

# MODELLO DI REGOLAZIONE DELLA SINTESI PROTEICA

## 1. INTRODUZIONE AL PROBLEMA

Il processo di sintesi delle proteine è molto complesso e parte dall'informazione data alla cellula sulla necessità di produrre tali molecole.

La cellula ha un database quale il dna che si trova all'interno del nucleo e contiene le informazioni necessarie alla produzione delle proteine, quindi il dna viene trascritto e reso disponibile anche nel citoplasma sotto forma di mRNA (acido ribonucleico messaggero) che ha il compito di portare l'informazione a livello ribosomiale.

Nei ribosomi ha luogo la traduzione dell' mRNA (sequenza di nucleotidi) in proteine (sequenze di amminoacidi).

Quindi il ribosoma è il sito di sintesi delle proteine, dove la polimerizzazione di amminoacidi non sarebbe possibile senza l'attività di enzimi che ne facilitano il legame.

Dunque nell'affrontare il problema è possibile individuare dei fattori chiave dai quali dipende la concentrazione di una determinata proteina:

- la concentrazione della proteina stessa ( $y$ );
- la concentrazione dell'enzima ( $n$ );
- il controllo della produzione dell'enzima;

questo ci permette di fare le seguenti ipotesi semplificatrici che definiranno il modello matematico:

- la velocità della sintesi della proteina è direttamente proporzionale alla concentrazione dell'enzima;
- la proteina sintetizzata è rimossa dalla reazione a una velocità proporzionale alla concentrazione;
- l'aumento di concentrazione di proteina comporta una diminuzione della velocità di sintesi dell'enzima.

## 2. DESCRIZIONE DEL MODELLO MATEMATICO

Le ipotesi precedenti si traducono nel seguente modello matematico:

$$\frac{dn}{dt} = -a_2 n + a_1 [1 - k(y - y_r)]$$

$$\frac{dy}{dt} = a_2 n - a_3 y$$

Dove:

$n$  è la concentrazione dell'enzima;

$y$  è la concentrazione della proteina;

$a_1, a_2, a_3, k$  sono parametri costanti del sistema (empiricamente definiti,  $a_1=0.8$ ;  $a_2=0.3$ ;

$a_3=0.05$ ;  $k=0.5$ ;  $y_r=2$ )  $y_r$  è una soglia di controllo, se la concentrazione delle proteine supera tale valore allora la velocità di sintesi dell'enzima diminuisce, viceversa se è minore aumenta.

Dal momento che si tratta di un sistema di equazioni differenziali ordinarie lineari il comportamento è definito dagli autovalori della matrice dei coefficienti del sistema differenziale.

$$A = \begin{bmatrix} -a_2 & -ka_1 \\ a_2 & -a_3 \end{bmatrix}$$

Il cui polinomio caratteristico è:

$$P(z) = z^2 + (a_2 + a_3)z + ka_2 a_1 + a_2 a_3$$

Quindi (per il criterio di Routh-Hurwitz) il sistema è stabile quando:

$$k > \frac{-a_3}{a_1}$$

Poiché gli autovalori devono avere parte reale negativa:

$$z_{1,2} = \frac{-(a_2 + a_3) \mp \sqrt{(a_2 + a_3)^2 - 4(ka_2a_1 + a_2a_3)}}{2}$$

$$\sqrt{(a_2 + a_3)^2 - 4(ka_2a_1 + a_2a_3)} < (a_2 + a_3)$$

$$(a_2 + a_3)^2 - 4(ka_2a_1 + a_2a_3) < (a_2 + a_3)^2$$

$$-4(ka_2a_1 + a_2a_3) < 0$$

$$k > \frac{-a_3}{a_1}$$

Nelle applicazioni ha interesse infatti controllare il comportamento asintotico; la concentrazione di proteine ed enzimi deve stabilizzarsi ad un valore stazionario dopo un transitorio iniziale.

Si studi il problema nell'intervallo temporale  $[0,45]$ , condizioni iniziali  $n(0)=0.5$ ,  $y(0)=0$ .