



# Bacharelado em Ciência da Computação

## Processo de Replicação do DNA

*Programação de Alto Desempenho*

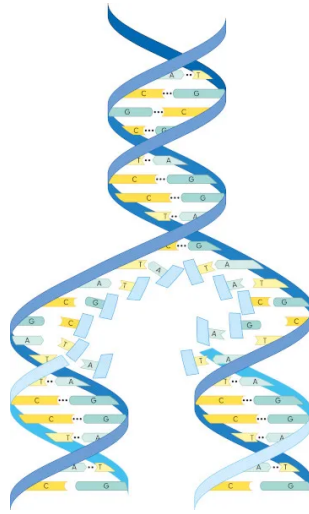
Professor: *Rodrigo Curvêllo* - *rodrigo.curvello@ifc.edu.br*

2 de abril de 2024

## 1 Processo de Replicação do DNA

A replicação do DNA é o processo de duplicação da molécula de DNA. Nele ocorre a separação das duas cadeias de nucleotídeos e a formação de cadeias complementares. A replicação ocorre antes da divisão celular, durante a interfase.

O processo de replicação inicia-se com a separação das duas fitas que formam a molécula de DNA. Em seguida, ocorre a ligação dos nucleotídeos livres no núcleo a um nucleotídeo correspondente em uma das fitas. Tem-se agora duas moléculas de DNA, constituídas por uma fita antiga, pertencente à molécula original, e uma fita nova. Esse processo é considerado, assim, semiconservativo.

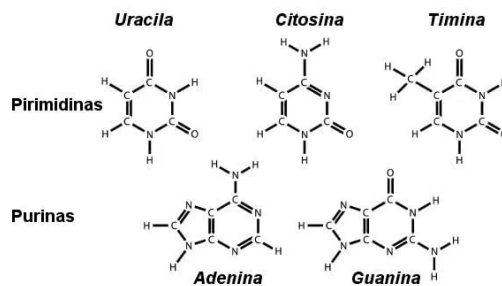


## 2 Composição do DNA

O DNA é composto por nucleotídeos, os quais são compostos por três partes:

1. Um carboidrato de cinco carbonos (pentose)
2. Uma base nitrogenada
3. Um ou mais grupos fosfato

No que diz respeito ao açúcar presente no DNA, é verificada a presença de uma desoxirribose. A desoxirribose é uma pentose que se diferencia da ribose por possuir uma hidroxila a menos que esse último açúcar.

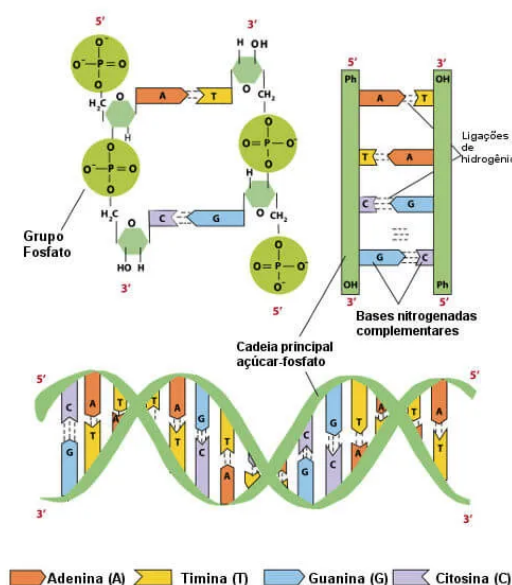


## 3 Estrutura do DNA

O DNA é formado por duas cadeias de polinucleotídeos (fita), que são constituídas por vários nucleotídeos. Os nucleotídeos são unidos uns aos outros

por ligações denominadas fosfodiéster (grupo fosfato ligando dois açúcares de dois nucleotídeos). Nessas ligações, um grupo fosfato conecta o carbono 3' de um açúcar ao carbono 5' do próximo açúcar.

Essa junção dos nucleotídeos forma um padrão típico de repetição de unidade de açúcar-fosfato, que forma a cadeia principal. A essa cadeia principal estão ligadas as bases nitrogenadas.



Ao observar as extremidades livres de uma cadeia de polinucleotídicos, é perceptível que, de um lado, temos um grupo fosfato ligado ao carbono 5' e, de outro, temos um grupo hidroxila ligado ao carbono 3'. Desse modo, temos duas extremidades em cada cadeia: a extremidade 5' e a extremidade 3'.

As duas cadeias de polinucleotídios do DNA formam uma dupla-hélice. As cadeias principais estão localizadas na porção externa da hélice, já no interior são observadas as bases nitrogenadas que estão unidas por ligações de hidrogênio. As cadeias principais apresentam as direções 5' → 3' opostas, ou seja, uma cadeia está no sentido 5' → 3', e a outra, no sentido 3' → 5'. Em razão dessa característica, dizemos que as fitas são antiparalelas.

A união entre as bases nitrogenadas é que faz com que as duas cadeias fiquem unidas. Vale destacar que o pareamento ocorre entre bases complementares, sendo observada sempre a união de uma base pirimidina com uma base purina. O pareamento entre as bases só acontece das seguintes formas:

- Adenina é pareada apenas com timina;
- Guanina é pareada sempre com citosina.

Como as bases são combinadas de maneira específica, podemos concluir que, na dupla-hélice, uma cadeia sempre será complementar à outra. Sendo assim, se uma cadeia apresentar a sequência de bases 5'-ACCGTCCA-3', teremos como cadeia complementar a sequência 3'-TGGCAGGT- 5'. Podemos concluir, portanto, que a quantidade de A é a mesma de T e a quantidade de G é a mesma que C.

*O modelo descrito acima para a molécula de DNA é a estrutura proposta por **Watson e Crick**, no ano de 1953. O modelo por eles proposto pode ser comparado a uma escada em caracol, em que as bases nitrogenadas formariam os degraus, e as cadeias de açúcar e fosfato formariam os corrimãos.*

## 4 Aplicação

Cada arquivo .txt contido no arquivosDNA.zip tem várias entradas, cada linha sendo uma fita complementar. Você deve gerar um novo arquivo com a fita complementar correspondente, informando no console ao final do processo as seguintes informações:

1. Total de fitas do arquivo original;
2. Número de fitas válidas;
3. Número de fitas inválidas.
4. Listar as Fitas inválidas, informar qual o número da fita, cada linha do arquivo é uma fita, contagem deve iniciar em 1;

As fitas inválidas devem gerar no novo arquivo uma linha na mesma posição da fita inválida com o texto iniciado por "\*\*\*\*FITA INVALIDA - "e a fita original.

## 5 Modelo de Saída

Abaixo estão representados os modelos de saída que você deve seguir na sua aplicação.

## 5.1 Console

```
0 Total de fitas é 50000
0 Total de fitas validas é 49990
0 Total de fitas invalidas é 10
as Linhas invalidas são [3, 24144, 24297, 24394, 34017, 39372, 39526, 39730, 39935, 50000]
```

## 5.2 Arquivo

```
CAGTTGCCTTTAGGTAATTTAGCGGTGTGATTGAACATACGCGCTTCGCGT...
CGCTATTACTGTAATCGACAGGGAGAGATCAAAGCGGGGGAGACGATAAGG...
***FITA INVALIDA - CGAACCAATTGAGCCGCGCTAATGGACGAGGGTTA...
ACGCACGGTATAGATCGCGTAGCACTAATCTACGAACAATGTTTCCTGTGA...
...
```

## 6 Referências

- <https://brasilecola.uol.com.br/biologia/dna.htm>
- <https://www.todamateria.com.br/replicacao-do-dna/>
- <https://www.biologianet.com/genetica/replicacao-do-dna.htm>

<sup>1</sup> Documento elaborado com  $\text{\LaTeX}$

---

<sup>1</sup><https://www.latex-project.org>