

Программное обеспечение для компьютерного исследования особенностей элонгации трансляции (на примере одноклеточных организмов рода *Mycoplasma*)

СОКОЛОВ ВЛАДИМИР СЕРГЕЕВИЧ

Институт цитологии и генетики СО РАН (Новосибирск), Россия

e-mail: sokovlad1@mail.ru

ЛИХОШВАЙ ВИТАЛИЙ АЛЕКСАНДРОВИЧ

Институт цитологии и генетики СО РАН (Новосибирск), Россия

МАТУШКИН ЮРИЙ ГЕОРГИЕВИЧ

Институт цитологии и генетики СО РАН (Новосибирск), Россия

В современной биологии изучение эффективности и способов оптимизации экспрессии генов представляет собой актуальную и существенную для теории и практики задачу. Ее исследование важно как с точки зрения фундаментальной науки – получение теоретических оценок экспрессии генов в тех организмах, экспериментальные данные по которым пока еще недоступны, так и в практическом приложении, например, для планирования генно-инженерных экспериментов.

Результаты исследований в данной области показывают, что для одноклеточных организмов и многих многоклеточных существует зависимость уровня экспрессии генов от таких факторов как кодонный состав гена, наличие и распределение вторичных структур в мРНК и «прочность» этих структур [1]. В зависимости от сочетания этих факторов выделяется 5 групп организмов, по-разному оптимизировавших первичную структуру своих генов в процессе эволюции [2].

В работе описывается программное обеспечение (интернет доступное и консольное), реализующее алгоритм исследования секвенированного генома. Алгоритм вычисляет для каждого гена параметры, связанные с его кодонным составом и «прочностью» вторичных структур мРНК. Также представлены результаты работы программы в применении к геномам одноклеточных организмов, принадлежащих к роду *Mycoplasma*. В результате анализа 42 геномов различных видов *Mycoplasma* выделены три, значительно отличающиеся от остальных. В геномах данных организмов снижено среднее количество вторичных структур. Предполагается, что это может быть связано с особенностями их паразитического образа жизни.

Литература

1. Н.В. Владимиров, В.А. Лихошвай, Ю.Г. Матушкин, Корреляция частот кодонов и потенциальных вторичных структур с эффективностью трансляции мРНК в одноклеточных организмах, Мол. Биол. 2007.
2. Vitali A. Likhoshvai, Yuri G. Matushkin, Differentiation of single-cell organisms according to elongation stages crucial for gene expression efficacy, FEBS, 2002.