

МАТЕМАТИЧЕСКАЯ БИОЛОГИЯ: ПОДХОДЫ, МЕТОДЫ, ПЕРСПЕКТИВЫ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ

Морозова Надежда Михайловна
(14.02.2018)

Ведущий научный сотрудник, доктор биологических наук. morozova@ihes.fr
БИН РАН, лаб. Эмбриологии и репродуктивной биологии;
IHES (Institute of Advanced Scientific Studies) & CNRS (French Academy of Science), France

Современное взаимодействие между математикой и биологией («математическая биология»), состоит из четырех, строго говоря, совершенно разных областей - теоретическая биология, математическое моделирование, системная биология и биоинформатика (вычислительная биология). Эти области (возможно, пересекающиеся в некоторых частных случаях) очень отличаются по своим основным целям, концепциям, наборам аналитических инструментов и уровням ожидаемого применения к потребностям экспериментальной биологии и медицины.

Основной целью теоретической биологии является поиск общих биологических законов путем применения адекватного математического языка / формализма к набору биологических данных в рамках соответствующей проблемы и выдвижение фундаментальных гипотез. Математическое моделирование соответствует всем типам моделирования биологических процессов. Системная биология в основном занимается анализом различных типов молекулярных сетей и молекулярных путей в биологических системах. Основная цель биоинформатики - предоставить вычислительные программы для обработки и анализа экспериментальных данных.

Мы приведем примеры всех четырех областей из нашей текущей работы. В проекте «Математическое моделирование динамики стволовых клеток рака» мы покажем, как математическое моделирование помогает определить необходимые параметры поведения раковых стволовых клеток, которые могут обеспечить явления стабилизации их популяции. В качестве иллюстрации методов системной биологии мы представим новый метод сетевого анализа, построенного на основе результатов функционального скрининга, в котором используется метод кратчайшего пути и мера центральности для выявления наиболее активных молекулярных путей, ведущих к изучаемому клеточному фенотипу. Мы продемонстрируем, какие данные могут быть получены при его применении для анализа результатов транскриптома, а также для изучения процесса дифференциации мышц и функции репарации ДНК. В проекте «Теория морфогенеза» будет показано математическое представление развития зародыша как графа "клеточных событий". Это математическая формализация эволюции состояний клеток (матриц), соответствующая эволюции клеток развивающегося зародыша, представляющая собой граф с ребрами, соответствующими "клеточным событиям", формализованным как операторы в матричном пространстве, действующие на состояние клетки. Теория включает математическое представление клеточных сигналов и клеточных ответов, а также определение устойчивости конечной формы эмбриона в ситуации различных отклонений. Набор правил, основанных на этой теоретической концепции, был включен в вычислительную программу (Morphogenesis Software) для численного моделирования развития зародыша и сравнения с эмбриогенезом *in vivo* у 3х различных семейств высших растений.