

**Корреляция теоретической оценки эффективности элонгации трансляции с экспрессией генов на уровне белка у различных прокариот****Научный руководитель – Клименко Александра Игоревна****Коренская Александра Евгеньевна***Студент (бакалавр)*Новосибирский государственный университет, Факультет естественных наук,  
Новосибирск, Россия*E-mail: aleksandra-korenskaya@mail.ru*

Прогнозирование эффективности элонгации трансляции является важной задачей биоинформатики, позволяющей дать теоретическую оценку эффективности экспрессии генов организма. Эффективность элонгации трансляции конкретных организмов зависит, во-первых, от кодонного состава мРНК. Известно, что синонимичные кодоны встречаются с разной частотой как среди разных видов, так и среди генов одного организма, и использование редких кодонов замедляет синтез белка [1]. Во-вторых, наличие вторичных структур замедляет движение рибосомы по мРНК [2]. В ИЦиГ СО РАН разработан программный комплекс EloE, позволяющий проводить биоинформатический анализ характеристик эффективности элонгации трансляции различных микроорганизмов на основе кодонного состава, количества и энергии вторичных структур в мРНК. В результате работы алгоритма рассчитываются т.н. индексы эффективности элонгации трансляции (eei) для каждого гена исследуемого организма, позволяющие отранжировать список генов микроорганизма в соответствии с теоретической оценкой эффективности элонгации их трансляции [3]. Ранее был проведён анализ корреляции этих оценок с экспериментально измеренным уровнем экспрессии у *S.cerevisiae* и *H.pylori* [4], а также у *M.gallisepticum*. Однако систематического исследования данного вопроса с использованием геномных и протеомных данных для различных групп прокариот ранее не проводилось. В данной работе для 26 видов прокариот полученные значения eei сопоставлялись с протеомными данными и было показано, что наибольшая корреляция характерна для организмов, эффективность элонгации трансляции которых зависит в основном от кодонного состава (0.57). Также изучалось распределение корреляции относительно филогении. Наиболее представленные в анализе классы показали среднюю корреляцию 0.59 для бактерий класса Bacilli и 0.46 для класса Gammaproteobacteria. Показано, что корреляция eei и протеомных данных отрицательно коррелирует с временем удвоения организма. Полученные данные планируется в дальнейшем использовать для оценки предсказательной способности EloE о количестве белка для организмов, принадлежащих определённым таксономическим группам, а также для дальнейшей калибровки работы алгоритма.

**Источники и литература**

- 1) Mohammad F., Green R., Buskirk A.R. A systematically-revised ribosome profiling method for bacteria reveals pauses at single-codon resolution // *Elife*. 2019. Vol. 8. P. 1–25.
- 2) Qu X. et al. The ribosome uses two active mechanisms to unwind messenger RNA during translation. // *Nature*. 2011. Vol. 475, № 7354. P. 118–121.
- 3) Sokolov V. et al. Web application for automatic prediction of gene translation elongation efficiency. // *J. Integr. Bioinform.* 2015. Vol. 12, № 1. P. 256.

- 4) Vladimirov N. V., Likhoshvai V. a., Matushkin Y.G. Correlation of codon biases and potential secondary structures with mRNA translation efficiency in unicellular organisms // Mol. Biol. 2007. Vol. 41, № 5. P. 843–850.