

# Bakteriális kemotaxis modellek érzékenységvizsgálata

Danis Judit, IV. évf. Biológia BSc.

ELTE TTK Kémiai Intézet

Témavezető: **Turányi Tamás** egyetemi tanár  
ELTE Kémia Intézet

A kemotaxis a sejtek kémiai anyag által irányított mozgása. A folyamat lehetővé teszi a baktériumok számára az élelem megtalálását, és a veszélyek (pl. mérgek) elkerülését. A kemotaxis folyamata során a receptorok érzékelik a környezetben lévő anyagokat, és egy több fehérjéből álló foszforilációs kaszkádon keresztül módosul a sejt mozgásállapota. Ez a folyamat egy egyszerű jelátviteli útvonal. A bakteriális szervezetekhez hasonló szervezetekből alakultak ki a magasabbrendű élőlények is, ezért a bakteriális szervezetek vizsgálata még ma is nagyon fontos szerephez jut. A baktériumok anyagcsere és jelátviteli folyamatai jóval egyszerűbbek, mint a magasabbrendű szervezetek hasonló folyamatai, de a róluk felhalmozott hatalmas ismeretanyag segíti a magasabbrendű élőlények folyamatainak megismerését is. A bakteriális kemotaxis modellek egyszerű modelljei a biológiai jelátviteli rendszereknek, és alapot adnak a magasabbrendű szervezetek jelátviteli útvonalainak feltárásához és azok modelljeinek megalkotásához.

A kemotaxis kialakításában receptorfehérjék és citoplazmatikus fehérjék foszforilációs kaszkádja játszik szerepet. A sejt külső jelre adott válaszát a motorfehérje állapota határozza meg. Ha a szabad motorfehérje (*M*) koncentrációja magas, akkor az *E. coli* mozgásában az egyenes úszási szakaszok kerülnek túlsúlyba. Amennyiben *E. coli*-ban egy foszforilált kemotaxisfehérje (*CheYp*) kapcsolódik a motorfehérjéhez (*MyP*), akkor a baktérium mozgásában a forduló szakaszok kerülnek túlsúlyba. Más baktériumokban ezzel ellentétes a mozgás szabályozása.

Egy olyan munkáról számolok be, amelynek során két kemotaxis modellt vizsgáltunk érzékenységanalízis segítségével. Kimutattuk, hogy az egyes, a kemotaxisban fontos szerepet játszó anyagfajták koncentrációlefutására mely paraméterek értékének kis megváltoztatása van nagy hatással. A munkánk fő célja annak megvizsgálása volt, hogy a Rao-féle kemotaxis modellek [1] esetén teljesül-e az érzékenységi függvények lokális és globális hasonlósága? Korábban már tapasztaltuk a hasonlóságok teljesülését az *E. coli* modellnél. Megvizsgáltuk, hogy az ezen alapuló, főleg elméleti megfontolásokat alkalmazó *B. subtilis* modellnél is teljesülnek-e a hasonlóságok. Ezt az eredeti érzékenységi függvények megfelelő hányadosainak képzésével tanulmányoztuk. Megállapítható volt, hogy lokális és globális hasonlóságot is találtunk az érzékenységi függvények bizonyos csoportjaira mindkét modellnél. Korábban Lovrics és munkatársai [2], egy sejtciklus modell érzékenységi függvényeinek vizsgálatánál hasonló eredményre jutottak. Munkánk eredménye, hogy már két kemotaxis modell esetén is találtunk hasonlóságot a modell érzékenységi függvényei között. Ez azért fontos, mert a biológiai rendszereknél a globális hasonlóság egy másik hibajavítási módszert jelent a párhuzamos útvonalak mellett. Különösen érdekes, hogy a globális hasonlóság a modell végeredménye, az *M* és az *MyP* számított koncentrációjának érzékenységi függvényei esetén jelentkezett.

A vizsgálatok során megismerkedtünk az SBML adatleíró szabvánnyal, és néhány ezt alkalmazó programmal, amelyeket a biokémiai reakcióhálózatok modellezéséhez és vizsgálatához fejlesztettek ki.

Hivatkozások:

[1] C. V. Rao, J. R. Kirby, A. P. Arkin, *PLOS Biology*, 2, 239-252 (2004)

[2] A. Lovrics, I. Gy. Zsély, A. Csikász-Nagy, J. Zádor, T. Turányi, B. Novák, *Int.J.Chem.Kinet.*, 40, 710-720 (2008)