Посылка ID 129992277

14:16, 15 декабря 2024

Перетестировать Скачать

Вердикт:	OK
Контест:	72730: Финал агротех 9
Участник:	makarova.do
Задача:	1. Задание 1. "Фермер и плесень" (10 баллов)
Баллы:	10
Компилятор:	No compiler
IP пользователя:	85.143.3.38
GlobalID:	10000067-5eba-990a-a7ec-c9023b838224

Тесты Логи Исходный код

¶ 0xFF

```
-2
```

Посылка ID 129993145

14:25, 15 декабря 2024

Перетестировать Скачать

Вердикт:	OK
Контест:	72730: Финал агротех 9
Участник:	makarova.do
Задача:	2. Задание 2. "Нанотехнологии покоряют мир" (5 баллов)
Баллы:	5
Компилятор:	No compiler
IP пользователя:	85.143.3.38
GlobalID:	10000067-5ebc-b326-3df6-d15afc722092

Тесты Логи Исходный код

¶ 0xFF

```
12
```

Посылка ID 130007932

17:07, 15 декабря 2024

Перетестировать Скачать

Вердикт:	WrongAnswer
Контест:	72730: Финал агротех 9
Участник:	makarova.do
Задача:	3. Задание 3. "Волшебная Чага" (10 баллов)
Баллы:	0
Компилятор:	No compiler
IP пользователя:	85.143.3.38
GlobalID:	10000067-5ee2-9a51-7b43-9443dd216d01

Тесты Логи Исходный код

¶ 0xFF

```
14
```

Посылка ID 129997171

15:04, 15 декабря 2024

Перетестировать Скачать

Вердикт:	OK
Контест:	72730: Финал агротех 9
Участник:	makarova.do
Задача:	4. Задание 4. "Юный натуралист" (10 баллов)
Баллы:	10
Компилятор:	No compiler
IP пользователя:	85.143.3.38
GlobalID:	10000067-5ec5-c72b-3022-0055298ed7a7

Тесты Логи Исходный код

0xFF

```
6
```

Посылка ID 130009649

17:25, 15 декабря 2024

Перетестировать Скачать

Вердикт:	WrongAnswer
Контест:	72730: Финал агротех 9
Участник:	makarova.do
Задача:	5. Задание 5. "Амбар" (15 баллов)
Баллы:	0
Компилятор:	No compiler
IP пользователя:	85.143.3.38
GlobalID:	10000067-5ee6-ca05-1ca0-f9ab61fe1e57

Тесты Логи Исходный код

0xFF

```
64
```

15:17, 15 декабря 2024

Перетестировать Скачать

Вердикт:	WrongAnswer
Контест:	72730: Финал агротех 9
Участник:	makarova.do
Задача:	6. Задание 6. "Петя" (10 баллов)
Баллы:	7
Компилятор:	Python 3.12.3
IP пользователя:	85.143.3.38
GlobalID:	10000067-5ec8-ec0d-0a3e-01235cfeee55

Тесты Логи Исходный код

0xFF

```
n = int(input())
count = 0
mas = list(map(int, input().split()))
for i in range(1, n):
    newmas = mas[0:i]
    if i!=n-1:
        if min(newmas) > mas[i+1] or max(newmas) < mas[i+1]:
            count += 1
print(count)
```

Участник:	makarova.do
Задача:	7. Задание 7. "Сломалась нанопора" (10 баллов)
Баллы:	0
Компилятор:	Python 3.12.3
IP пользователя:	85.143.3.38
GlobalID:	10000067-5edf-9264-1b0d-af1ba83a6777

Тесты Логи Исходный код

¶ 0xFF

```
d = input()
res = []
t = []
for i in d:
    t.append(i)
while len(t) != 0:
    temp = ""
    ka=0
    for w in t:
        temp += str(w)
    for i in range(temp.find("A")):
        res.append(temp[i])
        t.remove(temp[i])
    if len(t)!=0:
        while t[0] == "A":
            res.append("A")
            t.remove("A")
            ka = 1
            if len(t)==0:
                break
        if ka == 1:
            stru = ""
            for w in t:
                stru += str(w)
            if stru.find("A") == -1:
                piece = t[0:len(t)]
                for w in piece:
                    res.append(w)
                    t.remove(w)
            else:
                piece = t[0:stru.find("A")]
                piece.reverse()
                for w in piece:
                    res.append(w)
                    t.remove(w)

result = ""
for i in res:
   result += str(i)
print(result)
```

Вердикт:	WrongAnswer
Контест:	72730: Финал агротех 9
Участник:	makarova.do
Задача:	8. Задание 8. "Юный предприниматель" (10 баллов)
Баллы:	0
Компилятор:	Python 3.12.3
IP пользователя:	85.143.3.38
GlobalID:	10000067-5ecf-e701-5d85-92462916e3c0

Тесты Логи Исходный код

0xFF

```
x = int(input())
p = int(input())
y = int(input())
vkl = x
count = 0
while y >= x:
    count+=1
    vkl = vkl+(vkl*(p/100))
    x += vkl
print(count)
```

Участник: makarova.do

Задача: 9. Задание 9. "Грядка" (15 баллов)

Баллы: 0

Компилятор: Python 3.12.3

IP пользователя: 85.143.3.38

GlobalID: 10000067-5ee6-73bc-9024-c75940b8914f

Тесты Логи Исходный код

0xFF

```python
n = int(input())
k = int(input())

mas = []
res = []
for i in range(1, n+1):
    mas.append(i)
while len(mas) >= k:
    res.append(mas[k-1])
    mas.remove(mas[k-1])
result = ""
for i in res:
   result += str(i)
print(result)
```

Участник: makarova.do

Задача: 10. Задание 10. "Рис или кукуруза????" (5 баллов)

Баллы: 3

Компилятор: Python 3.12.3

IP пользователя: 85.143.3.38

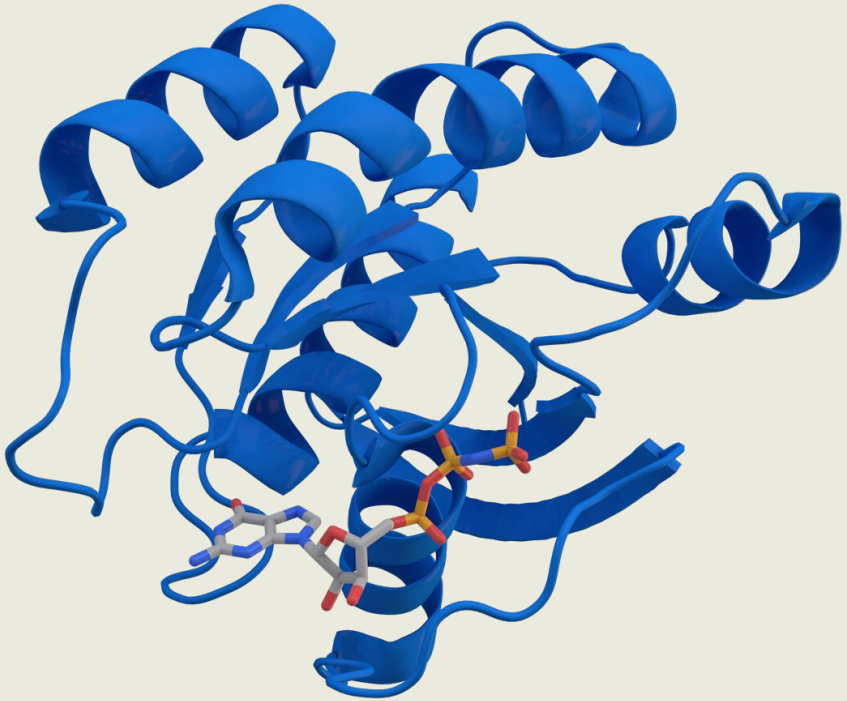
GlobalID: 10000067-5edb-f80a-53d1-369858bb14db

Тесты Логи Исходный код

0xFF

```
n = int(input())
prost = "corn"
for i in range(2, n):
    if n%i==0:
        prost="rice"
print(prost)
```

Ген KRAS



Макарова Дарья

№1.1

Часть нуклеотидной последовательности гена KRAS(полная последовательность очень длинная):

CTAGGCGGCGGCCGCGGCGGCGGAGGCAGC
AGCGGCGGCGGCAGTGGCGGCGGCGAAGG
TGGCGGCGGCT
CGGCCAGTACTCCCGGCCCCCGCCATTTCGG
ACTGGGAGCGAGCGCGGCGCAGGCACTGAA
GGCGGCGGC
GGGGCCAGAGGCTCAGCGGCTCCCAGGCCT
GCTGAAAATGACTGAATATAAACTTGTGGTA
GTTGGAGCT
GGTGGCGTAGGCAAGAGTGCCTTGACGATA
CAGCTAATTCAGAATCATTTTGTGGACGAAT
ATGATCCAA
CAATAGAGGATTCCTACAGGAAGCAAGTAG
TAATTGATGGAGAAACCTGTCTCTTGGATAT
TCTCGACAC

Белковая последовательность гена KRAS:

MTEYKLVVVGAGGVGKSALTIQLIQNHFVD
EYDPTIEDSYRKQVVIDGETCLLDILDTAGQ
EEYSAMRDQ
YMRTGEGFLCVFAINNTKSFEDIHHYREQI
KRVKDSEDVPMVLVGNKCDLPSRTVDTKQ
AQDLARSYGIP
FIETSAKTRQRVEDAFYTLVREIRQYRLKKIS
KEEKTPGCVKIKKCIIM

Поиск был произведен через NCBI Nucleotide/NCBI Protein с сортировкой RefSeq

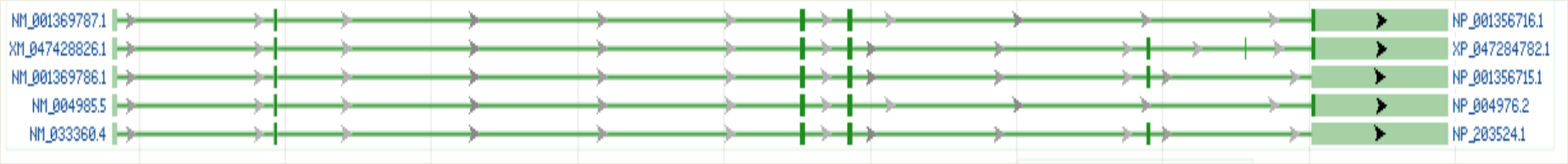
№ 1.2

Характеристика структурно-функциональной организации района генома, в котором расположен ген KRAS

Номер хромосомы: 12

Число экзонов: 7

Число интронов: 6



Для поиска информации я использовала NCBI Gene

№ 2

Функции:
участвует в различных злокачественных новообразованиях, включая аденокарциному легких, муцинозную аденому, протоковую карциному поджелудочной железы и колоректальную карциному.

Ген взаимодействует с(на слайде есть только часть, из-за их большого количества):

Для поиска информации я использовала NCBI Gene

Products	Interactant	Other Gene	Complex	Source	Pubs	Description
P01116	P10415	BCL2	-	HPRD	PubMed	
P01116	Calmodulin 1	CALM1	-	HPRD	PubMed	
P01116	P16452	EPB42	-	HPRD	PubMed	
P01116	P49354	FNTA	-	HPRD	PubMed	
P01116	P49356	FNTB	-	HPRD	PubMed	
P01116	P53609	PGGT1B	-	HPRD	PubMed	
P01116	P48736	PIK3CG	-	HPRD	PubMed	
P01116	P04049	RAF1	-	HPRD	PubMed	
P01116	Q12967	RALGDS	-	HPRD	PubMed	
P01116	P52306	RAP1GDS1	-	HPRD	PubMed	
P01116	RAS guanyl nucleotide releasing protein 2	RASGRP2	-	HPRD	PubMed	
P01116	P50749	RASSF2	-	HPRD	PubMed	
P01116	Q8WWW0	RASSF5	-	HPRD	PubMed	
P01116	Q9UQ13	SHOC2	-	HPRD	PubMed	
BioGRID:110043	BioGRID:106524	A2M	-	BioGRID	PubMed	Synthetic Lethality
BioGRID:110043	BioGRID:113759	AAAS	-	BioGRID	PubMed	Proximity Label-MS
BioGRID:110043	BioGRID:106532	AAMP	-	BioGRID	PubMed	Negative Genetic; Synthetic Lethality
BioGRID:110043	BioGRID:106534	AARS1	-	BioGRID	PubMed	Negative Genetic
BioGRID:110043	BioGRID:121569	AARS2	-	BioGRID	PubMed	Negative Genetic
BioGRID:110043	BioGRID:117743	AATF	-	BioGRID	PubMed	Negative Genetic
BioGRID:110043	BioGRID:111262	ABCB1	-	BioGRID	PubMed	Proximity Label-MS
BioGRID:110043	BioGRID:131028	ABCB5	-	BioGRID	PubMed	Synthetic Lethality
BioGRID:110043	BioGRID:106540	ABCB7	-	BioGRID	PubMed	Negative Genetic
BioGRID:110043	BioGRID:110503	ABCC1	-	BioGRID	PubMed	Proximity Label-MS
BioGRID:110043	BioGRID:107647	ABCC2	-	BioGRID	PubMed	Proximity Label-MS

Items 1 - 25 of 2913 << First < Prev Page 1 of 117 Next > Last >>

№ 3

Я взяла белковую последовательность(по причине того, что она меньше чем нуклеотидная, поэтому ей будет проще воспользоваться) гена KRAS и воспользовалась NCBI BLAST с указанием организма Homo sapiens(человек разумный). Но BLAST нашел только изоформы самого гена. Я воспользовалась другими матрицами при запуске BLAST, но на результат это не повлияло. Значит для KRAS паралогов не существует и дерево построить нельзя.

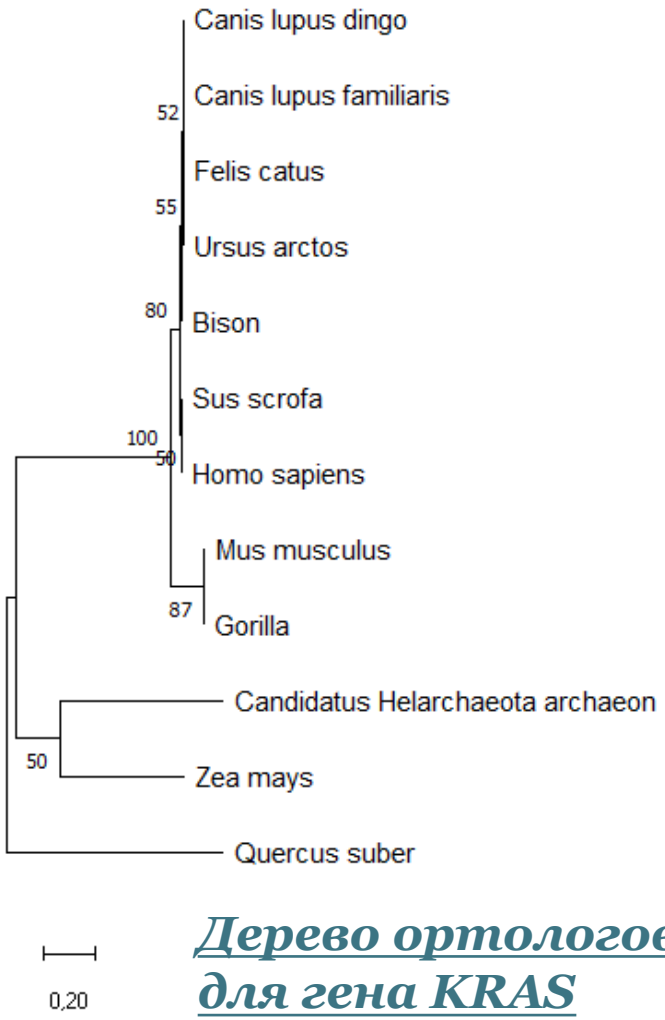
Descriptions | Graphic Summary | Alignments | Taxonomy

Sequences producing significant alignments Download Select columns Show 100

select all *100 sequences selected* GenPept Graphics Distance tree of results Multiple alignment MSA Viewer

Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
GTPase KRas isoform a [Homo sapiens]	Homo sapiens	390	390	100%	4e-140	100.00%	189	NP_001356715.1
Chain A, GTPase KRas [Homo sapiens]	Homo sapiens	390	390	100%	6e-140	100.00%	190	7VVB_A
GTPase KRas isoform X1 [Homo sapiens]	Homo sapiens	392	392	100%	6e-140	100.00%	227	XP_047284782.1
UBE2L3/KRAS fusion protein [Homo sapiens]	Homo sapiens	391	391	100%	2e-138	100.00%	296	AEA35014.1
Chain A, GTPase KRas [Homo sapiens]	Homo sapiens	365	365	93%	3e-130	100.00%	178	8T71_A
Chain B, GTPase KRas [Homo sapiens]	Homo sapiens	362	362	93%	7e-129	99.44%	178	8T71_B
Chain A, GTPase KRas, N-terminally processed [Homo sapiens]	Homo sapiens	348	348	89%	2e-123	99.41%	169	8JHL_A
Chain A, GTPase KRas [Homo sapiens]	Homo sapiens	347	347	89%	3e-123	99.41%	170	8T73_A
Chain A, GTPase KRas [Homo sapiens]	Homo sapiens	347	347	89%	5e-123	99.41%	169	8JGD_A
Chain A, GTPase KRas, N-terminally processed [Homo sapiens]	Homo sapiens	345	345	88%	4e-122	99.40%	170	8BLR_A
Chain A, GTPase KRas [Homo sapiens]	Homo sapiens	337	337	87%	3e-119	97.59%	169	6YR8_A
Chain A, GTPase KRas [Homo sapiens]	Homo sapiens	337	337	87%	4e-119	97.59%	166	5UFE_A
Chain A, GTPase KRas [Homo sapiens]	Homo sapiens	334	334	87%	5e-118	97.58%	167	6MBQ_A
Chain A, GTPase KRas [Homo sapiens]	Homo sapiens	338	338	88%	2e-119	97.01%	170	6YXW_A
Chain A, GTPase KRas [Homo sapiens]	Homo sapiens	334	334	87%	6e-118	96.99%	166	5UFQ_A
Chain A, GTPase KRas [Homo sapiens]	Homo sapiens	334	334	87%	6e-118	96.99%	166	6E6F_A
Chain A, GTPase KRas [Homo sapiens]	Homo sapiens	333	333	87%	9e-118	96.99%	169	5MLA_A
Chain A, GTPase KRas [Homo sapiens]	Homo sapiens	333	333	87%	9e-118	96.99%	166	5WLB_A
Chain A, GTPase KRas [Homo sapiens]	Homo sapiens	333	333	87%	2e-117	96.99%	170	5WHA_A

№ 4



Дерево ортологов для гена KRAS

Я взяла белковую последовательность гена KRAS и воспользовалась NCBI BLAST с указанием разных организмов(растений, архей, животных). Затем с помощью MEGA я сделала дерево ортологов через метод Maximum Likelihood Tree и воспользовалась Bootstrap для точности. Я выбрала этот метод построения деревьев, потому что там было хорошо видно близкие по родству группы.

Ген присутствует в растениях, животных, археях и бактериях, а значит он очень древний.

Заключение

KRAS довольно древний ген, который участвует в различных злокачественных новообразованиях

У гена KRAS нету паралогов

У этого гена номер хромосомы 12, 7 экзонов и 6 интронов

олимпиада иннагрика

2024 Финал

профиль АгроТех

Кодеры

Команда Ц9-040 9-й класс Кейс №Ц9-2

Анализ нуклеотидных и аминокислотных последовательностей

Кодеры

Андрей Кустышев

Первый ~~питошка~~ программист, командир

Максим Касьянов

Визуализатор, разработчик презентации

Даша Макарова

Разработчик презентации, генератор идей

Лайла Бокоева

Второй ~~питошка~~ программист, биолог

Оля Надточиева

Биолог

Наставник - Долгих Владислав Андреевич

Проблематика

Сложность анализа данных

Использование библиотек

Error , defauldict

Многомерность данных

Специфичны по преобразованию и большие по объему

Сложность алгоритмов

Использование алгоритмов для анализа биологических последовательностей

Последствия решения

Автоматизация анализа геномных данных для дальнейшей работы с ними

Задание 1

Вычисление GC состава последовательности ДНК

- Вычисление длины последовательности ДНК
- Вычисление кол-во гуанина и цитозина
- Расчет GC состава по следующей формуле:

$$GC\% = \frac{G + C}{L} \times 100$$

Задание 1

Вводные данные

TTCCACTCGGTTGGGCCGGCTAGGCCTCCCTGCCCGGAGTTTCGGCGGACTGCTGCCGACACCCGGGCATTGTCTTAGGGGGGTTATTCGAGGGCACTCGCA
GCCAACTTGTCGGGACCAGCCGGGCTGGTCATCGGGCTTATACAGCGAAATGCCGAGGACCCGGCCCCGCGCTATGGAACGTCTTTAGCTCCGGCAGGCAAT
TAAGGACAACGCAAGCATGGCGGATATAAACAGAGAAACGGGCGAATACACCTGTTCGTGTCGTATCGGTAAATAGCCTCGCGGAGGCATGTGCCATGCTGG
CCTGCGGAGCACTCTGGTTATGCATATGGTCCACAGGACACTCGTCGCTTCCGGGTTTGCCCTCTATGTGACGGTCTTTAGGCGCACTTATGCTCAGCACCGTT
TAAACCAGACCGACACCAGATCTGTAAGGTCCGCCACGCAGACGAGAGCGCACGGAGACCACCGAGCGATCTACCTGATCGGCGACCATTTGTGTGGTACTG
GGGCCGAGAGGTAACTACGGTGCCGCTAACAGCCCCTCGGTCGTCGCTGACGTCTGTAGTCTAGCCTCATTATGATCGTACGCTATTCAGGGATTGACTGATAC
CGGAAGACATCTCAGTTGAAGTGGTGTATGCGACAGAGACCGTGCACCTACCAAACCTCCTTAGTCTAAGTTCAGACCAATTGGTAGTTTGTCCAGAACTCAG
ATTTTATCACCAGAGGACGCACGCCCTACCTCCATGATCCACTGACGTCCCTGAGGCTGCAATACATGCAACCAGGCAGTCTCCGCGGTAAGTCCTAGTGCAAT
GGGGCTTTTTTTCCCTGGTCCTCGAGAAGAGGGGACGCCGGTCCAGACATCTCTAATGTGGTAATTGGGAGGACTCTTGGCCCTCCGCCCTTAGGCAGTGCAT
ACTCTTCCATAAACGGGCTGTTAGTTATGGGGTCCGAGGATTGAAAAAGGTGAGCGAACTCGGCCGAACCGGAG

```
Введите долю GC:
70
Задайте длину участка
6
```

Вывод

```
В богатой последовательности 14 богатых участков и 22 бедных, длиною 6
```

Время выполнения:
0,21 мс

Задание 2

Алгоритм преобразования нуклеотидной последовательности в аминокислотную

Начинаем преобразование с кодона ATG и заканчиваем одним из стоп-кодонов

Определение молекулярной массы в аминокислотных последовательностях

Сортировка полипептидных цепочек длиной 5 аминокислот

Рассчитали молекулярную массу самых легких и самых тяжелых изоформ белка титина

Задание 2

Вводные данные

ATGGCGGGTCTTCGCAAGTCCAGGCCGGGTTAG

ATG	GCG	GGT	CTT	CGC	AAG	TCC	AGG	CCG	GGT	TAG
↓	↓	↓	↓	↓	↓	↓	↓	↓	↓	↓
M(149)	A(89)	G(75)	L(131)	R(174)	K(146)	S (105)	R (174)	P (115)	G (75)	STOP

Вывод

['AAGTC', 'AGGCC', 'AGTCC', 'ATGGC', 'CAAGT', 'CAGGC', 'CCAGG', 'CCGGG', 'CGCAA', 'CGGGT', 'CTTCG', 'GCAAG', 'GCCGG', 'GCGGG', 'GGCCG', 'GGCGG', 'GGGTC', 'GGGTT', 'GGTCT', 'GGTTA', 'GTCCA', 'GTCTT', 'GTTAG', 'TCCAG', 'TCGCA', 'TCTTC', 'TGGCG', 'TTCGC']

Молекулярная масса цепочки: 2938

Аминокислотная последовательность: MAGLRKSRPG

Время выполнения:
0,5 мс

Задание 3

Обратная трансляция

- это процесс декодирования последовательности аминокислот в соответствующие кодоны

Восстановление цепочки ДНК и определение GC состава для нее

Определение GC и AT состава для тугоплавких и легкоплавких последовательностей соответственно

Вводные данные: MVGRRALFNA

легкоплавкость

тугоплавкость

Вывод

Последовательность ДНК: ATGGTTGGTAGAAGAGCTTTATTTAATGCT

GC-состав: 33.33%

Последовательность ДНК: ATGGTCGGCCGCCGCGCCCTCTTCAACGCC

GC-состав: 73.33%

Время выполнения:
0,35 мс

Задание 4

Оценка степени сходства нуклеотидных последовательностей

- Мы взяли 5 нуклеотидных последовательностей, написали программу, которая ищет p-расстояние нуклеотидной последовательности
- Далее, происходит сортировка внутри каждой строки матрицы
- В самом конце, происходит парсинг данных и вывод самой матрицы

Задание 4

Вводные данные

5 последовательностей одинаковой длины таксонов Reptilia, Mammalia и Aves

Вывод

Матрица p-расстояний:

	1	2	3	4	5
1	0.0000	0.2238	0.3147	0.3287	0.2517
2	0.2238	0.0000	0.2354	0.3333	0.2681
3	0.3147	0.2354	0.0000	0.2657	0.3450
4	0.3287	0.3333	0.2657	0.0000	0.1189
5	0.2517	0.2681	0.3450	0.1189	0.0000

Время выполнения:
0,28 мс

Задание 5

Консенсусная последовательность ДНК

Консенсусная последовательность - определенная нуклеотидная последовательность, регулярно встречающаяся (с небольшими вариациями по отдельным нуклеотидам) в данном генетическом элементе.

Для начала, мы взяли последовательности разных таксонов из 4 задания

Для начала, циклом мы перебираем последовательность циклом, попарно добавляя каждый следующий элемент в общий список

Далее, мы заменяем элементы на соответствующие символы из списка

Затем мы написали программу которая строит консенсус

Задание 5

Вводные данные

```
Введите вашу последовательность для консенсуса. После ввода последней, введите "конец"
TGGTGCGGAGGCCCTGGAGAGGATGTTCCTGTCCTTCCCCACCACCAAGACCTACTTCCCGCACTTCGACCTGAGCCACGGCTCTGCCCAGGTTAAGTC
Введите вашу последовательность для консенсуса. После ввода последней, введите "конец"
TGGAGGAGAAACCCTGGGAAGGCTCCTGGTTGTCTACCCATGGACCCAGAGGTTCTTTGACAGCTTTGGCAACCTGTCCTCTGCCTCTGCCATCATGAA
Введите вашу последовательность для консенсуса. После ввода последней, введите "конец"
TGGTGGTGAGGCCCTGGGCAGATTACTGGTGGTCTACCCTTGGACCCAGAGGTTCTTTGAGTCCTTTGGGGATCTGTCCTCTCCTGATGCTGTTATGAT
Введите вашу последовательность для консенсуса. После ввода последней, введите "конец"
конец
```

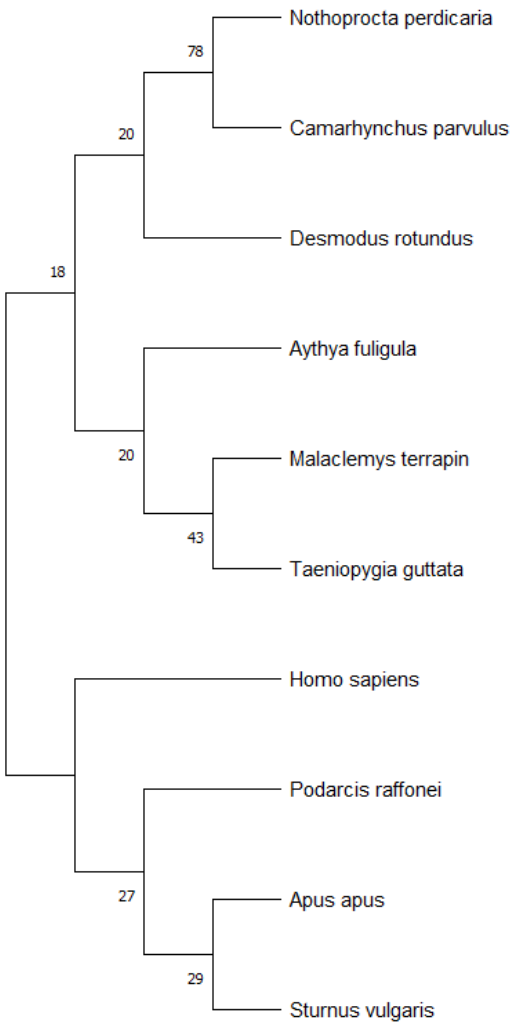
Вывод

```
Консенсус данных последовательностей:
 TGGWGSDGARRCCCTGGRVAGRHTVYTSSTKKYCTWCCCHWSSACCMAGASSTWCTTYSMSHVCTTYGRSVWBMKSYMCKSYBCYKMYSMBRTYAWGWH
```

Время выполнения:
0,1 мс

Практическая работа

- **Тема практической работы – изучение выбранного гена.**
- Мы проводили исследование гена с помощью NCBI, NCBI BLAST и построили филогенетическое дерево в MEGA.
- Работая над практическим заданием мы углубили свои навыки в работе с биологическими последовательностями. Эта работа помогла лучше понять их специфику и помогла в работе над кейсом



Филогенетическое дерево

Вывод

Выводы

- Мы освоили основные операции с биологическими данными, что позволило нам эффективно работать с нуклеотидными и аминокислотными последовательностями, включая их анализ и обработку.
- Использовали биоинформационную базу данных NCBI для поиска данных.
- Создали комплекс специализированных программ, которые автоматизируют и упрощают многие процессы работы с геномной информацией. Это поможет быстрее изучать свойства растений и животных, важных для сельского хозяйства.

Спасибо за внимание