

Вердикт: WrongAnswer  

Контеcт: [72731: Финал агротех 10](#)

Участник: [Мария Куприкова](#)  

Задача: [1. Задание 1. "Труба, труба, ещё труба..." \(10 баллов\)](#)  

Баллы: 0 

Компилятор: No compiler  

IP пользователя: 85.143.3.38

GlobalID: 10000067-5ecd-f612-0095-603df13533d0

[Тесты](#) [Логи](#) [Исходный код](#)

  0xFF

9,6

Вердикт: WrongAnswer   

Контекст: [72731: Финал агротех 10](#)

Участник: Мария Куприкова  

Задача: [2. Задание 2. "Нанотехнологично, математично и вполне агротехнично" \(10 баллов\)](#)  

Баллы: 0 

Компилятор: No compiler  

IP пользователя: 85.143.3.38

GlobalID: 10000067-5ecb-a446-1e48-ba1d6f044991

[Тесты](#) [Логи](#) [Исходный код](#)

  0xFF

139628860198736572265625

Вердикт: WrongAnswer   

Контекст: [72731: Финал агротех 10](#)

Участник: **Мария Куприкова**  

Задача: [3. Задание 3. "На СТЫКЕ наук" \(15 баллов\)](#)  

Баллы: 0 

Компилятор: No compiler  

IP пользователя: 85.143.3.38

GlobalID: 10000067-5ee7-3ff1-528e-33668926930f

[Тесты](#) [Логи](#) [Исходный код](#)

  0xFF

83

Вердикт: OK   

Контеcт: [72731: Финал агротех 10](#)

Участник: **Мария Куприкова**  

Задача: [4. Задание 4. "Никаких труб" \(15 баллов\)](#)  

Баллы: 15 

Компилятор: `No compiler`  

IP пользователя: 85.143.3.38

GlobalID: 10000067-5ee6-76b9-8477-222988ad4824

[Тесты](#) [Логи](#) [Исходный код](#)

  0xFF

8

Вердикт: OK   

Контеcт: [72731: Финал агротех 10](#)

Участник: [Мария Куприкова](#)  

Задача: [5. Задание 5. "Математик и антидот" \(5 баллов\)](#)  

Баллы: 5 

Компилятор: No compiler  

IP пользователя: 85.143.3.38

GlobalID: 10000067-5ed4-48b5-7433-dbae9791b212

[Тесты](#) [Логи](#) [Исходный код](#)

  0xFF

4

Вердикт: RuntimeError  

Контекст: [72731: Финал агротех 10](#)

Участник: [Мария Куприкова](#)  

Задача: [9. Задание 9. "Грядка" \(15 баллов\)](#)  

Баллы: 0 

Компилятор: Python 3.12.3  

IP пользователя: 85.143.3.38

GlobalID: 10000067-5ee5-ed21-8b83-643c6e28805b

[Тесты](#) [Логи](#) [Исходный код](#)

  0xFF

```
n = int(input())
k = int(input())
b = 0

for k in range(1, n+1):
    if k!=1: b+1 and n-1

print(b)
```

Практикум филогенетика (Куприкова М.В.)

Задача 1. Ортологи гена GPX4 у приматов: Используя транскрипт с идентификатором NM_001367832.1 гена GPX4, выполните поиск при помощи алгоритма blastn по базе данных refseq_rna. Выполните поиск в таксоне приматы (taxid:9443), исключив при этом человека (taxid:9606). В поле максимальное количество целевых последовательностей выберите 100. За совпадение нуклеотидов +2 очка, за несовпадение -3. За открытие гэпа штраф -5, за расширение -2. Выберите один правильный ответ из представленных ниже вариантов:

1. Больше всего ортологов из приведенных в скобках видов нашлось для: Theropithecus gelada/ **Pongo abelii**/Macaca mulatta/ Callithrix jacchus/ Eulemur rufifrons.

2. Идентификатор последовательности с наименьшим E-value: XM_045543509.1 / **XR_004739137.2** / NM_001364734.2 / AB121010.1 / XM_050771091.1

3. Идентификатор последовательности, имеющей наибольший процент идентичных нуклеотидов: **NM_001364734.2** / AB121010.1 / XM_014342393.4 / XM_054466108.2 / NM_001118889.2

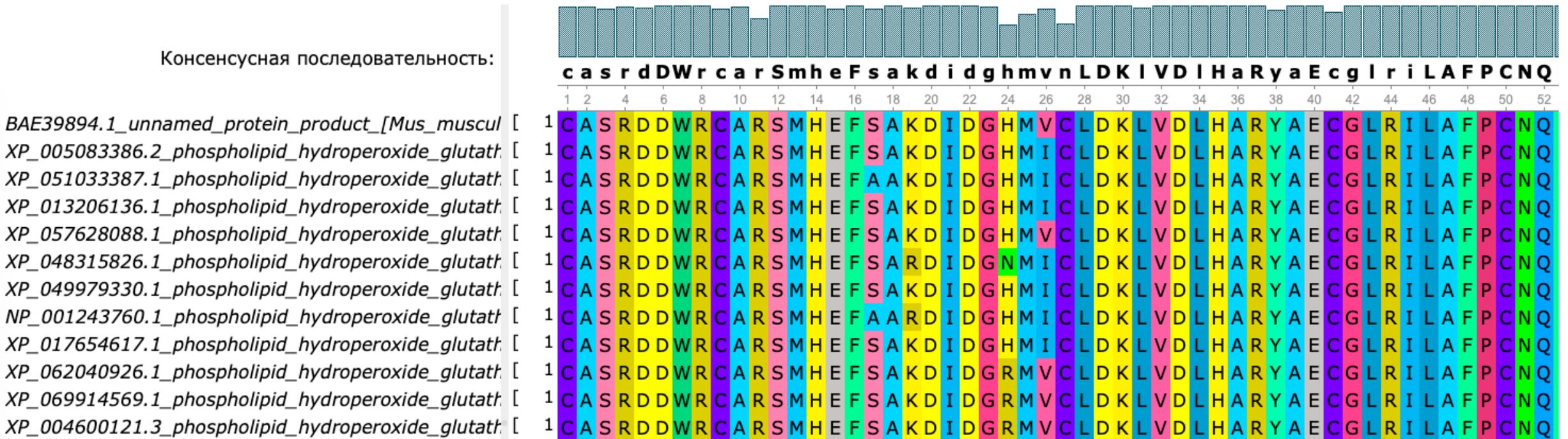
4. Эта последовательность, имеющая наибольший процент идентичных нуклеотидов, относится к виду: Pongo pygmaeus / Pan paniscus / Macaca mulatta / **Pan troglodytes** / Cercocebus atys.

Задача 3. Подготовка полученного выравнивания к филогенетическому анализу.

Перед тем как построить филогенетическое дерево, необходимо удалить гэпы из полученного выравнивания (т. е. неконсервативные области выравнивания). Для этого необходимо открыть файл “sequences-psi-aligned-copy.fasta”. В нём удалены селеноцистеины относительно исходного множественного выравнивания. Удалить гэпы можно вручную, открыв множественное выравнивание в MEGA или UGENE. Однако, предлагаю воспользоваться сервисом Gblocks 0.91b (http://phylogeny.lirmm.fr/phylo_cgi/one_task.cgi?task_type=gblocks).

Перейдите на сайт Gblocks, нажмите на “Upload your alignment” и выберите файл - “sequences-psi-aligned.fasta”. Не ставьте никаких галочек в полях ниже. Нажмите “Submit”. Скачайте консервативное выравнивание в .FASTA формате, нажав на “Cured alignment in FASTA Format”, затем на открывшейся вкладке CTRL + A (выделить все), CTRL + C (копировать), откройте блокнот и вставьте туда полученное выравнивание (CTRL + C). Сохраните этот файл назвав его “sequences-nogaps.fasta”. Отправьте полученный вами файл на проверку и сделайте скриншот части выравнивания без гэпов.

Консенсусная последовательность:





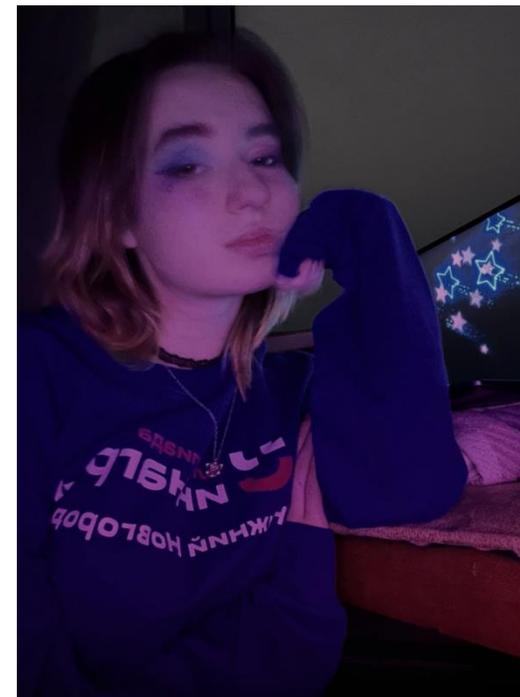
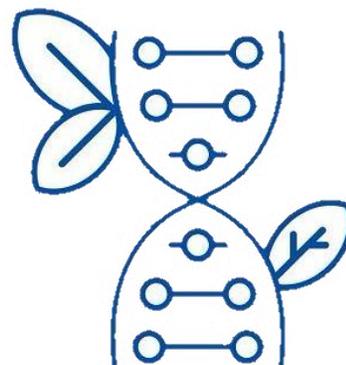
Зеленые инновации

10-й класс
Команда Ц10-210
Кейс №Ц10-1

Разработка алгоритмов

Для сравнения характеристик геномных последовательностей

Зеленые инновации

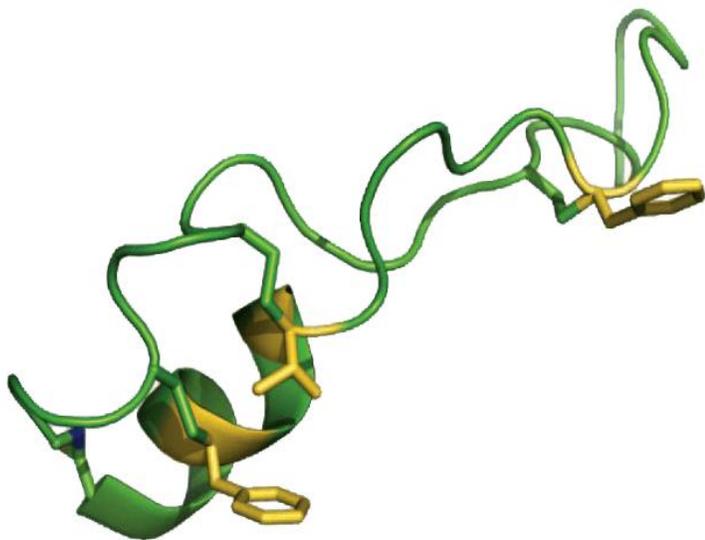


Кравцова Анна
Степановна

Куприкова Мария
Викторовна

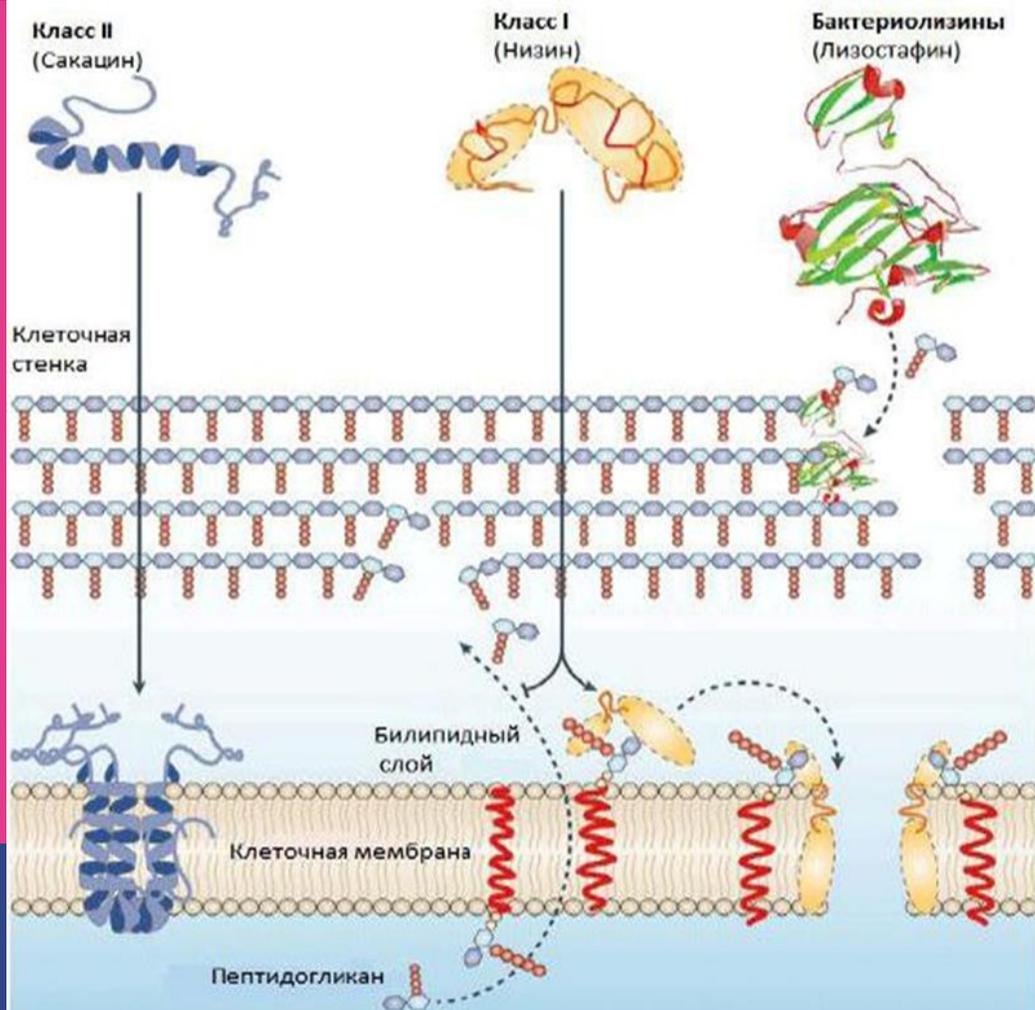


Бобровских Александр Владимирович
наш наставник



Структура
бактериоцина

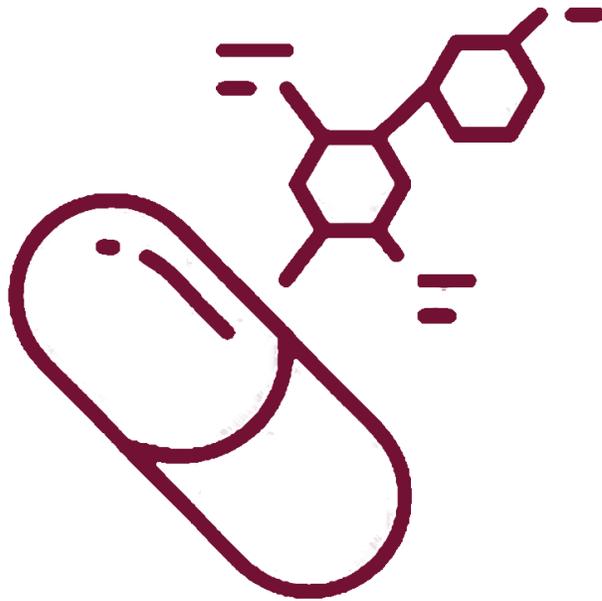
Бактериоцины — специфические белки, вырабатываемые некоторыми бактериями и подавляющие жизнедеятельность клеток других штаммов того же вида или родственных видов бактерий.



В настоящее время бактериоцины активнее всего рассматриваются как аналоги антибиотикам из-за ряда преимуществ.



Биологическая проблематика

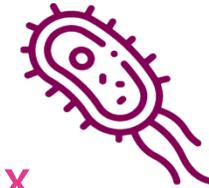


Необходимость в разработке новых методов лечения.

Потребность в разработке новых антимикробных препаратов и расширение их спектра деятельности.

Нужда в снижении токсичности антимикробных препаратов.

Спрос производств на новые методы консервации и консерванты.



В рамках первого задания

- ✦ Цель задания: написать программу, которая выдаст все возможные подпоследовательности олигопептидов длиной 4 аминокислоты из данного белка, которые содержат как минимум одну положительно заряженную аминокислоту (K, R, H)
- ✦ Используемые библиотеки: `time`

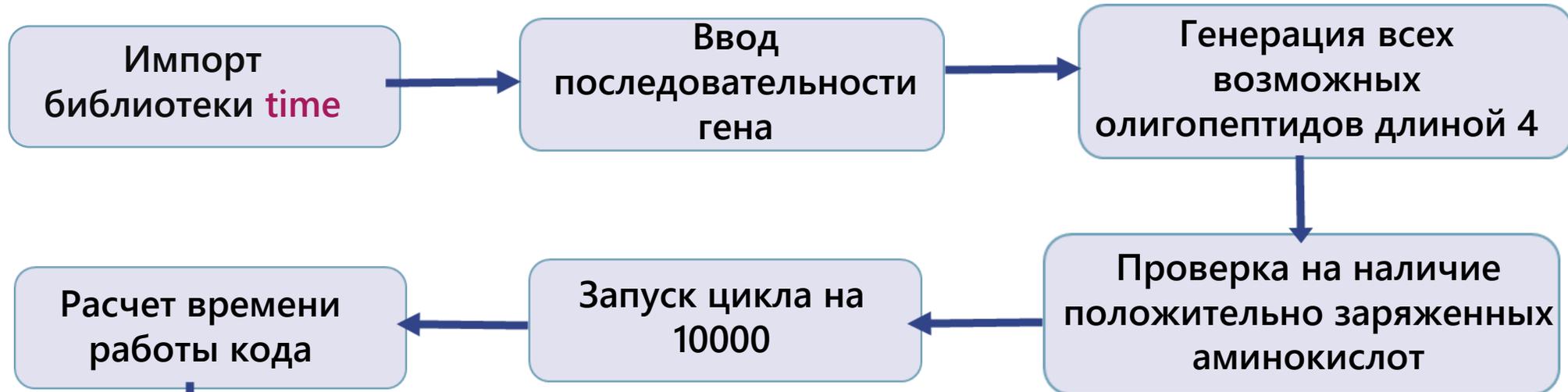


Для просмотра заданий можете отсканировать Qr-код



Задание 1

В рамках первого задания



Количество найденных олигопептидов: 20000
Общее время исполнения: 0.4127 секунд

2 В рамках второго задания

Задание

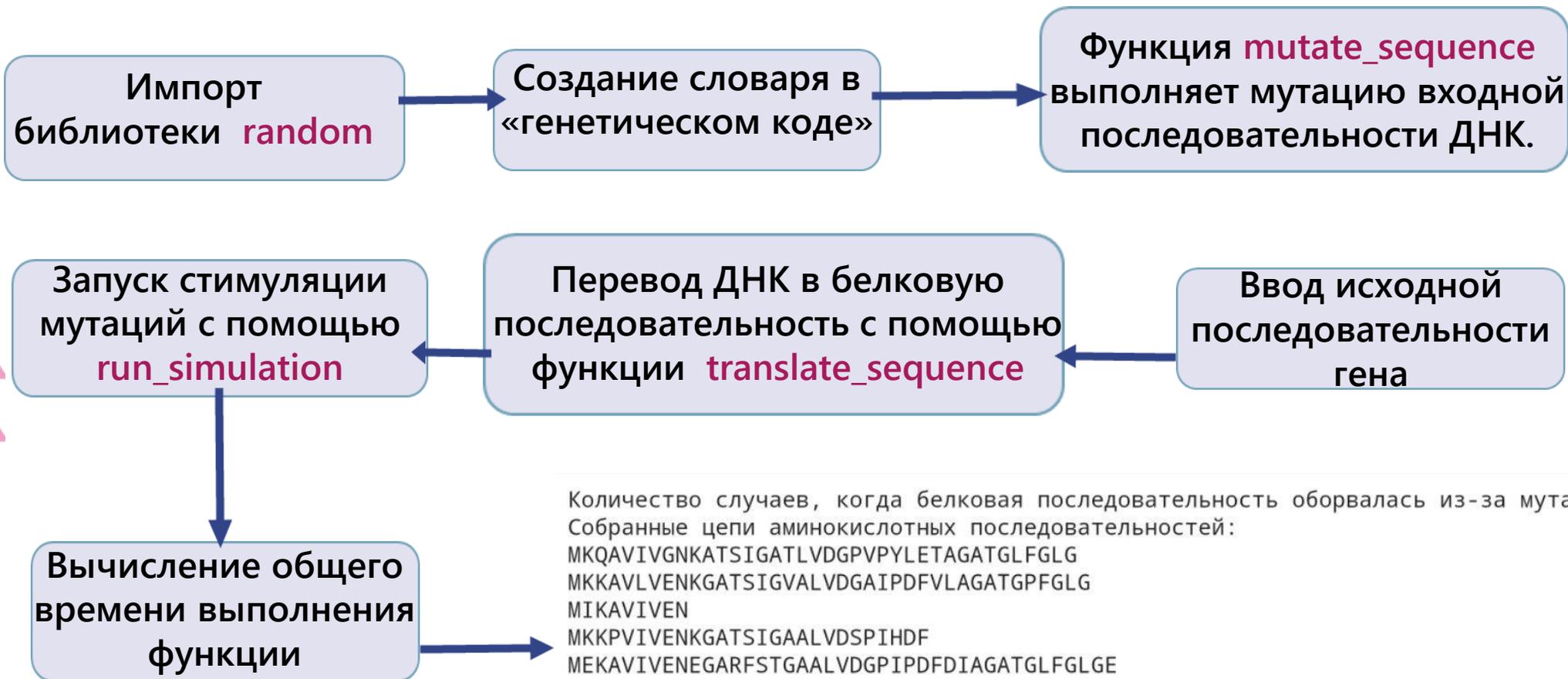
Цель задания: написать программу которая переведет последовательность гена в последовательность соответствующего белка, используя для перевода таблицу генетического кода, данную в кейсе.

Используемые библиотеки: random

TTT	F Phe	TCT	S Ser	TAT	Y Tyr	TGT	C Cys
TTC	F Phe	TCC	S Ser	TAC	Y Tyr	TGC	C Cys
TTA	L Leu	TCA	S Ser	TAA	* Стоп	TGA	* Стоп
TTG	L Leu	TCG	S Ser	TAG	* Стоп	TGG	W Trp
CTT	L Leu	CCT	P Pro	CAT	H His	CGT	R Arg
CTC	L Leu	CCC	P Pro	CAC	H His	CGC	R Arg
CTA	L Leu	CCA	P Pro	CAA	Q Gln	CGA	R Arg
CTG	L Leu	CCG	P Pro	CAG	Q Gln	CGG	R Arg
ATT	I Ile	ACT	T Thr	AAT	N Asn	AGT	S Ser
ATC	I Ile	ACC	T Thr	AAC	N Asn	AGC	S Ser
ATA	I Ile	ACA	T Thr	AAA	K Lys	AGA	R Arg
ATG	M Met i	ACG	T Thr	AAG	K Lys	AGG	R Arg
GTT	V Val	GCT	A Ala	GAT	D Asp	GGT	G Gly
GTC	V Val	GCC	A Ala	GAC	D Asp	GGC	G Gly
GTA	V Val	GCA	A Ala	GAA	E Glu	GGA	G Gly
GTG	V Val	GCG	A Ala	GAG	E Glu	GGG	G Gly

2 В рамках второго задания

Задание



Количество случаев, когда белковая последовательность оборвалась из-за мутации: 1000

Собранные цепи аминокислотных последовательностей:

```

MKQAVIVGNKATSIGATLVDGPVPYLETAGATGLFGLG
MKKAVLVENKGATSIGVALVDGAIPDFVLAGATGPFGLG
MIKAVIVEN
MKKPVIVENKGATSIGAAALVDSPIHDF
MEKAVIVENEGARFSTGAALVDGPIPDPDIAGATGLFGLGE
MKKAVNVENKGATSSIGAPVVDARIADFEIAGATSLFGLG
IKKAVILENKGATPIGTALVDGPIPDLEIAGATGLFTIG
MKKSVIVENKGSATSI
MKKTIVIVENKATSIGAAALVDGPIPDLEIAGATGLFGLG
  
```

3 В рамках третьего задания

Задание

Цель задания: написать программу, которая прочитает последовательности с ближайшими гомологами штаммов рода *Vacillus*, и выведет их консенсус-последовательность, определяя её как такую, в которой определенная аминокислота в позиции представлена минимум в 60% случаев.

Используемые библиотеки:

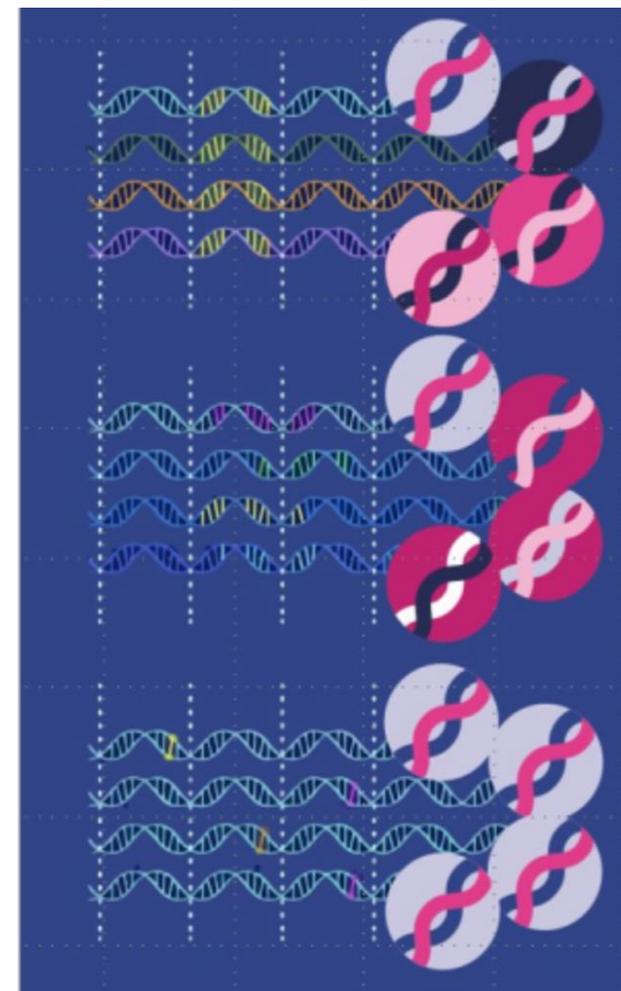
1) Biopython

из нее мы используем модули:

- AlignIO: для ввода и вывода выравниваний последовательностей.

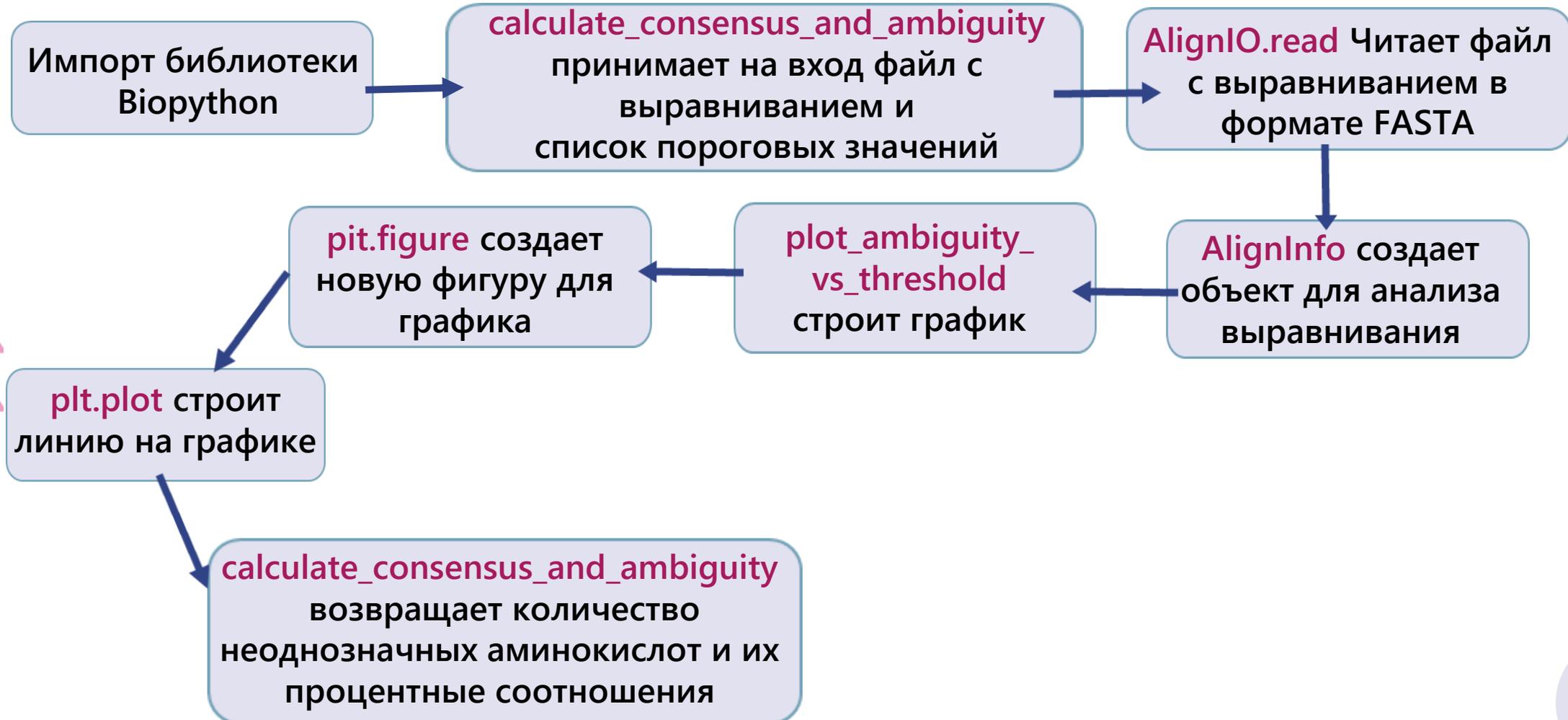
- AlignInfo: для анализа информации о выравнивании, включая расчеты консенсуса.

2) matplotlib



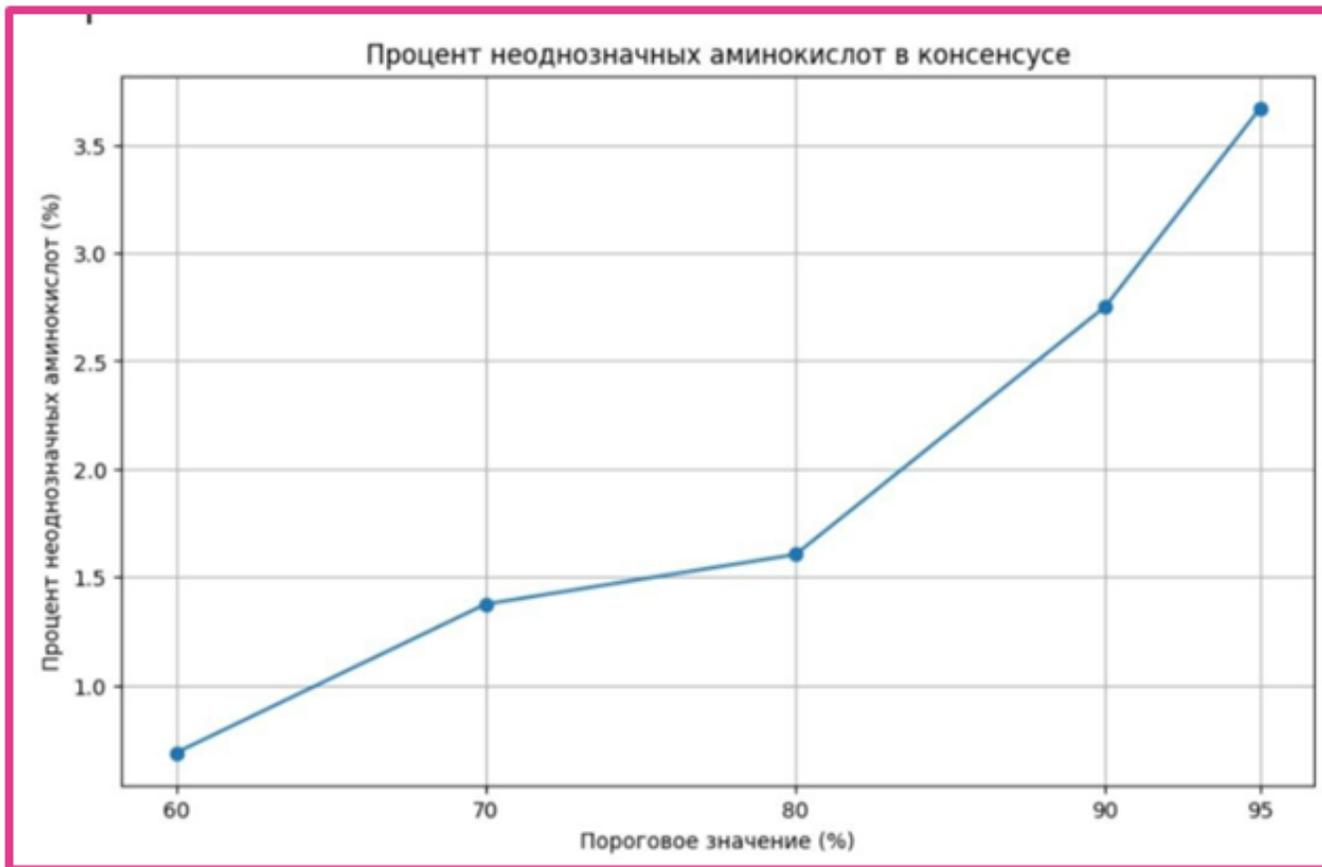
3 В рамках третьего задания

Задание



3 В рамках третьего задания

Задание

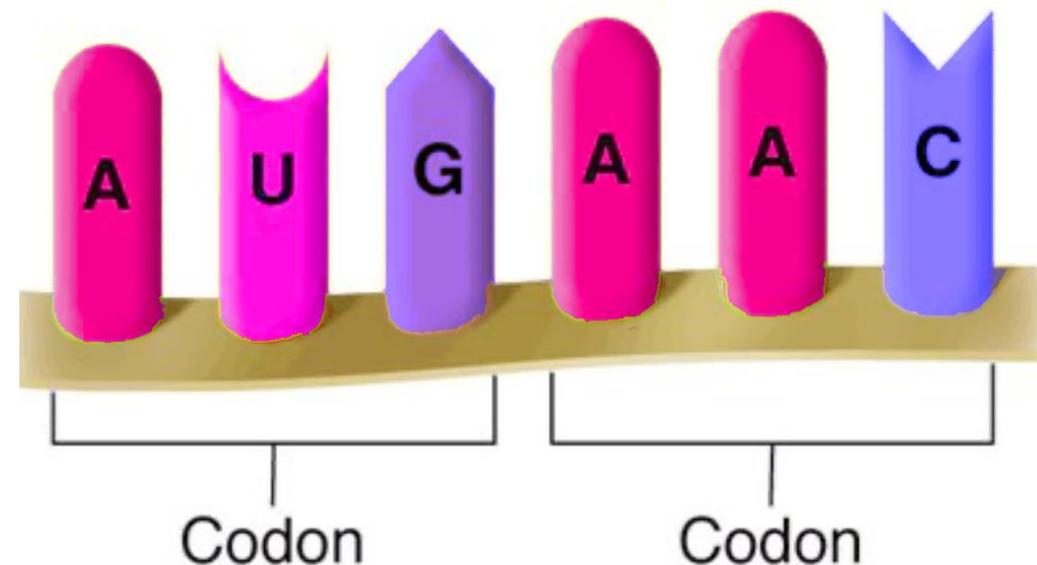


- ✖ Визуальное определение оптимального порогового значения для построения консенсусной последовательности.
- ✖ Оценка качества выравнивания.
- ✖ Фильтрация неоднозначных позиций и выбор подмножества последовательностей с меньшей вариабельностью.

4 В рамках четвертого задания

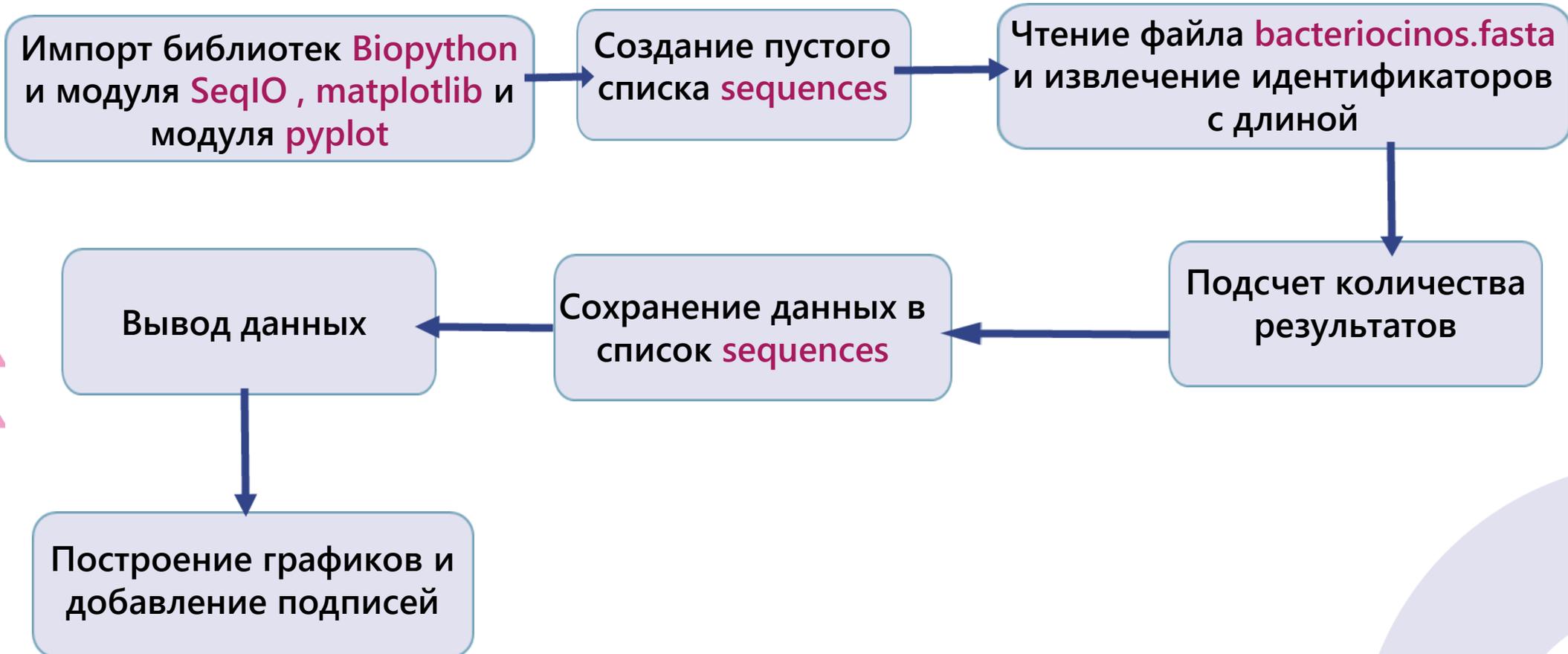
Задание 4

- ❖ Цель задания: создать программу, которая обрабатывает файл, извлекает информацию об аминокислотных последовательностях и визуализирует количество положительно заряженных аминокислот в виде графика, подписывая точки согласно идентификаторам.
- ❖ **Использованные библиотеки:**
 - 1) Biopython модуль SeqIO
 - 2) matplotlib модуль pyplot



4 В рамках четвертого задания

Задание



4 В рамках четвертого задания

Задание 4

WP_121623694.1	Длина: 113	Положительно заряженные: 10
WP_014017782.1	Длина: 112	Положительно заряженные: 14
WP_121574159.1	Длина: 99	Положительно заряженные: 5
WP_138463473.1	Длина: 165	Положительно заряженные: 21
WP_122646842.1	Длина: 101	Положительно заряженные: 19



- ✖ Визуальная оценка существования корреляции между длиной бактериоцина и количеством положительно заряженных аминокислот.
- ✖ Выявление выбросов.
- ✖ Сравнение бактериоцинов.

В рамках пятого задания

Задача первого кода пятого задания: разработать программу для анализа выборки таксонов и выявления трех наиболее распространенных с расчетом их процентного состава и визуализацией круговой диаграммой.

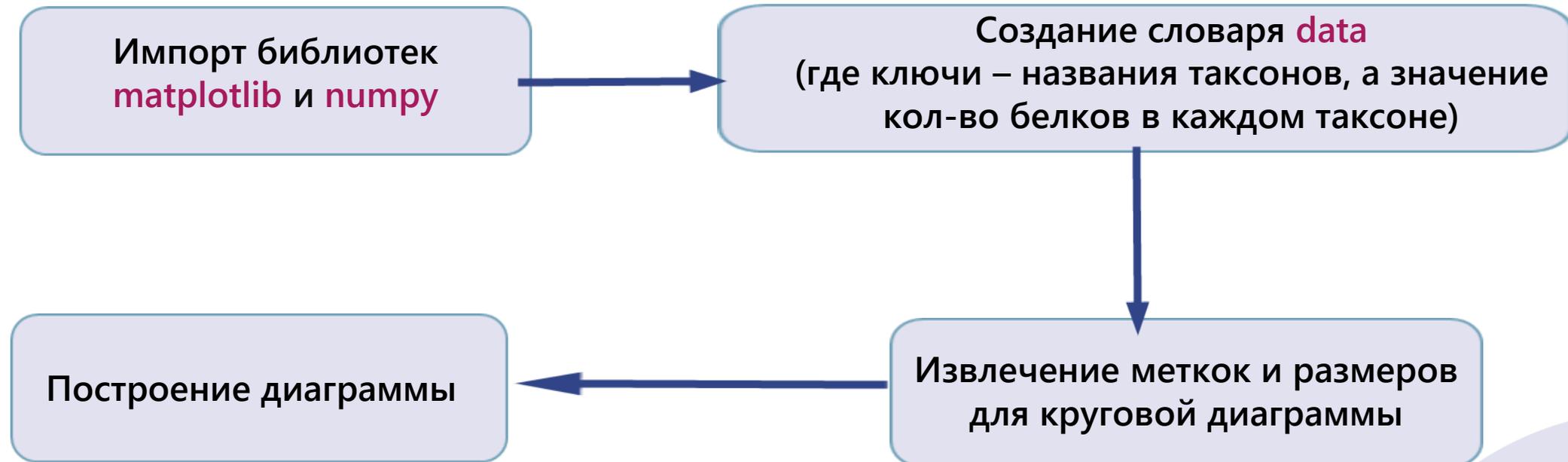
Использованные библиотеки для первого задания:

- 1) matplotlib
- 2) numpy

```
data = {  
    "root": 84,  
    "Gammaproteobacteria": 79,  
    "Enterobacteriales": 69,  
    "Pectobacteriaceae": 31,  
    "Brenneria": 3,  
    "Pectobacterium": 21,  
    "unclassified Pectobacterium": 5,  
    "Pectobacterium carotovorum": 2,  
    "Dickeya": 7,  
    "Enterobacteriaceae": 28,  
    "Escherichia": 10,  
    "Escherichia coli": 10,  
    "Escherichia coli O157:H7": 2,  
    "Salmonella": 16,  
    "Salmonella enterica": 16,  
    "Salmonella enterica subsp. enterica": 15,  
    "Yersiniaceae": 9,  
    "Yersinia": 5,  
    "Yersinia frederiksenii": 2,  
    "Serratia": 4,  
    "Aeromonas": 9,  
    "Traversvirus": 5,  
    "Traversvirus P27": 3,  
}
```

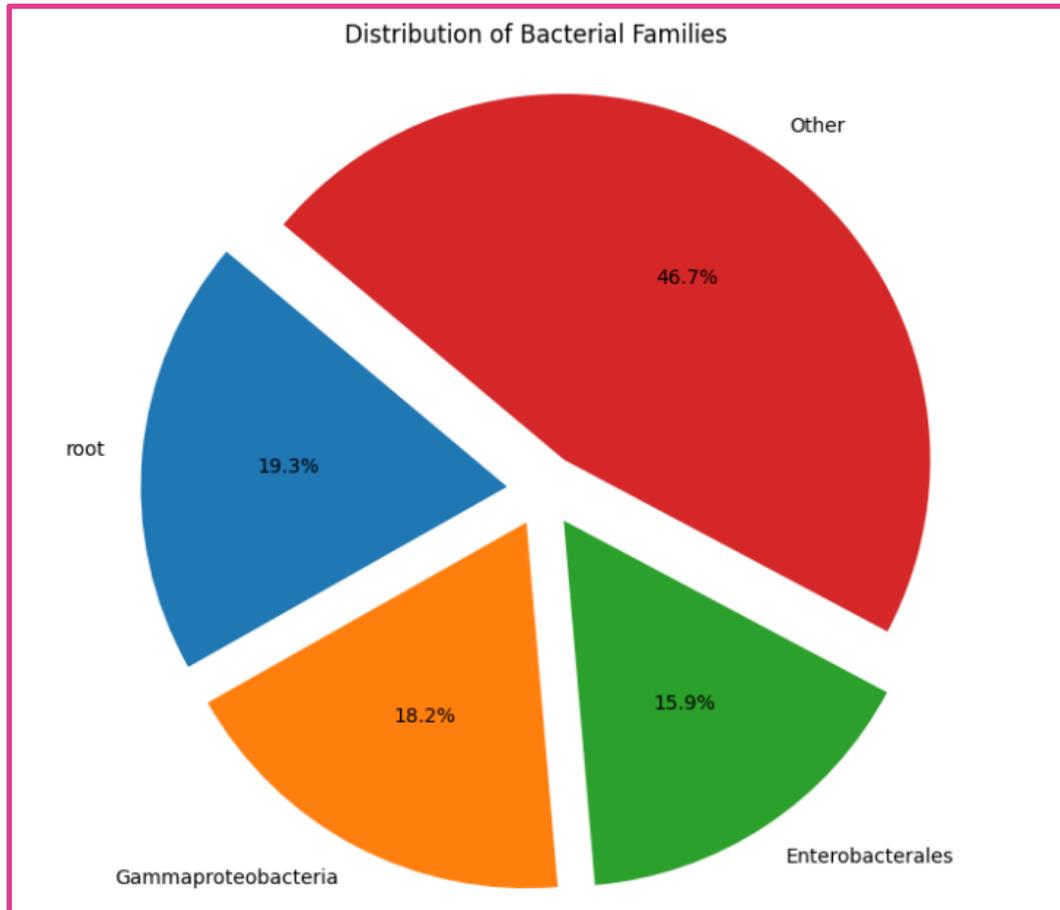
5
Задание

В рамках пятого задания



Задание 5

В рамках пятого задания



- ✖ Наглядная демонстрация пропорций различных групп бактерий.
- ✖ Быстрая оценка распределения.
- ✖ Выявление доминирующих таксонов.
- ✖ Сравнение таксономического состава.

В рамках пятого задания

Задача второго кода пятого задания:
написать программу, которая
анализируя FASTA файл рассчитывает
частоту встречаемости всех
аминокислот и выводит доли пяти
самых распространенных.

Использованные
библиотеки для второго
задания:
1) Biopython модуль SeqIO
2) matplotlib модуль pyplot



```
# посчёт частоты встречаемости аминокислот
def amino_acid_frequency(fasta_file):
    amino_acids = set(amino_acid_names.keys())
    counter = Counter()

    # чтение fasta файла
    with open(fasta_file, "r") as fasta_file:
        for record in SeqIO.parse(fasta_file, "fasta"):
            counter.update(str(record.seq))
```

5
Задание

В рамках пятого задания

Импорт библиотек `Biopython` и модуля `SeqIO`, `collections` и модуля `Counter`

Чтение и анализ последовательностей из файла FASTA

Цикл для подсчёта аминокислот проходит и обновляет счетчик аминокислот с помощью `.update()`.

Метод `.most_common(5)` возвращает пять наиболее частых аминокислот и их количество

`total_amino_acids` вычисляет общее количество аминокислот

Вывод результатов

```
⇒ Частота аминокислот:  
Аланин (A): 13%  
Глицин (G): 12%  
Лизин (K): 8%  
Валин (V): 8%  
Лейцин (L): 7%
```



Исследовательская часть

tree.pdf



Итоги практической части:

- Улучшили навыки владения BLASTP и работу с файлами формата FASTA
- Повысили осведомлённость в способах выравнивания файлов
- Научились работать в MEGA и строить филогенетические деревья



XP_053767937.1 phospholipid hydroperoxide glutathione peroxidase Desmodus rotu
XP_045687113.1 phospholipid hydroperoxide glutathione peroxidase isoform X3 Ph
phospholipid hydroperoxide glutathione peroxidase mi
XP_036097538.1 phospholipid hydroperoxide glutathione peroxidase Molossus molo
XP_045687112.1 phospholipid hydroperoxide glutathione peroxidase isoform X2 Ph
XP_054441286.1 phospholipid hydroperoxide glutathione peroxidase GPX4 Pteronot
XP_028377007.1 phospholipid hydroperoxide glutathione peroxidase isoform X2 St
XP_036898229.1 phospholipid hydroperoxide glutathione peroxidase isoform X
phospholipid hydroperoxide glutathione peroxidase GPX4 isoform X
phospholipid hydroperoxide glutathione peroxidase GPX4 isoform X
phospholipid hydroperoxide glutathione peroxidase isoform X2 Ep
phospholipid hydroperoxide glutathione peroxidase isoform X1 Ep

- Разработанные нами алгоритмы позволяют предсказать функции белков, открывая пути для разработки новых, узконаправленных лекарств и консервантов, которые способны улучшить качество продуктов, а также найти новые методы анализа генома, которые могут поспособствовать лечению генетических заболеваний.



Для того, чтобы
посмотреть коды и
подробное решение
задач вы можете
перейти по Qr-коду





Используемые интернет-ресурсы:

- 1)  **biomolecula.ru** : <https://biomolecula.ru/articles/mikrobiologicheskie-voiny-chem-bakterii-voiuut-drug-s-drugom>
- 2)  **propionix.ru** <https://propionix.ru/bakteriotsiny?ysclid=m3qbhbq63i795506221>
- 3)  **stm-journal.ru** <https://www.stm-journal.ru/ru/numbers/2019/3/1569/html>
- 4)  **biochemistrymoscow.com** <https://biochemistrymoscow.com/f/2022/2022-11-1720-2mfdm1k.pdf>
- 5)  **ecoanaliz.ru** <https://www.ecoanaliz.ru/bakteriocid-baktericid-bakteriofag/>
- 6)  **studopedia.ru** https://studopedia.ru/14_82659_bakteriotsini.html
- 7)  **stm-journal.ru** <https://www.stm-journal.ru/ru/numbers/2019/3/1569/html>

Резервные интернет-ресурсы (были изучены, но не были включены в проект):

1) <http://neftpx.ru>

<https://neftpx.ru/prodtech/bakteritsidy/>

2) elementy.ru

<https://elementy.ru/>

3) cyberleninka.ru

<https://cyberleninka.ru/article/n/...>

4) infopedia.su

<https://infopedia.su/18x17da8.html>

