

РЕДУКЦИЯ МОДЕЛИ CD95-ИНДУЦИРУЕМОГО АПОПТОЗА

Е. О. Кутумова

Конструкторско-технологический институт вычислительной техники СО РАН,
e.o.kutumova@gmail.com

В работе рассмотрена математическая модель CD95-индуцируемой регуляции программируемой смерти клетки (апоптоза), разработанная М. Bentele и соавт. [1]. На основании методов редукции [2] при помощи программного комплекса BioUML (<http://www.biouml.org>) выявлены быстрые и медленные реакции модели, исследованы короткоживущие промежуточные комплексы, произведено упрощение реакций на основе кинетики Михаелиса-Ментен. Помимо этого, исследованы процессы, биохимические механизмы которых до конца не изучены. В модели таким процессам соответствуют “черные ящики” с заданными математическими функциями. В результате упрощения модели количество ее элементов уменьшилось в два раза, а число реакций сократилось с 78 до 40. При этом результаты симуляции модели для оставшихся элементов практически не изменились. Примененный подход позволяет оптимизировать объемные модели и упростить вычисления, что является важным моментом при создании на их основе более сложных комплексных моделей биологических систем.

ЛИТЕРАТУРА

- [1]. Bentele M., Lavrik I., Ulrich M., Stöber S., Heermann D. W., Kalthoff H., Krammer P. H., Eils R. Mathematical modeling reveals threshold mechanism in CD95-induced apoptosis. *J Cell Biol.* 2004. V. 166, №6. P. 839-851.
- [2]. Gorban A. N., Radulescu O., Zinovyev A. Y. Asymptotology of Chemical Reaction Networks. *Chem Eng Sci.* 2009. V. 65. P. 2310-2324.