

Symulacje stochastyczne

Symulacja procesów biologicznych - Ćwiczenia 19.05.2025 - Zofia Ratajczak, Wiktoria Jagodzińska

W ramach ćwiczenia zaimplementowano algorytm Gillespiego, w którym model jest wprost wpisany w algorytm oraz algorytm Next reaction. Są to implementacje 1 oraz 3.

Do realizacji symulacji wykorzystano język Python oraz biblioteki: *os*, *json*, *random*, *numpy*, *matplotlib*, *sympy*. Dane wejściowe zostały zapisane w plikach .json jako model i parametry, a symulacja została wykonana dla 5760 min (96 h). Symulacja została przeprowadzona dla czterech scenariuszy z trzema realizacjami dla każdego, zgodnie z instrukcją:

1. Zdrowa komórka

Warunki: brak uszkodzenia DNA, obecny PTEN, brak siRNA.

Opis: W tym scenariuszu obserwujemy stabilne poziomy białek. p53 pozostaje umiarkowany, a MDM2 i PTEN funkcjonują w homeostazie.

2. Uszkodzenie DNA

Warunki: obecne uszkodzenie DNA, obecny PTEN, brak siRNA.

Opis: Zwiększenie aktywności p53 ze względu na odpowiedź na uszkodzenie DNA. MDM2 ulega regulacji zwrotnej, PTEN podtrzymuje stabilność transportu.

3. Nowotwór

Warunki: brak PTEN, obecne uszkodzenie DNA, brak siRNA.

Opis: Brak PTEN powoduje zaburzenia w transporcie MDM2 oraz destabilizację poziomów p53. Model odzwierciedla patologiczną sytuację komórkową.

4. Terapia

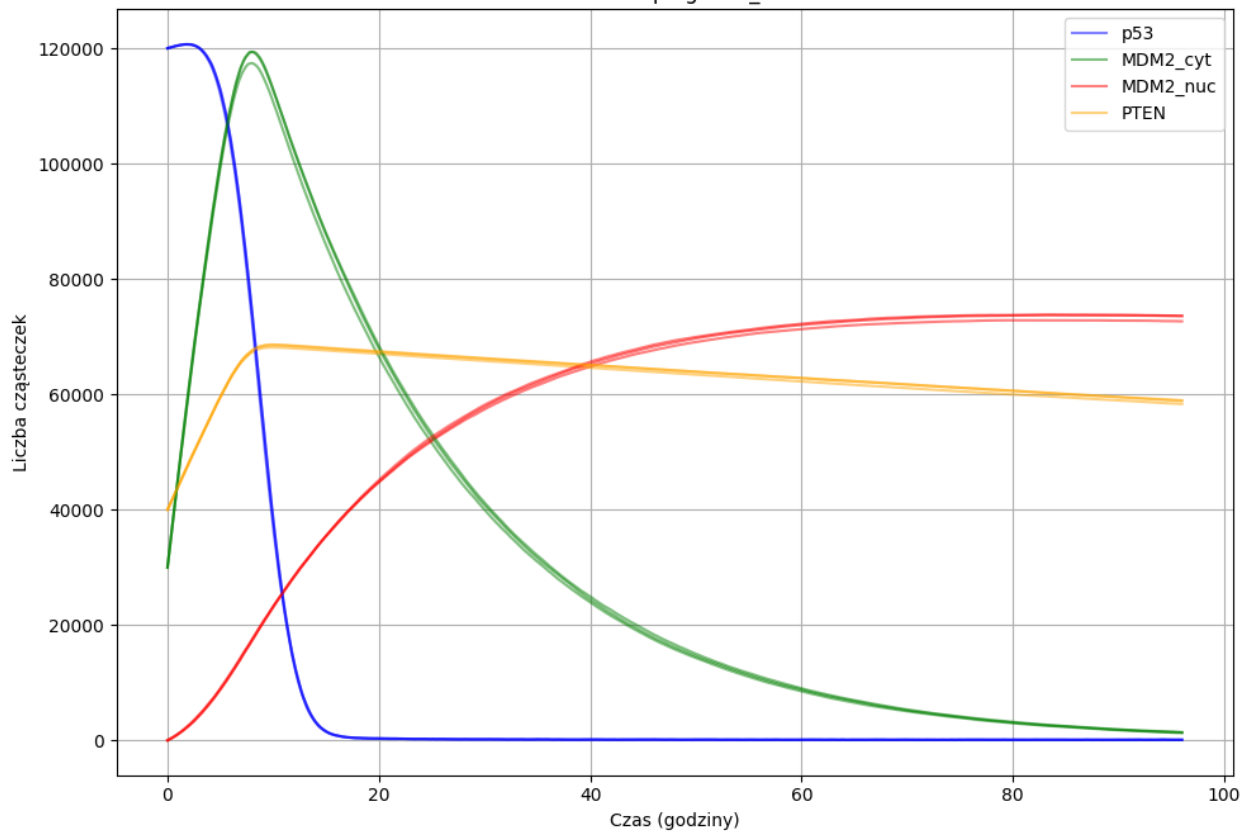
Warunki: brak PTEN, obecne uszkodzenie DNA, zastosowana terapia siRNA (hamuje MDM2).

Opis: Pomimo braku PTEN, zahamowanie MDM2 przez siRNA przywraca względną równowagę poziomu p53. Terapia częściowo kompensuje zaburzenia wynikające z nowotworowego profilu komórki.

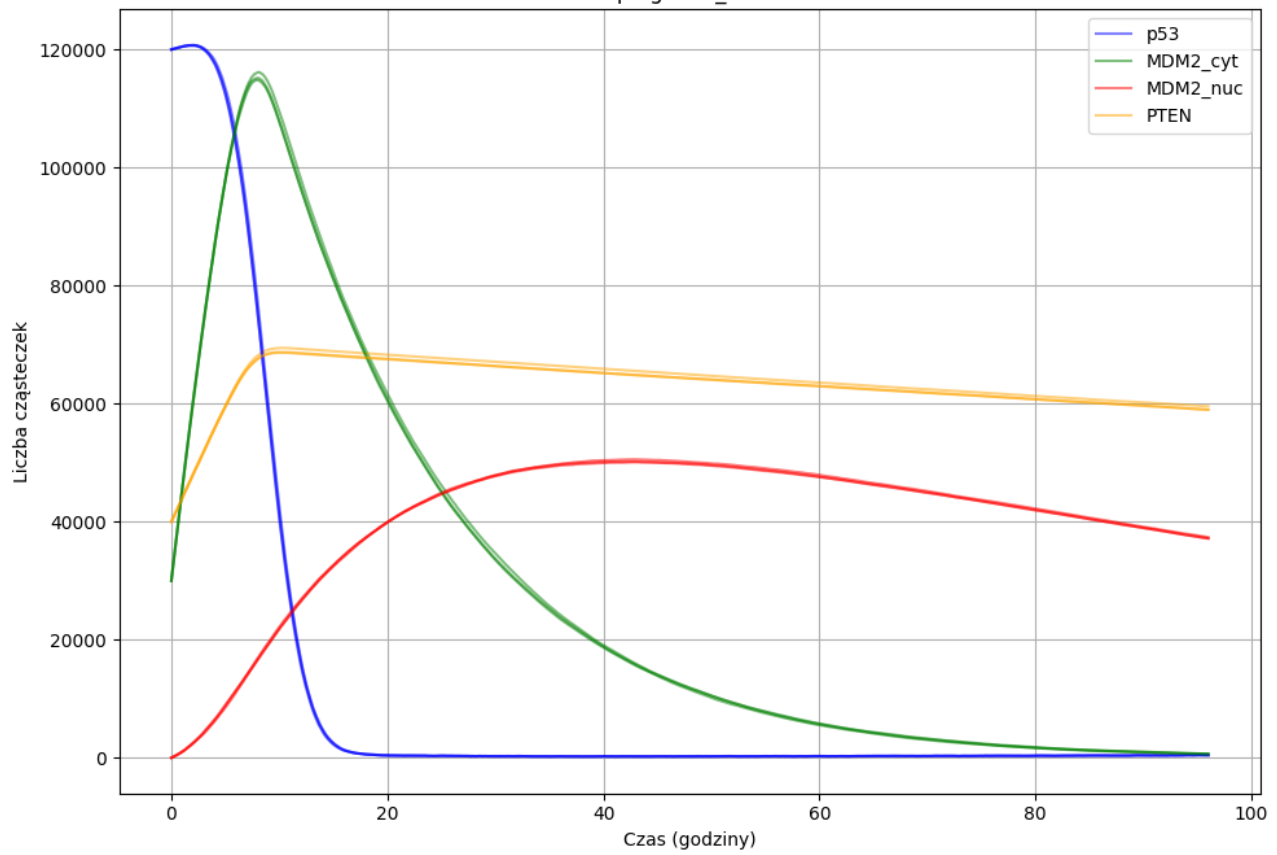
Wykresy:

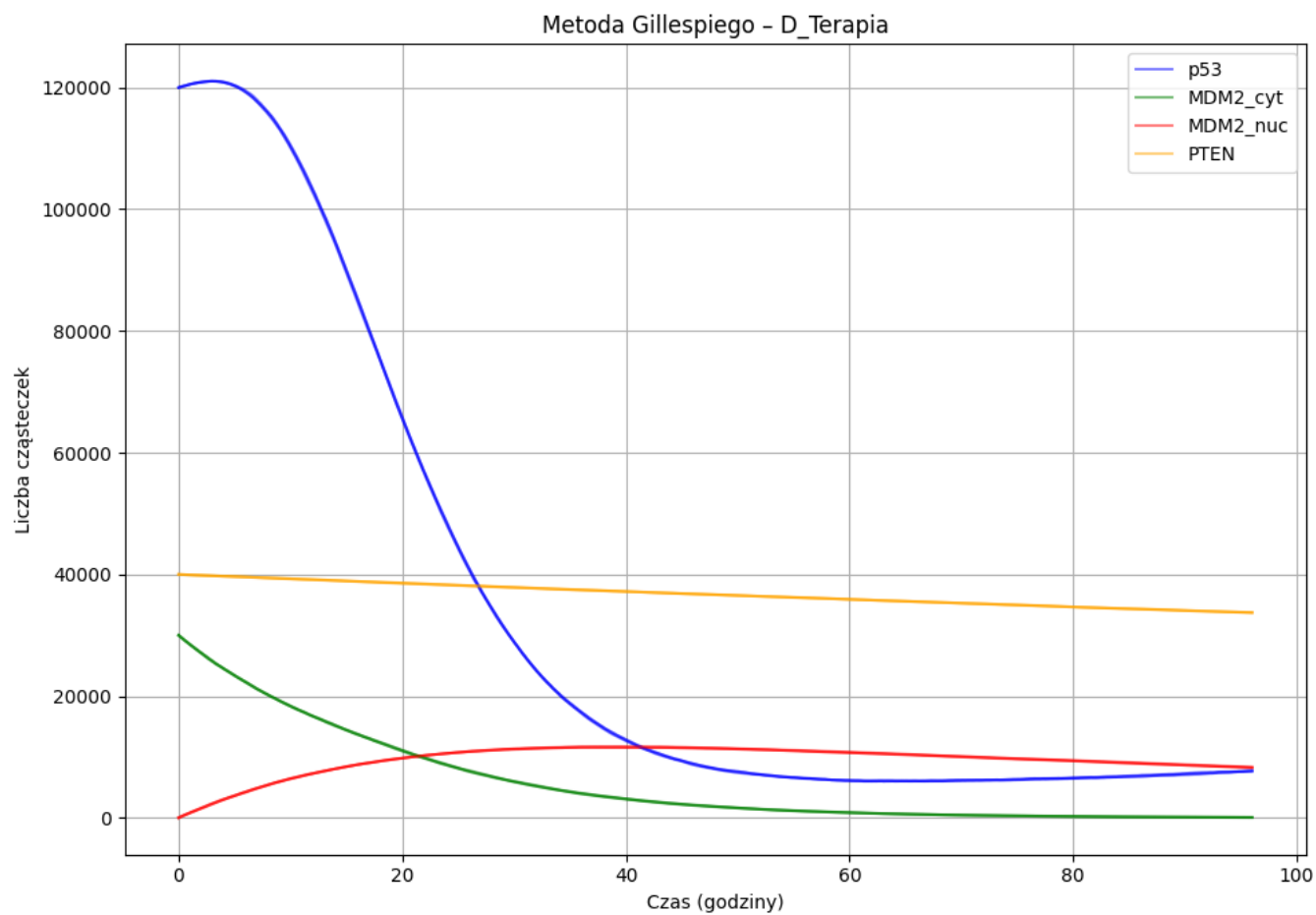
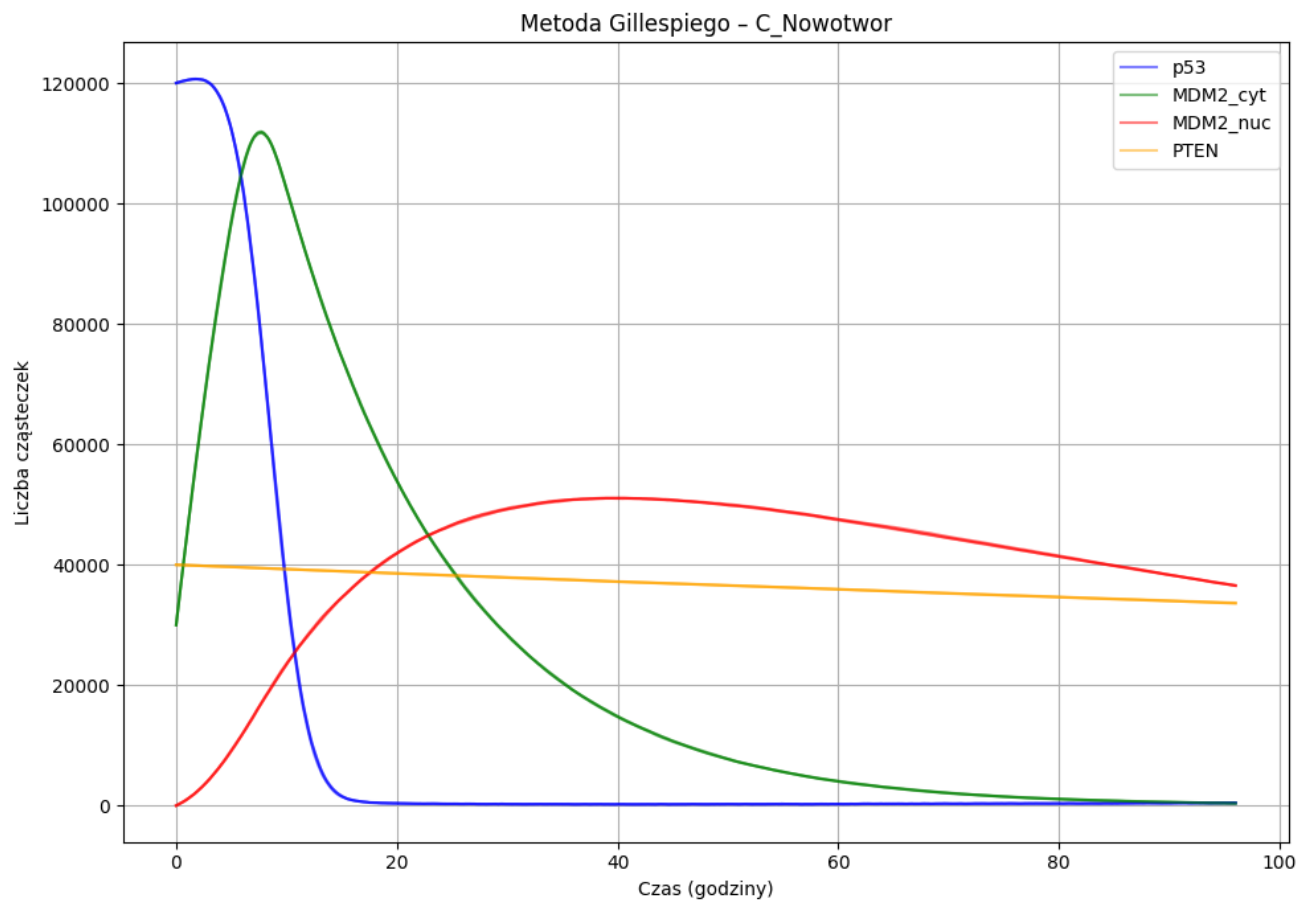
Wykres gillespie:

Metoda Gillespiego – A_Zdrowa



Metoda Gillespiego – B_UszkodzenieDNA





Wykresy next reaction:

