

СРАВНЕНИЕ ФУНКЦИЙ МОДЕЛИРОВАНИЯ ГЕННЫХ СЕТЕЙ

Казанцев М.В.

Алтайский государственный технический университет им. И.И. Ползунова,
кафедра Прикладной Математики, Россия, 656038, г. Барнаул, пр. Ленина 46,
тел.: +7(3852)29-08-68, факс: +7(3852)36-78-64,
e-mail: markynaz.astu@gmail.com

Изучение режимов функционирования моделей генных сетей является одной из актуальных задач биоинформатики (см. [1]). При исследовании этих моделей широко используются численные методы решения систем ОДУ первого порядка. На данный момент существует множество таких методов и их компьютерных реализаций. При этом выбор подходящего по точности и времени работы метода в каждом конкретном случае остается важной задачей.

Пакет deSolve¹ языка программирования R содержит множество реализаций методов решения различных систем дифференциальных уравнений. В рамках проделанной работы был проведен сравнительный анализ некоторых функций этого пакета.

Рассматривались динамические системы систем вида (1), где f_i — степени функций Хилла: $f_i(\omega) = (a \cdot (1 + \omega^m)^{-1})^\gamma$.

$$\dot{x} = f_1(z) - x, \quad \dot{y} = f_2(x) - y, \quad \dot{z} = f_3(y) - z \quad (1)$$

Рассматривались только системы вида (1), для которых доказано существование устойчивого цикла. При помощи рассматриваемых функций пакета deSolve из произвольных точек фазового пространства этих систем строились траектории, сходящиеся к устойчивому циклу.

Исследовалось время работы этих функций и точность полученных решений в зависимости от величины шага. Критерием оценки точности решения служила доля точек траектории, попавших в трубчатую ε -окрестность предельной циклической траектории. Для каждой функции была найдена максимальная величина шага, при которой решение имеет точность не менее заданной. Результаты некоторых экспериментов в виде таблиц представлены в [2].

Литература.

1. Лихошвай В.А., Голубятников В.П., Демиденко Г.В., Евдокимов А.А., Фадеев С.И. Теория генных сетей // *Системная компьютерная биология. Интеграционные проекты*. — Новосибирск: СО РАН, 2008. Выпуск 14. Стр. 395–480
2. Акинъшин А.А., Голубятников В.П., Казанцев М.В. Сравнительный анализ некоторых численных методов моделирования генных сетей с использованием языка R // *Труды международной конференции «Ломоносовские чтения на Алтае: фундаментальные проблемы науки и образования»*. — АлтГУ, Барнаул, 11–14 ноября 2014. Стр. 548–554

¹<http://cran.r-project.org/web/packages/deSolve/>