

МОДЕЛИРОВАНИЕ КРИВОЙ ИНДУКЦИИ ФЛУОРЕСЦЕНЦИИ ДЛЯ ДИМЕРА ФОТОСИСТЕМЫ II

Маслаков А.С., Антал Т.К., Ризниченко Г.Ю.

Биологический факультет МГУ, кафедра биофизики, Россия, 119991, Москва,
Ленинские горы 1, корп. 12, alexei.maslakov@gmail.com

Представлена математическая модель димерного суперкомплекса фотосистем II для описания начального участка кривой индукции флуоресценции хлорофилла а. Модель основана на симуляции электронтранспортных процессов в реакционном центре ФСII. В отличие от кинетических моделей, основанных на решении систем дифференциальных уравнений, этот метод позволяет изучать особенности гетерогенных систем, напрямую задавая параметры компонентов с отличными друг от друга свойствами.

Рассматривали только начальный участок кривой индукции флуоресценции и в модели учитывали только события, происходящие на донорной стороне реакционного центра ФСII, – восстановление P680 и перенос электрона с P680 на Pheo и Qa. Рассматривали поведение ансамбля, состоящего из статистически значимого числа фотосистем. Для каждого реакционного центра ФСII в ансамбле на каждом шаге симуляции (с временным интервалом 5 пс) рассчитывали вероятность изменения его состояния и далее случайным образом (с учетом вероятности того или иного изменения состояния) определяли, останется ли его состояние прежним или изменится, и каким образом. Также на каждом шаге симуляции для каждой фотосистемы рассчитывали вероятность высвечивания квантов флуоресценции и случайным образом определяли, произойдет ли это высвечивание на данном временном интервале, собирали данные о высвечивании квантов флуоресценции по всему ансамблю и строили кривую индукции флуоресценции. Как показывают экспериментальные данные, в случае отсутствия взаимодействия между отдельными реакционными центрами начальный участок кривой индукции флуоресценции имеет экспоненциальную форму, в случае их объединения в энергетически взаимосвязанный комплекс из двух ФС – сигмоидную. Это было учтено в модели введением вероятности энергетического обмена между объединенными в пару реакционными центрами.

С помощью данной модели проверили гипотезу об изменениях, происходящих в реакционных центрах ФСII при серном голодании *Chlamydomonas reinhardtii*.