Вердикт: WrongAnswer

Контест: 72732: Финал агротех 11

Участник: ankokok

Задача: 1. Задание 1. "Нуклеотидная тяга" (15 баллов)

Баллы: 0

Компилятор: No compiler

IP пользователя: 85.143.3.38

GlobalID: 10000067-5ed3-d923-0e40-7eca084c36d5

Тесты Логи Исходный код

¶ 0xFF

```
33,3
```

Вердикт: OK

Контест: 72732: Финал агротех 11

Участник: ankokok

Задача: 2. Задание 2. "Робот jj" (5 баллов)

Баллы: 5

Компилятор: No compiler

IP пользователя: 85.143.3.38

GlobalID: 10000067-5ed7-f30d-5409-3135e5ea789f

Тесты Логи Исходный код

¶ 0xFF

```
630
```

Вердикт: WrongAnswer

Контест: 72732: Финал агротех 11

Участник: ankokok

Задача: 3. Задание 3. "Активированная чага" (10 баллов)

Баллы: 0

Компилятор: No compiler

IP пользователя: 85.143.3.38

GlobalID: 10000067-5ee9-02c2-bb06-7dbc50ce8a06

Тесты Логи Исходный код

¶ 0xFF

```
6
```

Вердикт: WrongAnswer

Контест: 72732: Финал агротех 11

Участник: ankokok

Задача: 4. Задание 4. "Интересная задача про поле" (10 баллов)

Баллы: 0

Компилятор: No compiler

IP пользователя: 85.143.3.38

GlobalID: 10000067-5ed8-c736-f41c-4192c9176bca

Тесты Логи Исходный код

¶ 0xFF

```
17,3
```

Вердикт: WrongAnswer

Контест: 72732: Финал агротех 11

Участник: ankokok

Задача: 5. Задание 5. "Зёрна" (10 баллов)

Баллы: 0

Компилятор: No compiler

IP пользователя: 85.143.3.38

GlobalID: 10000067-5ed3-5ba1-b19e-ce1c654a107b

Тесты Логи Исходный код

¶ 0xFF

```
1q-5m
```

Вердикт: RuntimeError

Контест: 72732: Финал агротех 11

Участник: ankokok

Задача: 6. Задание 6. "Завод" (15 баллов)

Баллы: 0

Компилятор: Python 3.12.3

IP пользователя: 85.143.3.38

GlobalID: 10000067-5ee9-73b3-3f27-52aad3f88a95

```
чиназесчиназесчиназесчиназесчиназесчиназесчиназесчиназесчиназесчиназесчиназесчиназесчиназесчиназесчиназесчиназесчиназесчиназесчиназесчиназесчиназесчиназесчиназесчиназесч
```

Вердикт: RuntimeError

Контест: 72732: Финал агротех 11

Участник: ankokok

Задача: 7. Задание 7. "Богатей с умом" (10 баллов)

Баллы: 0

Компилятор: Python 3.12.3

IP пользователя: 85.143.3.38

GlobalID: 10000067-5ee9-cb0b-a47f-11231944b60d

Тесты Логи Исходный код

¶ 0xFF

```
чиназес
чиназес
чиназес
чиназес
чиназес
чиназес
чиназес
чиназес
чиназес
чиназес
чиназес
```

Вердикт: RuntimeError

Контест: 72732: Финал агротех 11

Участник: ankokok

Задача: 8. Задание 8. "Развиваем завод" (15 баллов)

Баллы: 0

Компилятор: Python 3.12.3

IP пользователя: 85.143.3.38

GlobalID: 10000067-5eea-2dee-10e8-67a69cf937e8

Тесты Логи Исходный код

¶ 0xFF

```
абаюнда
абаюнда
абаюнда
абаюнда
абаюнда
абаюнда
абаюнда
абаюнда
абаюнда
абаюнда
абаюнда
абаюнда
абаюнда
```

Вердикт: RuntimeError

Контест: 72732: Финал агротех 11

Участник: ankokok

Задача: 9. Задание 9. "Хитрый завлаб" (5 баллов)

Баллы: 0

Компилятор: Python 3.12.3

IP пользователя: 85.143.3.38

GlobalID: 10000067-5ee4-a76a-e74a-c47e4da044b6

Тесты Логи Исходный код

¶ 0xFF

```
t = []
u = []
ce = []
n = int(input())
for _ in range(n):
    t += input()

for _ in range(n):
    u += input()

q = int(input())
for _ in range(q):
    ce += input()

for j in range(len(ce)):
    if ce[j] not in t:
        print('-1')
    else:
        print(u[t.index(ce[j])])
```

Вердикт: OK

Контест: 72732: Финал агротех 11

Участник: ankokok

Задача: 10. Задание 10. "Забористо" (5 баллов)

Баллы: 5

Компилятор: Python 3.12.3

IP пользователя: 85.143.3.38

GlobalID: 10000067-5ecf-f315-f089-66030b10d3d2

Тесты Логи Исходный код

0xFF

```
t = int(input())
for _ in range(t):
    UGOL = int(input())
    if 360 % (180 - UGOL) == 0:
        print('YES')
    else:
        print('NO')
```

Практикум; Петухова Анна

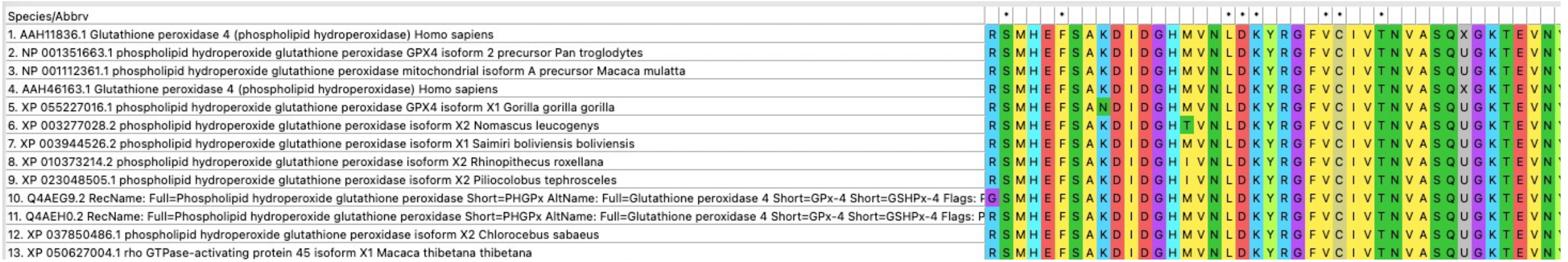
- Задача 1. Ортологи гена GPX4 у приматов.
- Используя транскрипт с идентификатором NM_001367832.1 гена GPX4, выполните поиск при помощи алгоритма blastn по базе данных refseq_rna. Выполните поиск в таксоне приматы (taxid:9443), исключив при этом человека (taxid:9606). В поле максимальное количество таргетных 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 2. Поиск гомологичных последовательностей глутатионпероксидаз у широкого круга млекопитающих, их выравнивание

Используя последовательность белка BAE17018.1, запустите PSI-BLAST со следующими параметрами:

Таксон: Mammalia (taxid:40674); Max target sequences: 250; Matrix: BLOSUM45; Gap costs: −10 за открытие, за расширение −3. Нажмите RUN BLAST. Далее, запустите вторую итерацию BLAST поиска с числом сиквенсов 250. Затем, сохраните найденные гомологи в формате FASTA – Download – FASTA (complete sequences). Назовите этот файл “sequences-psi.fasta”.

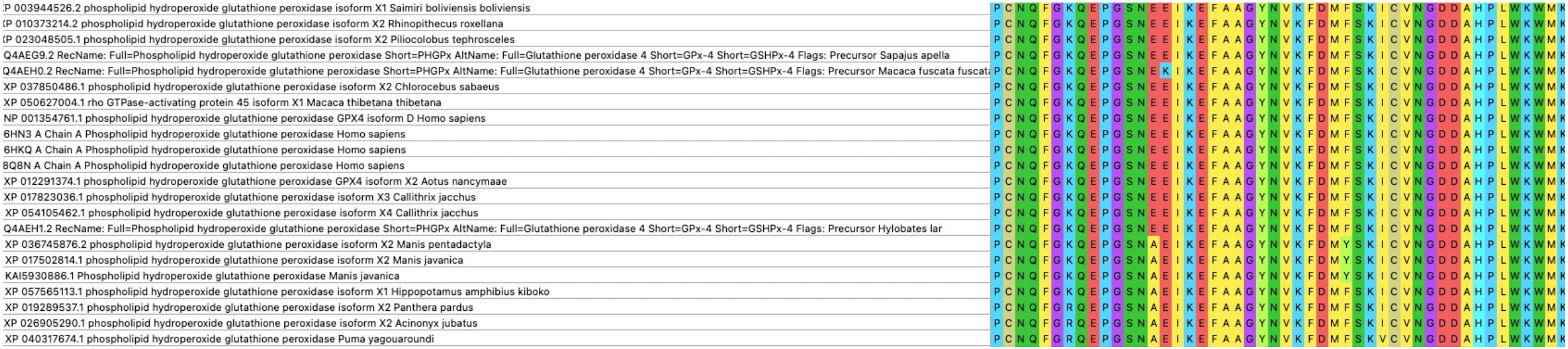
Далее, произведите множественное выравнивание гомологов, воспользовавшись алгоритмом MAFFT (https://mafft.cbrc.jp/alignment/server/index.html). Используйте следующие параметры: Strategy: Auto; Gap opening penalty: 1.53. Нажмите галочку на опцию Allow unusual symbols (Selenocysteine "U", Inosine "i", non-alphabetical characters, etc.). Затем, нажмите Submit. Сохраните полученное выравнивание, нажав в окне выдачи “Fasta format”. Назовите файл с полученным выравниванием “sequences-psi-aligned.fasta”. Сделайте скриншот консервативной части полученного выравнивания, используя для просмотра программу MEGA или UGENE.



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).

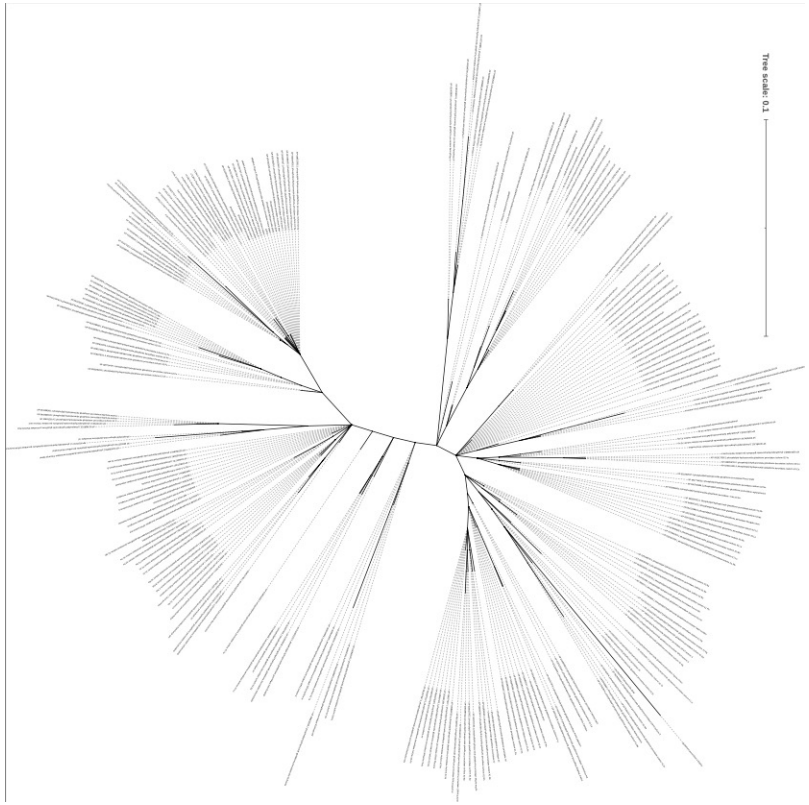
Перейдите на сайт Gblocks, нажмите на “Upload your alignment” и выберите файл - “sequences-psi-aligned.fasta”. Не ставьте никаких галочек в полях ниже. Нажмите “Submit”. Скачайте консервативное выравнивание в .FASTA формате, нажав на “Cured alignment in FASTA Format”, затем на открывшейся вкладке CTRL + 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.



Задачи 4 - 5. Филогенетический анализ.

Для построения дерева воспользуйтесь программой MEGA (https://www.megasoftware.net). Откройте MEGA, нажмите на вкладку “Phylogeny”, далее – Construct/Test Maximum Likelihood Tree; DATA TYPE – “Protein Sequences”- “OK” – “OK”. Далее, дерево должно начать считаться. Экспортируйте полученное дерево в формате. newick: File – Export Current Tree (Newick). В General опциях выберите “Branch Length”; скопируйте из полученного окна дерево в блокнот и при сохранении назовите файл “GPX-tree.nwk”. Отправьте полученный вами файл дерева на проверку.

Воспользуйтесь ITOL https://itol.embl.de/upload.cgi для просмотра полученного филогенетического дерева. Выберите файл “GPX-tree.nwk” из четвертой задачи и загрузите его на сервер нажав Upload. Затем измените вид полученного дерева на неукорененный: Mode – Unrooted. Экспортируйте дерево в формате PDF: Export – Format PDF – зеленая кнопка Export. Проследите чтобы дерево экспортировалось целиком. Назовите файл “tree.pdf”. Отправьте полученный вами файл дерева на проверку. Приведите скриншот полученного дерева (или его части) на слайде.



Полученное дерево ортологов GPX4

олимпиада иннагрика

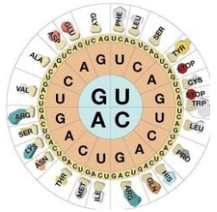
2024

Финал

Профиль АгроТех

Физматы+вайб

11 класс
Кейс №Ц11-151

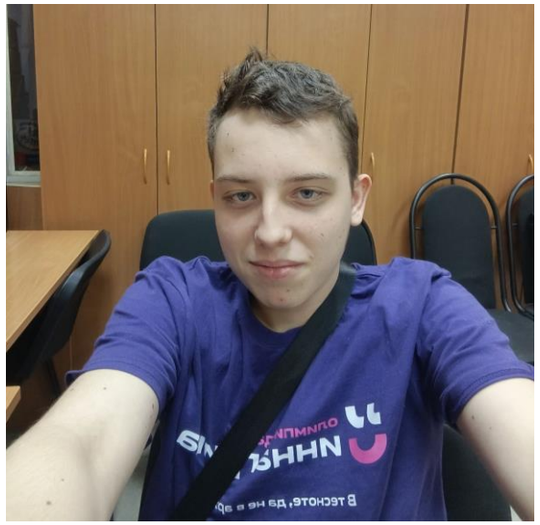


Разработка алгоритмов

для сравнения характеристик геномных последовательностей

Участники команды

Петухова Анна
Командир,
программист



Петрашев Даниил
программист

Булатова Мадина
Биолог

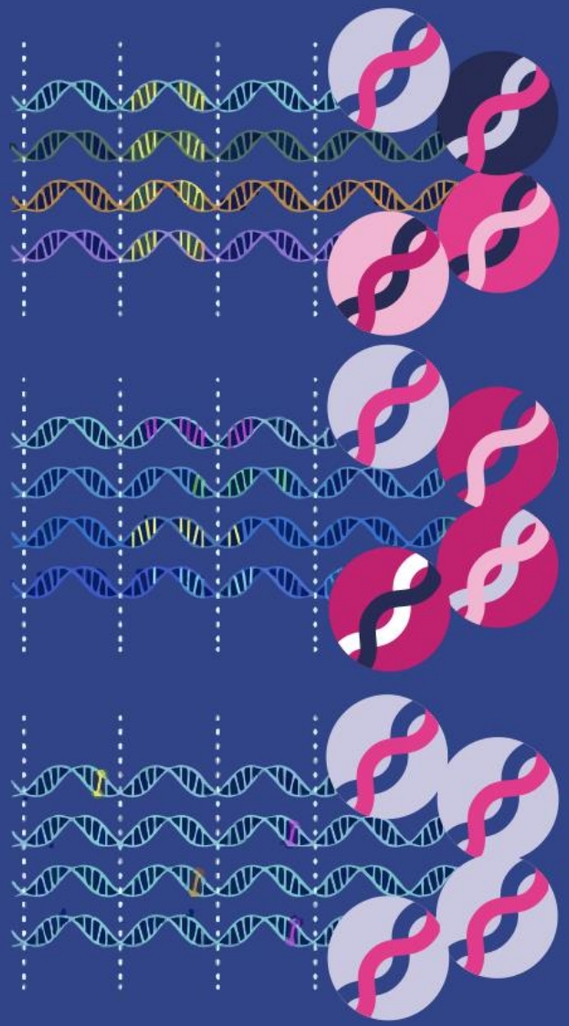
Наш наставник
Александр Бобровских

Введение

Бактериоцины

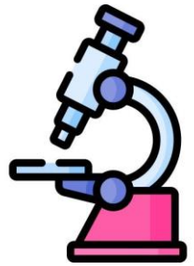
— специфические белки, которые подавляют жизнедеятельность бактерий

Отсканировав данный QR-код вы сможете ознакомиться со всеми нашими кодами



Проблематика

- Бактериальные болезни
- Порча продуктов питания



Актуальность

Существует потребность в создании инструментов для эффективного анализа, классификации и визуализации данных о последовательностях бактериоцинов.

Задачи команды

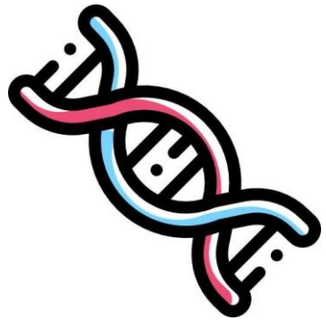
- Ознакомиться с функционалом библиотек Biopython, matplotlib
- Провести белковый поиск последовательностей бактериоцинов и их гомологов
- Разработать алгоритмы для работы с биологическими последовательностями
- Исследовать свойства бактериоцинов и обеспечить их эффективную визуализацию

Задание 1

Анализ белковой последовательности бактериоцина

Проблема

Потребность в анализе и классификации последовательности бактериоцинов



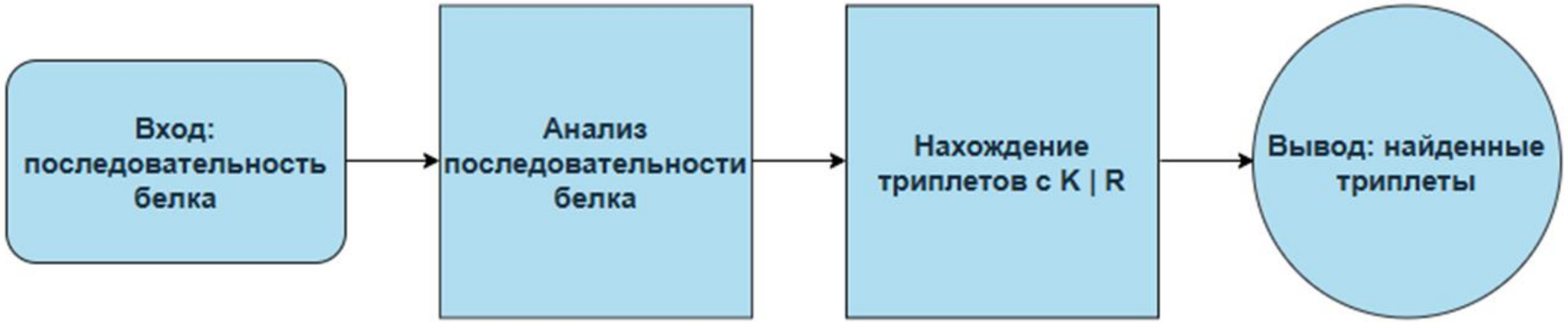
Решение

Создание программы, которая осуществляет вывод подпоследовательностей олигопептидов с одной положительно заряженной аминокислотой (K, R).

Задание 1

Анализ белковой последовательности бактериоцина

Алгоритм построения кода



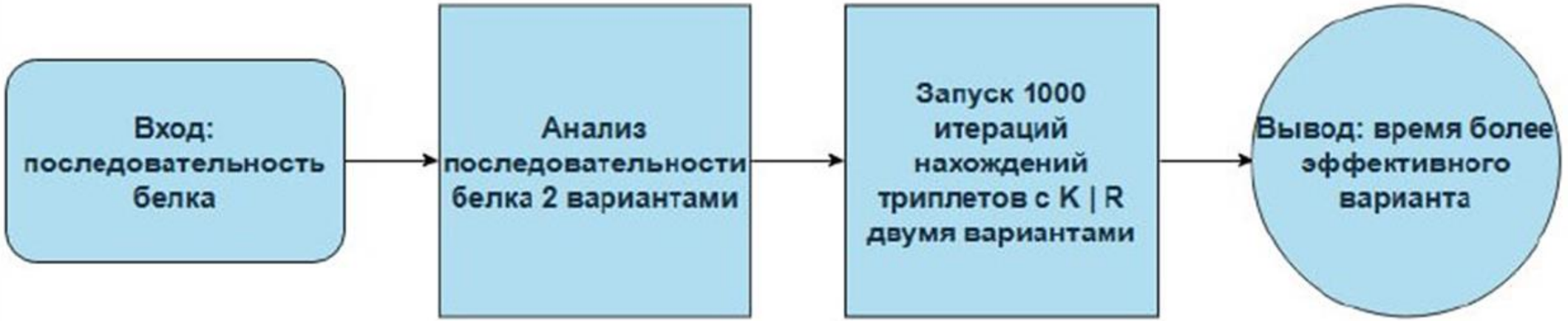
Вывод программы

Найденные трипептиды: LIK IKG KGL GLK LKC KCL LGK GKK KKV KVE GEK EKL KLF ILK LKL KLL LLR LRE RER ERG RGV SAK AKT KTD LEK EKT KTG LPR PRV RVM AFR FRG RGN INR NRT RTL LTK TKP KPV
Количество трипептидов: 39

Задание 1

Анализ белковой последовательности бактериоцина

Алгоритм построения кода



Вывод программы

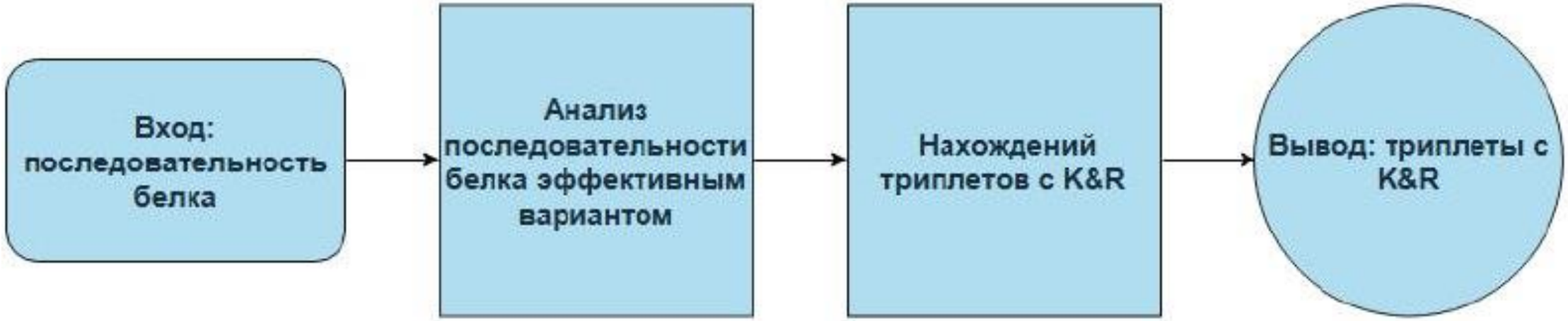
Сравнение программ

Среднее время выполнения первоначального варианта: 0.00024 с
Среднее время выполнения альтернативного варианта: 0.00016 с
Следствие: эффективнее альтернативный вариант на 33%

Задание 1

Анализ белковой последовательности бактериоцина

Алгоритм построения кода



Вывод программы

Триплеты с положительно заряженной аминокислотой на 1 месте:
['KGL', 'KCL', 'KVE', 'KLF', 'KLL', 'RGV', 'KTD', 'KTG', 'RVM', 'RGN', 'RTL', 'KPV']

Задание 2

Поиск гомологичных последовательностей в геномах других бактериальных штаммов, их анализ и визуализация

Проблема

Необходимость в оптимизации вывода данных гомологичных последовательностей из базы NCBI

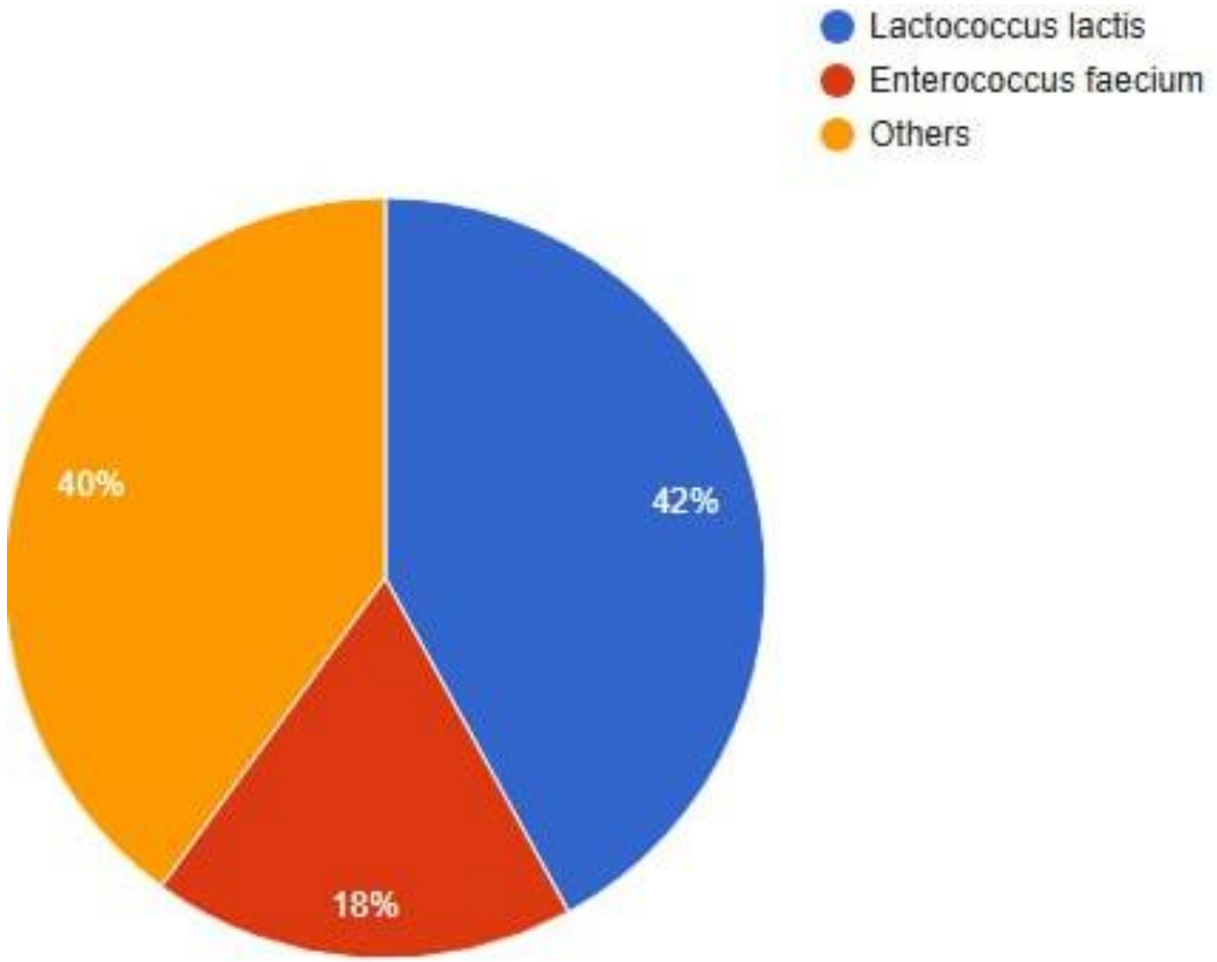
Решение

Визуализация таксономического и аминокислотного состава в выборках гомологов бактериоцинов

Задание N

Поиск гомологичных последовательностей в геномах других бактериальных штаммов, их анализ и визуализация

Диаграмма позволяет визуально оценить долю двух наиболее представленных видов среди всех найденных гомологичных последовательностей.



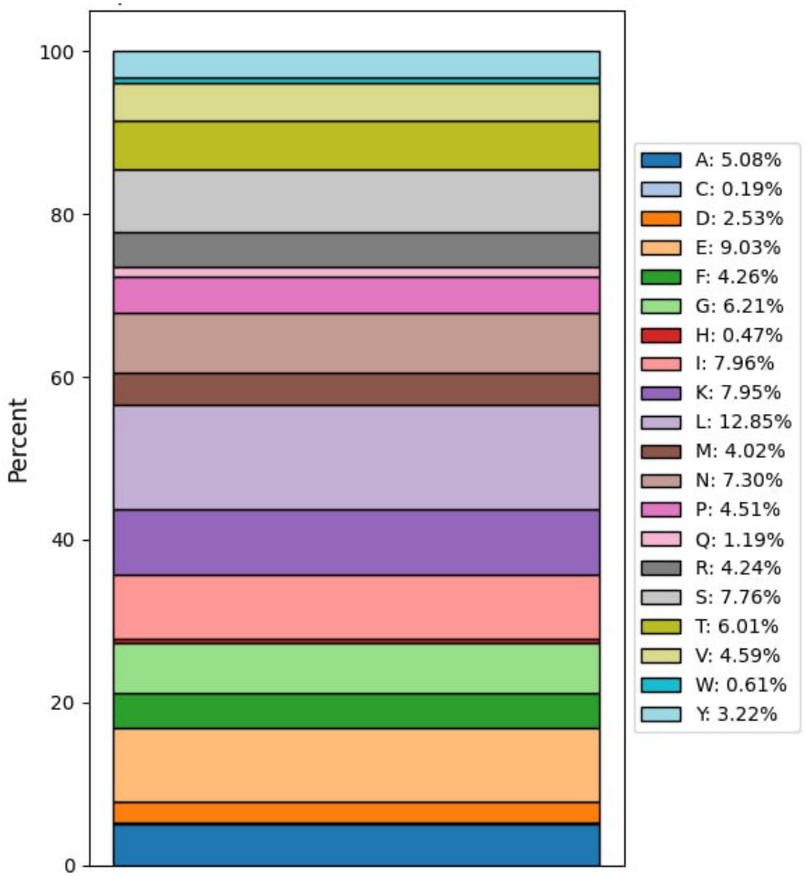
Nucleotide BLAST
nucleotide ▸ nucleotide

NCBI

Задание 2

Поиск гомологичных последовательностей в геномах других бактериальных штаммов, их анализ и визуализация

Вывод программы



Алгоритм построения кода

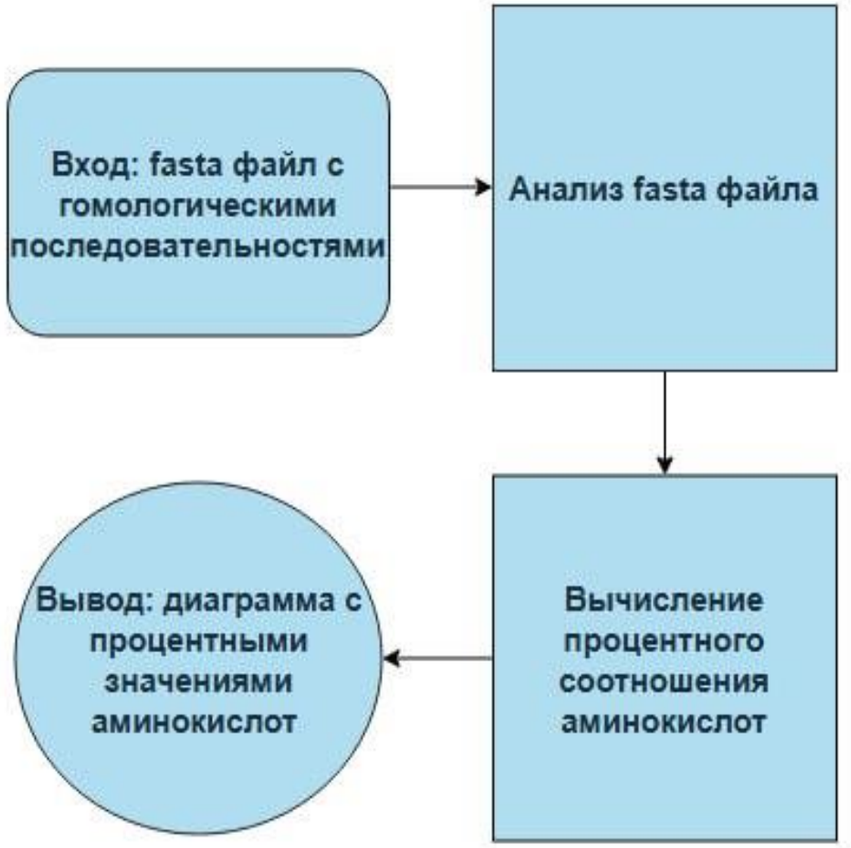


Диаграмма позволяет визуально оценить частоту встречаемости различных аминокислот в белковых последовательностях.

Задание 3

Сравнение свойств двух выборок бактериоцинов

Проблема

Необходимость в повышении эффективности классификации семейств бактериоцинов

Решение

Вычисление аминокислотного состава в разных семействах бактериоцинов и их сравнение с помощью разработанного алгоритма

Задание 4

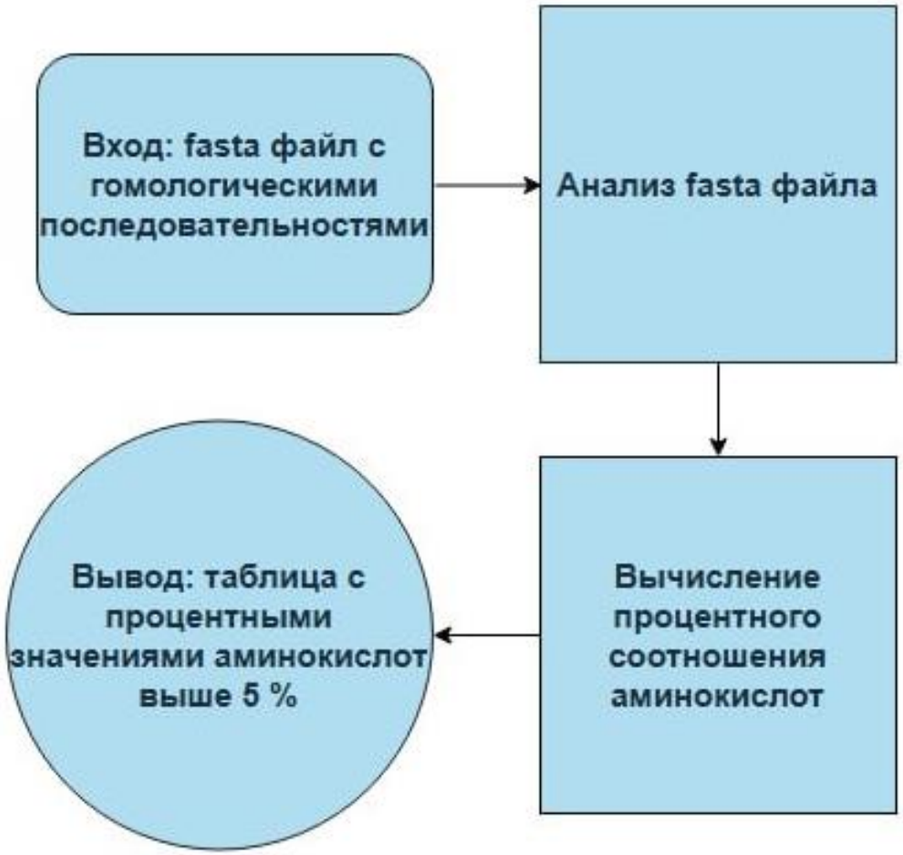
Сравнение свойств двух выборок бактериоцинов

Вывод программы

Частота аминокислоты (5%>)

Аминокислота	Доля (%)
G	13.2
K	10.1
S	9.9
A	7.5
T	6.6
V	6.5
N	6.5
Y	5.9
I	5.1

Алгоритм построения кода



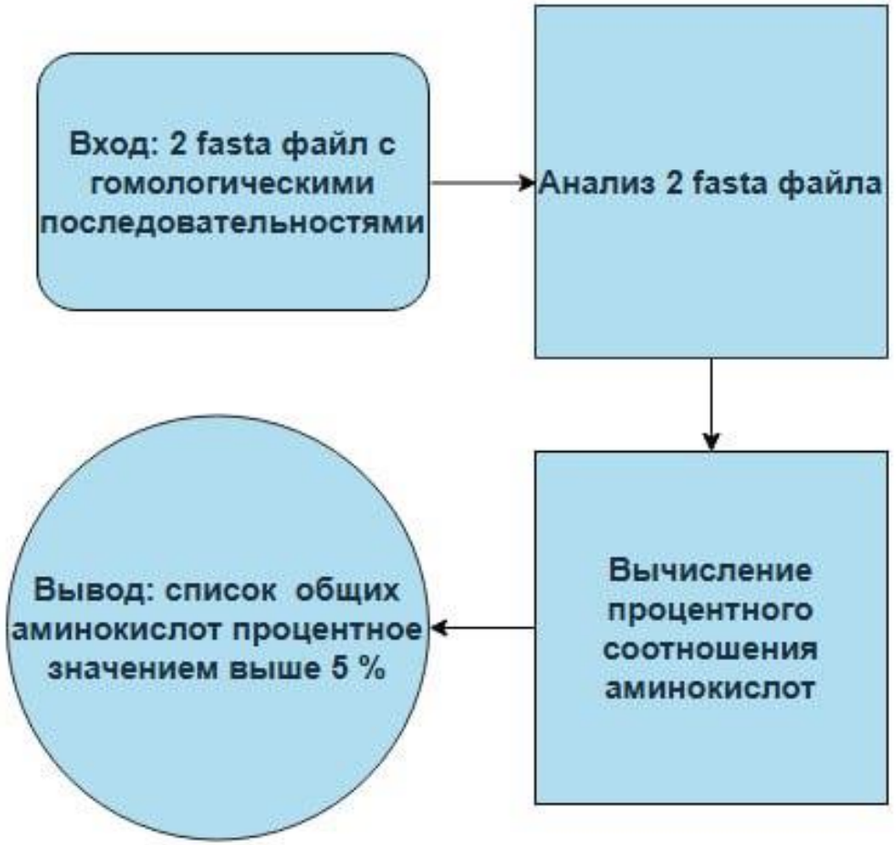
Задание 3

Сравнение свойств двух выборок бактериоцинов

Вывод программы

Общие аминокислоты с долей > 5%:
Serine(S)
Lysine(K)
Isoleucine(I)
Alanine(A)
Asparagine(N)
Glycine(G)
Threonine(T)

Алгоритм построения кода



Задание 4

Экспериментальные данные.
Построение графиков и анализ корреляции.

Проблема

Необходимость в выводе уравнения, описывающего зависимость между экспериментальными данными; визуализация данных в удобном формате

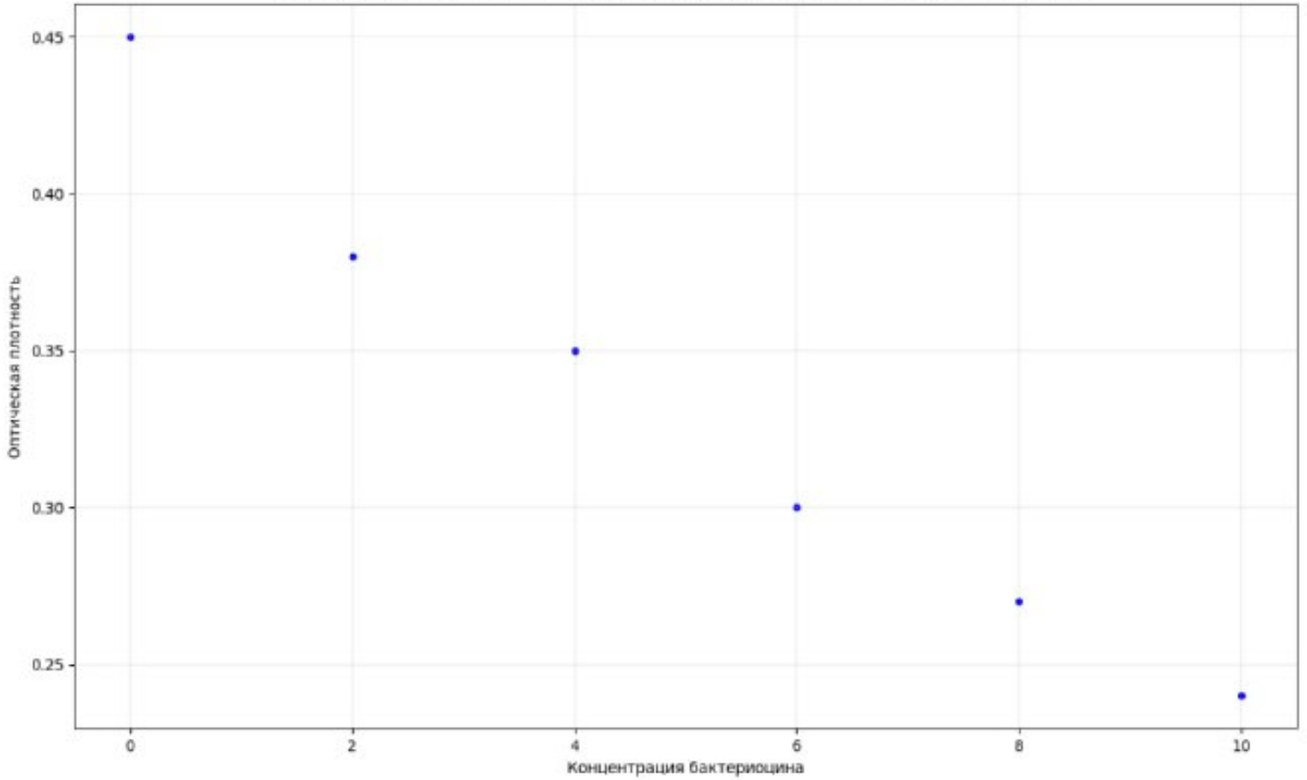
Решение

используя библиотеки numpy и matplotlib вывели закон зависимости двух величин, описали в виде уравнения, построили график зависимости

Задание 4

Экспериментальные данные. Построение графиков и анализ корреляции.

Влияние концентрации бактериоцина на оптическую плотность вещества



С помощью функции scatter изобразили точечный график-диаграмму рассеивания

Концентрация бактериоцина	0	2	4	6	8	10
Оптическая плотность	0,45	0,38	0,35	0,3	0,27	0,24

Задание 4

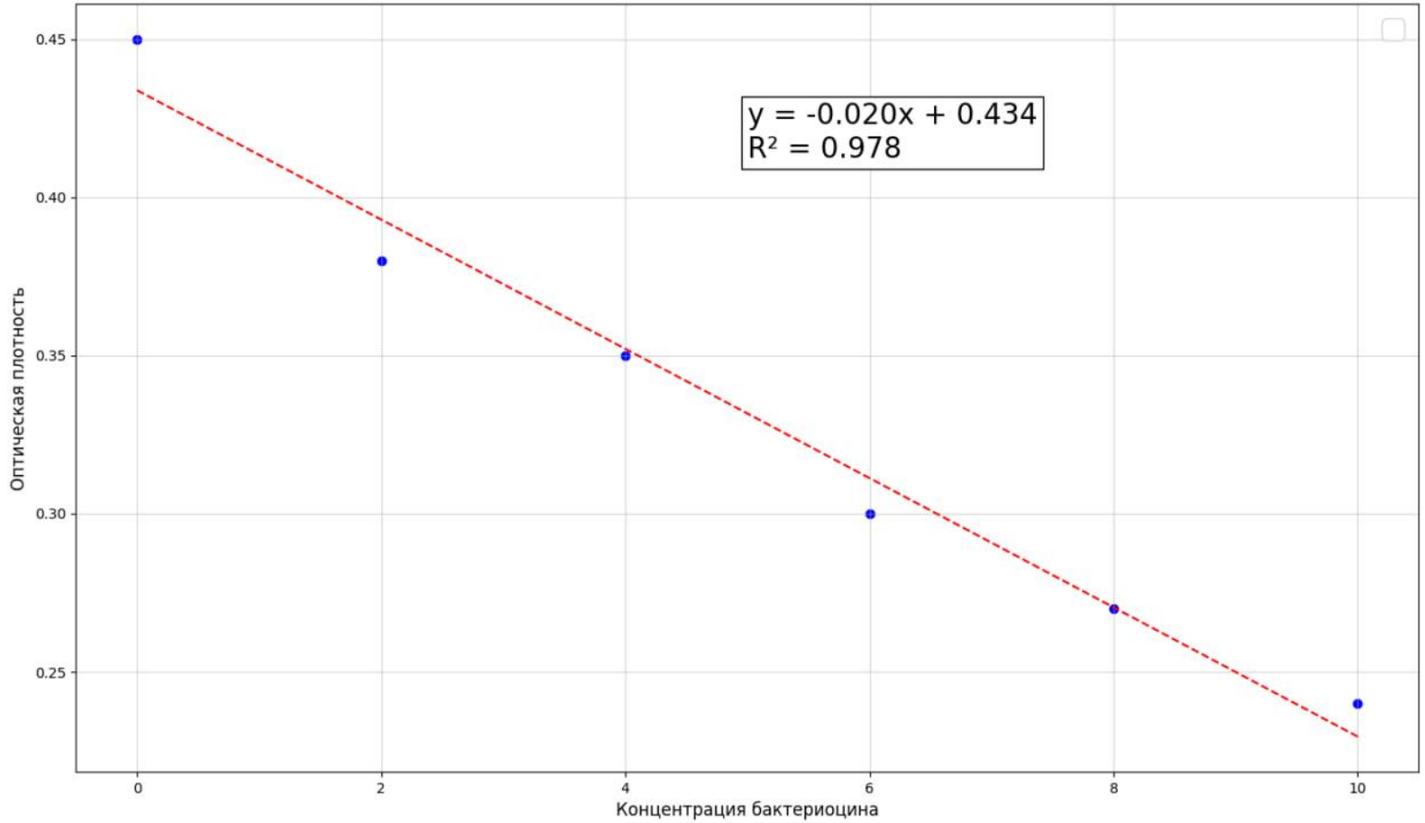
Экспериментальные данные. Построение графиков и анализ корреляции.

Уравнение линейной зависимости:
y = -0.0204x + 0.4338

Оценочные значения оптической плотности (ŷ):
[0.43380952 0.39295238 0.35209524 0.3112381 0.27038095 0.22952381]

Коэффициент корреляции R^2:
0.9776

Влияние концентрации бактериоцина на оптическую плотность вещества



Задание 5

Визуализация доменного состава белков бактериоцинов

Проблема

Необходимость в анализе и классификации доменного и аминокислотного состава семейств бактериоцинов

Решение

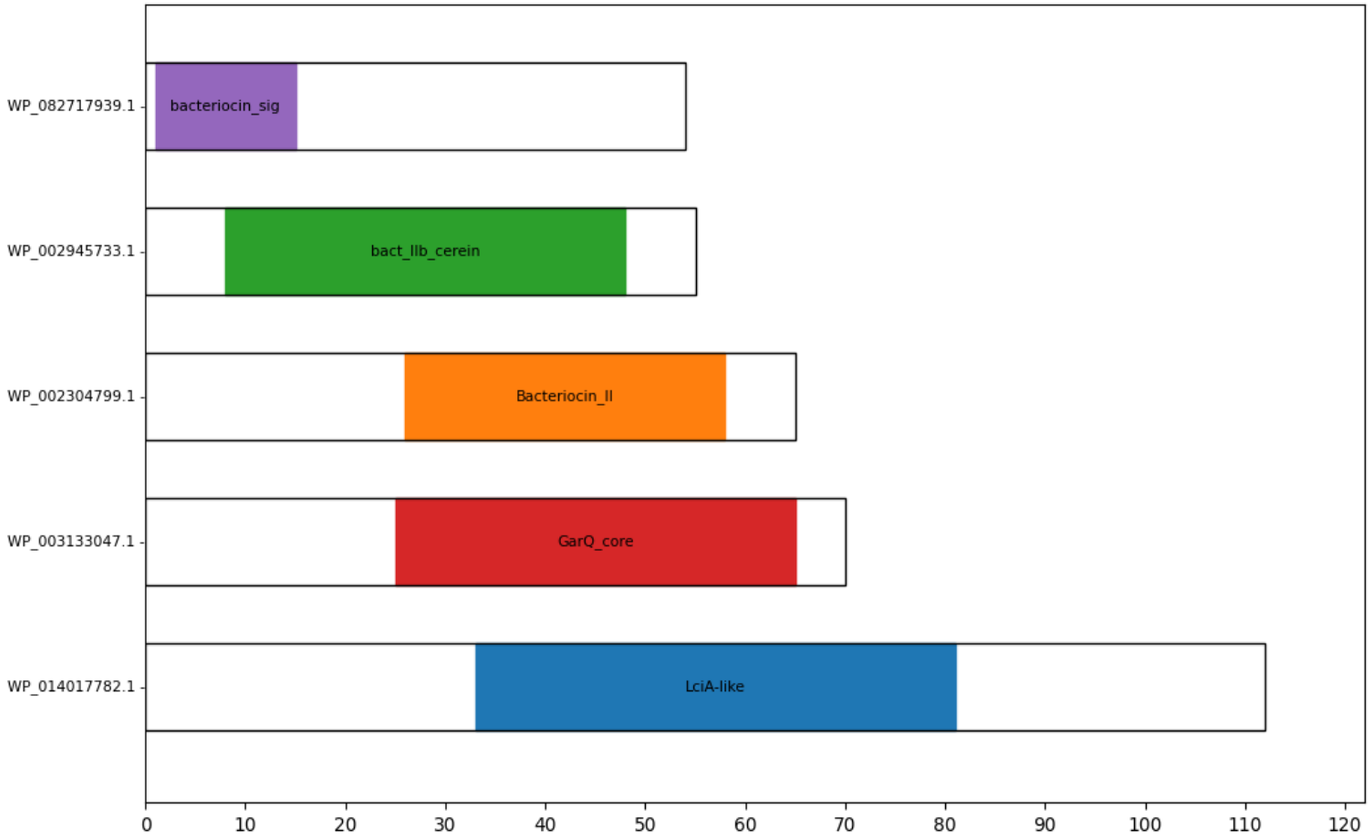
Разработана программа, принимающая текстовый файл с информацией о последовательностях (названия, длины, координаты и названия доменов), и визуализирующая положение белковых доменов внутри последовательности

Задание 5

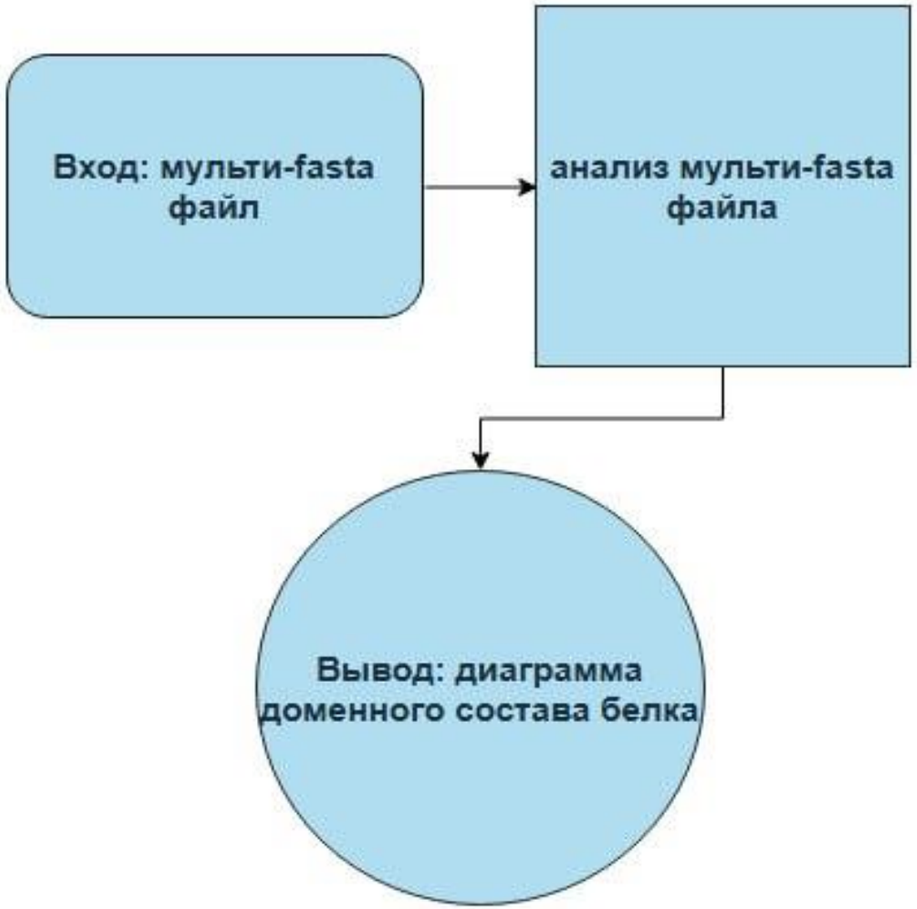
Визуализация доменного состава белков бактериоцинов

Вывод программы

Расположение доменов в белках

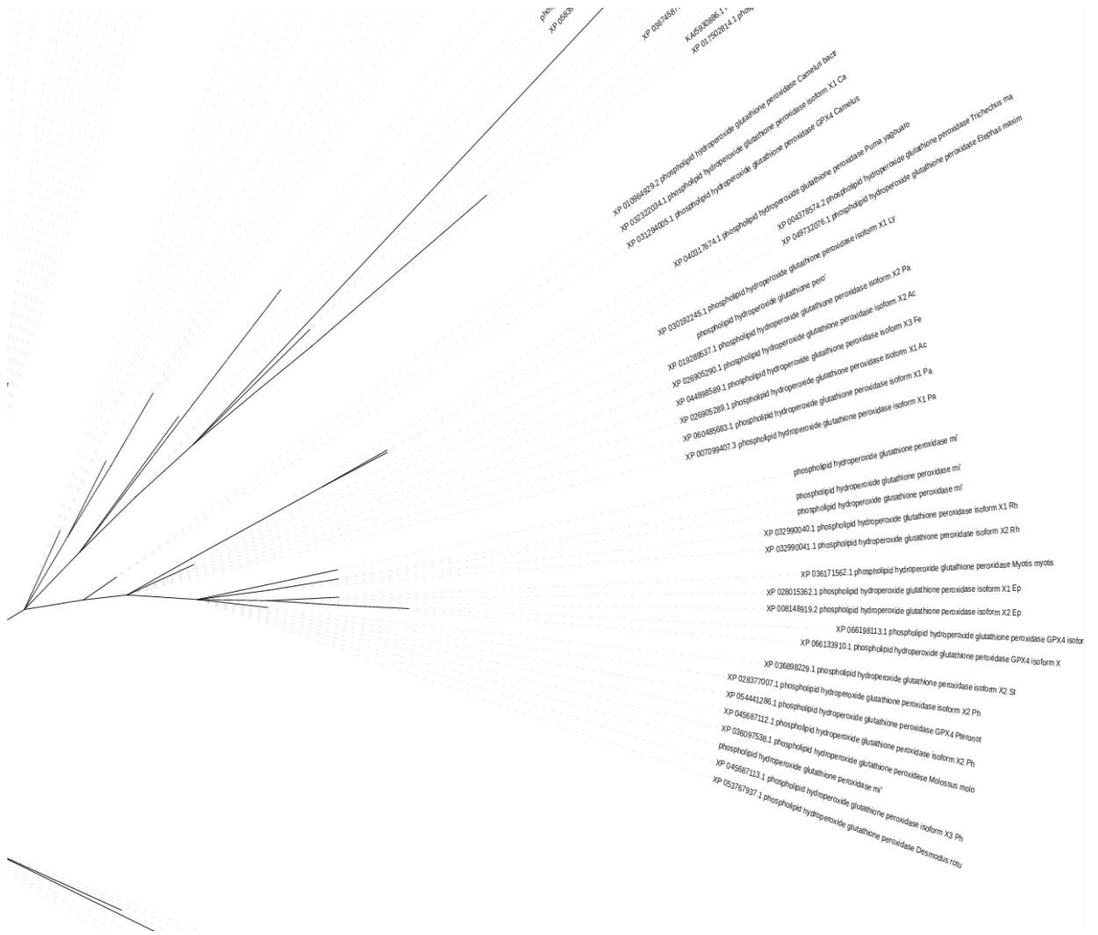


Алгоритм построения кода



Практическая работа

- Выполнен поиск ортологов гена GPX4 среди приматов
- С использованием PSI-BLAST выполнен поиск гомологичных белков BAE17018.1 у млекопитающих
- Выполнено множественное выравнивание с помощью MAFFT с настройками
- В программе MEGA построено филогенетическое дерево методом Maximum Likelihood



Филогенетическое дерево

Вывод

Используя библиотеки Biopython и Matplotlib, мы смогли провести исследование бактериоцинов: найти их в базах данных, проанализировать их свойства и визуализировать результаты. Это позволило нам лучше понять их практическое применение.

Список используемых источников

- “СТРУКТУРНЫЕ ОСОБЕННОСТИ, МЕХАНИЗМЫ ДЕЙСТВИЯ И ПЕРСПЕКТИВЫ ПРАКТИЧЕСКОГО ПРИМЕНЕНИЯ БАКТЕРИОЦИНОВ КЛАССА II” Обзор
© 2022 Д.В. Антошина, С.В. Баландин, Т.В. Овчинникова*
Институт биоорганической химии им. академиков М.М. Шемякина и Ю.А. Овчинникова РАН, 117997 Москва, Россия

- Валышев А.В., Валышева Н.А. Комбинация антибиотиков и бактериоцинов — эффективный способ борьбы с резистентными микроорганизмами. Бюллетень Оренбургского научного центра УроРАН (электронный журнал) 2016; 4: 1–6

- Сультимова Т.Д., Захаров Е.В. Бактериоцины молочнокислых бактерий. Вестник ВСГУТУ 2016; 2(59): 41–47.

Спасибо за внимание!

олимпиада иннагрика