

PIOTR KOWALCZYK (Warszawa)

Wstęp do artykułu A. Deutscha i S. Dormann pt. „Principles and mathematical modeling of biological pattern formation”

W artykule „Principles and mathematical modeling of biological pattern formation” A. Deutsch i S. Dormann dokonują przeglądu zasad i modeli matematycznych tworzenia się wzorca biologicznego. Autorzy skupiają swoją uwagę na zasadach tworzenia się wzorca charakteryzujących indywidualną morfogenezę. Przez morfogenezę rozumie się ogół procesów różnicowania się tkanek, ich przemieszczania i układania w zawiązki narządów prowadzących do osiągnięcia przez organizm budowy i kształtów właściwych danemu gatunkowi.

Powszechnie uważa się, że mutacja i selekcja są dominującymi procesami w dynamice filogenetycznej (filogeneza to postępujący z upływem czasu geologiczny rozwój poszczególnych grup organizmów wywodzących się od wspólnego pnia). Mogą być one poddane teoretycznej analizie, bazującej na udoskonalonej teorii doboru Darwina. Inaczej ma się sprawa z morfogenezą, dla której wciąż nie ma ogólnej teorii – tutaj mechanizmy nią rządzące wydają się być znacznie bardziej zróżnicowane i tylko częściowo zrozumiane.

Wszystkie komórki organizmu, w ciągu całego jego rozwoju, posiadają prawie identyczny zestaw genów. Powstaje więc pytanie, w jaki sposób generowanie wzorca mogłoby być osiągnięte poprzez morfogenezę. Zaproponowano wiele koncepcji i pojęć, aby wyjaśnić tę kwestię. Autorzy przedstawiają w artykule kilka z nich. Teoria preformacji rozpowszechniona była w XVII i XVIII w.; według niej w komórkach rozrodczych znajduje się całkowicie ukształtowany zarodek, rozwój zaś jego polega jedynie na powiększaniu się już istniejących zaczątków. Dopiero w końcu XIX w. zaczęto prowadzić systematyczne badania nad formowaniem się wzorca biologicznego. Powstała wtedy zasada optymalizacji, która głosiła, że organizmy powinny uzyskiwać kształty, optymalnie dobrane do pełnienia określonych funkcji. Autorzy omawiają też ideę zaczerpniętą z topologii, wedle której każda stabilna forma

fizyczna reprezentowana jest przez obiekt matematyczny zwany stabilnym atraktorem (można go obrazowo przedstawić jako stabilny stan lub zachowanie, do którego dąży układ dynamiczny, w tym przypadku może to być organizm). Przedstawiona jest też koncepcja samoorganizacji. Ważną rolę odgrywa tutaj zasada niestabilności: drobne zaburzenie przestrzennie jednorodnego stanu początkowego układu może doprowadzić do wytworzenia makroskopowych (widocznych na poziomie całego układu, a nie poszczególnych komórek) okresowych wzorców. Istotne są również lokalne oddziaływania między komórkami organizmu, które dały podstawy modelom mikroskopowym.

W ostatnich dekadach modelowanie matematyczne zostało przyjęte jako teoretyczna metoda analizy zasad morfogenezy biologicznej. Modele matematyczne zostały zastosowane do centralnych problemów biologii rozwoju, takich jak tworzenie się kształtów i tkanek, różnicowanie, regeneracja, podział komórek, a nawet tworzenie się wzorców złośliwych (rozwój nowotworów).

Modele tworzenia się biologicznego wzorca to układy dynamiczne, w których połączone są pojęcia przestrzeni, czasu i oddziaływania. Tworzący się wzorec jest wynikiem wzajemnego oddziaływania (aktywnego lub pasywnego) ruchu komórek lub mechaniczno-chemicznych interakcji komórek lub cząsteczek. Autorzy omawiają w artykule kilka modeli matematycznych, klasyfikując je m.in. poprzez określenie stopnia organizacji układu. Są to modele mikro- i makroskopowe w zależności od tego, czy skupiamy się na indywidualnych składnikach, np. cząsteczkach bądź komórkach, czy na całym organizmie bądź populacji.

Modele makroskopowe tradycyjnie formułowane były przy użyciu równań różniczkowych cząstkowych, które modelują przestrzeń jako kontinuum (ciągły, uporządkowany zbiór nieskończonej liczby elementów przechodzących jeden w drugi). Numeryczne rozwiązanie takich układów wymaga dyskretyzacji przestrzeni lub czasu, czyli przejścia od kontinuum do skończonego zbioru dyskretnych wielkości (co bardziej odpowiada rzeczywistości, gdzie mamy do czynienia ze skończoną liczbą komórek czy cząsteczek).

Modele mikroskopowe to najczęściej układy oddziałujących cząstek lub automaty komórkowe. W pierwszym przypadku mamy do czynienia ze skończoną populacją obiektów (np. komórek) poruszających się w przestrzeni, charakteryzowanych przez położenie, prędkość i stan wewnętrzny. Ruch i oddziaływania między cząstkami mogą być deterministyczne bądź losowe (w tym ostatnim wypadku mówimy o metodach Monte Carlo). Automaty komórkowe zaś możemy traktować jako dyskretne układy dynamiczne, z dyskretną przestrzenią i czasem, a także ze skończoną liczbą możliwych stanów. Pozwalają one również śledzić i analizować dynamikę czasoprzestrzenną organizmu na poziomie poszczególnych komórek.

Wydaje mi się, że artykuł autorstwa A. Deutscha i S. Dormann jest interesujący nie tylko dla matematyków zajmujących się modelami matematycznymi w biologii, ale też dla osób nie związanych zawodowo z matematyką czy biologią. Autorzy w przystępny sposób wyjaśniają pojęcia zawarte w tytule, pokazując jednocześnie, jak stosuje się matematykę w tak wydawałoby się odległej od niej dziedzinie nauki, jak biologia.

Instytut Matematyki Stosowanej i Mechaniki
Uniwersytet Warszawski
Banacha 2
02-097 Warszawa
E-mail: pkowal@mimuw.edu.pl