

SEMINARAS

Matematinio modeliavimo uždavinys molekulinėje onkologijoje

Kęstutis K. Urba

2025 m. rugsėjo 23 d. 09:00 val. S6(SRL-I) 401

Matematinis modeliavimas vėžio raidos molekulinį mechanizmų atskleidimui ir vaistų komplekto parinkimui yra itin svarbus, nes eksperimentavimas in vivo ir in vitro kaip taisyklė yra brangus bei užima daug laiko. Šiuo metu tėra sumodeliuota tik atskiros tumorigenezės proceso dalys - aprašyti kai kurie molekulių apykaitos srautai ir virsmai, kadangi nėra pilno molekulinio lygmens vėžio raidos modelio. Viena iš svarbių dalių yra taip vadinamų vienanglių fragmentų (one carbon units) apykaita, nuo jos priklauso genų ekspresija – baltymų ir DNR nukleotidų sintezė, apykaitą prieš du dešimtmečius sumodeliavo Duke universiteto mokslininkai (Michael C Reed et al. A mathematical model of glutathione metabolism, 2008) Šis modelis savo taikyme onkologijoje turi ir privalumų, ir spragų. Vėžio gydymo medikamentais modelis sukurtas O.A. Nave (A mathematical model for treatment using chemo-immunotherapy. Heliyon. 2022 Apr 26) suteikia galimybę ne tik vertinti atskiras vaistinės terapijos taktikas, bet ir ieškoti optimalumo, tačiau jam trūksta detalumo. Proveržis tėra įmanomas remiantis sisteminiu požiūriu, kuris pvz. leidžia struktūrizuoti K-ras onkogeno sąlygotą tumorigenezės procesą ir leidžia formuluoti atitinkamą matematinio modeliavimo uždavinį vaistų komplekto poveikio vertinimui.

Kviečiame dalyvauti.

Seminaro sekretorius A. Bugajev