

## 1 Cel naukowy projektu

Zbadanie i wykorzystanie modeli fizycznych bazujących na formalizmie macierzy losowych do opisu topologicznej klasyfikacji RNA [1] i białek.

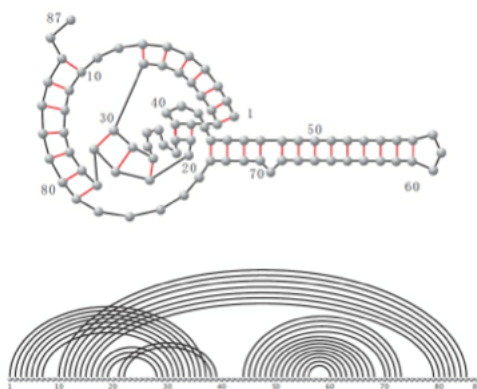
1. Analiza ścisłych rozwiązań - oparta o teorię macierzy losowych oraz formalizm topologicznych rekurencji - modelu macierzowego opisującego tzw. diagramy łukowe (chordowe)
2. Kategorijne ujęcie diagramów łukowych i określenie ich własności

## 2 Znaczenie projektu

Proponowany projekt w istotny sposób rozszerza nowatorskie podejście zaproponowane w ostatnim czasie przez kierownika projektu wraz z dr hab. Piotrem Sułkowskim [2].

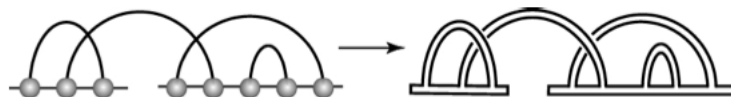
## 3 Istniejący stan wiedzy w zakresie tematu badań

RNA pełnią rozmaite funkcje biologiczne uzależnione od sekwencji nukleotydów. Sekwencje te łączą się ze sobą tworząc tzw. połączenia Watson'a-Crick'a. Aby wydobyć informację o charakterystykach topologicznych struktur RNA wygodnie jest zaprezentować taką strukturę w postaci diagramów łukowych [2]. Każdy taki diagram składa się z pewnej liczby podstaw  $b$  (backbones), Połączenia struktury RNA (czyli pary Watson'a-Crick'a), reprezentowane są natomiast przez półokręgi zaczepione w podstawach. Ich ilość oznaczona jest przez parametr  $n$ . W ten sposób każdej molekuły RNA możemy przypisać konkretny diagram łukowy.



Rysunek 1: Reprezentacja struktury RNA. Rysunek z prac: [2, 3].

Każdy taki diagram, poprzez jego pogrubienie, wyznacza powierzchnię, która posiada  $r \geq 1$  brzegów.



Rysunek 2: Związek diagramu łukowego z powierzchnią Riemanna. Diagram po lewej stronie posiada 2 podstawy oraz 4 łuki ( $b = 2$ ,  $n = 4$ ). Pogrubiona powierzchnia po prawej posiada 4 brzegi ( $r = 4$ ). Genus tej powierzchni  $g = 0$ . Rysunek z prac: [2, 3].

Zgodnie z relacją  $b - n = 2 - 2g - r$ , każdemu diagramowi można przyporządkować liczbę  $g$  określającą jego genus. Podsumowując, każda struktura RNA może być scharakteryzowana przez jej ilość podstaw ( $b$ ), liczbę wiązań ( $n$ ) oraz genus ( $g$ ).

W chwili obecnej przeanalizowane zostały struktury RNA dzięki którym będzie można wykorzystać opracowane metody dla struktur bardziej skomplikowanych jakimi są białka.

## 4 Metodyka

Ścisła analiza modeli oparta o teorię macierzy losowych oraz topologiczne rekurencje; m.in. modele macierzowe będą analizowane przy użyciu metod wykorzystywanych w kwantowej teorii pola, opartych o rozwinięcia perturbacyjne, diagramy Feynmana, oraz tożsamości Warda. Ponadto zaprezentowane zostanie nowe, kategorijskie ujęcie diagramów łukowych. Przeanalizowane zostaną również ich formalne własności.

## 5 Efekt

Po realizacji projektu przewidujemy jego następujące efekty: Napisanie oprogramowania rozszerzającego możliwości obecnego programu służącego do wyznaczania topologicznej charakterystyki genu dla białek. Przedstawienie otrzymanych wyników na międzynarodowych konferencjach wraz z ich opublikowaniem w czasopiśmie z listy filadelfijskiej. Otrzymanie kategorii opisującej diagramy chordowe wraz z ich matematycznymi własnościami.

## Literatura

- [1] Michael Bon, Graziano Vernizzi, Henri Orland, and A. Zee. Topological classification of rna structures. *Journal of Molecular Biology*, 379, 07 2008. `arXiv:q-bio/0607032`.
- [2] Jørgen E. Andersen, Leonid O. Chekhov, R. C. Penner, Christian M. Reidys, and Piotr Sułkowski. Enumeration of rna complexes via random matrix theory. *Biochem. Soc. Trans.*, 41:652, 2013. URL: <http://arxiv.org/abs/1303.1326>, `arXiv:1303.1326`.
- [3] C. M. Reidys, Fenix W. D. Huang, J. E. Andersen, R. C. Penner, P. F. Stadler, and M. E. Nebel. Topology and prediction of rna pseudoknots. *Bioinformatics*, (27):1076–1085, 2011.