

Andrzej Tomski

Instytut Matematyki Uniwersytetu Śląskiego

E-mail: andrzej.tomski@us.edu.pl

Agnieszka Kozdęba

Instytut Matematyki Uniwersytetu Jagiellońskiego

E-mail: agnieszka.kozdeba@im.uj.edu.pl

Model Goodwina i jego zastosowania

W niniejszym referacie analizujemy model ekspresji genu opisany klasycznym modelem Goodwina. Porównujemy efekt obecności pozytywnego i negatywnego sprzężenia na regulację procesu transkrypcji. W obydwu przypadkach mamy do czynienia z Kawałkami Deterministycznym Procesem Markowa [1]. Okazuje się, że mamy wtedy dwa różne zachowania asymptotyczne procesu [2]. Omawiamy również pewne rozszerzenia tego modelu [3].

Bibliografia

- [1] R. Rudnicki, M. Tyran-Kamińska, *Piecewise Deterministic Processes in Biological Models*, Springer, New York, 2017.
- [2] A. Kozdęba, A. Tomski, *Application of the Goodwin model to autoregulatory feedback for stochastic gene expression*, *Math. Biosci.* 327 (2020), 108413.
- [3] A. Steinacher, K. Wright, *Relating the Bipolar Spectrum to Dysregulation of Behavioural Activation: A Perspective from Dynamical Modelling*, *Plos One* 8(5) (2013).