

**Добрый вечер,  
уважаемые биоинформатики  
и биоинформатикессы!**

**заседание на тему:**

**Музыкальный  
геном**



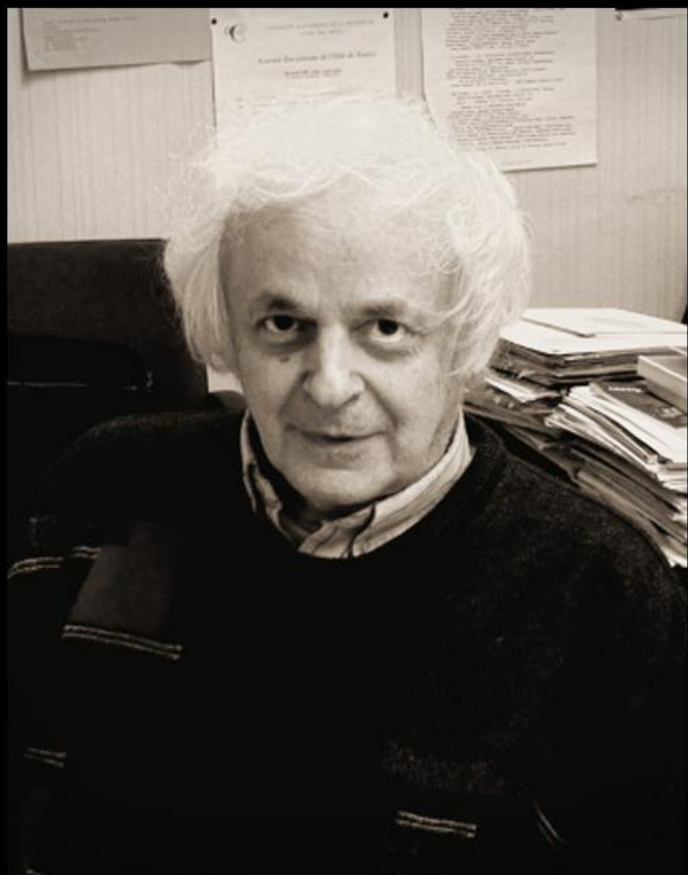
# Введение ■

**Music may serve as a powerful tool because we will be able to use to analyze long codings in a short period of time, and the entire phrases will connect in some way. When you listen to a song the order of the chords and phrases have an impact on the entire sound.**

**DNA is the same way; the individual sequencing tie in together to replicate and transcript our genetic material**

**Samuel Fesenmeier**

# История ■



**Joël Sternheimer**

**Французский физик, математик и композитор. Родился в 1943 году в Монтюэле. Изучал биосинтез белка, в частности возможность регулировать биосинтез посредством звуковых частот.**

**Из этих исследований родилась концепция взаимосвязи генетических и музыкальных последовательностей.**

# Зачем?



University of Dayton  
eCommons

Honors Theses

University Honors Program

Spring 4-2015

## Coding DNA into Music: An Alternate Way of Analysis

Samuel Fesenmeier  
University of Dayton

Follow this and additional works at: [https://ecommons.udayton.edu/uhp\\_theses](https://ecommons.udayton.edu/uhp_theses)

 Part of the Biology Commons, and the Music Commons

### eCommons Citation

Fesenmeier, Samuel, "Coding DNA into Music: An Alternate Way of Analysis" (2015). *Honors Theses*. 45.  
[https://ecommons.udayton.edu/uhp\\_theses/45](https://ecommons.udayton.edu/uhp_theses/45)

This Honors Thesis is brought to you for free and open access by the University Honors Program at eCommons. It has been accepted for inclusion in Honors Theses by an authorized administrator of eCommons. For more information, please contact [frice1@udayton.edu](mailto:frice1@udayton.edu), [mschlangen1@udayton.edu](mailto:mschlangen1@udayton.edu).

**Согласно Штернхаймеру  
прослушивание генетических  
мелодий может помочь  
в выявлении новых паттернов,  
структурных особенностей генома,  
т.к. музыка задействует другие  
механизмы восприятия информации**

# Coding DNA into Music: An Alternate Way of Analysis

Samuel Fesenmeier

**ЛитОбзор** ■  
(небольшой)

Biology	Music
Nucleotides	Notes
Amino Acids	Pitches
Alpha Sheet	Chords
Beta Sheet	
Domains	Keys
Proteins	Song

Table 1

Amino Acids (nucleotide triplets)	Scale degrees
Nonpolar	I, IV, V
Polar	ii, iii, vi
Stop	vii*

Secondary Structure	Chords
Alpha Helix	I chord
Beta Sheet	V chord

Domain	Key
First Domain	Major Scale
Second Domain	Major Scale+ 8 half steps
Third Domain	Major Scale- 3 half steps

Protein	Song

Quaternary Structure	Proteins played together

Table 2

Nonpolar	Hydropathy Index	Note
P	-1.6	G2
W	-0.9	C3
G	-0.4	F3
A	1.8	G3
M	1.9	C4
C	2.5	F4
F	2.8	G4
L	3.8	C5
V	4.2	F5
I	4.5	G5
<b>Polar +</b>		
R	-4.5	E2
K	-3.9	D3
<b>Polar</b>		
N	-3.5	E3
Q	-3.5	A3
H	-3.2	D4
Y	-1.3	E4
S	-0.8	A4
T	-0.7	E5
<b>Polar -</b>		
D	-3.5	D5
E	-3.5	A5
<b>Stop</b>		B4

- \*pitch - высота звука
- \*chords - аккорд
- \*key - тональность

# Coding DNA into Music: An Alternate Way of Analysis

Samuel Fesenmeier

**ЛитОбзор** ■  
(небольшой)

Beta Tubulin  
First Domain Sam Fesenmeier

(Amino Acids)

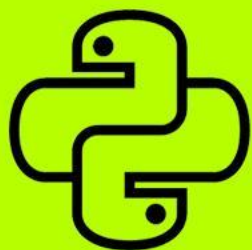
(Alpha Helix)

(Beta Sheet)

The image shows a musical score for the Beta Tubulin First Domain. It is composed of three staves: the top staff is labeled '(Amino Acids)', the middle staff is labeled '(Alpha Helix)', and the bottom staff is labeled '(Beta Sheet)'. The score is in 4/4 time and consists of two systems of staves. The first system has two staves, and the second system has two staves. The music is written in a style that combines traditional notation with elements that suggest a connection to DNA and protein structure.

2 Beta Tubulin

The image shows a musical score for Beta Tubulin, page 2. It consists of two staves. The top staff is in treble clef and the bottom staff is in bass clef. The music is in 4/4 time. A speaker icon is visible below the staves, indicating that there is audio content associated with this score.



# Практика! ■

## Схема:



**Генетическая  
последовательность  
(напр. FASTA)**

**Алгоритм:**  
- разбивает исходник на  
элементы озвучки  
- сопоставляет элементу частоту  
- записывает частоты в файл

**Постобработка,  
чтоб красивее звучало**



# Практика! ■

## Скачиваем .FASTA референсного генома с NCBI и переводим в .txt

```
seq corona.txt – Блокнот
Файл П_правка Формат Вид Справка
|ATTAAAGGTTTATACCTTCCCAGGTAACAAACCAACCAACTTTCGATCTCTTGTAGATCTGTTCTCTAAA
CGAACTTTAAAATCTGTGTGGCTGTCACTCGGCTGCATGCTTAGTGCACTCACGCAGTATAATTAATAAC
TAATTA CTGTCGTTGACAGGACACGAGTAACTCGTCTATCTTCTGCAGGCTGCTTACGGTTTCGTCCGTG
TTGCAGCCGATCATCAGCACATCTAGGTTTCGTCCGGGTGTGACCGAAAGGTAAGATGGAGAGCCTTGTC
CCTGGTTTCAACGAGAAAACACACGTCCAACCTCAGTTTGCCTGTTTTACAGGTTTCGCGACGTGCTCGTAC
GTGGCTTTGGAGACTCCGTGGAGGAGGTCTTATCAGAGGCACGTCAACATCTTAAAGATGGCACTTGTGG
```





# Практика! ■

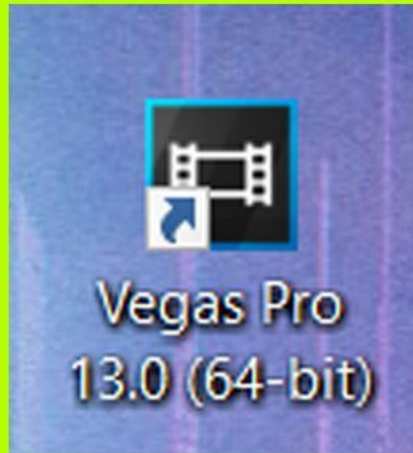
## Алгоритм:

- winsound
- „gen“ dict
- „gen2freq()“

```
main.py x
1 import winsound
2
3 seq = open('seq_corona.txt')
4 seqlen = len(seq.read())
5 seq.seek(0)
6 seqstr = ''.join(seq.read().splitlines()).lower()
7 seq.seek(0)
8
9 gen = {...}
100
101 def gen2freq(trip):
102     if trip in gen:
103         return gen[trip]
104     else:
105         print('error')
106
107 for i in range(0, seqlen, 1):
108     winsound.Beep(gen2freq(seqstr[i:i+3]), 300) # 8000
109
110 seq.close()
```



# Практика!



The screenshot displays the Vegas Pro 13.0 software interface. The top menu bar includes options like 'Файл', 'Правка', 'Вид', 'Вставка', 'Инструменты', 'Настройки', and 'Справка'. The left sidebar shows a file explorer with folders such as 'Пленка', 'Документы', 'Музыка', 'Изображения', 'Сохраненные фотографии', 'Видео', 'Computer', and 'OS (C:\)'. The main workspace is divided into several panels: 'Медиафайлы проекта' (Project Media Files), 'Пролоадник' (Loader), 'Переходы' (Transitions), 'Видеоэффекты' (Video Effects), and 'Генераторы мультимедиа' (Multimedia Generators). The central area shows a timeline with a video track and an audio track. The audio track has a volume level of 0,0 dB and is centered. A red arrow points to a small icon on the audio track. The right sidebar shows the 'Мастер' (Master) panel with a volume level of 5,8. The bottom status bar indicates the current time is 00:04:39:06 and the recording time is 245:16:05.



# Практика!

Спецэффекты аудиособытия

1 19022021

ExpressFX Реверберация  ExpressFX Audio Restoration  Фланжер/Bay-Bay  ExpressFX Амплитудная модуляция

Предустановка:

**ExpressFX Восстановление аудио** О программе ?

Количество удаляемого шума (от 1 до 20): 17

Уменьшить шум до (от полного отсутствия до 100 дБ): 3,2 дБ

Влияет на частоты выше (от 100 до 10 000 Гц):

Скорость атаки (от 1 до 20): 7

Скорость затухания (от 1 до 20): 7

Нижний порог шумов (от  $-\infty$  до -40 дБ): -69,4 дБ

# Что дальше? ■

```
gen = {  
  
  #-----A-----  
  
  'aaa':100,  
  'aat':110,  
  'aag':120,  
  'aac':130,  
  
  'ata': 140,  
  'att': 150,  
  'atg': 160,  
  'atc': 170,  
  
  'aga': 180,  
  'agt': 190,  
  'agg': 200,  
  'agc': 210,  
  
  'aca': 220,  
  'act': 230,  
  'acg': 240,  
  'acc': 250,  
}
```

**Изменение  
сопоставителя частот**

**Решим обратную задачу:**

- **Возьмём готовое музыкальное произведение**
- **Переведём в частоты и прогоним через обратный алгоритм**
- **Результат - генетическая последовательность**
- **Прогоним её через BLAST**
- **Анализируя результаты поиска калибруем сопоставитель**

Возьмём как исходник  
тему из Star Wars в чистотах  
(что первое выпало в гугле).

# Что дальше? ■

Пишем словарь аналогичный „gen“

```
mus = {  
  
    #-----A-----  
  
    '100': 'aaa',  
    '110': 'aat',  
    '120': 'aag',  
    '130': 'aac',  
  
    '140': 'ata',  
    '150': 'att',  
    '160': 'atg',  
    '170': 'atc',  
  
    '180': 'aga',
```

Получаем последовательность:

```
for i in range(len(musarray))  
Run: main x  
C:\1CODE\venv\Scripts\python.exe C:/1CODE/main.py  
tcttctcttttgtatcttttgtatctcaacaacaactagtagtcttttgtatctccctcttctccccgcgcctcctatccgctggggtcgtagaggatatttggttgtatct  
Process finished with exit code 0
```

# Что дальше?

## Результат из BLAST:

Query Length 68

Other reports [Distance tree of results](#) [MSA viewer](#) [?](#)

[Filter](#) [Reset](#)

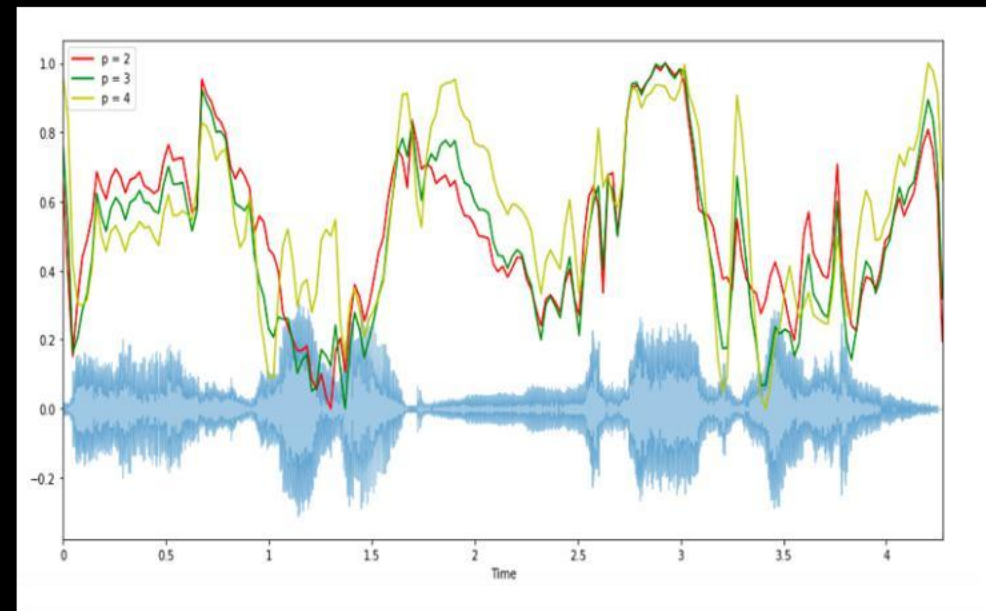
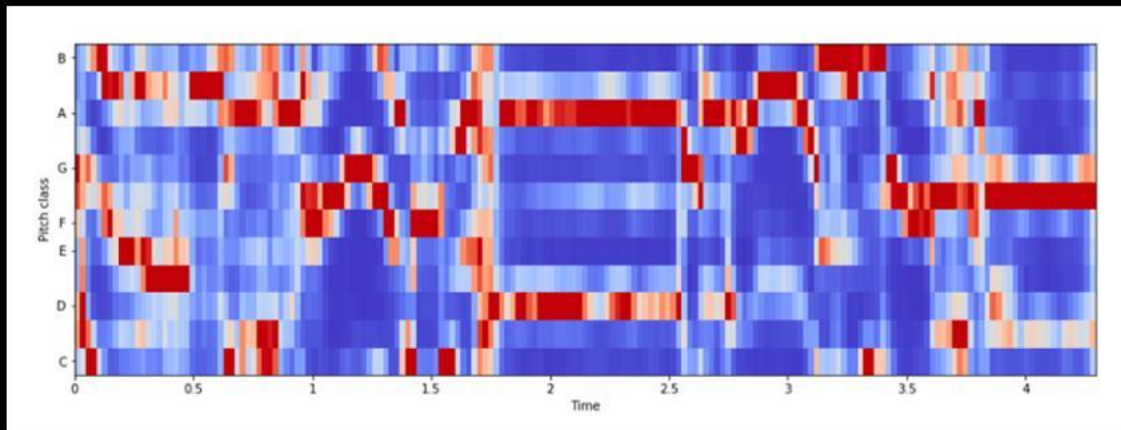
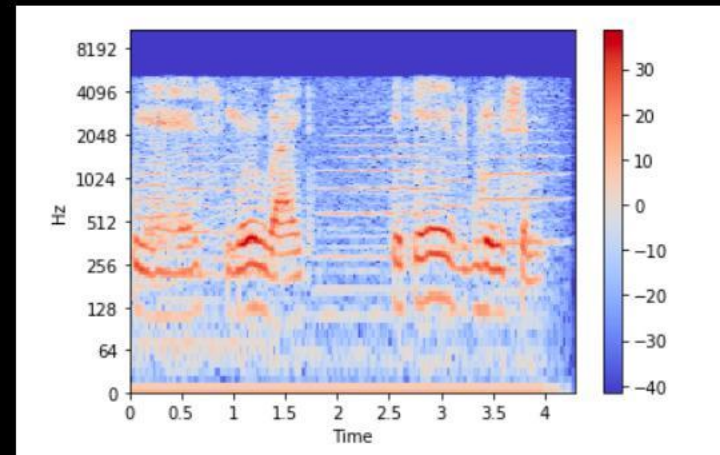
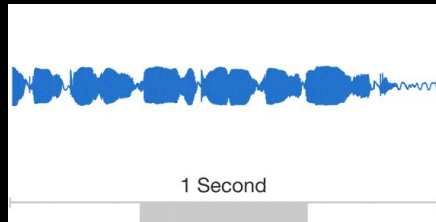
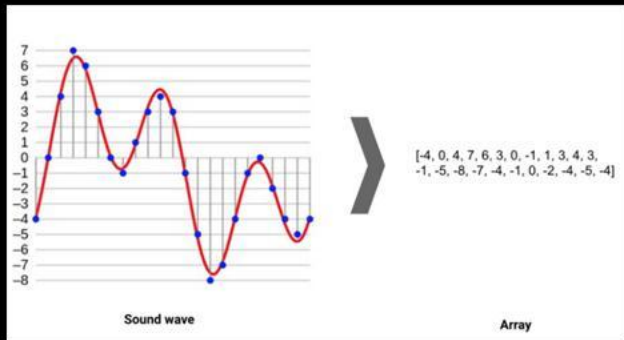
**Descriptions** [Graphic Summary](#) [Alignments](#) [Taxonomy](#)

Sequences producing significant alignments [Download](#) [New Select columns](#) Show 100 [?](#)

select all 100 sequences selected [GenBank](#) [Graphics](#) [Distance tree of results](#) [New MSA Viewer](#)

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Digitaria exilis annotation</a>	<a href="#">Digitaria exilis</a>	46.1	82.3	33%	0.23	100.00%	41484145	<a href="#">LR792825.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Digitaria exilis annotation</a>	<a href="#">Digitaria exilis</a>	46.1	46.1	33%	0.23	100.00%	42379666	<a href="#">LR792824.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Digitaria exilis genome assembly, chromosome: 3B</a>	<a href="#">Digitaria exilis</a>	46.1	82.3	33%	0.23	100.00%	41484145	<a href="#">LR761610.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Digitaria exilis genome assembly, chromosome: 3A</a>	<a href="#">Digitaria exilis</a>	46.1	46.1	33%	0.23	100.00%	42379666	<a href="#">LR761609.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Digitaria exilis genome assembly, chromosome: 3B</a>	<a href="#">Digitaria exilis</a>	46.1	82.3	33%	0.23	100.00%	41484145	<a href="#">LR994609.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Digitaria exilis genome assembly, chromosome: 3A</a>	<a href="#">Digitaria exilis</a>	46.1	46.1	33%	0.23	100.00%	42379666	<a href="#">LR994608.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Paenibacillus sp. RUD330 chromosome, complete genome</a>	<a href="#">Paenibacillus s...</a>	44.1	78.3	47%	0.92	100.00%	5564368	<a href="#">CP022655.2</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Salmo trutta genome assembly, chromosome: 7</a>	<a href="#">Salmo trutta</a>	44.1	44.1	32%	0.92	100.00%	59837330	<a href="#">LR584430.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Aphantopus hyperantus genome assembly, chromosome: Z</a>	<a href="#">Maniola hypera...</a>	42.1	42.1	30%	3.6	100.00%	17539550	<a href="#">LR761650.1</a>

## Аудиоанализ (ASR)



# Полезные ссылки:

[https://en.wikipedia.org/wiki/Protein\\_music](https://en.wikipedia.org/wiki/Protein_music)

<http://www.reviberoammicol.com/2005-22/242248.pdf>

[https://ecommons.udayton.edu/cgi/viewcontent.cgi?article=1047&context=uhp\\_theses](https://ecommons.udayton.edu/cgi/viewcontent.cgi?article=1047&context=uhp_theses)

<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>

<https://medium.com/nuances-of-programming/анализ-аудиоданных-с-помощью-глубокого-обучения-и-python-часть-1-2056fef8525e>

<https://www.youtube.com/watch?v=5ZPk0sW2oMM>



**Спасибо за внимание!**

