

Сохранение генов в эволюционном развитии видов на основе гомологичности и локальной синтении

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

Разработаны алгоритм [2, 3] и компьютерная программа на языке Python. С их помощью получены численные результаты [1], предсказывающие сохранение генов в эволюционном развитии видов на основе быстро вычисляемых признаков гомологичности и локальной синтении. В работе использовались все доступные белки 18 организмов, в качестве референсного вида выбран протеом лягушки *Xenopus tropicalis*. Численные оценки попарного выравнивания белков были собраны в матрицу, которая затем симметризовалась и нормализовалась. От этой матрицы выполнен переход к матрице генов, кодирующих соответствующие белки. Для каждого гена x из референсного вида R определялись три гена y в заданном виде A с наибольшим сходством и в заданных окрестностях x и y определялись их гены-свидетели, являющиеся лучшими взаимными гомологами. Затем для пары (x, y) осуществлялась обратная проверка наличия гена x' в R , в этом смысле лучше, чем x , соответствующего гену y в A . Если такой x' находится, то y не считался представителем x в A .

Источники и литература

- 1) Korotkova DD, Lyubetsky VA, Ivanova AS, Rubanov LI, Seliverstov AV, Zverkov OA, Martynova NYu, Nesterenko AM, Tereshina MB, Peshkin L, Zaraisky AG. Bioinformatics screening of genes specific for well-regenerating vertebrates reveals c-answer, a regulator of brain development and regeneration // Cell Reports. Vol. 29. № 4.2019. P. 1027–1040. doi: 10.1016/j.celrep.2019.09.038.
- 2) Lyubetsky VA, Rubanov LI, Tereshina MB, Ivanova AS, Araslanova KR, Zverkov OA, Korotkova DD, Zaraisky AG. Wide-Scale Identification of Novel/Eliminated Genes Responsible for Evolutionary Transformations. В печати.
- 3) Rubanov LI, Zaraisky AG, Shilovsky GA, Seliverstov AV, Zverkov OA, Lyubetsky VA. Screening for mouse genes lost in mammals with long lifespans // BioData Mining. Vol. 12. № 1.2019. P. 1-18. doi: 10.1186/s13040-019-0208-x.