

Секция «Биоинженерия и биоинформатика»

Численный анализ периодических режимов генных сетей

Акиншин Андрей Александрович

Аспирант

Алтайский государственный технический университет им. И.И. Ползунова,

Факультет информационных технологий, Барнаул, Россия

E-mail: andrey.akinshin@gmail.com

Среди задач биоинформатики одной из наиболее интересных является задача изучения периодических режимов функционирования генных сетей, которые соответствуют различным биоритмам организма. В качестве приложений часто рассматриваются циклические системы с простейшими комбинациями отрицательных и положительных обратных связей. Подробное описание такого рода систем можно найти в монографии [1]. В процессе анализа генных сетей естественным образом возникает обилие подзадач: нахождение стационарных точек и периодических траекторий, исследование их свойств, описание фазовых портретов исследуемых моделей, определение их качественных характеристик. Ручные методы подсчёта зачастую являются непригодными, ввиду их сложности и объёма. Поэтому в ходе работы был создан специализированный программный комплекс **PhasePortraitAnalyzer** для автоматизированного анализа исследуемых моделей. В работе также формулируется и доказывается ряд теорем, описывающих целевые системы, который лёг в основу алгоритмической части компьютерного моделирования. Помимо прочего, был разработан эффективный алгоритм, позволяющий решать полную проблему поиска симметричных циклов в нелинейных циклических динамических системах химической кинетики:

$$\dot{x}_1 = f_1(x_n) - k_1x_1, \quad \dot{x}_2 = f_2(x_1) - k_2x_2, \quad \dots, \quad \dot{x}_n = f_n(x_{n-1}) - k_nx_n,$$

где k_i — коэффициенты, описывающие скорости деградации участвующих в реакциях веществ, x — вектор концентраций веществ, а f — функция Хилла.

Литература

1. Системная компьютерная биология. Под ред. Колчанова Н.А., Гончарова С.С., Лихошвая В.А., Иванисенко В.А., СО РАН, 2008.

Слова благодарности

Автор благодарит Голубятникова В.П. за полезные советы и обсуждения.