

# Projeto do semestre - ProtKAGG

Um pipeline computacional que o usuário fornece uma sequência de DNA, e o programa retorna o RNA, os códons, analisando o códon de inicial e o códon final para, assim, traduzir os nucleotídeos e retornar os aminoácidos (com o código em letras) e, possivelmente, a proteína que pode ser formada.

O projeto se divide em dois. A primeira parte analisa dados mais básicos e de fácil extração (que exigem menos do processador). Aqui, o usuário fornecerá uma sequência de DNA (que já passou pelo splicing) e o programa retornará:

- RNA
- Códons
- Temperatura de Melting

A segunda parte será mais complexa. O projeto tem o objetivo final de integrar o ProtParam e o AlphaFold. Assim, a partir da sequência fornecida pelo usuário, serão retornadas informações mais complexas:

- Aminoácidos
- Proteínas
- Propriedades Proteicas
  - Peso molecular
  - Ponto isoelétrico
  - Composição de aminoácidos