

Projekta Izp-2019/1-0432 rezultāti

Biomolekulāro tīklu modelēšana ar modulārām hibrīdām sistēmām

Oriģināli zinātniskie raksti, kuru citēšanas indekss sasniedz vismaz 50 procentus no nozares vidējā citēšanas indeksa, kas iesniegti, vai pieņemti publicēšanai Web of Science Core Collection, vai SCOPUS datubāzēs iekļautajos žurnālos vai konferenču rakstu krājumos:

1. Barzine, M.; Freivalds, K.; Wright, C.; Opmanis, M.; Rituma, D.; Ghavidel, F.; Jarnuczak, A.; Celms, E.; Cerans, K.; Jonassen, I.; Lace, L.; Vizcaino, J.; Choudhary, J.; Brazma, A.; Viksna, J. Using Deep Learning to extrapolate protein expression measurements. - Proteomics, 2020, <https://doi.org/10.1002/pmic.202000009>
2. Melkus, G.; Cerans, K.; Freivalds, K.; Kikusts, P.; Lace, L.; Zajakina, D.; Viksna, J. Behavioral dynamics of bacteriophage gene regulatory networks. - Journal of Bioinformatics and Computational Biology, 2022, <https://doi.org/10.1142/S0219720022500214>

Oriģināli zinātniskie raksti, kas iesniegti, vai pieņemti publicēšanai Web of Science vai SCOPUS datubāzēs iekļautajos žurnālos vai konferenču rakstu krājumos:

1. Melkus, G.; Cerans, K.; Freivalds, K.; Lace, L.; Zajakina, D.; Viksna, J. Analysis of dynamics and stability of hybrid system models of gene regulatory networks. - ACM International Conference Proceeding Series, 2021, <https://doi.org/10.1145/3486713.3486727>
2. Lace, L.; Cerans, K.; Freivalds, K.; Melkus, G.; Viksna, J. Hybrid gene regulation models of mammalian circadian cycles. - Proceedings of the 12th International Joint Conference on Biomedical Engineering Systems and Technologies - Volume 3 BIOINFORMATICS: BIOINFORMATICS, 2022, <https://doi.org/10.5220/0000156300003123>

Zinātniskās datubāzes un datu kopas, kas izstrādātas projekta ietvaros:

1. Cerans, K.; Freivalds, K.; Lace, L.; Melkus, G.; Rucevskis, P.; Silina, S.; Sizovs, A.; Viksna, J.; Zajakina, D. Hybrid system modelling framework HSM, 2023, <https://github.com/IMCS-Bioinformatics/HybridSystemModels>