

5:[57+53](049.3)

## КИНЕТИЧЕСКИЕ ПРОЦЕССЫ В БИОФИЗИКЕ

**Ю. М. Романовский, Н. В. Степанова, Д. С. Чернавский.** М а т е м а т и ч е с к о е м о д е л и р о в а н и е в б и о ф и з и к е. М., «Наука» (Главная редакция физико-математической литературы), 1975, 343 с.

Примерно полгода тому назад вышла в свет книга «Математическое моделирование в биофизике», и, как это часто случается с интересными книгами, уже стала библиографической редкостью. Эта книга не первая, и надо думать, не последняя в математической биофизике. Имеются монографии по математической генетике, моделированию экосистем, ионного транспорта в мембранах и в других направлениях. Рецензируемая книга отличается от предшествующих широтой охвата биологических процессов. Несмотря на их разнообразие, все они исследованы с единой точки зрения и единими математическими методами, основанными на качественной теории дифференциальных уравнений. Последнее очень важно, именно это обстоятельство создает необходимую методическую основу для рассмотрения и позволяет ответить на вопрос: почему же можно сравнительно простыми математическими моделями описывать весьма сложные биологические процессы.

В значительной мере книга написана на основе оригинальных работ авторов, являющихся у нас в стране ведущими специалистами в области кинетики биофизических процессов. Остановимся кратко на содержании. Монография состоит из пяти частей, разделенных на главы и параграфы.

В первой части сообщаются необходимые сведения по биологии клетки и механизму клеточных процессов, а также приводятся необходимые для чтения книги результаты из качественной теории дифференциальных уравнений. На первый взгляд, биологические системы кажутся необыкновенно сложными и математическое их исследование, кроме вычислительных методов, представляется невозможным, однако биологические системы обладают рядом свойств, которые позволяют существенно упростить математическое исследование процессов. К таким свойствам относятся существование в биологических системах иерархии времен, насыщенность ферментативных процессов и т.д. Это приводит к тому, что в системе, как правило, имеется узкое место, определяющее скорость всего процесса в целом.

Во второй части на основе единого триггерного механизма, который безусловно играет важнейшую роль в биологической кинетике, рассматривается ряд принципиальных выбросов теории эволюции. Строится модель эволюции жизни, которая предполагается состоящей из двух этапов. Первый — конвергентная эволюция, когда образуется единый код, т. е. однозначное соответствие между последовательностью нуклеотидов в ДНК и последовательностью аминокислот в белке. Роль мутаций на этом этапе, по мнению авторов, незначительна.

На втором этапе — этапе дивергентной эволюции — происходит образование различных белков с различными функциями и различных видов организмов. Увеличение числа фенотипов происходит за счет мутаций. В этой же части построена триггерная модель дифференцировки тканей.

Третья часть посвящена более узкому, но практически важному вопросу биологической кинетики: проблеме роста и развития микробных популяций. Построены модели роста бактерий, культивируемых как в проточных, так и в непоточных условиях. Исследованы случаи, когда скорость роста биомассы зависит не только от концентрации субстрата, но и от выделяемых в процессе жизнедеятельности метаболитов. Для промышленного культивирования нужно иметь синхронные культуры, поэтому важное место уделено возникновению автоколебательных режимов в генетически однородных популяциях. В силу того, что задача о специфических иммунных силах организма близко сопрягается с задачами о росте колоний микроорганизмов — например, целый ряд клеток (эритроциты, лейкоциты и т. д.) существуют в условиях проточного культивирования — в конце третьей части рассмотрена модель иммунитета.

Особое место занимает четвертая часть, посвященная распределенным системам, которые прежде всего и существуют в действительности. Пространственно-распределенные системы, состоящие из бесконечного числа одинаковых и связанных диффузионно-триггеров, могут иметь неоднородные в пространстве решения, которые называются

диссипативными структурами. С помощью таких структур можно описать процессы дифференцировки тканей, образование мембран и морфогенез.

На практике, в химических и биологических кинетических системах (в частности, автоколебательных системах), всегда существует разброс начальных условий и параметров. Возникает вопрос: как будет вести себя такая система. С первого взгляда может показаться, что фазы колебаний будут случайными и система примет статистический характер. Анализ, проведенный в монографии, показал, что ситуация отнюдь не такова. Именно, благодаря тому, что биологические осцилляторы являются системами нелинейными и диссипативными, возникает явление взаимной синхронизации (если частоты отличаются не очень сильно, т.е. находятся в полосе захвата). Вследствие этого биологические объекты, являющиеся макрообъектами, ведут себя как целостные динамические системы: периодически изменяют свойства, синхронно и согласованно отвечают на внешние воздействия. Примеров такого рода можно привести много (в монографии специально обсуждается пример: периодическое изменение размеров ядер асцидной карциномы Эрлиха).

Биологическое значение явления взаимной синхронизации не требует пояснения. В монографии рассмотрены варианты синхронизации благодаря диффузии из клетки в клетку и благодаря наличию общей среды. Показано, что в обоих случаях легче синхронизируются релаксационные генераторы (имеют более широкую полосу синхронизации), нежели системы, близкие к гармоническим.

В последней части обсуждаются некоторые общие вопросы биофизики. Во-первых, рассмотрен ряд случаев, когда число молекул или «элементарных» объектов невелико и нельзя пользоваться понятиями «концентрация» или «среднее число особей». В этих случаях необходимо использовать так называемые «вероятностные модели», которые ведут к результатам, отличным от динамических моделей. Это проиллюстрировано на модели ферментативной реакции и модели хищник—жертва (дана оценка среднего времени жизни системы).

Во-вторых, рассмотрен вопрос, представляющий интерес не только для биофизики, но и для всей физики в целом. Это вопрос о том, при каких условиях динамическая (механическая) система может рассматриваться как статистическая. По существу, это вопрос о возникновении статистической необратимости. Этот вопрос рассмотрен на основе современных представлений и главная роль в его решении отводится возникновению неустойчивости динамических решений. В биофизике этот, казалось бы отвлеченный, вопрос становится особенно актуальным. Он имеет прямое отношение к проблеме термодинамического описания биологических систем, широко обсуждающейся в последнее время. Авторы показывают, что биологические системы не являются термодинамическими (т.е. близкими к равновесию). В то же время их нельзя считать и чисто механическими — они занимают промежуточное положение.

Вопрос о связи статистики и динамики имеет отношение и к проблеме добиологической эволюции. Сейчас ясно, что важнейший эволюционный закон — закон естественного отбора — действовал на нашей планете еще до возникновения живых существ. Этот закон имеет глубокую физическую основу и выяснение ее — одна из важнейших задач современной физики. Ясно, что в чисто статистической (эргодической) системе естественный отбор не может иметь места; ясно также, что в чисто динамической (консервативной) системе отбор также не осуществляется. Отбору могут подвергаться только системы промежуточного типа, и отсюда ясна их роль на всех этапах развития биосферы.

Монография «Математическое моделирование в биофизике» является важным первым шагом в постановке и разрешении этой физической проблемы и безусловно найдет широкое понимание и интерес среди физиков и биологов разных профилей. Она может быть также использована как учебник, так как для своего чтения требует подготовки в объеме двух курсов физического факультета.

Всякая новая вещь не может не иметь недостатков. Самым существенным, на наш взгляд, является малое количество иллюстративного экспериментального материала. Этот недостаток авторы, по-видимому, исправят в следующих изданиях.

*В. В. Алексеев*