

## **АМИНОКИСЛОТНЫЕ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТИ БЕЛКОВ В МЕТОДЕ СТУПЕНЧАТЫХ ПРЕДСТАВЛЕНИЙ**

**Кругленко В.И.**

Камский институт, Россия, 423818, Набережные Челны, пр. Мира, 76 Тел: (8552)  
56-55-38, E-mail: vkruglenko@yandex.ru

В работе [1] предлагается использовать метод ступенчатых представлений для изучения последовательностей из конечного числа символов с помощью компьютерного моделирования. Последовательности формировались по двоичным разложениям рациональных дробей. В работе [2] в качестве координатных последовательностей использовались первичные структуры нуклеиновых кислот ДНК и РНК. Это уже четырехбуквенные последовательности. Ранее геометрические характеристики этих образов рассчитывались для граф-пространства - двумерная решетка, в которую вводилась как одномерная, так и двумерная координатные системы.

Задача представления усложняется, если N-ричность достаточно велика. Например, аминокислотные последовательности белковых молекул могут представлять собой комбинации из двадцати компонент длиной порядка 30000-50000 аминокислот. В этом случае есть смысл рассматривать пространство представления как граф с одинаковой степенью вершин кратных 20. В упрощенном варианте – десятимерную решетку. В нее можно ввести одномерную координатную систему. На двадцатимерной решетке возможно уже ввести двумерную координатную систему и формировать ступенчатые представления  $\Phi(\cdot)$ , рассматривая как параметр, чем значительно расширяем область для моделирования объектов. В нашей работе в качестве пространства представления применялась двадцатимерная решетка. В качестве координатных последовательностей использовались нуклеотидные и аминокислотные последовательности рецептора TLR3 человека и мыши. Известно, что рецептор TLR3 человека содержит 904 аминокислоты и имеет нуклеотидную последовательность длиной 3057. Рецептор TLR3 мыши содержит 905 аминокислот и имеет последовательность длиной 3310. В результате компьютерного моделирования геометрические характеристики ступенчатых представлений сравнивались с характеристиками ступенчатых представлений, в которых в качестве координатных последовательностей использовались нуклеотидные и аминокислотные последовательности рецептора TLR7.

### **Литература.**

1. Кругленко В.И. О методе ступенчатых представлений. Материалы международной научной конференции «Современные проблемы математики, механики, информатики» ТулГУ, Тула. 2014. с. 472-483.
2. Кругленко В.И. Использование первичных структур нуклеиновых кислот в ступенчатых представлениях. Тезисы XXI Международной конференции
3. Математика. Компьютер. Образование. МГУ, Дубна. 2014. с.30.