

## **СЕКТОР № 1.1**

### ***Сектор компьютерной логики в информационных процессах***

Заведующий сектором – д.ф.-м.н., проф. Любецкий Василий Александрович

Тел. (095) 299-83-54, (095) 413-46-43, (095) 419-40-35; E-mail: [lyubetsk@iitp.ru](mailto:lyubetsk@iitp.ru)

Ведущие ученые сектора:

д.ф.-м.н. Верещагин Н. К.

д.ф.-м.н. Вьюгин В. В.

д.б.н. Гельфанд М. С.

д.ф.-м.н. Голубцов П. В.

д.ф.-м.н. Кановой В. Г.

д.ф.-м.н. Чагров А. В.

к.ф.-м.н. Витрещак А. Г.

к.ф.-м.н. Горбунов К. Ю.

### **НАПРАВЛЕНИЯ ИССЛЕДОВАНИЙ:**

- построение приемлемой сложности (квадратичных, кубичных) алгоритмов для анализа регуляции на уровне ДНК и РНК: поиск регуляторных сигналов и заданного паттерна в геномной последовательности, поиск консервативных и альтернативных вторичных структур; в частности, анализ аттенуаторной регуляции. На этой основе – анализ сложно взаимодействующих регуляторных систем в клетке. Построение приемлемой сложности (квадратичных, кубичных) алгоритмов согласования эволюционных деревьев белков; на этой основе – построение деревьев видов и анализ эволюционных событий на уровне генов. В частности, поиск генов, которые вовлекались в процессы горизонтального переноса;

- развитие концепций информационного взаимодействия и эффективного описания объектов на основе объединения теорий: модельной полноты, дескриптивной теории множеств, стохастических игр с дискретным временем, модальной логики, категорий преобразователей информации, алгоритмической сложности и случайности.

### **ОСНОВНЫЕ РЕЗУЛЬТАТЫ**

Получен алгоритм для отбора генов, которые могли попасть в геномы организмов в результате процессов горизонтального переноса. Математически такой отбор выполнялся на основе оценки рассогласованности между деревьями эволюции генов и эволюции видов, которая возникает как следствие, в частности, этих процессов. Алгоритм был компьютерно реализован и проведен счет для комплексов ортологических генов из базы данных GenBank. В результате были получены гены, подозреваемые на горизонтальный перенос.

Усовершенствован полученный нами ранее алгоритм построения дерева происхождения видов за счет включения в него процедуры нормализации длин ветвей филогенетических деревьев белков и за счет введения параметра баланса между потерями от дубликаций и от пропусков в каждом дереве белков. С помощью этого алгоритма проведен счет и получено новое дерево эволюции для 40 микроорганизмов из базы данных GenBank.

Усовершенствован разработанный нами ранее алгоритм для поиска консервативных вторичных структур в наборе последовательностей РНК, основанный на выравнивании последовательностей из плеч спиралей. Теперь в нем ис-

пользуются и консервативные участки (боксы), которые выравниваются наряду с плечами спиралей. Разработан алгоритм для поиска таких боксов, основанный на множественном выравнивании участков в исходном наборе последовательностей РНК. Введены учет энергетических критериев, учёт псевдоузлов и других биологических подробностей. Разработан алгоритм построения из полученных структур некоторой усреднённой (консенсусной) вторичной структуры. Он основан на разработанном нами алгоритме поиска в данном графе его плотных подграфов. Проведено обширное тестирование этих алгоритмов на структурах типа tRNA, RFN, T-box, S-box, а также на искусственных примерах, которое показало высокое качество алгоритмов.

Разработан новый алгоритм поиска слабо консервативного сигнала с клевверной топологией в данном наборе фрагментов РНК.

На основе этих алгоритмов совместно с фирмой Integrated genomics продолжена работа в области сравнительной геномики: описаны структурные особенности белок-ДНКового узнавания, проанализирована эволюция регуляции в бактериальных геномах, а также исследованы конкретные регуляторные системы: выработки бактериоцинов, репарации, пуринового биосинтеза, биосинтеза витаминов рибофлавина, тиамин, биотин.

Было показано, что биосинтезы рибофлавина и тиамин регулируются за счёт образования альтернативных вторичных структур РНК, причём один и тот же структурный механизм действует на разных функциональных уровнях – аттенюации (преждевременной терминации) транскрипции и ингибирования инициации трансляции. Это предсказание было подтверждено независимыми экспериментальными данными.

При анализе биотинового регулона впервые был обнаружен сигнал регуляции транскрипции, общий для бактерий и архей.

Было показано, что консервативные основания в регуляторных сигналах образуют множественные контакты с распознающим белком и предложен метод выделения аминокислотных остатков, отвечающих за специфичность узнавания ДНК и лиганда в больших семействах факторов транскрипции.

С помощью компьютерного сравнительного анализа и выборки известных T-боксов был сконструирован паттерн (расознающее правило) и осуществлён поиск новых T-боксов по всем доступным геномам при помощи программы, разработанной нами для этой цели. Эта работа представляет собой одну из первых попыток глобального анализа регуляторных сигналов мРНК в большой группе бактерий, в ходе ее выполнения получены новые биологические результаты.

Регуляторный элемент thi-бокс, участвующий в регуляции генов биосинтеза и транспорта тиамин, нами был расширен, и показано, что этот регуляторный сигнал сильно консервативен в бактериях, принадлежащих многим филогенетическим группам. В частности, был найден транспортер для тиамин в группе *Bacillus-Clostridium*. Нами предложена регуляция тиаминовых генов, основанная на формировании альтернативных вторичных структур, вовлекающих THI-элемент.

Транскрипционный или трансляционный механизмы аттенюации предполагаются нами в различных таксономических группах, в зависимости от наличия соответствующих регуляторных шпилек, которые участвуют в регуляции (как транскрипционные терминаторы или как шпильки, закрывающие область Шайн-Дальгарно).

Нами найден 61 RFN-элемент, которые участвуют в регуляции генов биосинтеза и транспорта рибофлавина, в 49 бактериальных геномах. Все регуляторные сигналы были расположены перед рибофлавиновыми биосинтетическими

## **Институт проблем передачи информации РАН**

генами или генами, кодирующими потенциальные транспортеры флавинов. Рибофлавиновые гены, регулируемые RFN-элементом, были найдены почти во всех доступных бактериальных геномах. Только спирохеты, микоплазмы и рикетсии не имеют рибофлавиновых генов и RFN-элементов.

Сравнение нуклеотидных последовательностей вокруг RFN-элементов обнаружило ряд консервативных составляющих вторичной структуры мРНК. В грамположительных бактериях такими составляющими являются сам RFN-элемент, терминатор транскрипции и альтернативный ему антитерминатор со спиралью альтернативной как терминатору, так и RFN-элементу. При анализе топологии RFN-элементов, оперонной структуры и филогенетическом анализе белковых деревьев обнаружено несколько горизонтальных переносов в *F.nucleatum* и в две протеобактерии.

Проведен полный анализ глицерол-3-фосфат регулонов репрессора GlpR (регулятора в DeoR семействе) в геномах  $\alpha$ -,  $\beta$ -,  $\gamma$ -протеобактерий. В частности, обнаружены новые палиндромные сайты связывания в  $\gamma$ -протеобактериях групп Enterobacteriaceae и Pasteurellaceae, для группы Pseudomonadaceae и tandemные повторы в  $\alpha$ -,  $\beta$ -протеобактериях.

Найдены существенно новые аттенуаторные регуляторные сигналы для ряда  $\alpha$ -,  $\beta$ -,  $\gamma$ -протеобактерий.

Исследована проблема влияния доступной игрокам информации и ее формы на построение ими оптимальных стратегий в играх, возникающих в связи со стохастическими динамическими системами с дискретным временем (равновесие по Нэшу). Показано, что дополнительная информация и более благоприятные внешние условия удивительным образом могут негативно сказаться на результате игры. Однако, при кооперативном поведении игроков как повышение их информированности, так и улучшение внешних условий всегда положительно влияют на результат. Алгоритмы, разработанные нами для исследования этой проблемы, компьютерно реализованы.

Продолжено исследование общих свойств категорий преобразователей информации (ПИ) как моноидальных категорий специального вида. При построении категории ПИ как категории Клейсли ключевую роль играет функтор  $T$ , переводящий объект  $A$  в объект  $TA$  всех "распределений на  $A$ ", и естественное преобразование, "переводящее" пару "распределений" в "независимое совместное распределение". Были получены необходимые и достаточные условия, при которых такая категория Клейсли удовлетворяет аксиомам категории ПИ.

Исследованы измерительные системы, описываемые интегральными операторами на плоскости, инвариантными относительно группы движений плоскости. Рассмотрена задача синтеза оптимальной измерительно-вычислительной системы и показано, что использование инвариантности позволяет свести задачу на плоскости к одномерному уравнению Фредгольма на отрезке. Соответствующий алгоритм компьютерно реализован.

Опровергнута известная гипотеза о том, что фрагменты интуиционистской логики, получающиеся ограничением на число используемых переменных, разрешимы полиномиальными алгоритмами. Такая гипотеза была сформулирована и для стандартных модальных логик с PSPACE-полной проблемой разрешимости. Эта гипотеза также была опровергнута для модальных логик, а именно: было доказано, что условие PSPACE-полноты для логик K и K4 обеспечивается уже в точности формулами без переменных, а для S4, Grz, GL-логик – формулами от одной переменной.

Изучена сложность разрешения модальной логики арифметических утверждений о непротиворечивости (логики GLLin) с ограничениями на число переменных. Доказано, что ее константный фрагмент полиномиально разрешим, а фрагмент из формул от одной переменной имеет NP-полную проблему выполнимости (невыводимости).

Изучена сводимость борелевских и счетно-детерминированных отношений эквивалентности в нестандартных областях. Доказано, что отношение сводимости между такими эквивалентностями определяется скоростью роста конфи-нальных последовательностей в начальных сегментах, задающих монады. В частности, любые два отношения эквивалентности, задаваемые счетно-конфинальными монадами, сравнимы в смысле борелевской сводимости.

Получено обобщение геометрической формы теоремы Гильберта о базисе, когда понятие «многочлена» заменяется на более общее понятие «квазимногочлена» от переменных  $x_1, x_2, \dots, x_k$ . Так называется многочлен от  $x_1, x_2, \dots, x_k$  и от выражений  $F(x_1), F(x_2), \dots, F(x_k)$  и их производных  $F'(x_1), \dots, F'(x_k), \dots, F^{(l)}(x_1), \dots, F^{(l)}(x_k)$ . Доказано: для любой бесконечной последовательности S квазимногочленов от  $x_1, x_2, \dots, x_k$  существует такое натуральное число  $n$ , что для почти всех многочленов  $p=F(x)$  и любой точки  $a=\langle x_1, \dots, x_k \rangle$  все многочлены в последовательности  $S(p)$  в  $a$  равны нулю или в последовательности  $S(p)$  некоторый многочлен с номером до  $n$  не равен нулю («для почти всех» означает: для любого многочлена можно сколь угодно мало изменить его коэффициенты так, что для нового многочлена и всех многочленов из некоторой его коэффициентной окрестности выполняется сказанное выше).

Известные универсальные (для стационарных эргодических источников) схемы сжатия информации (например, алгоритмы Зива–Лемпеля) обладают свойством асимптотической оптимальности; в частности, для почти любой бесконечной последовательности исходов, полученной на выходе эргодического источника с неизвестной статистикой, при неограниченном росте длины блока средняя длина кода на один символ входной последовательности стремится к энтропии источника. Доказана неустойчивость подобных алгоритмов при нарушениях эргодичности источников. В качестве меры рассогласованности последовательности и вероятностного распределения используется дефект алгоритмической случайности. Для более узких классов источников, например цепей Маркова, доказано, что алгоритм Зива–Лемпеля устойчив при нарушениях случайности порядка не более  $o(n)$ .

Получено теоретическое обоснование применимости следующего принципа «наименьшей длины описания» (сокращено: MDL). Имеется исходное данное  $x$  (можно считать, что  $x$  – это конечная последовательность нулей и единиц). Хотим найти в некотором смысле наилучшую гипотезу о происхождении  $x$ . Гипотезами по определению являются распределения вероятностей на множестве всех двоичных слов. Предположим, что сложность описания гипотезы должна не превосходить некоторого числа  $a$ . Принцип MDL предлагает в качестве наи-

## **Институт проблем передачи информации РАН**

более подходящего объяснения для  $x$  брать ту гипотезу  $P$  сложности не более  $a$ , для которой разность  $K(P) - \log_2(P(x))$  минимальна. Доказано (совместно с П. Витаньи), что такая гипотеза будет лучшей, т.е. для нее минимален также дефект случайности  $x$  относительно  $P$ , если минимизация берется опять же по всем гипотезам сложности не более  $a$ .

Априорная мера любого множества не меньше, чем  $2$  в степени минус сложность его неявного описания. Доказано, что верно и обратное неравенство: квадрат меры любого множества не больше такой же характеристики. Это обратное неравенство ранее было известно с заменой основания  $2$  на  $3$  (теорема Р. Соловея).

*Сотрудники сектора в качестве приглашенных докладчиков участвовали в следующих конференциях и школах:*

- International Summer School in Functional Genomics "From Genome To Life. Structural, Functional and Evolutionary Approaches", Cargese, Corsica, July, 2002.
- Современная логика: проблемы теории, истории и применения в науке, Санкт-Петербург, 2002.
- Четвертая конференция Advances in Modal Logic, Toulouse, 2002.
- Nonstandard methods and applications in mathematics. Пиза, Италия, 10-16 июня 2002 г.
- Logic Colloquium 2002, ASL European Summer meeting. Мюнстер, Германия, 3-10 августа 2002 г.
- Workshop on Descriptive Set Theory, Analysis, and Dynamical Systems. Институт Филдса, Торонто, Канада, 6-12 октября 2002 г.
- Четвертая международная конференция «Проблемы управления и моделирования в сложных системах», Самара, 17-23 июня 2002 г.
- The third international conference on bioinformatics of genome regulation and structure, BGRS'2002, Novosibirsk, Russia, July 14-20, 2002.
- Computational Learning Theory, Australia, Sydney, January, 2002.

*Сотрудники сектора командировались для чтения лекций и совместной научной работы в ряд университетов и научных центров: Вупперталь (Германия), Бонн (Германия), Ройал Холловей Колледж (Лондонского университета), CWI (Амстердам, Нидерланды), университет Прованса (Марсель), Шлосс Дагштуль (Германия), университет Вены (Австрия), AstraZeneca (Boston), NCBI (Бетезда, США), Int. Summer School (Cargese, France), MIT (Boston), Lawrence Berkeley National Laboratory (Беркли), Stanford University (США).*

## **ГРАНТЫ:**

- **Министерство промышленности, науки и технологий РФ (Госконтракт № 37.053.11.0061):** "Модели и алгоритмы информационного взаимодействия в генетике, лингвистике и цветном зрении" (межлабораторная тема, руководитель – Н. А. Кузнецов).

## **ПУБЛИКАЦИИ В 2002 г.**

### Опубликованные работы

1. Вьюгин В.В., Любецкий В.А. О некоторых способах отбора горизонтально перенесенных генов на основе филогенетических данных // Электронный научный журнал "Информационные процессы". 2002. Т. 2. № 1. С. 120-140. (<http://www.jip.ru>).

2. Вьюгин В.В., Гельфанд М.С., Любецкий В.А. Согласование деревьев: реконструкция эволюции видов по филогенетическим деревьям генов // Молекулярная биология. 2002. Т. 36. № 5. С. 807-816.
3. Lyubetsky V.A., V'yugin V.V. Method of horizontal gene transfer determination using phylogenetic data // Proceedings of the third International Conference on Bioinformatics of Genome Regulation and Structure, BGRS'2002, Novosibirsk, Russia, July 14-20, 2002. V. 2. P. 60-62.
4. Горбунов К.Ю., Любецкий В.А. Алгоритм поиска консервативных вторичных структур в наборе фрагментов РНК // Электронный научный журнал "Информационные процессы". 2002. Т. 2. № 1. С. 55-58 (<http://www.jip.ru>).
5. Леонтьев Л.А., Любецкая Е.В., Любецкий В.А. Модифицированный алгоритм поиска альтернативных вторичных структур РНК и результаты счета // Электронный научный журнал "Информационные процессы". 2002. Т. 2. №1, С. 100-105 (<http://www.jip.ru>).
6. Кузнецов Н.А., Любецкий В.А., Чернавский А.В. К вопросу о понятии информационного взаимодействия, 3: речевой интеллект // Проблемы управления и моделирование в сложных системах. Труды IV Международной конференции (г. Самара, 17-23 июня 2002 г.). С. 7-17.
7. Lyubetsky E.V., Lyubetsky V.A. Algorithm for searching alternative secondary RNA structures // Proceedings of the third international conference of bioinformatics of genome regulation and structure, BGRS'2002, Novosibirsk, Russia, July 14-20, 2002. V. 3. P. 15-17.
8. Gorbunov K.Yu., Lyubetsky V.A. An algorithm for searching common secondary structures in a set of RNA sequences // Proceedings of the third international conference of bioinformatics of genome regulation and structure, BGRS'2002, Novosibirsk, Russia, July 14-20, 2002. V. 3. P. 21-23.
9. Lyubetsky V.A., Rubanov L.I. Parallel algorithm for searching regulatory signal in bacterial genome // Proceedings of the third international conference of bioinformatics of genome regulation and structure, BGRS'2002, Novosibirsk, Russia, July 14-20, 2002. V. 1. P. 23-25.
10. Vitreschak A.G., Rodionov D.A., Mironov A.A., Gelfand M.S. Regulation of riboflavin biosynthesis and transport genes in bacteria by transcriptional and translational attenuation // Nucleic Acids Research. 2002. V. 30. No. 14. P. 3141-3151.
11. Rodionov D.A., Vitreschak A.G., Mironov A.A., Gelfand M.S. Comparative Genomics of Thiamin Biosynthesis in Prokaryotes. New Genes and Regulatory Mechanisms // J. Biol. Chem. 2002 Dec 13. V. 277. No. 50. P. 48949-48959.
12. Panina E.M, Vitreschak A.G., Mironov A.A., Gelfand M.S. Bioinformatics approach to analysis of regulation of aromatic amino acids biosynthesis in Bacillus/Clostridium group // Proceedings of the third International Conference on Bioinformatics of Genome Regulation and Structure, BGRS'2002, Novosibirsk, Russia, July 14-20, 2002. V. 2. P. 32-34.
13. Vitreschak A.G., Rodionov D.A., Mironov A.A., Gelfand M.S. Regulation of bacterial riboflavin genes by a conserved RNA structural element // Proceedings of the third International Conference on Bioinformatics of Genome Regulation and Structure, BGRS'2002, Novosibirsk, Russia, July 14-20, 2002. V. 2. P. 44-46.
14. Sze S.-H., Gelfand M.S. and Pevzner P.A. Finding weak motifs in DNA sequences // Pacific Symposium on Biocomputing. 2002. P. 235-246.
15. Ponomarenko J.V., G.V.Orlova, Frolov A.S., Gelfand M.S, Ponomarenko M.P. SELEX\_DB, a database on in vitro selected oligomers adapted for recognizing natu-

- ral sites and for analyzing both SNPs and site-directed mutagenesis data // *Nucleic Acids Res.* 2002. V. 30. No. 1. P. 195-199.
16. Mirny L.A., Gelfand M.S. Structural analysis of conserved base-pairs in protein-DNA complexes // *Nucleic Acids Res.* 2002. V. 30. No. 7. P. 1704-1711.
17. Котельникова Е.А., Гельфанд М.С. Выработка бактериоцинов Грам-положительными бактериями и механизмы транскрипционной регуляции // *Генетика.* 2002. Т. 38. № 6. P. 758-772.
18. Mirny L.A., Gelfand M.S. Using orthologous and paralogous proteins to identify specificity determining residues bacterial transcription factors // *J. Mol. Biol.* 2002. V. 321. No. 1. P. 7-20.
19. Permina E.A., Mironov A.A., Gelfand M.S. Damage-repair error-prone polymerase of bacteria: association with mobile genome elements // *Gene.* 2002. V. 293. No. 1-2. P. 133-140.
20. Baytaluk M.V., Gelfand M.S., Mironov A.A. Exact mapping of prokaryotic gene starts // *Briefings in Bioinformatics.* 2002. V. 3. No. 2. P. 181-194.
21. Байталук М.В., Гельфанд М.С., Миронов А.А. Сравнительный подход к уточнению начал генов в полных бактериальных геномах // *Биофизика.* 2002. Т. 47. № 2. С. 197-203.
22. Равчеев Д.А., Гельфанд М.С., Миронов А.А., Рахманинова А.Б. Пуриновый регулон гамма-протеобактерий. Детальное описание // *Генетика.* 2002. Т. 38. № 9. С. 1203-1214.
23. Котельникова Е.А., Гельфанд М.С. Регуляция транскрипции в системе выработки бактериоцинов *Streptococcus equi* // *Генетика.* 2002. Т. 38. № 7. С. 911-915.
24. Rodionov D.A., Mironov A.A., Gelfand M.S. Conservation of the biotin regulon and the BirA regulatory signal in eubacteria and archaea // *Genome Research.* 2002. V. 12. No. 10. P. 1507-1516.
25. Полуэктова Е.У., Хольсаппель С., Гагарина Е.Ю., Гельфанд М.С., Брон С., Прозоров А.А. Наличие генетического мобильного элемента ISBsu2 из криптически плазмиды в хромосоме ряда штаммов *Bacillus subtilis* // *Доклады РАН.* 2002. Т. 386. № 4. С. 552-554.
26. Нуртдинов Р.Н., Миронов А.А., Гельфанд М.С. Консервативен ли альтернативный сплайсинг генов млекопитающих? // *Биофизика.* 2002. Т. 47. № 4. С. 197-203.
27. Gelfand M.S., Laikova O.N. Prolegomena to the evolution of transcriptional regulation in bacterial genomes // *Functional Genomics Series, Caister Academic Press, V. 3: Frontiers in Computational Genomics, Galperin M.Y and Koonin E.V., eds.* 2003. P. 195-216.
28. Permina E.A., Gelfand M.S. Regulation of the heat-shock response of  $\beta$ -,  $\gamma$ -  $\epsilon$ -proteobacteria // *Proc. RECOMB 2002, Washington DC, USA, April 2002.* P. 150-151.
29. Vitreschak A.G., Panina E.M., Rodionov D.A., Mironov A.A., Gelfand M.S. Comparative analysis of RNA regulation in bacterial genomes // 2002. *Proc. Meeting of Howard Hughes Medical Institute International Research Scholars, Palm Cove, Australia, June 2002.* P. 89.
30. Vitreschak A.G. Computer analysis of regulation of genes encoding aminoacyl-tRNA synthetases and amino acid biosynthetic proteins in Gram-positive bacteria: T-box RNA regulatory element. Prediction of regulation of new genes including amino acid transporters // *Proc. Int. Summer School "From Genome to Life". Structural, Functional and Evolutionary Approaches, Cargese, Corsica, France, July 2002.* P. 57-58.
31. Nurtdinov R.N., Artamonova I.I., Mironov A.A., Gelfand M.S. Are patterns of alternative splicing of mammalian genes conserved? // *Proceedings of the third Inter-*

- national Conference on Bioinformatics of Genome Regulation and Structure, BGRS'2002, Novosibirsk, Russia, July 14-20, 2002. V. 3. P. 36-39.
32. Sutormin R.A., Rakhmaninova A.B., Gelfand M.S. BATMAS30 – the amino acid substitution matrix for alignment of bacterial transporters // Proceedings of the third International Conference on Bioinformatics of Genome Regulation and Structure, BGRS'2002, Novosibirsk, Russia, July 14-20, 2002. V. 3. P. 90-92.
33. Kalinina O.V., Makeev V. Ju., Sutormin R.A., Gelfand M.S., Rakhmaninova A.B. Rare residues form the channel in transmembrane transporter proteins // Proceedings of the third International Conference on Bioinformatics of Genome Regulation and Structure, BGRS'2002, Novosibirsk, Russia, July 14-20, 2002. V. 3. P. 100-103.
34. Sadovskaya N.S., Sutormin R.A., Rakhmaninova A.B., Gelfand M.S. Benchmarking of programs for recognition of transmembrane segments in transporter proteins // Proceedings of the third International Conference on Bioinformatics of Genome Regulation and Structure, BGRS'2002, Novosibirsk, Russia, July 14-20, 2002. V. 3. P. 115-116.
35. Novichkov P.S., Gelfand M.S., Mironov A.A. Mutation rate of ribosomal proteins and the 3D structure of the small ribosomal subunit // Proceedings of the third International Conference on Bioinformatics of Genome Regulation and Structure, BGRS'2002, Novosibirsk, Russia, July 14-20, 2002. V. 3. P. 174-176.
36. Novichkov P.S., Gelfand M.S., Mironov A.A. Relative mutation rate of bacterial proteins and prediction of the distance between orthologous genes // Proceedings of the third International Conference on Bioinformatics of Genome Regulation and Structure, BGRS'2002, Novosibirsk, Russia, July 14-20, 2002. V. 3. P. 177-180.
37. Gerasimova A.V., Rodionov D.A., Mironov A.A., Gelfand M.S. FNR/DNR/ANR-regulon in gamma-proteobacteria // Proceedings of the third International Conference on Bioinformatics of Genome Regulation and Structure, BGRS'2002, Novosibirsk, Russia, July 14-20, 2002. V. 2. P. 19-20.
38. Kotelnikova E.A., Gelfand M.S. Transcriptional regulation of a novel bacteriocin-producing system in *Streptococcus equi* // Proceedings of the third International Conference on Bioinformatics of Genome Regulation and Structure, BGRS'2002, Novosibirsk, Russia, July 14-20, 2002. V. 2. P. 23-25.
39. Panina E.M., Vassieva O., Gelfand M.S., Overbeek R. Prediction of new enzyme involved in peptidoglycan recycling // Proceedings of the third International Conference on Bioinformatics of Genome Regulation and Structure, BGRS'2002, Novosibirsk, Russia, July 14-20, 2002. V. 2. P. 29-31.
40. Permina E.A., Gelfand M.S. Regulation of the heat shock response of  $\beta$ -,  $\gamma$ - and  $\epsilon$ -proteobacteria // Proceedings of the third International Conference on Bioinformatics of Genome Regulation and Structure, BGRS'2002, Novosibirsk, Russia, July 14-20, 2002. V. 2. P. 35-37.
41. Ravcheev D.A., Gelfand M.S., Mironov A.A., Rakhmaninova A.B. The purine regulon of gamma-proteobacteria // Proceedings of the third International Conference on Bioinformatics of Genome Regulation and Structure, BGRS'2002, Novosibirsk, Russia, July 14-20, 2002. V. 2. P. 38-39.
42. Rodionov D.A., Mironov A.A., Gelfand M.S. Computational analysis of the biotin regulon in bacterial genomes // Proceedings of the third International Conference on Bioinformatics of Genome Regulation and Structure, BGRS'2002, Novosibirsk, Russia July 14-20, 2002. V. 2. P. 40-43.
43. Kazakov A.E., Vassieva O., Gelfand M.S., Osterman A., Overbeek R. Bioinformatics analysis of *phoH* function and regulation in Actinobacteria // Proceedings of



- the third International Conference on Bioinformatics of Genome Regulation and Structure, BGRS'2002, Novosibirsk, Russia, July 14-20, 2002. V. 1. P. 20-22.
44. Favorov A., Gelfand M.S., Mironov A.A., Makeev V. Yu. Yet another digging for DNA motifs Gibbs sampler // Proceedings of the third International Conference on Bioinformatics of Genome Regulation and Structure, BGRS'2002, Novosibirsk, Russia, July 14-20, 2002. V. 1. P. 31-33.
45. Baytaluk M.V., Gelfand M.S., Mironov A.A. Exact mapping of prokaryotic gene starts // Proceedings of the third International Conference on Bioinformatics of Genome Regulation and Structure, BGRS'2002, Novosibirsk, Russia, July 14-20, 2002. V. 1. P. 113-115.
46. Neverov A.D., Gelfand M.S., Mironov A.A. Gene prediction in genomic DNA of *Aspergillus* // Proceedings of the third International Conference on Bioinformatics of Genome Regulation and Structure, BGRS'2002, Novosibirsk, Russia, July 14-20, 2002. V. 1. P. 116-118.
47. Pashkin A.I., Ramensky V.E., Gelfand M.S., Makeev V.J. Identification of coding regions in genomes of lower eukaryotes by compositional segmentation of complete genomes // Proceedings of the third International Conference on Bioinformatics of Genome Regulation and Structure, BGRS'2002, Novosibirsk, Russia, July 14-20, 2002. V. 1. P. 119-121.
48. Витрещак А.Г. Компьютерное предсказание регуляторных сайтов мРНК. Анализ регуляции экспрессии генов биосинтеза аминокислот и генов, кодирующих тРНК-синтетазы в грамм-положительных бактериях // Электронный научный журнал "Информационные процессы". 2002. Т. 2. № 1. С. 91-95 (<http://www.jip.ru>).
49. Данилова Л.В., Гельфанд М.С. Поиск регуляторных сайтов в группах ортологичных генов гамма-протеобактерий // Электронный научный журнал "Информационные процессы". 2002. Т. 2. № 1. С. 59-61. (<http://www.jip.ru>)
50. Danilova L.V., Gelfand M.S. Search for regulatory signals in groups of orthologous genes of gamma-proteobacteria // Proceedings of the third International Conference on Bioinformatics of Genome Regulation and Structure, BGRS'2002, Novosibirsk, Russia, July 14-20, 2002. V. 2. P. 21-22.
51. Lyubetsky V.A. First projective sets, AE-prefix and quantifiers elimination // Abstracts of International conference Mathematical Logic, Algebra and Set theory dedicated to the 100-th anniversary of P.S. Novikov, August 27-31 2001, Steklov Mathematical Institute RAS, Moscow, 2001, P. 27.
52. Vyugin M.V., V'yugin V.V. Predictive complexity and information // Proceedings Fifteen International Conference on Computational Learning Theory – COLT'02, Lecture Notes on Artificial Intelligence. 2002. V. 2375. P. 90-104.
53. V'yugin V.V. Does snooping help? // Theoretical Computer Science. 2002. V. 276. P. 407-415.
54. V'yugin V.V. Suboptimal measures of predictive complexity for absolute loss function // Information and Computation. 2002. V. 175. P. 146-157.
55. Vyugin M.V., V'yugin V.V. On complexity of easy predictable sequences // Information and Computation. 2002. V. 178. P. 241-252.
56. Чагров А.В. К вопросу об обратной математике модальной логики // Логические исследования, выпуск 8. М.: Наука, 2001. С. 224-243.
57. Чагров А.В. Доказательство одной теоремы Крипке // Труды научно-исследовательского семинара Логического центра Института философии РАН. Вып. XV. М.: 2001, С. 113-119.
58. Чагров А.В., Чагрова Л.А. Алгоритмическая проблема первопорядковой определимости интуиционистских формул на конечных шкалах Крипке // Рос-

- сийской математике – триста лет. Материалы юбилейной науч. конф. Тверь: Твер. гос. ун-т, 2002. С. 115-120.
59. Чагров А.В. Суперинтуиционистские логики, консервативные относительно безымплицативных фрагментов интуиционистской логики // Российской математике – триста лет. Материалы юбилейной науч. конф. Тверь: Твер. гос. ун-т, 2002. С. 121-126.
60. Chagrov A.V., Chagrova A.A. Normal modal logics with (in)finite sets of non-equivalent modalities // Российской математике – триста лет. Материалы юбилейной науч. конф. Тверь: Твер. гос. ун-т, 2002. С. 127-139.
61. Рыбаков М.Н., Чагров А.В. Модальные формулы без переменных и PSPACE-полнота // Современная логика: проблемы теории, истории и применения в науке. Материалы VII Общероссийской научной конференции. Спб, 2002. С. 498-500.
62. Kanovei V.G., Reeken M. New Radon-Nikodym ideals // *Mathematika*. 2002. V. 47. P. 219- 227.
63. Kanovei V.G., Reeken M. Borel and countably determined reducibility in non-standard domain // *Front for the Mathematics Arxiv*, Preprint math.LO 0202290, 34 pp. [http:// front.math. ucdavis.edu/math.LO/0202290](http://front.math.ucdavis.edu/math.LO/0202290)
64. Kanovei V.G. Some new results in Borel irreducibility of equivalence relations. // *Nonstandard methods and applications in mathematics*. Pisa, Italia, 2002, P. 1.
65. Kanovei V.G., Reeken M. Borel and countably determined reducibility in non-standard domain // *Logic Colloquium 2002*, ASL European Summer meeting. Munster, Germany, 2002, P. 38-39.
66. Kanovei V.G. Reducibility of equivalence relations in "hyperfinite" descriptive set theory. Abstract. // *Workshop on Descriptive Set Theory, Analysis, and Dynamical Systems*. Fields Institute, Toronto, Canada, 2002. [http://www.fields.utoronto.ca/programs/scientific/0203/settheory/workshop1 / abstracts.html#kanovei](http://www.fields.utoronto.ca/programs/scientific/0203/settheory/workshop1/abstracts.html#kanovei).
67. Vereshchagin N. and Vitanyi P. Kolmogorov's Structure Functions with an Application to the Foundations of Model Selection // *Proc. 47th IEEE Symposium on Foundations of Computer Science (FOCS'02)*, 2002, P. 751-760.
68. Chernov A.V., Skvortsov D.P., Skvortsova E.Z., Vereshchagin N.K. Variants of Realizability for Propositional Formulas and the Logic of the Weak Law of Excluded Middle // *Proc. of the Annual Symposium on Computer Science Logic*, Edinburgh, Scotland, UK, September 22-25, 2002, P. 74-88.
69. Shen A., Vereshchagin N. Logical operations and Kolmogorov complexity // *Theoretical Computer Science*. 2002. V. 271. P. 125-129.
70. Vereshchagin N. Kolmogorov Complexity Conditional to Large Integers // *Theoretical Computer Science*. 2002. V. 271. P. 59-67.
71. Vereshchagin N., Vyugin M. Independent minimum length programs to translate between given strings // *Theoretical Computer Science*. 2002. V. 271. P. 131-143.
72. Romashchenko A., Shen A., Vereshchagin N. Combinatorial interpretation of Kolmogorov complexity // *Theoretical Computer Science*. 2002. V. 271. P. 111-123.
73. Голубцов П.В., Старикова О.В. Учет инвариантности в задаче калибровки инвариантных измерительно-вычислительных систем // *Математическое моделирование*. 2002. Т. 14. № 4. С. 45-56.
74. Golubtsov P.V., Moskaliuk S.S. Method of Additional Structures on the Objects of a Monoidal Kleisli Category as a Background for Information Transformers. *Hadronic Journal*. 2002. V. 25. No. 2. P. 179-238.

## **Институт проблем передачи информации РАН**

75. Golubtsov P.V. Monoidal Kleisli Category as a Background for Information Transformers Theory // Электронный научный журнал "Информационные процессы". 2002. Т. 2. № 1. С. 62-84 (<http://www.jip.ru>).

### **Статьи, принятые к публикации**

1. Голубцов П.В., Любецкий В.А. Стохастические динамические игры с информацией различного типа // Проблемы передачи информации. 2003, 32 с.
2. Вьюгин В.В., Гельфанд М.С., Любецкий В.А. Идентификация горизонтально перенесенных генов на основе филогенетических данных // Молекулярная биология. 2003.
3. Кузнецов Н.А., Любецкий В.А., Чернавский А.В. Информационные взаимодействия, 1: допсихический уровень // Электронный научный журнал "Информационные процессы". 2003, №1 (<http://www.jip.ru>).
4. Любецкий В.А., Горбунов К.Ю. Поиск консервативных вторичных структур РНК // Электронный научный журнал "Информационные процессы". 2003, № 1 (<http://www.jip.ru>).
5. Любецкая Е.В., Леонтьев Л.А., Любецкий В.А. Поиск альтернативных вторичных структур в классе гамма-протеобактерий // Электронный научный журнал "Информационные процессы". 2003, №1 (<http://www.jip.ru>).
6. Lyubetsky V.A., V'yugin V.V. Method of horizontal gene transfer determination using phylogenetic data (2) // In Silico Biology (An International Journal on Computational Molecular Biology). 2003. 25 p.
7. Danilova L.V., Lyubetsky V.A., Gelfand M.S. An algorithm for identification of regulatory signals in unaligned DNA sequences, its testing and parallel implementation. In Silico Biology (An International Journal on Computational Molecular Biology). 2003. 9 p.
8. Kalinina O.V., Makeev V. Yu., Sutormin R.A., Gelfand M.S., Rakhmaninova A.B. Rare residues form the channel in transmembrane transporters // In Silico Biology (An International Journal on Computational Molecular Biology). 2003.
9. Kazakov A.E., Vassieva O., Gelfand M.S., Osterman A., Overbeek R. Bioinformatics classification and analysis of PhoH homologs // In Silico Biology (An International Journal on Computational Molecular Biology). 2003.
10. Данилова Л.В., Лайкова О.Н., Гельфанд М.С. Компьютерный анализ регуляции метаболизма глицерол-3-фосфата в геномах протеобактерий, Молекулярная биология, 2003.
11. Голубцов П.В., Сизарев Д.В., Старикова О.В. Синтез оптимальных инвариантных систем формирования изображений на плоскости // Вестник Московского Университета. 2003. Сер. 3 "Физика и астрономия", 5 с.
12. Кановой В.Г., Реекен М. Некоторые новые результаты о борелевской несводимости отношений эквивалентности // Известия РАН, сер. матем. 2003. Т. 67. № 1.
13. Kanovei V.G., Reeken M. Borel irreducibility between two large families of Borel equivalence relations // Logic Colloquium '99, eds. J. van Eijck, V. van Oostrom, and A. Visser. Lecture Notes in Logic, 2003.
14. Kanovei V.G., Reeken M.A. Theorem on ROD-hypersmooth equivalence relations in the Solovay model // Math. Logic Quarterly. 2003. V. 49. No. 3.
15. Makarychev K., Makarychev Yu., Romashchenko A., Vereshchagin N.K. New class of non Shannon type inequalities for entropies // Communications in Information and Systems, 2003.