

ПИСЬМА В РЕДАКЦИЮ

Память о прошлом даёт льготы

в процессах выживания и размножения

(Ответ на комментарий В.И. Кляцкина [УФН 182 1235 (2012)])

к статье "XXI век: что такое жизнь с точки зрения физики" [УФН 180 337 (2010)]

Г.Р. Иваницкий

Первые живые структуры "учились" в процессе эволюции, в результате каждый эволюционный шаг не был полностью случайным. Без наличия "памяти" о прошлом такой процесс невозможен. Необходимо запоминать удачные для выживания ситуации, чтобы накапливать опыт выживания и размножения в будущем.

PACS numbers: 05.45. – a, 05.65. + b, 87.23.Kg

DOI: 10.3367/UFNr.0182.2012111.1238

В.И. Кляцкин в комментарии [1] отмечает, что для процессов в хаотических средах характерно возникновение специфических структур, в которых растущая величина часто достигает больших значений. Это утверждение — правильное, механизм появления таких структур известен [3]. Подобные явления характерны как для неживых, так и живых систем. В моей статье [2, с. 344] также отмечалось это явление. Далее В.И. Кляцкин отмечает, что характерное время образования кластерной структуры в пространстве определяется статистическим ляпуновским индексом α и коэффициентом диффузии D_f в фазовом пространстве положительного значения функции поля $f(\mathbf{r}, t)$. Здесь у нас разногласий нет. Главная загадка возникновения живого состоит не в самом факте структуризации, а в интервалах времени от появления кластера до его исчезновения, т.е. времени его жизни τ . Возникший кластер, для того чтобы превратиться в "живую структуру", должен запомнить условия своего возникновения и передать результат запоминания потомству. В рамках "перемежаемости" [3] невозможно объяснить факт появления генома и механизм ускорения биологической эволюции.

Дефицит времени

Допустим, что необходимо собрать некоторое устройство, состоящее всего из двух иерархических уровней, т.е. из k узлов, каждый из которых имеет n деталей. Общее

число деталей равно kn . Рассмотрим три сценария сборки.

1. При наличии инструкции по сборке нужно сделать всего $(k-1)(n-1)$ шагов.

2. Если инструкции нет, а сборка производится на двух иерархических уровнях независимо методом "проб и ошибок" с перебором деталей внутри узлов, а затем и узлов, то число необходимых операций для узла составит $n!$, а общее число шагов — $\langle k!n! \rangle$.

3. Если такого критерия нет, а об удачности сборки можно судить лишь по конечному результату, получаемому объединением всех деталей и блоков случайным образом, то потребуются полный перебор всех комбинаций. Например, для открытия замка, код которого содержит kn цифр, число необходимых операций составит

$$(kn)! \approx (kn)^{kn}.$$

Допустим, что устройство состоит из четырёх блоков, а каждый блок — из четырёх деталей, $k = n = 4$. Пусть на каждую операцию уходит всего 5 с, тогда для сборки с инструкцией потребуется 9 шагов и 45 с, для сборки путём иерархического перебора — 576 шагов и 48 ч, а для сборки с помощью полностью случайного перебора необходимо сделать $16! = 2 \times 10^{19}$ шагов, затратив порядка 5×10^{11} лет. Это иллюстрирует возрастание затрат времени при переходе от полностью детерминированной сборки к полностью случайной.

Некоторые авторы придерживаются первого сценария возникновения живой материи [4, 5]. Я первый сценарий отбрасываю, поскольку он приводит к креационизму. Наши разногласия с В.И. Кляцкиным состоят в том, что он в неявной форме отдаёт предпочтение последнему из этих трёх вариантов, а мои предпочтения соответствуют второму варианту. В молекулярной биофизике при совершенствовании генетического текста

Г.Р. Иваницкий. Институт теоретической и экспериментальной биофизики РАН,
Институтская ул. 3, 142290 Пущино, Московская обл.,
Российская Федерация
Тел. (496) 773-24-81
Факс (496) 779-05-53
E-mail: ivanitsky@iteb.ru

Статья поступила 4 июля 2011 г.

этот процесс мы назвали "блочно-иерархическим отбором (БИО)" [6, 7]. Внутри биологических структур можно выделить свыше 20 иерархических уровней. Для примера отметим только некоторые из них: *молекулярные структуры* → *геном* → *клетки* → *особи* → *популяция* → *виды*. Биоструктуры на каждом из уровней обладают определённой продолжительностью жизни τ и размножением.

Из палеонтологических исследований известно, что в процессе биологической эволюции напоминался прошлый удачный опыт. В существующих сегодня живых системах — это геном. В противном случае, как справедливо утверждают креационисты — авторы работ [4, 5], никакого усложнения происходить не будет. Это их утверждение опровергается, если предположить, что биологические структуры, как и появившиеся на их основе организмы, могли "учиться" в процессе эволюции, поэтому каждый новый эволюционный шаг является не случайным, а "квазислучайным", или детерминировано-стохастическим, процессом. В противном случае мы придём к *парадоксу дефицита времени* (см. парадокс 3.5 в моей статье [2]). *Запоминание должно фиксировать удачные варианты и продлевать время их влияния на последующие процессы развития.*

Способность запоминать и учиться — это специфика живой материи. В результате соответствующий "поток развития" в фазовом пространстве стягивается с *ускорением* в определённую область, которая соответствует на каждом иерархическом уровне усовершенствованной новой живой структуре. Структурообразование, по В.И. Кляцкину [1], — также область в фазовом пространстве, но не конкретная, а произвольная, причём стягивание процесса в эту область происходит *медленно*. Иными словами, никакого "обучения" и отбора в его сценарии нет, структурообразование — это лишь свойство самой внешней среды.

Естественно, возникает вопрос: как реализуется обучение в примитивных биологических структурах? Я назвал явление "обучения" собирательным термином "память". Чтобы уточнить наши разногласия с В.И. Кляцкиным, необходимо пояснить, какой смысл вкладывается в термин "память". Обычно "память" определяют как *процесс сохранения прошлого удачного опыта, делающий возможным повторное использование этого опыта в настоящем и будущем.*

Что объединяет и что разъединяет наши модели

Обычно для описания эволюционной генетики используется язык математической лингвистики. Но можно использовать и другой язык (возможно, более понятный), а именно язык роста и гибели случайных и квазислучайных графов.

Обозначим через $x_{ji}(t)$ потомство i -й размножающейся праструктуры j -го уровня:

$$x_{ji}(t) = n_{ji}(t) \omega_{ji}(t) \tau_{ji}(t), \quad (1)$$

где t — время, n — число "детей" в одном помёте, ω — частота рождения, τ — продолжительность жизни "родителей".

Биологическая эволюция — это *ветвящийся процесс* с размножением объектов. В настоящее время повышенный интерес к формированию в различных условиях ветвящихся сетей и процессов поддерживается в связи с описанием сетей Интернета и образования связей в мозгу

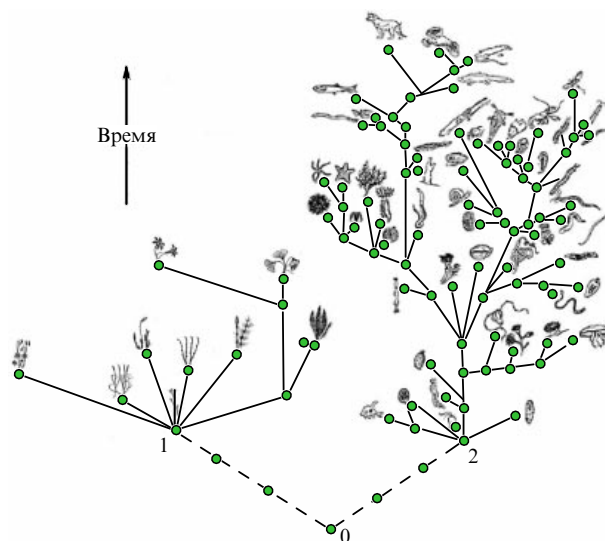


Рис. 1. Условное древо биологической эволюции: ветвь 1 — наземные растения, ветвь 2 — организмы животного мира.

при обучении живых организмов [8]. Обозначим через x_0 случайно образовавшуюся первую структуру, например, по механизму, описываемому в комментарии В.И. Кляцкина. Через $M(x_0)$ обозначим результат её удачного опыта. Этот результат определяется только тем, что структура существует в момент времени $t = 0$ в данных условиях внешней среды и размножается, например, делением на две структуры. Размножение — это главное свойство живых систем. Итак, пусть $x_1, \dots, x_t, \dots$ — результат выживания, фиксируемый посредством размножения, тогда можно записать:

$$x_0 = 1, \quad x_t = x_{t-1} + x_t - 1. \quad (2)$$

Такое описание изоморфно процессу размножения удачного опыта.

Если структура приносит потомство, то опыт $M(x_1)$ размножается, а сама праструктура через отрезок времени τ исчезает (умирает). Заметим, что если её опыт неудачен, то она может умереть, не принеся потомства с опытом $M(x_1)$. В этом случае $M(x_1) = 0$. На следующем шаге процесс повторяется с $M(x_2)$, $M(x_3)$, ... и т.д. Очевидно, что некоторые структуры с неудачным опытом $M(x_i)$ являются тупиковыми. Такие структуры вырождаются, а удачные могут жить вечно (до тех пор пока хватит субстрата для формирования их потомства). Изменение внешней среды осуществляет отбор структур. Подобный процесс биологической эволюции описан ещё Ч. Дарвином [9] (изменчивость, наследственность, отбор). Позднее его многократно пытались изложить в виде математических моделей (см., например, [10]). Важно другое: как объяснить ускорение биологической эволюции на уровне популяций из рождающихся и умирающих структур?

На рисунке 1 показан стандартный вид графа эволюции биологических видов. Этот граф наводит на мысль о направленности роста и усложнения видов.

Иерархические случайно растущие графы

Случайно растущие сети или графы представляет собой распределения, асимптотически приводящие к степенным законам. Предположим, что граф имеет $P(x)$ вершин.

При больших значениях x функция $P(x)$ определяется степенным законом:

$$P(x) \sim cx^{-\gamma}, \quad (3)$$

где c — постоянная нормировки, γ — степенной параметр. Пусть этот граф имеет v вершин, т.е. $P(x) = v$. Последовательность степеней $\deg v$ графа¹ можно превратить в одномерную убывающую последовательность [11]. Функция $f(v) = \deg v$ в виде одномерного графика изоморфна графу, так как она имеет такую же последовательность степеней $\deg v$. Функцию $f(v)$ можно исследовать в качестве обычной функции распределения, как это делает В.И. Кляцкин в комментарии [1]. Наличие пологого "хвоста" в функции $P(x)$ объединяет модель с этим процессом.

Однако нас интересует рост или гибель сети во времени. Обозначим множество всех возможных вершин графа $\langle v \rangle$ через E . Рост сети в этом множестве будем считать случайным [12]. Наиболее важной характеристикой сетей без масштаба является сумма степеней вершин, превышающих средний уровень. Самая высокая степень узла служит ядром сети, но это зависит не только от степени хаба², но и от его окружения.

Время жизни сети коррелирует с суммарной степенью графа S :

$$S = \sum_{v \in E} \deg v. \quad (4)$$

В случае разрыва рёбер графа происходит понижение суммарной величины степени. Очевидно, что степени хабов превышают средний уровень степеней, а сами хабы обладают наибольшей устойчивостью и продолжительностью жизни. Если изменение внешней среды будет разрывать рёбра, то граф может превратиться в набор изолированных миниграфов, содержащих изолированные хабы. Это свойство сетей изучено аналитически с использованием теории перколяции [13]. Справедливо и обратное: если в поле узлов изолированных миниграфов будут возникать новые связи (рёбра) между вершинами, то миниграфы постепенно за счёт объединения превратятся в граф с большим суммарным значением степеней S . Тем не менее последовательности степеней не всегда однозначно определяют топологию графа [14]. Существует теорема Эрдеша–Галлаи (Erdős–Gallai), которая облегчает выяснение такой ситуации [15].

Изолированные узлы без рёбер имеют нулевую степень. Эти нулевые узлы могут служить субстратом при будущем росте графа путём возникновения дополнительных связей. Возможно, этим и определяется, что на 3 млрд нуклеотидов, составляющих цепь ДНК человека, при расшифровке генома человека удалось выявить менее 30000 генов (ожидалось, что их должно быть более 100000). Остальные нуклеотиды, по-видимому, оказались нулевыми графами.

Механизм роста графа — это реорганизация топологии графа в пространстве. Графы с низкими степенями связаны между собой, как правило, через хабы. Конкретные характеристики роста масштаба сетей изменяются под действием механизма генерации новых связей. При

случайном захвате рост сети, например, генетического графа не полностью подчиняется степенному закону — иногда он похож на нормальное распределение [16–19]. Что касается вопросов биологической эволюции, то на молекулярном уровне, по-видимому, энергия связей в графе создавала кинетическую компоненту процесса и являлась её основным показателем, поскольку именно под влиянием температурных флуктуаций среды возникал отбор и происходил рост генетических графов. В этом случае каждый узел графа можно рассматривать как набор химических элементов, соединённых ковалентными связями, а рёбра графа — как более слабые водородные или ван-дер-ваальсовы связи. Величины энергий этих связей различаются на несколько порядков, например энергия водородной связи 5–10 ккал моль⁻¹, а энергия ковалентной связи O ↔ H 109 ккал моль⁻¹. Слабые связи играли важную роль при среднем понижении температуры нашей планеты, стимулируя самосборку простейших генетических структур на ранних этапах эволюции [20].

Если двигаться по вектору от ядра к периферии сети, то в более или менее устойчивом графе степени узлов постепенно снижаются. Случайный разрыв рёбер в этом случае слабо влияет на гибель хаба. Такая топология сети обеспечивает продолжительное существование графа. Только сильные изменения внешней среды могут разрушать связность хабов. Другие конфигурации масштаба сетей, которые ставят узлы с высокой степенью на периферию, не обладают этими свойствами. Следовательно, *время жизни* τ сети может существенно различаться в зависимости от особенностей её топологии [21]. На рисунке 2 показана гипотетическая сеть одной из ветвей древа биологической эволюции на уровне видов.

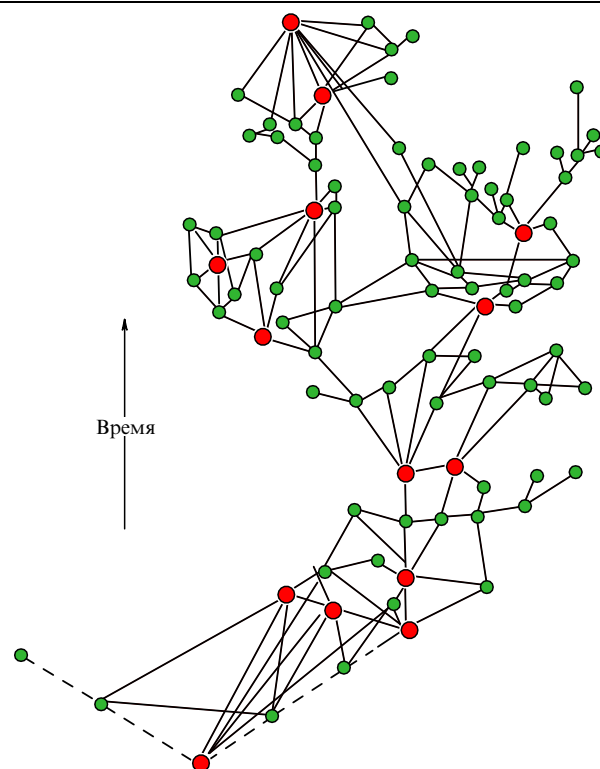


Рис. 2. Гипотетическая сеть одной из ветвей древа биологической эволюции. Большими кружками отмечено 14 хабов, для которых $\deg v > 4$. Нетрудно заметить, что сеть при атаке внешней среды может разделиться на 4–5 кластеров.

¹ Через $\deg v$ обозначается степень (валентность) узла графа, т.е. число рёбер, приходящих к вершине v .

² Хабами (hubs) называют вершины (узлы) с максимальным числом рёбер (связей).

Другая важная характеристика сетей относится к среднему расстоянию между хабами. Показано [22], что случайная, не имеющая предпочтительного направления роста в пространстве, сеть, у которой диапазон величины γ лежит в пределах $2 < \gamma < 3$, будет иметь компактную структуру. Диаметр возрастающего масштаба такой сети можно считать почти постоянной величиной. В подобных сетях плотность степеней велика по сравнению с таковой для упорядоченной сети, например решётки.

Модель роста *случайно возникающих сетей* основана на случайном образовании связей между узлами, при котором на каждом шаге два узла выбираются случайным образом. Случайным является граф, порождённый некоторым случайным вероятностным процессом. Эти сети по свойствам отличаются от неслучайно возникающих сетей [23]. Теория случайных графов лежит на пересечении теории графов и теории вероятностей. Если задать множество узлов E , а затем добавлять между узлами рёбра в случайном порядке, то мы получим случайно растущий граф. Наиболее изучен предложенный в работе [24] процесс порождения вероятностных графов, обозначаемый как $G(n, p)$ (по первой букве фамилии автора). В этом графе его периферия растёт независимо во всех направлениях с вероятностью p . С этим тесно связана модель графа $G(n, M)$ — модель Эрдеша – Реньи [25], в которой вероятности появления связей на периферии графа случайны, но эти вероятности равны. Граф растёт равномерно во всех направлениях. Структуры из хаоса, описанные в комментарии В.И. Кляцкина [1], растут схожим образом.

В обобщающей модели Гильберта [24] каждой вершине графа ставится в соответствие направляющий вектор. Это векторное поле заставляет граф расти в разных направлениях с различными скоростями. В биологии такой рост на уровне популяции особей соответствует самоуправляемому росту с помощью таксиса (фото-таксис, хемотаксис, гравитаксис и т.д.). Графы, управляемые таксисом, в отличие от случайных графов, приводят к особому случаю.

Растущие графы с запоминанием

Ещё одна важная особенность роста графов — это захват малых сетей большими. Такой вариант роста является другой моделью [26]. В этом случае структура графа формируется с ускорением, связанным с захватом малых сетей. Такое явление приводит к степенному графику роста графа, характерному для процессов, в которых скорость структурообразования во времени возрастает пропорционально уже достигнутому уровню. Данная модель отличается от модели, рассмотренной В.И. Кляцкиным [1]. Только с помощью подобной модели можно объяснить распределение накопления структурного разнообразия в биологических системах и усложнения организмов в филогенезе [27].

Такие модели интенсивно изучаются в связи с запросами социологии, экономики и логистики транспортных перевозок. Это *связанные процессы, в которых вероятность структурообразования во времени возрастает пропорционально уже достигнутому уровню* (preferential attachment process) [27]. Каждая вновь случайно возникающая структура (вершина графа) начинается с $M(x_0)$ опыта. Новые вершины в возникшую структуру за счёт их размножения будут добавляться со скоростью, пропорциональной текущему числу уже имеющихся вершин

x_i плюс некоторая постоянная величина α (ускоряющий фактор): $\alpha > |\pm x_0|$. Функция распределения вершин $P(x)$ в пределе также является степенным распределением с "хвостом":

$$P(x) \propto \frac{1}{x^\gamma}. \quad (5)$$

Доля $P(x)$ новых вершин, дополняющих растущую структуру, соответствует выражению [27]

$$P(x) = \frac{B(x + \alpha, \gamma)}{B(x_0 + \alpha, \gamma - 1)} \quad (6)$$

при $x \geq x_0$, где $B(x, y)$ — бета-функция Эйлера вида

$$B(x, y) = \frac{\Gamma(x) \Gamma(y)}{\Gamma(x + y)}, \quad (7)$$

где $\Gamma(x)$ — стандартная гамма-функция.

Если на уровне популяции, состоящей из особей, в качестве аргумента x принять продолжительность жизни отдельной особи τ , то в распределении $P(\tau) = P(\tau_0) \exp(-c\tau)$ формируется длинный "хвост" долгоживущих вершин, в данном конкретном примере — это особи данного вида. В формировании "хвоста" заключён ускоряющий фактор эволюции, обеспечивающий привилегии тем структурам, которые долго живут, а следовательно, приносят больше потомства. Один из примеров гипотетических функций продолжительности жизни структур τ и распределения $P(x)$, где $x = \tau$, показан на рис. 3.

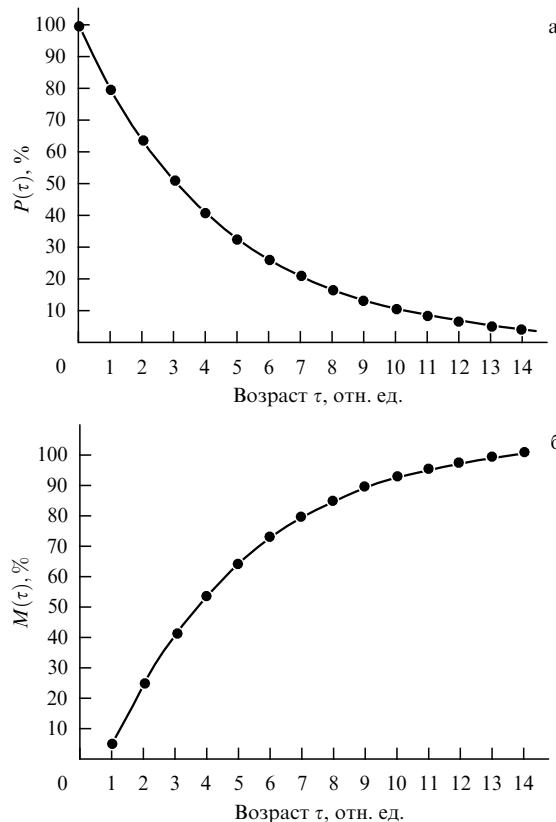


Рис. 3. (а) Кривая выживания $P(\tau)$ "родителей" для гипотетической популяции живых размножающихся структур в репродуктивном возрасте, т.е. не подверженных старению. (б) Кривая интегрального вклада $M(\tau)$ "родителей" в рост количества потомков по каждой возрастной группе "родителей".

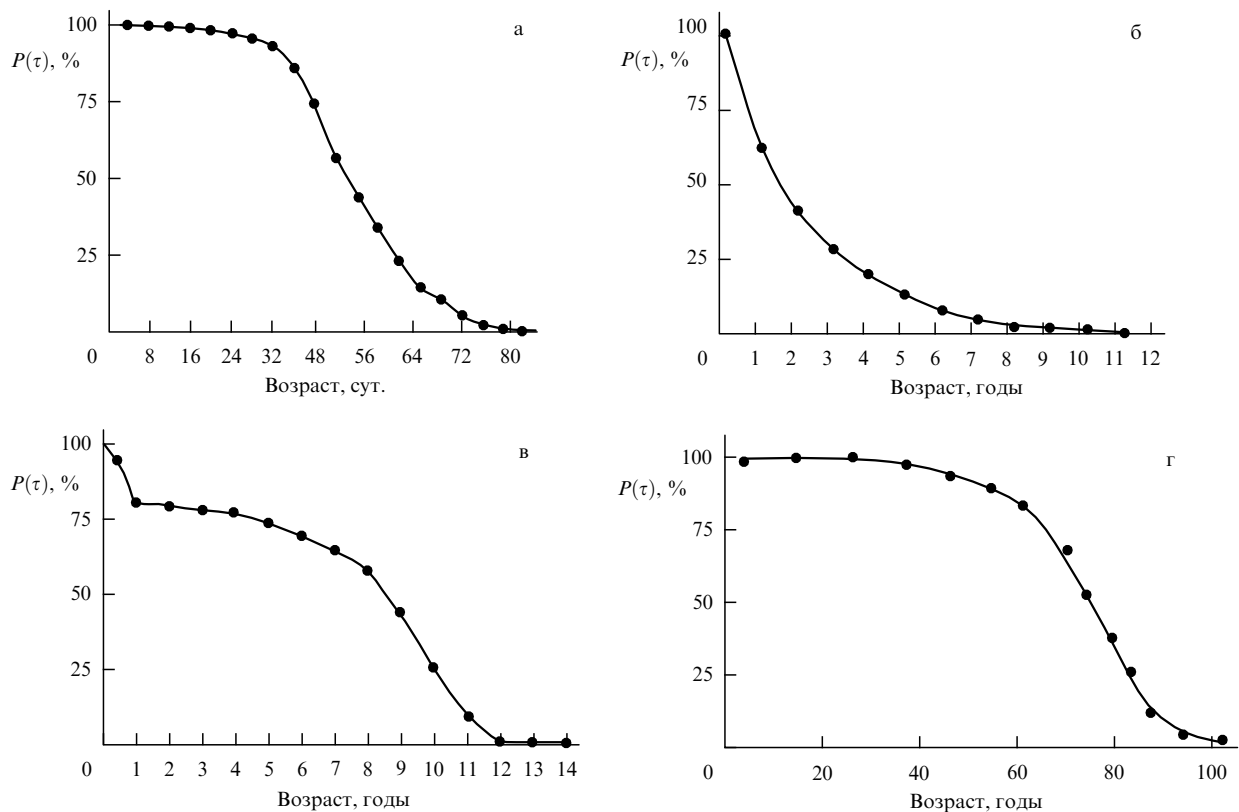


Рис. 4. Зависимости выживания $P(\tau)$ (процент выживших структур) для реальных популяций живых размножающихся особей различных видов: распределение выживания (а) для насекомых (самцы *Drosophila melanogaster*), (б) для птиц (чибицы *Vanellus vanellus*), (в) для млекопитающих (бараны *Далля*), (г) для человека (мужчины Англии 1960–1962 гг.) [31].

Максимальные значения распределения вкладов каждой структуры в рост потомства $M(\tau)$ в зависимости от продолжительности её жизни смещаются в сторону долгоживущих структур. Основа процесса состоит в том, что долгоживущие структуры представляют собой редкое явление — они находятся в "хвосте" популяции (рис. 3а). Однако в конечном итоге именно эти структуры вносят наибольший вклад в ускорение эволюции, так как живут долго и приносят большое потомство.

Процесс предпочтительных вложений объясняет не только распределение видов живых организмов, но и явлений, которые наблюдаются сегодня в социальных системах, таких как распределение городов по численности их населения, распределение богатства людей в обществе, распределение продуктивности учёных по количеству научных публикаций, распределение количества ссылок на научные публикации и т.п.

Для биологической эволюции, например, каждый род начинается с одного вида ($x_0 = 1$), а новые виды возникают от праорганизмов в результате мутаций в прямой зависимости от числа уже существующих при $\alpha = 0$ и $x_0 = m$ и продолжительности репродуктивного периода, следовательно,

$$P(x) = \frac{B(x, y)}{B(x_0, \gamma - 1)}, \quad (8)$$

где $\gamma = 2 + 1/m$. В модели Барабаши и Альберта оценка цитируемости научных работ основана на тех же идеях [26]. Чем дольше проявляется интерес к научной публикации (чем дольше она "живёт"), тем выше индекс её

цитирования. Этот случай соответствует значениям

$$x_0 = 0, \quad \alpha = 1.$$

Иногда такой процесс называют *эффектом Матфея*: *богатые будут богаче, а бедные беднее*³ [28].

Процессы с ростом скорости структурообразования, пропорциональным уже достигнутому уровню, можно рассматривать как один из вариантов систем случайных процессов с *положительной обратной связью и памятью, реализуемой на соответствующем иерархическом уровне*. Запоминание ускоряет биологическую эволюцию [7].

В этом и состоит главное мое предположение, в отличие от предположения В.И. Кляцкина.

Одной из первых подобных моделей в биологии являлась модель образования таксонов биотических организмов [29], которая была предложена ещё в 1925 г.

К сожалению, никто не знает, какими были биологические структуры на нашей планете на заре эволюции. Существует около сотни различных гипотез относительно этого. Однако большинство исследователей склоняется к мысли, что структуры, обладавшие возможностью репликации (размножения), скорее всего, являлись полимерами, состоящими из параллельных цепей [30] типа РНК или ДНК, существующих сегодня в живых клетках. Выжившие и размножившиеся организмы не всегда полностью "укладывались" в гипотезу *предпочти-*

³ Название эффекта связано с утверждением в *Евангелии от Матфея*, гл. 13: "Ибо кто имеет, тому дано будет и приумножится, а кто не имеет, у того отнимется и то, что имеет".

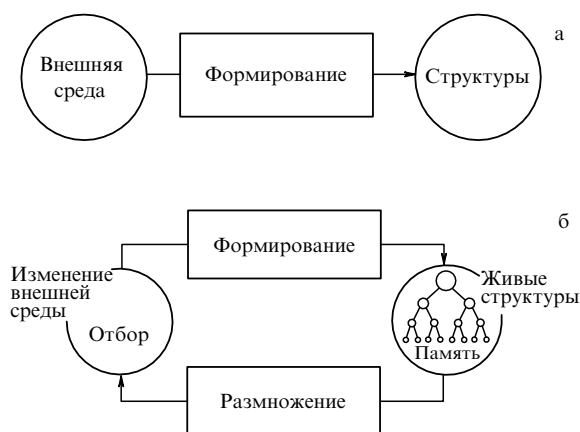


Рис. 5. Схема формирования структур по В.И. Кляцкину (а) и моя схема появления и эволюции живых структур (б). В схеме (б) живая структура — это иерархическая структура, которая в процессе размножения (а в дальнейшем и обучения) запоминала удачные варианты своих изменений, отвечающие условиям внешней среды.

тельных вложений в случайных сетях с простой степенной зависимостью роста $\exp(-at)$. На рисунке 4, иллюстрирующем эту ситуацию, изображены зависимости выживания $P(\tau)$ для реальных популяций живых размножающихся особей различных видов [31].

По мере усложнения видов продолжительность их жизни становится больше временного интервала их репродуктивного периода. При этом возникает новый дополнительный механизм обучения потомства. У первых примитивных структур и одноклеточных организмов обучение происходит исключительно по принципу: *не приспособлен к условиям внешней среды — вымрай, приспособлен — размножайся*. У многоклеточных, особенно у млекопитающих, обучение, наряду с принципом для одноклеточных организмов, приобрело дополнение: *учись опыту у старших*. В соответствии с этим дополнением изменился характер размножения.

Из изложенного выше становится ясным, что случайное возникновение структур в хаотических средах для появления живой материи и её эволюции от простейших до млекопитающих, включая человека, — необходимое, но не достаточное условие. Рисунок 5 иллюстрирует наши расхождения с В.И. Кляцкиным.

Биологические доказательства

В 1960-х годах были обнаружены необычные "вставочные мутации" IS (Insertion Sequences) у бактерий. Прыгающие и вставочные генетические тексты найдены у насекомых (дрозофилы) и растений (кукуруза). Становится ясным, что смешение генетических текстов происходило не только "буквами" или "словами", т.е. микрографами (IS-элементы), но и "словами" (транспозоны) и "фразами" (эписомы — сложные плазмиды), т.е. олигографами, и даже целыми "текстами" — макрографами (кроссинговер при половом скрещивании). Новые генетические тексты существенно изменяли характер регулирования на всех иерархических уровнях живых структур. Часто высказывалась гипотеза, что митохондрии — это пракариотические (бактериальные) включения в организм кариотов, т.е. симбиоз, доведённый до объединения в единый организм. Известно также, что один из важных путей смешения генофондов на уровне бактерий

шёл через перенос генов вирусами. В середине 1980-х годов была опубликована книга [32], посвящённая переносу генов и объединению геномов. В первой части моей статьи [2] даны примеры горизонтальных связей в геномах организмов. Таким образом, можно констатировать, что в природных условиях на начальных этапах биологической эволюции появилось нечто подобное генной инженерии.

Убедительные данные о пользе роста сетей геномов для увеличения долгоживущего потомства были получены ещё в 1950-х годах при скрещивании насекомых (например, дрозофил) [33].

Климатические катастрофы, с одной стороны, временно уменьшали видовое разнообразие, а с другой — *увеличивали генофонд планеты* на уровне микроорганизмов и тем самым ускоряли следующие после катаклизмов этапы эволюции. Особенность эволюции состояла в том, что она протекала быстро благодаря переносу генов, но одновременно проявляла расточительность за счёт случайностей [7]. Живая материя на основе генетической памяти становилась обширной сетью генетических текстов, т.е. биосферой всей нашей планеты.

Кроме обычных редких и случайных мутаций, графы генов мигрировали по различным биоценозам. Обнаружен обмен генами между совершенно неродственными организмами, даже между бактериями и высшими животными и растениями. О мутационных периодах — "скачках мутагенеза" — ещё в 1900 г. писал де Фриз [34].

Можно ли доказать: какая модель биологической эволюции является истинной?

Главным условием любой модели, претендующей на научную теорию, является её *внутренняя непротиворечивость*. Если отвлечься от практики применения теории, то выбор тех или иных моделей из множества возможных произволен. Но, поскольку мы руководствуемся экспериментом, произвольность выбора моделей или гипотез ограничена. Эти ограничения определяются, с одной стороны, *максимальной простотой модели*, а с другой — *необходимостью её экспериментального подтверждения*. В границах этих требований заключена *свобода выбора*.

Поиск ответа на вопрос о том, как возникла жизнь на нашей планете, — это некорректная обратная физическая задача. К сожалению, мы пока можем наблюдать лишь одну реализацию процесса возникновения жизни — это жизнь на нашей планете. Когда факт возникновения живой материи уже свершился, обсуждение истории свершения носит гипотетический характер. Особенность некорректных задач состоит в том, что по "улика", которые мы наблюдаем в настоящее время, требуется восстановить картину развёртывания процесса во времени в прошлом. Такие задачи очень чувствительны к начальным условиям, которых мы не знаем. Преобразовать эту обратную задачу в прямую пока не удаётся, и поэтому она не может быть решена однозначно.

А.И. Опарин [35], а затем Юри (Н. Urey) и Миллер (S.L. Miller) [36, 37], моделируя предполагаемые начальные условия на древней Земле, пытались экспериментально воспроизвести возникновение живой материи. Однозначного результата получить не удалось. Тем не менее если бы даже был получен удачный результат, то в полной мере он не мог бы служить доказательством того, что жизнь на Земле формировалась именно по выбранному авторами эксперимента сценарию. Необхо-

димо было бы доказать, что подобный сценарий является единственно возможным или, по крайней мере, наиболее вероятным.

Вывод

В связи с вышеизложенным становится очевидным, что дальнейшая дискуссия, хотя и интересная, о механизмах зарождения жизни на нашей планете на данном этапе развития космофизики и биофизики корректно неразрешима. Однако, чтобы объяснить, по крайней мере, те факты, которые уже накопила биология, необходимо от модели, предлагаемой В.И. Кляцкиным (рис. 5а), перейти к моей модели (рис. 5б).

Благодарю В.И. Кляцкина за интерес к моей работе и рецензента за предложение изложить идею биологической эволюции в терминах случайных графов.

Список литературы

1. Кляцкин В И *УФН* **182** 1235 (2012) [Klyatskin V I *Phys. Usp.* **55** (11) (2012)]
2. Иваницкий Г Р *УФН* **180** 337 (2010) [Ivanitskii G R *Phys. Usp.* **53** 327 (2010)]
3. Зельдович Я Б и др. *УФН* **152** 3 (1987) [Zel'dovich Ya B et al. *Sov. Phys. Usp.* **30** 353 (1987)]
4. Davis P, Kenyon D H *Of Pandas and People: The Central Question of Biological Origins* 2nd ed. (Dallas, TX: Haughton Publ. Co., 1993)
5. Hoyle F, Wickramasinghe N C *Evolution from Space* (London: Dent, 1981)
6. Иваницкий Г Р и др. *Биофизика* **30** 418 (1986)
7. Иваницкий Г Р *Выражи закономерностей. Правило БИО — стержень науки* (М.: Наука, 2011)
8. Борисюк Г Н, Борисюк Р М, Казанович Я Б, Иваницкий Г Р *УФН* **172** 1189 (2002) [Borisjuk G N, Borisjuk R M, Kazanovich Ya B, Ivanitskii G R *Phys. Usp.* **45** 1073 (2002)]
9. Darwin Ch *On the Origin of Species by Means of Natural Selection, or the Preservation of Favoured Races in the Struggle for Life* 1st ed. (London: J. Murray, 1859)
10. Alon N, Spencer J H *The Probabilistic Method* (New York: Wiley, 2000) [Алон Н, Спенсер Дж *Вероятностный метод* (М.: Бином. Лаборатория знаний, 2007)]
11. Dorogovtsev S N, Mendes J F F *Adv. Phys.* **51** 1079 (2002)
12. Колчин В Ф *Случайные графы* (М.: Физматлит, 2004)
13. Callaway D S et al. *Phys. Rev. Lett.* **85** 5468 (2000)
14. Bollobás B et al. *Random Struct. Algorithms* **18** 279 (2001)
15. Erdős P, Gallai T *Matematikai Lapok* **11** 264 (1960)
16. Pennock D M et al. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **99** 5207 (2002)
17. Kumar R et al. "Extracting large-scale knowledge bases from the web", in *Vldb'99, Proc. of 25th Intern. Conf. on Very Large Data Bases, September 7–10, 1999, Edinburgh, Scotland, UK*; <http://www.vldb.org/conf/1999/P60.pdf>
18. Dangelchev Ch *Physica A* **338** 659 (2004)
19. Caldarelli G et al. *Phys. Rev. Lett.* **89** 258702 (2002)
20. Finean J B *Biological Ultrastructure* (New York: Academic Press, 1967) [Финеан Дж *Биологические ультраструктуры* (М.: Мир, 1970)]
21. Bollobás B *Random Graphs* 2nd ed. (Cambridge: Cambridge Univ. Press, 2001)
22. Cohen R, Havlin S *Phys. Rev. Lett.* **90** 058701 (2003)
23. Dorogovtsev S N, Mendes J F F, Samukhin A N *Phys. Rev. Lett.* **85** 4633 (2000)
24. Gilbert E N *Ann. Math. Stat.* **30** 1141 (1959)
25. Erdős P, Rényi A *Publ. Math. Debrecen* **6** 290 (1959)
26. Barabási A-L, Albert R *Science* **286** 509 (1999)
27. Newman M E J *Contemp. Phys.* **46** (5) 323 (2005)
28. Merton R K *Science* **159** 56–63 (1968)
29. Yule G U *Phil. Trans. R. Soc. Lond. B* **213** 21–87 (1925)
30. Спирин А С *Палеонтологический журн.* (5) 11 (2007) [Spirin A S *Paleontological J.* **41** 481 (2007)]
31. Lamb M J *Biology of Ageing* (Glasgow: Blackie, 1977) [Лэмб М *Биология старения* (М.: Мир, 1980)]
32. Хесин Р Б *Непостоянство генома* (М.: Наука, 1984)
33. Clarke J M, Smith J M *J. Genet.* **53** 172–180 (1955)
34. de Vries H *Die Mutationen und die Mutationsperioden bei der Entstehung der Arten* (Leipzig: Veit, 1901) [Де-Фриз Г *Избранные произведения* (М.: Медгиз, 1932) с. 55–76]
35. Опарин А И *Возникновение жизни на Земле* (М.–Л.: Биомедгиз, 1936) [Опарин А И *The Origin of Life* (New York: Dover Publ., 1953)]
36. Miller S L *Science* **117** 528 (1953); <http://www.issol.org/miller/miller1953.pdf>
37. Miller S L, Urey H C *Science* **130** 245 (1959)

Memory about the past is beneficial for survival and reproduction

(reply to comment (*Usp. Fiz. Nauk* **182** 1235 (2012) [*Phys. Usp.* **55** (11) (2012)]) by V.I. Klyatskin on "21st century: what is life from the perspective of physics" (*Usp. Fiz. Nauk* **180** 337 (2010) [*Phys. Usp.* **53** 327 (2010)]) by G.R. Ivanitskii)

G.R. Ivanitskii

*Institute of Theoretical and Experimental Biophysics, Russian Academy of Sciences,
ul. Institutskaya 3, 142290 Pushchino, Moscow region, Russian Federation
Tel. +7 (496) 773 24 81. Fax +7 (496) 779 05 53
E-mail: ivanitsky@iteb.ru*

The fact that the first living structures were learning in the process of evolution resulted in that no evolutionary step was completely random. This learning was impossible without the "memory" about the past: survival-enhancing situations should be remembered to accumulate experience for survival and reproduction in the future.

PACS numbers: **05.45. – a**, **05.65. + b**, 87.23.Kg

DOI: 10.3367/UFNr.0182.2012111.1238

Bibliography — 37 references

Received 4 July 2011

Uspekhi Fizicheskikh Nauk **182** (11) 1238–1244 (2012)

Physics – Uspekhi **55** (11) (2012)