

Математическое моделирование динамики молекулярных моторов в клетках  
млекопитающих

К.А. Новиков<sup>1</sup>, А.А. Романюха<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Московский государственный университет им М.В. Ломоносова

<sup>2</sup>Институт вычислительной математики РАН

Молекулярные моторы участвуют во множестве внутриклеточных процессов, среди которых – транспорт питательных веществ, позиционирование органелл, передача сигналов. Нарушение нормальной работы моторов может вызывать заболевания нервной системы, почек и хронические заболевания дыхательного пути[1]. На сегодняшний день достаточно подробно изучена роль молекулярных моторов в транспорте эндосом модельных клеток (аспергилл, устияго) [2], однако знание о динамике молекулярных моторов в клетках млекопитающих остается фрагментарным.

В работе исследуется динамика пространственного распределения и взаимодействия молекулярных моторов, переносящих ранние эндосомы в клетках HeLa. Построена и реализована континуальная математическая модель транспорта моторных белков и ранних эндосом. С помощью модели исследованы возможности двух механизмов рециклинг моторов (возвращения в направлении обратном движению самих моторов): диффузия и активный перенос другим типом молекулярных моторов. Также исследуется влияние пространственного расположения микротрубочек на перенос эндосом и динамику моторов. Результаты моделирования сравниваются с экспериментальными данными и данными, полученными из литературы.

Литература

1. *Hirokawa N., Takemura R.* Biochemical and molecular characterization of diseases linked to motor proteins // *TRENDS in Biochemical Sciences.* – 2003. – V. 28, N 10. – P. 558–565.
2. *Granger E. [et al.]* The role of the cytoskeleton and molecular motors in endosomal dynamics // *Semin Cell Dev Biol.* – 2014. – V. 31. – P. 20–29.