polar y  $S_2$  son de menor escala.



Los alineamientos  $S_1$  y  $S_2$  también cumplen que, al colorear las gráficas con los requerimientos polares, hay un aminoácido de cada color en cada uno de los alineamientos y éstos aparecen en el mismo orden. Este fenómeno muestra que estas gráficas poseen propiedades simétricas que se reflejan en los automorfismos de la gráfica.

### **Definición - Isomorfismo de gráficas**

Un isomorfismo entre dos gráficas  $G$  y  $H$  es una función  $f:V(G) \rightarrow V(H)$  que es biyectiva y además cumple que para cualquier par de vértices  $u, v \in V(G)$ , estos son adyacentes en  $G$  si y solo si  $f(u), f(v) \in V(H)$  son adyacentes en  $H$ .

### **Definición - Automorfismo de Gráficas**

Un automorfismo en una gráfica  $G$  es un isomorfismo  $f:V(G) \rightarrow V(G)$  de la gráfica  $G$  en sí misma. Denotamos como  $\text{Aut}(G)$  al conjunto de automorfismos de  $G$ .  $(\text{Aut}(G), \circ)$  es un grupo con la composición de funciones en la operación.

**Teorema** - Dada una gráfica  $G$ ,  $\text{Aut}(G)$  es un grupo con la composición de funciones.

Demostración

1.- Cerradura: Sean  $f, g \in \text{Aut}(G)$ , veamos que  $h = f \circ g$  es un automorfismo de  $G$ .

Dado que  $f$  y  $g$  son biyectivas,  $h$  también es biyectiva por ser la composición de funciones biyectivas, luego, si  $u, v \in V(G)$  son adyacentes en  $G$  tendremos que

$h(u) = f \circ g(u)$  y  $h(v) = f \circ g(v)$  serán adyacentes por ser  $f$  y  $g$  automorfismos, por lo

tanto  $h \in \text{Aut}(G)$ .

2.- Asociatividad: Sean  $f, g, h \in \text{Aut}(G)$ , veamos que  $f \circ (g \circ h) = (f \circ g) \circ h$ . Como la composición de funciones siempre es asociativa entonces en particular la composición de automorfismos también lo será, por lo tanto hay asociatividad en la operación.

3.- Identidad: La función identidad  $Id: V(G) \rightarrow V(G)$  tal que para todo  $v \in V(G)$  se tiene que  $Id(v) = v$  es un isomorfismo de  $G$  ya que de forma trivial mantiene las adyacencias, por lo tanto  $Id \in \text{Aut}(G)$ .

4.- Existencia de Inversos:  $\forall f \in \text{Aut}(G)$ ,  $f$  es una función biyectiva y por lo tanto existe una función inversa  $f^{-1}$  biyectiva. Sean  $u, v \in V(G)$  tales  $(u, v) \in E(G)$ , entonces supongamos que  $(f^{-1}(u), f^{-1}(v)) \notin E(G)$ , entonces al aplicar  $f$  obtenemos que  $(f \circ f^{-1}(u), f \circ f^{-1}(v)) \notin E(G)$ , lo que resulta en la contradicción de que  $(u, v) \notin E(G)$ .

Por lo tanto  $(f^{-1}(u), f^{-1}(v)) \in E(G)$ ,  $f^{-1}$  es un isomorfismo de  $G$  y  $f^{-1} \in \text{Aut}(G)$ .

Por lo tanto el conjunto de automorfismos  $\text{Aut}(G)$  es un grupo algebraico.

Al calcular los grupos  $\text{Aut}(F'_i)$  estos resultan ser  $\mathbb{Z}_2$ ,  $\text{Dih}_4$  que representa las simetrías de un cuadrado y  $K_4$  (Tabla 2.3).

<b>Ordenamiento</b>	<b>Conexidad</b>	<b><math>\text{Aut}(F'_i)</math></b>	<b>Ordenamiento</b>	<b>Conexidad</b>	<b><math>\text{Aut}(F'_i)</math></b>
CUAG	Si	$K_4$	ACGU	No	$\text{Dih}_4$
AUGC	No	$\text{Dih}_4$	UAGC	Si	$K_4$
AUCG	No	$\text{Dih}_4$	UACG	Si	$\mathbb{Z}_2$
ACUG	No	$\text{Dih}_4$	GACU	Si	$K_4$
AGUC	Si	$K_4$	UGAC	Si	$K_4$
AGCU	Si	$K_4$	GUAC	No	$\text{Dih}_4$

Tabla 2.3 - Características de las gráficas fenotípicas del código RNY en los distintos ordenamientos de las bases.

Vale mencionar que los arreglos de aminoácidos del código RNY tienen simetrías y resaltar que  $K_4$  fue usado para el CGS y solo cuando la gráfica resulta no ser conexa, esta tiene un grupo más grande  $Dih_4$ , mientras que si consideramos el CGS completo, éste pierde las simetrías y  $Aut(F_i)$  es el grupo trivial.

# Conclusión

El modelo propuesto del código genético estándar, basado en las simetrías de un rectángulo, resulta en un cubo de seis dimensiones que tiene 12 distintas representaciones en el espacio euclidiano de tres dimensiones. La representación analizada dada por el ordenamiento CUAG de los nucleótidos refleja agrupamientos de algunos subconjuntos importantes en los que se puede partir el CGS mostrando sus simetrías.

Las simetrías en las relaciones entre codones se extienden a las gráficas fenotípicas de aminoácidos, formando agrupamientos de requerimiento polar, la cual es una propiedad totalmente biológica y que no está considerada en la construcción del modelo. Esto apoya la validación de este modelo dado que emergen dichos agrupamientos. Acerca del problema de la evolución del código genético, las grandes simetrías del código primitivo RNY reflejan cómo en su inicio los aminoácidos estaban relacionados de manera muy ordenada pero a través del tiempo y de la aparición de tripletes y aminoácidos nuevos, estas relaciones fueron perdiendo simetría, lo que da una evolución ocasionada por el rompimiento de simetría del código original. La segunda parte en esta tesis dio como resultado la publicación de los artículos de investigación citados en las referencias [17,23].

Posteriores investigaciones sobre este modelo pueden hacerse sobre el resto de representaciones en tres dimensiones y las propiedades biológicas que estos ordenamientos reflejan en sus respectivos hoteles genéticos. El considerar el problema

en sentido inverso, tomando en cuenta otras propiedades biológicas en el contexto de éste modelo, para encontrar nuevas relaciones entre estas propiedades puede ser una línea de investigación.

Las gráficas fenotípicas también pueden modificarse, convirtiéndose en gráficas dirigidas, lo que le daría a los aminoácidos una dinámica que puede provenir de relaciones probabilísticas fundadas en la teoría de evolución neutral junto con la estructura de los hoteles genéticos y generar un proceso estocástico que podría servir de apoyo a de evolución neutral. Ésta establece que la mayoría de los cambios evolutivos están dados por la deriva genética y mutaciones al azar que no están directamente relacionadas con la adaptación y están mediadas por un proceso estocástico.

# Anexo I

Se presentan las gráficas del código SGC  $\{F_i\}_{i=1}^{12}$  en forma de matriz de adyacencia de los doce ordenamientos posibles de las bases en los hoteles genéticos, en estas gráficas los colores forman componentes conexas entre si y son conexas.

## 1.- Ordenamiento (C,U,A,G)

	Pro	Leu	His	Gln	Arg	Ser	Phe	Tyr	Ss	Cys	Trp	Thr	Ile	Met	Asn	Lys	Ala	Val	Asp	Glu	Gly
Pro	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Leu	1	0	1	1	0	1	1	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0
His	0	1	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Gln	0	1	1	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Arg	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1
Ser	1	1	0	0	1	0	1	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1
Phe	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Tyr	0	0	1	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Ss	0	1	0	1	1	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Cys	0	0	0	0	1	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Trp	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Thr	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0
Ile	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	1	1	1	0	1	0	0	0
Met	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	1	0	0	0
Asn	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0
Lys	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	1	0
Ala	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Val	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	1	1	0
Asp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	1
Glu	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	1
Gly	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0

2.- Ordenamiento (A,U,G,C)

	Pro	Leu	His	Gln	Arg	Ser	Phe	Tyr	Ss	Cys	Trp	Thr	Ile	Met	Asn	Lys	Ala	Val	Asp	Glu	Gly
Pro	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Leu	0	0	1	1	1	0	1	0	1	0	1	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0
His	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Gln	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Arg	1	1	0	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1
Ser	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0
Phe	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0
Tyr	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0
Ss	0	1	0	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1
Cys	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Trp	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Thr	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ile	0	1	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0
Met	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0
Asn	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0
Lys	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0
Ala	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Val	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1
Asp	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Glu	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0
Gly	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0

3.- Ordenamiento (A,U,C,G)

	Pro	Leu	His	Gln	Arg	Ser	Phe	Tyr	Ss	Cys	Trp	Thr	Ile	Met	Asn	Lys	Ala	Val	Asp	Glu	Gly
Pro	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Leu	1	0	1	1	0	1	1	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0
His	0	1	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Gln	0	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Arg	1	0	0	0	0	1	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Ser	1	1	0	0	1	0	1	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Phe	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Tyr	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Ss	0	1	0	1	1	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Cys	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Trp	0	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Thr	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0
Ile	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	1	1	1	0	0	0	0	0
Met	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0
Asn	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0
Lys	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0
Ala	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1
Val	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0
Asp	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Glu	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0
Gly	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0

4.- Ordenamiento (A,C,U,G)

	Pro	Leu	His	Gln	Arg	Ser	Phe	Tyr	Ss	Cys	Trp	Thr	Ile	Met	Asn	Lys	Ala	Val	Asp	Glu	Gly
Pro	0	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Leu	1	0	0	0	1	1	1	0	1	0	1	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0
His	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Gln	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Arg	0	1	0	0	0	1	0	0	1	1	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0
Ser	1	1	0	0	1	0	1	1	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0
Phe	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Tyr	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Ss	0	1	0	1	1	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
Cys	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Trp	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Thr	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0
Ile	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Met	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Asn	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Lys	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Ala	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0
Val	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1
Asp	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0
Glu	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0
Gly	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0

5.- Ordenamiento (A,G,U,C)

	Pro	Leu	His	Gln	Arg	Ser	Phe	Tyr	Ss	Cys	Trp	Thr	Ile	Met	Asn	Lys	Ala	Val	Asp	Glu	Gly
Pro	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Leu	1	0	0	0	1	1	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
His	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Gln	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Arg	0	1	1	1	0	1	0	0	1	1	1	0	1	1	0	1	0	0	0	0	1
Ser	1	1	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	0	1
Phe	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Tyr	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Ss	0	1	0	1	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
Cys	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Trp	0	1	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Thr	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0
Ile	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0	0	0
Met	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0
Asn	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
Lys	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0
Ala	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Val	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	1
Asp	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	1
Glu	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1
Gly	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0



6.- Ordenamiento (A,G,C,U)

	Pro	Leu	His	Gln	Arg	Ser	Phe	Tyr	Ss	Cys	Trp	Thr	Ile	Met	Asn	Lys	Ala	Val	Asp	Glu	Gly
Pro	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Leu	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
His	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Gln	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Arg	1	0	1	1	0	1	0	0	1	1	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1
Ser	1	1	0	0	1	0	1	0	1	1	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1
Phe	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tyr	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ss	0	0	0	1	1	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Cys	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Trp	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Thr	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0
Ile	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0	0	0
Met	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0
Asn	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
Lys	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0
Ala	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1
Val	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0
Asp	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	1
Glu	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1
Gly	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0

7.- Ordenamiento (A,C,G,U)

	Pro	Leu	His	Gln	Arg	Ser	Phe	Tyr	Ss	Cys	Trp	Thr	Ile	Met	Asn	Lys	Ala	Val	Asp	Glu	Gly
Pro	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Leu	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0
His	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0
Gln	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0
Arg	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1
Ser	0	0	0	0	1	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0
Phe	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Tyr	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Ss	0	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
Cys	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Trp	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Thr	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0
Ile	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Met	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Asn	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Lys	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Ala	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1
Val	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Asp	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0
Glu	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0
Gly	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0

8.- Ordenamiento (U,A,G,C)

	Pro	Leu	His	Gln	Arg	Ser	Phe	Tyr	Ss	Cys	Trp	Thr	Ile	Met	Asn	Lys	Ala	Val	Asp	Glu	Gly
Pro	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Leu	0	0	1	1	0	0	1	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0
His	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Gln	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Arg	1	0	1	1	0	1	0	0	1	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1
Ser	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1
Phe	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Tyr	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Ss	0	1	0	0	1	1	0	1	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Cys	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Trp	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Thr	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Ile	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	1	0	0	0
Met	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	0
Asn	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0
Lys	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	1	0
Ala	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Val	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0
Asp	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	1
Glu	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	1
Gly	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0

9.- Ordenamiento (U,A,C,G)

	Pro	Leu	His	Gln	Arg	Ser	Phe	Tyr	Ss	Cys	Trp	Thr	Ile	Met	Asn	Lys	Ala	Val	Asp	Glu	Gly
Pro	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Leu	0	0	1	1	0	0	1	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0
His	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0
Gln	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0
Arg	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Ser	0	0	0	0	1	0	0	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Phe	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Tyr	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Ss	0	1	0	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Cys	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Trp	0	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Thr	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0
Ile	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0
Met	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0
Asn	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0
Lys	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0
Ala	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1
Val	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0
Asp	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0
Glu	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0
Gly	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0

10.- Ordenamiento (G,A,C,U)

	Pro	Leu	His	Gln	Arg	Ser	Phe	Tyr	Ss	Cys	Trp	Thr	Ile	Met	Asn	Lys	Ala	Val	Asp	Glu	Gly
Pro	0	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Leu	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0
His	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Gln	1	0	1	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Arg	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1
Ser	1	1	0	0	1	0	1	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1
Phe	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tyr	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ss	0	0	0	1	1	1	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Cys	0	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Trp	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Thr	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	0	0
Ile	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0	0	0
Met	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0
Asn	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0
Lys	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0
Ala	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	0
Val	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0
Asp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	1
Glu	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1
Gly	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0

11.- Ordenamiento (U,G,A,C)

	Pro	Leu	His	Gln	Arg	Ser	Phe	Tyr	Ss	Cys	Trp	Thr	Ile	Met	Asn	Lys	Ala	Val	Asp	Glu	Gly
Pro	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Leu	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0
His	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Gln	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Arg	0	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	1
Ser	0	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	0	1
Phe	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Tyr	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Ss	0	1	0	0	0	1	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
Cys	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Trp	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Thr	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0
Ile	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0
Met	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0
Asn	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0
Lys	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0
Ala	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0
Val	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1
Asp	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	1
Glu	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1
Gly	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0

12.- Ordenamiento (G,U,A,C)

	Pro	Leu	His	Gln	Arg	Ser	Phe	Tyr	Ss	Cys	Trp	Thr	Ile	Met	Asn	Lys	Ala	Val	Asp	Glu	Gly
Pro	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Leu	0	0	1	1	1	0	1	0	1	0	1	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0
His	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Gln	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Arg	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0
Ser	0	0	0	0	1	0	0	1	1	1	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0
Phe	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0
Tyr	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0
Ss	0	1	0	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1
Cys	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Trp	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Thr	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0
Ile	0	1	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0
Met	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0
Asn	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0
Lys	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0
Ala	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0
Val	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1
Asp	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0
Glu	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0
Gly	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0



# Anexo II

Se presentan las gráficas del código S - tRNA  $\{T_i\}_{i=1}^{12}$  en matriz de adyacencia, el código de tRNA al ser el usado para traducir la secuencia del mRNA no cuenta con el vértice de la señal de paro ya que estos codones solo son señales de puntuación en el código y no se traducen en aminoácidos. En este subcódigo del CGS algunas gráficas pierden los agrupamientos conexos de vertices del mismo color.

## 1.- Ordenamiento (C,U,A,G)

	Pro	Leu	His	Gln	Arg	Ser	Phe	Tyr	Cys	Trp	Thr	Ile	Met	Asn	Lys	Ala	Val	Asp	Glu	Gly	
Pro	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Leu	1	0	1	1	0	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
His	0	1	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Gln	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Arg	0	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ser	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Phe	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tyr	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Cys	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Trp	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Thr	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ile	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Met	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Asn	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Lys	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ala	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Val	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	1	0	0
Asp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0
Glu	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0
Gly	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0

2.- Ordenamiento (A,U,G,C)

	Pro	Leu	His	Gln	Arg	Ser	Phe	Tyr	Cys	Trp	Thr	Ile	Met	Asn	Lys	Ala	Val	Asp	Glu	Gly
Pro	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Leu	0	0	1	1	1	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0
His	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Gln	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Arg	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Ser	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Phe	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Tyr	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Cys	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Trp	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Thr	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ile	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Met	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Asn	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Lys	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ala	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Val	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1
Asp	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0
Glu	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0
Gly	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0

3.- Ordenamiento (A,U,C,G)

	Pro	Leu	His	Gln	Arg	Ser	Phe	Tyr	Cys	Trp	Thr	Ile	Met	Asn	Lys	Ala	Val	Asp	Glu	Gly
Pro	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Leu	1	0	1	1	0	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0
His	0	1	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Gln	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Arg	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Ser	1	1	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Phe	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tyr	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Cys	0	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Trp	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Thr	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ile	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Met	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Asn	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Lys	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ala	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1
Val	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0
Asp	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0
Glu	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0
Gly	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0

4.- Ordenamiento (A,C,U,G)

	Pro	Leu	His	Gln	Arg	Ser	Phe	Tyr	Cys	Trp	Thr	Ile	Met	Asn	Lys	Ala	Val	Asp	Glu	Gly
Pro	0	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Leu	1	0	0	0	1	1	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0
His	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Gln	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Arg	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ser	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Phe	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Tyr	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Cys	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Trp	0	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Thr	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ile	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Met	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Asn	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Lys	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ala	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0
Val	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1
Asp	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0
Glu	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0
Gly	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0

5.- Ordenamiento (A,G,U,C)

	Pro	Leu	His	Gln	Arg	Ser	Phe	Tyr	Cys	Trp	Thr	Ile	Met	Asn	Lys	Ala	Val	Asp	Glu	Gly
Pro	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Leu	1	0	0	0	1	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
His	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Gln	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Arg	0	1	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ser	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Phe	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Tyr	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Cys	0	0	0	0	1	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Trp	0	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Thr	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ile	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Met	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Asn	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Lys	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ala	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Val	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	1
Asp	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
Glu	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1
Gly	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0



6.- Ordenamiento (A,G,C,U)

	Pro	Leu	His	Gln	Arg	Ser	Phe	Tyr	Cys	Trp	Thr	Ile	Met	Asn	Lys	Ala	Val	Asp	Glu	Gly
Pro	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Leu	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
His	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Gln	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Arg	1	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Ser	1	1	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Phe	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tyr	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Cys	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Trp	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Thr	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ile	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Met	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Asn	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Lys	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ala	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1
Val	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0
Asp	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
Glu	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1
Gly	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0

7.- Ordenamiento (A,C,G,U)

	Pro	Leu	His	Gln	Arg	Ser	Phe	Tyr	Cys	Trp	Thr	Ile	Met	Asn	Lys	Ala	Val	Asp	Glu	Gly
Pro	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Leu	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0
His	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Gln	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Arg	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Ser	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Phe	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Tyr	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Cys	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Trp	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Thr	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ile	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Met	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Asn	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Lys	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ala	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1
Val	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Asp	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0
Glu	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0
Gly	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0

8.- Ordenamiento (U,A,G,C)

	Pro	Leu	His	Gln	Arg	Ser	Phe	Tyr	Cys	Trp	Thr	Ile	Met	Asn	Lys	Ala	Val	Asp	Glu	Gly
Pro	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Leu	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0
His	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Gln	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Arg	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Ser	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Phe	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tyr	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Cys	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Trp	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Thr	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ile	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Met	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Asn	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Lys	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ala	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Val	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0
Asp	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1
Glu	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1
Gly	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0

9.- Ordenamiento (U,A,C,G)

	Pro	Leu	His	Gln	Arg	Ser	Phe	Tyr	Cys	Trp	Thr	Ile	Met	Asn	Lys	Ala	Val	Asp	Glu	Gly
Pro	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Leu	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0
His	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Gln	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Arg	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Ser	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Phe	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tyr	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Cys	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Trp	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Thr	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ile	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Met	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Asn	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Lys	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ala	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1
Val	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0
Asp	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0
Glu	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0
Gly	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0

10.- Ordenamiento (G,A,C,U)

	Pro	Leu	His	Gln	Arg	Ser	Phe	Tyr	Cys	Trp	Thr	Ile	Met	Asn	Lys	Ala	Val	Asp	Glu	Gly
Pro	0	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Leu	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
His	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Gln	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Arg	0	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ser	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Phe	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tyr	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Cys	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Trp	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Thr	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ile	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Met	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Asn	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Lys	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ala	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0
Val	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0
Asp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1
Glu	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1
Gly	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0

11.- Ordenamiento (U,G,A,C)

	Pro	Leu	His	Gln	Arg	Ser	Phe	Tyr	Cys	Trp	Thr	Ile	Met	Asn	Lys	Ala	Val	Asp	Glu	Gly
Pro	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Leu	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0
His	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Gln	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Arg	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ser	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Phe	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Tyr	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Cys	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Trp	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Thr	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ile	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Met	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Asn	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Lys	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ala	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0
Val	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1
Asp	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1
Glu	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1
Gly	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0

12.- Ordenamiento (G,U,A,C)

	Pro	Leu	His	Gln	Arg	Ser	Phe	Tyr	Cys	Trp	Thr	Ile	Met	Asn	Lys	Ala	Val	Asp	Glu	Gly
Pro	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Leu	0	0	1	1	1	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0
His	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Gln	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Arg	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ser	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Phe	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Tyr	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Cys	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Trp	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Thr	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ile	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Met	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Asn	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Lys	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ala	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0
Val	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1
Asp	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0
Glu	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0
Gly	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0



# Anexo III

Se presentan las gráficas del código H - tRNA  $\{T'_i\}_{i=1}^{12}$  en matriz de adyacencia. Al ser el código mas pequeño comparado con el CGS y S-tRNA, algunas gráficas pierden características como la conexidad y los agrupamientos conexos de vertices del mismo color.

## 1.- Ordenamiento (C,U,A,G)

	Pro	Leu	His	Gln	Arg	Ser	Phe	Tyr	Cys	Trp	Thr	Ile	Met	Asn	Lys	Ala	Val	Asp	Glu	Gly
Pro	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Leu	1	0	1	1	0	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
His	0	1	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Gln	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Arg	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Ser	1	1	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Phe	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tyr	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Cys	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Trp	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Thr	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Ile	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Met	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0
Asn	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Lys	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Ala	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Val	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0
Asp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Glu	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Gly	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

2.- Ordenamiento (A,U,G,C)

	Pro	Leu	His	Gln	Arg	Ser	Phe	Tyr	Cys	Trp	Thr	Ile	Met	Asn	Lys	Ala	Val	Asp	Glu	Gly
Pro	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Leu	0	0	1	1	1	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0
His	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Gln	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Arg	1	1	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Ser	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Phe	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Tyr	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Cys	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Trp	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Thr	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ile	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Met	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Asn	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Lys	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0
Ala	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Val	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Asp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Glu	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Gly	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

3.- Ordenamiento (A,U,C,G)

	Pro	Leu	His	Gln	Arg	Ser	Phe	Tyr	Cys	Trp	Thr	Ile	Met	Asn	Lys	Ala	Val	Asp	Glu	Gly
Pro	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Leu	1	0	1	1	0	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0
His	0	1	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Gln	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Arg	1	0	0	0	0	1	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ser	1	1	0	0	1	0	1	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Phe	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tyr	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Cys	0	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Trp	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Thr	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Ile	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Met	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Asn	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Lys	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0
Ala	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Val	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0
Asp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Glu	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Gly	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

4.- Ordenamiento (A,C,U,G)

	Pro	Leu	His	Gln	Arg	Ser	Phe	Tyr	Cys	Trp	Thr	Ile	Met	Asn	Lys	Ala	Val	Asp	Glu	Gly
Pro	0	1	1	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Leu	1	0	0	0	1	1	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0
His	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Gln	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Arg	0	1	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Ser	1	1	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Phe	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Tyr	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Cys	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Trp	0	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Thr	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0
Ile	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Met	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Asn	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Lys	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Ala	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0
Val	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Asp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Glu	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Gly	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

5.- Ordenamiento (A,G,U,C)

	Pro	Leu	His	Gln	Arg	Ser	Phe	Tyr	Cys	Trp	Thr	Ile	Met	Asn	Lys	Ala	Val	Asp	Glu	Gly
Pro	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Leu	1	0	0	0	1	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
His	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Gln	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Arg	0	1	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0
Ser	1	1	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0
Phe	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Tyr	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Cys	0	0	0	0	1	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Trp	0	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Thr	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Ile	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Met	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Asn	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Lys	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Ala	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Val	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0
Asp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Glu	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Gly	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0



6.- Ordenamiento (A,G,C,U)

	Pro	Leu	His	Gln	Arg	Ser	Phe	Tyr	Cys	Trp	Thr	Ile	Met	Asn	Lys	Ala	Val	Asp	Glu	Gly
Pro	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Leu	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
His	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Gln	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Arg	1	0	1	1	0	1	0	0	1	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Ser	1	1	0	0	1	0	1	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Phe	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tyr	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Cys	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Trp	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Thr	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Ile	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Met	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Asn	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Lys	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Ala	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Val	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0
Asp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Glu	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Gly	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

7.- Ordenamiento (A,C,G,U)

	Pro	Leu	His	Gln	Arg	Ser	Phe	Tyr	Cys	Trp	Thr	Ile	Met	Asn	Lys	Ala	Val	Asp	Glu	Gly
Pro	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Leu	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0
His	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Gln	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0
Arg	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Ser	0	0	0	0	1	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Phe	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Tyr	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Cys	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Trp	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Thr	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Ile	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Met	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Asn	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Lys	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Ala	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Val	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Asp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Glu	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Gly	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

8.- Ordenamiento (U,A,G,C)

	Pro	Leu	His	Gln	Arg	Ser	Phe	Tyr	Cys	Trp	Thr	Ile	Met	Asn	Lys	Ala	Val	Asp	Glu	Gly
Pro	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Leu	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0
His	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Gln	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Arg	1	0	1	1	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Ser	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Phe	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tyr	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Cys	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Trp	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Thr	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ile	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Met	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0
Asn	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Lys	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0
Ala	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Val	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0
Asp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Glu	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Gly	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

9.- Ordenamiento (U,A,C,G)

	Pro	Leu	His	Gln	Arg	Ser	Phe	Tyr	Cys	Trp	Thr	Ile	Met	Asn	Lys	Ala	Val	Asp	Glu	Gly
Pro	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Leu	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0
His	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Gln	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0
Arg	1	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ser	0	0	0	0	1	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Phe	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tyr	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Cys	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Trp	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Thr	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Ile	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Met	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Asn	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Lys	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0
Ala	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Val	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Asp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Glu	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0
Gly	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

10.- Ordenamiento (G,A,C,U)

	Pro	Leu	His	Gln	Arg	Ser	Phe	Tyr	Cys	Trp	Thr	Ile	Met	Asn	Lys	Ala	Val	Asp	Glu	Gly
Pro	0	1	1	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Leu	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
His	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Gln	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Arg	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Ser	1	1	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Phe	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tyr	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Cys	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Trp	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Thr	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0
Ile	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Met	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Asn	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Lys	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ala	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0
Val	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0
Asp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Glu	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Gly	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

11.- Ordenamiento (U,G,A,C)

	Pro	Leu	His	Gln	Arg	Ser	Phe	Tyr	Cys	Trp	Thr	Ile	Met	Asn	Lys	Ala	Val	Asp	Glu	Gly
Pro	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Leu	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0
His	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Gln	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Arg	0	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0
Ser	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0
Phe	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Tyr	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Cys	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Trp	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Thr	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Ile	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Met	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Asn	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Lys	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Ala	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Val	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Asp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Glu	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Gly	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

12.- Ordenamiento (G,U,A,C)

	Pro	Leu	His	Gln	Arg	Ser	Phe	Tyr	Cys	Trp	Thr	Ile	Met	Asn	Lys	Ala	Val	Asp	Glu	Gly
Pro	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Leu	0	0	1	1	1	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0
His	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Gln	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Arg	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Ser	0	0	0	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Phe	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Tyr	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Cys	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Trp	0	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Thr	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Ile	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Met	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Asn	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Lys	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0
Ala	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Val	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Asp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Glu	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0
Gly	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0



# Anexo IV

Se presentan las gráficas del subcódigo RNY  $\{F'_i\}_{i=1}^{12}$  en matriz de adyacencia, todas las gráficas de este subcódigo tienen un grupo de automorfismos no trivial.

1.- Ordenamiento (C,U,A,G)

	Ala	Asn	Asp	Thr	Ile	Val	Ser	Gly
Ala	0	0	0	1	0	1	0	0
Asn	0	0	1	0	1	0	1	0
Asp	0	1	0	0	0	1	0	1
Thr	1	0	0	0	1	0	0	0
Ile	0	1	0	1	0	1	0	0
Val	1	0	1	0	1	0	0	0
Ser	0	1	0	0	0	0	0	1
Gly	0	0	1	0	0	0	1	0

2.- Ordenamiento (A,U,G,C)

	Ala	Asn	Asp	Thr	Ile	Val	Ser	Gly
Ala	0	0	0	0	0	0	0	1
Asn	0	0	0	0	1	0	0	0
Asp	0	0	0	0	0	1	0	0
Thr	0	0	0	0	0	0	1	0
Ile	0	1	0	0	0	0	1	0
Val	0	0	1	0	0	0	0	1
Ser	0	0	0	1	1	0	0	0
Gly	1	0	0	0	0	1	0	0

3.- Ordenamiento (A,U,C,G)

	Ala	Asn	Asp	Thr	Ile	Val	Ser	Gly
Ala	0	0	0	0	0	1	0	1
Asn	0	0	0	0	1	0	0	0
Asp	0	0	0	0	0	1	0	0
Thr	0	0	0	0	1	0	1	0
Ile	0	1	0	1	0	0	0	0
Val	1	0	1	0	0	0	0	0
Ser	0	0	0	1	0	0	0	0
Gly	1	0	0	0	0	0	0	0

4.- Ordenamiento (A,C,U,G)

	Ala	Asn	Asp	Thr	Ile	Val	Ser	Gly
Ala	0	0	1	0	0	1	0	0
Asn	0	0	0	1	0	0	0	0
Asp	1	0	0	0	0	0	0	0
Thr	0	1	0	0	1	0	0	0
Ile	0	0	0	1	0	0	1	0
Val	1	0	0	0	0	0	0	1
Ser	0	0	0	0	1	0	0	0
Gly	0	0	0	0	0	1	0	0

5.- Ordenamiento (A,G,U,C)

	Ala	Asn	Asp	Thr	Ile	Val	Ser	Gly
Ala	0	0	0	1	0	1	0	0
Asn	0	0	1	0	0	0	1	0
Asp	0	1	0	0	0	0	0	1
Thr	1	0	0	0	1	0	0	0
Ile	0	0	0	1	0	1	1	0
Val	1	0	0	0	1	0	0	1
Ser	0	1	0	0	1	0	0	1
Gly	0	0	1	0	0	1	1	0

6.- Ordenamiento (A,G,C,U)

	Ala	Asn	Asp	Thr	Ile	Val	Ser	Gly
Ala	0	0	0	1	0	1	0	1
Asn	0	0	1	0	0	0	1	0
Asp	0	1	0	0	0	0	0	1
Thr	1	0	0	0	1	0	1	0
Ile	0	0	0	1	0	1	0	0
Val	1	0	0	0	1	0	0	0
Ser	0	1	0	1	0	0	0	1
Gly	1	0	1	0	0	0	1	0

7.- Ordenamiento (A,C,G,U)

	Ala	Asn	Asp	Thr	Ile	Val	Ser	Gly
Ala	0	0	1	0	0	1	0	1
Asn	0	0	0	1	0	0	0	0
Asp	1	0	0	0	0	0	0	0
Thr	0	1	0	0	0	0	1	0
Ile	0	0	0	0	0	0	1	0
Val	0	0	0	0	0	0	0	1
Ser	0	0	0	1	1	0	0	0
Gly	1	0	0	0	0	1	0	0

8.- Ordenamiento (U,A,G,C)

	Ala	Asn	Asp	Thr	Ile	Val	Ser	Gly
Ala	0	0	0	1	0	0	0	1
Asn	0	0	1	0	1	0	1	0
Asp	0	1	0	0	0	1	0	1
Thr	1	0	0	0	0	0	1	0
Ile	0	1	0	0	0	1	0	0
Val	0	0	1	0	1	0	0	0
Ser	0	1	0	1	0	0	0	1
Gly	1	0	1	0	0	0	1	0

9.- Ordenamiento (U,A,C,G)

	Ala	Asn	Asp	Thr	Ile	Val	Ser	Gly
Ala	0	0	1	0	0	0	0	1
Asn	0	0	1	1	1	0	0	0
Asp	1	1	0	0	0	1	0	0
Thr	0	1	0	0	0	0	1	0
Ile	0	1	0	0	0	0	0	0
Val	0	0	1	0	0	0	0	0
Ser	0	0	0	1	0	0	0	0
Gly	1	0	0	0	0	0	0	0

10.- Ordenamiento (G,A,C,U)

	Ala	Asn	Asp	Thr	Ile	Val	Ser	Gly
Ala	0	0	1	1	0	1	0	0
Asn	0	0	1	1	0	0	1	0
Asp	1	1	0	0	0	1	0	1
Thr	1	1	0	0	1	0	0	0
Ile	0	0	0	1	0	1	0	0
Val	1	0	1	0	1	0	0	0
Ser	0	1	0	0	0	0	0	1
Gly	0	0	1	0	0	0	1	0

11.- Ordenamiento (U,G,A,C)

	Ala	Asn	Asp	Thr	Ile	Val	Ser	Gly
Ala	0	0	1	1	0	0	0	0
Asn	0	0	1	1	0	0	1	0
Asp	1	1	0	0	0	0	0	1
Thr	1	1	0	0	0	0	0	0
Ile	0	0	0	0	0	1	1	0
Val	0	0	0	0	1	0	0	1
Ser	0	1	0	0	1	0	0	1
Gly	0	0	1	0	0	1	1	0

12.- Ordenamiento (G,U,A,C)

	Ala	Asn	Asp	Thr	Ile	Val	Ser	Gly
Ala	0	0	1	0	0	0	0	0
Asn	0	0	0	1	1	0	0	0
Asp	1	0	0	0	0	1	0	0
Thr	0	1	0	0	0	0	0	0
Ile	0	1	0	0	0	0	1	0
Val	0	0	1	0	0	0	0	1
Ser	0	0	0	0	1	0	0	0
Gly	0	0	0	0	0	1	0	0





# Referencias

1. - Wilson EO, Bossert WH. (1971). A primer of population biology, Sinauer Associates, INC. Publishers, Sunderland, Massachusetts.
2. - Binder PM, Danchin A: Life's demons: information and order in biology: What subcellular machines gather and process the information necessary to sustain life? EMBO Rep 2011, 12:495–499.
3. - Crick FHC. (1968). The origin of the genetic code., J. Mol. Biol., 38: 367 - 379.
4. - Dayhoff, M. O., Schwartz, R. M. In *Atlas of Protein Sequence and Structure* (1978).
5. - Osawa S, Jukes TH, Watanabe K, Muto A. (1992). Recent evidence for evolution of the genetic code, Microbiol. Rev., 56: 229-264.
6. - Woese C. (1967). The genetic code, Ch. 7. Harper and Row, New York.
7. - He M, Petoukhov SV, Ricci PE. (2004). Genetic code, Hamming distance and stochastic matrices, Bull. Math. Biol., 66: 1405–1421.
8. - Hornos JEM, Hornos YMM. (1993). Algebraic model for the evolution of the genetic code, Phys. Rev. Lett., 71: 4401-4404.
9. - José MV, Morgado ER, Govezensky T. (2007). An Extended RNA Code and its Relationship to the standard Genetic Code: An Algebraic and Geometrical Approach, Bull. Math. Biol. 69: 215 - 243.
10. - Sánchez R, Morgado ER, Grau R. (2004). Genetic code boolean algebras, W-Seas Transactions of the International Conference on Biology and Biomedicine, vol. 1, issue 2, 190-197. Corfu, Greece, ISSN 1109-9518.
11. - Rotman JJ. (1999) An introduction to the theory of groups, Springer: Graduate texts in mathematics.
12. - Beardon AF. (2005). Algebra and geometry, Cambridge: Cambridge University Press.
13. - Gilbert W. (1986). The RNA world, Nature 319, 618.
14. - José MV, Morgado ER, Govezensky T. (2011). Genetic Hotels for the Standard Genetic Code: Evolutionary Analysis Based upon Novel Three - Dimensional Algebraic Models, Bull. Math. Biol. 73: 1443 - 1476.
15. - Rodin SN, Ohno S. (2008). On the origin of the genetic code: signatures of its primordial complementarity in tRNAs and aminoacyl-tRNAs synthetases, Heredity. 100: 341 - 355.
16. - José MV, Morgado ER, Sánchez R, Govezensky T. (2012). The 24 possible Algebraic representations of the standard genetic code in six or in three dimensions, Adv. Stud. Biol. 4: 119 - 152.

17. - José MV, Morgado ER, Guimaraes RC, Zamudio GS, de Fariás ST, Bobadilla JR, Sosa D. (2014). Three-dimensional algebraic models of the tRNA code and 12 graphs for representing the amino acids, *Life*. 4: 341 - 373.
18. - Newman MEJ. (2010). *Networks: An Introduction*. Oxford, Reino Unido: Oxford University Press.
19. - Gamow G. (1954). Possible Relation between Deoxyribonucleic Acid and Protein Structures, *Nature*. 173: 318.
20. - Woese CR, Dugre DH, Saxinger WC, Dugre SA. The molecular basis for the genetic code, *Proc. Natl. Acad. Sic. USA*. 55: 966 - 974.
- 21.- Cocho G, Comunicacion personal, Septiembre 2015.
22. - Miller SL. (1953). Production of amino acids under possible primitive Earth conditions, *Science*. 117: 528 - 529.
23. - José MV, Zamudio GS, Palacios-Pérez M, Bobadilla JR, de Fariás ST. (2015). Symmetrical and Thermodynamic Properties of Phenotypic graphs of amino acids encoded by the primeval RNY code, *Orig. Life Evol. Biosph. ORIGINS 2014*.



