

Инвариантное моделирование систем

Приводится инвариантная аксиоматика систем на основе генетического и пептидного аппарата моделирования эволюционных процессов.

“Наверное, вы не раз задумывались над поразительным отличием систем, существующих в природе, от тех, что созданы человеком. Для первых характерны устойчивость относительно внешних воздействий, самообновляемость, возможность к самоусложнению, росту, развитию, согласованность всех составных частей. Для вторых — резкое ухудшение функционирования даже при сравнительно небольшом изменении внешних воздействий или ошибках в управлении. Сам собой напрашивается вывод: нужно позаимствовать опыт построения организации, накопленный природой, и использовать его в нашей деятельности” [6].

В наши дни существует множество теорий, пытающихся подвести общий фундамент под различные процессы, происходящие в Природе. Необходимо ввести определяющее понятие системы, выделить основные системные принципы.

Определим систему как совокупность элементов: объектов и процессов, реализующихся во взаимосвязи и взаимодействиях, обладающих организацией и функциональной целостностью. Определяющую роль в образовании структуры системы играет ее идея, ее организующее начало. Система может существовать только благодаря протекающим процессам, как в ней самой, так и в ее связи с окружающей средой. Выделим основные инвариантные принципы: **Взаимодействие, Организация и Процесс.**

Невозможно отрицать, что в основе всех процессов лежит принцип **Взаимодействия**. Взаимодействие прослеживается на всех уровнях Мироздания, является вечной сущностью Природы, свойственной ей в прошлом, настоящем и будет определять ее в будущем. Взаимодействие объединяет в единое целое области неорганического, органического и социального развития. Взаимодействовать могут два элемента (в пределе) через прямую и обратную связь. Обратная связь выступает сознательным свойством всей природы. Сознание свидетельствует о ее творческой сущности, обеспечивающей самоорганизацию и мутацию, выступающих целью глобальной эволюции, отражающих соответственно существование и развитие Вселенной [14].

Слово *Организация* получено из греческого термина *organon*, что означает *прибор*, и ссылается на функциональную роль, которую отдельный компонент играет в строении целого. Понятие “организация” выделяет отношения, определяющие систему как целостность, и, таким образом, определяющие ее свойства. В данном определении нет ссылок на характер компонентов. Единственное ограничение — они должны удовлетворять выделенным отношениям.

Поэтому, две системы имеют одну и ту же Организацию, если отношения, их определяющие как

целостности — неизменны, независимо от того, как эти отношения получены. Две системы, с аналогичной организацией, могут иметь различные структуры. Эквивалентность систем сохраняется при измененной и единой Организации. Если организация системы терпит изменения, то и определение системы изменяется. Система становится определено другой, новой целостностью с новыми свойствами. В этом отличие понятия Организации от понятия Структуры системы, подчеркивающего как отношения между частями, так и сами части системы, образующие целостность.

Остался *Процесс*. Этот принцип призван лечь в основу определения динамики, изменения, развития, эволюции и прочих синонимичных движению понятий. Процесс — организация существования материи. Необходимо учесть, что часто принято разделять процесс на различные составляющие: метаболизм и эволюция, например. Задача же заключается в целостном восприятии систем. Основные принципы в своей взаимосвязи раскрывают явление системности с разных сторон — динамической, структурной, функциональной.

МОДЕЛЬ ИММУННОЙ СИСТЕМЫ

Базовые принципы должны пронизывать всю модель, наполнять каждый ее закон, каждый уровень, входить в нее со всех точек избранным триединством: Взаимодействие, Образец, Процесс.

Объектом моделирования является иммунная система животных и человека. Она представляет собой важное звено в сложном механизме адаптации организма, а ее действие в первую очередь направлено на сохранение гомеостаза, баланса. Иммунная система обнаружена в живых организмах, начиная с хрящевых, хотя ее аналоги — явления восстановления структуры, внутренних параметров можно узнать и в неживой природе.

Иммунную систему называют “вторым мозгом”, или иммунологической. Ее функции — борьба с болезнетворными микроорганизмами и контроль над генетическим постоянством клеток организма. Иммунная система способна не только запоминать, но и генерировать, обучаться, программировать. При этом иммунная система определяет громадное количество возможных молекулярных форм в контексте собственного прошлого. Выработаны стратегии, избавляющие от хранения в генах тривиальных кодов потенциальных “врагов”. Работают именно механизмы синтеза из более простых вариантов — более сложных.

Инструменты иммунной системы еще только начинают познаваться. Некоторые исследователи

считают, что модели мозга эволюционировали из механизмов клеточного узнавания. Тогда, иммунная система — один из видов биологической памяти: генетической, иммунологической и обычной — функции мозга.

Поставим задачу смоделировать иммунную систему животных и человека, используя инвариантную методологию. Цель моделирования заключается в построении самоорганизующейся, развивающейся системы, способной к генерации ответов на максимально произвольные воздействия внешней, по отношению к ней, среды. Это позволит создать универсальное средство прогноза, поддержки принятия управленческих решений, анализа текущих ситуаций.

Опишем грамматику метаязыка модели. Вот ее правила:

Иммунная система=сеть Органелл, взаимодействующая при помощи Связующих пептидов

**Органелла=сеть Пептидов+сеть Генома
Связующие пептиды=Пептиды сигнального типа**

Метаболизм=сеть взаимодействующих Пептидов функционального типа

Геном=сеть Пептидов геномного типа

Терминальный элемент модели — пептид. Модель системы, в общем виде, представляет собой популяцию пептидов, взаимодействующих друг с другом, организующихся и участвующих в процессах согласно инвариантам. Пептид вступает в контакт с другими белковыми единицами, образует полипептидные соединения, характеризующиеся степенью устойчивости.

Популяция пептидов способна к размножению: пептиды определенного типа, более устойчивые, разрушают более слабых, остатки которых снова начинают взаимодействовать, образуя новые полипептиды. Единственное, что мешает этой схеме — нестабильность, вернее незащитность от проявлений внешней среды. Необходимо создать внутреннюю стабилизирующую структуру, более устойчивую к воздействиям внешней среды, чем пептиды, дающую возможность восстановления жизнеспособности при небольших повреждениях, хранящую информацию о пептидах, дающую возможность размножения, т. е. возможность копирования этой информации. Такой структурой является геномная подсеть.

Следующие по уровню внутримодельной иерархии — органеллы. Это аналог клетки, имеющий две важнейшие характеристики — метаболизм и геном. Под метаболизмом понимается не обмен веществ, а состояние органеллы, складывающееся из того пептидного набора, который с ней ассоциирован. Часть пептидов органеллы образует аналог мембраны, с тем, чтобы стать своего рода интерфейсом при взаимодействии с другими органеллами и с внешней средой. Геном определяет долгосрочную память клетки.

Работа модели: на вход подаются преобразованные в сигнальные пептиды воздействия. На основе узнавания — показателя изменения внутренней энергии пептидной сети органеллы при контакте с сигнальным пептидом — генерируется отклик органеллы. Либо это поглощение сигнала, либо это переход в возбужденное состояние с распространением сигнальных пептидов и повышением соб-

ственной мутабельности и внутреннего производства пептидов. В случае узнавания, органелла также распространяет сигналы, снижающие активность других клеткообразных образований, что ведет к росту внутренней дифференциации в модели. Итог воздействия — переустройство модели, изменения в генокоде, нацеленные на уменьшение общего значения свободной, не затраченной на взаимодействия энергии пептидной сети. Так происходит обучение, самоорганизация и адаптация модели.

МОДЕЛЬ ПЕПТИДНЫХ ВЗАИМОДЕЙСТВИЙ

Выберем инвариант модели — Взаимодействие. Для этого определим пептид, как молекулярное образование, состоящее из простейших пептидов, — аналогов аминокислотных остатков. Образовывая цепи, пептиды преобразуются в белки, но будем называть их, для однородности, также пептидами, только сложными.

Методология моделирования пептидных взаимодействий

Предлагается использовать модель формального пептида. Если формальный нейрон — пороговый сумматор с фиксированными связями, то базовый элемент модели — формальный пептид — обеспечивает самосборку, самоорганизацию своих параметров, плюс свободное связывание с другими элементами, в зависимости от своего и их состояния [12].

Формальный пептид объединяет две основные идеи:

представление реальной пространственной геометрии в алгебре кватернионов

определение функции свободной энергии в виде квадратичной формы от элементов кватернионов.

Формальный пептид задается четверкой, описываемой как результат произведения элементарных кватернионов, соответствующих звеньям пептида. Элементарный кватернион — функция от двух определенных углов разворота — торсионных углов. При этом свободная энергия пептида — сумма взаимных произведений элементов результирующего кватерниона с заданными весовыми коэффициентами.

Результат — внутренние параметры пептида — значения углов разворота. Внешние показатели — значения коэффициентов квадратичной формы. Значения внутренних параметров, при которых достигается глобальный или локальный минимум свободной энергии и становящейся меньше определенного порога — устойчивое состояние пептида. Переходы между устойчивыми состояниями, в зависимости от внешних воздействий, соответствуют запоминанию и воспроизведению информации формальным пептидом.

Свободная энергия взаимодействия пептидов определяется как билинейная форма от элементов, соответствующих им кватернионов. В результате взаимодействия происходит связывание, если взаимная энергия меньше определенного уровня. В противном случае — пептиды не связываются.

При этом, в результате связывания могут изменяться внешние параметры взаимодействующих пептидов, и, следовательно, могут меняться их

устойчивые состояния. Именно подобные свойства формального пептида позволяют на его основе моделировать сети пептидных реакций, в том числе и иммунные сети, способные к обучению.

Типы пептидов в модели: Пептиды генома образуют подсеть в органелле и несут информацию о полипептидных цепочках, участвуют в синтезе других пептидов. Это аналоги ДНК, функциональных ферментов, участвующие в сборке новых пептидов. Они обеспечивают иммунный ответ на незнакомые воздействия, максимальную адаптивность иммунной системы в целом, ее эволюционирование.

Сигнальные или регуляторные пептиды выполняют задачу передачи информации между отдельными органеллами модели иммунной системы и обеспечивают связь между геномной частью и метаболической. Сигнальные пептиды передают в геномный аппарат информацию об устойчивых изменениях в метаболизме, где и запоминаются, посредством изменений в геноме.

Функциональные пептиды образуют сложную сеть, готовую дать первичный ответ на внешние воздействия, осуществляют функцию краткосрочного анализа. В иммунной клетке постоянно идет изменение состава пептидов, их концентраций и, следовательно, их соотношений. Влияния извне постоянно подавляются за счет устойчивых механизмов противодействия, построенных на системе коротких обратных связей. Отдельный подтип выделяется из функционального — пептиды — мембранного типа, служащего для “фильтрации” сообщений поступающих как извне, так и внутрисистемно.

ОРГАНИЗАЦИЯ В МОДЕЛИ

В качестве образца организации предлагается выбрать Сеть. Это не случайно, поскольку само понятие Жизнь ассоциируется с сетью, сложными переплетениями паутины взаимодействий. Сеть, как форма, присуща не только экосообществам, но и любому элементу таких семейств. Каждый организм — сеть органов, клеток, различных компонентов; и каждая клетка — сеть меньших компонентов. Следовательно, уместно говорить о сетях сетей.

Что такое сеть и что мы можем сказать относительно сетей? Первое — нелинейность, отношения в сетевом варианте организации — нелинейные отношения. Вследствие нелинейности, взаимодействие, интеракция может перемещаться по циклу и возвращаться к источнику. Поскольку существуют циклы, то имеются и замкнутые контуры; и эти контуры — контуры обратной связи. Следовательно, сама концепция обратной связи, ядро кибернетики, глубоко связана с сетевой организацией. Говоря о наличии обратной связи, можно говорить о саморегулировании, и не только о саморегулировании, но и о самоорганизации. Действительно, сеть способна регулировать себя, поскольку она может учиться на своих ошибках и результирующие сигналы этих ошибок возвратятся по циклам обратной связи к источнику.

Сетевая система может организовывать себя и обучаться. Не требуется внешнего вмешательства, чтобы направлять развитие системы. Сетевое сообщество имеет собственный интеллект, способность

к обучению. Развитие и обучение — суть самой сущности жизни, возникшие вследствие этого сетевого образца. Форма жизни — сеть, и потому что жизнь — сеть, жизнь организует себя.

Взаимодействуя, пептиды в органеллах образуют сеть. Сеть образуют также и органеллы в рамках всей модели иммунной системы. Взаимодействия между органеллами происходят в двух случаях: в случае размножения — по правилам генетических алгоритмов — обмениваются генетической информацией, в случае “физиологического” взаимодействия обмениваются сигнальными взаимодействиями — аналогами нейропептидов. Из сетей взаимодействий складываются сети процессов, определяющих систему. В сеть образованы следующие группы процессов модели: процессы воспроизводства, обмена сигналами, метаболизма.

СЕТЕВАЯ ОРГАНИЗАЦИЯ ГЕНЕТИЧЕСКОГО АППАРАТА И ДНК

Известно, что генетическая информация, в том числе и иммунная, заключена преимущественно в хромосомах, где она зашифрована в связанных молекулах дезоксирибонуклеиновой кислоты, несущих генетический код.

Существует несколько способов моделирования генетического аппарата и генокода иммунной клетки, в той или иной степени соответствующих природным аналогам. Последовательная модель — при ее использовании генетический код представляет собой набор пептидных кодов, записанных последовательно. Разделителями служат идентифицирующие маркеры — стартовый и стоповый. Возможно даже отсутствие подобных маркеров, если хромосомы и гены имеют фиксированную длину.

Кластерная организация генома появилась на ранних этапах эволюции живой природы, когда гены иммунных пептидов, иммуноглобулина, например, были организованы в виде повторяющихся кластеров генных сегментов. При подобной организации разнообразие продуцируемых белков основывалось, прежде всего, на количестве имевшихся в геноме кластеров, каждый из которых кодировал один вариант полипептидных субъединиц.

В ходе дальнейшей эволюции произошел переход от кластерной к сегментарной организации, обеспечивающей дополнительный источник разнообразия за счет комбинативной рекомбинации генных сегментов. Предполагается, что этот переход также имел важное значение для регуляции экспрессии генов и осуществления механизмов клонального отбора антителопродуцирующих клеток в ходе иммунного ответа.

Скорее, основная функция ДНК — не кодирование конкретных последовательностей аминокислот, а правильная организация “переключателей” — механизмов, направляющих ход развития организма, ход репликации конкретного РНК в процессе жизнедеятельности. Таким образом, снимается с рассмотрения способ построения ДНК как некоего линейного записывающего устройства. Включив в генетический аппарат управляющие и саморегулирующие сегменты, возможно представить ДНК как активную полипептидную сеть, несущую в себе отрывки кодов, из которых можно собрать огромное число полинуклеотидов.

Гиперсложная сеть взаимодействий, которую образует весь генетический аппарат, не может быть смоделирована сразу, без некоторых обобщений. Предлагается понимать весь генетический аппарат как сеть процессов: репликации, настройки, в принципе подверженных влиянию извне, и процесса метаболизма, поддерживающего состав генетического аппарата.

Все процессы генетического аппарата, в свою очередь, являются сложными сетевыми образованиями. Погружаясь в них, мы встретим тот функциональный элемент, который является аналогом гена. Эти элементы образуют полипептидную цепь ДНК и называются кодонами. Кодоны представляют собой пептидные соединения, содержащие обязательные части, — стартовый и стоповый пептиды, промотеры, функциональные и кодовые последовательности и некодирующие участки.

Функции стартового и стопового пептида — регулировка процессов считывания пептидного кода, хранимого в виде последовательности коротких пептидов, состоящих из элементарных оснований, — кодирующих последовательностей. Причем, сила взаимодействия внутри кодирующего участка должна быть достаточно большой.

Пептиды-промоторы определяют степень активности того или иного кодона, взаимодействуя опосредованно с регулируемыми пептидами. Таким образом, они потенциально могут блокировать синтез определенных пептидов, препятствуя или способствуя их репликации.

Функциональные пептиды внутри ДНК могут играть важную роль при воздействии промотера. Взаимодействуя с сигнальными пептидами, они изменяют состояния связанных с ними промотеров. Другая особенность функциональных пептидов — влияние на ход синтеза новых аналогов белков.

Кодоны хранятся в структуре ДНК по аналогии сегментной модели. Данная модель отличается наибольшей вариабельностью и соответствует самым последним исследованиям в области иммунологии. Сегменты, порой дублирующие друг друга, но находящиеся в разных состояниях, образуют сеть, которая определяет и определяется процессами.

ПРОЦЕССЫ МОДЕЛИ

Заглавную роль отведем процессам эволюции. Все сопутствующие процессу эволюции аспекты самоорганизующихся систем объединяются в два дополняющих класса. Один из них, упоминающийся как самосохранение, включает процессы самообновления, регенерации, гомеостаза и адаптации. Другой, дополняющий, включает самопреобразование и самотрансцендентность — явление, которое выражает себя в процессах обучения, развития и эволюции. Творческое начало, одновременно ведущее к упорядоченному разворачиванию сложности, кажется фундаментальным свойством жизни, основной характеристикой.

Необходимо использовать два теоретических направления. Первое — множество теорий: неodarвинизма, мутаций, структуры ДНК, механизмов воспроизводства и наследственности. Второе не может зависеть от генетических механизмов, но обязано раскрыть основу динамики эволюции, чья центральная характеристика — не адаптация, но творческий потенциал. Классическая теория рассматривает развитие как переход к равновесному

состоянию организмов, непосредственно адаптирующихся к объемлющей среде. Новый вид систем развивается в состоянии, далеком от равновесия, и разворачивает сложность своей структуры через процессинг адаптации и воссоздания. Кроме того, теория систем принимает во внимание, что среда или объемлющая система, также способная к адаптации и развитию. Таким образом, фокус рассмотрения сдвигается от развития организма к коэволюции среды совместно с организмом.

Случай и необходимость выступают одновременно и действуют как дополнительные принципы. Непредсказуемы в целом пути дальнейшего развития. У нестабильной системы имеются, по крайней мере, две новых возможных структуры, в которых она может воплотиться.

Можно сказать, что развитие во многом открыто. В общем, нет никакой цели процесса развития, можно выделить лишь легко узнаваемый “образец” развития. Однако общий “образец” развития может быть общепризнан и постижим. Его характеристики включают прогрессивное увеличение сложности, координации и взаимозависимости; интегрирование элементов в многоуровневые системы; непрерывное усовершенствование некоторых функций и образцов поведения.

Предлагается использовать в качестве образца, формы организации развития и других процессов модели также сеть. В этой сети можно логически выделить несколько подсетей, охватывающих разнофункциональные группы процессов:

процессы размножения, развития, эволюционирования;

процессы поддержания жизни и стабильности, метаболизма и гомеостаза;

сигнальные и обменные процессы.

Каждая группа процессов зависима от другой, каждой соответствуют свои пептидные образования. Именно из сети их взаимодействий и складывается сеть процесса.

Сетевая модель эволюции

Модель иммунной системы постоянно претерпевает изменение состава пептидов, их концентраций и их соотношений. Влияния извне, дестабилизирующие систему, постоянно сглаживаются за счет устойчивых механизмов противодействия, построенных на системе обратных связей. Но изменения в концентрации, составе, а также структуре пептидов неизменно происходят. И эти изменения в принципе необратимые. Можно сказать, что это эволюция на пептидном уровне. Параллельно с этим процессом идет процесс изменения и генокода. Этот процесс вторичен по отношению к первому.

Под эволюцией понимаются устойчивые, закрепленные генетически, изменения в структуре системы, структурах ее подсистем. Процесс развития, эволюционирования необходимо интерпретировать как сложную сеть. Его подэлементы, подсети, наследованы из теорий эволюционных и генетических алгоритмов, популяцию для которых образуют органеллы.

Основные процессы, образующие сеть развития, эволюционирования популяции органелл: воспроизводство, мутагенез, оценивание и отбор. Обычно их рассматривают в цикле, однако, возможно пересмотреть стандарты эволюционных

алгоритмов и составить из четырех основных под-процессов более сложную сеть. Например, применять на разных этапах процесс мутации.

Генетический алгоритм отличается от других эволюционных алгоритмов использованием репрезентации, перехода от фенотипа к символической модели — генотипу. В данном случае символической моделью является сетевая интерпретация генетического аппарата органеллы, точнее ее подсеть — сеть аналогов сегментов ДНК. Поэтому термин *генетический алгоритм* не совсем удачен, правильной употреблять словосочетание *эволюционный алгоритм*.

Базовым условием применения эволюционных алгоритмов — это сравнение двух членов популяции на предмет превосходства и способ представления — перехода от генотипа к фенотипу — символической модели. Поскольку символическая модель определяется во многом моделью пептидной, необходимо определить оценочную функцию. Оценочная функция является собой комбинацию различных метрик:

метрика “длительность жизни органеллы” — более взрослые клетки должны иметь меньше шансов на выживание;

метрика “вклад органеллы в дисперсию” всей популяции: чем этот вклад больше, тем влиятельней клетка, тем оригинальней ее генокод, тем более информативна она;

метрика “КПД клетки” — насколько много было “обращений” к органелле, сколь часто в ней не находилось необходимых функциональных пептидов, чтобы обращение “поглотить”;

метрика “энергии органеллы” — ее устойчивость. Можно интерпретировать как суммарную энергию функциональных пептидов в метаболизме органеллы. Чем выше уровень свободной энергии клетки, тем она неустойчивей, нестабильней.

Итоговая оценочная функция — линейная комбинация весовых коэффициентов и отдельных метрик. Причем сам набор весовых коэффициентов можно изменять по ходу функционирования, направляя тем самым развитие всей иммунной системы.

Опишем основные подпроцессы процесса эволюции.

Выбор пары для скрещивания

В функционировании иммунной системы особенно важно учесть особенность разнообразия потенциальных ситуаций, которые должны распознаваться. Поэтому при выборе родительской пары предлагается использовать методы, сохраняющие разнообразие популяции. Например, чередование двух известных операторов: оператора типа “панмиксии” и “аутбридинга”. При панмиксии родительская пара формируется случайным образом. Несмотря на простоту, такой метод универсален для решения различных классов задач. Его универсальность основана на “непредсказуемости” включения особи в брачную пару. Чтобы постоянно поддерживать в популяции генетическое разнообразие, существует другой способ выбора родительских особей. Его принцип основан на скрещивании родителей, обладающих дальним родством. Такой способ называют “аутбридингом”. Для определения “родства” двух особей необходимо ввести

метрику между двумя органеллами. Это может быть линейная комбинация — сумма различий метаболизма и генома. Под различием можно понимать усредненные количественные расхождения в группах пептидов.

Скрещивание. Вообще говоря, скрещивание в естественных условиях вряд ли осуществляется на уровне иммунной системы, и правильной, с точки зрения следования законам природы, этот оператор не использовать. Но его роль — основополагающая, поскольку без скрещивания генетический алгоритм превращается в набросовый. Предлагается модель кроссинговера, основанная на внутренних межсегментных силах взаимодействия, которая определяется как самими сегментами, так и генами-регуляторами. Расхождение хромосомной сети возможно лишь на участках слабой связности. Получаем, фактически, многоточечный направленный кроссинговер.

Мутация. Мутация — возможность внесения изменений. Предпочтение отдается искусственной мутации, вызываемой генами-мутаторами, которые активируются при недостаточности имеющихся в метаболизме органеллы пептидов для отклика. Если использовать двойную спираль ДНК, то в большинстве случаев остается возможность “отремонтировать” генокод в случае неудачной мутации.

Формирование новой популяции. При попытке определить те органеллы, которые должны образовать новую популяцию органелл, встает вопрос: как оценить степень пригодности произведенных потомков, если многие метрики в функции оценки предполагают довольно продолжительный период функционирования.

Предлагается несколько путей решения данной проблемы:

заменить наиболее старые клетки полученными потомками. Действительно, старые клетки в любой системе организма заменяются новыми, тем самым давая еще один инструмент для поддержания метастаза;

заменить наименее пригодные клетки новыми. Органеллы-родители в течение своей жизнедеятельности себя уже “проявили”. Мы можем оценить их приспособленность, следовательно, отобрать наименее приспособленные. Однако этот метод есть видоизмененный “элитизм”, приводящий к быстрой сходимости, уменьшению генетического разнообразия;

комбинация двух упомянутых методов. Для того чтобы снизить вероятность генетического сближения органелл, предлагается использовать указанные методы в некоторой пропорции.

Итак, мы рассмотрели предложенный в работе метод моделирования сложных систем — инвариантный. В его основе лежат базовые инварианты: Взаимодействия, Организация и Процесс. Составляя части единого сложного понятия материя и проявляясь один в другом, эти принципы универсальны и определяют любой логический уровень модели. Для описания модели иммунной системы были выбраны базовые инварианты: пептидные взаимодействия, организация типа сложная сеть и процессы эволюционирования.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Глобальный эволюционизм (философский анализ) / Под ред. Л. В. Фесенковой.— М., 1994.
2. Евин И. А., Яблонский А. И. Модели развития и теория катастроф.— <http://www.odn.ru/>
3. Ерохина Е. А. Теория экономического развития: системно-синергетический подход. <http://eklit.agava.ru/sinergetic/erohina/>
4. Каница С. П., Курдюмов С. П., Малинецкий Г. Г. Синергетика и прогнозы будущего. <http://www.iph.ras.ru/~mifs/kkm/>
5. Князева Е. Н. Сложные системы и нелинейная динамика в природе и обществе.— <http://www.iph.ras.ru/~mifs/rus/kn3.htm>.
6. Курдюмов С., Малинецкий Г., Синергетика — теория самоорганизации.— <http://www.n-t.org/tp/in/sts.htm>. 2000.
7. Мехонцева Д. М. Самоуправление и управление.— Красноярск, 1991.
8. Моисеев Н. Н. Судьба цивилизации. Путь Разума. <http://www.iiuaps.ru/>
9. Моисеев В. И. Семиотический процесс в неживой природе. 1999.
10. Николис Г., Пригожин И. Познание сложного.— М., 1990.
11. Ожев Д. И. Формула жизни. <http://www.maykop.ru/~deo/page3.htm>
12. Тараканов А. О. Математические модели биомолекулярной обработки информации: формальный пептид вместо формального нейрона. Проблемы информатизации.— М., 1998.
13. Хейлеген Ф. Мировой Суперорганизм: эволюционно-кибернетическая модель возникновения сетевого сообщества. <http://pespmc1.vub.ac.be/Papers/Superorganism.pdf>, 1999.
14. Шемакин Ю. И. Семантика самоорганизующихся систем.— М.: Академический проект, 2001. (в печати).
15. Capra F. The Turning Point.— Mountain Man Graphics, Australia, 1996
16. Capra F. The Web of Life: A new scientific understanding of living systems.— N. Y.: Anchor Books, 1996
17. Maturana Humberto R. Autopoiesis and Cognition: The Realization of the Living, D.— Reidel Publishing Co., Dordrecht, 1980.
18. Turchin V. The Inertia of Fear and the Scientific Worldview. Columbia.— N. Y.: University Press, 1981.
19. Varela F. Principles of Biological Autonomy.— N. Y.: North Holland, 1979.

Материал поступил в редакцию 13.06.01.