Математична біологія

Математика в біології має дуже широке застосування, можно навіть сказати що біологія і математика нерозривно пов’язані.

Процес проникнення математики в біологію має тривалу історію. Проте найсильніше він проявився в XX в. і головним чином в останні 20 - 25 років. Це перш за все пов'язано з розвитком самої біології, її теоретичних уявлень. Системи біологічних понять досягли того рівня абстрактності і точності, при якій стало можливим використання математичних моделей для опису біологічних явищ. Крім того, структура досліджуваних в даний час біологічних систем виявилася настільки складною, що зажадала для свого аналізу розробки нових принципів дослідження, заснованих на точних математичних методах.

Перше застосування математики в біології пов'язане з обробкою результатів спостережень. Так було встановлено більшість експериментальних закономірностей ... Однак це надзвичайно корисний додаток математики до біології не тільки не єдине, але навіть і не найважливіше.

Сучасна біологія широко застосовує математичні методи. Без використання математичних методів було б неможливим виконання таких глобальних проектів, як геном людини, розшифровка просторової структури складних біомакромолекул, дистанційна діагностика, комп'ютерне моделювання нових ефективних ліків, планування заходів щодо запобігання поширенню епідемій, аналіз екологічних наслідків роботи промислових об'єктів, біотехнологічні виробництва і багато іншого.

Бурхливе впровадження математичних методів в біологію в останні десятиліття пов'язане в першу чергу з розвитком експериментальних фізико-хімічних методів біологічних досліджень. Рентгеноструктурний і спектроскопічні методи, аналіз послідовності ДНК неможливі без математичної обробки результатів експерименту.

З іншого боку, застосування математичних методів сприяло усвідомленню законів, що лежать в основі багатьох біологічних процесів. Численні приклади наведені в рекомендованій літературі. Серед них - властивості циклічних коливань численностей популяцій, принцип конкурентного виключення Гаузе для конкуруючих видів, порогова теорема в математичної епідеміології, умови поширення нервового імпульсу, умови виникнення різного типу автоволнових процесів в активних тканинах, зокрема в серцевому м'язі і багато інших.

Біологічні завдання ініціювали створення нових математичних теорій, які збагатили саму математику. Перша відома математична модель чисельності популяції кроликів Леонардо з Пізи (13 ст.) являє собою ряд Фібоначчі. Пізніші приклади нових математичних постановок дають завдання народження і загибелі, дифузійні процеси, системи з крос-дифузією в рівняннях з приватними похідними, нові типи крайових задач для рівнянь переносу, еволюційна теорія ігор, системи реплікаторні рівнянь. Основи сучасної статистики були закладені Р. Фішером, який також вивчав біологічні проблеми.

Математичні моделі в біології

Перші систематичні дослідження, присвячені математичним моделям в біології, належать А.Д. Лотку. Його моделі і зараз не втратили значення. Засновником сучасної математичної теорії біологічних популяцій справедливо вважається італійський математик Віто Вольтерра, який розробив математичну теорію біологічних співтовариств, апаратом якої служать диференціальні і інтегро- диференціальні рівняння. У наступні десятиліття популяційна динаміка розвивалася, в основному, в руслі висловлених в цій книзі ідей. Віто Вольтерру належить найвідоміша «біологічна модель» співіснування видів типу хижак-жертва (1928 р), яка входить в усі підручники з теорії коливань. Переклад книги Вольтерра вийшов в 1976 р під назвою: «Математична теорія боротьби за існування» під редакцією і з післямовою Ю.М.Свірежева, де розглядається історія розвитку математичної екології в період 1931-1976 рр. Починаючи з сорокових років 20 століття, математичні моделі зайняли значуще місце в мікробіології: роботи Моно (1942), Новіка і Сцилларда (1950) дозволили описати закономірності зростання популяцій одноклітинних організмів.

Основною для розвитку математичних моделей просторово-часового поведінки біологічних систем стала робота Алана Тьюринга, "Хімічні основи морфогенезу" (Turing, 1952) заклала основу динамічного підходу до моделювання розподілених біологічних систем. У ній вперше показана можливість існування в активній кінетичної середовищі стаціонарних і неоднорідних структур. Отримані в цій роботі фундаментальні результати лягли в основу великого числа моделей морфогенезу, що описують розмальовку шкур тварин (Murray 1993; Мюррей, 2009), утворення раковин (Meinhardt 1995), морських зірок і інших живих організмів.

Важливу роль зіграли математичні моделі у вивченні механізмів генерації нервового імпульсу. А. Ходжкин і Е. Хакслі поряд з експериментальним дослідженням запропонували модель, що описує процеси іонного транспорту через мембрану і проходження імпульсу потенціалу вздовж мембрани. Робота британських вчених була удостоєна Нобелівської премії 1963 року (разом з сером Джоном Еклса, Австралія).

Поясненню механізму серцевих аритмій за допомогою аксіоматичних моделей збудливою середовища була присвячена перша в цій області робота Н. Вінера та А. Розенблюта (Wiener and Rosenblueth 1946). Російський переклад опублікований в книзі: Кібернетичний збірник,1961. У більш загальній формі подібні ідеї були розвинені радянськими вченими Гельфандом і Цетліном (Гельфанд і ін., 1963; Гельфанд і ін., 1966), а потім і іншими авторами на моделях клітинних автоматів. При побудові моделей враховували, що процес виникнення і поширення збудження в біологічних об'єктах, зокрема, в нервових тканинах має низку чітко виражених властивостей, вирушаючи від яких можна побудувати формальну модель цього явища.