Добрый вечер,
уважаемые биоинформатики
и биоинформатикессы!

заседание на тему:

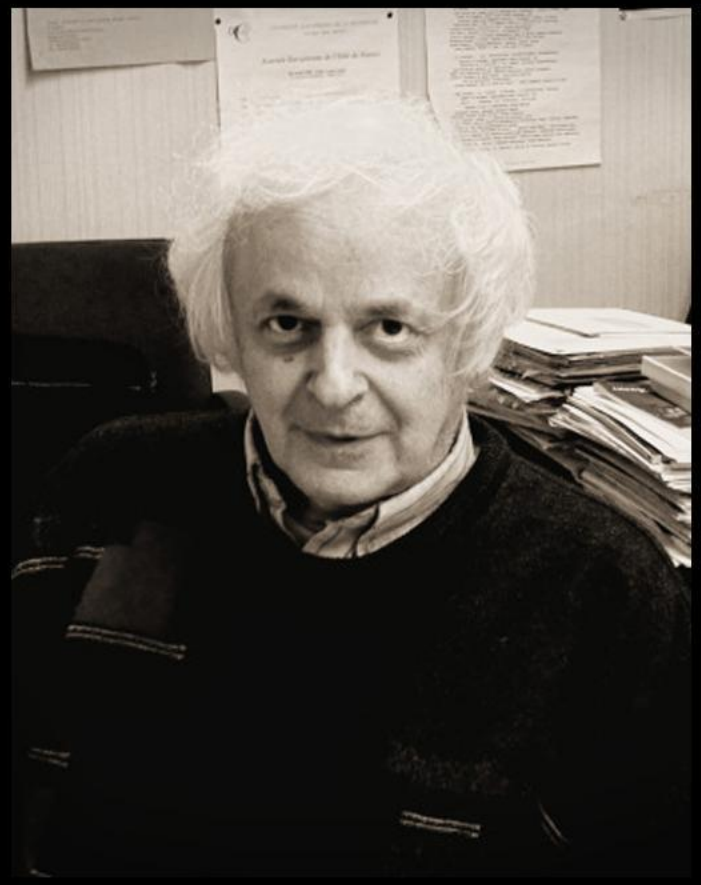
Музыкальный геном

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



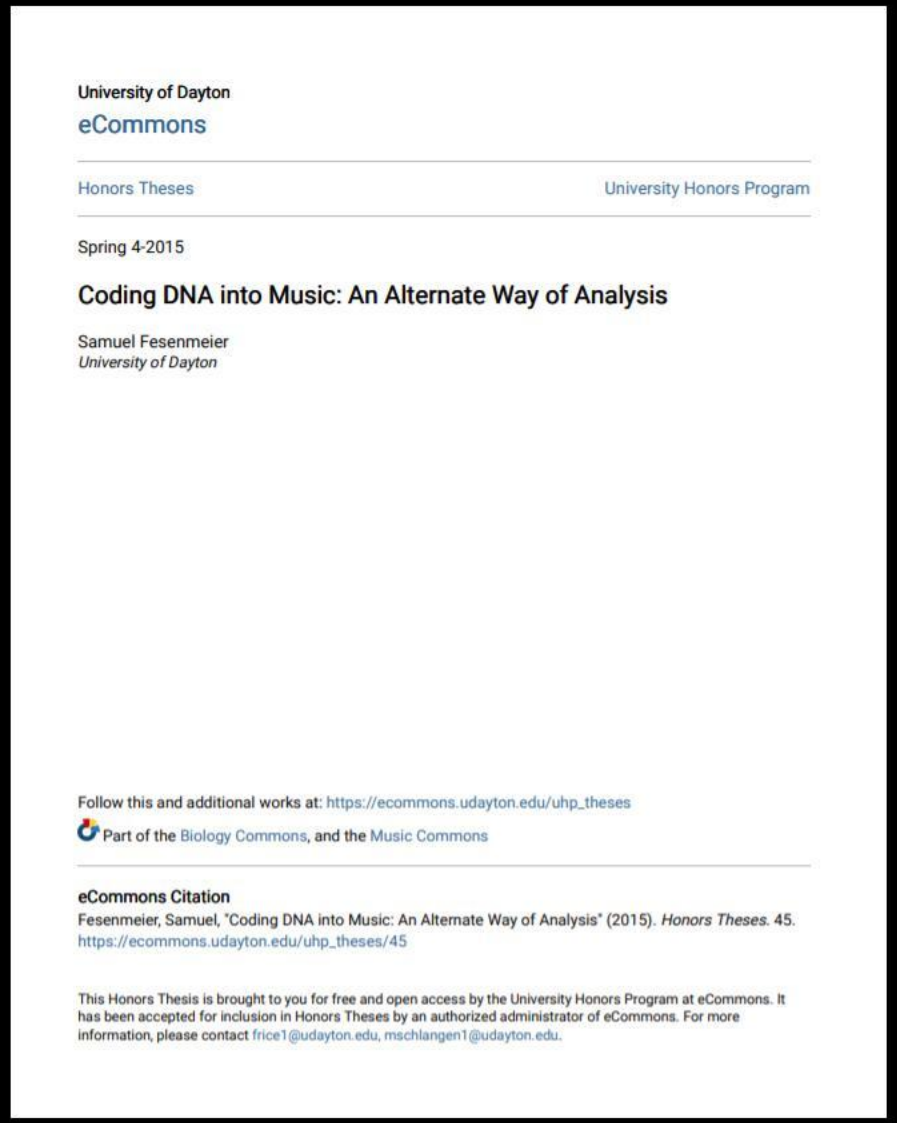
Joël Sternheimer

История

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

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

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, 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 Beta Sheet	Chords
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

Quatenary 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
Polar +		
R	-4.5	E2
K	-3.9	D3
Polar		
N	-3.5	E3
Q	-3.5	A3
H	-3.2	D4
Y	-1.3	E4
S	-0.8	A4
T	-0.7	E5
Polar -		
D	-3.5	D5
E	-3.5	A5
Stop		B4

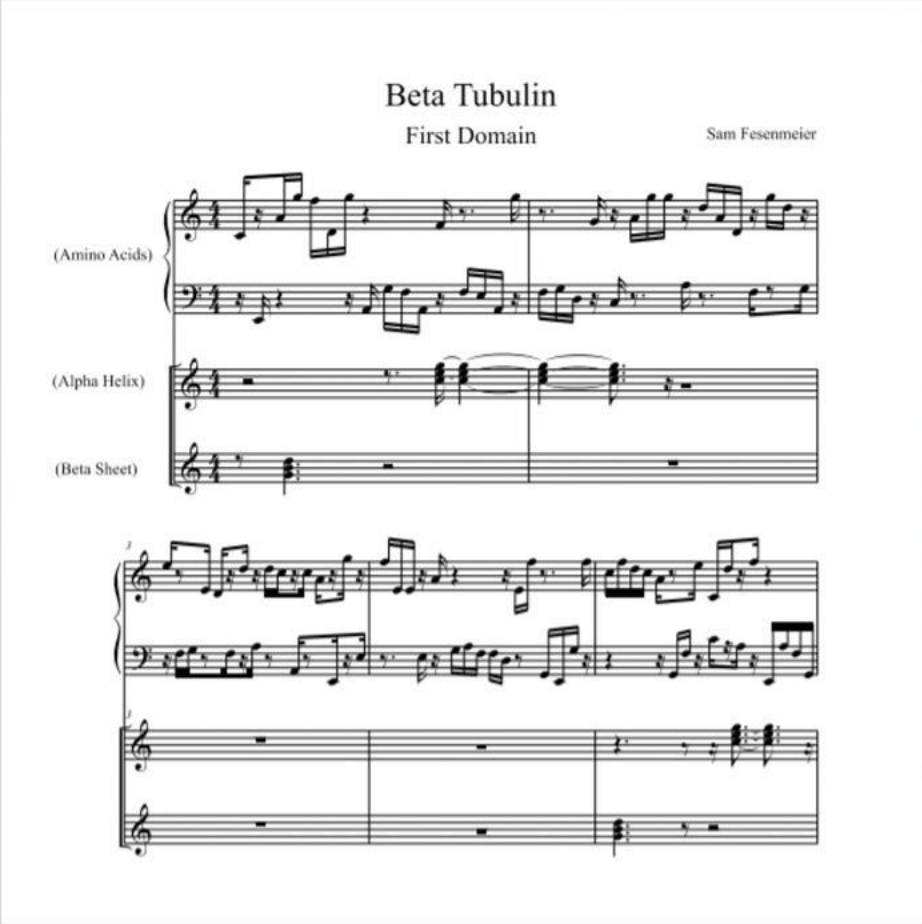
*pitch - высота звука
*chords - аккорд
*key - тональность

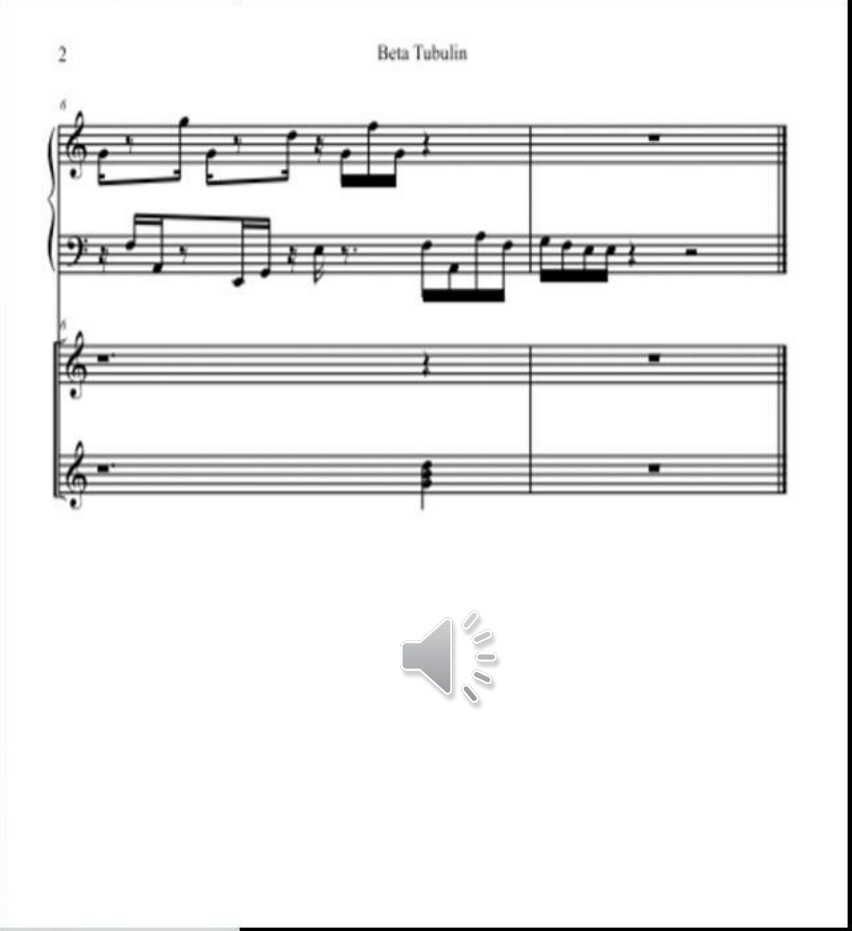
Coding DNA into Music: An Alternate Way of Analysis

Samuel Fesenmeier

ЛитОбзор

(небольшой)





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 Правка Формат Вид Справка

ATTAAAGGTTTATACCTTCCCAGGTAACAAACCAACCAACTTTCGATCTCTTGTAGATCTGTTCTCTAAA
CGAACTTTAAAATCTGTGTGGCTGTCACTCGGCTGCATGCTTAGTGCACTCACGCAGTATAATTAATAAC
TAATTACTGTCGTTGACAGGACACGAGTAACTCGTCTATCTTCTGCAGGCTGCTTACGGTTTCGTCCGTG
TTGCAGCCGATCATCAGCACATCTAGGTTTCGTCCGGGTGTGACCGAAAGGTAAGATGGAGAGCCTTGTC
CCTGGTTTCAACGAGAAAACACACGTCCAACTCAGTTTGCCTGTTTTACAGGTTCGCGACGTGCTCGTAC
GTGGCTTTGGAGACTCCGTGGAGGAGGTCTTATCAGAGGCACGTCAACATCTTAAAGATGGCACTTGTGG

Практика!

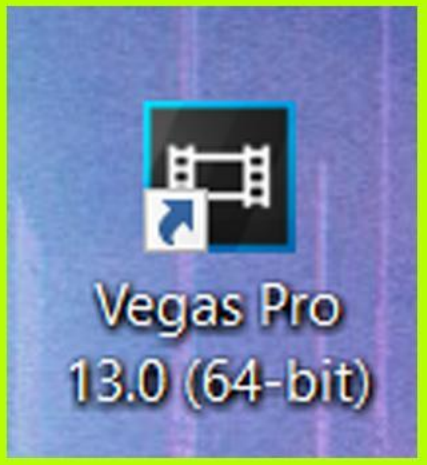
Алгоритм:

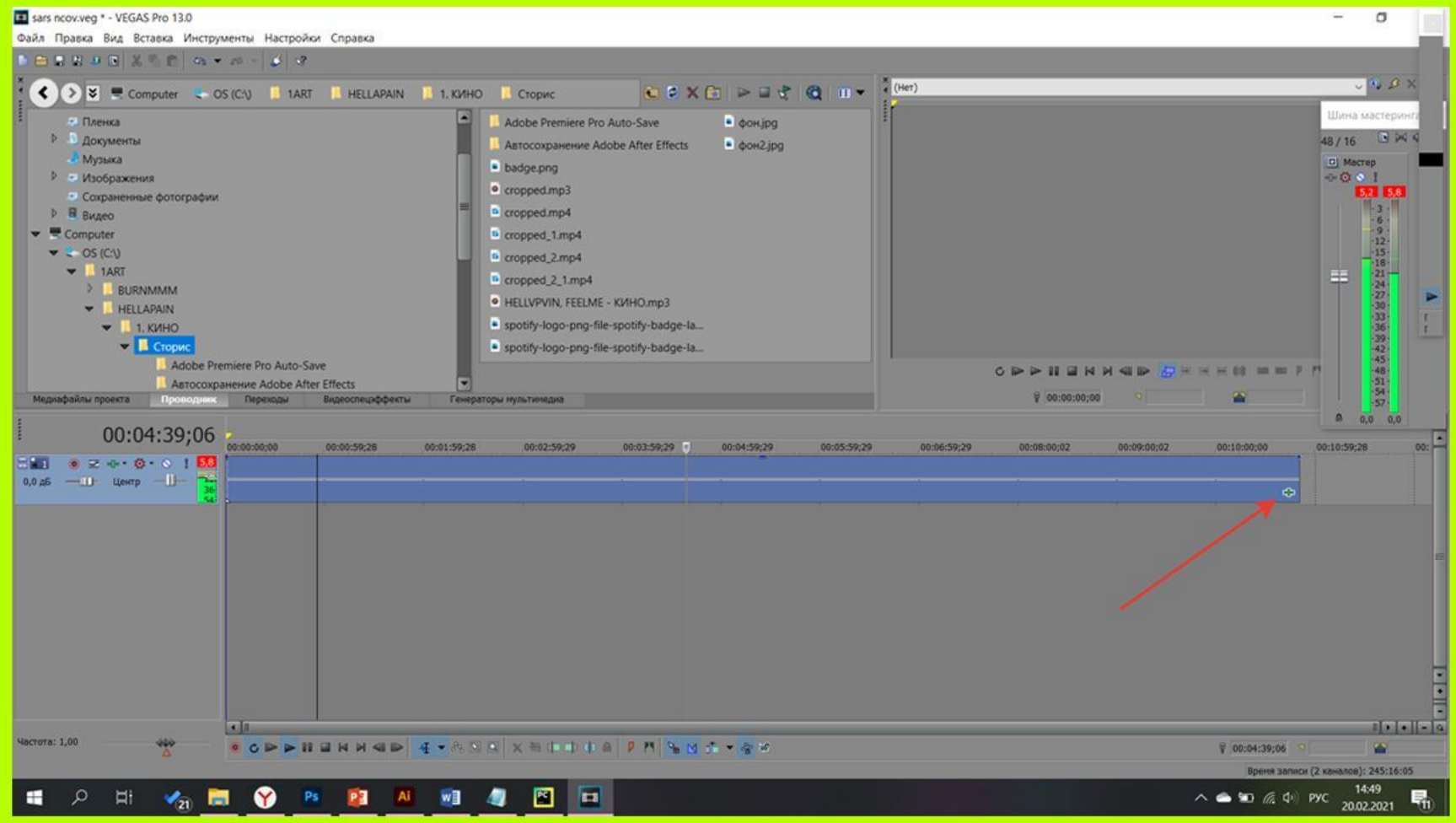
- winsound
- „gen“ dict
- „gen2freq()“

main.py

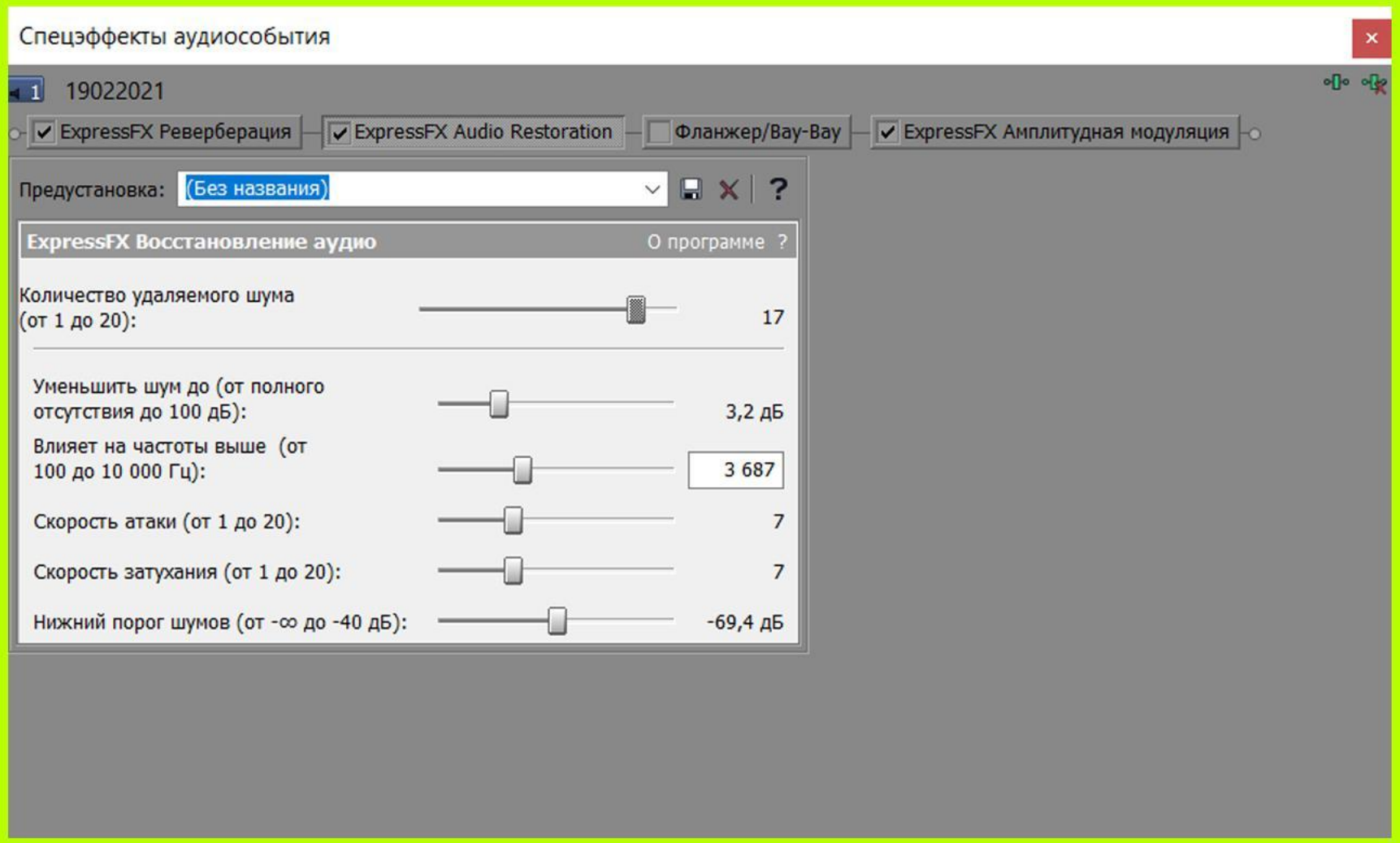
```python
import winsound

seq = open('seq_corona.txt')
seqlen = len(seq.read())
seq.seek(0)
seqstr = ''.join(seq.read().splitlines()).lower()
seq.seek(0)

gen = {...}

def gen2freq(trip):
    if trip in gen:
        return gen[trip]
    else:
        print('error')

for i in range(0, seqlen, 1):
    winsound.Beep(gen2freq(seqstr[i:i+3]), 300) # 8000

seq.close()
```

Практика!


Vegas Pro
13.0 (64-bit)


sars ncov.veg * - VEGAS Pro 13.0
Файл Правка Вид Вставка Инструменты Настройки Справка
Computer
OS (C:\)
1ART
HELLAPAIN
1. КИНО
Сторис
Пленка
Документы
Музыка
Изображения
Сохраненные фотографии
Видео
BURNMMM
Adobe Premiere Pro Auto-Save
Автосохранение Adobe After Effects
фон.jpg
фон2.jpg
badge.png
cropped.mp3
cropped.mp4
cropped_1.mp4
cropped_2.mp4
cropped_2_1.mp4
HELLVPVIN, FEELME - КИНО.mp3
Медиафайлы проекта
Проводник
Переходы
Видеоспецэффекты
Генераторы мультимедиа
00:04:39;06
Мастер
Частота: 1,00
Время записи (2 каналов): 245:16:05
РУС
14:49
20.02.2021

Практика!


Спецэффекты аудиособытия
1
19022021
ExpressFX Реверберация
ExpressFX Audio Restoration
Фланжер/Вау-Вау
ExpressFX Амплитудная модуляция
Предустановка:
(Без названия)
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):
3 687
Скорость атаки (от 1 до 20):
7
Скорость затухания (от 1 до 20):
7
Нижний порог шумов (от -∞ 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

Что дальше?

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

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
C:\1CODE\venv\Scripts\python.exe C:/1CODE/main.py
tcttcttcttttgtatctttgtatctcaacaacaactagtatcttttgtatctccctcttctcccccgcgcctcctatccgctggggtcgtagaggtattttggtttgtatct
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

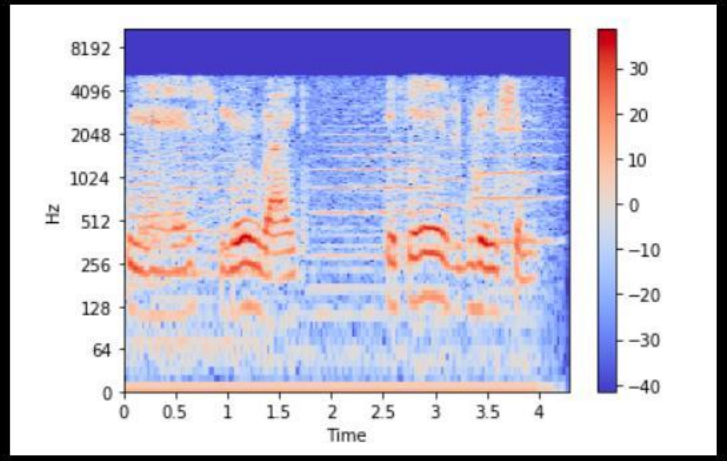
Sequences producing significant alignments Download New Select columns Show 100

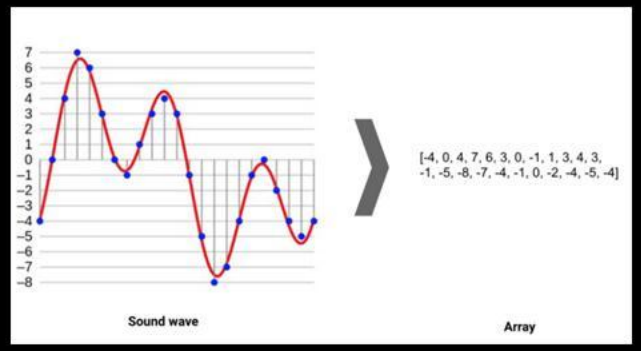
select all *100 sequences selected* GenBank Graphics Distance tree of results New MSA Viewer

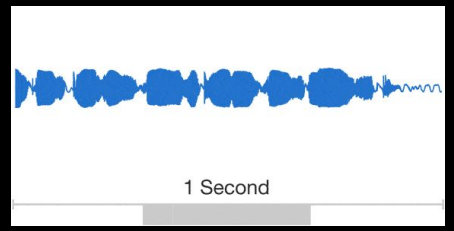
Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
Digitaria exilis annotation	Digitaria exilis	46.1	82.3	33%	0.23	100.00%	41484145	LR792825.1
Digitaria exilis annotation	Digitaria exilis	46.1	46.1	33%	0.23	100.00%	42379666	LR792824.1
Digitaria exilis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

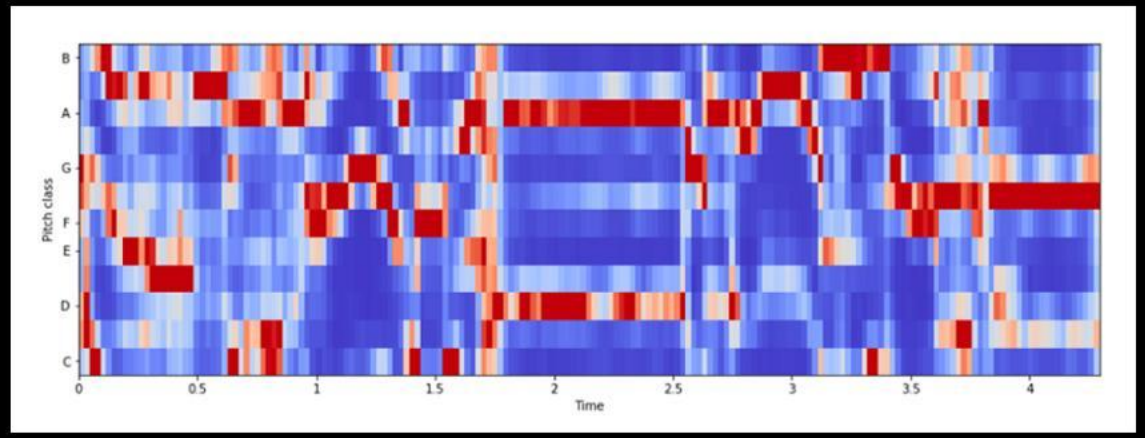
Что дальше? 2

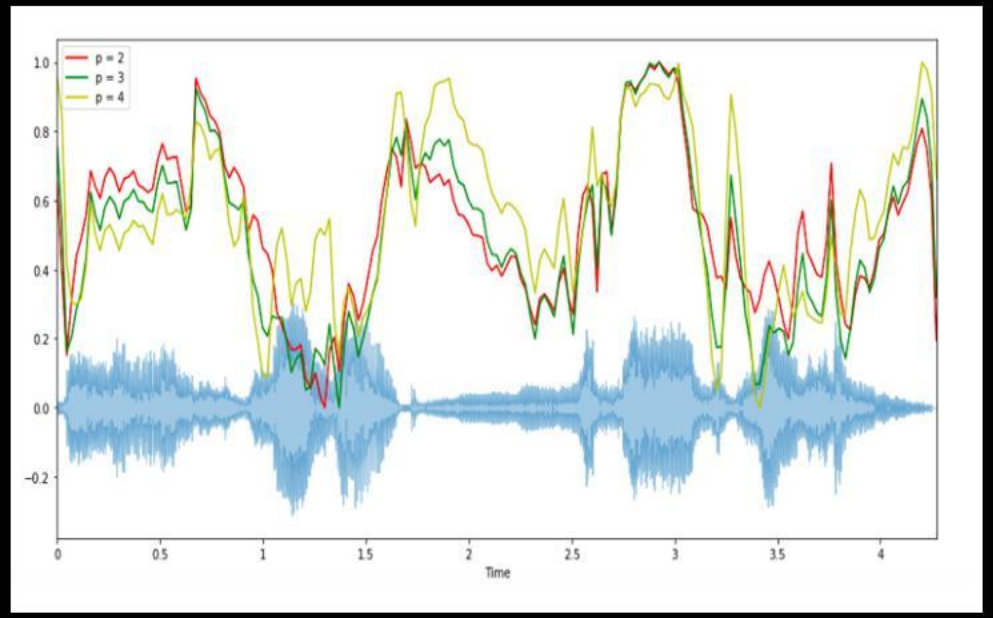
Аудиоанализ (ASR)











Полезные ссылки:

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://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!