

В лаборатории «Математических методов и моделей в биоинформатике» на основе современной математической теории гиббсовских полей, многокритериальной оптимизации и обширных экспериментальных биологических данных **получены математические модели фундаментальных процессов транскрипции и регуляции в клетке, эволюции регуляторных систем.**

Предложенный подход позволяет выполнять эффективные вычисления с объемами данных порядка десятков-сотен гигабайт, необходимые при исследовании этих моделей и получении биологических выводов.

Разработаны эффективные алгоритмы и программное обеспечение, которые свободно доступны.

Эти **модели позволили получить**, в частности, следующие **биологические результаты:**

- 1) механизмы **регуляции инициации трансляции** у бактерий и в пластомах: изолейцил-тРНК синтетазы посредством Т-боксов, 2-изопротилмалатсинтазы посредством LEU-элемента у многих актиномицетов, включая возбудителей туберкулеза и дифтерии;
- 2) механизмы **регуляции транскрипции** генов метаболизма аминокислот у бактерий, метаболизма азота у цианобактерий и в хлоропластах водорослей;
- 3) механизм **процессинга мРНК** бруцелл, нарушение которого предотвращает незавершенный фагоцитоз; **регуляции транскрипции и трансляции** в пластидах споровиков – возбудителей протозойных инфекций, включая токсоплазмоз, эймериоз и малярию; предсказано воздействие антибиотиков на споровиков.

Также **модели** позволили описать:

- 4) механизм **ответа изолированных хлоропластов на тепловой и холодной шоки**; и количественные предсказания результатов **воздействия точечных мутаций и эпигенетических нарушений** в митохондриях животных на их фенотип. Объяснить влияние на фенотип генетических изменений в митохондриальной ДНК человека (**MELAS-болезни**) и нарушений метилирования ДНК при недостатке гормонов;
- 5) механизмы **задержки транскрипции до завершения сплайсинга**;
- 6) совместная **эволюция промоторов и сигма-субъединиц РНК-полимераз** пластид растений, водорослей и споровиков; **сайтов и факторов** у бактерий (пролин etc)