

Autor rozprawy doktorskiej: mgr inż. Magdalena Ochab

Tytuł rozprawy doktorskiej w języku polskim:

Zastosowanie metodyki układów z przełączeniami do opisu i analizy układów biologicznych

Tytuł rozprawy doktorskiej w języku angielskim:

Application of model with switchings to modeling and analysis of the biological systems

Promotor rozprawy doktorskiej: dr hab. inż. Krzysztof Puszyński, prof. w Pol. Śl.

Jednostka prowadząca przewód doktorski:

Politechnika Śląska, Wydział Automatyki, Elektroniki i Informatyki

Słowa kluczowe:

modelowanie matematyczne, układy z przełączeniami, systemy biologiczne, heterogeniczność, populacja komórkowa

Streszczenie rozprawy doktorskiej w języku polskim:

Modele matematyczne mogą służyć wsparciem w badaniach nad wewnątrzkomórkowymi sieciami regulatorowymi, zarówno prawidłowymi jak i chorobotwórczo zmienionymi. W niniejszej rozprawie doktorskiej zaprezentowano zastosowanie modelowania biologicznych systemów wewnątrzkomórkowych przy wykorzystaniu kawałkami liniowych zwyczajnych równań różniczkowych (PLDE). Przełączenia między podsystemami powodują gwałtowną zmianę dynamiki systemu, która może być wykorzystana do modelowania aktywacji genów, przebiegu reakcji enzymatycznej czy podania leku. Zaproponowana została kompleksowa metoda analizy biologicznych systemów PLDE bazująca na dobrze znanych analitycznych metodach, literaturowych metodach analizy układów PLDE dopasowanych do danego typu modeli oraz autorskich algorytmach, pozwalających na badanie heterogeniczności populacji. Zaproponowany algorytm został wykorzystany do analizy dwóch systemów biologicznych. Pierwszy stworzony system przedstawiał prosty model produkcji białka w dwóch wersjach: jedna ze sprzężeniem dodatnim, druga ze sprzężeniem ujemnym. Drugi stworzony model przedstawiał moduł regulatorowy białka p53, które pełni kluczową rolę w odpowiedzi komórki na stres.

Streszczenie rozprawy doktorskiej w języku angielskim:

Mathematical modeling of biological processes works as support in research on the intercellular regulatory networks in proper and pathogenic changed cells. This doctoral thesis presents application of the piece-wise linear differential equation (PLDE) models to biological, intercellular systems. Switchings between subsystems produce rapid changes in system dynamics, which can be used to model gene activation, enzymatic reaction activation or drug application. There is proposed a complex method for analysis biological PLDE models based on well-known analytical methods, bibliographic methods adjusted to specific type of models and author's algorithms for investigating behavior of heterogeneous population. Proposed algorithm was used for analysis of the two biological systems. The first created model was simple protein production model with two different types of autoregulation: positive and negative. The second created model was model of the p53 regulatory module, which is responsible for proper response of the cell to the DNA damages.