**Разработка программного модуля для нахождения тройных взаимодействий в биологических сетях с учётом временных задержек**

Биологические сети представляют из себя взаимодействующие элементы биологического происхождения. В этой работе рассматриваются генные сети, где узлами сети являются гены, а взаимодействия обозначаются стрелками. Нахождение таких сетей позволяет найти взаимосвязь между биологическими процессами, протекающими в организме, с болезнями. Так, в работе [2] группа ученых нашла взаимодействующие гены, ответсвенные за развитие шизофрении.

Выявление генных сетей является трудоемкой задачей: при наличии в сети 1000 генов, количество возможных взаимодействий может доходить 1030. Задача усложняется наличием в таких сетях не только парных взаимодействий, но и взаимодействий высоких порядков[REFERENCE] (согласованное взаимодействия более чем двух элементов). Помимо этого, в реальных биологических процессах, реакция того или иного компонента сети может проявляться с задержкой[REFERENCE], что наклыдывает необходимость компенсации временных задержек. На текущий момент, существуют алгоритмы, учитывающие взаимодействия третьего порядка[REFERENCE], а также алгоритмы, учитывающие парные взаимодействия с временными задержками. . Алгоритмов же, учитывающих тройные взаимодействия с временными задержками одновременно на данный момент не существует.

В данной работе предлагается алгоритм, учитывающий взаимодействия третьего порядка с временными задержками на основе алгоритма MIDER[REFERENCE]. Данный алгоритм был доработан учетом тройных взаимодействий, а также был изменён алгоритм учёта временных задержек[REFERENCE]. Были предложены методы оптимизации задачи нахождения тройных взаимодействий. Показаны результаты анализа реальной биологической сети [3], предложена реализация алгоритма на MatLab, доступная по ссылке [REFERENCE].

В работе показано, что доработка алгоритма MIDER учетом тройных взаимодействий, а также изменение алгоритма учета временных задержек на алгоритм DTW увеличивает точность алгоритма на [Insert] процентов. Данные для тестирования были взяты с открытой площадки Dream Challenge. Сложность алгоритма была уменшена в [INSERT] раз за счет применения регуляризации Шмидта, что позволило увеличить количество элементов в исследуемых сетях до [INSERT]. Данный алгоритм может быть эффективно применён как для исследования реальных биологических сетей, так и для других задач анализа взаимодействий.

Works Cited

|  |  |
| --- | --- |
| [1] | G. Mendel, "Versuche über Pflanzen-Hybriden," *Proceedings of the Natural History Society of Brünn,* 1866. |
| [2] | J. C. B. X. T. S. B. J. A. G. M. K. &. D. V. Sarah R Gilman, "Schizophrenia Gene Networks Found, with Link to Autism," NATURE NEUROSCIENCE, 2012. |
| [3] | Y.-C. H. C.-M. C. G. S. S. Ci-Ren Jiang, "Inferring Genetic Interactions via a Data-Driven Second Order Model," National Center for Biotechnology Information, 2012. |