



30-я КОНФЕРЕНЦИЯ МОЛОДЫХ УЧЕНЫХ
И СПЕЦИАЛИСТОВ ИППИ РАН

Информационные технологии и системы ИТиС'07

СБОРНИК ТРУДОВ КОНФЕРЕНЦИИ

г. Звенигород, 18-21 сентября 2007 г.

ББК 32.81
И 741

Информационные Технологии и Системы (ИТиС'07)
Москва: ИППИ РАН, 2007. – 370с.

Издание содержит труды 30-й конференции молодых ученых и специалистов Института проблем передачи информации им. А.А.Харкевича Российской академии наук (ИППИ РАН) «Информационные технологии и системы» (ИТиС'07). Конференция явилась продолжением серии традиционных конференций, организованных Советом молодых ученых и специалистов ИППИ РАН в предшествующие годы.

Основная цель Конференции ИТиС'07 – дать возможность молодым ученым и специалистам различных подразделений ИППИ РАН, а также студентам, аспирантам и молодым ученым других институтов РАН, отраслевых институтов, университетов и вузов, познакомиться с коллегами и обменяться научными достижениями по основным для ИППИ РАН направлениям научной деятельности: теория передачи и защиты информации; математическая теория информации и управления, многокомпонентные случайные системы; информационно-коммуникационные технологии и их применение в сложных системах и сетях; информационные процессы в живых системах и биоинформатика; компьютерная лингвистика и моделирование естественного языка.

Все включенные в данный сборник работы опубликованы в том виде, в котором они были представлены авторами, среди которых молодые ученые и специалисты ИППИ РАН, ИМБ РАН, ИМГ РАН, ИОГен РАН, ИПУ РАН, МГТУ им. Н.Э. Баумана, МГУ им. М.В. Ломоносова, МИФИ (ГУ), МТУСИ, МФТИ (ГУ), НИИ биомедицинской химии РАМН, УФСИН России по Псковской области, ФГУП ГосНИИГенетика и Центрального НИИ эпидемиологии Роспотребнадзора.

Труды Конференции могут представлять интерес для ученых, студентов и аспирантов, специализирующихся в областях науки, связанных с перечисленными выше научными направлениями.

Конференция проведена при финансовой поддержке Целевой программы Президиума РАН «Поддержка молодых ученых 2007 г.».

ISBN 978-5-7834-0193-0

© Институт проблем передачи информации им. А.А. Харкевича
Российской академии наук, 2007

Компьютерный Анализ, Функциональная Аннотация и Изучение Эволюции Т-Бокс Регулона в Бактериях.

А.Г. Витрецак^{1*}, А.А. Миронов^{1,2,3}, В.А. Любецкий¹, М.С.Гельфанд^{1,2}

¹ Институт проблем передачи информации им. А.А. Харкевича РАН, Большой каретный переулок, 19, Москва, 127994

² Факультет биоинженерии и биоинформатики, МГУ им М.В. Ломоносова. Воробьевы горы 1-73, Москва, 119992

³ ГосНИИГенетика, Первый дорожный проезд, 1, Москва 117545

* l_veter@mail.ru

Т-бокс антитерминация является основным механизмом регуляции генов, вовлеченных в метаболизм аминокислот, в Грам-положительных бактериях. Используя набор известных Т-боксов, мы построили паттерн и осуществили поиск Т-боксов во всех доступных секвенированных бактериальных геномах. Анализ Т-боксов привел к новым функциональным аннотациям, в частности мы предсказали аминокислотную специфичность большого числа потенциальных транспортеров аминокислот, а также возможную функцию других генов, вовлеченных в метаболизм аминокислот. Затем, мы изучили эволюцию Т-боксов (нормальную эволюцию, дупликацию, перенос Т-боксов к другим генам, «экспансию»).

1. Введение.

Бактерии используют различные механизмы для регуляции экспрессии генов. В то время как наиболее общим регуляторным механизмом является регуляция транскрипции ДНК-связывающимися белками, имеются другие важные регуляторные механизмы, в частности, регуляция, осуществляемая альтернативными вторичными структурами мРНК в лидерной области генов: преждевременная терминация транскрипции и ингибирование инициации трансляции [1]. Т-бокс антитерминация является основным механизмом регуляции генов, вовлеченных в метаболизм аминокислот, в Грам-положительных бактериях. Т-боксы сайты включают в себя как элементы консервативной последовательности (набор боксов), так и

вторичную структуру мРНК [2]. Используя набор известных Т-боксов, мы построили паттерн и использовали его для поиска Т-боксов во всех доступных секвенированных бактериальных геномах.

2. Результаты.

При помощи разработанной ранее программы RNA-pattern [3] мы нашли более 800 Т-боксов в 90 бактериальных геномах. Филогенетический анализ показал, что Т-боксы антитерминация распространены в Грам-положительных бактериях (главным образом, в Фирмикутах), а также в Актинобактериях. Кроме того, Т-боксы были найдены в некоторых Грам-отрицательных бактериях (δ -протеобактерии) и в некоторых других группах (Deinococcales/Thermales, Chloroflexi, Dictyoglomi). Большинство генов, регулируемых Т-боксами, составляют аминоксил-тРНК синтетазы. Две другие группы генов включают в себя гены биосинтеза аминокислот, аминокислотные транспортеры а также гены с неизвестной функцией. Анализ Т-боксы сайтов привел к новым функциональным аннотациям. Мы предсказали аминокислотную специфичность большого числа потенциальных транспортеров аминокислот, а также возможную функцию других генов, вовлеченных в метаболизм аминокислот.

Затем мы изучили эволюцию Т-боксов. Анализ филогенетических деревьев, построенных по Т-боксам, показал, что кроме нормальной эволюции Т-боксов (вместе с регулируемым генами), Т-боксы могут дублироваться,

перемещаться к другим генам и менять свою специфичность. Мы наблюдали несколько случаев недавней «экспансии» Т-боксов, следующей за потерей существовавшего перед этим регуляторного механизма, в частности, в аргининовом регулоне в *Clostridium difficile* и в метиониновом регулоне в Лактобациллах. Кроме того, мы описали новый структурных класс Т-боксов, включающий в себя дублированные элементы мРНК (терминатор-антитерминатор).

[1] M.S. Gelfand. “acterial cis-Regulatory RNA Structures” *Molecular Biology*, 2006, 40(4): pp. 541-550.

[2] F.J. Grundy, T.M. Henkin. “The T box and S box transcription termination control systems”. *Front Biosci.*, 2003, Jan 1, 8:pp. 20-31. Review.

[3] A.G. Vitreschak., A.A. Mironov and M.S. Gelfand, “The RNApattern program: Searching for RNA secondary structure by the pattern rule” *In Proceedings of the 3rd International Conference on “Complex Systems: Control and Modeling Problems”*, The Institute of Control of Complex Systems, Samara, Russia, September 4–9, 2001, pp. 623–625.