

# КОМПЬЮТЕРНОЕ МОДЕЛИРОВАНИЕ ПОВЕДЕНИЯ ЖИВОЙ КЛЕТКИ

***Бондар М.Д.***

*студент Армавирского механико-технологического института (филиала)  
ФГБОУ ВО «Кубанский государственный технологический университет»*

*г. Армавир Краснодарского края*

*Научный руководитель к.т.н., доцент кафедры общенаучных дисциплин  
АМТИ Горovenko Л.А.*

Длинный путь был проделан к созданию работающей компьютерной модели простейшего одноклеточного микроорганизма. Были задействованы труды молекулярных биологов, биохимиков, генетиков, программистов, теоретиков разных направлений. Процесс создания модели живой клетки можно разбить на следующие этапы:

- 1967 год. Фрэнсис Крик и Сидни Бреннер выступили с планом реализации проекта The Complete Solution of E. Coli;
- 2002 год. Международный консорциум Alliance приступил к реализации амбициозного проекта бюджетом в \$10 млн, рассчитанного на десять лет, цель которого — построение компьютерной модели клетки;
- 2004 год. Палссон и Коверт в соавторстве с другими сотрудниками сообщили о создании компьютерной модели, имитирующей функционирование всех 1010 генов. Модель с высокой точностью прогнозировала результаты лабораторных экспериментов на живых клетках E. Coli;
- 2012 год. Коверт с коллегами построили модель под названием Mycoplasma genitalium, имитирующую работу всех генов и известные на тот момент биологические процессы;
- 2013 год. Коверт с коллегами показали, что их модель с достаточно высокой точностью имитирует функционирование некоторых ферментов и функций живой клетки;

Для создания компьютерной модели клетки была использована бактерия Mycoplasma genitalium. Её выбрали из-за того что она имеет наименьший геном из всех ныне живущих организмов – всего 525 генов. Даже кишечная палочка, более традиционный объект лабораторных исследований, имеет 4228 генов.

Mycoplasma genitalium – это простейшие бактерии-паразиты, известные зачастую своим неблагоприятным воздействием на мочеполовую и дыхательную систему человека.

Компьютерная модель бактерии включает максимально возможное число процессов и параметров, определяющих рост и развитие этого микроорганизма. Ни один алгоритм сам по себе не может имитировать все функции, поэтому ученые распределили разные процессы по 28 модулям, работающим по собственным алгоритмам. В одном представлены процессы, связанные с ДНК в другом отражены синтез и превращения РНК и белков, в третьем - получение и

расходование энергии, питательных веществ, повторное использование продуктов расщепления РНК и белков и т.д. Для описания поведения бактерии использовались 900 различных научных отчетов. Сложность модели очень высока: только лишь для процесса деления требуется 10 часов симуляции, а на выходе получается полгигабайта данных.

Целью данной работы было не разбор процессов *Mycoplasma genitalium*, а улучшение понимания работы всех процессов клетки и ее жизнедеятельности.

За последние два десятка лет появилось гораздо больше информации о строении клеточной структуры, но в основном все эксперименты сводятся к замене одного гена и наблюдению за результатами. То, что не получалось сделать с реальным организмом, позволит произвести его компьютерная модель.

Будущее подобных исследований возможно приведет к появлению индивидуальной геномной медицины и программ для работы в сфере геномной инженерии, которые помогут избежать метода проб и ошибок, применяющегося сейчас по той причине, что мы ещё не до конца понимаем процессы даже простейшего организма.

#### **Библиографический список:**

1. <https://geektimes.ru/post/148198/>
2. <http://blog.rudnyi.ru/ru/2016/08/printsipy-modelirovaniya-zhivoi-kletki.html>
3. <http://www.inbi.ras.ru/ubkh/49/Terentiev.pdf>
4. <http://www.activestudy.info/modelirovanie-kletki>
5. Логическое программирование и искусственный интеллект // Научный потенциал вуза – производству и образованию. Сборник трудов научно-практической конференции профессорского-преподавательского состава Армавирского механико-технологического института (филиала) ГОУ ВПО "Кубанский Государственный технологический университет". Том. 2. – Армавир: Издательство АФЭИ, 2005. – С. 303–304.
6. Горовенко Л.А. Исследование начальных состояний клеточного автомата для получения стационарных и циклических структур // Научный потенциал вуза - производству и образованию: сборник материалов региональной научно-практической конференции, посвящённой 75-летию Краснодарского края и 95-летию КубГТУ.-Армавир: ОАО «Армавирское полиграфпредприятие», 2013.- С.135-141.
7. Сова С.А., Горовенко Л.А. Технология применения методов комбинаторного анализа в головоломках с определением состояния клеточного поля // Электронный журнал «Международный студенческий научный вестник». Типография ИД «Академия Естествознания», - Саратов, 2015. - №5. Ч4. – С. 582-583.
8. Горовенко Л.А. Математические методы компьютерного моделирования физических процессов: учебное пособие / Л. А. Горовенко. – Армавир : РИО АГПУ, 2016. – 104 с.