

В.П. Голубятников

*Институт математики им. С.Л. Соболева СО РАН,
г. Новосибирск*

БИЛЛИАРДООБРАЗНЫЕ МОДЕЛИ ГЕННЫХ СЕТЕЙ

Через f_j мы обозначаем здесь определенные на положительной полуоси ступенчатые функции одного из следующих видов:

$$\Gamma_j(u) = 0 \text{ при } 0 \leq u \leq 1, \Gamma_j(u) = A_j > 2 \text{ при } 1 < u;$$

$$L_j(u) = A_j > 2 \text{ при } 0 \leq u \leq 1, L_j(u) = 0 \text{ при } 1 < u;$$

$\Pi_j(u) = 0$ при $0 \leq u < \alpha_j$ и при $u > \beta_j$, $\Pi_j(u) = A_j > 2$ при $\alpha_j \leq u \leq \beta_j$. Здесь $j = 1, \dots, n$ и $\alpha_j < \beta_j < 2$.

Точки разрывов монотонных функций можно располагать на положительной полуоси и произвольным образом, но для краткости мы ограничимся рассмотрением простейшего модельного случая.

Нелинейные динамические системы (био)химической кинетики

$$\frac{dx_1}{dt} = f_1(x_n) - k_1 x_1; \dots \frac{dx_j}{dt} = f_j(x_{j-1}) - k_j x_j; \dots j = 2, 3, \dots, n \quad (1)$$

моделируют функционирование нескольких широких классов генных сетей [1–5]. Здесь переменные x_j обозначают концентрации реагирующих веществ (белков, их комплексов и др.), f_j описывает скорость синтеза вещества номер j , положительный параметр k_j характеризует скорость разложения этого вещества, и в каждом уравнении вычитаемые соответствуют такому разложению. Для простоты изложения мы ограничимся случаем $k_j = 1$ при всех j .

Функции Γ_j , L_j описывают положительные и, соответственно, отрицательные обратные связи в генных сетях. Функции $\Pi_j(x_{j-1})$ описывают обратные связи переменного типа: при малых x_{j-1} эта связь положительна, а при больших – отрицательна [3]. Будем считать, что $x_{j-1} = x_n$ при $j = 1$.

Обозначим через m количество функций Π_j в правых частях системы (1). Одна из основных задач моделирования генных сетей посредством динамических систем вида (1) состоит в выявлении

периодических траекторий (циклов), в анализе их взаимного расположения и их зависимости от параметров системы, в описании бифуркаций циклов. В работах [2; 4; 5] рассмотрен случай $m = 0$.

Лемма 1. *Параллелепипед $Q := [0, A_1] \times [0, A_2] \times \dots \times [0, A_n]$ является инвариантной областью системы (1).*

Лемма 2. *Траектории системы (1) кусочно-линейны, их угловые точки расположены на гиперплоскостях $x_j = \alpha_j$, $x_j = \beta_j$ при $f_{j+1} = \Pi_{j+1}$, и $x_j = 1$ при $f_{j+1} = \Gamma_{j+1}$ или при $f_{j+1} = L_{j+1}$.*

Эти гиперплоскости разбивают область Q на $2^{n-m} \cdot 3^m$ более мелких параллелепипедов (блоков), в каждом из которых траектории системы (1) прямолинейны. Преломление траекторий системы на этих гиперплоскостях не описывается формулами геометрической оптики, но каждая такая траектория может быть описана явно [4; 5].

Для любой пары блоков B_i, B_j , имеющих общую $(n-1)$ -мерную грань $F_{i,j}$, все траектории системы (1), переходящие из одного блока в другой, пересекают эту грань в одном и том же направлении. Это позволяет построить ориентированный граф \mathcal{G} , вершины которого взаимно однозначно соответствуют блокам указанного разбиения области Q . Ребра этого графа соответствуют граням $F_{i,j}$. Так же, как и в случае $m = 0$, направления ребер графа \mathcal{G} однозначно задаются последовательностью функций (f_1, f_2, \dots, f_n) . Каждый цикл системы (1) определяет цикл в графе \mathcal{G} . Обратное вообще говоря неверно.

Теорема 1. *При $n = 2$ система (1) не имеет циклов.*

Теорема 2. *При всех $n > 2$ область Q не содержит инвариантных замкнутых гиперповерхностей системы (1).*

При $m = 0$ и $n > 2$ для каждого цикла системы (1) построена содержащая его инвариантная двумерная поверхность этой системы. Аналогичные построения можно проделать и при наличии в генной сети обратных связей переменного типа.

Литература

1. Лихошвай В.А., Голубятников В.П., Демиденко Г.В., Евдокимов А.А., Фадеев С.И. Теория генных сетей // Системная компьютерная биология. Новосибирск: СО РАН, 2008. С. 395–480.
2. Golubyatnikov V.P., Golubyatnikov I.V. On periodic trajectories in odd-dimensional gene networks models // Russian journal of numerical analysis and mathematical modeling. 2011. Vol. 28. № 4. P. 397–412.

3. *Gaidov Yu.A., Golubyatnikov V.P.* On the existence and stability of cycles in gene networks with variable feedbacks // Contemporary maths. 2011. Vol. 553. P. 61–74.
4. *Glass L., Pasternack J.S.* Stable oscillations in mathematical models of biological control systems // Journal of Mathematical Biology. 1978. Vol. 6. P. 207–223.
5. *Аюпова Н.Б., Голубятников В.П.* О двух классах нелинейных динамических систем. Четырехмерный случай // Сибирский математический журнал. 2015. Т. 56. № 2. С. 282–289.