



新算法让监控复杂系统变简单 为选择生物标记提供了一条理性途径

文章来源：科技日报 常丽君

发布时间：2013-03-02

【字号：小 中 大】

在一个复杂系统中，如包含了2万个互相联系的基因的人类基因组，要想一次监控整个系统几乎是不可能的。据物理学家组织网近日报道，来自美国东北大学、麻省理工大学等单位的研究人员开发出一种新算法，能识别出复杂系统的子单位或必要结点，使监控大型复杂系统成为可能。相关论文发表在最近出版的美国《国家科学院学报》上。

复杂系统如生物基因组、生化反应系统、社会网络等，由许多互相关联的子部分组成，其中任何一个部分有了变化，都会对其余部分造成影响。因此要分析监控一个复杂系统是极为困难的。“复杂系统的本质是连接，各组成部分之间要凭借这些连接，才能将信息分布到整个网络。因此我们不必监控每个部分，也能从整体上把握整个系统。”论文作者之一、东北大学生物学院和计算机与信息学院物理学教授艾伯特-拉斯洛·巴拉巴斯说，他们设计的方法利用了复杂系统子单位间相互依赖的特性，可超越数量限制观察系统的整体情况。

利用这种新算法，研究小组首次确定了用以描述系统动态学的所有数学方程，比如计算在一个生化反应系统中，外围分子之间较小的反应对整个系统最终结果所产生的影响。通过观察每个反应对系统变量所造成的影响，就能绘制出整个系统的曲线图。连结点是构成曲线图的基础，每个点对理解系统其他部分而言都是不可缺少的。

“令我们吃惊的是，在绝大部分例子中，必要结点也是充分条件。”东北大学复杂网络研究中心副教授刘阳煜（音译）说，只要有了这些必要结点，无需其他任何部分就能知道整个系统的全部情况。

研究人员指出，新方法将控制论、图论和网络科学结合在一起，将大型复杂系统简化为一套必要的“传感结点”。比如生物的新陈代谢系统，是由上百分子和上千生化反应组成的集合，新算法能使识别其中生物标记的过程大大简化。生物标记是血液中的分子，能帮医生辨别一个人是否健康。

“目前的大部分生物标记几乎都是随机选择的，只是化学家和医生发现它们管用而已。”巴拉巴斯说，“而我们的方法是可观察的，为选择生物标记提供了一条理性的途径，只要我们知道所要监控的是什么系统。”

打印本页

关闭本页