

# Raport

## Symulacja transkrypcji i translacji DNA

Jacek Matiolański, Andrzej Koziol, Jan Sito, Łukasz Dębski

February 17, 2017

# 1 Cel projektu

Napisanie programu dekodującego losową nić DNA oraz proste przedstawienie procesów prowadzących do syntezy białek.

# 2 Teoria robocza

Materiał genetyczny w postaci podwójnej helisy kwasu deoksyrybonukleinowego (DNA) podlega procesom transkrypcji i translacji. Transkrypcja polega na przepisywaniu informacji genetycznej z DNA do mRNA, natomiast proces translacji jest procesem tłumaczenia informacji z „języka” kwasów nukleinowych na „język” aminokwasów budujących cząsteczkę peptydu lub białka.

# 3 Metoda

Do napisania programu wykorzystaliśmy funkcyjny język programowania haskell. Zaletą tego języka jest łatwość w działaniu na listach, co było konieczne do komputerowej analizy łańcucha DNA. W programie nie zostały wykorzystane żadne biblioteki zewnętrzne poza standardową biblioteką IO, która była niezbędna do pobrania danych z pliku tekstowego.

# 4 Wnioski

Program jest w stanie wykonać zadanie mu przeznaczone. Dla naszego przykładowego pliku czas działania programu jest wystarczająco mały, jednak dla większej ilości danych powinien być udoskonalony poprzez optymalizację funkcji.

# 5 Kod źródłowy

```
import System.IO

--Pobieranie lancucha DNA z pliku i synteza bialek
main = do
  dna <- readFile "dna.txt"
  putStrLn "\n\nDNA:\n"
  putStrLn dna
  putStrLn "\n\nTranslacja sekwencji DNA na mRNA i grupowanie:\n"
  mrna <- return $ kodony (konw_mRNA (init dna))
  print mrna
  putStrLn "\n\nAntykodony kwasu tRNA:\n"
  trna <- return $ kodony (konw2 (init dna))
  print trna
  putStrLn "\n\nBudowa bialka z odpowiednich aminokwasow:"
  aminokwasys <- return $ concatMap (++ " >> ") (amino2 trna)
  putStrLn aminokwasys

--Grupowanie kodonow (trojki zasad)
kodony [] = []
kodony xs = (take 3 xs) : (kodony (drop 3 xs))

--Konwersja na mRNA
konw_mRNA [] = []
konw_mRNA (x:xs)
  | x == 'a' = 'u':konw_mRNA xs
```

```

| x == 't' = 'a':konw_mRNA xs
| x == 'g' = 'c':konw_mRNA xs
| x == 'c' = 'g':konw_mRNA xs
| otherwise = x:konw_mRNA xs

--Antykodony tRNA
konw2 [] = []
konw2 (x:xs)
  | x == 't' = 'u':konw2 xs
  | otherwise = x:konw2 xs

--Start nowego bialka
amino2 [] = []
amino2 (x:xs)
  | (x == "aug") = "\n\nNowe bialko:\n\nSTART":amino xs
  | otherwise = "NIEZNANY":amino xs

--Zamiana kodonow na aminokwasy tworzace bialko
amino [] = []
amino (x:xs)
  | (x == "aug") = "metionina":amino xs
  | (x == "uua") || (x == "uag") || (x == "uga") = "STOP":amino2 xs
  | (x == "uuu") || (x == "uuc") = "fenyloalanina":amino xs
  | (x == "uua") || (x == "uug") || (x == "cuu") || (x == "cuc") || (x == "cua") || (x == "cug") = "leucyna":amino xs
  | (x == "auu") || (x == "auc") || (x == "aua") = "izoleucyna":amino xs
  | (x == "guu") || (x == "guc") || (x == "gua") || (x == "gug") = "walina":amino xs
  | (x == "ucu") || (x == "ucc") || (x == "uca") || (x == "ucg") || (x == "agu") || (x == "agc") = "seryna":amino xs
  | (x == "ccu") || (x == "ccc") || (x == "cca") || (x == "ccg") = "prolina":amino xs
  | (x == "acu") || (x == "acc") || (x == "aca") || (x == "acg") = "treonina":amino xs
  | (x == "gcu") || (x == "gcc") || (x == "gca") || (x == "gcg") = "alanina":amino xs
  | (x == "uau") || (x == "uac") = "tyrozyna":amino xs
  | (x == "cau") || (x == "cac") = "histydyna":amino xs
  | (x == "caa") || (x == "cag") = "glutamina":amino xs
  | (x == "aau") || (x == "aac") = "asparagina":amino xs
  | (x == "aaa") || (x == "aag") = "lizyna":amino xs
  | (x == "gau") || (x == "gac") = "asparaginian":amino xs
  | (x == "gaa") || (x == "gag") = "glutaminian":amino xs
  | (x == "ugu") || (x == "ugc") = "cysteina":amino xs
  | (x == "ugg") = "tryptofan":amino xs
  | (x == "cgu") || (x == "cgc") || (x == "cga") || (x == "cgg") || (x == "aga") || (x == "agg") = "arginina":amino xs
  | (x == "ggg") || (x == "ggc") || (x == "gga") || (x == "ggg") = "glicyna":amino xs
  | otherwise = "NIEZNANY":amino xs

```