



# A Matemática nas Ciências Biológicas

Instituto Superior de Agronomia | Departamento de Matemática

## > **Regulação e expressão estocástica: modelação da dupla vida de um gene**

Jorge Carneiro | Instituto Gulbenkian de Ciência

As células são pequenas máquinas moleculares capazes de assegurar todas as funções necessárias à manutenção do organismo, graças a mecanismos fiáveis de regulação. Estes mecanismos resultam das interações e dinâmica das proteínas, cuja estrutura e expressão são codificadas pelos respectivos genes no genoma da célula. A função de cada proteína depende da sua concentração que por sua vez depende da taxa de expressão do gene que a codifica. Como tal, a expressão genética deve ser altamente controlada, como corroborado pela observação de que a sua desregulação compromete a viabilidade do organismo. No entanto, a expressão genética, porque envolve um pequeno número de moléculas, é um processo essencialmente estocástico e estudos recentes mostram que a variação estocástica na expressão genética pode ser significativa. Portanto, estamos perante um paradoxo: o nosso organismo é feito de máquinas moleculares altamente fiáveis mas com um ruído estocástico inesperadamente alto. Mediante a análise da recombinação dos genes dos anticorpos e da expressão monoalélica de citocinas, irei argumentar que este paradoxo é apenas aparente. Mostrarei, recorrendo à modelação matemática e simulação, como as células podem regular 'à la carte' o ruído estocástico na expressão genética, para assegurar as suas funções biológicas.

## > **A análise de dados no domínio da Ecologia Marinha**

Henrique Cabral | Faculdade de Ciências de Lisboa

Os estudos no domínio da ecologia marinha são diversos e requerem um conjunto alargado de métodos de análise estatística de dados. Serão apresentados de forma breve alguns exemplos típicos de trabalhos de investigação neste domínio científico e discutidas alternativas metodológicas de análise de dados.

## > **Instrumentos matemáticos no melhoramento de plantas**

Antero Martins | Instituto Superior de Agronomia

Verificaremos que a distribuição normal das características quantitativas decorre predominantemente dos desvios ambientais aleatórios (E), que confundem os valores genotípicos (G) e complicam a selecção, como expresso no modelo do valor fenotípico  $P=G+E$ . Notaremos que o teorema da soma e média de normais suporta uma nova atitude experimental para controlar os desvios E e para repor a eficácia da selecção, isto é, para obter maiores ganhos genéticos (R). Por outro lado, a previsão desses ganhos será também possível, com base na propriedade da soma das variâncias de variáveis aleatórias, consubstanciada nas relações  $h^2$  (heritabilidade) =  $V_G/V_P$  e  $R=S(\text{diferencial}) \times h^2$ .

14 Julho 2008 | 14h30 | ISA | Salão Nobre