

Татарова Екатерина Александровна

1 курс, группа ЛЦ-41,

инженерно-химический факультет,

НТУУ «КПИ»

Научный руководитель:

Бахтина Г. П., к.ф.-м.н.,

доцент ФМФ НТУУ «КПИ»

Математические модели предбиологической эволюции:

квазивиды, гиперциклы и сайзеры

В связи с тем, что на практике невозможно воспроизвести процесс эволюционного происхождения жизни и верифицировать модели предбиологической эволюции, их рассматривают как гипотетические.

В 70-х годах 20 столетия лауреат Нобелевской премии Манфред Эйген представил модели возникновения в ранней биосфере Земли молекулярно-генетических систем обработки информации. Наиболее простая из них – модель квазивидов, описывающая эволюцию полинуклеотидных (информационных) последовательностей. Анализируется дарвиновская эволюция популяции последовательностей, в процессе которой отбирается квазивид (распределение похожих последовательностей, обладающих достаточно большой скоростью репликации). В докладе презентуется общая схема описания модели; рассматривается детерминированная модель (как частный случай, при предельно малых мутациях и с мутациями) в виде системы обыкновенных дифференциальных уравнений; вводится понятие селективной ценности (как определенной неотрицательной приспособленности организма) и средней селективной ценности популяции.

Гиперцикл - модель самовоспроизводящейся макромолекулярной системы, в которой РНК и ферменты кооперируются. В докладе представлены: схема циклической организации гиперцикла; математическая модель конкуренции различных гиперциклов, помещенных в отдельные компартменты, что обеспечивает отбор гиперциклов в соответствии с их селективными ценностями.

Сайзеры имеют аналогии с моделью гиперциклов, но более сходны с простейшими биологическими организмами, чем модель гиперциклов. В докладе представлена общая схема сайзеров, которая включает полинуклеотидную матрицу (кодирует протеины), фермент репликации (обеспечивает репликацию полинуклеотидной матрицы), фермент трансляции (обеспечивает синтез белков в соответствии с информацией, хранящейся в матрице) и дополнительные белки/ферменты. Рассматриваются случаи динамики макромолекул сайзеров в гомогенной среде («эволюционный застой») и в коацерватах («эволюционный прогресс»). При определенных предположениях динамику процесса можно описать системой обыкновенных дифференциальных уравнений относительно концентрации полинуклеотидных матриц, ферментов репликации и ферментов трансляции. Для гомогенной среды скорости синтеза матриц пропорциональны концентрациям самих матриц и концентрациям ферментов репликации, а скорости синтеза ферментов пропорциональны концентрациям соответствующих матриц и концентрациям ферментов трансляции. Анализ решений модели показывает, что в этом случае не происходит отбора тех сайзеров, которые имеют наибольшие эффективности синтеза макромолекул. Следующая модель предполагает, что каждый сайзер помещен в отдельную коацерватную каплю, объем любого коацервата пропорционален числу макромолекул внутри данной капли, скорость роста числа молекул в коацервате пропорциональна объему коацервата и соответствующей скорости синтеза макромолекул, суммарная концентрация макромолекул постоянна, скорость синтеза матриц/ферментов пропорциональна концентрации матриц и концентрациям ферментов релаксации/трансляции. Качественный анализ модели показывает, что в результате конкуренции выживают сайзеры, имеющие максимальную селективную ценность, что обеспечивает условия эволюционного прогресса.

Доклад завершается схемой последовательного усовершенствования моделей: квазивиды, гиперциклы, сайзеры, протокиетки, простейшие.

Список использованных источников:

1. Редьков В.Г. Лекции [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://www/keldysh.ru/pages/BioCyber/Lectures>