

Алгоритмическая модель аттенуаторной регуляции

Научный руководитель – Любецкий Василий Александрович

Машкова Ольга Анатольевна

Студент (специалист)

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова,
Механико-математический факультет, Кафедра математической логики и теории
алгоритмов, Москва, Россия
E-mail: olgamsh2000@mail.ru

Для биологического процесса, описанного ниже, разработана алгоритмическая модель [2, 3], в соответствии с которой выполнены вычисления и получены численные результаты для генов *ilvBNC* бактерии *Corynebacterium glutamicum* и её мутаций. Результаты согласуются с экспериментальными данными. Состояние динамической вероятностной модели описывается записью на ленте - словом в 4-х буквенном алфавите {A,C,T,G}, включая пометки текущего положения двух головок - *R* и *P* (каждая имеет фиксированную ширину) и вторичной структуры между ними. Исходно на ленте записывается последовательность в 4-х буквенном алфавите, в которой отмечен префикс с длиной три, который называется лидерным геном. Три соседние буквы в лидерном гене называются кодоном. Вторичной структурой называется цепочка непересекающихся палиндромов (по правилу C-G и A-T) в исходной последовательности. Головки *R* и *P* читают соответственно кодоны и отдельные буквы; они могут сдвинуться только вправо; за один такт *R* сдвигается на один кодон или остаётся на месте, на последнем кодоне *R* остаётся на месте или покидает ленту; *P* сдвигается на одну букву, остаётся на месте или покидает ленту. Вычисляется вероятность покидания ленты головкой *P* в зависимости от скорости движения головки *R*, которая определяется по параметру *c*, описывающему концентрацию регулируемого вещества. Для вычисления многократно проигрывается прохождение *R* и *P* по фиксированной исходной последовательности.

Биологическое содержание: аттенуацией называется один из механизмов регуляции транскрипции оперонов у бактерий и архей, основанный на сопряжении процессов транскрипции и трансляции и контролирующей продукцию аминокислот [1]. В синтезируемой мРНК складывается вторичная структура, которая может вызвать преждевременную терминацию транскрипции. Терминация зависит от скорости движения рибосомы, считывающей лидерный ген, которая зависит от концентрации регулируемой аминокислоты.

Источники и литература

- 1) 1. Королев С. А., Селиверстов, А. В., Зверков, О. А., Любецкий, В. А. Классическая аттенуаторная регуляция, зависящая от концентрации триптофана, у актинобактерий // Современные информационные технологии и ИТ-образование. Т. 2. No. 11. 2015. С. 565-568.
- 2) 2. Lyubetsky V., Pirogov S., Rubanov L., Seliverstov A. Modeling Classic Attenuation Regulation of Gene Expression in Bacteria // Journal of Bioinformatics and Computational Biology. Vol. 5. No. 1. 2007. P. 155-180.
- 3) 3. Модель РНК-овой регуляции у бактерий: <http://lab6.iitp.ru/ru/rnamodel/>