

0.1. Воробьева Д.А., Клименко А.И. Метод анализа динамических режимов в моделях биологических систем на основе алгоритма динамической трансформации временной шкалы

[2] GOWER J. C. Principal Coordinates Analysis // *Encycl. Biostat.* 2005.

Современная математическая биология повсеместно использует математические модели биологических систем, в частности системы обыкновенных дифференциальных уравнений (ОДУ) и уравнений в частных производных, а также модели динамических систем, описанных в других формализмах, таких как агентные модели. Параметрами являются численные значения величин, отражающих определённые свойства моделируемой системы и влияющие на решения модели. При этом в зависимости от значений параметров в системе могут реализовываться различные динамические режимы – нестационарные, колебательные, хаотические и стационарные, устанавливающиеся в результате переходных процессов различного типа.

Предсказание изменения типа динамики решения в зависимости от изменения параметров модели является важной научной задачей. Тем не менее не для всех формализмов данная задача имеет аналитическое решение. Рутинно используемый метод проведения серии вычислительных экспериментов, т.е. решения серии прямых задач, при различных наборах параметров с последующим экспертным анализом графиков решений является трудоёмким при большом числе параметров и снижении шага параметрической сетки. В связи с этим является актуальным развитие методов, позволяющих получить и проанализировать информацию о множестве вычислительных экспериментов в агрегированном виде.

Данная работа посвящена разработке метода визуализации и классификации различных динамических режимов модели с использованием композиции алгоритма динамического сжатия временной шкалы (DTW-алгоритма [1]) и метода главных координат (РСоА [2]). Такой способ позволяет получить качественную визуализацию результатов множества решений математической модели и провести соответствие между значениями параметров модели и типом динамических режимов её решений. Данный метод был апробирован на модели Лотки-Вольтерры и искусственных наборах различных динамик. Отличительной особенностью предлагаемого метода является возможность «выявления» схожих по структуре решений модели, сдвинутых по фазе.

Научный руководитель — канд. биол. наук Клименко А.И.

Список литературы

[1] GIORGINO T. Computing and visualizing dynamic time warping alignments in R: The dtw package // *J. Stat. Softw.* 2009. Vol. 31. N. 7. P. 1-24.