

ВИКТОР АЛАДЬЕВ

НЕКОТОРЫЕ АЛГОРИТМИЧЕСКИЕ ВОПРОСЫ МАТЕМАТИЧЕСКОЙ БИОЛОГИИ

1. В настоящее время имеется значительное число математических моделей, реализующих те или иные биологические процессы. Характерной чертой этих моделей является то, что для их построения используется количественная математика (математическая статистика и теория вероятностей, дифференциальные и интегральные уравнения, теория оптимальных процессов и т. п.). Так, из более чем 750 статей, опубликованных с 1939 г. в одном только журнале «Bulletin of Mathematical Biophysics» многочисленными авторами, большую часть можно отнести к категории работ, посвященных моделям. Весьма разнообразные биологические модели рассматриваются в интересной работе [1]. Однако по целому ряду биологических соображений мы должны изучать также многочисленные неколичественные (реляционные) аспекты, особенно возникающие в общей биологии, где уже используются некоторые ветви неколичественной математики: теория множеств, топология и теория категорий. В этом направлении прежде всего следует отметить работы Н. Рашевского [2-5] и Р. Розена [6-8], из которых следует, что биология может быть изоморфна некоторым общим математическим теориям. В этом случае результаты математических теорий мы смогли бы перефразировать в законы биологии. Следует отметить, что мы должны уже заранее предполагать существование такого изоморфизма, если ставим своей целью сделать математическую биологию чем-то вроде теоретической физики. Ибо если нет такого изоморфизма, то и попытки наши в этом направлении будут бесполезны, так как нельзя будет выработать в биологии такой общности, какой обладает теоретическая физика (единство физики, кстати, осуществляется благодаря изоморфизму широкого класса физических явлений геометрическим свойствам неевклидова гиперпространства). В таком случае предмет общей биологии будет состоять из более или менее общих проблем, не связанных какой-то общей концепцией.

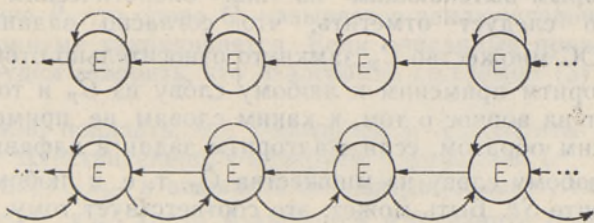
Ввиду большого значения неколичественных аспектов в биологии делались попытки применения топологических пространств со специфическими связями между элементами. Однако все эти исследования имели дело со статическими математическими структурами, тогда как одной из наиболее важных черт органической жизни является ее динамический, процессовый характер. Поэтому, если мы ищем математическую теорию, которой изоморфна биологическая организация (особенно развивающаяся), то ее нужно искать среди процессообразных математических теорий. Среди таких теорий Н. Рашевский [9] выделил теорию алгоритмов Маркова. Мы не будем здесь обсуждать формальную реляционную и логическую аналогию между биологическими процессами и

алгоритмами (это великолепно сделано у Н. Рашевского), а попытаемся обсудить поставленные Н. Рашевским вопросы, применяя в качестве алгоритмов одномерные однородные структуры (ОС).

2. Математическая теория ОС довольно подробно рассматривается в работах [10-13]. Здесь мы будем иметь дело с одномерными ОС, которые определяются следующим образом. Имеется бесконечная цепочка связанных друг с другом идентичных элементов E . Каждый элемент E может находиться в момент $T \geq 0$ в одном из состояний множества $S^p = \{0, 1, \dots, p-1\}$. Мы будем рассматривать два вида связей между элементами E в ОС:

- а) состояние элемента i в ОС в момент T зависит от состояний элементов i и $i+1$ в момент $T-1$;
- б) состояние элемента i в ОС в момент T зависит от состояний элементов $i-1, i$ и $i+1$ в момент $T-1$.

Обе связи можно представить следующими графами (см. рисунок).



Через $L^j (j = \alpha, \beta)$ обозначим функцию, которая специфицирует состояние, которое должен получить элемент E в ОС в момент T в зависимости от того, какие состояния имеют в момент $T-1$ его непосредственные соседи, т. е. элементы, от которых он непосредственно получает информацию в момент $T-1$. Вообще же говоря, непосредственное соседство автомата ОС может быть самым произвольным. Для случаев α и β функцию L^j будем задавать соответственно соотношениями следующего вида:

$$x_1 x_2 \rightarrow x_1', \quad x_1 x_2 x_3 \rightarrow x_2', \quad x_i, x_i' \in S^p, \quad (1)$$

причем потребуем выполнения следующих условий для соотношений (1):

$$00 \rightarrow 0, \quad 000 \rightarrow 0, \quad (2)$$

которые говорят о том, что если в момент $T-1$ элемент E и его непосредственные соседи находятся в состоянии покоя (0), то и в момент T он останется в состоянии покоя. Словом в ОС будем называть любую конечную конфигурацию (КФ) состояний ОС, т. е. такую КФ ОС, которая имеет только конечное число элементов E в состояниях, отличных от 0. Множество всех таких слов обозначим через \bar{C}_p . Таким образом функция $L^j (j = \alpha, \beta)$, действуя на все элементы E в ОС одновременно, определяет глобальную функцию перехода τ в ОС, которая отображает множество \bar{C}_p в себя. Отсюда следует, что ОС с функцией τ , определенной функцией L^j , которая задается соотношениями (1) — (2), определяет некоторый алгоритм переработки конечных слов в алфавите S^p . Этот алгоритм будем называть τ -алгоритмом.

Из результатов нашей работы [12] следует, что τ -алгоритм эквивалентен любому другому известному алгоритму переработки слов (алгоритм Маркова, система продукций Поста, машина Тьюринга и т. д.), но он имеет перед другими алгоритмами то преимущество, что ОС, которая определяет τ -алгоритм, может получать удовлетворительные биологические интерпретации [10-14, 18]. Более того, программирование алгорит-

мического процесса на ОС представляется (за исключением, пожалуй, машины Тьюринга) намного более простым, чем в случае других типов алгоритмов; τ -алгоритмы очень хорошо пригодны для программной реализации их на ЭЦВМ [12], а также технической реализации средствами микроэлектроники [15]. И, наконец, наиболее важное преимущество τ -алгоритмов состоит в том, что они допускают распараллеливание процесса, что очень важно при биологическом моделировании и в теории вычислений. Все это приводит нас к выводу, что τ -алгоритмы более пригодны в качестве аппарата математической биологии, чем другие подобные алгоритмы. Однако, повторяем, это при условии, что действительно существует изоморфизм некоторых общих биологических процессов некоторому классу свойств алгоритмов. Установление такого изоморфизма требует дополнительных исследований теоретического и экспериментального характера.

3. Перейдем теперь к обсуждению вопросов, поставленных в работе [9], и к некоторым вытекающим из них биологическим следствиям. Прежде всего следует отметить, что согласно заданию функции $L^j(j=\alpha, \beta)$ в ОС множество \bar{C}_p замкнуто относительно отображения τ и поэтому τ -алгоритм применим к любому слову из \bar{C}_p и только к нему. Это дает ответ на вопрос о том, к каким словам не применим данный алгоритм. Таким образом, если τ -алгоритм задан в алфавите S^p , то он применим к любому слову из множества \bar{C}_p , т. е. к любому конечному слову в алфавите S^p . Быть может, это соответствует тому, что биологическая организация, состоящая из химических элементов, может перерабатывать в самом широком смысле любые возможные соединения из тех же элементов.

Отношения между различными «биологическими свойствами» организма, такими, как ощущение, поглощение пищи, выделение, ассимиляция и т. д., характеризуют организм как целое. Эти отношения, как можно видеть на многих примерах, остаются одними и теми же, т. е. они инвариантны для всех организмов, как бы последние ни различались между собой по своей физико-химической конституции. Нужно отметить еще один важный факт. Соответственные процессы или биологические свойства у высшего организма гораздо более сложны, чем у низшего. Процесс, соответствующий у высшего организма какому-то процессу у низшего, включает намного больше элементарных процессов, чем аналогичный процесс у низшего организма. Значит, природа соответствия между процессами или биологическими свойствами высших и низших организмов такова, что одному элементарному процессу у низшего организма соответствует несколько элементарных процессов у высшего. В математике такое соответствие называется эпиморфизмом. Таким образом, мы находим, что различные организмы эпиморфно отображаются друг на друга. При таком эпиморфном отображении основные отношения, характеризующие организм как целое, сохраняются. В этом заключается сущность принципа биологического эпиморфизма [2], который выражает действительный, хорошо известный факт, настолько известный, что очень легко не заметить его общего значения.

Принцип биологического эпиморфизма ставит вопрос о возможности отображения одного алгоритма на другой. Таким образом, мы можем говорить об эпиморфизме или изоморфизме двух алгоритмов. Сказанное можно проиллюстрировать примером. Определим A -алгоритм следующим образом. Пусть имеется алфавит B , а P_i и Q_i — слова (они могут быть и пустыми Λ) в алфавите B . Положим, что символы (\rightarrow) и (\cdot) не входят в алфавит B . Конечный список формул

$$\left\{ \begin{array}{l} P_1 \rightarrow Q_1 \\ P_2 \rightarrow Q_2 \\ \dots\dots\dots \\ \dots\dots\dots \\ P_n \rightarrow \dots Q_n \end{array} \right. \quad (3)$$

назовем схемой алгоритма, где $P \rightarrow (\cdot) Q$ обозначает любую из формул подстановки $P \rightarrow Q$ (простая) или $P \rightarrow \cdot Q$ (заключительная). Работа А-алгоритма со схемой (3) состоит в следующем. Пусть дано слово G в алфавите B . Берем первую в схеме (3) формулу подстановки $P_1 \rightarrow Q_1$ и вместо первого вхождения P_1 в G подставляем Q_1 . Получаем слово G_1 . Затем процесс повторяем до тех пор, пока слово G_i не будет содержать в качестве подслоа слово P_1 . Тогда переходим ко второй формуле подстановок (3) и так далее. Если же мы придем к тому, что какое-то слово G_i не содержит ни одного вхождения P_i ($i = \overline{1, n}$) или слово G_{i-1} содержало вхождение P_n , то слово G_i называется заключительным и процесс работы А-алгоритма заканчивается. Если описанный процесс не заканчивается, то будем говорить, что А-алгоритм со схемой (3) не применим к слову G .

Теперь можно показать, что τ -алгоритм и А-алгоритм эпиморфны и эквивалентны. Действительно, τ -алгоритм с функцией L^a за один шаг любое слово $x_1 x_2 \dots x_m$ в алфавите S^p перерабатывает, вообще говоря, в слово $x'_0 x'_1 x'_2 \dots x'_m$. Тогда А-алгоритм в алфавите $B = S^p \cup \{a, \bar{0}\}$ со схемой

$$\left\{ \begin{array}{l} \Lambda x_i \longrightarrow \bar{0} x_i, \\ x_i \Lambda \longrightarrow x_i \bar{0}, \\ \bar{0} x_i \longrightarrow \bar{0} a a a x_i \quad (0 x_i \rightarrow 0), \\ \bar{0} x_i \longrightarrow \bar{0} a x'_{i-1} a a x_i \quad (0 x_i \rightarrow x'_{i-1} \neq 0), \\ x_i x_{i+1} \longrightarrow x_i a x'_{i+1} a a x_{i+1}, \\ x_i \bar{0} \longrightarrow a \bar{0} \quad (x_i 0 \rightarrow 0), \\ x_i \bar{0} \longrightarrow x_i a x'_{i+1} a a \bar{0} \quad (x_i 0 \rightarrow x'_{i+1} \neq 0), \\ a a x_i a \longrightarrow \Lambda, \\ a \longrightarrow \Lambda, \\ \bar{0} \longrightarrow \Lambda, \\ \Lambda 0 \longrightarrow \Lambda, \\ 0 \Lambda \longrightarrow \Lambda, \\ \Lambda x_i \longrightarrow \cdot x_i, \end{array} \right.$$

где соотношения в скобках соответствуют соотношениям функции L^a , через некоторое число шагов, зависящих только от величины m , получает из слова $x_1 x_2 \dots x_m$ в алфавите S^p также слово вида $x'_0 x'_1 x'_2 \dots x'_m$. Доказательство этого факта достаточно громоздко и поэтому мы его здесь не приводим.

Из сказанного выше следует, что для одного шага τ -алгоритма необходимо $\lambda(m)$ шагов А-алгоритма, где m есть длина перерабатываемого слова. Более того, алфавит А-алгоритма увеличился (в общем случае) по сравнению с алфавитом τ -алгоритма на две дополнительные буквы ($a, \bar{0} \notin S^p$). Возвращаясь к аналогии одних и тех же процессов у сложных и

престых организмов, можно сказать, что величина $\lambda(m)$ для А-алгоритма (сложный организм) есть коэффициент сжатия аналогичного процесса у τ -алгоритма (простой организм), а дополнительные буквы ($a, 0 \notin S^p$) говорят о том, что процесс в сложном организме проходит на более высоком уровне сложности, чем аналогичный процесс в простом организме. В принципе такой вывод может быть проверен эмпирически путем изучения соответствующих процессов.

Будем говорить, что два алгоритма С и D эквивалентны, если всякий раз, когда алгоритм С перерабатывает слово G в алфавите S^p в слово G' в алфавите S^p , алгоритм D делает то же самое. Из сказанного выше следует, что τ -алгоритмы и А-алгоритмы не только эквивалентны, но и изоморфны, т. е. их можно отобразить друг на друга с сохранением порядка шагов. Подобным образом τ -алгоритмы и ВВ-алгоритмы [14] эквивалентны и изоморфны. Это дает в случае алгоритмов ответ на вопрос Н. Рашевского о том, могут ли быть два эквивалентных процесса изоморфными.

Следует отметить, что такие алгоритмы как L-системы [18] являются более общими, чем ВВ-алгоритмы, и использовались уже ранее рядом авторов для описания некоторых процессов развивающихся биологических систем. Краткий обзор этих результатов и довольно подробная библиография содержатся в работах А. Линденмайера и Г. Розенберга [18, 20]. Ряд интересных результатов по подобным алгоритмам (фигурным функциям) получен Е. С. Щербаковым*. Более того, если вышеприведенные алгоритмы представляют в основном одномерные системы, то результаты Е. Щербакова охватывают и случаи высших размерностей.

В работе [15] Р. Розен показал, что понятие о самокопирующейся системе приводит к логическому парадоксу. Он указал, что модели самокопирования состоят не только из систем копирования, но и из специфического окружения. Нечто подобное имеет место и в теории алгоритмов. Например, алгоритм Маркова, заданный в алфавите A , не может удваивать произвольное конечное слово в этом же алфавите, т. е. он может удваивать только специальные классы слов в алфавите A . Это соответствует тому известному факту, что только очень специфические биологические структуры способны удваиваться под действием определенных химических законов. По всей вероятности, подобный факт имеет место и для τ -алгоритмов. Так, например, τ -алгоритм с функцией L^a [12], заданной в алфавите $\{0, 1, 2\}$ соотношениями

00 \rightarrow 0	10 \rightarrow 2	20 \rightarrow 2
01 \rightarrow 1	11 \rightarrow 0	21 \rightarrow 1
02 \rightarrow 2	12 \rightarrow 1	22 \rightarrow 0,

имеет все слова вида $x_1 x_2 \dots x_{m-1} 1$; $x_i \in S^p$ ($i = \overline{1, m-1}$), $x_1 \neq 0$ в качестве неконструируемой КФ первого рода (НКФ-1) [12]. Тогда как все

слова вида $\underbrace{22 \dots 2}_l$ ($l = 1, 2, 4, 6, \dots$) являются для τ -алгоритма самоудваивающимися. Более того, для нашего τ -алгоритма самоудваивающиеся слова могут иметь вид только $2x_1 \dots x_{m-1} 2$ ($x_i \in \{0, 2\}$; $i = \overline{1, m-1}$; $m = 2k$; $k \in \overline{0, 1, 2, \dots}$). Вообще говоря, для τ -алгоритма с функцией L^a , удовлетворяющей соотношениям

$$L(x, 0) = L(0, x) = x \quad L(x, x) = 0, \quad x \in S^p \setminus 0,$$

любое слово $x \underbrace{x \dots x}_l$ является самоудваивающимся.

* Частное сообщение Е. С. Щербакова.

Нами были предприняты многочисленные попытки обнаружения такого алгоритма переработки слов в алфавите A , который мог бы удваивать любое конечное слово в алфавите $A = \{a_1, \dots, a_m\}$. Однако наилучший результат, который нам удалось получить, состоит в следующем: существует алгоритм весьма общего типа, который задан в алфавите $B = A \cup \{a\}$ ($a \notin A$) и удваивает любое слово в алфавите A . Приведем этот алгоритм (G-алгоритм). Он состоит из конечного списка формул вида

$$\beta x_i \xrightarrow{a} (\cdot)c,$$

которые имеют следующий смысл: вместо первого вхождения буквы β в слово в зависимости от соседней с ней правой буквы (x_i) записывается слово v и к правому концу слова приписывается слово c (v, c — слова в алфавите B). Порядок же применения формул в G-алгоритме соответствует A-алгоритму. Тогда G-алгоритм будет удваивать каждое слово в алфавите A , если его задать следующим списком формул:

$$\left\{ \begin{array}{l} \Lambda x_i \xrightarrow{a} \Lambda \quad (x_i \neq a), \\ x_i x_{i+1} \xrightarrow{x_i a} \Lambda \quad (x_{i+1} \neq a), \\ x_i \Lambda \xrightarrow{x_i} \Lambda \\ a x_i \xrightarrow{\Lambda} x_i, \\ \Lambda x_i \xrightarrow{\Lambda} \cdot \Lambda \quad (x_i \neq a); \quad (i = \overline{1, m}). \end{array} \right.$$

Рассмотрение подобных примеров привело нас к довольно общему предположению, которое мы сформулируем после некоторых определений.

Произведением (P) над словом γ в алфавите A будем называть правило, точно устанавливающее, как расчленять слово γ и перестраивать его части (возможно, удаляя при этом некоторые части и вставляя другие, не выходя за рамки алфавита A). Правилom вывода (R) будем называть конечный список произведений P_1, P_2, \dots, P_k вместе с порядком их применения к любому слову γ в алфавите A . Тогда Σ_A^R будем называть формальной системой в алфавите A с правилom вывода R . Сказанное выше теперь можно резюмировать в следующем предположении:

Не существует системы Σ_A^R , которая могла бы удваивать любое конечное слово в алфавите A .

Доказательство этого предположения представляется нам довольно трудным. С этой точки зрения результаты об ограничениях алгоритмов можно было бы преобразовать в законы о невозможности определенных процессов в биологическом мире.

В качестве второго примера неразрешимости можно указать на проблему «французского флага» (ПФФ) [16, 12], являющуюся формализацией проблемы образования и регенерации осевой биологической структуры. Как показано нами в работе [12], не существует τ -алгоритма, который мог бы решать ПФФ при условии, что клетки получают информацию от своих непосредственных соседей только об их внутренних

состояниях. Таким образом, τ -алгоритм, который должен разбивать (определенным образом) произвольные цепочки клеток по их внутренним состояниям, не может опираться только на алфавит этих внутренних состояний. Эта же проблема, по всей вероятности, не имеет решения и в случае произвольной формальной системы Σ_A^R , для которой она формулируется следующим образом: можно ли произвольное слово длиной $p \geq m$ в алфавите $A = \{a_1, \dots, a_m\}$ привести к виду

$$\underbrace{a_1 \dots a_1}_{d_1} \underbrace{a_2 \dots a_2}_{d_2} \dots \underbrace{a_m \dots a_m}_{d_m}$$

$$(\forall i), (\forall j) (|d_i - d_j| \leq 1).$$

Однако эта проблема решается положительно введением вспомогательных символов. При этом можно получить решение, при котором отдельная клетка не обладает свойством полярности, что представляет определенный интерес с биологической точки зрения. Из-за громоздкости мы не приводим здесь это решение.

Для системного подхода к биологическому самовоспроизведению представляют интерес такие алгоритмы, в которых требуется присутствие других слов для того, чтобы удвоить данное слово. В качестве примера можно привести τ -алгоритм с функцией L^3 в алфавите $\hat{S}^p = S^p \cup \bar{S}^p \cup \{a^x_i\} \cup \{a, b, c, d, g, f\}$ ($i = \overline{1, p}$). Для такого алгоритма ни одно слово вида $x_1 x_2 \dots x_{m-1} x_m$ ($x_1, x_m \neq 0$; $x_i \in S^p$ ($i = \overline{2, m-1}$)) не удваивается, но оно удваивается, если ему придать вид $g a x_1 x_2 \dots x_{m-1} x_m \theta$. Мы получили таким образом τ -алгоритм, который действует на систему слов. Этот алгоритм не удваивает никакое отдельное слово системы, но удваивает любое слово системы в присутствии других слов. Нам представляется необходимым исследование целого ряда подобных алгоритмов с целью выявления их характерных черт, если таковые существуют.

4. Однако при интерпретации результатов теории алгоритмов встречаются и свои трудности. Рассмотрим одну из них (о ней упоминает и Н. Рашевский, но, на наш взгляд, не придает ей достаточного значения). Когда удваивается биологическая система, то каждая «дочерняя система» или продолжает удваиваться, или нет совершенно независимо одна от другой. Тогда как два «дочерних слова» aa соответствующим алгоритмом удваиваются не независимо, а как единое слово. Несмотря на целый ряд попыток нам не удалось пока обнаружить сколько-нибудь интересного алгоритма, удовлетворяющего такому биологическому факту. По-видимому, здесь требуются дополнительные исследования.

Наконец, нам хотелось бы сделать следующее замечание. Если существует изоморфизм между некоторыми биологическими процессами и алгоритмами, тогда каждому элементарному шагу биологического процесса соответствуют некоторые элементарные шаги алгоритма даже при условии, что мы не знаем этих элементарных шагов хотя бы в одном из упомянутых процессов. Более того, один и тот же процесс для организмов с разной степенью организации может описываться разными, но эквивалентными или даже скорее изоморфными алгоритмами. Один из таких примеров был нами рассмотрен выше.

Поэтому на современном этапе исследований имеет смысл не ограничиваться только каким-то одним классом алгоритмов, а заняться выяснением возможности изоморфизма ряда биологических процессов

формальным системам в том общем смысле, как мы их определили выше. Ближайшей попыткой в этом направлении может явиться, на наш взгляд, перевод интересных результатов Р. Розена [6-8, 17] на язык формальных систем. С другой стороны, необходима дальнейшая разработка самой теории однородных структур (особенно ряда основных ее понятий [19]), которая имеет целый ряд нерешенных проблем, представляющих интерес для биологических интерпретаций и моделирования. Так, в настоящее время нами готовится работа по формальным языкам, представляемым однородными структурами.

5. В дополнение рассмотрим ряд вопросов, поднятых нами в работе [12], где можно найти также разъяснение используемых здесь обозначений и понятий. Прежде всего дадим оценку минимальному блоку, содержащему НКФ-1 или НКФ, в ОС $\langle Z^1, S^p, L_{(m)}^v \rangle$. В этом направлении действительно предложено:

Если ОС $\langle Z^1, S^p, L_{(m)}^v \rangle$ имеет НКФ (НКФ-1) или НКФ-1 на блоках минимального размера a , то для a имеет место следующая оценка: $a \leq 2^{p^{m-1}}$.

Из данного предложения следует алгоритмическая разрешимость проблемы существования в ОС $\langle Z^1, S^p, L_{(m)}^v \rangle$ как НКФ-1, так и НКФ (НКФ-1).

В [12] мы поставили вопрос о получении критерия существования в ОС НКФ-1. Здесь мы сформулируем одно предположение относительно случая ОС $\langle Z^1, S^p, L_{(2)}^v \rangle$. Пусть имеется ОС $\langle Z^1, S^p, L_{(2)}^v \rangle$. Через X_{a/y_1}^1 обозначим множество всех решений $\langle y_1 \rangle$ уравнения $L_{(2)}^v(a, y_1) = 0$ ($a, y_1 \in S^p$) при фиксированном множестве значений a . Через $X_{a/y_1, y_2}^2$ обозначим множество всех решений $\langle y_1, y_2 \rangle$ системы уравнений

$$\begin{cases} L_{(2)}^v(a, y_1) = 0, \\ L_{(2)}^v(y_1, y_2) = 0; \end{cases} \quad a, y_1, y_2 \in S^p.$$

Положим при этом, что $X_{a/y_1, y_2}^2 = X_{a/y_1}^1 \times X_{y_1/y_2}^1$. Множеством ненулевых решений системы будем называть множество $X_{a/y_1, y_2}^2$, которое не имеет элементов $\langle y_1, y_2 \rangle$ с нулевыми компонентами. Аналогично рассматривается и случай n уравнений. При сделанных замечаниях может быть показано следующее предположение:

Для того, чтобы ОС $\langle Z^1, S^p, L_{(2)}^v \rangle$ обладала НКФ-1 необходимо и достаточно, чтобы $\exists a \in S^p \setminus 0$ такое, что система уравнений

$$\begin{cases} L_{(2)}^v(a, y_1) = 0, & a, y_i \in S^p (i = \overline{1, i+1}; i = \overline{1, k-1}), \\ L_{(2)}^v(y_i, y_{i+1}) = 0, & k \in \{1, \dots, k-1\}, \end{cases}$$

имела множество $X_{a/y_1, \dots, y_k}^k$ только ненулевых решений.

Необходимость предположения доказывается довольно легко.

В заключение статьи пользуемся случаем выразить глубокую благодарность старшему научному сотруднику факультета прикладной математики и процессов управления ЛГУ Е. С. Щербакову за ряд высказанных замечаний и предложений.

ЛИТЕРАТУРА

1. Beament J., ed., Models and Analogues in Biology, Symp. Soc. Exptl Biol., **14**, (1960).
2. Rashevsky N., Bull. Math. Biophys., **16** (1954).
3. Rashevsky N., Bull. Math. Biophys., **17** (1955).
4. Rashevsky N., Bull. Math. Biophys., **18** (1956).
5. Rashevsky N., Bull. Math. Biophys., **21** (1959).
6. Rosen R., Bull. Math. Biophys., **20** (1958).
7. Rosen R., Bull. Math. Biophys., **23** (1961).
8. Rosen R., Bull. Math. Biophys., **24** (1962).
9. Rashevsky N., Ann. N. Y. Acad. Sci., **96** (1962).
10. Amoroso S., Lieblein E., Yamada H., A Theory of Iterative Machine Arrays with Some Applications, Technical Report ECOM-3193, Fort Monmouth, N. J. (1969).
11. Smith A. R., Cellular Automata Theory, Technical Report No. 2, Stanford Univ., 1970.
12. Аладьев В. Э., К теории однородных структур, Таллин, 1972.
13. Ostrand T. J., Property Preservation by Tessellation Automata, DCS Technical Report No. 17, Rutgers Univ., 1972.
14. Корнев Ю., Пискунов С., Сергеев С., В сб.: Управление и информационные процессы в живой природе. М., 1971.
15. Minnick R. C., A Survey of Microcellular Research, JACM, **14**, No. 2 (1967).
16. Wolpert L., In: Towards a Theoretical Biology, **1**, Prolegomena, Aldine Publishing Company, Birmingham, 1968.
17. Rosen R., Bull. Math. Biophys., **21** (1959).
18. Lindenmayer A., Cellular Automata, Formal Languages and Developmental Systems, IV Intern. Congress for Logic, Methodology and Philosophy of Science, Bucharest, 1971.
19. Aladyev A., Some Questions Concerning the Nonconstructibility and Computability in Homogeneous Structures, Изв. АН ЭССР, Физ. Матем., **22** (в печати).
20. Lindenmayer A., Rozenberg G., Developmental Systems and Languages, IV Annual ACM Symp. on Theory of Computing, Denver, 1972.

*Институт экспериментальной биологии
Академии наук Эстонской ССР*

Поступила в редакцию
26/VI 1972

VIKTOR ALADJEV

**MÕNINGATEST MATEMAATILISE BIOLOOGIA ALGORITMILISTEST
PROBLEEMIDEST**

Resüme

Uurimuses käsitletakse ühedimensiooniliste homogeensete struktuuride (τ -algoritmide) ja formaalsete süsteemide kasutamist mõningate bioloogiliste protsesside kirjeldamiseks. Arutletakse ka mõningaid autori monograafias [12] tõstatatud probleeme.

*Eesti NSV Teaduste Akadeemia
Ekspérimentaalbioloogia Instituut*

Toimetusse saabunud
26. VI 1972

VIKTOR ALADYEV

SOME ALGORITHMIC PROBLEMS OF MATHEMATICAL BIOLOGY

Summary

In this paper application of one-dimensional homogeneous structures (τ -algorithms) and formal systems for describing some biological processes is discussed. Lastly, some problems raised in the author's monograph [12] are considered.

*Academy of Sciences of the Estonian SSR,
Institute of Experimental Biology*

Received
June 26, 1972