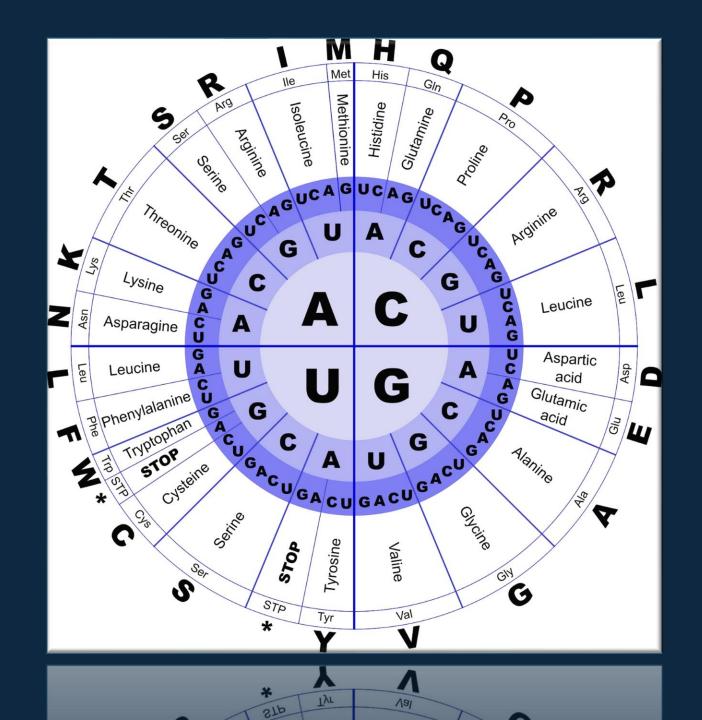
Automa a stati finiti per il riconoscimento delle proteine

Emanuele Galiano Dipartimento di matematica e informatica UNICT

Breve introduzione

L'RNA viene tradotto in proteine quando abbiamo:

- Una sequenza congrua a o in modulo 3
- Terne di amminoacidi fino ad una particolare terna chiamata codone di STOP



Automa a stati finiti

Teoria

Un automa a stati finiti (ASFD) viene matematicamente rappresentato come $A = \langle Q, \Sigma, \delta, q_0, F \rangle$ dove:

- 1. Q è l'insieme degli stati
- 2. Σ è l'alfabeto finito
- 3. $\delta: Q \times \Sigma \rightarrow Q$ funzione di transizione
- 4. q_0 è lo stato iniziale
- 5. Fè l'insieme degli stati finali

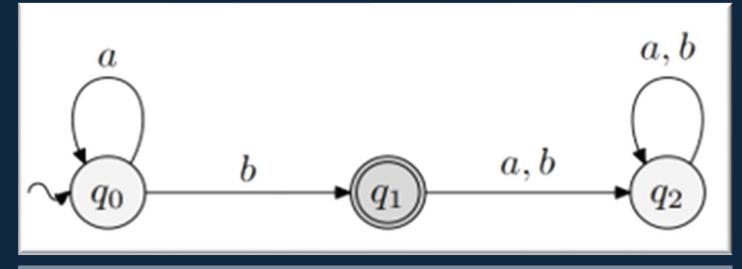
Tabella di transizione

δ	a	b
q_0	q_0	q_1
q_1	q_2	q_2
q_2	q_2	q_2
\overline{q}_2	\overline{q}_2	\overline{q}_2

Grafo dell'automa

Un automa può essere rappresentato anche come un grafo con:

- Vertici che rappresentano gli stati
- Vertici doppiamente segnati che rappresentano gli stati finali
- Archi che rappresentano i caratteri letti dall'automa

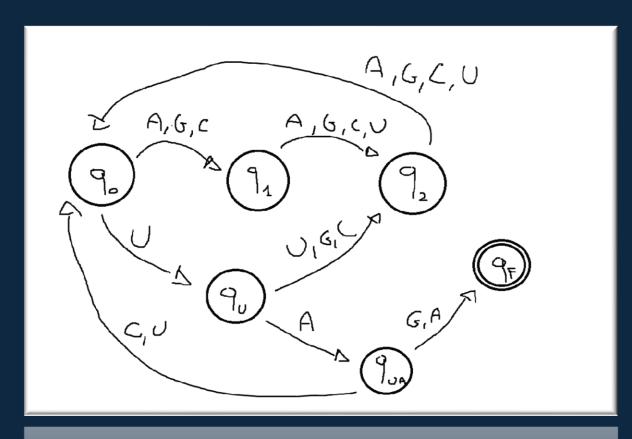




Riconoscimento delle proteine

Per effettuare il riconoscimento delle proteine attraverso un automa si ha:

$$R = \{X * Y : X \in \Sigma^{3n} \setminus Y, n \in \mathbb{N}, 0 \le n \le 2^{30}\}$$
$$Y = \{UAG, UAA, UGA\}$$



In particolare, l'automa ha:

- L'insieme $Q = \{q0, q1, q2, qU, qUA, qF\}$
- $\Sigma = \{A, G, C, U\}$
- $F = \{qF\}$

Piccolo Script in Python

```
recognition.py > 1 translate
      def translate(sequence: str) -> str:
          protein: str = ""
          ammToProt: dict = {"UUU" : "F", "CUU" : "L", "AUU" : "I", "GUU" : "V",
                  "UUC" : "F", "CUC" : "L", "AUC" : "I", "GUC" : "V",
                  "UUA" : "L", "CUA" : "L", "AUA" : "I", "GUA" : "V",
                  "UUG" : "L", "CUG" : "L", "AUG" : "M", "GUG" : "V",
                  "UCU" : "S", "CCU" : "P", "ACU" : "T", "GCU" : "A",
                  "UCC" : "S", "CCC" : "P", "ACC" : "T", "GCC" : "A",
                  "UCA" : "S", "CCA" : "P", "ACA" : "T", "GCA" : "A",
                  "UCG" : "S", "CCG" : "P", "ACG" : "T", "GCG" : "A",
                  "UAU" : "Y", "CAU" : "H", "AAU" : "N", "GAU" : "D",
                  "UAC" : "Y", "CAC" : "H", "AAC" : "N", "GAC" : "D",
                  "UAA" : "STOP", "CAA" : "Q", "AAA" : "K", "GAA" : "E",
                  "UAG" : "STOP", "CAG" : "Q", "AAG" : "K", "GAG" : "E",
                  "UGU" : "C", "CGU" : "R", "AGU" : "S", "GGU" : "G",
                  "UGC" : "C", "CGC" : "R", "AGC" : "S", "GGC" : "G",
                  "UGA" : "STOP", "CGA" : "R", "AGA" : "R", "GGA" : "G",
                  "UGG" : "W", "CGG" : "R", "AGG" : "R", "GGG" : "G"
          foundCodonStop: bool = False
          i: int = 0
          while(not foundCodonStop):
              if ammToProt[sequence[i:i+3]] == "STOP":
                  foundCodonStop = True
                  protein += ammToProt[sequence[i:i+3]]
                  i += 3
          return protein
```

```
30
31 return protein
32
```