

Секция «Биоинженерия и биоинформатика»

**ТРЕХМЕРНОЕ МОДЕЛИРОВАНИЕ РАЗВИТИЯ ИММУННОГО
ОТВЕТА НА РАСПРОСТРАНЕНИЕ ВИЧ ИНФЕКЦИИ В
ОРГАНЕ-МИШЕНИ**

Савинков Ростислав Сергеевич

Студент

*Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова, Факультет
вычислительной математики и кибернетики, Селятино, Россия*

E-mail: dr.savinkov@gmail.com

Работа посвящена разработке методов моделирования процессов распространения инфекции вирусами иммунодефицита человека (ВИЧ) и противовирусного иммунного ответа в органе-мишени на основе стохастического подхода к описанию перемещения вирусных частиц и специфических лимфоцитов. При моделировании процесса распространения ВИЧ описываются следующие ключевые этапы: заражение клеток-мишеней вирусом ВИЧ, процесс переноса вирусных частиц и лимфоцитов внутри органа, деление клеток и репликация вируса ВИЧ, поиск и уничтожение заражённых клеток-мишеней специфическими Т-лимфоцитами.

Пространственная структура органа-мишени аппроксимируется в виде трёхмерной сетки, в узлах которой располагаются чувствительные к вирусу клетки-мишени (CD4+ Т лимфоциты). В модели рассматривается динамика следующих переменных: численности вирусных частиц (дикий и мутантный типы), CD8+ Т лимфоцитов (специфичных дикому и мутантному типу вируса, соответственно), и клеток-мишеней, различающихся состоянием (здоровая/инфицированная диким типом/инфицированная мутантным типом, неактивированная/делящаяся/погибшая). На данном этапе, для моделирования процесса распространения ВИЧ инфекции в органе-мишени рассматривается трёхмерная сетка с отдельными клетками, расположенными в ее узлах. На первом шаге численного моделирования (начало инфекции) в один из узлов помещаются вирусных частиц. В алгоритме, реализующем модель, на каждом шаге по времени происходит случайное движение вирусов и лимфоцитов по узлам сетки: вправо, влево, вверх, вниз, вперёд, назад. В результате этого движения происходит случайное взаимодействие компонентов процесса ВИЧ инфекции, рассматриваемых в модели, что определяет развитие иммунного ответа. При делении инфицированной клетки-мишени происходит высвобождение вирусных частиц, заражающих соседние клетки.

Программная реализация модели выполнена на языке C++, такт модели (обновление всех состояний) выполняется в среднем за 0.012 секунду.

Литература

1. Bocharov G, Chereshev V, Gainova I (2012) Human Immunodeficiency Virus Infection: from Biological
2. Observations to Mechanistic Mathematical Modelling.
3. Baldazzi V, Paci P, Bernachi M (2009) Modelling lymphocyte homing and encounters in lymph node.

4. Perrin D, Ruskin H, Crane M (2010) Model refinement through high-performance computing: an agent-based HIV example.

Слова благодарности

Благодарю научного руководителя, Бочарова Геннадия Алексеевича, за предоставление необходимой для работы информации. Работа выполнена при поддержке грантов РФФИ (№ 14-01-00477а) и Программы Президиума РАН "Фундаментальные науки - медицине"

Иллюстрации

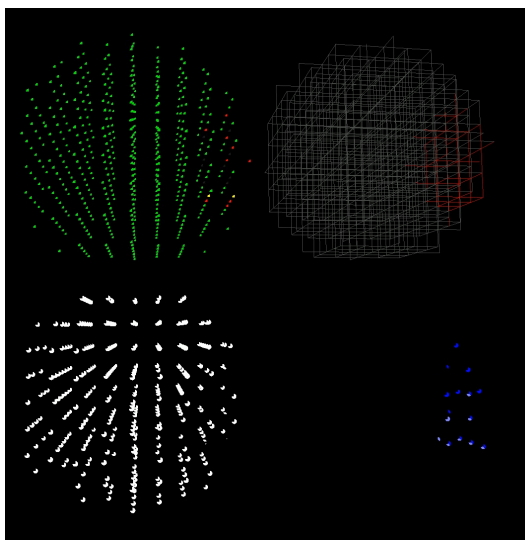


Рис. 1: Начальная стадия заражения

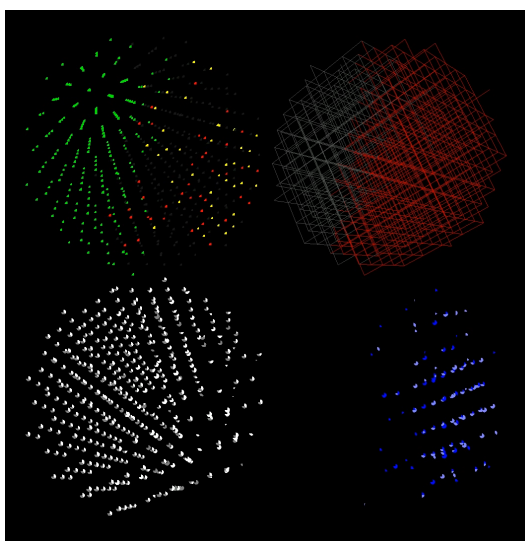


Рис. 2: Острая стадия заражения