

МІНІСТЕРСТВО ОСВІТИ І НАУКИ УКРАЇНИ
СУМСЬКИЙ ДЕРЖАВНИЙ УНІВЕРСИТЕТ

ІНФОРМАТИКА, МАТЕМАТИКА,
АВТОМАТИКА

ІМА :: 2013

**МАТЕРІАЛИ
та програма**

НАУКОВО-ТЕХНІЧНОЇ КОНФЕРЕНЦІЇ

(Суми, 22-27 квітня 2013 року)

Суми
Сумський державний університет
2013

Моделювання комбінованої дії зовнішніх чинників на біологічні системи на основі дослідження градієнтного поля функції відгуку

Феденко В.С., *пров. наук. співроб.*; Шемет С.А., *мол. наук. співроб.*;
Дніпропетровський національний університет імені Олеся Гончара,
м. Дніпропетровськ

Біологічні системи є надзвичайно складними об'єктами дослідження, численні зворотні зв'язки яких забезпечують багатоваріантність відгуку на зовнішні чинники, що лежить в основі адаптації до складних умов існування. Існування великої кількості складових елементів та можливостей їх взаємодії на усіх рівнях організації (молекула – органела – клітина – тканина – орган – організм) унеможливує опис поведінки живих об'єктів у рамках єдиної математичної моделі на даному етапі знань. Наближенням до подібного тотального опису живої системи підходять “omics”, оскільки успіхи окремих галузей знань дозволили накопичити значний масив даних стосовно структури певних метаболітів – передусім, білків (протеоміка), ліпідів (ліпідоміка), послідовностей генів (геноміка), і опис переважної більшості усіх метаболітів клітини – метаболоміка. Інше наближення до моделювання функцій організму базується на цілісному підході та описі відгуків системи на зовнішні чинники у припущенні, що вона є “чорним ящиком”. Одним з наслідків складності біосистем є нелінійність ефектів відгуку навіть на дію окремого чинника. Це спричиняє недостатність існуючих методів опису комбінованого впливу, які базуються на припущенні лінійності дозових ефектів факторів. Залишається не вирішеним питання можливості зміни інтенсивності та типу (синергізм, антагонізм, адитивність) нелінійного ефекту взаємодії в межах факторного простору.

Для вирішення цієї задачі нами розроблено метод аналізу градієнтного поля функції відгуку, який протестовано на рослинних біологічних об'єктах. Комбінований ефект у кожній точці простору розкладається на складові вектори, і порівняння їх відносних ефектів розраховується автоматично. Запропонований алгоритм реалізовано у вигляді програмного забезпечення, яке дозволяє досліджувати взаємодію довільного числа факторів на будь-які біологічні системи.