
**Исследование динамики роста популяции микроорганизмов на
основе информационной модели клеточного цикла**

Арзамасцев А.А., Карпенков А.В.

*Тамбовский государственный университет им. Г.Р. Державина,
ул. Интернациональная 33, Тамбов, 392000, Россия
e-mail: arz_sci@mail.ru, liolik@mail333.com*

Предложена имитационная модель роста популяции микроорганизмов, базой для построения которой являются фазы клеточного цикла биообъектов, их временные характеристики и длительность, а так же зависимость этих параметров от внешних и внутренних условий (температура, кислотность среды). Ввиду того, что каждый объект в популяции имеет различные характеристики клеточного цикла, определяемые их распределениями, данная модель представляет собой совокупность компьютерных объектов, являющихся аналогами реальных.

Задача разработки стохастических математических моделей роста биологических популяций составляет важное направление исследований. Такие математические модели являются более физичными (адекватными) реальным объектам по своей сути, т.к. они обладают важным для анализа данных свойством - определенной невозпроизводимостью результатов, т.е. как и в реальном объекте результаты вычислительных экспериментов являются различными, даже если начальные условия такого эксперимента идентичны.

При таком подходе каждая особь биологической популяции моделируется отдельным объектом, наделенным только ему присущими свойствами (так, как это имеет место в реальной популяции). Макрокинетические характеристики популяции при этом получаются в результате суммирования или усреднения индивидуальных характеристик объектов.

В работе построены две объектно-ориентированные стохастические математические модели роста биологических популяций – прокариотических и эукариотических микроорганизмов.

Проведено объяснение с помощью моделей таких феноменов, как различный характер кинетики роста асинхронных и синхронизированных популяций, разработаны методы оценки количества микроорганизмов, находящихся в каждой из фаз клеточного цикла, изучено влияние распределения микроорганизмов по фазам клеточного цикла в популяции на ход кинетических кривых.

Идентификация распределения клеток микроорганизмов в популяции по фазам клеточного цикла является важной проблемой в областях биомедицины и биотехнологии, т.к. от этого параметра в значительной степени зависит макрокинетика роста популяции микроорганизмов или клеток, потребления

субстратов и выработки метаболитов, а также синхронизация роста клеток. Поскольку кинетика роста популяций микроорганизмов и клеток является важнейшим показателем, используемым во многих экспериментальных методиках и тестах в медицинских и биотехнологических исследованиях, а также при проектировании биотехнологической аппаратуры, то решение указанной проблемы является крайне актуальной для интеллектуализации в биомедицинских и биофизических исследованиях.

Мы предлагаем осуществлять идентификацию распределения микроорганизмов (клеток) в популяции по фазам клеточного цикла путем сравнения кинетических кривых, полученных в эксперименте и с помощью специально разработанной объектно-ориентированной стохастической математической модели. При этом минимизируют различия между экспериментально наблюдаемой кинетикой роста популяции и кинетикой роста, получаемой с помощью математической модели (оптимальный модельный расчет). Вывод о структуре фазовой гетерогенности популяции получают как начальное условие оптимального расчета по математической модели.

Предлагаемая методика базируется на ранее установленных нами фактах о существенной зависимости характера кинетики роста популяции микроорганизмов от распределения клеток по фазам клеточного цикла в начальный момент времени.