ZESZYTY
NAUKOWE
POLITECHNIKI
ŚLĄSKIEJ

STEFAN WĘGRZYN, JEAN CHARLES GILLE, PIERRE VIDAL

GENETYKA PROCESÓW ROZWOJU

INFORMATYKA

Wydanie II

Z. 19
GLIWICE - LILLE - QUEBEC
1992

POLITECHNIKA ŚLĄSKA

ZESZYTY NAUKOWE

Nr 1156

STEFAN WĘGRZYN, JEAN CHARLES GILLE,
PIERRE VIDAL

GENETYKA PROCESÓW ROZWOJU

Wydanie II

GLIWICE – LILLE – QUEBEC 1992

СОДЕРЖАНИЕ

	Стр.
ВВЕДЕНИЕ	7
1. Развивающаяся система со своим генетическим словом	9
2. Сообщённое генетическое слово	17
3. Элементарные развивающиеся системы с двумя уровнями независимости и синхронным порядком развития без выделения операционной системы	21
4. Развивающиеся системы, определённые генетическим словом с очень простыми операционными ситемами	38
5. ДНК	47
6. ДНК представлена в категориях понятий генетического слова	56
7. Оценка скорости роста числа элементов развивающихся систем функция роста	61
ЛИТЕРАТУРА	65
РЕЗЮМЕ	68

CONTENTS

	Page
INTRODUCTION	7
1. Development system and its genetic word	9
2. Generalized genetic word	17
3. Elementary development systems with two degrees of freedom, without a distinguished operating system	21
4. Development systems defined by genetic words with very simple operating systems	38
5. DNA	47
6. DNA described by notions of genetic word	56
7. Growth rate estimation of elements number in development systems. Growth function	61
LITERATURE	65
SUMMARYS	68

SPIS TREŚCI

Str.

WPROWADZENIE 7

1. System rozwijający się i jego słowo genetyczne 9

2. Uogólnione słowo genetyczne 17

3. Elementarne systemy rozwijające się o dwu stopniach swobody i synchronicznym trybie rozwoju bez wyróżnionego systemu operacyjnego 21

4. Systemy rozwijające się definiowane słowami genetycznymi z bardzo prostymi systemami operacyjnymi 38

5. DNA 47

6. DNA przedstawione w kategoriach pojęć słowa genetycznego 56

7. Ocena szybkości wzrostu liczby elementów w systemach rozwijających się. Funkcja wzrostu 61

LITERATURA 65

STRESZCZENIA 68

WPROWADZENIE

Przedmiotem niniejszej pracy jest matematyczna teoria uporządkowanych zbiorów dynamicznych, to jest takich, których elementy tworzą pewną strukturę i ulegają stale pewnym przekształceniom, jak np. transformacja elementu pewnego typu na element innego typu.

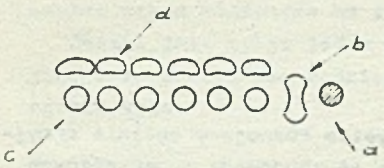
Na skutek tych ilościowych i jakościowych zmian poszczególnych elementów zbioru zmienia się też całkowita liczba elementów zbioru i jego struktura.

Problem polega na znalezieniu i rozwinięciu metod, które pozwoliłyby ze znajomości reguł transformacji elementów uporządkowanego zbioru dynamicznego wnioskować o jego rozwoju, to jest o jego strukturze, liczbie elementów i własnościach.

Sądzimy, że otrzymane wyniki, które przedstawiamy w niniejszej pracy, mogą być przydatne w analizie niektórych problemów wzrostu i rozwoju organizmów żywych.

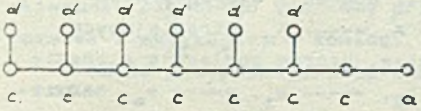
1. SYSTEM ROZWIJAJĄCY SIĘ I JEGO SŁOWO GENETYCZNE (POJĘCIA PODSTAWOWE)

Rozpatrywać będziemy uporządkowane zbiory elementów, takie jak np. przedstawiony na rys. 1.1. Składa się on z 14 elementów czterech typów.



Rys. 1.1. Przykład uporządkowanego zbioru elementów

Fig. 1.1. Example of an ordered set of elements



Rys. 1.2. Struktura uporządkowanego zbioru elementów z rys. 1 przedstawiona schematem

Fig. 1.2. Structure diagram of the ordered set of elements presented in fig. 1.1

Przyjmując na oznaczenie typu elementu symbole a, b, c, d, tak jak to zaznaczono na rys. 1.1, można strukturę tego uporządkowanego zbioru opisać schematem przedstawionym na rys. 1.2.

Aby struktury przedstawione na rys. 1.1 i 1.2 zapisać analitycznie, trzeba przyjąć konwencję zapisu dwóch występujących w tych strukturach kierunków: poziomego, z lewa na prawo i pionowego, z dołu do góry.

Można przyjąć, że kierunek poziomy, z lewa na prawo, jest podstawowy i że jeżeli między symbolami oznaczającymi elementy nie ma żadnych innych symboli, to oznacza, że elementy ułożone są poziomo, jeżeli natomiast nastąpi zmiana tego kierunku na kierunek pionowy, to sygnalizować to będzie symbol D, a koniec tej zmiany symbol $\bar{D}$.

Struktury z rys. 1.1 czy z rys. 1.2 można wówczas zapisać w następujący sposób:

$$cDd\bar{D}cDd\bar{D}cDd\bar{D}cDd\bar{D}cDd\bar{D}ba \qquad (1.1)$$

Dla uproszczenia tego zapisu można zastąpić symbol D przez symbol okrągłego nawiasu otwierającego, a symbol $\bar{D}$ przez symbol okrągłego nawiasu zamykającego.

Otrzymamy wówczas:

$$c(d)c(d)c(d)c(d)c(d)ba \qquad (1.2)$$

Zakładamy, że rozpatrywane przez nas systemy są systemami dynamicznymi, rozwijającymi się, to znaczy takimi, których elementy ulegają stale prze-

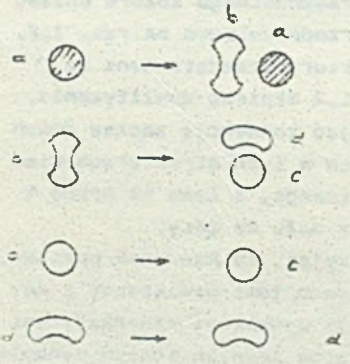
nym podziałom i transformacjom. Początkowo założymy dla prostoty, że transformacje dokonywane są sekwencyjnie i synchronicznie, w tych samych momentach czasu dla wszystkich elementów zbioru. Załóżmy np. dla poszczególnych typów elementów zbioru z rys. 1.1 takie transformacje, jak przedstawione na rys. 1.3. Korzystając z symboli literowych a, b, c, d, przyjętych dla poszczególnych typów elementów oraz symboli "(", ")" dla oznaczenia początku i końca pionowego kierunku rozwoju, można transformacje z rys. 1.3 zapisać w następujący sposób:

$a \longrightarrow bs$

$b \longrightarrow c(d)$

$c \longrightarrow c$

$d \longrightarrow d$



Rys. 1.3. Przykładowe transformacje elementów w procesie rozwojowym

Fig. 1.3. Exemplary transformations of elements during development process

Opisując system rozwojowy ogólnie przyjmiemy, że jest on zbudowany z n różnych typów elementów oznaczonych symbolami: $a_1, a_2, \text{-----}, a_i, \text{-----}, a_n$, przy czym właściwą dla każdego z tych typów elementów operację elementarną oznaczymy odpowiednio $A_1, A_2, \text{-----} A_i, \text{-----} A_n$. Ciąg symboli operacji elementarnych $A_1A_2 \text{-----} A_i \text{-----} A_n$ określających transformacje, którym podlegają elementy typów $a_1, a_2, \text{-----} a_i, \text{-----} a_n$, nazwiemy słowem genetycznym MG danego systemu rozwojowego.

Jest więc:

$$MG = A_1A_2 \text{-----} A_i \text{-----} A_n = \underset{i=1}{\overset{i=n}{SEQ}} A_i \qquad (1.3)$$

Zbiór n typów elementów oznaczamy przez:

$$Z = \{a_1, a_2, \text{-----} a_i, \text{-----} a_n\}.$$

System rozwojowy SE jest zdefiniowany przez jego słowo genetyczne MG rozpięte nad zbiorem Z wszystkich typów elementów występujących w rozpatrywanym systemie oraz przez pewien warunek początkowy, za który będziemy przyjmowali zawsze element a_1, co zapisujemy:

$$SE = \frac{MG}{Z} = \frac{\underset{i=1}{\overset{n}{SEQ}} A_i}{Z} = \frac{A_1A_2 \text{-----} A_i \text{-----} A_n}{a_1, a_2, \text{-----} a_i, \text{-----} a_n} \qquad (1.4)$$

O operacjach A_i zakładamy, że przekształcają elementy zbioru Z w elementy również należące do tego zbioru, czyli że:

jeżeli: $A_i \in MG$ i $a_i \in Z$ to $A_i(a_i) \in Z$

Ogólnie można je podzielić na trzy klasy: operacje <u>podziału</u>, operacje <u>transformacji</u> i operacje <u>stagnacji</u>.

W przypadku operacji podziału jest:

$$A_i(a_i) = a_j D_i a_k \bar{D}_i \tag{1.5}$$

gdzie D_i symbol kierunku umieszczenia elementu a_k względem a_j, $\bar{D}_i$ koniec ciągu elementów na tym kierunku.

Jeżeli jest tylko jeden kierunek rozwoju lub jeden dominujący, to dla jego zaznaczenia nie będziemy stosować żadnych symboli. W takim przypadku będzie więc:

$$A_i(a_i) = a_j a_k$$

co oznacza, że elementy a_j i a_k znajdują się obok siebie wzdłuż głównego kierunku rozwoju.

Jeżeli będą dwa kierunki rozwoju, np. dominujący poziomy (od lewej ku prawej) i pionowy (od dołu do góry), to jako symbole początku i końca kierunku pionowego będziemy przyjmować nawiasy okrągłe: otwierający - początek i zamykający - koniec.

W takim przypadku będzie więc:

$$A_i(a_i) = a_j(a_k).$$

Jeżeli będą trzy kierunki rozwoju, np. dominujący poziomy (od lewej ku prawej) oraz pionowy pierwszy (od dołu do góry) i pionowy drugi (od góry do dołu), to jako symbole początku i końca kierunku pionowego pierwszego przyjmiemy odpowiednio otwierające i zamykające nawiasy okrągłe "(", ")", a jako symbole początku i końca drugiego kierunku przyjmiemy odpowiednio otwierające i zamykające nawiasy graniaste "[", "]".

Będzie więc:

$$A_i(a_i) = a_j(a_k),$$

lub

$$A_i(a_i) = a_j[a_k].$$

W przypadku operacji <u>transformacji</u> będzie:

$$A_i(a_i) = a_j \tag{1.6}$$

W przypadku operacji <u>stagnacji</u> będzie:

$$A_i(a_i) = a_i \tag{1.7}$$

Kolejność zapisu typów elementów w zbiorze:

$$Z = \{a_1, a_2, \text{----- } a_i, \text{ ----- } a_m\}$$

oraz kolejność zapisu odpowiadających im operacji w ciągu:

$$MG = A_1A_2 \text{ ----- } A_i \text{ ----- } A_m$$

nie jest przypadkowa, lecz taka, aby w przypadku operacji podziału było:

$$A_i(a_i) = a_jD_ia_k\bar{D}_i, \quad \text{gdzie} \quad j > i, \quad k > i, \quad j \neq k \tag{1.8}$$

W przypadku operacji transformacji będzie:

$$A_i(a_i) = a_j, \quad \text{gdzie} \quad j > i \tag{1.9}$$

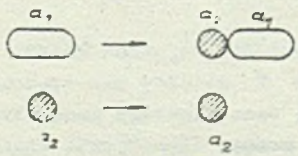
a w przypadku operacji stagnacji:

$$A_i(a_i) = a_i. \tag{1.10}$$

Rozpatrzmy dla przykładu system rozwijający się SE zdefiniowany przez słowo genetyczne $MG = A_1A_2$ rozpięte nad zbiorem $Z = \{a_1, a_2\}$, co zapiszemy:

$$SE = \frac{MG}{Z} = \frac{A_1A_2}{a_1, a_2} \tag{1.11}$$

O operacjach A_1 i A_2 założymy, że:



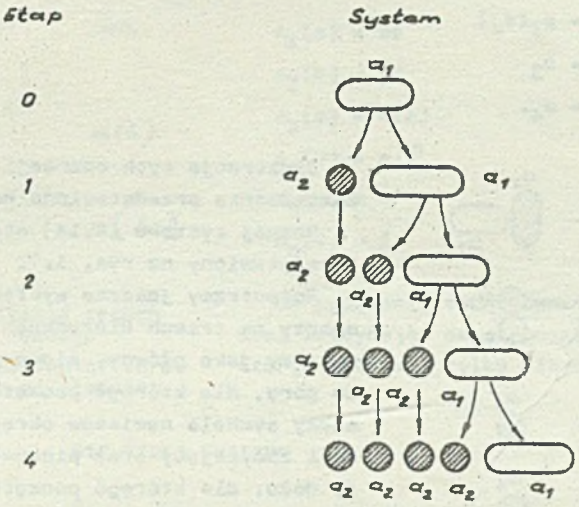
Rys. 1.4. Ilustracje operacji (1.12)

Fig. 1.4. Illustration of operations (1.12)

$$A_1(a_1) = a_2a_1$$
$$A_2(a_2) = a_2. \tag{1.12}$$

Ilustracja tych operacji niech będę przekształcenia elementów przedstawione na rysunku 1.4.

Rozwój tego systemu etap po etapie jest przedstawiony na rys. 1.5, a jego opis matematyczny dany jest równaniami (1.13).



Rys. 1.5. Rozwój systemu SE = $\frac{A_1A_2}{a_1,a_2}$ określonego równaniami (1.12) etap po etapie, od etapu 0 do 4

Fig. 1.5. Development of a system SE = $\frac{A_1A_2}{a_1,a_2}$ defined by eqs. (1.12), step by step, from step o to step 4

Przyjmując jako warunek początkowy a_1 otrzymujemy na podstawie równań (1.12):

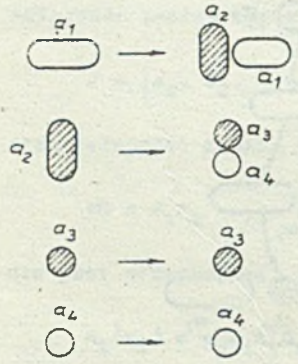
Etap	System
0	a_1
1	a_2a_1
2	$a_2a_2a_1$
3	$a_2a_2a_2a_1$
4	$a_2a_2a_2a_2a_1$

(1.13)

Innym przykładem niech będzie system rozwijający się SE zdefiniowany przez słowo genetyczne MG : $A_1A_2A_3A_4$ rozpięte nad zbiorem Z = $= \{a_1, a_2, a_3, a_4\}$.

O operacjach A_1, A_2, A_3, A_4 założymy, że:

$$A_1(a_1) = a_2 a_1$$
$$A_2(a_2) = a_3(a_4)$$
$$A_3(a_3) = a_3 \qquad (1.14)$$
$$A_4(a_4) = a_4.$$



Rys. 1.6. Ilustracja operacji A_1, A_2, A_3, A_4 z równań (1.14)

Fig. 1.6. Illustration of operations A_1, A_2, A_3, A_4 in eqs. (1.14)

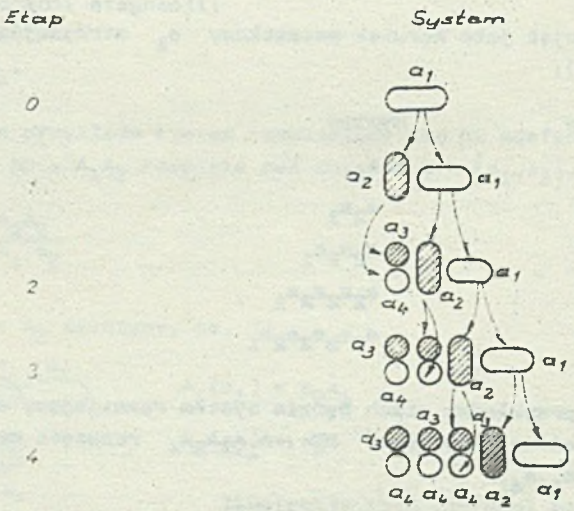
Ilustrację tych operacji niech będą przekształcenia przedstawione na rys. 1.6.

Rozwój systemu (1.14) etap po etapie jest przedstawiony na rys. 1.7.

Rozpatrzmy jeszcze system rozwijający się oparty na trzech kierunkach rozwoju: poziomy jako główny, pionowy ukośny z dołu do góry, dla którego początku i końca przyjmiemy symbole nawiasów okrągłych otwierający i zamykający oraz pionowy ukośny z góry do dołu, dla którego początku i końca przyjmiemy symbole nawiasów graniastych otwierający i zamykający, tak jak to ilustruje rys. 1.8.

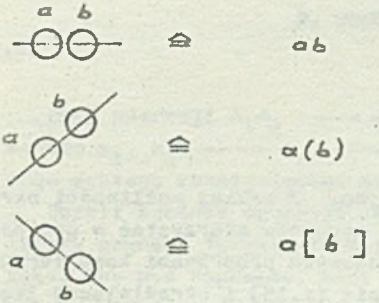
Niech będzie:

$$SE = \frac{MG}{Z} = \frac{A_1\ A_2\ A_3\ A_4\ A_5\ A_6}{a,\ b,\ c,\ d,\ e,\ f}$$



Rys. 1.7. Rozwój systemu określonego równaniami (1.14) od zerowego etapu do 4 etapu

Fig. 1.7. Development of the system defined by eqs. (1.14) from step 0 to step 4



Rys. 1.8. Oznaczenie trzech kierunków rozwoju

Fig. 1.8. Denotation of three directions of development

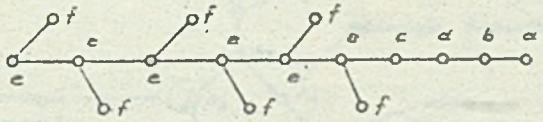
gdzie:

$$A_1(a) = ba$$
$$A_2(b) = cd$$
$$A_3(c) = e(f) \qquad (1.15)$$
$$A_4(d) = e[f]$$
$$A_5(e) = e$$
$$A_6(f) = f$$

Na podstawie tych równań (1.15) otrzymamy zaczynając od etapu zerowego, na którym istnieje tylko element a:

Etap	Struktura Systemu	
0	a	
1	ba	
2	cdba	(1.16)
3	e(f)e[f]cdba	
4	e(f)e[f]e(f)e[f]cdba	
---	---	
n	$\underbrace{e(f)e[f]e(f)\ \text{---}\ e[f]}_{2n-4}$cdba	

Ten system na piątym etapie rozwoju ilustruje rys. 1.9.



Rys. 1.9. System ewolucyjny zdefiniowany równaniami (1.15) na piątym etapie rozwoju

Fig. 1.9. Development system defined by eqs. (1.15) on its 5-th step of evolution

Proces rozwoju (1.16) można również zapisać za pomocą następującej procedury rekurencyjnej:

Procedura P(n)

$$
\begin{aligned}
&n = 0, \ a \\
&n = 1, \ ba \\
&n = 2, \ cdba \\
&n \geq 3, \ a(f)a[f]P(n-1).
\end{aligned}
\tag{1.17}
$$

Procedura P(n) jest procedurą rekurencyjną. Z takiej możliwości określenia przebiegu procesu rozwoju jest bardzo wygodnie skorzystać w przypadku posługiwania się w analizie procesów rozwojowych programami komputerowymi.

W przypadku np. systemu rozwijającego się (1.15) i określającej jego program procedury rekurencyjnej (1.17) odpowiedni program komputerowy w języku PASCAL będzie miał postać:

```
function P(n: integer): string;
if n = 0  then
return 'a'
else
if n = 1 then
return 'ba'
else
if n = 2  then
return 'cdba'
else
if n > = 3 then
return  CONCAT ('a(f)a[f]', P(n - 1)).
```

2. UOGÓLNIONE SŁOWO GENETYCZNE

Ciąg operacji A_1A_2 ----- A_i ----- A_m odpowiadających m typom elementów a_1, a_2, ----- a_i, ----- a_m nazwaliśmy słowem genetycznym MG danego systemu rozwijającego się.

Jeżeli symbole operacji A_1, A_2, ----- A_i ----- A_m traktować jako litery pewnego języka, to ciąg MG można traktować jako słowo w tym języku. Aby być poprawne, musi ono spełniać podane w poprzednim rozdziale warunki (1.8) i (1.9), które można nazwać regułami gramatyki tego języka:

$$\text{jeżeli } A_i(a_i) = a_j, \quad \text{to} \quad j > i \tag{2.1}$$

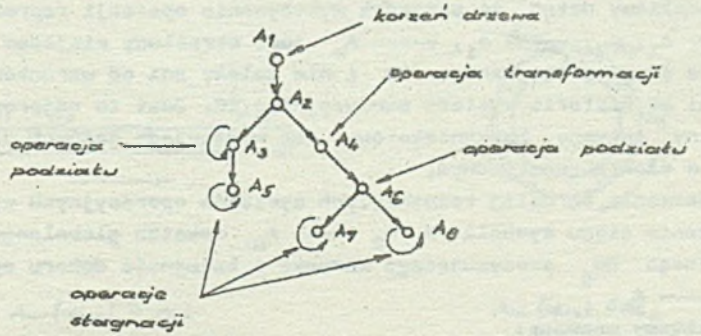
$$\text{jeżeli } A_i(a_i) = a_j D_i a_k \bar{D}_i, \text{ to } \begin{matrix} j > i, & k > i. \\ j \neq k & \end{matrix}$$

Warunki te i przyjmowany jako warunek początkowy element a_1 prowadzą do realizacji operacji występujących w słowie, kolejno zaczynając od pierwszego elementu występującego w zbiorze Z i pierwszej operacji występującej w słowie MG.

Można powiedzieć, że jest to czytanie tekstu słowa MG od lewej ku prawej.

W przypadku słowa genetycznego spełniającego warunki określone relacjami (2.1) mówimy, że jest to poprawne słowo genetyczne o strukturze liniowej.

Słowo genetyczne o strukturze liniowej można zilustrować drzewem binarnym takim, jak przykładowo pokazane na rys. 2.1 dla przypadku MG = $= A_1\ A_2\ A_3\ A_4\ A_5\ A_6\ A_7\ A_8$. Jeżeli warunki liniowości słowa (2.1) nie są

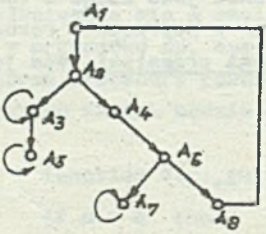


Rys. 2.1. Przykładowe drzewo binarne liniowego słowa genetycznego
Fig. 2.1. Exemplary binary tree of a linear genetic word

w przypadku pewnego "i" spełnione, a jego drzewo binarne ma postać przedstawioną na rys. 2.2, to mówimy o słowie genetycznym o strukturze kołowej z pętlą globalną.

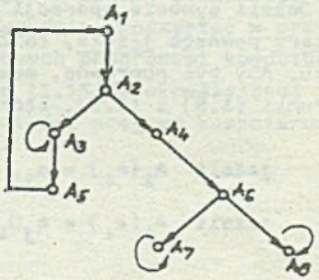
Słowo genetyczne o strukturze kołowej z pętlą globalną z rys. 2.2 zapiszemy w postaci:

$$MG = \overline{\lfloor A_1\ A_2\ A_3\ A_4\ A_5\ A_6\ A_7\ A_8} \qquad (2.2)$$



Rys. 2.2. Drzewo słowa genetycznego o strukturze kołowej z pętlą globalną

Fig. 2.2. Tree of a genetic word with circular structure and global loop



Rys. 2.3. Drzewo binarne słowa genetycznego z pętlą kołową lokalną

Fig. 2.3. Binary tree of a genetic word with local circular loop

Jeżeli warunki (2.1) nie są w przypadku pewnego "i" spełnione, a jego drzewo binarne ma postać przedstawioną na rys. 2.3, to mówimy o słowie genetycznym z kołową pętlą lokalną.

Słowo genetyczne z kołową pętlą lokalną z rys. 2.3 zapiszemy w postaci:

$$MG = \overline{\lfloor A_1\ A_2\ A_3\ A_4\ A_5\ A_6\ A_7\ A_8} \qquad (2.8)$$

Zakładaliśmy dotąd, że porządek wykonywania operacji reprezentowanych symbolami A_1, A_2, ----- a_1, ----- A_m jest określony miejscem symbolu w tekście słowa genetycznego MG i nie zależy ani od warunków zewnętrznych, ani od historii systemu ewolucyjnego SE. Jest to najprostszy system operacyjny, aktywny, bezkontekstowy, nie wymagający żadnych dodatkowych tekstów w słowie genetycznym.

Wprowadzanie bardziej rozwiniętych systemów operacyjnych wymagałoby poprzedzenia ciągu symboli $A_1\ A_2$ ----- A_m tekstem globalnego systemu operacyjnego SO_g precyzującego warunki i kolejność doboru operacji $A_1\ A_2$ ----- A_m.

Mielibyśmy wówczas:

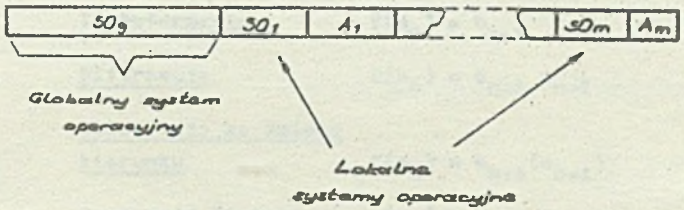
$$MG = SO_g \overset{m}{\underset{i=1}{SEQ}} A_i \qquad (2.4)$$

Zakładaliśmy dotąd również,że poszczególne operacje reprezentowane symbolami A_1 A_2 ----- A_m są zawsze takie same bez względu na warunki zewnętrzne, wewnętrzne i historię systemu.

Uwzględnienie wpływu warunków zewnętrznych, wewnętrznych i historii układu na sposób realizacji poszczególnych operacji reprezentowany symbolami A_1 wymagałoby umieszczenia przed ich tekstami, poprzedzających je tekstów lokalnych systemów operacyjnych oznaczonych symbolami SO_i. Mielibyśmy wówczas, łącznie z wprowadzeniem globalnego systemu operacyjnego, następującą postać uogólnionego słowa genetycznego:

$$MG = SO_g \underset{i=1}{\overset{m}{SEQ}} SO_i\ A_i \qquad (2.5)$$

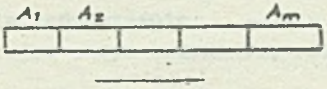
Wynika stąd format uogólnionego słowa genetycznego MG przedstawiony na rys. 2.4.

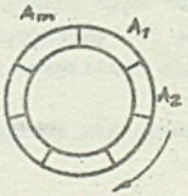


Rys. 2.4. Poglądowe przedstawienie formatu uogólnionego słowa genetycznego MG

Fig. 2.4. Demonstrative presentation of the format of generalized genetic word MG

Słowo genetyczne jest ciągiem symboli oznaczających poszczególne operacje. Jeżeli zapiszemy te symbole na jakimś rodzaju symboli, przewidując





$A_m(\alpha_m) = \alpha_m$ $\qquad$ $A_m(\alpha_m) = \alpha_1$

Rys. 2.5. Ilustracja pojęcia liniowej i kolejowej struktury słowa genetycznego MG = A_1 A_2 ----- A_m

Fig. 2.5. Ilustration of linear and circular structures of genetic word A_1 A_2 ----- A_m

dla każdego symbolu wyodrębnione miejsce fizyczne, to ciąg tych miejsc, w których znajdują się symbole A_1 A_2 ----- A_i ----- A_m, nazwiemy strukturą fizyczną słowa. Jeżeli natomiast wprowadzimy pewien <u>system operacyjny</u>, który będzie wyznaczał kolejność wykonywania operacji różną od kolejności fizycznego rozmieszczenia symboli na nośniku, to będziemy mówili o <u>strukturze logicznej słowa</u>.

Struktura logiczna słowa, a więc kolejność odczytu jego symboli, może pokrywać się z jego strukturą fizyczną, a więc z kolejnością rozmieszczenia symboli na nośniku. Można wtedy mówić o najprostszym systemie operacyjnym, którego rola sprowadza się do wskazania po odczytaniu jakiegoś symbolu, następnego najbliższego fizycznie jako tego, który ma być kolejno odczytany. Pojęcie liniowej i kołowej struktury słowa można wówczas zilustrować tak, jak to przedstawiono na rys. 2.5.

3. ELEMENTARNE SYSTEMY ROZWIJAJĄCE SIĘ O DWU STOPNIACH SWOBODY I SYNCHRONICZNYM TRYBIE ROZWOJU BEZ WYRÓŻNIONEGO SYSTEMU OPERACYJNEGO

Przez elementarne systemy rozwijające się o dwu stopniach swobody i synchronicznym trybie rozwoju będziemy rozumieć systemy, w których zbiór operacji elementarnych jest ograniczony do sześciu zdefiniowanych w następujący sposób:

Symbol	Nazwa	Równanie	
T:	Transformacja	$T(a_n) = b_{n+1}$	
B:	Bifurkacja	$B(a_n) = b_{n+1}\ c_{n+1}$	
C:	Bifurkacja ze zmianą kierunku	$C(a_n) = b_{b+1}(c_{n+1})$	(3.1)
G:	Generacja liniowa	$L(a_n) = b_{n+1}\ a_{n+1}$	
R:	Generacja ze zmianą kierunku	$R(a_n) = b_{n+1}(a_{n+1})$	
S:	Stagnacja	$S(a_n) = a_{n+1}$	

Indeks "n" oznacza tu czas dyskretny procesu rozwoju. Np. równanie $T(a_n) = b_{n+1}$ oznacza, że element typu "a" po każdym takcie czasu dyskretnego ulega transformacji w następnym takcie na element typu "b". Założenie o synchronicznym trybie pracy oznacza, że czas dyskretny "n" jest wspólny dla wszystkich elementów i dlatego transformacje wszystkich elementów odbywają się jednocześnie.

Pamiętając o tym założeniu, relacje (3.1) będziemy zapisywać w skróceniu tak:

T:	$a \rightarrow b$	L:	$a \rightarrow ba$
B:	$a \rightarrow bc$	R:	$a \rightarrow b(a)$
C:	$a \rightarrow b(a)$	S:	$a \rightarrow a$

(3.2)

Co do lokalnych systemów operacjnych, to zakładamy, że są one bardzo proste i sprowadzają się do jednoczesnego w dyskretnych momentach czasu

n = 1, 2, 3, --- przechodzenia wszystkich elementów z jednego etapu rozwoju na następny.

Zakładamy również bardzo prosty globalny system operacyjny, sprowadzający się do realizowania operacji elementarnych zgodnie ze słowem genetycznym, czytanym od lewej ku prawej.

Pozostając w obszarze tak określonych elementarnych systemów rozwijających się wskażemy obecnie na niektóre ich własności, posiadające odpowiedniki w biologii, np. zasada hierarchii, mutacja, regeneracja, problemy rekombinacji i klonowania.

Hierarchia - W biologii znana jest zasada hierarchii sprowadzająca się do tego, że w organiznach żywych z podstawowych ich elementów, czyli komórek, tworzą się tkanki, tkanki tworzą organy proste, organy proste tworzą organy wyższego rzędu, a te z kolei tworzą złożone organizmy.

Wykażemy, że tak rozumiana zasada hierarchii jest również własnością systemów rozwijających, wynikającą ze struktury słowa genetycznego.

Wykażemy to w następujący sposób:

Słowo genetyczne $MG = \underset{i=1}{\overset{m}{SEQ}} A_i$

można przedstawić w następującej postaci:

$$MG = A_1 \underset{i=2}{\overset{m}{SEQ}} A_i \tag{3.3}$$

czyli jako operację A_1 na podsłowie:

$$\underset{i=2}{\overset{i=m}{SEQ}} A_i$$

Rozpatrzmy obecnie dwa przypadki, ze względu na typ operacji pierwszy, gdy A_1: $A_1 \in \{L, R, T\}$ oraz drugi, gdy $A_1 \in \{B, C\}$.
Jeżeli $A_1 \in \{L, R, T\}$, to sekwencję:

$$\underset{i=2}{\overset{m}{SEQ}} A_i$$

można traktować jako podsłowo X słowa MG.
Zanotujemy:

$$MG = A_1 X \tag{3.4}$$

$$X = \underset{i=2}{\overset{m}{SEQ}} A_i \tag{3.5}$$

Jeżeli $A_1 \in \{B, C\}$, to trzeba wyróżnić dwa podsłowa X i Y wyróżnione przez operację bifurkacji A_1.

Oznaczamy przez X podsłowo, które zaczyna się od A_2, a przez Y podsłowo, które zaczyna się do A_3; będzie zatem:

$$MG = A_1 \begin{matrix} \nearrow Y \\ \searrow X \end{matrix} \tag{3.6}$$

Podsłowa X, Y można w ten sposób nadal dekomponować dochodząc aż do momentu, kiedy podsłowa sprowadzą się do prostych liter odpowiadających pojedynczym elementom. Rozpatrzmy obecnie szczegółowiej strukturę słowa A_1X i przypadek $A_1 = L$ (generacja liniowa).

Rozwój systemu o słowie genetycznym LX z warunkiem początkowym "a" można opisać w następujący sposób:

$$\begin{aligned} a &\longrightarrow X_0 a \\ X_k &\longrightarrow X_{k+1} \end{aligned} \tag{3.7}$$

gdzie X_k oznacza system zdefiniowany podsłowem genetycznym X na swoim k-tym etapie rozwoju.

Wychodząc z (3.7) otrzymamy następujące struktury na kolejnych etapach rozwoju:

Etap	Struktura
0	a
1	$X_0 a$
2	$X_1 X_0 a$
---	------
k	$X_{k-1}\ X_{k-2}$ ----- $X_0 a$

(3.8)

Załóżmy obecnie $A_1 = R$ (generacja ze zmianą kierunku). System rozwojowy określają wówczas relacje:

$$\begin{aligned} a &\longrightarrow X_0(a) \\ X_k &\longrightarrow X_{k+1} \end{aligned} \tag{3.9}$$

Na podstawie równań (3.9) otrzymujemy:

Etap	Struktura
0	a
1	$X_o(a)$
2	$X_1(X_o(a))$
---	---------
k	$X_{k-1}(X_{k-2}(\text{-----}\ X_1(X_o(a)\ \text{-----})$

(3.10)

Załóżmy w końcu $A_1 = T$ (transformacja).

Rozwój systemu jest określony, w tym przypadku relacjami:

$$a \longrightarrow X_o$$
$$X_k \longrightarrow X_{k+1} \qquad (3.11)$$

a stąd kolejne etapy rozwoju systemu:

Etap	Struktura
0	a
1	X_o
2	X_1
---	------
k	X_{k-1}

(3.12)

Relacje (3.8) i (3.10) wskazują na to, że operacje L i R realizowane na podsłowie X prowadzą do układów łańcuchowych systemów zdefiniowanych podsłowem X.

Relacje (3.12) wskazują natomiast na to, że operacja T na podsłowie X powoduje opóźnienie o jeden etap rozwoju systemu określonego podsłowem X.

Rozpatrzmy obecnie przypadek $A_1 \in \{B, C\}$.

Załóżmy najpierw $A_1 = B$ (operacja bifurkacji).

Rozwój systemu BXY jest określony równaniami:

$$a \longrightarrow X_o Y_o$$
$$X_k \longrightarrow X_{k+1} \qquad (3.13)$$
$$Y_k \longrightarrow Y_{k+1}$$

skąd wynika następujący proces rozwoju systemu:

Etap	Struktura	
0	a	
1	X_0Y_0	
2	X_1Y_1	(3.14)
---	-----	
k	$X_{k-1}\ Y_{k-1}$	

Jeżeli $A_1 = C$ (bifurkacja ze zmianą kierunku), to w identyczny sposób otrzymamy:

Etap	Struktura	
0	a	
1	$X_0(Y_0)$	
2	$X_1(Y_1)$	(3.15)
---	------	
k	$X_{k-1}(Y_{k-1})$	

Na podstawie (3.14) i (3.15) możemy powiedzieć, że realizacja operacji B i C na podsłowach X i Y prowadzi do struktury złożonej z dwóch podsystemów zdefiniowanych odpowiednio podsłowami X i Y.

Reasumując, można stwierdzić, że dekompozycja słowa genetycznego prowadzona od jego strony lewej ku prawej prowadzi do podziału systemu na coraz prostsze podsystemy, schodząc aż do pojedynczych elementów.

Jeżeli natomiast będziemy syntezować układ, idąc w słowie od strony prawej ku lewej, to będzie to układanie elementów w najprostsze podsystemy, następnie układanie tych podsystemów w wyżej zorganizowane systemy aż do ostatecznej struktury końcowej złożonego systemu.

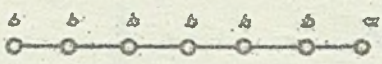
Wykażemy, że można to interpretować jako proces rozwoju, w którym elementy układają się w tkanki, tkanki w organy proste, a organy proste w organy coraz to wyższego rzędu.

Tkanki - Rozpatrzmy wynik działania operacji L na podsystem X złożony z jednego elementu X = S.

Zakładając warunek początkowy $X_0 = b$, otrzymamy $X_{k-1} = X_{k-2} = \text{----} X_0 = b$, a stąd na podstawie (3.8) dla k-tego etapu rozwoju tego systemu mamy:

$$\underbrace{b\ b\ b\ \text{-----}\ b\ b\ a}_{k} \qquad (3.16)$$

Taką strukturę nazwiemy prostą, pojedynczą tkanką utworzoną z "komórek" b. Jest ona przedstawiona na rys. 3.1.



Rys. 3.1. Prosta tkanka utworzona z pojedynczych elementów

Fig. 3.1. Simple tissue made from single elements

Rozpatrzmy obecnie system LX, w którym podsłowo X jest nieco bardziej skomplikowane i ma postać:

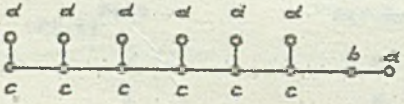
$$X = CSS$$

z warunkiem początkowym:

$$X_0 = b, \quad X_1 = c(d).$$

W tym przypadku struktura na k-tym etapie rozwoju ma postać nieco bardziej skomplikowaną:

$$\underbrace{c(d)c(d) \longrightarrow c(d)c(d)}_{k-1}ba \tag{3.17}$$

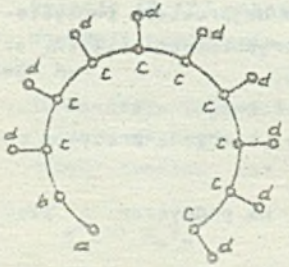


Rys. 3.2. Nieco bardziej rozwinięta tkanka o słowie genetycznym LX, gdzie X = CSS na 7 etapie rozwoju

Fig. 3.2. Slightly more developped tissue with genetic word LX, where X = CSS, on 7-th step of development

Struktura takiej nieco bardziej rozwiniętej tkanki utworzonej z par elementów c(d) na 7 etapie rozwoju jest przedstawiona na rys. 3.2.

Zamiana w słowie genetycznym LCSS operacji L przez operację R prowadzi do tkanki złożonej z tych samych par elementów c(d), lecz ułożonych według struktury kołowej tak, jak to przedstawia rys. 3.3.



Rys. 3.3. Nieco bardziej rozwinięta tkanka utworzona z par komórek c(d) ułożonych w tkankę przez operację R

Fig. 3.3. Slightly more developped tissue made of couples of cells c(d) grouped into the tissue by operation R

Organy - Niech będzie dany złożony system rozwojowy określony słowem genetycznym:

$$MG = CCCCLSRCCSLS \tag{3.18}$$

rozpiętym nad następującym zbiorem:

$$Z = \{a, b, c, d, e, f, g, h, i, j, k, l\}$$

Wynikają stąd następujące relacje:

$$\begin{aligned} a &\longrightarrow b(c) & g &\longrightarrow h(g) \\ b &\longrightarrow d(c) & h &\longrightarrow i(j) \\ c &\longrightarrow g(k) & i &\longrightarrow i \\ d &\longrightarrow d & j &\longrightarrow j \\ e &\longrightarrow fe & k &\longrightarrow lk \\ f &\longrightarrow f & l &\longrightarrow l \end{aligned} \qquad (3.19)$$

Analizując słowo genetyczne:

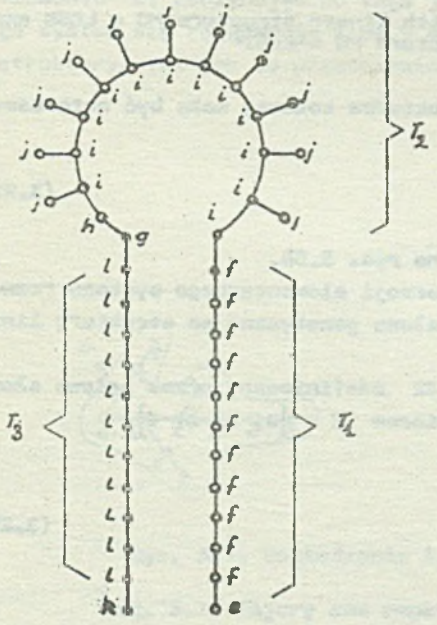
$$MG = CCCSLSRCSSLS$$

można je przedstawić w następującej postaci:

$$MG = CCCS\ T_1\ T_2\ T_3$$

gdzie: $T_1 = LS$, $T_2 = RCS$, $T_3 = LS$.

Treścią słowa genetycznego (3.18) jest więc operacja CCCS nad tkankami T_1, T_2, T_3.



Rys. 3.4. Organ CCCS T_1 T_2 T_3 jako wynik operacji CCCS na trzech tkankach prostych T_1 T_2 T_3 na swoim 13 etapie rozwoju

Fig. 3.4. Organ CCCS T_1 T_2 T_3 as a result of operations CCCS on 3 simple tissues T_1 T_2 T_3, on 13-th step of development

W wyniku wykonania tej operacji otrzymujemy organ, złożony z trzech tkanek, tak jak to ilustruje rys. 3.4.

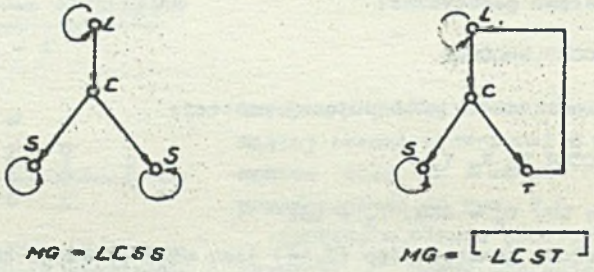
Wnioski. Łączenie się elementów w tkanki, tkanek w organy proste, a organów prostych w organy wyższego rzędu jest wspólną własnością systemów rozwijających się, wynikającą ze struktury słowa genetycznego MG.

Regeneracja

Przykładem słowa genetycznego o strukturze liniowej może być:

$$MG = LCSS \tag{3.20}$$

Drzewo tego słowa jest pokazane na rys. 3.5a.



Rys. 3.5. Przykłady słowa genetycznego o strukturze liniowej MG = LCSS i słowa genetycznego o strukturze kołowej MG = $\overline{[LCST]}$

Fig. 3.5. Examples of genetic words: with linear structure MG = LCSS and with circular structure MG = $\overline{[LCST]}$

Przykładem słowa genetycznego o strukturze kołowej może być natomiast słowo:

$$MG = \overline{[LCST}\rightarrow \tag{3.21}$$

którego drzewo jest też przedstawione na rys. 3.5b.

Zbadajmy, jak zależy zdolność regeneracji elementarnego systemu rozwojowego w zależności od tego, czy jego słowo genetyczne ma strukturę liniową czy kołową.

Niech będzie np. system rozwojowy SE zdefiniowany przez kołowe słowo genetyczne MG = $\overline{[LCST}\rightarrow$ rozpięte nad zbiorem $Z = \{a, b, c, d\}$.

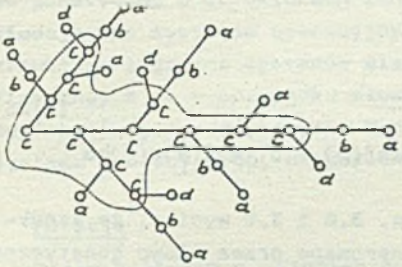
Jest więc

$$SE = \frac{\overline{[LCST}\rightarrow}{a,\ b,\ c,\ d} \tag{3.22}$$

Jeżeli warunkiem początkowym będzie element "a", otrzymamy na podstawie (3.22) dla 7 etapu rozwoju tego systemu rozwijającego się:

$$[SE]_{k=7} = \left[\frac{LCST}{a,b,c,d}\right]_{k=7} =$$

$$= c(c(ba)c(a)c(d)ba)c(c(a)c(d)ba)c(c(d)ba)c(ba)c(a)c(d)ba.$$



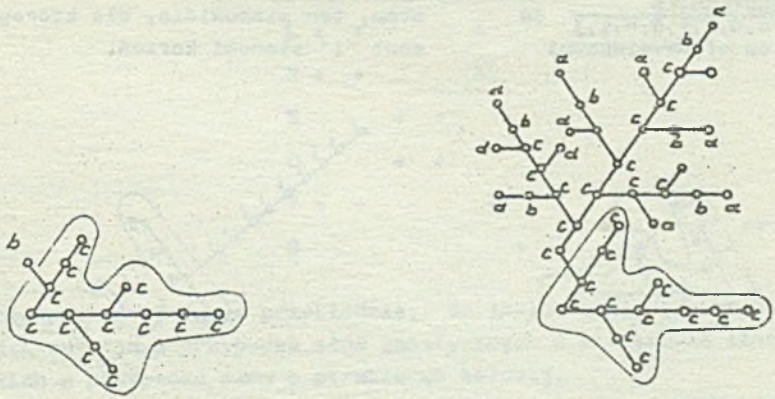
Rys. 3.6. System $\frac{LCST}{a,b,c,d}$ na swoim 7 etapie rozwoju

Fig. 3.6. System $\frac{LCST}{a,b,c,d}$ on 7-th etap of development

System ten jest przedstawiony obrazowo na rys. 3.6, gdzie dla większej czytelności przyjęliśmy, że zmiany kierunku rozwoju zaznaczone nawiasami następują na przemian w stronę lewą lub prawą.

Na rys. 3.6 obszar zamknięty linią ciągłą jest obszarem utworzonym z elementów stagnacji. Można go uważać za stałą strukturę w tym sensie, że ta część już się nie rozwija i nie musi korzystać z tekstów słowa genetycznego.

Przypuśćmy obecnie, że wszystkie elementy, które były w stanie rozwoju, zostały z systemu usunięte z wyjątkiem elementów będących w stanie S (stagnacji) i jednego elementu będącego w stanie rozwoju, a mianowicie elementu b. Zaczynając od tego jednego elementu jako warunku początkowego system się regeneruje i po 9 etapie rozwoju powraca do swej poprzedniej struktury, tak jak to przedstawiono na rys. 3.7.



Rys. 3.7. Uszkodzenie i regeneracja systemu $\frac{LCST}{a,b,c,d}$

Fig. 3.7. Injury and regeneration of the system $\frac{LCST}{a,b,c,d}$

Zbadajmy obecnie możliwości odbudowy w przypadku systemu rozwijającego się o słowie genetycznym liniowym.

Niech będzie następujący system rozwijający się:

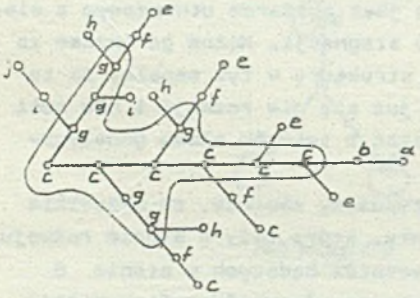
$$SD = \frac{LCSTLCSTLS}{a,b,c,d,e,f,g,h,i,j} \tag{3.24}$$

którego struktura na jego 7 etapie rozwoju jest przedstawiona na rys. 3.8.

Jest mianowicie

$$\frac{LCSTLCSTLS}{a,b,c,d,e,f,g,h,i,j}_{k=7} = \tag{3.25}$$

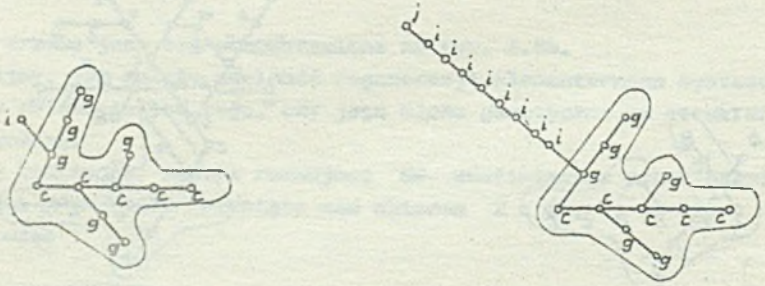
$$= c(g(ji)g(i)g(h)fe)c(g(i)g(h)fe)c(g(h)fe)\ .\ c(fe)c(e)d(d)ba$$



Rys. 3.8. Systemy rozwijające się $SD = \frac{LCSTLCSTLS}{a,b,c,d,e,f,g,h,i,j}$ na swoim 7 etapie rozwoju

Fig. 3.8. Development systems $SD = \frac{LCSTLCSTLS}{a,b,c,d,e,f,g,h,i,j}$ on 7-th step of development

Z rys. 3.6 i 3.8 wynika, że struktury generowane przez słowo genetyczne kołowe (wzór (3.23)) na 7 etapie rozwoju i przez słowo genetyczne liniowe (wzór (3.25)) na swoim 7 etapie rozwoju są identyczne. Przypuśćmy obecnie jak poprzednio, że wszystkie elementy rozwijające się, znajdujące się poza obwiednią otaczającą elementy stagnacji, zostają z systemu usunięte z wyjątkiem elementu "i". Regeneracja rozpocznie się więc od tego elementu "i", lecz w tym przypadku nie odbuduje się cały system, lecz tylko jeden jego podsystem, ten mianowicie, dla którego element "i" stanowi korzeń.



Rys. 3.9. Uszkodzenie i regeneracja systemu rozwojowego zdefiniowanego słowem liniowym LCSTLCSTLS

Fig. 3.9. Injury and regeneration of development system defined by linear word LCSTLCSTLS

Jest to podsystem:

$$\frac{LS}{i,j}$$

Ilustruje to rys. 3.9.

Różne własności regeneracji elementarnych systemów opisanych przez słowo genetyczne o strukturach liniowej i kołowej pochodzą stąd, że nie posiadają one systemów operacyjnych. Zakładaliśmy tylko, że programowa struktura logiczna systemów elementarnych pokrywa się z ich strukturę fizyczną, a to w przypadku słowa genetycznego kołowego pozwala na powrót do tekstów już odczytanych. W przypadku struktury liniowej jest to, bez systemu operacyjnego, niemożliwe.

Mutacja

Przez analogię z pojęciem mutacji biologicznej, przez którą rozumiemy zmiany organizmów wywołane zmianami tekstów w łańcuchu DNA, rozpatrzymy obecnie zmiany, które wywołuje w strukturze systemu rozwijającego się zmiana litery w tekście słowa genetycznego.

Zakładamy, że zmiana jest taka, że słowo pozostaje dalej słowem poprawnym, a więc może być podsłowem rozwoju nowego, choć różnego od poprzedniego, systemu rozwijającego się. Warunek poprawności gramatycznej słowa mutanta pozwala tylko na takie zmiany liter, które w tablicy 1 oznaczono symbolami +.

Tablica 1

	L	R	B	C	T	S
L	+	+			+	
R	+	+			+	
B			+	+		
C			+	+		
T	+	+			+	
S						+

Porównamy na wybranym przykładzie, do jakich zmian struktury systemu prowadzi mutacja w przypadku słów genetycznych o strukturze liniowej, a do jakich w przypadku słów o strukturze kołowej.

Słowo o strukturze liniowej

Niech będzie dany system:

$$SE = \frac{LCSTS}{a,b,c,d,e} \tag{3.26}$$

Porównajmy jego struktury ze strukturą systemu mutanta:

$$SE_m = \frac{LCSLS}{a,b,c,d,e}, \tag{3.27}$$

a więc takiego, w którego słowie genetycznym (3.26) litera T została zamieniona na literę L.

Przyjmując, że oba systemy miały ten sam warunek początkowy, którym był element "a", otrzymamy:

$$\left[\frac{LCSTS}{a,b,c,d,e}\right]_{k=6} = c(e)c(e)c(e)c(e)c(d)ba$$

$$\left[\frac{LCSLS}{a,b,c,d,e}\right]_{k=6} = c(eeeed)c(eeed)c(eed)\ .\ c(ed)c(d)ba \tag{3.28}$$

Te obie struktury są przedstawione na rys. 3.10.

Rys. 3.10. Systemy rozwojowe zdefiniowane słowami genetycznymi LCSTS i jego mutantem LCSLS na 7 etapie rozwoju

Fig. 3.10. Development systems defined by genetic word LCSTS and its mutant LCSLS on 7-th step of development

Słowo o strukturze kołowej

Rozpatrzmy obecnie skutki mutacji polegającej na zamianie litery T a L, w słowie genetycznym o strukturze kołowej $\overline{\lfloor TCS}$, która przechodzi a $\overline{\lfloor LCS}$.

Porównując te dwa systemy rozwijające się:

$$ES = \frac{\overline{\lfloor TCS}}{a,b,c} \quad \text{i} \quad ES_m = \frac{\overline{\lfloor LCS}}{a,b,c},$$

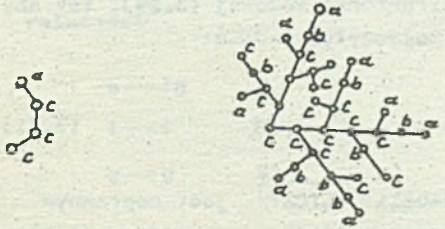
które na swoich 7 etapach rozwoju posiadają odpowiednio strukturę

$$\left[\frac{\overline{\lfloor TCS}}{a,b,c}\right]_{k=7} = c(c(c(a)))$$

$$\left[\frac{\overline{\lfloor LCS}}{a,b,c}\right]_{k=7} = c(c(c(a)ba)c(ba)c(a)ba)\,.\,c(c(ba)c(a)ba)c(c(a)ba)c(ba)c(a)ba$$

struktury tych systemów są przedstawione na rys. 3.11.

Z porównania rys. 3.10 i 3.11 widać o wiele większe zmiany wywołane zmianą jednego symbolu w tekście w przypadku systemu o słowie genetycznym o strukturze kołowej niż w przypadku systemu o słowie genetycznym o strukturze liniowej.



Rys. 3.11. System $\frac{\overline{\lfloor TCS}}{a,b,c}$ i jego mutant $\frac{\overline{\lfloor LCS}}{a,b,c}$ na ich 7 etapie rozwoju

Fig. 3.11. System $\frac{\overline{\lfloor TCS}}{a,b,c}$ and its mutant $\frac{\overline{\lfloor LCS}}{a,b,c}$ on their 7-th step of development

Rekombinowanie i klonowanie

W inżynierii genetycznej przez rekombinowanie i klonowanie DNA rozumie się ogólnie łączenie ze sobą odcinków DNA pochodzących z różnych organizmów i wprowadzanie ich do układów, w których w ten sposób skompilowane nowe DNA mogłyby zostać zaaprobowane, włączone do procesu replikacji, służąc jako wzorzec do syntezy RNA i białka.

Zbadajmy opowiednio analogiczne operacje w przypadku słów genetycznych, a więc problemy ich rozczepiania i łączenia. Aby analogie nie były trywialne, zakładamy, że rozczepiamy słowa genetyczne gramatycznie poprawne, a więc definiujące określone procesy rozwoju i że rozczepiamy je w miejscu jednego i tego samego symbolu, co odpowiada w inżynierii gene-

tycznej określeniu miejsc rozczepiania łańcuchów DNA przez wybór określonego enzymu restrykcyjnego.

Warunek klonowania, a więc warunek, aby nowe skompilowane DNA mogło zostać zaaprobowane, włączone do procesu replikacji i mogło służyć do syntezy RNA, zastępujemy tu przez warunek, aby nowe skompilowane słowo genetyczne było gramatycznie poprawne i definiowało określony system rozwijający się.

Weźmy np. słowo genetyczne $MG_1 = \overline{\lfloor LT \rfloor}$ o strukturze kołowej (co odpowiada strukturze DNA plazmidu) i przetnijmy je w miejscu, w którym występuje symbol operacji T (co odpowiada wyborowi odpowiedniego enzymu restrykcyjnego), otrzymamy:

$$MG_1 = \overline{\lfloor LT \rfloor} = \overline{\lfloor L\ \frac{T}{2} + \frac{T}{2} \rfloor}. \tag{3.29}$$

Niech będzie teraz dane obce słowo genetyczne $MG_2 = TC\ XTS$, gdzie X poprawne gramatycznie podsłowo słowa MG_2.

Wytnijmy teraz to podsłowo X ze słowa MG_2 w miejscach tego samego co poprzednio symbolu, to znaczy symbolu operacji T.

Otrzymamy:

$$MG_2 = TCXTS = \frac{T}{2} + \frac{T}{2}\ CX\ \frac{T}{2} + \frac{T}{2}\ S \tag{3.30}$$

Otrzymany fragment tekstu $\frac{T}{2}\ CX\ \frac{T}{2}$ z obcego słowa genetycznego wprowadźmy obecnie do przeciętnego słowa o strukturze kołowej (3.29), tak aby powstałe w wyniku cięcia końce T/2 się połączyły. Będzie:

$$\overline{\lfloor L\ \frac{T}{2} + \frac{T}{2} \rfloor} + \frac{T}{2}\ CX\ \frac{T}{2} = \overline{\lfloor LTCXT \rfloor}. \tag{3.31}$$

Łatwo sprawdzić, że otrzymany ciąg symboli $\overline{\lfloor LTCXT \rfloor}$ jest poprawnym słowem genetycznym i definiuje nowy system rozwijający się oparty na słowie genetycznym MG_1, do którego wprowadzono fragment X wzięty z tekstu obcego słowa genetycznego MG_2.

Oznaczmy:

$$MG_3 = \overline{\lfloor LTCXT \rfloor}. \tag{3.32}$$

Zgodnie z definicją słowa genetycznego rozwój systemu rozwijającego się SE_1 zdefiniowanego przez słowo genetyczne MG_1 jest określony następującymi relacjami:

$$\begin{matrix} a \longrightarrow ba & L \\ b \longrightarrow a & T \end{matrix} \Big\rfloor \tag{3.33}$$

Struktura tego systemu SE_1 na 6 etapie rozwoju będzie miała postać:

$$[SE_1]_5 = baabaababaaba \tag{3.34}$$

Natomiast rozwój systemu rozwijającego się SE_3 zdefiniowanego przez zrekombinowane słowo genetyczne MG_3 będzie określony przez następujące relacje:

$$\left.\begin{array}{ll} a \longrightarrow ba & L \\ b \longrightarrow c & T \\ c \longrightarrow d(X_k) & C \\ X_k \longrightarrow X_{k+1} & X \\ d \longrightarrow a & T \end{array}\right\}$$

Z relacji tych wynika, że struktura nowego systemu rozwojowego SE_3 na 8 etapie będzie miała postać:

$$SE_7 = d(X_0)cba(X_4)d(X_3)d(X_2)d(X_1)d(X_0)cba. \tag{3.35}$$

Z porównania formuł (3.34) i (3.35) widać, że system rozwojowy SE_3 przejął od słowa genetycznego MG_2 fragment X, zaczął go produkować i wkomponował do swojej struktury.

Niech np. fragment X reprezentuje strukturę X = BSS, zdefiniowany relacjami

$$\begin{array}{ll} e \longrightarrow fg & B \\ f \longrightarrow f & S \\ g \longrightarrow g & S \end{array} \tag{3.36}$$

W tym przypadku jest:

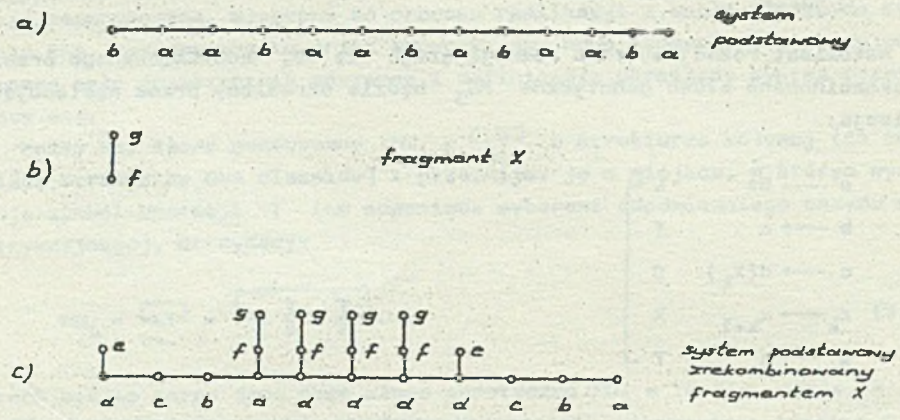
$$X_0 = e, \quad X_1 = X_2 = \ldots = X_k = fg.$$

Na podstawie (3.35) mamy więc:

$$[SE]_7 = d(e)cba(fg)d(fg)d(fg)d(fg)d(fg)d(e)cba \tag{3.37}$$

Struktura podstawowego systemu SE_1 o słowie genetycznym $MG_1 = \overline{\lfloor LT \rfloor}$, struktura fragmentu o podsłowie genetycznym X = BSS i struktura systemu SE_3 o słowie genetycznym będącym wynikiem rekombinowania słowa MG_1 i podsłowa X są przedstawione na rys. 3.12. Na rysunku tym widać efekt rekombinacji słowa genetycznego MG_1 systemu SE_1 o podsłowo X, jako powstanie

nowego systemu SE_3, który włączył do swojej struktury i rozwija w niej fragment X.



Rys. 3.12. Struktury systemów

a) $SE_1 = \frac{[LT]}{a,b}$ na 6 etapie rozwoju, b) podsystem $X = \frac{BSS}{e,f,g}$ na wszystkich (z wyjątkiem pierwszego) etapach rozwoju, c) system zrekombinowany fragmentem X, $SE_3 = \frac{[LTCXT]}{a,b,c,e,f,g,d}$ na ósmym etapie rozwoju

Fig. 3.12. Structures of systems

a) $SE_1 = \frac{[LT]}{a,b}$ on 6-th step of development, b) subsystem $X = \frac{BSS}{e,f,g}$ on its all step of development (step 0 excluded), c) system recombined with a fragment X $SE_3 = \frac{LTCXT}{a,b,c,e,f,g,d}$ on 8-th step of development

Dla przeprowadzenia rekombinacji słowo genetyczne nie musi mieć struktury kołowej. Niech np. będzie system rozwijający się o strukturze liniowej:

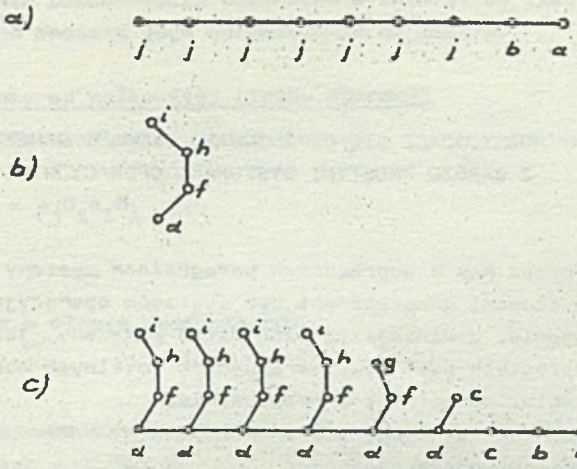
$$SE_1 = \frac{MG_1}{\Sigma_1} = \frac{TCSCSCSS}{b,c,d,e,f,g,h,i}$$

Jest to system o strukturze przedstawionej na rys. 3.13b, która od czwartego etapu pozostaje stała i nie zmienia się.

Niech będzie inny system ewolucyjny:

$$SE_2 = \frac{MG_2}{\Sigma_2} = \frac{LTS}{a,b,j},$$

którego struktura na 8 etapie rozwoju jest przedstawiona na rys. 3.13a.



Rys. 3.13. Struktury systemów

a) $SE_1 = \frac{LTS}{a,b,j}$ na 8 etapie rozwoju, b) $SE_2 = \frac{TCSCSCSS}{h,c,d,e,f,g,h,i}$ na 4 etapie rozwoju, c) system zrekombinowany z systemów SE_1 i SE_2

$$SE_3 = \frac{LTCSCSCSS}{a,b,c,d,e,f,g,h,i}$$

Fig. 3.13. Structures of systems

a) $SE_1 = \frac{LTS}{a,b,j}$ on 8-th step of development, b) $SE_2 = \frac{TCSCSCSS}{h,c,d,e,f,g,h,i}$ on 4-th step of development, c) system recombined from systems SE_1, SE_2.

$$SE_3 = \frac{LTCSCSCSS}{a,b,c,d,e,f,g,h,i}$$

Rozczepmy obecnie te dwa słowa genetyczne MG_1 i MG_2 w punkcie litery T. Otrzymamy:

$$TCSCSCSS = \frac{T}{2} + \frac{T}{2}\ CSCSCSS$$

oraz

$$LTS = L\ \frac{T}{2} + \frac{T}{2}\ S.$$

Łącząc fragmenty $L\ \frac{T}{2}$ i $\frac{T}{2}$ CSCSCSS, otrzymamy:

$$L\ \frac{T}{2} + \frac{T}{2}\ CSCSCSS = LTCSCSCSS$$

słowo genetyczne prowadzi do systemu rozwojowego:

$$SE_3 = \frac{LTCSCSCSS}{a,b,c,d,e,f,g,h,i},$$

którego struktura na 8 etapie rozwoju jest przedstawiona na rys. 3.13c.

Można zauważyć, że system ewolucyjny SE_3 zacznie "produkować" wprowadzony do jego słowa genetycznego fragment SE_2.

4. SYSTEMY ROZWIJAJĄCE SIĘ DEFINIOWANE SŁOWAMI GENETYCZNYMI Z BARDZO PROSTYMI SYSTEMAMI OPERACYJNYMI

Rozpatrywane przez nas w poprzednich paragrafach systemy rozwijające się, definiowane słowami genetycznymi bez systemów operacyjnych, na ogół rosły nieograniczenie. W niniejszym paragrafie pokażemy, jak dzięki wprowadzeniu bardzo prostych systemów operacyjnych lokalnych można uzyskać zjawisko przemijania, odrastania i rozsiewania.

Niech będzie system rozwijający się zdefiniowany przez proste słowo genetyczne bez systemu operacyjnego:

$$MG = \underset{i=1}{\overset{i=m}{SEQ}} A_i \tag{4.1}$$

Niech I_i będzie instrukcją kontrolującą, zezwalającą lub nie zezwalającą na realizację operacji A_i, co zapiszemy:

$$I_i \; A_i \tag{4.2}$$

Jeżeli podobnie oznaczymy w słowie MG warunki realizacji pozostałych operacji, to otrzymamy:

$$MG = \underset{i=1}{\overset{i=m}{SEQ}} \; I_i \; A_i \tag{4.3}$$

co oznaczać będziemy słowo genetyczne z lokalnymi systemami operacyjnymi określonymi dla każdej operacji elementarnej występującej w tym słowie.

Instrukcje kontrolujące I_i mogą być dwóch zasadniczych typów:

- instrukcje uzależniające wykonywanie operacji elementarnej A_i od wartości zmiennych "zewnętrznych" nie związanych bezpośrednio z danym elementem typu a_i czy z jego pochodnymi,
- instrukcje uzależniające wykonywanie operacji elementarnej A_i od wartości zmiennych "wewnętrznych" związanych z historią elementu a_i.

W tym rozdziale rozpatrzymy ten drugi typ instrukcji, ograniczając się początkowo do następujących dwóch przypadków:

a) uzależnienie wykonania danej operacji A_i od całkowitej liczby tych operacji wykonanych na danym elemencie a_i i jego pochodnych,

b) uzależnienie pozostawania elementów w zbiorze od liczby etapów, które upłynęły od momentu jego wprowadzenia do zbioru,

Uzależnienie od całkowitej liczby operacji

Niech będzie dana operacja generacji:

$$A_i(a_i) = a_j D_i a_i \bar{D}_i \tag{4.4}$$

gdzie $j > i$,

wówczas zapis w słowie genetycznym:

$$kA_i$$

oznacza, że łączna liczba operacji A_i na danym elemencie typu a_i i jego elementach pochodnych tego samego typu wynosi k i mają one postać (4.4).

Natomiast kolejna $k+1$-sza operacja ma postać:

$$A_i(a_i) = a_j.$$

Jest więc:

$$\kappa A_i(a_i) = \begin{cases} a_j D_i a_i \bar{D}_i, & \text{jeżeli } n_{a_i} < k \\ a_j, & \text{dla } n_{a_i} = k+1 \end{cases} \tag{4.5}$$

gdzie n_{a_i} - całkowita liczba operacji wykonanych na danym elemencie typu a_i i jego elementach pochodnych tego samego typu.

Uzależnienie od czasu przebywania w zbiorze

Niech będzie dana operacja stagnacji:

$$A_i(a_i) = a_i;$$

wówczas zapis w słowie genetycznym:

$$(k)A_i$$

oznacza, że liczba etapów, przez które dany element typu a_i może pozostawać w zbiorze, wynosi k, po czym ten element zostaje ze zbioru usunięty.

Jest więc:

$$(k)A_i(a_i) = \begin{cases} a_i, \text{ jeżeli } m_{ai} \leq k \\ \text{usunięty ze zbioru dla} \\ m_{ai} = k + 1 \end{cases} \qquad (4.6)$$

gdzie m_{ai} - kolejny numer etapu licząc od momentu wprowadzenia elementu a_i do zbioru. W przypadku układów płaskich o sześciu operacjach elementarnych L, R, S, B, C, T, kL i kR oznacza, że operacje L i R mogą na danym elemencie i jego pochodnych tego samego typu powtórzyć się "k" razy, po czym operacje przechodzą na prostą operację transformacji, natomiast (k)S oznacza, że dany element ma zostać usunięty ze zbioru po "k" etapach od momentu wprowadzenia do zbioru. Oznaczenia kB, kC, kT, jak również (k)B, (k)C i (k)T nie mają sensu, ponieważ mogą być wykonane na danym elemencie tylko raz.

Przemijanie

Rozpatrzmy obecnie system rozwijający się z operacyjnym systemem lokalnym opartym na dwóch typach instrukcji:

a) instrukcję ograniczającą całkowitą liczbę operacji typu L i R zapisywaną w postaci:

kL względnie kR,

b) instrukcję ograniczającą czas przebywania w zbiorze elementów stagnacji do pewnej liczby etapów "k" zapisywaną w postaci:

(k)S.

Niech będzie dany konkretny system:

$$SE = \frac{4\ L\ C(15)S\ 3\ L(10)S}{a,b,c,d,e} \qquad (4.7)$$

Równanie (4.7) prowadzi do następujących relacji:

$$a \rightarrow \begin{cases} ba, & \text{jeżeli } n_a \leq 4 \\ b, & \text{jeżeli } n_a = 5 \end{cases} \qquad 4L$$

$$b \longrightarrow c(d) \qquad C \qquad (4.8)$$

$$c \rightarrow \begin{cases} c, & \text{jeżeli } n_c < 15 \\ \text{usunięte, jeżeli } n_c = 16 \end{cases} \qquad (15)S$$

$$d \rightarrow \begin{cases} ed, & \text{jeżeli } n_d \leq 3 \\ e, & \text{jeżeli } n_d = 4 \end{cases} \qquad 3L$$

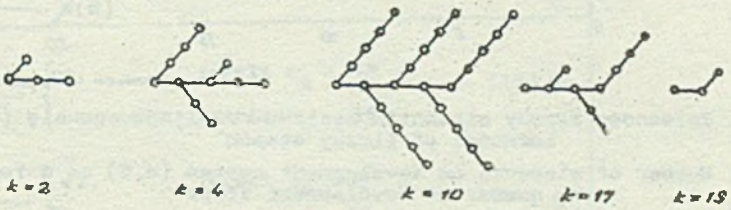
$$e \rightarrow \begin{cases} e, & \text{jeżeli } n_e \leq 10 \\ \text{usunięte, jeżeli } n_e = 11 \end{cases} \qquad (10)S \qquad (4.8)$$

gdzie: n_a, n_c, n_d, n_e oznaczają całkowite liczby realizacji operacji elementarnych na elementach typu a, c, d, e od momentu ich powstania.

Na podstawie relacji (4.8) można określić struktury systemu rozwojowego (4.7). Np. dla etapów 2, 4, 12, 17, 19 otrzymamy:

Etap	Struktura
0	a
2	c(d)ba
4	c(ed)c(ed)c(d)ba
10	c(eee)c(eee)c(eee)c(eee)c(eee)
17	cc(e)c(ee)c(eee)
19	cc(e)

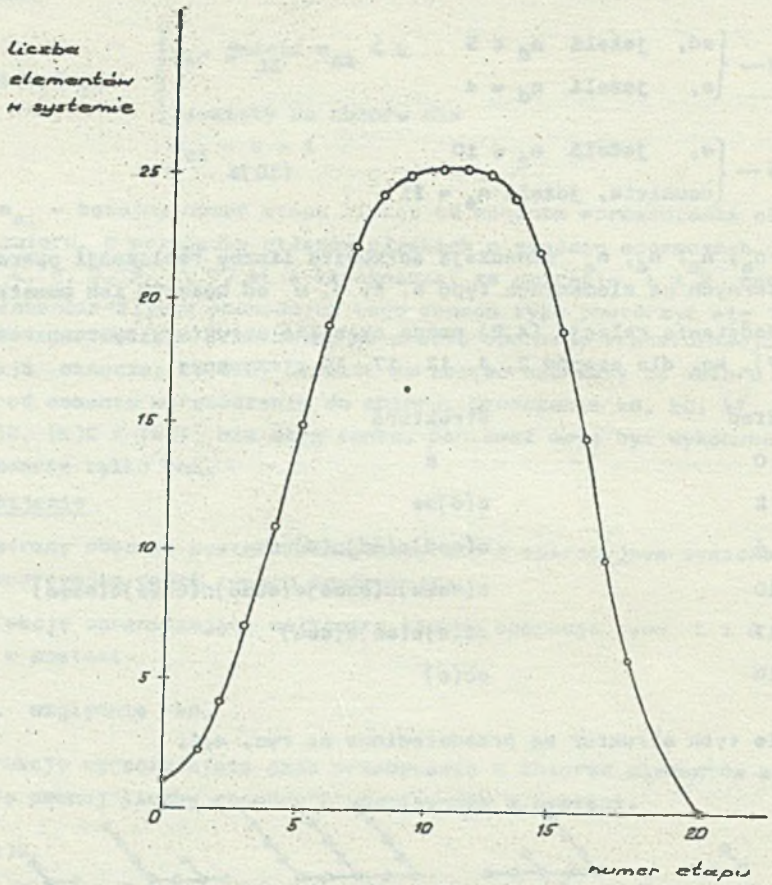
Postacie tych struktur są przedstawione na rys. 4.1.



Rys. 4.1. Wzrost i zanik systemu rozwijającego się SE= 4LC(15)S3L(10)S
Fig. 4.1. Growth and decay of a development system SE= 4LC(15)S3L(10)S

Widzimy, że system ewolucyjny z takimi lokalnymi systemami operacyjnymi można nazwać systemem przemijającym. Jego cechą charakterystyczną jest to, że liczba elementów tworzących system najpierw rośnie, później przez pewien okres czasu pozostaje stała, aby w końcu zmaleć do zera. Zbiór staje się pusty. System ginie.

Wzrost i zanik elementów systemu rozwijającego się (4.5) jest przedstawiony na rys. 4.2, który ilustruje zależność między liczbą elementów w systemie a numerem jego etapu rozwoju.



Rys. 4.2. Zależność liczby elementów systemu rozwijającego się (4.5) w zależności od liczby etapów

Fig. 4.2. Number of elements in development system (4.5) as a function of the number of development steps

Odrastanie

Rozpatrzmy obecnie system rozwijający się z systemem operacyjnym lokalnym opartym na dwóch omówionych poprzednio typach instrukcji i na dodatkowo trzeciej instrukcji - instrukcji opóźnienia, którą zdefiniujemy w następujący sposób:
Niech będzie dana operacja transformacji:

$$A(a_1) = a_j.$$

wówczas zapis w słowie genetycznym:

$$(0k)A_1$$

oznacza opóźnienie realizacji A_i o "k" etapów; jest więc:

$$(Dk)A_i(a_i) = \begin{cases} a_i, & \text{jeżeli } m_{ai} \leq k \\ a_j, & \text{jeżeli } m_{ai} = k+i \end{cases} \qquad (4.9)$$

gdzie m_{ai} - kolejny numer etapu liczony od momentu rozpoczęcia realizacji operacji A_i.

W przypadku układów płaskich o sześciu operacjach elementarnych (DK)T oznacza, że operacja T jest przesunięta o "k" etapów.

Rozpatrzmy obecnie system rozwijający się zdefiniowany przez słowo genetyczne MG o strukturze kołowej, wyposażone w systemy operacyjne lokalne oparte na instrukcjach (4.5), (4.6) oraz (4.9):

$$SE = \overline{\frac{\text{B 4 L C(15)S 3 L(10)S(D25)T}}{\alpha,a,b,c,d,e,\beta}} \qquad (4.10)$$

Rozwój systemu (4.10) jest określony następującymi relacjami:

$$\begin{array}{lll}
\alpha \longrightarrow a\beta & & \text{B} \\
a \longrightarrow \begin{cases} ba, & \text{jeżeli } n_a \leq 4 \\ b, & \text{jeżeli } n_a = 5 \end{cases} & & \text{L} \\
b \longrightarrow c(d) & & \text{C} \\
c \longrightarrow \begin{cases} c, & \text{jeżeli } n_c \leq 15 \\ \text{usunięte}, & \text{jeżeli } n_c = 16 \end{cases} & (15)\ \text{S} & \\
d \longrightarrow \begin{cases} ed, & \text{jeżeli } n_d \leq 3 \\ e, & \text{jeżeli } n_d = 4 \end{cases} & 4\ \text{L} & \\
e \longrightarrow \begin{cases} e, & \text{jeżeli } n_e \leq 10 \\ \text{usunięte}, & \text{jeżeli } n_e = 1 \end{cases} & (10)\ \text{S} & \\
\beta \longrightarrow \alpha \text{ z opóźnieniem o 25 etapów} & (D25)\ \text{T} &
\end{array} \qquad (4.11)$$

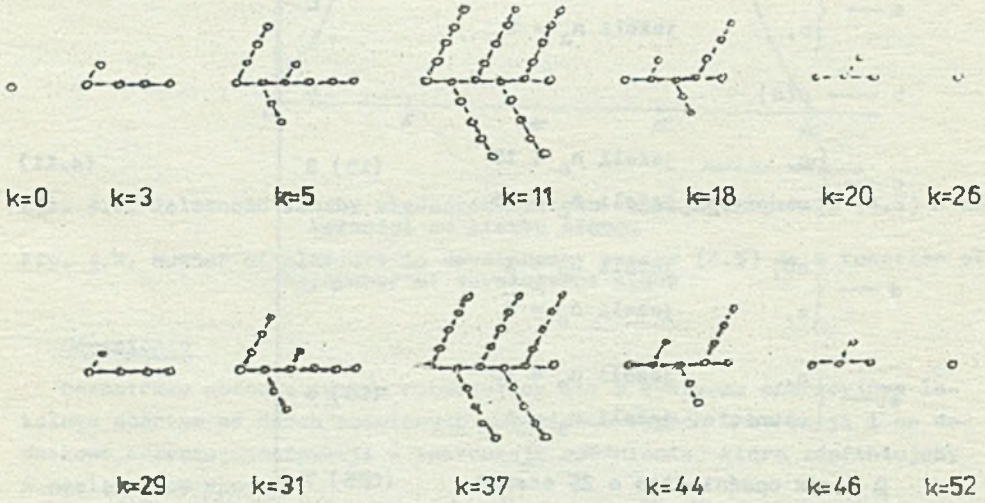
gdzie: n_a, n_e, n_d, n_e liczby operacji elementarnych na elementach typu a, c, d, e od momentu ich wystąpienia w systemie.

Na podstawie relacji (4.11) można podać struktury systemu rozwijającego się (4.10), na kolejnych etapach jego rozwoju.

Etap	Struktura
0	α
3	c(d)ba α
5	e(ead)c(ed)c(d)ba α
11	c(eeee)c(eeee)c(eeee)c(eeee)c(eeee) α
18	cc(e)c(ee)c(eee) α
20	cc(e) α
26	α, proces powtarza się
29	c(d)ba α
31	c(ead)c(ed)c(d)ba α
37	c(eeee)c(eeee)c(eeee)c(eeee)c(eeee) α
44	cc(e)c(ee)c(eee) α

(4.12)

Widać, że rozwój systemu ma charakter periodyczny. Początkowo liczba elementów zbioru rośnie, później maleje i spada na 26 etapie do jednego elementu (ziarno nowego systemu), z którego system odrasta. Rozwój tego systemu jest przedstawiony na rys. 4.3.



Rys. 4.3. Odrastanie periodyczne systemu (4.11)
Fig. 4.3. Periodic growth of system (4.11)

Rozsiewanie

Niech będzie system rozwijający się:

$$SE = \frac{\overline{\lfloor 5\ L\ C(15)S\ 8\ 4\ L(10)S(025)T \rfloor}}{a,b,c,\alpha,d,e}, \qquad (4.13)$$

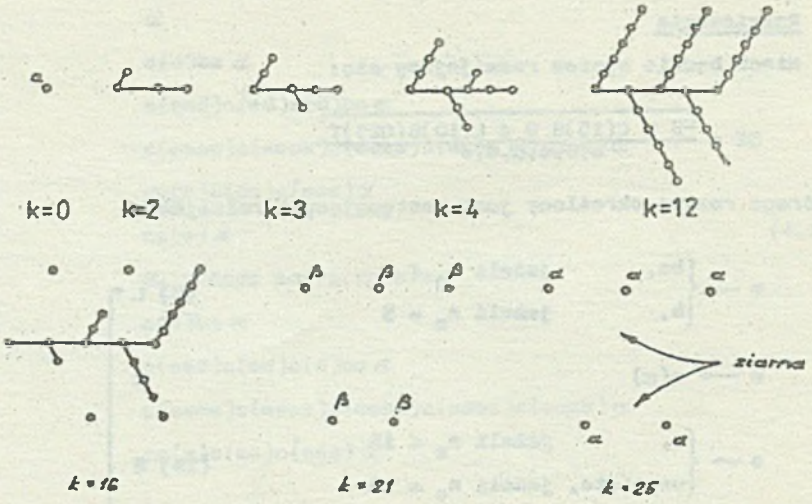
którego rozwój określony jest następującymi relacjami:

$$\begin{aligned}
a &\longrightarrow \begin{cases} ba, & \text{jeżeli } n_a < 4 \\ b, & \text{jeżeli } n_a = 5 \end{cases} && (5)\ L \\
b &\longrightarrow c(\alpha) && C \\
c &\longrightarrow \begin{cases} c, & \text{jeżeli } n_c < 15 \\ \text{usunięte}, & \text{jeżeli } n_c = 16 \end{cases} && (15)\ S \\
\alpha &\longrightarrow d\beta \\
d &\longrightarrow \begin{cases} ed, & \text{jeżeli } n_d < 3 \\ e, & \text{jeżeli } n_d = 4 \end{cases} && (4)\ L \\
e &\longrightarrow \begin{cases} e, & \text{jeżeli } n_e < 10 \\ \text{usunięte}, & \text{jeżeli } n_e = 11 \end{cases} && (10)\ S \\
\beta &\longrightarrow a, \text{ z opóźnieniem o 25 etapów} && (025)\ T
\end{aligned} \qquad (4.14)$$

Na podstawie relacji (4.14) można określić struktury systemu (4.13) na poszczególnych etapach:

Etap	Struktura	
0	e	
2	c(α)ba	
3	c(dβ)c(α)ba	
4	c(edβ)c(dβ)c(α)ba	(4.15)
12	c(eeeeβ)c(eeeeβ)c(eeeeβ)c(eeeeβ)c(eeeeβ)	
16	c(----β)c(e---β)c(ee--β)c(eee-β)c(eeeeβ)	
21	-(----β)-(----β)-(----β)-(----β)-(----β)	
25	-(----a)-(----a)-(----a)-(----a)-(----a)	

Ten rozwój systemu opisany relacjami (4.15) jest przedstawiony na rysunku 4.4.



Rys. 4.4. Zjawisko rozsiewania w systemie (4.13)
Fig. 4.4. Semination phenomenon in system (4.13)

Podobieństwo między systemami (4.11) i (4.13) polega na tym, że w obu systemach najpierw liczba zawartych w nich elementów rośnie, a później maleje.

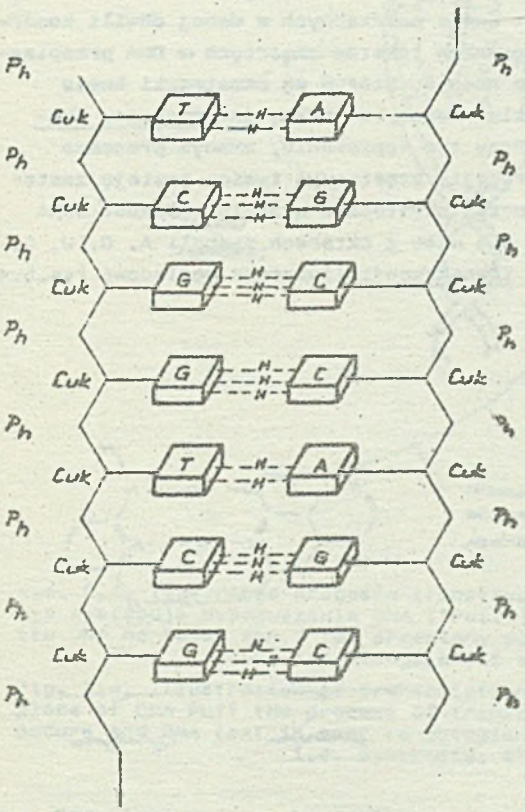
Różnica natomiast polega na tym, że w systemie (4.11) zostaje tylko jeden element (korzeń), od którego system zaczyna się odtwarzać, podczas gdy w przypadku (4.13) w systemie zostaje kilka elementów (ziarna), z których zacznie się odtwarzać kilka systemów. Dlatego użyliśmy na określenie różnych zachowań się tych dwóch systemów nazw "odrastanie" i "rozsiewanie".

5. DNA

Podstawowymi elementarnymi elementami, z których składają się wszystkie organizmy żywe, są komórki.

Każda komórka żywego organizmu zawiera materiał genetyczny, zbiór genów, w których umieszczony jest program rozwoju jej struktury i funkcjonowania, jak i program rozwoju całego organizmu, do którego ta komórka należy.

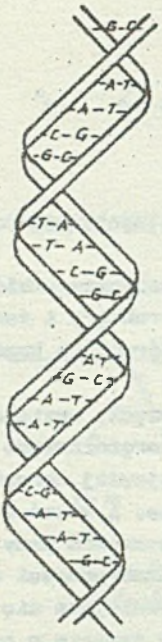
Zadziwiająca jest różnorodność świata organizmów żywych, występują w nim formy bardzo proste: wirusy, bakterie, i wyżej zorganizowane rośliny, i te najwyżej zorganizowane zwierzęta, i w końcu człowiek. Jednocześnie przy tej ogromnej różnorodności uderza jedność ujawniająca się w tym, że programy zawarte w genach tych wszystkich tak bardzo zróżnicowanych organizmów "zapisane są" tym samym alfabetem. Alfabet ten składa się z czterech liter, którymi są cząsteczki nukleotydów: adenina - symbol A, guanina - symbol G, tymina - symbol T i cytozyna - symbol C. Nośnikiem tekstów programów napisanych w tym alfabecie są bardzo długie molekuły, makromolekuły kwasu dezoksyrybonukleinowego, DNA, a w procesach pośrednich kwasu rybonukleinowego RNA, w którym uracyl - symbol U zastępuje tyminę.



Rys. 5.1. Schemat blokowy struktury podwójnej spirali DNA

Fig. 5.1. Diagram of a double DNA spiral structure

Schemat blokowy struktury DNA przedstawia rys. 5.1, a jej makrobudowę o kształcie podwójnej spirali ilustruje rys. 5.2. Tekst programu umieszczonego w molekule DNA ma zapis podwójny w tym samym.



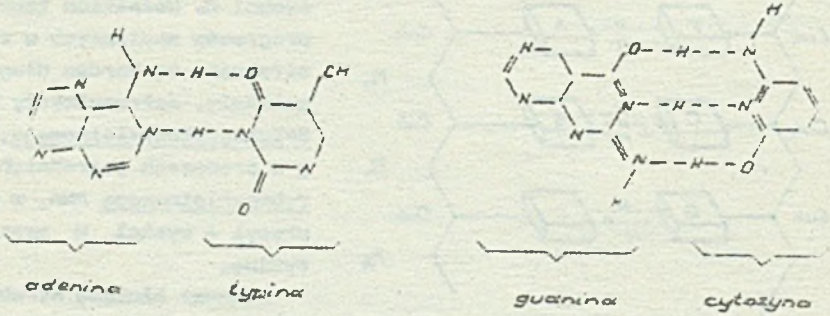
Rys. 5.2. Przestrzenna struktura podwójnej spirali DNA

Fig. 5.2. Three-dimentional structure of a double DNA spiral

że każdemu symbolowi w jednej nitce spirali odpowiada inny, zawsze ten sam symbol, w drugiej antyrównoległej nitce spirali, tworząc pary A - T, T - A- G - C, C - G.

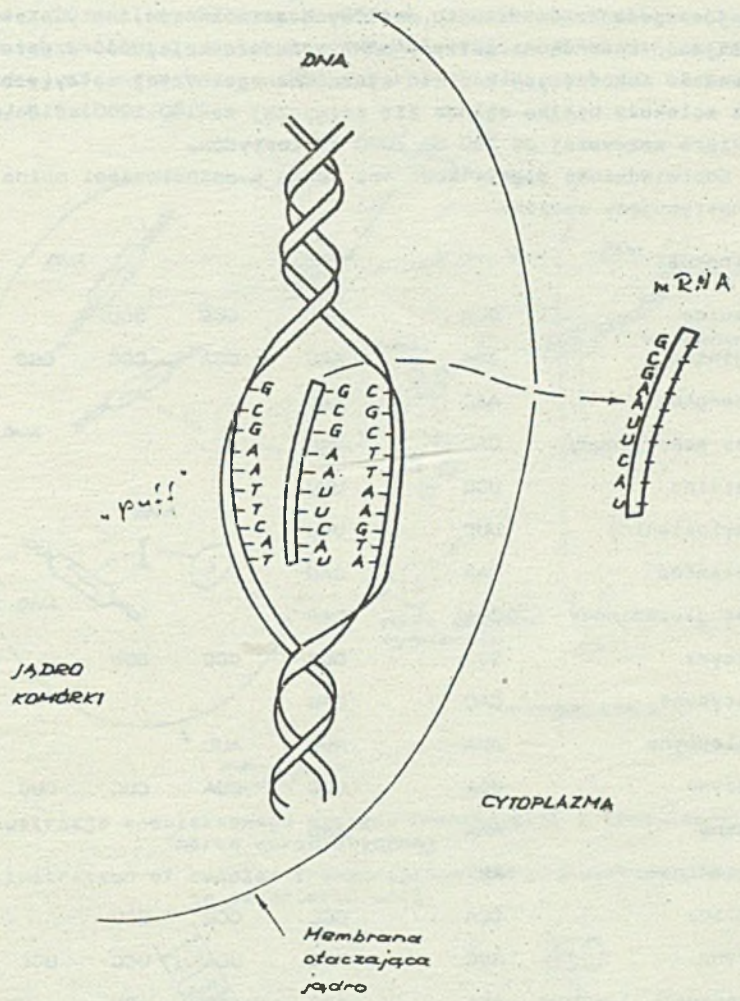
Budowę cząstek adeniny, guaniny, tyminy i cytozyny oraz sposób łączenia par A-T i G-C przedstawia rys. 5.3.

Molekuły DNA zawierające informacje genetyczne znajdują się w przypadku organizmów wyższych w jądrze komórki. Komórki organizmów żywych posiadające jądra nazywamy eukariotycznymi w odróżnieniu od komórek organizmów żywych mniej rozwiniętych i nie posiadających jądra, które nazywamy prokariotycznymi. Jądro otoczone jest membraną posiadającą pory. Pory pozwalają na przesyłanie na zewnątrz jądra do cytoplazmy komórki kopii potrzebnych w danej chwili komórce fragmentów tekstów zawartych w DNA przepisanych na nośnik, którym są cząsteczki kwasu rybonukleinowego, tak zwany informacyjny RNA- mRNA. Przy tym kopiowaniu, zwanym procesem transkrypcji, cząsteczki tyminy zostają zastąpione przez cząsteczki uracylu. Alfabet mRNA składa się więc z czterech symboli A, G, U, C. Proces transkrypcji ilustruje poglądowo rys.5.4.



Rys. 5.3. Budowa cząstek adeniny, guaniny, tyminy i cytozyny oraz sposób łączenia par A-T i G-C

Fig. 5.3. Structure of adenine, guanine, tymine, cytosine molecules and the way the couples A-T and G-C are connected



Rys. 5.4. Ilustracja procesów transkrypcji i translacji. W miejscu, w którym występuje wybrzuszenie DNA ("Puff") następuje proces transkrypcji tekstu DNA na tekst RNA, a ten przesłany do cytoplazmy staje się podstawą procesu translacji, czyli syntezy białka

Fig. 5.4. Illustration of transcription and translation processes. In the place of DNA Puff the process of transcription of DNA text to RNA text occure and RNA text is sent to cytoplasm gecoming e basis for translation i.e. synthesis, of protein

Przesłana z jądra komórki kopia odpowiedniego fragmentu tekstu DNA staje się w rybosomie matrycą, dzięki której następuje łączenie odpowiednich cząsteczek aminokwasów tak, aby utworzyły molekuły potrzebnego komórce w danym momencie białka. Molekuła białka jest utworzona z łańcuchowego połączenia cząstek różnych aminokwasów. Każdemu aminokwasowi odpo-

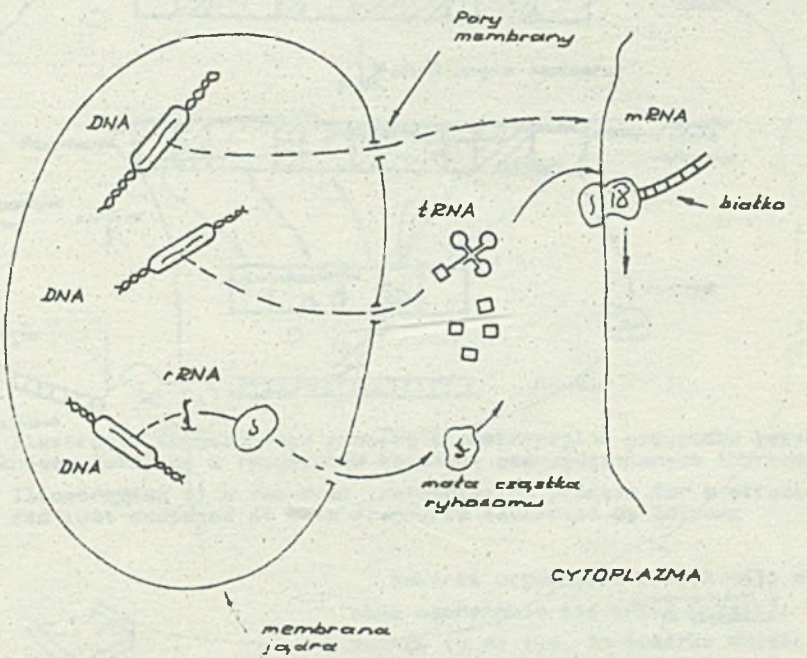
wiada na matrycy mRNA trójka nukleotydów. Taka trójka nukleotydów, oznaczająca jeden z dwudziestu możliwych aminokwasów, nazywa się kodonem. Kolejność kodonów na matrycy mRNA wyznacza kolejność cząstek różnych aminokwasów wchodzących w skład syntezowanego na tej matrycy białka. Ponieważ molekuła białka składa się zazwyczaj ze 100-1000 aminokwasów, to mRNA zawiera zazwyczaj od 300 do 3000 nukleotydów.

Odpowiedniość między kodonami mRNA a aminokwasami można przedstawić w następujący sposób:

Aminokwas	Kodon					
alanina	GCA	GCC	GCG	GCU		
arginina	AGA	AGG	CGA	CGC	CGG	CGU
aspargina	AAC	AAU				
kwas asparginowy	GAC	GAU				
cysteina	UGC	UGU				
fenyloalanina	UUC	UUU				
glutamina	GAA	GAG				
kwas glutaminowy	CAA	CAG				
glicyna	GGA	GGC	GGG	GGU		
histydyna	CAC	CAU				
izoleucyna	AUA	AUC	AUU			
leucyna	UUA	UUG	CUA	CUC	CUG	CUU
lizyna	AAA	AAG				
metionina	AUG					
prolina	CCA	CCC	CCG	CCU		
seryna	AGC	AUG	UCA	UCC	UCC	UCU
treonina	ACA	ACC	ACG	ACU		
tryptofan	UGG					
tyrozyna	UAC	UAU				
walina	GUA	GUC	GUG	GUU		
STOP	UAA	UAG	UGA			

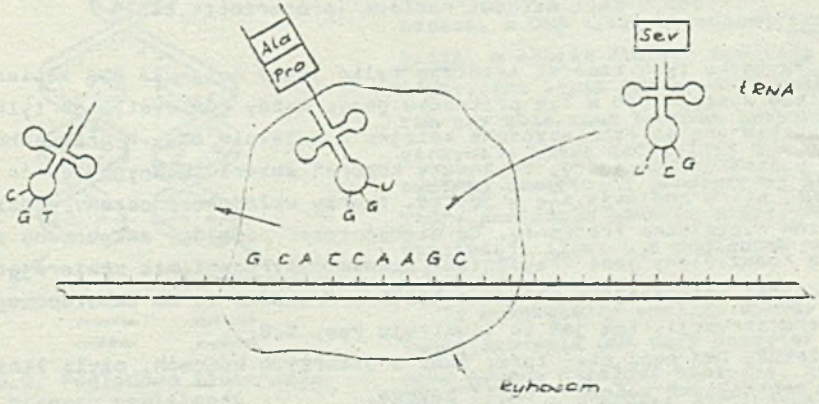
W tym złożonym procesie biosyntezy białka na podstawie matrycy mRNA, zwanym procesem translacji, biorą jeszcze udział dwa inne typy RNA, które bezpośrednio same nie kodują białka, a mianowicie RNA transportowe, tRNA i RNA rybosomowe, rRNA. Te oba typy RNA, tRNA i rRNA powstają podobnie jak mRNA.

Molekuły tRNA zawierają od 70-80 nukleotydów. Każda molekuła tRNA rozpoznaje jeden z 20 możliwych różnych cząstek aminokwasów i wiąże się z nim jednym ze swoich końców. Te molekuły tRNA dołączają nowe cząstki aminokwasów do tworzącej się na matrycy mRNA molekuły białka, tak jak to przedstawiają rys. 5.5 i rys. 5.6.



Rys. 5.5. Ilustracja kompleksowego procesu transkrypcji i translacji w komórce eukariotycznej

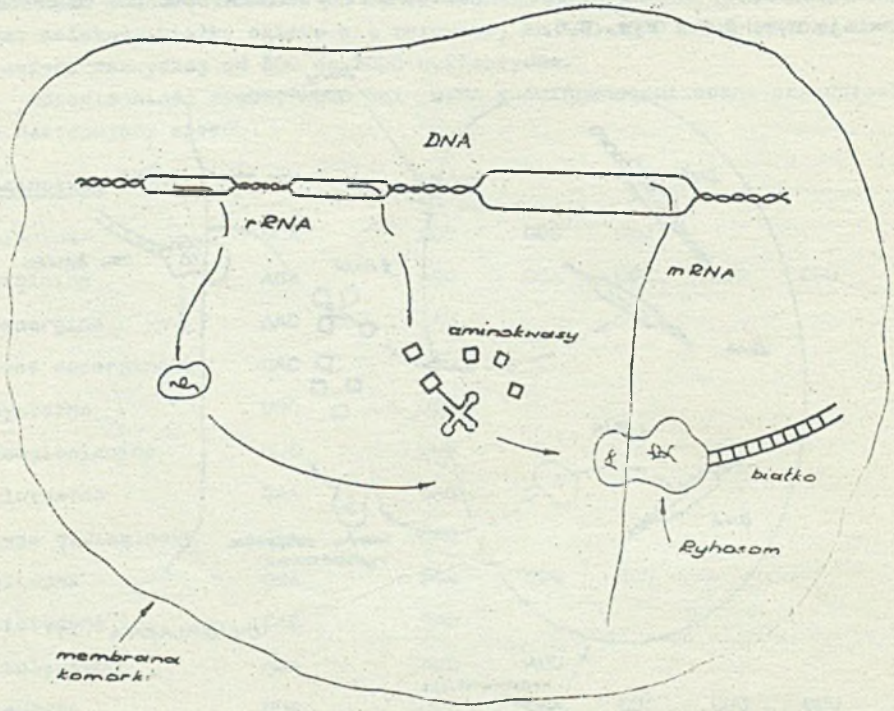
Rys. 5.5. Illustration of complex transcription and translation processes in eucariotic cell



Rys. 5.6. Ilustracja procesu syntezy białka (translacji) na matrycy mRNA z udziałem molekuł tRNA

Fig. 5.6. Illustration of protein translation (synthesis) process into mRNA matrix with participation of tRNA molecules

Na rys. 5.7 przedstawiony jest poglądowo proces transkrypcji i translacji w przypadku komórek nie posiadających jądra (komórek prokariotycznych).



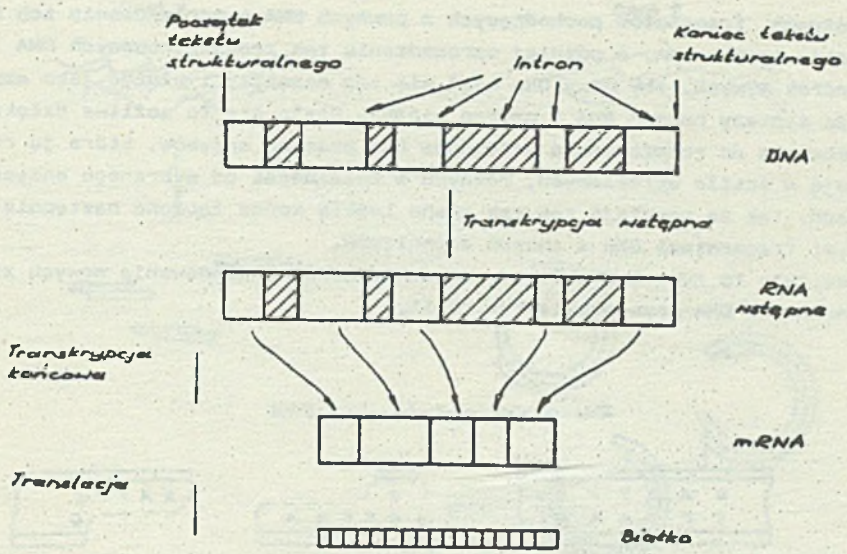
Rys. 5.7. Ilustracja kompleksowego procesu transkrypcji i translacji w przypadku komórki nie posiadającej jądra (komórki prokariotycznej)

Fig. 5.7. Illustration of complex transcription and translation processes for a cell without nucleus (procariotic cell)

W przypadku tych komórek istnieje tylko jedna molekuła DNA zawierająca wszystkie występujące w tym przypadku geny. Każdy gen występuje tylko raz i wszystkie one są rozmieszczone kolejno w molekule DNA. W przypadku komórek posiadających jądro, to znaczy komórek eukariotycznych, zbiór molekuł DNA, który znajduje się w jądrze, tworzy układ rozproszony podzielony na różne niezależne fragmenty. Co więcej, tekst podający zakodowany skład białka rozdzielony jest fragmentami, zwanymi intronami, nie zawierającymi zakodowanej informacji o składzie białka. Prowadzi to do dwuetapowego procesu transkrypcji, tak jak to ilustruje rys. 5.8.

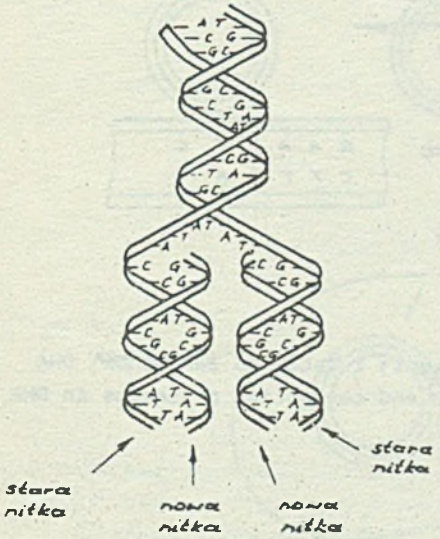
Molekuły DNA mogą mieć formę nici o otwartych końcach, czyli liniową lub o zamkniętych końcach, czyli kołową.

Niektóre molekuły liniowe mają własność przekształcania się w molekuły kołowe.



Rys. 5.8. Ilustracja dwuetapowego procesu transkrypcji w przypadku tekstu strukturalnego złożonego z fragmentów kodowych poprzedzielanych intronami

Fig. 5.8. Illustration of a two-step transcription process for a structured text composed of code fragments separated by introns



Rys. 5.9. Poglądowa ilustracja procesu replikacji

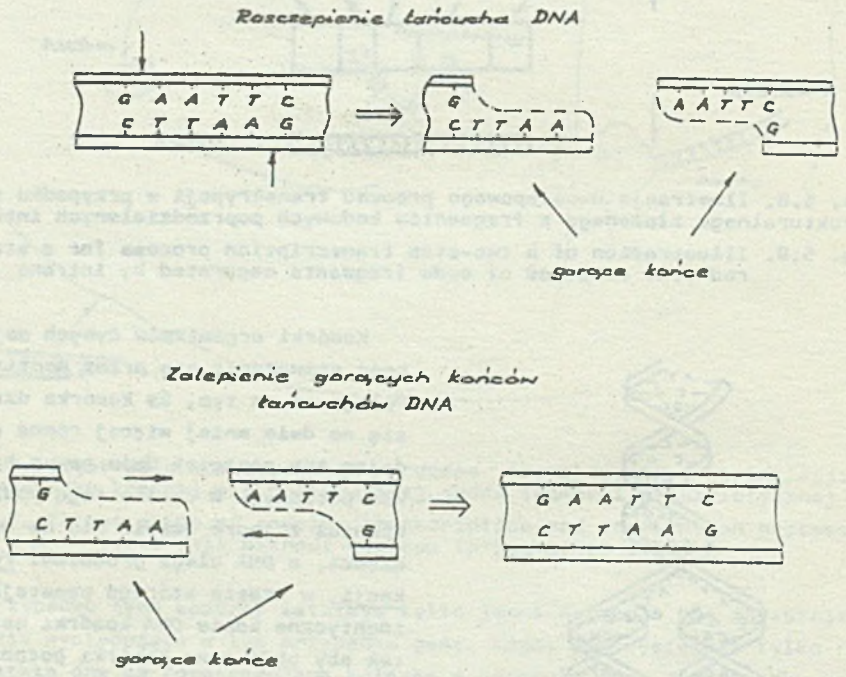
Fig. 5.9. Simple illustration of replication process

Komórki organizmów żywych mają własność namnażania się przez podział. Polega to na tym, że komórka dzieli się na dwie mniej więcej równe części, dając tym początek dwóm nowym komórkom potomnym. W czasie tego podziału również i jądro dzieli się na dwie części, a DNA ulega procesowi replikacji, w czasie którego powstają dwie identyczne kopie DNA komórki matki, tak aby obie nowe komórki potomne otrzymały każda oddzielnie DNA o identycznej zawartości genetycznej jak ta, którą posiadała komórka matka. Proces replikacji ilustruje poglądowo rysunek 5.9.

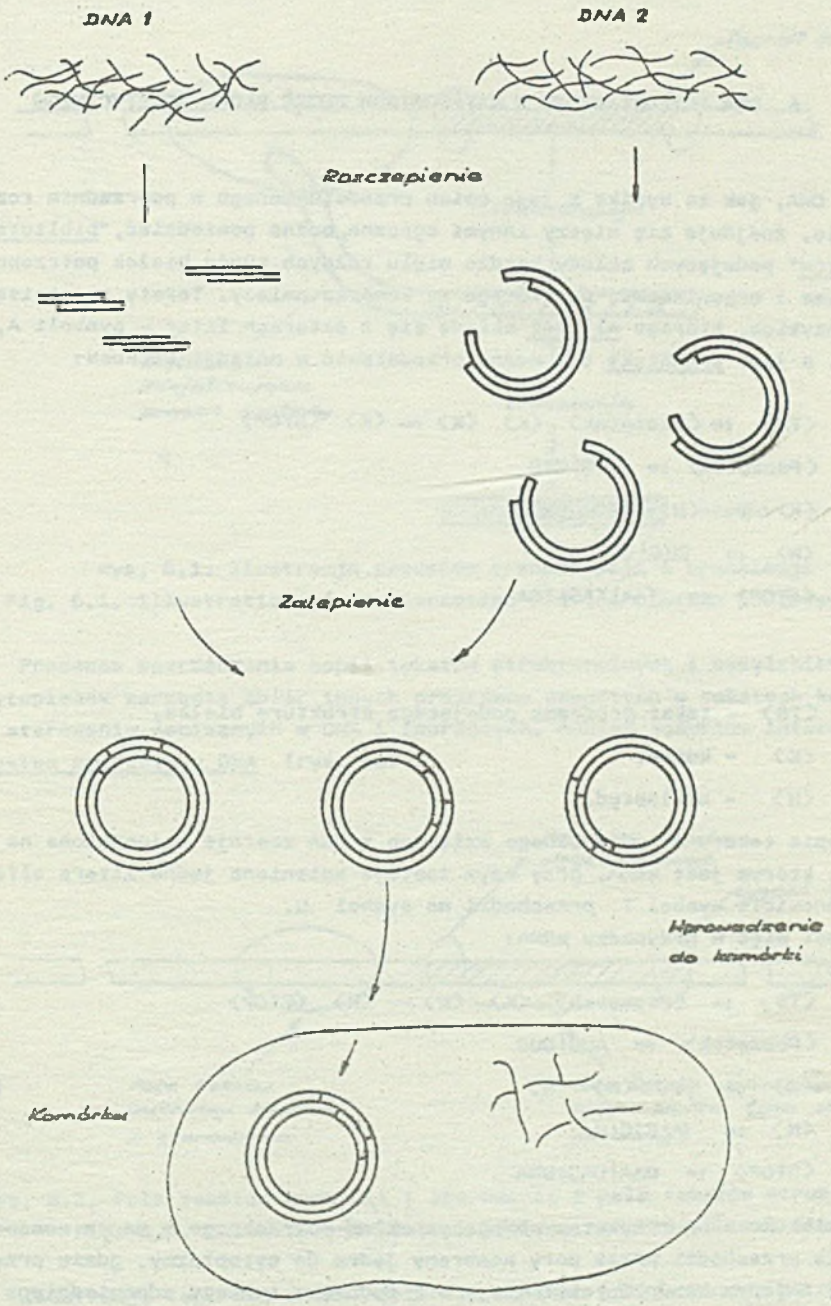
Ta molekularna analiza budowy i funkcjonowania DNA dała początek pewnemu nowemu działowi biologii, który nazywa się inżynierią genetyczną, opartą na technikach rekombinowania i klonowania DNA. Polega to na pobiera-

niu różnych fragmentów pochodzących z pewnych DNA i wprowadzaniu ich do łańcuchów innych DNA, a później wprowadzeniu tak zrekombinowanych DNA do komórek żywych, aby nowy DNA mógł się tam namnażać i służyć jako wzorzec do syntezy nowego RNA i nowego białka. Stało się to możliwe dzięki zastosowaniu do rozczepiania łańcuchów DNA pewnych enzymów, które je rozczepiają w ściśle określonych, różnych w zależności od wybranego enzymu punktach, tak że powstają tam tak zwane lepkie końce łączone następnie z innymi fragmentami DNA z innych organizmów.

Ilustruje to rys. 5.10. Zasadę rekombinowania i klonowania nowych zrekombinowanych DNA przedstawia rys. 5.11.



Rys. 5.10. Ilustracja procesu rozczepiania i łączenia łańcuchów DNA
Fig. 5.10. Illustration of diaconnection and connection processes in DNA chains



Rys. 5.11. Ilustracja procesów rekombinowania tekstów DNA i ich klonowania
Fig. 5.11. Illustration of DNA text recombination process and text cloning

6. DNA PRZEDSTAWIONE W KATEGORIACH POJĘĆ SŁOWA GENETYCZNEGO

W DNA, jak to wynika z jego opisu przedstawionego w poprzednim rozdziale, znajduje się między innymi ogromna, można powiedzieć, "biblioteka tekstów" podających składy bardzo wielu różnych typów białek potrzebnych komórce i organizmowi, do którego ta komórka należy. Teksty te napisane są językiem, którego alfabet składa się z czterech liter - symboli A, G, C, T, a jego gramatykę tak można przedstawić w notacji Backusa:

$$
\begin{aligned}
&\langle TS\rangle ::= \langle Początek\rangle\ \langle K\rangle\ \langle K\rangle \text{ -- } \langle K\rangle\ \langle STOP\rangle \\
&\langle Początek\rangle ::= ATG|GTG \\
&\langle K\rangle ::= \langle N\rangle\ \langle N\rangle\ \langle N\rangle \\
&\langle N\rangle ::= A|C|G|T \\
&\langle STOP\rangle ::= TAA|TAG|TGA
\end{aligned}
\qquad (6.1)
$$

gdzie:

⟨TS⟩ - tekst programu podającego strukturę białka,

⟨K⟩ - kodon,

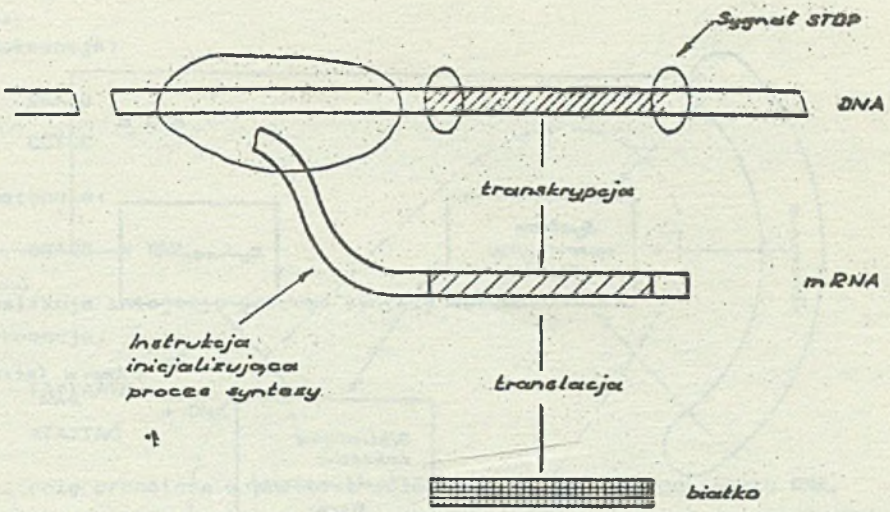
⟨N⟩ - nukleotyd.

Kopia tekstu strukturalnego wziętego z DNA zostaje umieszczona na nośniku, którym jest mRNA, przy czym zostaje zmieniona jedna litera alfabetu, a mianowicie symbol T przechodzi na symbol U.

Jest więc w przypadku mRNA:

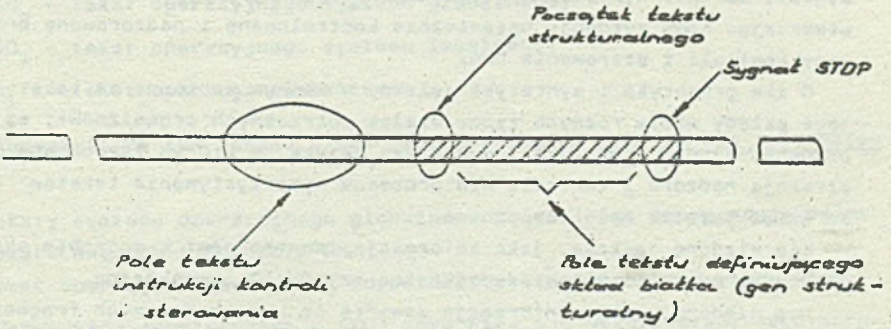
$$
\begin{aligned}
&\langle TS\rangle ::= \langle Początek\rangle\ \langle K\rangle\ \langle K\rangle \text{ -- } \langle K\rangle\ \langle STOP\rangle \\
&\langle Początek\rangle ::= AUG|GUG \\
&\langle K\rangle ::= \langle N\rangle\ \langle N\rangle\ \langle N\rangle \\
&\langle N\rangle ::= A|C|G|U \\
&\langle STOP\rangle ::= UAA|UAG|UGA
\end{aligned}
\qquad (6.2)
$$

Molekuła mRNA z tekstem podającym skład potrzebnego w danym momencie białka przechodzi przez pory membrany jądra do cytoplazmy, gdzie przysłany z jądra komórki tekst staje się podstawą syntezy odpowiedniego białka (rys. 6.1).



Rys. 6.1. Ilustracja procesów transkrypcji i translacji
Fig. 6.1. Illustration of transcription and translation processes

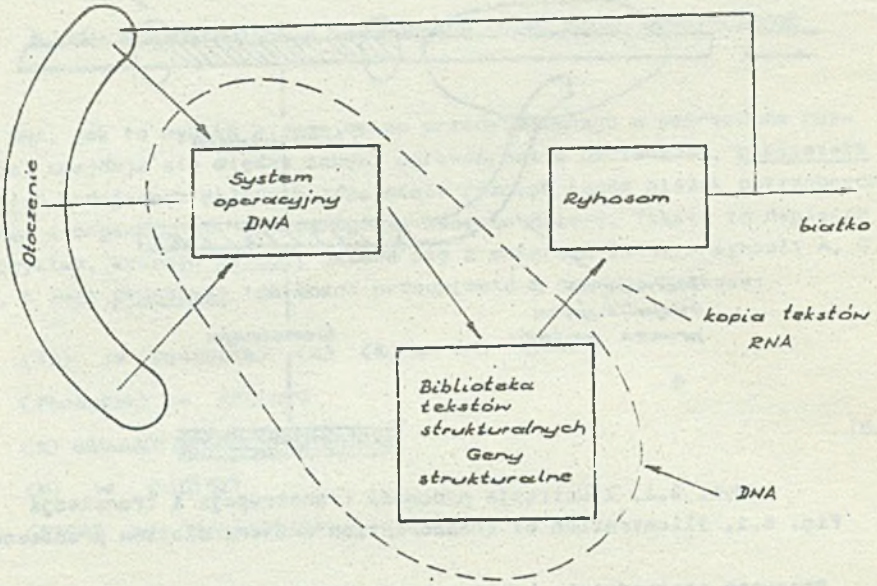
Procesem sporządzania kopii tekstów strukturalnych i wysyłania ich do cytoplazmy zarządza zbiór innych programów zawartych w tekstach kontroli i sterowania zapisanych w DNA i tworzących, mówiąc językiem informatyki, system operacyjny DNA (rys. 6.2).



Rys. 6.2. Pola tekstów kontroli i sterowania i pola tekstów strukturalnych
Fig. 6.2. Check-up and control fields; structural text fields

Ilustrację tego mechanizmu może być schemat przedstawiony na rys. 6.3.

Przedstawione tam przebiegi procesów można tak skomentować. System operacyjny DNA (geny kontroli i nadzoru) powoduje na skutek sygnałów otoczenia zainicjowanie procesu transkrypcji odpowiedniego tekstu strukturalnego, przepisanie tego tekstu na mRNA i przesłanie go przez pory w błonie jądra komórki do jego cytoplazmy.



Rys. 6.3. Ilustracja funkcji systemu operacyjnego DNA
Fig. 6.3. Illustration of DNA operating system functions

W cytoplazmie tekst mRNA staje się podstawę procesu translacji, czyli syntezy białka. Wyprodukowane białko zostaje wykorzystane przez komórkę stwarzając nową sytuację ustawicznie kontrolowaną i nadzorowaną przez geny kontroli i sterowania DNA.

O ile gramatyka i syntetyka języka, w którym zapisane są teksty podające układy wielu różnych typów białek potrzebnych organiznowi, są rozpoznane, o tyle gramatyka i syntetyka języka, w którym zakodowane są instrukcje nadzoru i kontroli nad procesem wykorzystywania tekstów w DNA, są wciąż jeszcze mało rozpoznane.

Nie wiadomo jeszcze, jaka informacja zawarta jest w sposobie skręcania podwojnej spirali: DNA - prawoskrętne czy DNA-Z lewoskrętne.

Nie wiadomo, jakie informacje zawarte są w niekodowanych fragmentach tekstów strukturalnych - intronach.

Nie możemy więc aktualnie podać formatu słów i zdań tego języka, w którym zapisany jest system operacyjny DNA, a nawet wszystkich jego symboli i znaków terminalnych, aczkolwiek niektóre jednak nieliczne sekwencje są już rozpoznane.

Np. wiadomo, że sekwencje:

CGATTCG
w DNA
GCTAAGC

występująca przed genem strukturalnym oznacza jego uczulenie na temperaturę.

Sekwencja:

GGAGG
CCTCC w DNA

a następnie:

GGAGG w RNA

sygnalizuje inicjację procesu syntezy białka,
a sekwencja:

TATTAATG
ATATTAC w DNA

pełni rolę promotora w procesie odłączenia odpowiedniego tekstu RNA.

Spróbujmy teraz jeszcze opisać strukturę DNA za pomocą opisów formalnych, które wprowadziliśmy przedstawiając teorię systemów rozwijających się definiowanych słowami genetycznymi MG.

Przypomnijmy, że zgodnie z (2.5):

$$MG = SO_g \underset{i=1}{\overset{m}{SEQ}} SO_i A_i \qquad (6.3)$$

gdzie:

SO_g - tekst operacyjnego systemu globalnego,

SO_i - tekst operacyjnego systemu lokalnego,

A_i - tekst operacji elementarnej.

Zauważmy, że ten format słowa genetycznego MG pokrywa się z formatem DNA:

- teksty systemu operacyjnego globalnego i lokalnego odpowiadają polom tekstu nadzoru i kontroli DNA,
- tekst operacji elementarnej odpowiada tekstowi genu strukturalnego.

Język słów genetycznych L (MG) może więc być wykorzystany jako metajęzyk języka DNA, w którym symbole A_i oznaczają geny strukturalne, a symbole SO_g i SO_i teksty zapisane w polach kontroli i nadzoru DNA.

W paragrafie 3 wykazaliśmy możliwość teoretycznej analizy pewnych własności (hierarchia, mutacja, regeneracja, klonowanie) niektórych bardzo prostych organizmów definiowanych bardzo prostymi słowami genetycznymi bez systemów operacyjnych zgodnie z (1.3).

Przyjmowaliśmy wtedy:

$$MG = \underset{i=1}{\overset{m}{SEQ}} A_i \qquad (6.4)$$

W paragrafie 4 wykazaliśmy, że wprowadzenie do analizy słowa genetycznego o bardziej skomplikowanym formacie zgodnie z (4.3) daje:

$$MG = \underset{i=1}{\overset{m}{SEQ}} SO_i A_i \qquad (6.5)$$

i doprowadza nas do systemów rozwijających się, posiadających własności przemijania oraz pozwala uzyskać w systemach rozwijających się odpowiedniki zjawisk odrastanie i siania. Przypadek (6.4) odpowiadałby bardzo prostym DNA ograniczonym do jednego lub kilku genów strukturalnych, przypadok (6.5) - nieco bardziej rozwiniętym, ale również bardzo prostym DNA.

Być może, rozszerzając stopień skomplikowania zapisu MG, da się objąć możliwościami analizy opartej na koncepcji MG również bardziej skomplikowane organizmy o bardziej skomplikowanym zapisie DNA.

7. OCENA SZYBKOŚCI WZROSTU LICZBY ELEMENTÓW W SYSTEMACH ROZWIJAJĄCYCH SIĘ FUNKCJA WZROSTU

Niech będzie dany system rozwijający się określony przez m operacji elementarnych $A_1, A_2, \text{-----}, A_i, \text{-----}, A_m$ wykonywanych na m różnych typach elementów: $a_1, a_2, \text{-----}, a_i, \text{-----}, a_m$ zaczynając od warunku początkowego, za który będziemy przyjmowali system z jednym tylko elementem typu a_1.

Oznaczymy przez $a_1(k), a_2(k), \text{-----} a_i(k), \text{-----}, a_m(k)$ liczby elementów typu $a_1, a_2, \text{-----} a_i, \text{-----} a_m$, które będzie zawierał system na k-tym etapie swego rozwoju, a przez $Y(k)$ wektor określający liczbę elementów systemu zdefiniowany w następujący sposób:

$$Y(k) = \left[a_1(k), a_2(k), \text{-----} a_i(k), \text{-----} a_m(k)\right] \tag{7.1}$$

Ogólna liczba elementów wszystkich typów na k-tym etapie rozwoju będzie więc wynosić:

$$V(k) = \sum_{i=1}^{m} a_i(k) \tag{7.2}$$

lub inaczej to zapisując:

$$V(k) = Y(k) \cdot \eta^T, \tag{7.3}$$

gdzie:

$$\eta = \left[\underbrace{1, 1, \text{-----} 1, \text{-----} 1}_{m}\right]$$

Funkcję $V(k)$ określoną relacją (7.2) lub (7.3) będziemy nazywali funkcją wzrostu systemu.

Jak to wynika z (7.3), problem znalezienia funkcji wzrostu $V(k)$ sprowadza się więc do znalezienia metody obliczenia wektora (7.1). Zadaniu temu było poświęconych bardzo wiele prac, nieraz na bardzo wysokim poziomie matematycznym. Praktycznie problem sprowadza się do analizy macierzy rozpatrywanego systemu. Niech np. będzie dany następujący system rozwijający się:

$$WE = \frac{A_1 A_2 A_3 A_4}{a_1, a_2, a_3, a_4}$$

gdzie:

$$A_1(a_1) = a_2 a_1$$
$$A_2(a_2) = a_3 a_4 \qquad (7.4)$$
$$A_3(a_3) = a_3$$
$$A_4(a_4) = a_4$$

Macierz M tego systemu (6.3) będzie mieć na podstawie relacji (6.4) następującą postać:

$$M = \begin{array}{c|cccc} & a_1 & a_2 & a_3 & a_4 \\ \hline a_1 & 1 & 1 & 0 & 0 \\ a_2 & 0 & 0 & 1 & 1 \\ a_3 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ a_4 & 0 & 0 & 0 & 1 \end{array} \qquad (7.5)$$

lub w uproszczeniu:

$$M = \begin{bmatrix} 1 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 1 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \qquad (7.6)$$

Jeżeli znamy wektor (7.1) elementów systemu dla k-tego etapu, to na podstawie znajomości macierzy systemu M możemy obliczyć wektor zasobów systemu dla k+1-ego etapu z relacji:

$$Y(k+1) = Y(k) \cdot M$$

a stąd:

$$Y(1) = Y(0) \cdot M$$
$$Y(2) = Y(1) \cdot M = Y(0) \cdot M^2 \qquad (7.8)$$
$$\text{---------------------------}$$
$$Y(k) = Y(k-1)M^{k-1} = Y(0)M^k$$

gdzie Y(0) wektor określający liczbę początkową elementów systemu, o którym będziemy zwykle zakładali, że jest równy:

$$Y(0) = [1, 0, 0, \text{----- } 0, \text{----- } 0] \tag{7.9}$$

a więc, że system zawiera jeden element typu a_1.

Na podstawie (7.3) i (7.8) mamy ogólnie:

$$V(k) = Y(0)M^k \cdot \varphi^T \tag{7.10}$$

Na przykład dla systemu (6.4) reprezentowanego macierzą (7.6) będzie:

$$V(k) = [1\ 0\ 0\ 0] \begin{bmatrix} 1 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 1 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}^k \begin{bmatrix} 1 \\ 1 \\ 1 \\ 1 \end{bmatrix} \tag{7.11}$$

Na podstawie (7.11) znajdujemy kolejno:

$$\begin{aligned} V(0) &= 1 \\ V(1) &= 2 \\ V(2) &= 4 \\ V(3) &= 6 \\ &\text{--------} \\ V(k) &= 2k \end{aligned} \tag{7.12}$$

Funkcja wzrostu systemu (7.4) jest więc funkcją rosnącą liniowo. Niech będzie teraz dany system rozwijający się o słowie genetycznym o strukturze kołowej:

$$SE = \frac{\overline{a_1 a_2 a_3}}{a_1, a_2, a_3} \tag{7.13}$$

gdzie:

$$\begin{aligned} A_1(a_1) &= a_2 a_1 \\ A_2(a_2) &= a_3(a_2) \\ A_3(a_3) &= a_1 a_3 \end{aligned} \tag{7.14}$$

Macierz tego systemu będzie więc w postaci:

$$M = \begin{bmatrix} 1 & 1 & 0 \\ 0 & 1 & 1 \\ 1 & 0 & 1 \end{bmatrix} \tag{7.15}$$

a stąd:

$$V(k) = [1\ 0\ 0\ 0] \begin{bmatrix} 1 & 1 & 0 \\ 0 & 1 & 1 \\ 1 & 0 & 1 \end{bmatrix}^k \begin{bmatrix} 1 \\ 1 \\ 1 \end{bmatrix} \qquad (7.16)$$

Na podstawie (7.16) znajdujemy kolejno:

$$\begin{aligned} V(0) &= 1 \\ V(1) &= 2 \\ V(2) &= 4 \\ &\text{--------} \\ V(k) &= 2^k \end{aligned} \qquad (7.17)$$

Funkcja wzrostu systemu (7.13) jest więc funkcją rosnącą wykładniczo.

Ogólnie można powiedzieć, że funkcje wzrostu systemów rozwijających się o słowach genetycznych o strukturze liniowej mają postać wielomianową.

Natomiast liczba elementów systemów rozwijających się o słowach genetycznych o strukturze kołowej może rosnąć szybciej jak liniowa i w takich przypadkach funkcja wzrostu $V(k)$ jest najczęściej funkcją wykładniczą.

W spisie bibliograficznym podajemy te pozycje literatury, gdzie można znaleźć obszerniejsze opracowanie z tego zakresu i inne niż macierzowe metody obliczeń, jak np. zastosowanie rachunku operatorowego.

LITERATURA

I. PROBLEMY OGÓLNE

[1] HERMAN G.T. i ROZENBERG G.: Developmental Systems and Languages. North-Holland, Amsterdam, 1975.

[2] LINDENMAYER R. i ROZENBERG G.: Automata, Languages, Development. At the Crossroads of Biology, Mathematics and Computer Sciences. North-Holland, Amsterdam, 1976.

[3] VIDAL P., WĘGRZYN S. i GILLE J.C.: Sur la notion de système évolutif. Bull. Polish Acad. Sci. (Techn. sci.) 26: 387-389, 1978.

[4] WĘGRZYN S., VIDAL P. i GILLE J.C.: Système évolutif défini par des opérations ponctuelles sur ses composantes. Bull. Polish Acad. Sci. (Techn. sci.) 29: 317-324, 1981.

[5] WĘGRZYN S., GILLE J.C. i VIDAL P.: On some models for Developmental Systems. Part I: Organism structure on the basis of elementary transformations. Int. J. Systems Sci. 13: 359-378, 1982.

[6] WĘGRZYN S., GILLE J.C. i VIDAL P.: Systèmes évolutifs: Opérations ponctuelles et applications biologiques et techniques. Revue franc. Autom. Inform. Rech. opérat. (Autom.) 16: 147-173, 1982.

II. WŁASNOŚCI STRUKTURALNE

a. Hierarchia. "Organy". "Tkanki"

[7] GILLE J.C., WĘGRZYN S. i VIDAL P.: Motifs et structures dans les systèmes évolutifs. Podstawy sterowania 14: 287-300, 1984.

[8] WĘGRZYN S., VIDAL P. i GILLE J.C.: Sur la relation entre le système évolutif E = XS et le système bouclé associé F = XT. Podstawy sterowania 14: 279-286, 1984.

[9] VIDAL P., WĘGRZYN S. i GILLE J.C.: On some models for Developmental Systems. Part VI: Patterns in Developmental systems. Int. J. of Systems Sci. 17: 559-567, 1986.

[10] WĘGRZYN S., GILLE J.C. i VIDAL P.: On some models for Developmental Systems. Part VII: On some types of patterns included in a feedback loop. Int. J. of Systemes Sci. 17: 569-579, 1986.

[11] VIDAL P., GILLE J.C. i WĘGRZYN S.: Structure hiérarchique et principe de décomposition des systèmes évolutifs. Bull. Polish Acad. Sci. (Techn. sci.) 34: 111-119, 1986.

b. Rekombinowanie i klonowanie. Mutacja. Regeneracja

[12] WĘGRZYN S., GILLE J.C. i VIDAL P.: Clonage et principe de la récapitulation dans la théorie des systèmes évolutifs. Bull. Polish Acad. Sci. (Techn. sci.) 34: 103-109, 1986.

[13] WĘGRZYN S., VIDAL P. i GILLE J.C.: Mutations et théorie des systèmes évolutifs. Bull. Polish Acad. Sci. (Techn. sci.) 34: 121-124, 1986.

[14] GILLE J.C., WĘGRZYN S. i VIDAL P.: Le principe de la régénération dans la théorie des systèmes évolutifs. Extrapolations biologiques. Bull. Acad. Sci. (Techn. sci.) 34: 91-101, 1986.

c. Własności strukturalne ogólne

[15] WĘGRZYN S., VIDAL P. i GILLE J.C.: Quelques propriétés structurales des systèmes évolutifs et des organismes vivants. Podstawy sterowania 15 239-260, 1985.

[16] GILLE J.C., VIDAL P. i WĘGRZYN S.: On some models for Developmental Systems. Part VIII: Systems with and without feedback. Structural properties. Int. J. of Systems Sci. 18: 1196-1216, 1987.

[17] WĘGRZYN S., GILLE J.C. i VIDAL P.: A Model for Developmental Systems, 10-th IFAC World Conference, Monachium, 1987.

III. SYSTEMY EWOLUCYJNE POSIADAJĄCE SYSTEM OPERACYJNY

[18] VIDAL P., GILLE J.C. i WĘGRZYN S.: Mot génétique de système évolutif et programme d'ADN. Bull. Polish Acad. Sci. (Techn. sci.) 35: 61-70, 1987.

[19] VIDAL P., WĘGRZYN S. i GILLE J.C.: Accroissement et dépérissement des systèmes évolutifs à mot génétique linéaire. Bull. Polish Acad. Sci. (Techn. sci.) 35: 285-290, 1987.

[20] GILLE J.C., WĘGRZYN S. i VIDAL P.: Les phénomènes de repousse et de semailles dans les systèmes évolutifs de mot génétique circulaire. Bull. Polish Acad. Sci. (Techn. sci.) 35: 291-296, 1987.

[21] GILLE J.C., WĘGRZYN S. i VIDAL P.: On some models for evelopmental Systems. Part IX: Generalized generating word and genetic code. Int. J. of Systems Sci. 19 (ma się ukazać).

IV. ILOŚCIOWA OCENA WZROSTU

[22] SZILARD A.L.: Growth Functions of Lindenmayer Systems. Dept. Computer Sci., University of Waterloo, London (Ontario), 1971.

[23] SALOMAA A. i SOITTOLA M.: Automata-Theoretic Aspects or Formal Power Series. Springer, Nowy York, 1978.

[24] ROZENBERG G. i SALOMAA A.: The Mathematical Theory of L Systems. Academic Press, Nowy York, 1980.

[25] WĘGRZYN S., VIDAL P. i GILLE J.C.: Graphes et matrices des systèmes évolutifs. Podstawy sterowania 11: 325-336, 1981.

[26] GILLE J.C., VIDAL P., WĘGRZYN S. i OUELLET Y.: On some models for Developmental Systems. Part II: Evolution of the cellular composition. Int. J. of Systems Sci. 13: 379-397, 1982.

[27] GILLE J.C., VIDAL P., WĘGRZYN S. i OUELLET Y.: Calcul de la composition cellulaire et fonction de croissance d'un système évolutif. Revue franc. Autom. Inform. Rech. opérat. (Atom.) 17: 87-98, 1983.

[28] VIDAL P., WĘGRZYN S. i GILLE J.C.: On some models for Developmental Systems. Part III: Another approach for evaluating the cellular compositon. Int. J. of Systems Sci. 14: 753-763, 1983.

[29] WĘGRZYN S., GILLE J.C. i VIDAL P.: Sur les propriétés des systèmes évolutifs engendrés par un mot créateur bouclé. Revue franc. Autom. Inform. Rech. opérat (Autom.) 18: 79-94, 1984.

[30] GILLE J.C., WĘGRZYN S. i VIDAL P.: Grammaire des mots créateurs et propriétés des systèmes évolutifs correspondants etudiés par la transformation de Carson discrète. Zentralblatt f. Math. 538: 350, 1985.

[31] WĘGRZYN S., GILLE J.C. i VIDAL P.: On some models for Developmental Systems. Part IV: Cellular composition of certain systems with feedback. Numerical and matrix approach. Int. J. of Systems Sci. 16: 1045-1060, 1985.

[32] VIDAL P., GILLE J.C. i WĘGRZYN S.: On some models for Developmental Systems. Part V: Cellular compositons of certain systems with feedback. Transform approach. Int. J. Systems Sci. 16: 1061.1072. 1985.

V. GENETYKA

[33] Pod redakcją ALLAIS Catherine: La Recherche sur la génétique et l'hérédité. Seuil. Paryż, 1985.

[34] Pod redakcją BOCZKOWSKIEGO Krzysztofa: Zarys genetyki medycznej. Podręcznik dla studentów medycyny. PZWL, Warszawa, 1985.

[35] DUBININ N.P.: Obszczaja gienietika. Wyd. 3, Nauka, Moskwa, 1986.

[36] GAJEWSKI Wacław i WĘGLEŃSKI Piotr: Inzynieria Genetyczna. Wyd. 3, PWN, Warszawa 1986.

[37] GIERMIENZON S.M.: Gienietika. Wyd. 2, Naukowa Dumka, Kijów, 1983.

[38] LEWIN Benjamin: Genes. Wiley, Nowy York, 1983.

[39] OSTROWSKI Włodzimierz S.: Biotechnologie i ich znaczenie dla rozwoju nowoczesnej gospodarki. PAN, Warszawa 1986.

[40] SUZUKI D.T., GRIFFITHS A.J.F. i LEWONTIN R.C.: An Introduction to Genetic Analysis. Wyd. 2, Freeman, San Francisco, 1981.

[41] WATSON J.D.: The Molecular Biology of the Gene. W.A. Benjamin, Nowy York 1970. Wyd. 2.

PROCESY ROZWOJU

S t r e s z c z e n i e

Przedmiotem pracy jest matematyczna teoria uporządkowanych zbiorów dynamicznych, to jest takich, których elementy tworzą pewną strukturę i ulegają w niej stale pewnym przekształceniom, jak np. transformacja elementu pewnego typu na element innego typu czy też podział elementu na dwa elementy tego samego lub innych typów.

W pracy przedstawia się metodę, która pozwala ze znajomości reguł transformacji elementów uporządkowanego zbioru dynamicznego wnioskować o jego rozwoju, to jest o jego strukturze, liczbie elementów i własnościach.

Otrzymane wyniki mogą być przydatne w analizie niektórych problemów wzrostu i rozwoju organizmów żywych.

ПРОЦЕССЫ РАЗВИТИЯ

Р е з ю м е

Предметом работы является математическая теория упорядоченных динамических множеств т.е. множеств, элементами которых образуют некоторую структуру в которой они непрерывно подвергаются некоторым преобразованиям, например преобразование элемента определённого типа в элемент другого типа либо разделение элемента на два элемента такого же типа либо других типов.

В работе представлен метод, который позволяет, на основании знакомства правил преобразования элементов упорядоченного динамического множества, судить о его развитии т.е. о его структуре, числе элементов и свойствах.

Полученные результаты могут быть полезными при анализе некоторых проблем роста и развития живых организмов.

DEVELOPMENT PROCESSES

S u m m a r y

This study concerns a mathematical theory of dynamic ordered sets, i.e. of sets whose elements create a certain structure and are submitted to certain transformations within this structure. For instance, it may be transformation of an element type or division of an element into two elements of the same or other types.

We present a method which allows us to foresee, if the rules how to transform the elements of an ordered dynamic set are known, the further development of the considered system - its future structure, its features and the number of its elements.

The obtained results can be useful in analysis of growth problems and in analysis of development of living organisms.

BIBLIOTEKA GŁÓWNA
Politechniki Śląskiej
P. 4197/92/19