

УДК 517.958:57, 57:51-76, 57.02.001.57
MSC2010 92B99, 92C42, 97M60

© А. И. Гудименко^{1,2} М. А. Гузев¹ Ю. Н. Журавлев³

О применимости теории категорий к описанию основных событий онтогенеза

Изучается возможность применения теоретико-категорного формализма к описанию основных молекулярных событий онтогенеза: транскрипции, трансляции и образования белковых структур. Показано, что этим событиям можно поставить в соответствие известные категорные операции обратного образа (pull-back) и амальгамы (push-out). Продемонстрирована естественность использования геометрической идеи расслоения в анализе указанных событий.

Ключевые слова: *онтогенез, биологические объекты, математическое моделирование, теория категорий, расслоение.*

Введение

Проблема математического моделирования биологических и социальных процессов является одной из центральных проблем современного естествознания. Многоплановая сложность этих процессов часто вынуждает довольствоваться лишь изучением их отдельных фрагментов, тогда как моделирование процессов в целом оказывается слишком редуцированным и потому малополезным. Успехи локальных подходов демонстрируют известные достижения в статистической биологии, генетике и динамике популяций, вычислительной молекулярной биологии и так далее [1]–[4]. Глобальное же описание явлений жизни довольно долго оставалось за рамками строгой математики [5].

Новые возможности приподняться над локальным уровнем математического исследования явлений жизни открываются с привлечением идей теории систем [6] и, более конкретно, — теории категорий [7, 8]. При этом выясняется, что адекватное описание этих явлений возможно лишь на базе синтеза идей и методов самых разных областей математики. Например, наиболее близкими к существу предмета

¹Институт прикладной математики ДВО РАН, 690041, Владивосток, ул. Радио, 7.

²Дальневосточный федеральный университет, 690950, г. Владивосток, ул. Суханова, 8.

³Биолого-почвенный институт ДВО РАН, 690022, Владивосток, пр-т 100 лет Владивостоку, 159.

Электронная почта: gudimenko@iam.dvo.ru, guzev@iam.dvo.ru, zhuravlev@biosoil.ru

оказываются геометрические модели благодаря своей наглядности и развитости сопровождающего их математического аппарата.

Приложение теории категорий к биологии начиналось с работ [9, 10], где эта теория использована для построения модели абстрактной биологической системы. Известны и другие попытки описать функции биологических систем посредством теории категорий, например, [11]–[13]. К системному подходу в биологии относятся, например, работы [14, 15], автор которых использовал и геометрические идеи [16, 17].

Естественность использования теории категорий в биологии связана с особенностями биологических объектов, характеризующихся разнообразием представлений, организационной и структурной сложностью и наличием отношений, в особенности функциональных, между частями этих объектов и между ними самими. Некоторые из свойств кажутся уникальными, например, любой биологический объект порождается другими биологическими объектами. Функциональные связи между биологическими объектами часто отражают необратимость биологических процессов, и это объединяет биологические процессы с общего вида морфизмами теории категорий.

Данная работа посвящена дальнейшему прояснению и изучению модельного подобия между событиями биологии и операциями категории множеств. Более конкретно: мы прослеживаем аналогию между молекулярными событиями онтогенеза, относящимися к синтезу белка (транскрипция, трансляция, образование белковых структур) и операциями обратного образа и амальгамы в категории множеств.

Наш подход к решению этой проблемы основывается на том наблюдении, что рассматриваемые события молекулярной биологии и морфизмы категории множеств могут быть представлены как расслоения в их теоретико-множественном понимании. Именно такой геометрический взгляд и позволяет обнаружить указанную аналогию. Отметим, что идея использования расслоений для моделирования биосоциологических событий уже применялась авторами в работах [18, 19] (укажем также на [20]–[22], где с помощью расслоений моделировались физические явления). Более того, настоящее исследование основывается на высказанной ранее авторами идее моделирования биосоциологических событий триадой геометрических операций: расслоение, конверсия и склеивание [18, 19] — и является непосредственным развитием этой идеи.

Статья организована следующим образом. После Введения в разделе 1 мы напоминаем определения необходимых для нашего исследования категорных операций, следуя в основном [23]. В разделе 2 мы соотносим категорные операции с событиями молекулярной биологии. В Заключение мы намечаем пути возможного развития предложенных идей.

1. Геометрическое представление морфизмов и операций в категории множеств

Мы полагаем, что в основе онтогенеза (индивидуального развития биологического объекта от его рождения до смерти) лежат молекулярные события, свя-

занные с превращением генотипической информации в фенотипическую. Процесс создания фенотипа начинается с избирательной транскрипции отдельных генов и продолжается в различных преобразованиях транскриптов с последующим привлечением продуктов этих преобразований в процесс создания структур, осуществляющих фенотипические действия, то есть создание фенотипа позволяет биологическому объекту представлять себя в окружении.

В этом разделе мы опишем те объекты и конструкции теории категорий, которые далее окажутся существенными для математического описания этих основных событий онтогенеза. При этом, как уже отмечалось во Введении, мы делаем акцент на геометрическом представлении операций категории множеств как операций над расслоениями.

Морфизмы. В теории категорий функциональная связь между объектами A и B задается стрелкой, или морфизмом,

$$f: A \rightarrow B. \quad (1)$$

В категории множеств Set морфизм f допускает различные интерпретации. Опишем некоторые из них, с нашей точки зрения, основные.

Морфизм (1) может быть представлен в виде расслоения (см. рис. 1). В этом случае множество A называется *пространством расслоения*, множество B — *базой*, отображение f — *проекцией*, множество $f^{-1}(b)$ — *слоем* над элементом $b \in B$.

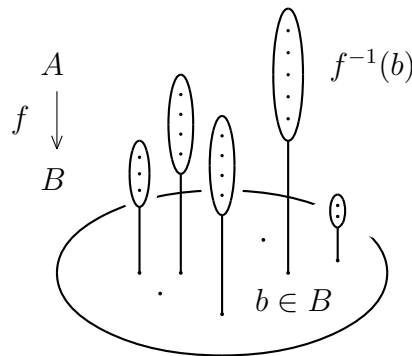


Рис. 1. Функция как расслоение. Вертикально вытянутые овалы представляют слои расслоения, точки в них — гермы расслоения. Горизонтальный круг представляет базу расслоения. В базе могут быть элементы (отдельные точки в круге), которым соответствуют пустые слои.

Наличие функциональной связи между множествами A и B делает естественным использование специального термина «герм», или «росток», для элементов множества A . В математике этот термин используется в теории расслоений [24], особенно — в теории пучков [25], и имеет очевидное «биологическое» происхождение.

Двойственное представление морфизма (1) состоит в его интерпретации как «склейки» элементов множества A соответственно их образам во множестве B . Процессы расслоения и склейки играют фундаментальную роль в биологии и социологии [19].

Возможна более детальная спецификация представлений морфизма (1), основанная на той или иной классификации морфизмов вообще. Мы отметим только представления, проистекающие из подразделения морфизмов категории \mathbf{Set} на эпиморфизмы (отображения «на») и мономорфизмы (однозначные отображения). Любой морфизм f множеств допускает, очевидно, эпи-моно-разложение $A \twoheadrightarrow f(A) \hookrightarrow B$. Мономорфную стрелку $A \hookrightarrow B$ естественно интерпретировать как операцию выбора из множества B подмножества A . Дуальное представление ассоциируется с «погружением» A в B . Эпиморфная стрелка $A \twoheadrightarrow B$ отвечает *собственно* за расслоение и склейку, о которых мы говорили выше.

Пределы и копределы. В теории категорий есть конструкции, позволяющие единым образом описывать естественные операции над функционально связанными (или несвязанными) объектами. Мы имеем в виду конструкцию предела и двойственную к ней — конструкцию копредела. Напомним их определения с целью продемонстрировать категорный способ определения операций. Этот способ можно назвать «внешним» в сравнении с обычным теоретико-множественным способом, когда операции определяются посредством «внутренней» структуры объектов [23].

Конусом для диаграммы D (набора объектов D_i и связывающих их стрелок) называется объект C вместе со стрелками $f_i: C \rightarrow D_i$, такой, что диаграмма

$$\begin{array}{ccc} & C & \\ f_i \swarrow & & \searrow f_j \\ D_i & \xrightarrow{g} & D_j \end{array} \quad (2)$$

коммутативна для всех объектов D_i и стрелок g из D . *Пределом диаграммы D* называется D -конус $\{C \rightarrow D_i\}$ такой, что для любого другого D -конуса $\{C' \rightarrow D_i\}$ существует одна и только одна стрелка $f: C' \rightarrow C$, для которой диаграмма

$$\begin{array}{ccc} C' & \overset{f}{\dashrightarrow} & C \\ f'_i \searrow & & \swarrow f_i \\ & D_i & \end{array} \quad (3)$$

коммутативна для всех D_i . Определение копредела получается из определения предела обращением стрелок.

Например, предел диаграммы $f: A \rightarrow B$ представляет собой объект A' и пару стрелок $f': A' \rightarrow B$, $g': A' \rightarrow A$, вместе составляющих коммутативную диаграмму

$$\begin{array}{ccc} A' & \xrightarrow{g'} & A \\ & \searrow f' & \downarrow f \\ & & B \end{array} \quad (4)$$

В категории \mathbf{Set} переход к пределу диаграммы $f: A \rightarrow B$ можно рассматривать «внутренним» образом, и более того — геометрически, как преобразование расслоения $f: A \rightarrow B$ в расслоение $f': A' \rightarrow B$, при котором ростки слоев индексируются соответствующими им элементами базы. Рис. 2 иллюстрирует сказанное.

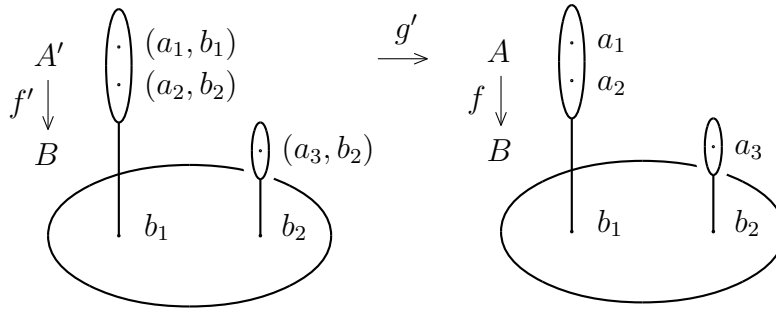


Рис. 2. Переход к пределу диаграммы $f: A \rightarrow B$ как преобразование расслоений. Справа — исходное расслоение, слева — результирующее. $A = \{a_1, a_2, a_3\}$, $B = \{b_1, b_2\}$, $f := \{(a_1, b_1), (a_2, b_1), (a_3, b_2)\}$. Стрелки f' и g' являются отображениями естественной проекции.

Обратный образ и амальгама. Посредством операции обратного образа (pull-back) и двойственной к ней операции амальгамы (push-out) выражаются все операции, реализуемые как пределы и копределы диаграмм. Точнее, справедливо следующее утверждение [23].

Теорема 1. *Если категория имеет конечный (начальный) объект и в ней для любой пары стрелок с общим концом (началом) существует обратный образ (амальгама), то она конечно полна (кополна).*

Напомним, что в \mathbf{Set} *конечный объект* — это произвольное одноэлементное множество, а *начальный объект* — пустое множество. Категория называется *конечно полной (конечно кополной)*, если всякая ее конечная диаграмма имеет предел (копредел).

Рассмотрим диаграмму $A \xrightarrow{f} B \xleftarrow{g} B'$ и ее предел $B' \xleftarrow{f'} A' \xrightarrow{g'} A$. Вместе они составляют коммутативную диаграмму

$$\begin{array}{ccc}
 A' & \xrightarrow{g'} & A \\
 f' \downarrow & & \downarrow f \\
 B' & \xrightarrow{g} & B
 \end{array} \tag{5}$$

Говорят, что f' является *обратным образом* f относительно g , а g' — *обратным образом* g относительно f .

В категории \mathbf{Set} операция обратного образа может быть проинтерпретирована геометрически как преобразование расслоения $f: A \rightarrow B$ в расслоение $f': A' \rightarrow B'$.

При этом, согласно теоретико-множественному определению этой операции [23, 24], слой расслоения f' над элементом $b' \in B'$ представляет собой множество пар (b', a) , где a принадлежит слою расслоения f над элементом $g(b')$. Таким образом, в новом расслоении каждый элемент a слоя $g(b')$ исходного расслоения оказывается «оснащенным» элементом b' . В этом случае мы говорим, что гермы расслоения f преобразуются, или конвертируются, в гермы расслоения f' . Операцию обратного образа иллюстрирует рис. 3.

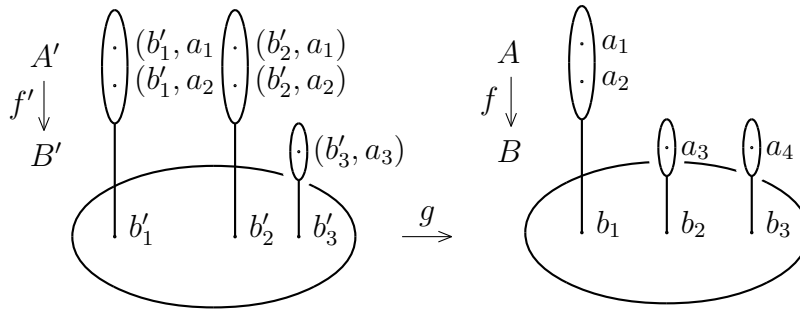


Рис. 3. Операция обратного образа (конверсия гермов). Справа — исходное расслоение, слева — результирующее. $A := \{a_1, a_2, a_2, a_4\}$, $B = \{b_1, b_2, b_3\}$, $B' = \{b'_1, b'_2, b'_3\}$ и $g := \{(b'_1, b_1), (b'_2, b_1), (b'_3, b_3)\}$.

Перейдем к описанию амальгамы. Эта операция ответственна за склейку, причем как слоев гермов, так и отдельных гермов внутри слоя расслоения, то есть она не ограничена каким-либо уровнем вложенности, но может применяться по всему диапазону сложности объекта. Категорно эта операция описывается коммутативной диаграммой

$$\begin{array}{ccc} A & \xrightarrow{g} & A' \\ f \downarrow & & \downarrow f' \\ B & \xrightarrow{g'} & B' \end{array}, \tag{6}$$

в которой пара стрелок $B \xrightarrow{g'} B' \xleftarrow{f'} A'$ является копределом — амальгамой — пары $B \xleftarrow{f} A \xrightarrow{g} A'$. В категории Set база расслоения $f': A' \rightarrow B'$ представляет собой дизъюнктивное объединение $B + A'$ с отождествлением $f(a)$ и $g(a)$ для каждого $a \in A$.

Преобразование склейки иллюстрирует рис. 4. Здесь в качестве исходного выступает расслоение $f: A \rightarrow B$, в качестве результирующего — $f': A' \rightarrow B'$ с пространством расслоения $A' := \{a'_1, a'_2, a'_3\}$. Склеивающий морфизм задан отношением

$$g := \{(a_1, a'_1), (a_2, a'_1), (a_3, a'_2), (a_4, a'_3), (a_5, a'_3)\}. \tag{7}$$

Мы видим на рис. 4, что склеились элементы a_1 и a_2 первого слоя, а два оставшихся слоя образовали соединение посредством склейки элементов a_4 и a_5 .

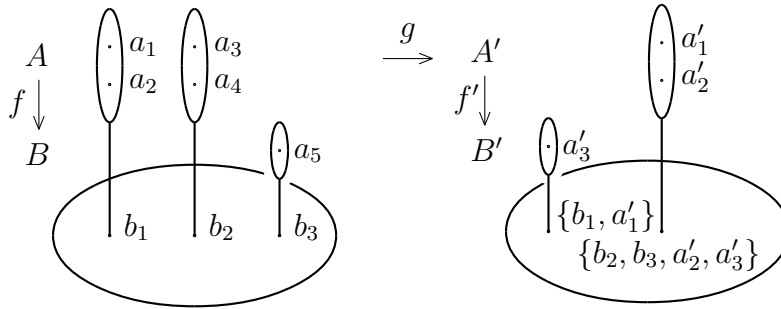


Рис. 4. Операция амальгамы (склейка гермов).

2. Соответствие этапов онтогенеза и операций теории категорий

Процесс, посредством которого генетическая информация ДНК воплощается в фенотипические структуры (центральная догма молекулярной биологии), принято подразделять на три составляющих: транскрипция, трансляция и образование белковых структур. Опишем эти составляющие так, чтобы проявить аналогию этих событий молекулярной биологии с рассмотренными выше операциями теории категорий.

Транскрипция — процесс синтеза относительно коротких молекул РНК по матрице ДНК. Синтез относится к первым этапам реализации генетической информации. Результатом транскрипции является создание множества транскриптов (молекул РНК). В отличие от последовательностей А-, Т-, Г- и Ц-нуклеотидов в ДНК, последовательности транскриптов представлены комбинациями нуклеотидов А, Г, Ц, У. Углеводный скелет молекулы тоже модифицирован.

Множество транскриптов, хотя и содержит информацию последовательностей, соответствующую сегментам ДНК, отличается от множества единой супрамолекулы хроматина тем, что содержит изолированные элементы, каждый из которых может иметь собственную траекторию в процессе онтогенеза. Классы транскриптов выделяются по правилам «чтения» ДНК и, более общим образом, — по функциям, которые транскрипты осуществляют в процессе синтеза белка и дальнейших событиях онтогенеза. Самая простая классификация включает четыре класса.

мРНК — матричные (информационные) РНК, выполняющие роль матриц при синтезе белка рибосомами. Последовательность нуклеотидов РНК, являющаяся комплементарным отображением сегмента цепи ДНК в молекулу РНК.

рРНК — рибосомальные РНК, являющиеся структурными компонентами рибосом. Рибосома — внутриклеточная частица, осуществляющая синтез белка. Состоит из рРНК и белков. Связываясь с молекулой мРНК, осуществляет ее трансляцию (синтез белка).

тРНК — транспортные РНК. Являются основными элементами, осуществляющими при синтезе белка перекодирование информации, заключенной в мРНК, с языка последовательности нуклеотидов на язык последовательности аминокислот. Для этого они высокоспецифично связываются с соответствующими им аминокислотами при участии ферментов аминок-ацил-тРНК-синтетаз.

нтРНК — нетранслируемые РНК. Обширный и не до конца изученный класс транскриптов, участвующих в регуляции онтогенеза. Многие его подклассы относятся к элементам эпигенетической регуляции, средствам структурного ремоделирования и движения. В данной статье этот класс не рассматривается.

Эта классификация является неполной и отражает определенные функциональные особенности транскриптов. Транскрипты подразделяются также по их участию в образовании тех или иных клеточных структур и по другим признакам. Для наших целей важно то, что в результате транскрипции создается факторизуемое множество транскриптов. Если до начала транскрипции генотип был представлен единым супрамолекулярным комплексом хроматина с неразличимыми в нем сегментами ДНК, соответствующими генам, то далее генотип представляется множеством отдельных молекул, каждая из которых может иметь свою траекторию трансмутаций.

Оставляя процессы инициации и синтеза транскриптов за рамками нашего исследования, опишем процесс факторизации полученного множества. Обозначим A множество транскриптов, B — множество классов транскриптов, то есть факторное множество A по подходящему отношению эквивалентности, и f — отображение естественной проекции, которое каждому транскрипту ставит в соответствие свой класс эквивалентности. Тогда процесс факторизации описывается отображением (1) в категории множеств, и в силу сказанного в разделе 1 мы представляем его как расслоение (см. рис. 1), в котором гермы — это транскрипты, а отдельный слой — класс эквивалентных транскриптов.

Говоря о транскрипции и расслоении, следует обратить внимание на следующее обстоятельство. В математике расслоение может рассматриваться как процесс и как результат. В биологии это понятие более ограничено в связи с особой онтологией биологических объектов. В частности, не может быть расслоено то, что еще не создано. Поэтому в биологическом описании принимается представление, которое соответствует идее становления. Например, отмеченная во Введении триада операций: расслоение, конверсия и склейка — понимается как создание пространства транскриптов, расслоение этого пространства, последующая конверсия расслоенных объектов и склеивание конвертированных продуктов в структуры, представляющие биологический объект в окружении (фенотип).

Трансляция — процесс декодирования мРНК, в результате которого информация с языка последовательности оснований мРНК переводится на язык последовательности аминокислот белка. Синтез белка осуществляется в рибосоме путем последовательного присоединения отдельных аминокислотных остатков, поставляемых к рибосоме активированными тРНК. Рибосома функционирует подобно

сборочной линии, на «вход» которой подается шаблон (молекула мРНК) и набор деталей (активированные аминокислоты), а с «выхода» снимается готовая полипептидная цепь. При этом шаблон может быть отброшен или использован вновь.

Трансляция может рассматриваться как смена носителя информации (о последовательности элементов в сообщении), где информационное содержание герма получает возможность раскрытия в новом качестве, соответствующем новой форме представления герма. Мы используем термин «конверсия» для обозначения этой операции преобразования герма. Отметим, что конверсии подвергается и тРНК, и рРНК, и вообще этот процесс является одним из основных событий молекулярной биологии. Конверсия осуществляется не только путем смены носителя, но и путем помещения того же носителя в пространство новых отношений. Так, например, рибосомная РНК, входя в структуру рибосомного скелета, подвергается конверсии, хотя ее базовая структура остается прежней. Отметим также, что возможна ситуация, в которой герм конвертируется в два и более новых гермов. В этом случае информация исходного герма будет развертываться в разных направлениях соответственно своим носителям.

В категории *Set* конверсии соответствует операция обратного образа. Действительно, как было показано в разделе 1 (см. абзац после диаграммы (5)), операция обратного образа представляется как послойное «оснащение» гермов исходного расслоения элементами некоторого множества (базы нового расслоения). Но это именно то, что требуется для продукта конверсии.

Для примера рассмотрим следующую иллюстративную модель трансляции. В качестве множества транскриптов (мРНК) возьмем набор $A = \{a_1, a_2, a_3, a_4\}$. Предположим, что транскрипты a_1, a_2 в результате трансляции и последующей склейки преобразуются вместе в две различные белковые структуры b'_1 и b'_2 , транскрипт a_3 вообще не участвует в трансляции, а транскрипт a_4 преобразуется в белковую структуру b'_3 . Эти данные определяют следующие три формальные структуры.

- 1) Расслоение транскриптов $f: A \rightarrow B$, где B — фактор-множество A по отношению эквивалентности, определяемому участием транскриптов в образовании белковых структур, и f — отображение естественной проекции A на B . В этом случае $B = \{b_1, b_2, b_3\}$, где $b_1 = \{a_1, a_2\}$, $b_2 = \{a_3\}$, $b_3 = \{a_4\}$, и f переводит герм a_i , $i = 1, \dots, 4$, в класс, которому этот герм принадлежит.
- 2) Морфизм $g: B' \rightarrow B$, задающий трансляцию. Здесь $B' = \{b'_1, b'_2, b'_3\}$ — совокупность белковых структур и g — отображение, полученное обращением естественной траектории трансляции, когда классу b_1 отвечают структуры b'_1 и b'_2 , а классу b_3 — структура b'_3 .
- 3) Расслоение продуктов трансляции $f': A' \rightarrow B'$, где A' — набор белков, полученных в результате трансляции, и f' — отображение, группирующее эти белки соответственно морфизму g . Точнее, $A' = \{a'_1, a'_2, a'_3, a'_4, a'_5\}$ и f' расслаивает A' на три слоя. Первые два состоят из белков, полученных в результате трансляции транскриптов a_1 и a_2 , последний содержит белок — продукт трансляции транскрипта a_4 .

Мы отразили эту информацию на рис. 5.

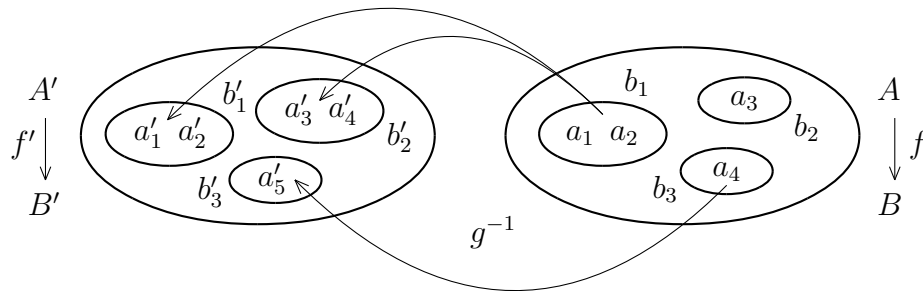


Рис. 5. Данные трансляции. Справа — исходное расслоение транскриптов, слева — расслоение продуктов трансляции, g — задающее трансляцию отображение.

Обратим теперь внимание на то, что исходные данные рассматриваемой трансляции специально были подобраны так, чтобы совпасть с исходными данными (отображениями f и g) для операции обратного образа, изображенной на рис. 3. Но мы видим тогда, что совпадают и результаты этих операций, если положить $a'_1 = (b'_1, a_1)$, $a'_2 = (b'_1, a_2)$, $a'_3 = (b'_2, a_1)$, $a'_4 = (b'_2, a_2)$ и $a'_5 = (b'_3, a_4)$. Таким образом, в этой иллюстративной модели установлено соответствие между операциями обратного образа и конверсии.

Образование белковых и других фенотипических структур. В отдельных случаях онтогенеза (у одноклеточных) трансляция может сразу привести к образованию фенотипического признака. Например, индуцированный синтез ферментного комплекса глюконазы у некоторых бактерий приводит к возникновению нового свойства (фенотипического признака), а именно — способности расти на средах, содержащих только чистую целлюлозу (подробности см. в [26, глава 13]).

Однако даже в таком сравнительно простом случае траектории трансмутаций конвертированных гермов далеко не просты. Процессинг (созревание) первичных полипептидных цепей на пути к ферменту может включать частичный протеолиз, образование дистанционных ковалентных связей, присоединение простетических групп, ковалентную модификацию аминокислотных остатков (гликозилирование, метилирование, фосфорилирование, ацетилирование) и другие структурные и конформационные изменения структурной организации в клетке [27].

В самом общем подходе к описанию посттрансляционных изменений различают четыре уровня структурной организации белков: первичную, вторичную, третичную и четвертичную структуру. Под первичной структурой понимают линейную последовательность аминокислотных остатков, соединенных ковалентной пептидной связью. Вторичная структура белка, как правило, формируется взаимодействиями только между атомами, расположенными близко к основной цепи, и проявляется в виде «локальных» структур, например, спиралей. Третичные структуры относятся к более сложной организации белковой молекулы, в создании которой принимают участие дистанционные взаимодействия, в них важную роль играет формирование дисульфидных связей. Часто такие модификации продук-

тов трансляции осуществляются в эндоплазматическом ретикулуме и обозначаются как фолдинг полипептидных цепей. Фолдинг нередко осуществляется как самоорганизация молекулы в подходящем окружении (в растворе, на мембране, в специальной структуре); но в сложных случаях правильную укладку молекулы обеспечивают специальные белки — шапероны [28].

Шапероны также участвуют в более сложных уровнях (четвертичной) организации клеточных структур, представленных молекулярными комплексами, которые могут иметь не только белковую, но и нуклеиновую или другую природу. Взаимодействия между элементами, обладающими четвертичной структурой, особенно сложны, их описания относятся к области супрамолекулярной химии. Они включают ион-ионные, диполь-ионные и диполь-дипольные взаимодействия, образование водородных, Ван-дер-Ваальсовых, Лондоновских и других связей, гидрофобные и другие эффекты [29].

Сложность этих взаимодействий определяет сложность механизмов склейки, с помощью которых из гермов создаются структуры, ответственные за представление объекта в окружении, то есть за фенотип.

В категории *Set* склейке гермов расслоения отвечает операция амальгамы, что уже было продемонстрировано в разделе 1. Примеры текущего раздела показывают, что установление соответствия этой операции с процессом образования белковых и других фенотипических структур — задача трудно формализуемая, однако основные структурные элементы склейки, видимо, достаточно полно схватываются операцией амальгамы. Надо отметить, что в силу сложности механизмов склейки моделирование этого процесса обуславливает моделирование всех предшествующих ему событий. Например, задающий трансляцию морфизм (отображение g из диаграммы (5)) должен располагать достаточными возможностями для выделения всех склеиваемых (посредством морфизма g из диаграммы (6)) фрагментов.

Заключение

В работе установлено соответствие ряда событий молекулярной биологии, относящихся к воплощению генетической информации, с категорными операциями обратного образа и амальгамы. Продемонстрирована естественность использования геометрической идеи расслоения в анализе указанных событий. Показано, что существенную часть онтогенеза составляет переход (фазовый переход) от множества транскриптов, представленных отдельными молекулами (РНК), к набору фенотипических признаков, относящихся к области макроскопических проявлений биологического объекта. Этот переход не может быть описан в рамках традиционных статистических подходов. Главным отличием здесь является то, что элементы подвергаются разноплановым трансформациям и взаимодействуют друг с другом, что и описывается понятиями конверсии и склейки.

Дальнейшее продвижение в геометризации биологических событий в рамках теории категорий может происходить в направлении, когда стрелки (расслоения) сами становятся объектами некоторой категории. В этом случае уже можно говорить, например, о сечениях расслоения как элементах объектов этой новой кате-

гории.

Имеется, однако, еще более существенное направление для расширения нашего исследования. Мы показали в текущей работе, что конверсия и склейка представляются категорными операциями. Процесс расслоения же не получил у нас трактовки как операции теории категорий. Мы полагаем, что эта трудность преодолевается привлечением к анализу логических аспектов теории категорий, связанных с понятием классификатора подобъектов [23]. Отметим, что этот подход уже частично использовался авторами при моделировании социальных процессов [19].

Список литературы

- [1] *Handbook of Statistical Systems Biology*, eds. M. Stumpf, D. Balding, M. Girolami, Wiley, 2011.
- [2] F. Hoppensteadt, *Mathematical theories of populations: demographics, genetics, and epidemics*, Society for Industrial Mathematics, Philadelphia, 1997.
- [3] J. Pastor, *Mathematical Ecology of Populations and Ecosystems*, Wiley-Blackwell, 2008.
- [4] Ж. Сетубал, Ж. Мейданис, *Введение в вычислительную молекулярную биологию*, РХД, 2007.
- [5] R. Rosen, *Essays on Life Itself*, Columbia University Press, New York, 2000.
- [6] М. Месарович, Я. Такахага, *Общая теория систем: математические основы*, Мир, М., 1978.
- [7] S. Eilenberg, S. MacLane, “General Theory of Natural Equivalences”, *Transactions of the American Mathematical Society*, **58**:2 (1945), 231–294.
- [8] S. MacLane, *Categories for the Working Mathematician*, Springer, New York, 1998.
- [9] R. Rosen, “A relational theory of biological systems”, *Bulletin of Mathematical Biology*, **20**:3 (1958), 245–260.
- [10] R. Rosen, “The representation of biological systems from the standpoint of the theory of categories”, *Bulletin of Mathematical Biology*, **20**:4 (1958), 317–341.
- [11] A. C. Ehresmann, J.-P. Vanbreemersch, “Hierarchical evolutive systems: A mathematical model for complex systems”, *Bulletin of Mathematical Biology*, **49**:1 (1987), 13–50.
- [12] O. Wolkenhauer, J.-H.S. Hofmeyr, “An abstract cell model that describes the self-organization of cell function in living systems”, *Journal of Theoretical Biology*, **246** (2007), 461–476.
- [13] T. Haruna, “Theory of interface: Category theory, directed networks and evolution of biological networks”, *Biosystems*, **114**:2 (2013), 125–148.
- [14] N. Rashevsky, “Topology and life: In search of general mathematical principles in biology and sociology”, *Bulletin of Mathematical Biology*, **16**:4 (1954), 317–348.
- [15] N. Rashevsky, *Organismic Sets: Some Reflections on the Nature of Life and Society*, Grosse Pointe, Michigan, 1972.
- [16] N. Rashevsky, “The geometrization of biology”, *Bulletin of Mathematical Biology*, **18**:1 (1956), 31–56.
- [17] N. Rashevsky, “A note on the geometrization of biology”, *Bulletin of Mathematical Biology*, **19**:3 (1957), 201–204.
- [18] Yu. N. Zhuravlev, M. A. Guzev, E. E. Skurikhin, “Modeling ontogeny in biology”, *Int. J. of Advances in Computer Science & Its Applications*, **5** (2015), 314–320.
- [19] Ю. Н. Журавлев, М. А. Гузев, А. И. Гудименко, “Модульная организация биосоциальных систем”, *Вестник ДВО РАН*, 2016, № 2, 5–23.
- [20] А. И. Гудименко, М. А. Гузев, “Об инвариантной форме записи закона сохранения массы”, *Дальневост. матем. журн.*, **14**:1 (2014), 33–40.

- [21] А. И. Гудименко, М. А. Гузев, “Геометрические аспекты изучения закона сохранения массы”, *Дальневост. матем. журн.*, **14**:2 (2014), 173–190.
- [22] А. И. Гудименко, М. А. Гузев, “О ковариантной форме записи уравнения Эйлера движения идеальной жидкости”, *Дальневост. матем. журн.*, **15**:1 (2015), 41–52.
- [23] R. Goldblatt, *Topoi: The Categorical Analysis of Logic*, Elsevier, Amsterdam, New York, 1984.
- [24] I. Kolár, P. Michor, J. Slovák, *Natural operations in differential geometry*, Springer-Verlag, Berlin, Heidelberg, New York, 1993.
- [25] G. Bredon, *Sheaf Theory*, Springer-Verlag, New York, 1997.
- [26] Б. Глик, Дж. Пастернак, *Молекулярная биотехнология*, Мир, М., 2002.
- [27] В. П. Шипков, Г. Н. Кривошеина, *Общая и медицинская генетика*, Академия, М., 2003.
- [28] S. Alberti, “Molecular mechanisms of spatial protein quality control”, *Prion*, **6**:5 (2012), 437–442.
- [29] Д. В. Стивд, Дж. Л. Этвуд, *Супрамолекулярная химия*, Академкнига, 2007.

Представлено в Дальневосточный математический журнал 17 октября 2016 г.

Работа выполнена при частичной финансовой поддержке программы “Дальний Восток” (проект 15-I-4-041).

Gudimenko A. I., Guzev M. A., Zhuravlev Yu. N. On applicability of category theory to the description of ontogeny events. Far Eastern Mathematical Journal. 2016. V. 16. № 2. P. 147–159.

ABSTRACT

The possibility of application of the category-theoretical formalism to the description of the fundamental molecular events of ontogeny (transcription, translation and the protein combination formation) is studied. It is shown that a correspondence between these events and the well-known category operations, pull-back and push-out, can be established. The naturalness of application of the geometrical idea of fibration to the analyses of these events is demonstrated.

Key words: ontogeny, biological objects, mathematical modelling, category theory, fiber bundles.