

О СПРЯТАННОМ АТТРАКТОРЕ ОДНОЙ НЕСИММЕТРИЧНОЙ МОДЕЛИ ГЕННОЙ СЕТИ

В. П. Голубятников, Е. А. Ситняковская

Аннотация. Рассмотрена модель простейшей кольцевой геной сети, регулируемой одной отрицательной и двумя положительными связями между тремя компонентами этой сети. Модель представлена трехмерной динамической системой с кусочно-линейными пороговыми правыми частями. В ее фазовом портрете описан скрытый аттрактор, установлены условия существования цикла, лежащего вне области притяжения этого аттрактора.

DOI: 10.25587/2411-9326-2024-2-3-13

Ключевые слова: фазовые портреты динамических систем, стратификация фазовых портретов, стационарная точка, инвариантная область, многоступенчатая функция, циклы, скрытые аттракторы, нелокальные осцилляции.

Введение

В работах [1, 2] изучалась трехмерная динамическая система кинетического типа, моделирующая функционирование простейшей геной сети, регулируемой двумя положительными и одной отрицательной связью между ее компонентами:

$$\frac{dx}{dt} = L(z) - x; \quad \frac{dy}{dt} = \Gamma(x) - y; \quad \frac{dz}{dt} = \Gamma(y) - z. \quad (1)$$

В первом из этих уравнений и в многомерных аналогах системы (1), рассмотренных в [3–5], функция L монотонно убывает. Это означает, что регуляторная связь между компонентами с концентрациями $z(t)$ и $x(t)$ отрицательна. Функция Γ монотонно возрастает, такими функциями в уравнениях биохимической кинетики описывают положительные связи [6–8].

Следуя [9, 10], где при построении и анализе обобщенных пороговых моделей геной сетей изучались подобные динамические системы биохимической кинетики с многоступенчатыми правыми частями, рассмотрим динамическую систему (1), у которой

$$\begin{aligned} L(w) &= 2c \quad \text{для } 0 \leq w < c - \varepsilon; \quad L(w) = c \quad \text{для } c - \varepsilon \leq w < c + \varepsilon; \\ L(w) &= 0 \quad \text{для } c + \varepsilon \leq w < \infty; \quad \Gamma(w) = 0 \quad \text{при } 0 \leq w < c - \varepsilon; \\ \Gamma(w) &= c \quad \text{при } c - \varepsilon \leq w < c + \varepsilon; \quad \Gamma(w) = 2c \quad \text{при } c + \varepsilon \leq w < \infty. \end{aligned} \quad (2)$$

Работа поддержана РНФ, проект 23-21-00019, <https://rscf.ru/project/23-21-00019/>.

Здесь положительный параметр ε достаточно мал, см. ниже.

Для динамических систем вида (1), у которых функции L и Γ являются одноступенчатыми: $L(w) = b_1 > 0$ при $w \leq 1$ и $L_j(w) = 0$ при $w > 1$; $\Gamma(w) = 0$ при $w \leq 1$ и $\Gamma(w) = b_2 > 0$ при $w > 1$; и для подобных систем, имеющих большие размерности, в работах [2, 11] получены условия существования, единственности и устойчивости циклов и описаны гомеоморфные торами инвариантные окрестности таких циклов.

Отметим, что при моделировании генных сетей средствами качественной теории дифференциальных уравнений и в других разделах чистой и прикладной математики подобные разрывные ступенчатые функции в правых частях уравнений используются систематически (см. [12–14]).

Лемма 1. *Параллелепипед $Q = [0, 2c] \times [0, 2c] \times [0, 2c]$ является положительно инвариантной областью: траектории всех его точек с ростом t из него не выходят.*

Доказательство состоит в вычислении знаков правых частей уравнений системы в граничных точках области Q (см. [11, 15]). Для краткости будем называть такие области *инвариантными*.

Следуя [16, 17], с целью локализации траекторий динамической системы (1), (2) в ее фазовом портрете разобьем инвариантную область Q плоскостями $x = c - \varepsilon$, $x = c + \varepsilon$, $y = c - \varepsilon$, $y = c + \varepsilon$, $z = c - \varepsilon$, $z = c + \varepsilon$ на 27 блоков и перенумеруем эти блоки мультииндексами $\{r_1 r_2 r_3\}$ трехбуквенного алфавита 0, 1, 2:

$$\begin{aligned} r_1 = 0, \text{ если в блоке } 0 \leq x < c - \varepsilon; \quad r_1 = 1, \text{ если в блоке } c - \varepsilon \leq x < c + \varepsilon; \\ r_1 = 2, \text{ если в блоке } c + \varepsilon \leq x; \quad r_2 = 0, \text{ если в блоке } 0 \leq y < c - \varepsilon; \quad (3) \\ r_2 = 1, \text{ если в блоке } c - \varepsilon \leq y < c + \varepsilon; \quad r_2 = 2, \text{ если в блоке } c + \varepsilon \leq y. \end{aligned}$$

Аналогичным образом по координате z определяется и индекс r_3 .

Так же, как и в предыдущих публикациях [5, 18] и др., в дальнейшем будем рассматривать только такие траектории системы (1), (2), которые с ростом t не пересекаются с ребрами блоков разбиения (3). Построенный ниже цикл этой динамической системы переходит из блока в блок только через внутренние точки их общих граней.

Следующие утверждения доказываются в точности так же, как лемма 1 и ее многомерные аналоги (см. [11, 16]), и основаны на вычислении знаков производных $\frac{dx}{dt}$, $\frac{dy}{dt}$, $\frac{dz}{dt}$ на внутренних гранях блоков разбиения (3).

Лемма 2. *Центральный куб*

$$Q_1 = [c - \varepsilon; c + \varepsilon] \times [c - \varepsilon; c + \varepsilon] \times [c - \varepsilon; c + \varepsilon] = \{111\}$$

разбиения (3) является инвариантной областью в фазовом портрете системы (1), (2).

В блоке $\{111\}$ система (1), (2) принимает вид

$$\frac{dx}{dt} = c - x; \quad \frac{dy}{dt} = c - y; \quad \frac{dz}{dt} = c - z.$$

Нетрудно проверить, что точка $S_0 = (c, c, c)$ стационарна и устойчива.

Лемма 3. *Динамическая система (1), (2) имеет единственную стационарную точку S_0 , содержащуюся в блоке $\{111\}$. Траектории всех точек этого блока с ростом $t \rightarrow \infty$ экспоненциально стремятся к точке S_0 .*

Лемма 4. *Для любых двух соседних блоков B_1 и B_2 разбиения (3) траектории всех внутренних точек их общей двумерной грани $B_1 \cap B_2$ переходят либо из блока B_1 в B_2 , либо из блока B_2 в B_1 .*

Как и для систем вида (1) с одноступенчатыми правыми частями (см. [11, 18]), будем обозначать такие переходы через $B_1 \rightarrow B_2$ и соответственно $B_2 \rightarrow B_1$. Для гладких и для одноступенчатых функций L, Γ у аналогов динамической системы (1) указанные переходы изучались в [1, 4, 19] при построении стратификаций и инвариантных областей в фазовых портретах этих систем и поиске их циклов. Такие построения мы используем и при изучении динамических систем с многоступенчатыми правыми частями.

Лемма 5. *Во внутренности каждого блока разбиения (3) инвариантного куба Q система (1), (2) линейна, ее траектории прямолинейны и их продолжения пересекаются в одной точке.*

В частности, продолжения траекторий всех точек блока $\{000\}$ пересекаются в точке с координатами $(2c; 0; 0)$.

ДОКАЗАТЕЛЬСТВО. В блоке $\{000\}$ динамическая система (1), (2) принимает вид

$$\frac{dx}{dt} = 2c - x; \quad \frac{dy}{dt} = -y; \quad \frac{dz}{dt} = -z.$$

Ее решения описываются уравнениями

$$x(t) = 2c + (x(0) - 2c)e^{-t}, \quad y(t) = y(0)e^{-t}, \quad z(t) = z(0)e^{-t}; \quad (4)$$

продолжения этих решений за пределы блока $\{000\}$ при $t \rightarrow \infty$ стремятся к точке $(2c; 0; 0)$. \square

Дословно теми же рассуждениями с аналогами формул вида (4) устанавливается

Следствие 1. *Продолжения траекторий всех точек блока $\{100\}$ стремятся к точке $(2c; c; 0)$;*

продолжения траекторий всех точек блока $\{200\}$ стремятся к точке $(2c; 2c; 0)$;

продолжения траекторий всех точек блока $\{210\}$ — к точке $(2c; 2c; c)$

продолжения траекторий всех точек блока $\{220\}$ — к точке $(2c; 2c; 2c)$ и т. д.

Рассмотрим определяемую соотношениями $x = c - \varepsilon$, $0 \leq y < c - \varepsilon$, $0 \leq z < c - \varepsilon$ грань $F_0 = \{000\} \cap \{100\}$, разделяющую первые два блока верхней строки следующей кольцевой диаграммы:

$$\begin{array}{ccccccccc}
 \{000\} & \longrightarrow & \{100\} & \longrightarrow & \{200\} & \longrightarrow & \{210\} & \longrightarrow & \{220\} \\
 \uparrow & & & & & & & & \downarrow \\
 \{001\} & & & & & & & & \{221\} \\
 \uparrow & & & & & & & & \downarrow \\
 \{002\} & \longleftarrow & \{012\} & \longleftarrow & \{022\} & \longleftarrow & \{122\} & \longleftarrow & \{222\} .
 \end{array} \quad (5)$$

Обозначим остальные грани, разделяющие соседние блоки этой диаграммы, подобным же образом:

$$F_1 = \{100\} \cap \{200\}, \text{ где } x = c + \varepsilon; F_2 = \{200\} \cap \{210\}, \text{ где } y = c - \varepsilon;$$

$$F_3 = \{210\} \cap \{220\}, \text{ где } y = c + \varepsilon; F_4 = \{220\} \cap \{221\}, \text{ где } z = c - \varepsilon; \text{ и т. д.}$$

Стрелки диаграммы (5) обозначают указанные в лемме 4 сдвиги вдоль траекторий динамической системы (1), (2) точек, лежащих в перечисленных здесь блоках.

В отличие от рассмотренных в [20, 21] динамических систем с многоступенчатыми правыми частями, система (1), (2) не имеет симметрий относительно циклической перестановки координат $\sigma : x \rightarrow y \rightarrow z \rightarrow x$, однако решения этой системы в блоках $\{000\}$, $\{220\}$, $\{002\}$, отстоящих друг от друга в диаграмме (5) на четыре шага, имеют одинаковое геометрическое описание — продолжения таких решений за пределы перечисленных трех блоков пересекаются в вершинах Q куба $(2c, 0, 0)$, $(2c, 2c, 2c)$, $(0, 0, 2c)$ соответственно (см. следствие 1).

Аналогичным образом продолжения решений системы (1), (2) в блоках $\{100\}$, $\{221\}$, $\{012\}$ за их пределы пересекаются в точках $(2c, c, 0)$, $(c, 2c, 2c)$, $(0, 0, c)$ соответственно. Эти три блока, как и предыдущие три, отстоят друг от друга в диаграмме (5) на четыре шага. Такие симметрии в описании решений этой системы имеются и в трех блоках $\{200\}$, $\{222\}$, $\{002\}$, и в трех блоках $\{210\}$, $\{122\}$, $\{001\}$.

Обозначим через Π объединение всех двенадцати блоков, перечисленных в (5).

2. Существование цикла системы (1), (2)

Основным результатом этой работы является

Теорема. Если $4\varepsilon \leq c$, то область Π содержит по крайней мере один цикл \mathfrak{C} динамической системы (1), (2). Этот цикл переходит из блока в блок согласно стрелкам диаграммы (5).

Подобные кольцевые диаграммы используются при поисках периодических траекторий широкого круга динамических систем вида (1) и их многомерных аналогов (см. [2, 18, 22]).

ЗАМЕЧАНИЕ. Область Π не является инвариантной относительно положительных сдвигов вдоль траекторий системы (1), (2): траектории точек, лежащих в блоках $\{220\}$ и $\{200\}$, выходят из них только в блоки $\{221\}$ и $\{210\}$ соответственно, однако траектории точек блока $\{210\}$ могут выходить из него не только в блок $\{220\}$, в который указывает стрелка диаграммы (5), но и в блок $\{211\}$, если эти точки лежат достаточно близко к верхней грани $z = c - \varepsilon$ по сравнению с их расстояниями до грани $y = c - \varepsilon$.

1. Для доказательства теоремы опишем переходы $F_j \rightarrow F_{j+1}$ траекторий точек, принадлежащих описанным выше граням, разделяющим блоки диаграммы (5):

$$x_1 = c + \varepsilon; \quad y_1 = \frac{y_0(c - \varepsilon) + 2c\varepsilon}{c + \varepsilon}; \quad z_1 = \frac{z_0(c - \varepsilon)}{c + \varepsilon}.$$

Аналогичными дробно-линейными функциями, как и в [23], с помощью формул вида (4) определяются координаты точки $X_2 = (x_2, y_2, z_2) \in \text{int } F_2$, в которой заканчивается прямолинейный участок траектории точки $X_1 = (x_1, y_1, z_1)$, лежащей во внутренней грани F_1 . Рассматривая композиции таких переходов траекторий с грани на грань, мы видим, что траектория точки $X_0 = (x_0, y_0, z_0) \in \text{int } F_0$ после переходов через блоки $\{100\}$ и $\{200\}$ попадает в точку $X_2 = (x_2, y_2, z_2) \in F_2$ с координатами

$$x_2 = 2c - \frac{(c^2 - \varepsilon^2)(c + \varepsilon)}{2c^2 - y_0(c - \varepsilon)}, \quad y_2 = c - \varepsilon, \quad z_2 = \frac{z_0(c^2 - \varepsilon^2)}{2c^2 - y_0(c - \varepsilon)}.$$

В свою очередь, траектория точки X_2 после перехода через блоки $\{210\}$ и $\{220\}$ попадает в точку $X_4 = (x_4, y_4, z_4) \in F_4$ с координатами

$$x_4 = 2c - \frac{(c^2 - \varepsilon^2)(2c - x_2)}{2c^2 - z_2(c - \varepsilon)}, \quad y_4 = 2c - \frac{(c^2 - \varepsilon^2)(c + \varepsilon)}{2c^2 - z_2(c - \varepsilon)}, \quad z_4 = c - \varepsilon.$$

Для того чтобы траектория точки X_0 замкнулась после композиции двенадцати переходов с грани на грань, потребуется выполнение следующих соотношений:

$$2c - y_4 = z_0 = \frac{(c + \varepsilon)(c^2 - \varepsilon^2)[2c^2 - y_0(c - \varepsilon)]}{4c^2 - 2c^2(c - \varepsilon)y_0 - (c - \varepsilon)(c^2 - \varepsilon^2)z_0},$$

$$2c - x_4 = y_0 = \frac{(c + \varepsilon)(c^2 - \varepsilon^2)^2}{4c^2 - 2c^2(c - \varepsilon)y_0 - (c - \varepsilon)(c^2 - \varepsilon^2)z_0}.$$

Опуская нулевые индексы, получаем уравнения двух гипербол

$$2c^2(c - \varepsilon)yz + (c - \varepsilon)(c^2 - \varepsilon^2)z^2 - 4c^4z - (c^2 - \varepsilon^2)^2y + 2c^2(c + \varepsilon)(c^2 - \varepsilon^2) = 0, \quad (6)$$

$$2c^2(c - \varepsilon)y^2 + (c - \varepsilon)(c^2 - \varepsilon^2)yz - 4c^4y + (c + \varepsilon)(c^2 - \varepsilon^2)^2 = 0. \quad (7)$$

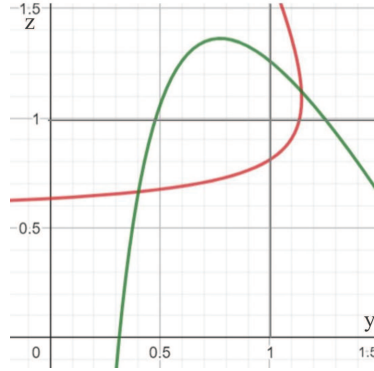


Рис. 1. Пересечение гипербол (6) и (7).

Будем искать такую точку (y_*, z_*) пересечения этих гипербол, что точка $x_0 = c - \varepsilon$, $y_0 = y_*$, $z_0 = z_*$ содержится во внутренней грани F_0 , т. е.

$$0 < y_* < c - \varepsilon; \quad 0 < z_* < c - \varepsilon.$$

На рис. 1 изображено пересечение гипербол (6) и (7) при $c = 1$ и $\varepsilon = 0.1$.

У гиперболы (6) одна из асимптот горизонтальна: $z = \frac{(c+\varepsilon)^2(c-\varepsilon)}{2c^2}$, уравнение ее наклонной асимптоты имеет вид

$$2c^2y + (c^2 - \varepsilon^2)z = \frac{(c^2 + \varepsilon^2)(7c^4 - 4c^2\varepsilon^2 + \varepsilon^4)}{2c^2(c - \varepsilon)}.$$

Гипербола (7) имеет вертикальную асимптоту $y = 0$ и наклонную:

$$2c^2y + (c^2 - \varepsilon^2)z = \frac{4c^4}{c - \varepsilon}.$$

Обозначим через K квадрат, задаваемый соотношениями $0 < y < c - \varepsilon$ и $0 < z < c - \varepsilon$. Простые вычисления показывают, что при $\varepsilon \leq \frac{c}{4}$ в квадрате K верхняя ветвь гиперболы (6) выпукла вниз и пересекает вертикальные стороны этого квадрата — ось OZ и прямую $y = c - \varepsilon$, а правая ветвь гиперболы (7) выпукла вверх и пересекает его горизонтальные стороны — ось OY и прямую $z = c - \varepsilon$. Следовательно, эти две ветви имеют в квадрате K в точности одну точку пересечения. Остальные точки пересечения гипербол (6) и (7) лежат вне K . Более точная оценка параметра ε связана с решением уравнения восьмой степени; в частности, при $\varepsilon = c/3$ в этом квадрате гиперболы (6) и (7) точек пересечения не имеют.

2. Итак, при $\varepsilon \leq \frac{c}{4}$ на грани F_0 существует в точности одна точка M_0 с координатами $x_0 = c - \varepsilon$, $y_0 = y_*$, $z_0 = z_*$ такая, что после четырех шагов по диаграмме (5), т. е. при соответствующем сдвиге вдоль ее траектории, она перейдет в точку $M_4 \in F_4$ с координатами $x_4 = 2c - y_*$, $y_4 = 2c - z_*$, $z_4 = c - \varepsilon$. После следующих четырех шагов по диаграмме (5) она перейдет в точку $M_8 \in F_8$ с координатами $x_8 = 2c - y_4$, $y_8 = c - \varepsilon$, $z_8 = 2c - x_4$, а еще через четыре шага вернется на грань F_0 в исходное свое положение M_0 . Следовательно, траектория такой точки M_0 оказывается циклом системы (1), (2). \square

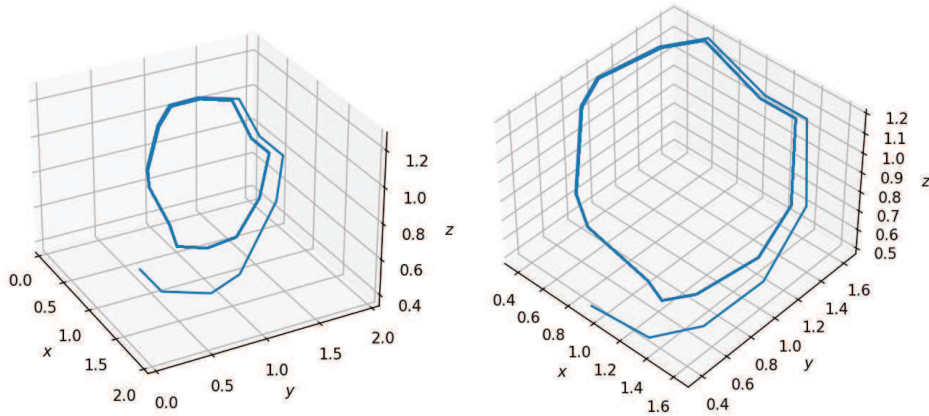


Рис. 2. Цикл \mathcal{C} динамической системы (1), (2); $c = 1$, $\varepsilon = 0.1$ (слева); $c = 1$, $\varepsilon = 0.15$ (справа).

3. Вычислительные эксперименты

На рис. 2 показаны некоторые результаты из серии численных экспериментов с траекториями системы (1), (2). В обоих представленных случаях начальная точка выбрана в центре грани F_0 и построенный двенадцатиугольный цикл \mathcal{C} проходит через блоки, перечисленные в диаграмме (5).

Заключение

Построенный кусочно-линейный цикл $\mathcal{C} \subset \Pi$ представляет собой пример нелокального колебания; подобные нелокальные осцилляции других динамических систем изучались в [20, 21, 24]. Внутренность окрестности Π цикла \mathcal{C} не пересекается с внутренней инвариантной окрестностью $\{111\}$ устойчивой стационарной точки S_0 .

Проведенные построения переносятся и на модели генных сетей больших размерностей, и на динамические системы с правыми частями более общего вида, которые моделируют описанные в [5, 16, 17] генные сети с более сложными комбинациями положительных и отрицательных связей между их компонентами (см. также [25–27]).

ЛИТЕРАТУРА

1. Glass L. Combinatorial and topological methods in nonlinear chemical kinetics // J. Chem. Phys. 1975. V. 63, N 4. P. 1325–1335.
2. Glass L., Pasternack J. S. Stable oscillations in mathematical models of biological control systems // J. Math. Biology. 1978. V. 6. P. 207–223.
3. Kolchanov N. F., Ananko E. A., Likhoshvai V. A., Podkolodnaya O. A., Ignatieva E. V., Ratushnyi A. V., Matushkin Yu. G. Gene networks description and modeling in the GeneNet

- system, Chapter 7. 2002 // Gene Regulation and Metabolism / J. Collado-Vides, R. Hofstadt eds. Cambridge, MA; The MIT Press, 2002. P. 149–180.
4. Golubyatnikov V. P., Gaidov Yu. A., Kleshchev A. G., Volokitin E. P. Modeling of asymmetric gene networks functioning with different types of regulation // Biophysics. 2006. V. 51, suppl. 1. P. 61–65.
 5. Аюпова Н. Б., Голубятников В. П. Об одном цикле в пятимерной модели кольцевой генной сети // Сиб. журн. индустр. математики. 2021. Т. 24, № 3. С. 19–29.
 6. Mallet-Paret J., Smith H. L. The Poincaré–Bendixson theorem for monotone cyclic feedback systems // J. Dynamics Differ. Equ. 1990. V. 2, N 4. P. 367–421.
 7. Колесов А. Ю., Розов Н. Х., Садовничий В. А. Периодические решения типа бегущих волн в кольцевых генных сетях // Изв. РАН. Сер. мат. 2016. Т. 80, N 3. С. 67–94.
 8. Shen S., Ma Y., Ren Y., Wei D. Construction of an oscillator gene circuit by negative and positive feedbacks // J. Microbiology and Biotechnology. 2016. V. 26, N 1. P. 139–144.
 9. Tchuraev R. N., Ratner V. A. A continuous approach with threshold characteristics for simulation of gene expression // Molecular Genetic Information Systems. Modelling and Simulation / Ed. K. Bellman. 1983. Berlin: Springer-Verl. P. 64–80.
 10. Tchuraev R. N., Galimzyanov A. V. Modeling of actual eukaryotic control gene subnetworks based on the method of generalized threshold models // Molecular Biology. 2001. V. 35, N 6. P. 933–939.
 11. Голубятников В. П., Минушкина Л. С. Монотонность отображения Пуанкаре в некоторых моделях кольцевых генных сетей // Сиб. журн. индустр. математики. 2019. Т. 22, № 3. С. 39–47.
 12. Yomdin Y. Semialgebraic complexity of functions // J. Complexity. 2005. V. 21. P. 111–148.
 13. Farcot E., Gouzé J.-L. Periodic solutions of piecewise affine gene network models with non uniform decay rates: the case of a negative feedback loop // Acta Biotheor. 2009. V. 57, N 4. P. 429–455.
 14. Llibre J., Novaes D. D., Teixeira M. A. Maximum number of limit cycles for certain piecewise linear dynamical systems // Nonlinear Dynamics. 2015. V. 82, N 3. P. 1159–1175.
 15. Минушкина Л. С. Фазовые портреты блочно-линейной динамической системы в одной модели кольцевой генной сети // Мат. заметки СВФУ. 2021. Т. 28, № 2. С. 34–46.
 16. Golubyatnikov V. P., Akinshin A. A., Ayupova N. B., Minushkina L. S. Stratifications and foliations in phase portraits of gene network models // Vavilov J. Genetics and Breeding. 2022. V. 26, N 8. P. 758–764.
 17. Минушкина Л. С. Периодические траектории нелинейных моделей кольцевых генных сетей // Владикавк. мат. журн. 2023. Т. 25, № 4. С. 80–90.
 18. Golubyatnikov V. P., Minushkina L. S. On geometric structure of phase portraits of some piecewise linear dynamical systems // Tbilisi Math. J. 2021. V. 7. Special issue. P. 49–56.
 19. Казанцев М. В. О некоторых свойствах графов доменов динамических систем. Сиб. журн. индустр. математики. 2015. Т. 18, № 4. С. 42–49.
 20. Golubyatnikov V. P., Ayupova N. B., Bondarenko N. E., Glubokikh A. V. Hidden attractors and nonlocal oscillations in gene networks models // Russian J. Numerical Anal. Math. Modelling. 2024. V. 39, N 2. P. 1–7.
 21. Голубятников В. П. О неединственности циклов в трехмерных моделях кольцевых генных сетей // Челяб. физ.-мат. журн. 2024. Т. 9, № 1. С. 23–34.
 22. Кириллова Н. Е., Минушкина Л. С. О дискретизации фазовых портретов динамических систем // Изв. АлтГУ. 2019. Т. 108, № 4. С. 82–85.
 23. Golubyatnikov V. P., Kalenykh A. E. Structure of phase portraits of nonlinear dynamical systems // J. Math. Sci. 2016. V. 215, N 4. P. 475–473.
 24. Dudkowski D., Jafari S., Kapitaniak T., Kuznetsov N. V., Leonov G. A., Prasad A. Hidden attractors in dynamical systems // Physics Rep. 2016. V. 637. P. 1–50.
 25. Likhoshvai V. A., Kogai V. V., Fadeev S. I., Khlebodarova T. M. On the chaos in gene networks // J. Bioinform. Comput. Biol. 2013. V. 11. Article N 1340009.
 26. Чумаков Г. А., Чумакова Н. А. Гомоклинические циклы в одной модели генной сети // Мат. заметки СВФУ. 2014. Т. 21, № 4. С. 97–106.

27. Кириллова Н. Е. Об инвариантных поверхностях в моделях генных сетей // Сиб. журн. индустр. математики. 2020. Т. 23, № 4. С. 69–76.

Поступила в редакцию 20 марта 2024 г.

После доработки 21 апреля 2024 г.

Принята к публикации 30 мая 2024 г.

Голубятников Владимир Петрович, Ситняковская Елизавета Александровна
Новосибирский государственный университет,
ул. Пирогова, 1, Новосибирск 630090
v.golubiatnikov1@ng.su.ru, e.sitnyakovskaya@ng.su.ru

ON A HIDDEN ATTRACTOR OF ONE
ASYMMETRIC GENE NETWORK MODEL

V. P. Golubyatnikov and E. A. Sitnyakovskaya

Abstract: We consider a model of simplest circular gene network regulated by one negative and two positive feedbacks. The model is represented in the form of 3-dimensional dynamical system with piecewise linear threshold righthand sides. In the phase portrait of this system, we describe a hidden attractor. Conditions of existence and uniqueness of a cycle of this system are established.

DOI: 10.25587/2411-9326-2024-2-3-13

Keywords: phase portrait of dynamical system, equilibrium point, stratification of the phase portrait, invariant domain, multi-step function, cycle, non-local oscillation, hidden attractor.

REFERENCES

1. Glass L., “Combinatorial and topological methods in nonlinear chemical kinetics,” *J. Chem. Phys.*, **63**, No. 4, 1325–1335 (1975).
2. Glass L. and Pasternack J. S., “Stable oscillations in mathematical models of biological control systems,” *J. Math. Biol.*, **6**, 207–223 (1978).
3. Kolchanov N. F., Ananko E. A., Likhoshvai V. A., Podkolodnaya O. A., Ignatieva E. V., Ratushnyi A. V., and Matushkin Yu. G., “Gene networks description and modeling in the GeneNet system,” Ch. 7, pp. 149–180, In: *Gene Regulation and Metabolism* (J. Collado-Vides, R. Hofestadt, eds.), The MIT Press, Cambridge, MA (2002).
4. Golubyatnikov V. P., Gaidov Yu. A., Kleshchev A. G., and Volokitin E. P., “Modeling of asymmetric gene networks functioning with different types of regulation,” *Biophys.*, **51**, suppl. 1, 61–65 (2006).
5. Ayupova N. B. and Golubyatnikov V. P., “On a cycle in a 5-dimensional circular gene network model,” *J. Appl. Ind. Math.*, **15**, No. 3, 376–383 (2021).
6. Mallet-Paret J. and Smith H. L., “The Poincaré–Bendixson theorem for monotone cyclic feedback systems,” *J. Dyn. Differ. Equ.*, **2**, No. 4, 367–421 (1990).
7. Kolesov A. Yu., Rozov N. Kh., and Sadovnichiy V. A., “Periodic solutions of traveling-wave type in circular gene networks,” *Izv. RAN, Ser. Mat.*, **80**, No. 3, 67–94 (2016).
8. Shen S., Ma Y., Ren Y., and Wei D., “Construction of an oscillator gene circuit by negative and positive feedbacks,” *J. Microbiol. Biotechnol.*, **26**, No. 1, 139–144 (2016).
9. Tchuraev R. N. and Ratner V. A., “A continuous approach with threshold characteristics for simulation of gene expression,” in: *Molecular Genetic Information Systems. Modelling and Simulation* (K. Bellman, ed.), pp. 64–80, Berlin (1983).
10. Tchuraev R. N. and Galimzyanov A. V., “Modeling of actual eukaryotic control gene subnetworks based on the method of generalized threshold models,” *Molecular Biol.*, **35**, No. 6, 933–939 (2001).
11. Golubyatnikov V. P. and Minushkina L. S., “Monotonicity of the Poincaré mapping in some models of circular gene networks,” *J. Appl. Ind. Math.*, **13**, No. 3, 472–479 (2019).
12. Yomdin Y., “Semialgebraic complexity of functions,” *J. Complexity*, **21**, 111–148 (2005).

13. *Farcot E. and Gouzé J.-L.*, “Periodic solutions of piecewise affine gene network models with non uniform decay rates: the case of a negative feedback loop,” *Acta Biotheor.*, **57**, No. 4, 429–455 (2009).
14. *Libre J., Novaes D. D., and Teixeira M. A.*, “Maximum number of limit cycles for certain piecewise linear dynamical systems,” *Nonlinear Dyn.*, **82**, No. 3, 1159–1175 (2015).
15. *Minushkina L. S.*, “Phase portraits of a block-linear dynamical system in a model for a circular gene network [in Russian],” *Mat. Zamet. SVFU*, **28**, No. 2, 34–46 (2021).
16. *Golubyatnikov V. P., Akinshin A. A., Ayupova N. B., and Minushkina L. S.*, “Stratifications and foliations in phase portraits of gene network models,” *Vavilov J. Genetics Breeding*, **26**, No. 8, 758–764 (2022).
17. *Minushkina L. S.*, “Periodic trajectories of nonlinear circular gene network models [in Russian],” *Vladikavk. Mat. Zhurn.*, **25**, No. 4, 80–90 (2023).
18. *Golubyatnikov V. P. and Minushkina L. S.*, “On geometric structure of phase portraits of some piecewise linear dynamical systems,” *Tbilisi Math. J.*, **7**, special issue, 49–56 (2021).
19. *Kazantsev M. V.*, “On some properties of the domain graphs of dynamical systems [in Russian],” *Sib. Zhurn. Ind. Mat.*, **18**, No. 4, 42–49 (2015).
20. *Golubyatnikov V. P., Ayupova N. B., Bondarenko N. E., and Glubokikh A. V.*, “Hidden attractors and nonlocal oscillations in gene networks models,” *Russ. J. Numer. Anal. Math. Model.*, **39**, No. 2, 1–7 (2024).
21. *Golubyatnikov V. P.*, “On non-uniqueness of cycles in 3D models of circular gene networks [in Russian],” *Chelyab. Fiz.-Mat. Zhurn.*, **9**, No. 1, 23–34 (2024).
22. *Kirillova N. E. and Minushkina L. S.*, “On discretization of phase portraits of dynamical systems [in Russian],” *Izv. Altai Gos. Univ.*, **108**, No. 4, 82–85 (2019).
23. *Golubyatnikov V. P. and Kalenykh A. E.*, “Structure of phase portraits of nonlinear dynamical systems,” *J. Math. Sci.*, **215**, No. 4, 475–473 (2016).
24. *Dudkowski D., Jafari S., Kapitaniak T., Kuznetsov N. V., Leonov G. A., and Prasad A.*, “Hidden attractors in dynamical systems,” *Phys. Rep.*, **637**, 1–50 (2016).
25. *Likhoshvai V. A., Kogai V. V., Fadeev S. I., and Khlebodarova T. M.*, “On the chaos in gene networks,” *J. Bioinform. Comput. Biol.*, **11**, article No. 1340009 (2013).
26. *Chumakov G. A. and Chumakova N. A.*, “Homoclinic cycles in a gene network model [in Russian],” *Mat. Zamet. SVFU*, **21**, No. 4, 97–106 (2014).
27. *Kirillova N. E.*, “On invariant surfaces in gene network model,” *J. Appl. Ind. Math.*, **14**, No. 4, 666–671 (2020).

Submitted March 20, 2024

Revised April 21, 2024

Accepted May 30, 2024

Vladimir P. Golubyatnikov, Elizaveta A. Sitnyakovskaya
Novosibirsk State University,
1 Pirogov Street, 630090 Novosibirsk, Russia
v.golubiatnikov1@ng.nsu.ru, e.sitnyakovskaya@g.nsu.ru