*УДК 004.021*

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

Фирсов А. Б.

Новосибирский национальный исследовательский государственный университет

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.

Выявление генных сетей является трудоемкой задачей: при наличии в сети 1000 генов, количество возможных взаимодействий различного порядка может доходить до 1030. Помимо этого, реакция того или иного компонента сети может проявляться с задержкой. На текущий момент, существуют алгоритмы, учитывающие взаимодействия третьего порядка, 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 [1]. В работе показано, что доработка алгоритма MIDER учетом тройных взаимодействий [2], а также изменение алгоритма учета временных задержек на алгоритм DTW увеличивает точность алгоритма, что показано на тестах с искусственными данными. Сложность алгоритма была уменьшена регуляризацией Шмидта.

\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_\_

|  |  |
| --- | --- |
| [1] | J. R. F. M. J. R. B. Alejandro F. Villaverde, "MIDER: Network Inference with Mutual Information Distance and Entropy ReductionAlejandro F. Villaverde , John Ross, Federico Morán, Julio R. Banga," Public Library of Science, 2014. |
| [2] | O. G. T. Jian Zhou, "Global Quantitative Modeling of Chromatin Factor Interactions," Public Library of Science, 2014. |

Научный руководитель – к-т физ.-мат. наук, Титов Игорь Иванович