

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

**заседание на тему:**

**Музыкальный  
геном**



# Введение ■

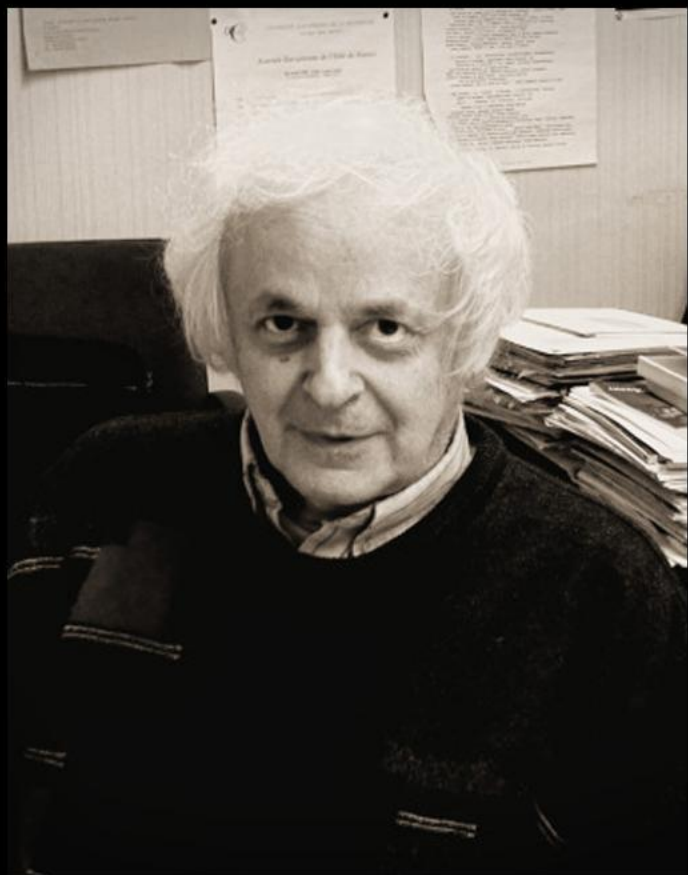
**Music may serve as a powerful tool because we will be able to use to analyze long codings in a short period of time, and the entire phrases will connect in some way. When you listen to a song the order of the chords and phrases have an impact on the entire sound.**

**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)

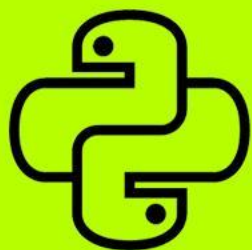
(Beta Sheet)

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 music. The first system has two measures, and the second system has two measures. The music is written in a style that combines traditional notation with elements that suggest a connection to DNA or protein structure.

2 Beta Tubulin

The image shows a musical score for Beta Tubulin, page 2. It consists of two systems of music. The first system has two measures, and the second system has two measures. The music is written in a style that combines traditional notation with elements that suggest a connection to DNA or protein structure. A speaker icon is visible below the score, indicating that there is audio content associated with this page.





# 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_равка  Формат  В_ид  С_правка
|ATTAAAGGTTTATACCTTCCCAGGTAACAAACCAACCAACTTTCGATCTCTTGTAGATCTGTTCTCTAAA
CGAACTTTAAAATCTGTGTGGCTGTCACTCGGCTGCATGCTTAGTGCACTCACGCAGTATAATTAATAAC
TAATTA CTGTCGTTGACAGGACACGAGTAACTCGTCTATCTTCTGCAGGCTGCTTACGGTTTCGTCCGTG
TTGCAGCCGATCATCAGCACATCTAGGTTTCGTCCGGGTGTGACCGAAAGGTAAGATGGAGAGCCTTGTC
CCTGGTTTCAACGAGAAAACACACGTCCAACCTCAGTTTGCCTGTTTTACAGGTTTCGCGACGTGCTCGTAC
GTGGCTTTGGAGACTCCGTGGAGGAGGTCTTATCAGAGGCACGTCAACATCTTAAAGATGGCACTTGTGG
```





# Практика! ■

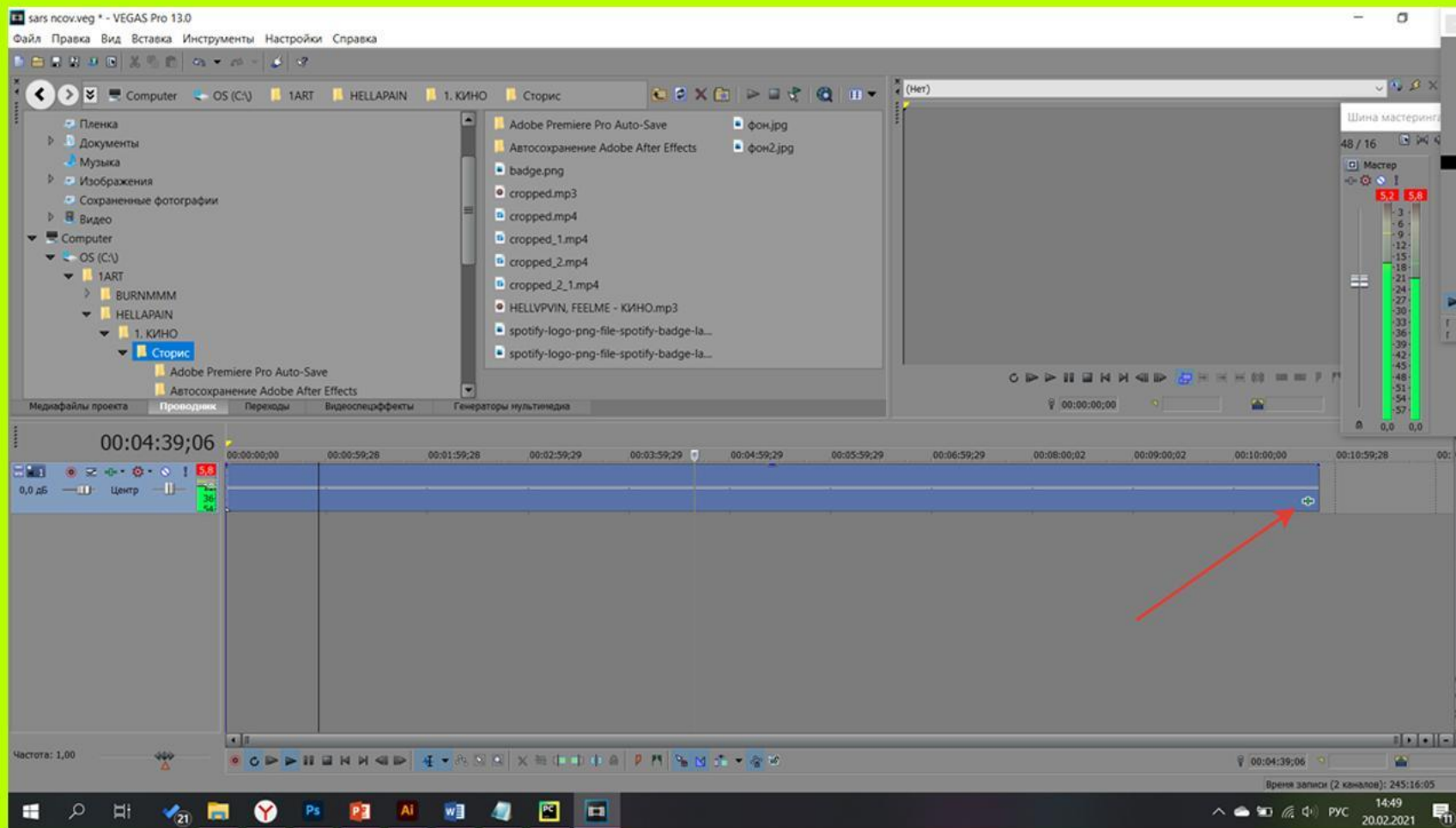
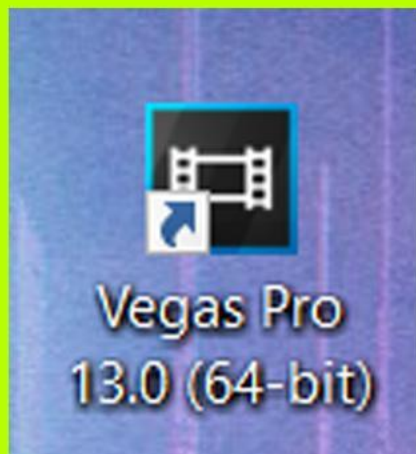
## Алгоритм:

- 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!





# 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  
tcttctcttttgtatcttttgtatctcaacaacaactagtagtcttttgtatctccctcttctccccgcgcctcctatccgctggggtcgtagaggatcttttggtttgtatct  
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](#)

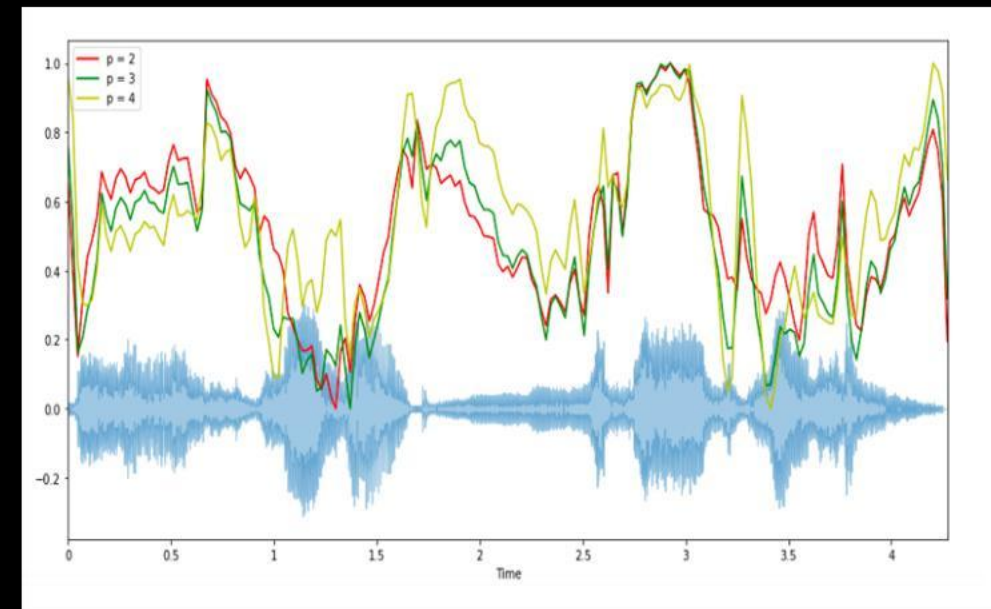
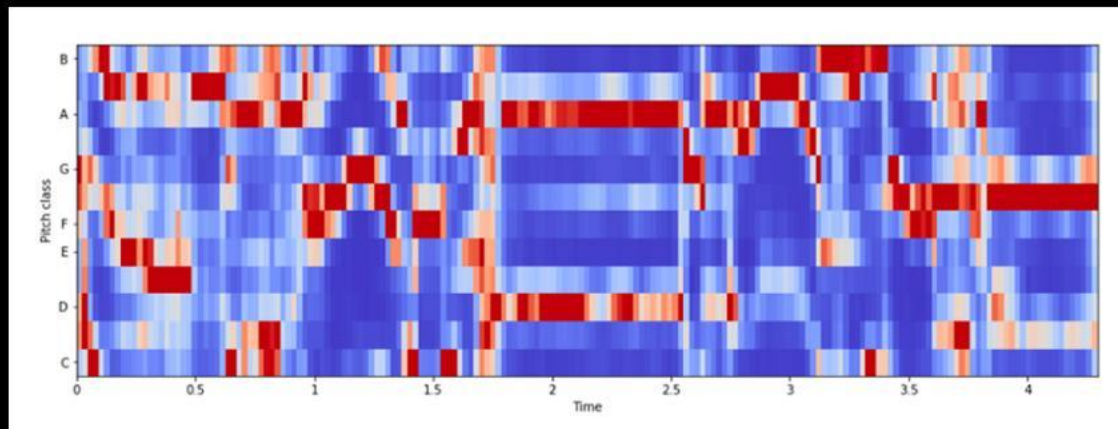
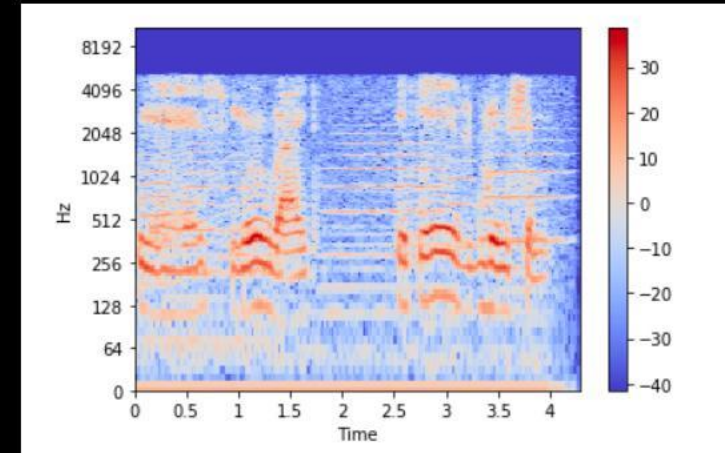
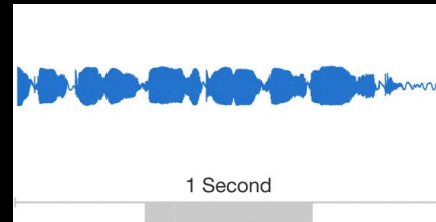
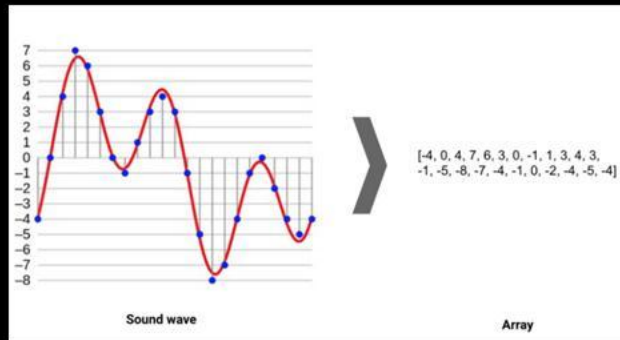
Sequences producing significant alignments [Download](#) [New Select columns](#) Show  [?](#)

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!**

