**Слайд 1**

Добрый день, дорогие коллеги. Я бы хоте представить вам свою работу, которая называется: «Mutation Detector. Программное обеспечение для обнаружения точечных аминокислотных замен».

**Слайд 2**

Все процессы, которые будут описываться далее происходят в аминокислотах и пептидах, поэтому необходимо рассказать, что это такое. Пептиды – это соединения в которые входят от 3 до 50 аминокислот, белки – это соединения, в которые входят более 50 аминокислот.

**Слайд 3**

Как в клетках возникают аминокислоты. В начале в клетке происходит транскрипция, процесс при котором все нуклеотиды в последовательности ДНК заменяются на комплиментарные им нуклеотиды в матричную РНК, далее происходит трансляция, процесс, при котором образуется последовательность аминокислот. Три последовательных нуклеотида (кодон) кодируют одну аминокислоту. Если произойдет какой-либо сбой в данной большом процессе, то белки будут функционировать неправильно. А причинами таких сбоев могут быть самые разные факторы. В данной работе рассматривался один из самых примечательных – однонуклеотидные замены в геноме. Если в цепи ДНК один нуклеотид заменится на другой, то, соответственно, может заменится аминокислота в полученной последовательности аминокислот.

**Слайд 4**

Также с пептидом может произойти пост-трансляционная модификация. ПТМ – это изменение химического состава аминокислоты посредствам добавления какой-либо химической группы. Например, метионин может окислиться.

**Слайд 5**

В итоге, с пептидом может произойти замена аминокислоты, а может птм. При каждой из этих модификаций изменяется масса пептида