

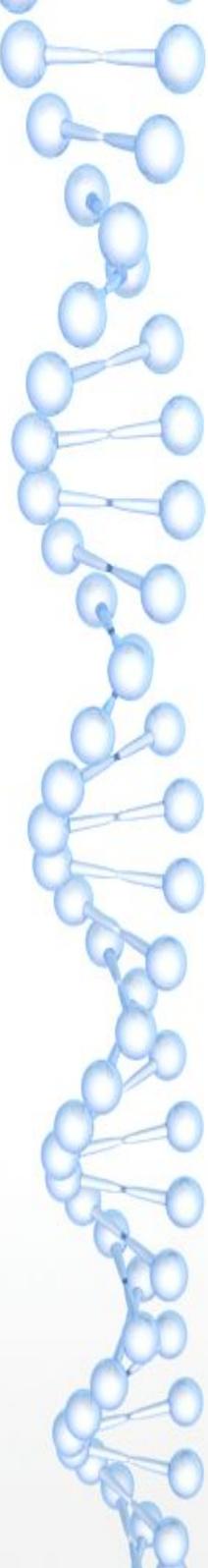
Выявление мутантных форм белков в раковых клеточных линиях

Авторы работы: Ольховский Илья
Федорова Анна

Научный руководитель: Вяткина
Кира Владимовна

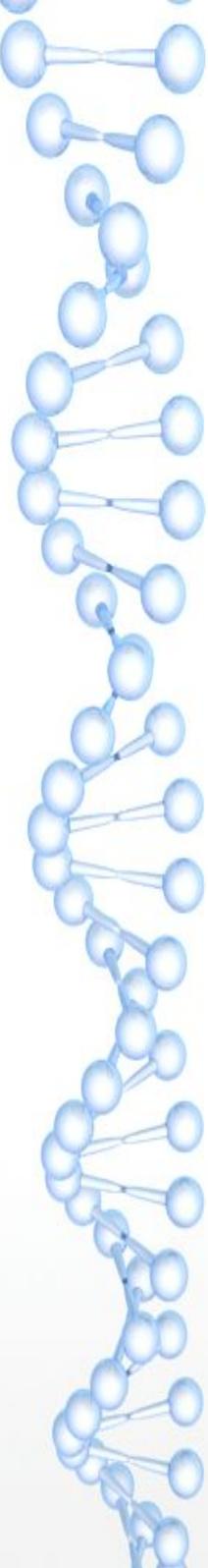
Бакалавриат АУ. 1-й курс, 2-й семестр

Ссылка на репозиторий с кодом программы:
<https://fedannie@bitbucket.org/fedannie/bioinformatics-project.git>



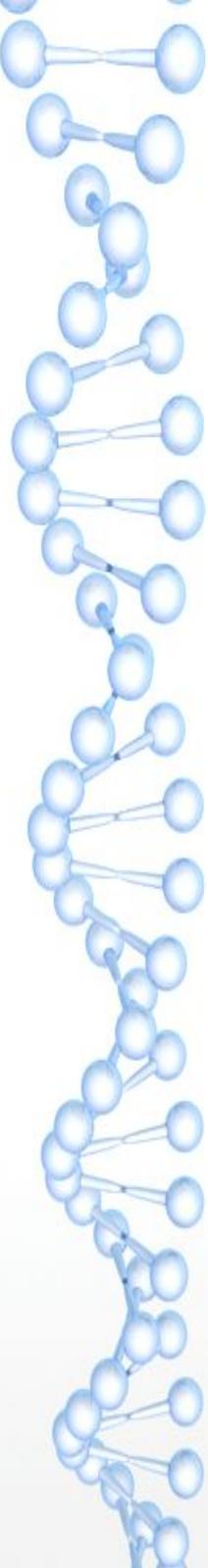
Введение

- Что такое масс-спектрометрия.
- Идентификация и *de novo*-секвенирование.
- Точечные мутации, как биомаркеры рака.



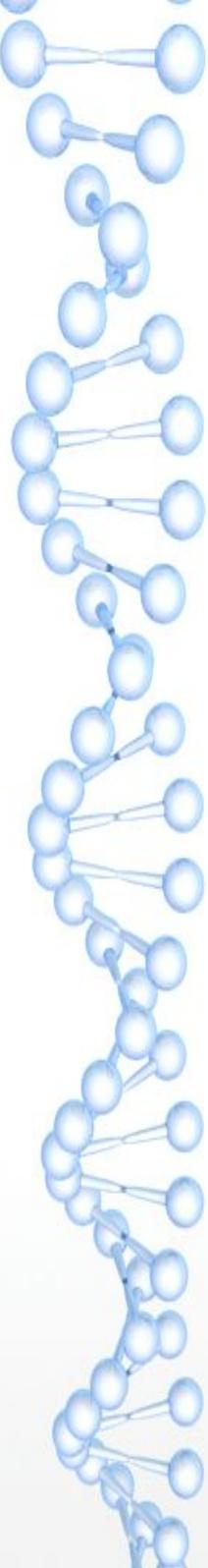
Задачи

- **Сгенерировать набор гипотез о том, какие вариантные пептиды могут соответствовать предложенным масс-спектрам.**
-
-
- Из данного набора масс-спектров выделить те, которые могут соответствовать пептидам с точечной мутацией.
- Предложить возможные варианты мутации, выбрать из них наиболее вероятные.
- Проверить полученные данные в системе Blast.



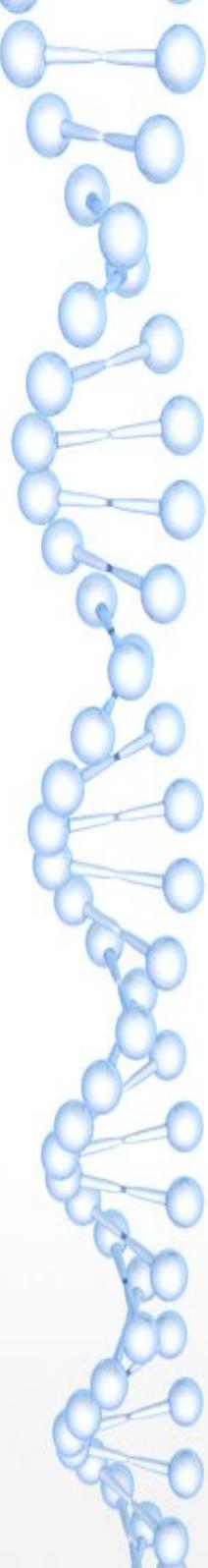
Методы решения

- . Найти тэги, извлечённые из не идентифицированных ранее пептидов.
- . Найти тэги в базе данных белков, как подстроки, продлить их до пептидов.
- . Предложить биологически возможные мутации.
- . Сравнить теоретическую массу мутировавших пептидов с массой, полученной в ходе эксперимента.
- . Оценить вероятность мутации.
- . Оценить сходство теоретического масс-спектра мутировавшего пептида и экспериментального масс-спектра.
- . Проверить, был ли ранее обнаружен пептид с



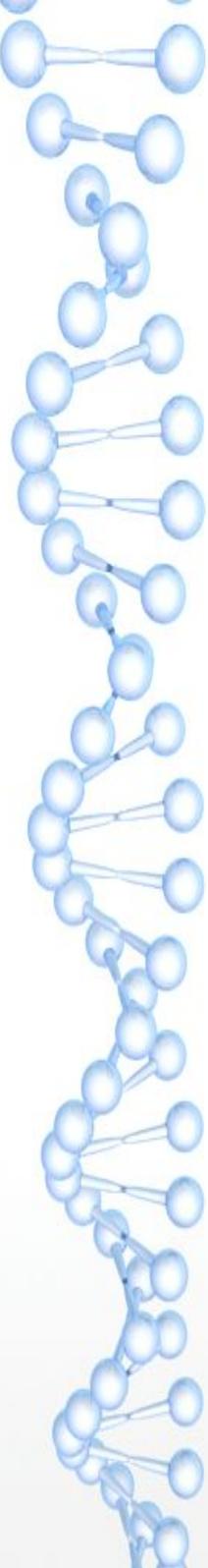
Возникшие проблемы

- . Наивный алгоритм поиска подстрок работает долго.
- . Было неудобно реализовывать проект на одном языке программирования.
- . Не удалось научиться работать с интерфейсом blast для c++.
- . Интефейс blast для python работает очень долго.



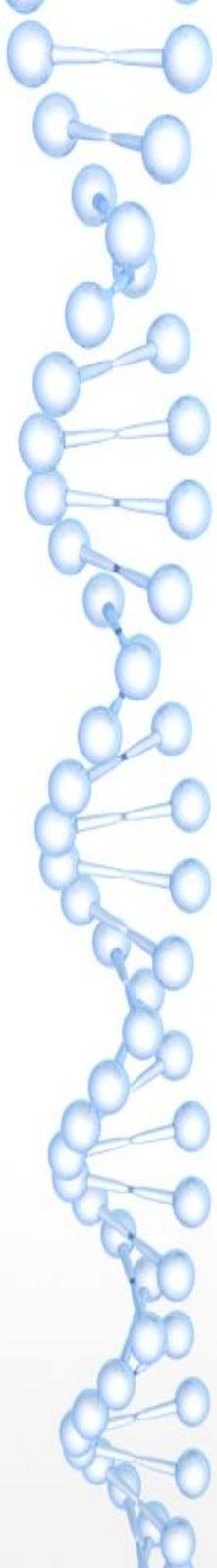
Результаты проделанной работы

- Программа, решающая поставленную задачу.
-
-
- Мы научились работать в команде.
- Мутировавшие пептиды, предложенные программой, отличаются от известных науке на сегодняшний день.



Список литературы

- . Neil C. Jones and Pavel A. Pevzner, An introduction to bioinformatics algorithms, 2004.
- . Kira Vyatkina, Si Wu, Lennard J. M. Dekker, Martijn M. VanDuijn, Xiaowen Liu, Nikola Tolic, Mikhail Dvorkin, Sonya Alexandrova, Theo M. Luider, Ljiljana Pasa-Tolic and Pavel A. Pevzner, De Novo Sequencing of Peptides from Top-Down Tandem Mass Spectra, 2015.
- . Р. Экман, Е. Зильберинг, Э. Вестман-Бринкмальм, А. Край. Масс-



Спасибо за внимание!