

# Um estudo teórico-computacional da aplicação da Geometria de Distâncias no problema de conformação proteica

Guilherme Philippi<sup>1</sup>

UFSC, Blumenau, SC

Felipe Fidalgo<sup>2</sup>

MAT/UFSC, Blumenau, SC

A Geometria de Distâncias originou-se dos esforços de Menger (1928), seguido por Blumenthal (1953), na caracterização de vários conceitos geométricos (como congruência e convexidade de conjuntos) em termos de distâncias [5]. Isso permitiu a formulação do *Distance Geometry Problem* (DGP), conhecido como problema fundamental de Geometria de Distâncias. Trata-se de um problema inverso, onde, dado um grafo simples, ponderado positivamente e não direcionado  $G = (V, E, d)$ , e um inteiro  $k > 0$ , deseja-se encontrar uma função  $x : V \rightarrow \mathbb{R}^k$  (dita realização de  $G$  em  $\mathbb{R}^k$ ) tal que  $\forall \{u, v\} \in E, \|x(u) - x(v)\| = d(\{u, v\})$ .

Em particular, é de interesse prático uma restrição desse problema. Trata-se do DGP com  $k = 3$ , chamado de *Molecular Distance Geometry Problem* (MDGP) — carrega o termo *molecular* pois, mesmo que não seja exclusivo para essa aplicação [5], teve sua origem associada as estruturas moleculares. Supondo que o conjunto solução de um MDGP seja não vazio, sabe-se que ele é não enumerável ou finito [2]. A busca pela segunda possibilidade está associada ao conceito de *ordem nos vértices* do grafo  $G$  do MDGP (a procura por essa ordem é caracterizado como *Discretization Vertex Order Problem*, ou, DVOP). Munido de tal ordem, o MDGP pode ser discretizado, gerando o problema principal desse trabalho, como segue formalmente definido [2] [3]:

**Discretizable Molecular Distance Geometry Problem (DMDGP):** Dados um grafo simples, ponderado e não-direcionado  $G = (V, E, d)$ , onde  $d : E \rightarrow \mathbb{R}_+$ , o subconjunto de vértices  $U_0 = \{v_1, v_2, v_3\}$  e uma relação de ordem total  $v_1, \dots, v_{|V|} \in V$ , que satisfaça as propriedades

1.  $U_0$  é um 3-clique em  $G$ ;
2.  $\forall v_i \in V$  tal que  $i > 3$  nessa ordem:
  - $U_i = \{v_i, v_{i-1}, v_{i-2}, v_{i-3}\}$  é um 4-clique em  $G$ ;
  - vale a desigualdade  $d_{i-3, i-1} < d_{i-3, i-2} + d_{i-2, i-1}$ ,

encontre uma realização  $x : V \rightarrow \mathbb{R}^3$  tal que valha,  $\forall \{u, v\} \in E, \|x(u) - x(v)\| = d(\{u, v\})$ .

A ordenação no DMDGP garante, de fato, a finitude do conjunto solução do problema [2]. Além disso, ela organiza o espaço onde devemos fazer a busca por uma solução. Na verdade, a ordem induz uma estrutura de *árvore binária* no espaço de busca [1]. Isto é, a partir do quarto, sempre temos duas possibilidades para a realização de um vértice [3]. Analisando essa estrutura propuseram um algoritmo chamado *Branch-and-Prune* (BP), que consiste em uma estratégia numérica recursiva para resolver o DMDGP eficientemente, utilizando uma busca combinatória no espaço de busca por soluções. Nele, realiza-se vértice por vértice do grafo, seguindo a ordenação

---

<sup>1</sup>guilherme.philippi@hotmail.com

<sup>2</sup>felipe.fidalgo@ufsc.br

definida pelo DMDGP, “podando” (descartando) todo sub-conjunto solução do problema onde uma realização  $x(v)$  não respeita ao menos uma das distâncias  $d(\{u, v\})$  definidas pelo grafo, isto é,  $\|x(u) - x(v)\| \neq d(\{u, v\})$ . Desde que esse algoritmo foi publicado, tem se verificado tanto sua beleza matemática quanto a sua eficiência numérica-computacional para resolver problemas em Geometria de Distâncias [1].

Especificamente, neste trabalho, buscou-se usar a Geometria de Distâncias como modelo na conformação molecular de proteínas (existe uma relação muito forte com a forma geométrica das moléculas e suas funções em organismos vivos [6], donde a importância do tema), em conjunto com a interpretação de dados de *Ressonância Magnética Nuclear* (RMN) — experimentos que tem como resultado distâncias entre alguns átomos próximos na molécula. Esse é um problema inverso, onde possuímos uma série de distâncias e ângulos e queremos descobrir suas posições. Logo, estamos interessados em uma função de realização no espaço  $\mathbb{R}^3$ , descrita pelo MDGP. Mais do que isso, na verdade, estamos interessados em definir uma ordenação nos átomos da molécula (vértices do grafo), obedecendo a definição do DMDGP, de forma a discretizar o problema.

Por sorte, essa ordenação já foi proposta em [4], pelos mesmo grupo que propôs o algoritmo BP. propondo o *hand-crafted vertex order*, conforme esboça a Figura 1 (extraída do texto original).

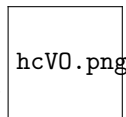


Figura 1: A ordenação hc.

## Agradecimentos

O presente trabalho foi realizado com o apoio do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq – Brasil. Agradeço a Família, ao Felipão e a organização que prorrogou o período de submissão.

## Referências

- [1] Fidalgo, F. Dividindo e conquistando com simetrias em geometria de distâncias. Tese de Doutorado, IMECC/UNICAMP, Campinas - SP, 2015.
- [2] Lavor, C., Maculan, N., Souza, M. and Alves, R. *Álgebra e Geometria no Cálculo de Estrutura Molecular*, 31º Colóquio Brasileiro de Matemática. IMPA, Rio de Janeiro - RJ, 2017.
- [3] Lavor, C., Liberti, L., Maculan, N., and Mucherino, A. The discretizable molecular distance geometry problem, *Computational Optimization and Application*, Springer, volume 52, number 1, pages 115-146, 2012. DOI. 10.1007/s10589-011-9402-6.
- [4] Lavor, C., Liberti, L., Donald, B., Worley, B., Bardiaux, B., Malliavin, T. E. and Nilges, M. Minimal NMR distance information for rigidity of protein graphs, *Discrete Applied Mathematics*, Elsevier, 256:91–104, 2019. DOI:10.1016/j.dam.2018.03.071.
- [5] Liberti, L., Lavor, C., Maculan, N. and Mucherino, A. Euclidean distance geometry and applications, *SIAM REVIEW*, Society for Industrial and Applied Mathematics, volume 56, number 1, pages 3-69, 2014. DOI. 10.1137/120875909.
- [6] Nelson, D. L. and Cox, M. M. *Lehninger principles of biochemistry*, 6th edition. W.H.Freeman and Company, New York, 2012.