

МОДЕЛЮВАННЯ ПРОЦЕСІВ ТРАВЛЕННЯ (ОГЛЯД ЛІТЕРАТУРИ)

Ю. Г. Масікевич, С. С. Ткачук, А. Ю. Масікевич

Буковинський державний медичний університет, м. Чернівці, Україна

Представлено огляд основних моделей процесу травлення в організмі людини. Проведено порівняльний аналіз та дано оцінку підходів *in vivo*, *in vitro* та *in silico* до проведення досліджень у галузі фізіології травлення.

Мета дослідження – проаналізувати основні підходи до моделювання біологічних систем, зокрема процесу травлення в людини.

Висновки. Травлення *in vitro* та математичне моделювання є взаємодоповнюючими методами. В останні десятиріччя все більшого значення набуває комп'ютерне моделювання процесів травлення (*in silico*). Моделювання є потужним інструментом для кількісного порівняння кінетики травлення, дає змогу краще зрозуміти процеси гідролізу, перетворення та всмоктування поживних речовин, перевести спостереження *in vitro* в прогнози *in vivo*. Комп'ютерні моделі можуть стати альтернативою експериментальним дослідженням.

Ключові слова:

травлення, травна система, шлунково-кишковий тракт, моделювання травлення *in vitro*, *in silico*, орган-на-чипі.

Клінічна та експериментальна патологія 2025. Т.24, №2 (92). С. 51-58.

DOI 10.24061/1727-4338.XXIV.2.92.2025.08

E-mail:

yumasik1957@bsmu.edu.ua

MODELING OF DIGESTIVE PROCESSES (REVIEW ARTICLE)

Y. G. Masikevych, S. S. Tkachuk, A. Yu. Masikevych

Bukovinian State Medical University, Chernivtsi, Ukraine

Survey of the main models of the digestion process in the human body is presented. A comparative analysis is carried out and approach assessment *in vivo*, *in vitro* and *in silico* to conducting research in the field of digestion physiology is given.

The purpose of the study – to analyze the main approaches to modeling biological systems, in particular the process of digestion in humans.

Conclusion. *In vitro* digestion and mathematical modeling are complementary methods. In recent decades, computer simulation of digestion processes *in silico* has become increasingly important. Modeling is a powerful tool for quantitatively comparing the kinetics of digestion, allowing a better understanding of the processes of hydrolysis, transformation and absorption of nutrients, and translating *in vitro* observations into *in vivo* predictions. Computer models can become an alternative to experimental studies.

Key words:

digestion, digestive system, gastro-intestinal, digestion modeling *in vitro*, *in silico*, organ-on-a-chip.

Clinical and experimental pathology 2025. Vol.24, № 2 (92). P. 51-58.

Вступ

Травлення, як фізіологічний процес, є складним комплексом послідовних фізико-хімічних перетворень спожитої людиною їжі, що включають подрібнення, гідроліз основних органічних нутрієнтів їжі (білків, жирів, вуглеводів) до мономерів, та всмоктування в шлунково-кишковому тракті. Травлення забезпечує організм енергією, пластичним матеріалом, підтримує його гомеостаз.

Значний внесок у дослідження процесів травлення належить І. П. Павлову, який, застосувавши фістульний метод експериментально (*in situ*), довів можливість формування умовнорефлекторних травних механізмів. У зв'язку з обмеженнями, пов'язаними з інвазивними дослідженнями у людей і тварин (*in vivo*), більшість поточних досліджень процесів травлення базуються на використанні моделей *in vitro*. Однак наростання кількості експериментальних досліджень (*in vitro*), значні протиріччя в їх тлумаченні, поставило на порядок денний питання створення експериментальних відтворювальних моделей із використанням комп'ютерної техніки (*in silico*), які дали б

можливість підтвердити процеси *in vivo* та результати експериментів, отриманих *in vitro*.

Ця новітня галузь науки поки що не є повною альтернативою експериментальним методам, проте, на наш погляд, є надзвичайно перспективною з урахуванням сучасних здобутків науково-технічного прогресу, зокрема розвитку штучного інтелекту.

Мета дослідження – проаналізувати основні підходи до моделювання біологічних систем, зокрема процесу травлення в людини.

Основна частина

Історія створення штучних біологічних моделей сягає своїми коренями XVII сторіччя і належить італійській школі натуралістів. Як зазначає професор Державного біотехнологічного університету В. О. Шигимага, свого часу Джованні Альфонсо Бореллі намагався створити декілька штучних біологічних моделей із метою аналізу руху тварин і людини з точки зору механічних моделей. В. Гарвей розглядав серце як своєрідну механічну модель. Багато

ISSN 1727-4338 <https://www.bsmu.edu.ua>

модельних експериментів на тваринах проводили А. М. Філомафійський і М. І. Пирогов. А в XVII-XIX ст. М. Біша вперше побудував понад двадцять описових моделей тканин людського організму [1].

У ході історії широкого застосування в описових моделях у медицині та біології набули методи математичного підходу (раціоналістичного) Р. Декарта і індуктивного (дослідницького) характеру Ф. Бекона. Значну роль у розвитку моделювання процесів живих організмів відіграв метод аналогій. Завдяки порівнянню вдалося добитися чималих успіхів у терапії ряду захворювань на основі аналогії, створення спрощених схем та встановлення подібності патологічних процесів.

Засновником біокібернетики та моделювання живих систем в Україні був Микола Амосов, відомий нам, насамперед, як кардіохірург. Саме Микола Амосов створив перший в Україні апарат штучного кровообігу, тристулковий серцевий клапан із рукава нейлонової сорочки, працював над питанням штучного інтелекту. Моделювання фізіології серця – не менш важливий напрям його наукових інтересів. За підтримки академіка В. М. Глушкова в 1960 році в Інституті кібернетики АН УРСР був створений відділ біокібернетики, який понад три десятиліття очолював Микола Амосов [2].

Моделювання процесів травлення є надзвичайно важливою галуззю біокібернетики, оскільки дає можливість інтегрувати значну кількість елементів травлення в системах *in vitro* та наблизити їх до реалій функцій *in vivo*. Та, незважаючи на широке використання обчислювального моделювання та імітації у багатьох біологічних галузях, ці методи лише частково застосовуються в дослідженні травлення.

Фундаментальною проблемою для досліджень у галузі фізіології травлення є поєднання значної кількості даних, які збираються в різних просторових, часових і розмірних масштабах. Хоча статистичний аналіз, як і раніше, є методом вибору для роботи з багатовимірними наборами даних, системна біологія та підходи обчислювального моделювання починають виявляти кількісні механістичні зв'язки між цими різними вимірами [3]. У детальному огляді «Моделювання біології травних систем: від молекулярних механізмів до фізіології» автори [3] обговорюють вибір доступних підходів до моделювання, які стосуються процесів травлення, розглядають ці моделі в перспективі, класифікуючи їх відповідно до просторової та часової складових, розглядають процеси, що відбуваються між мікро- та макроскопічними масштабними рівнями.

Однією з перших експериментальних моделей у вивченні фізіології травлення стало впровадження фістульного методу для з'ясування закономірностей процесів соковиділення структурними компонентами шлунково-кишкового тракту лауреатом Нобелівської премії І. П. Павловим. Застосувавши цей метод І. П. Павлов вперше отримав експериментальний доказ умовно-рефлекторної регуляції секреції залоз травного тракту. Методика уявного годування (езофаготомії) і уявної дефекації, вдосконалена методика ізольованого шлуночка – далеко не повний внесок академіка

І. П. Павлова в дослідження фізіології травлення, за які в 1904 році він удостоєний Нобелівської премії [4].

Цікаві моделі кишково-асоційованих процесів всмоктування поживних речовин, зокрема ліпопротеїнів, а також бактеріального перетворення неперетравлених компонентів їжі на важливі для організму сполуки наводяться в дослідженнях доктора Albert A de Graaf та співавторів [5-7]. Застосувавши статистичний алгоритм навчання з використанням методу опорних векторів для вибору звичайних факторів ризику та показників метаболізму ліпопротеїнів, дослідники створили багатовимірну модель прогнозування ризику серцево-судинних захворювань. Використані в моделі маркери дали змогу скоротити призначення непотрібних препаратів для зниження рівня холестерину, зменшуючи витрати та можливі побічні ефекти. На думку авторів, важливість товстої кишки людини для харчування, здоров'я та прогнозування захворювань стає все більш усвідомленою. На сьогодні моделювання процесів, що відбуваються в товстій кишці, надає нові факти для розуміння актуальності цих процесів для людини-господаря. Наводяться численні ознаки особливої ролі товстого кишечника в таких важливих питаннях, як імунні розлади та захворювання, пов'язані з ожирінням. Використання комп'ютерного моделювання в системній біології надає розуміння ключових процесів регуляції метаболізму, що беруть участь у мутуалізмі між мікробами та господарями.

Значний внесок у розвиток моделювання процесів травлення належить американській школі дослідників Медичного центру у справах ветеранів та Університету Айови під керівництвом доктора медичних наук Konrada Schulze [8, 9, 10]. На думку дослідників, фізіологію гастродуоденального тракту традиційно розуміють із точки зору моторно-секреторних функцій та їх електричного, нейронного та гормонального контролю. На противагу цьому, рідинно-механічні функції, які утримують та розсіюють частинки, піддають субстрат дії ферментів або поповнюють епітеліальну межу поживними речовинами, вивчені мало. Сучасна ультразвукова та магнітно-резонансна томографія дає змогу є візуалізувати процеси, критично важливі для травлення, такі як змішування, розведення, набухання, дисперсія та елюція. Методологічні досягнення в гідромеханіці дають можливість чисельно аналізувати сили, що сприяють травленню, створити гідромеханічну модель важливого фізіологічного процесу. Поля тиску та потоку, напруги зсуву, що диспергують частинки, або ефективність болюсного змішування можна обчислити, використовуючи інформацію про рухи меж та вміст просвіту. Ці технологічні досягнення обіцяють багато додаткового матеріалу для розуміння механічних процесів, що сприяють травленню та всмоктуванню. Досліджуючи візуалізацію та моделювання фізичних процесів, що беруть участь у травленні та всмоктуванні, автор показав, як динамічна візуалізація за допомогою ультразвуку та магнітного резонансу може продемонструвати

процеси кишкового потоку, критично важливі для травлення, такі як змішування, розведення, набухання, дисперсія та елюція. Обчислювальна гідромеханіка уможливило чисельно відобразити сили, що сприяють травленню: можна розрахувати поля тиску та потоку, напруги зсуву, що диспергують частинки, або ефективність змішування болюсу. Ці технології надають нове розуміння механічних процесів, що сприяють травленню та всмоктуванню.

Низка комп'ютерних моделей стосується процесу травлення в окремих відділах шлунково-кишкового тракту. Зокрема, рядом дослідників розроблені моделі процесу травлення в шлунку [11-14], дванадцятипалій (тонкій кишці) [8, 15, 16, 17, 18], товстій кишці [5-7].

При значній увазі до травної системи з боку фахівців, на сьогодні існує дефіцит високоточних моделей для верхніх відділів шлунково-кишкового тракту, включаючи стравохід та шлунок.

Створено детальну числову модель верхніх відділів шлунково-кишкового тракту, яка враховує багатофазні компоненти, що допомагають транспортувати та перетворювати їжу під час нормальної травної функції [11]. Авторами представлено деталі конструкції 3D-моделей репрезентативної геометрії шлунка разом із простою стратегією призначення кругової та повздовжньої орієнтації м'язових волокон для кожного шару. Ними розроблено повністю роздільну модель шлунка для моделювання його перистальтики. Вперше змодельовано гравітаційне переміщення болюсу в шлунок через різницю в щільності між проковтнутим вмістом та рідким вмістом шлунка. Представлено випадок ретроградного потоку рідини зі шлунка в стравохід, що нагадує явище кислотного рефлюксу. На думку авторів, представлена детальна обчислювальна модель верхніх відділів шлунково-кишкового тракту забезпечує основу майбутніх моделей для дослідження біомеханіки кислотного рефлюксу та вивчення різних стратегій операцій шунтування шлунка для вирішення зростаючої проблеми ожиріння.

Іншими авторами [12] розроблено числову модель змішування та спорожнення шлункового вмісту. Завдяки запропонованій моделі показано, що швидкий шлях руху води розташований поблизу малої кривизни шлунка. Однак цей швидкий шлях не дієвий, коли шлунковий вміст складається з води та харчових грудок із різними властивостями. Скорочення м'язів посилюють змішування легких харчових грудок і води. У результаті їжа розподіляється шарами; важкі харчові грудки розташовані в нижньому шарі. Формується своєрідна харчова матриця. Ця харчова матриця функціонує як пористе середовище, яке має вищий опір потоку для легких харчових частинок, ніж для води, що призводить до швидшої евакуації води. Отже, евакуація води відбувається вздовж стінки шлунка, оскільки опір потоку в складках шлунка менший, ніж у харчовій матриці.

Дослідження симуляцій *in silico*, як доповнення до експериментів *in vivo* та *in vitro*, покладено в основу моделі обчислювальної гідродинаміки [13]. Проведені симуляційні дослідження надають більш детальну інформацію для покращення нашого

розуміння стосовно розробки функціональних продуктів харчування, адаптованих до конкретних потреб метаболічного здоров'я. Дослідження *in silico* значно сприяють розробці інноваційних методів лікування шлунково-кишкових розладів. Крім того, ці моделі пропонують цінні критерії, які допомагають удосконалити хірургічні методи та терапевтичні підходи, особливо для лікування таких станів, як гастропарез.

Колективом науковців із Нової Зеландії [15, 16] сконструйовано обладнання для моделювання перистальтичних скорочень в S-подібній трубчастій геометрії дванадцятипалої кишки. Запропонована авторами модель відтворила структуру поля швидкості та вихоротворення, що спостерігалися в експериментах, і показала, що перистальтичні скорочення призводять до збільшення потоку в місці найбільшого скорочення, що може покращити змішування. Це було перше в науковій практиці дослідження, в якому візуалізується перистальтичний потік у вигнутій трубці, попередні дослідження стосувалися моделі на прямій трубці. Порівняння полів швидкості і завихреності показало, що модель вигнутої трубки визначає основні характеристики експериментальної системи. У такий спосіб доведено, що фізіологічно реалістичні *in silico* моделі дуоденального потоку і змішування можуть бути побудовані з використанням анатомічно реалістичних геометричних форм із заданою граничною деформацією. Як вважають автори, запропоновані моделі є корисними для розуміння впливу властивостей харчової системи, анатомічних змін і моделей перистальтичних скорочень на змішування і транспорт у дванадцятипалій кишці в нормі і при захворюваннях.

Відсутність досліджень біофізичних процесів, що перебігають у підшлунковій залозі на різних рівнях її будови, на думку Костюка Г. Я. та спів. [17], призводить до одностороннього погляду на розуміння життєздатності підшлункової залози, до великої кількості суперечливих гіпотез її функціональних можливостей при різних умовах роботи. Саме тому, як вважають автори, дані математичного моделювання функціональної діяльності підшлункової залози є актуальними і надають можливість інтегрувати наявні експериментальні результати.

Нещодавно рядом авторів [18] розроблено моделі, що імітують шлунково-кишкове середовище, а також нові стратегії для покращення всмоктування та biodostupності пептидів.

Цікава механістична модель травлення *in silico*, що характеризує травлення в просторі та часі, була розроблена впродовж останнього десятиліття представником наукової школи Нідерландів George A. van Aken [19-21] (рис. 1).

Запропонована автором комп'ютерна програма детально моделює процеси травлення та фізіологію великої кількості жорстко запрограмованих процесів, пов'язаних із харчуванням, включаючи бажання їсти і регулювання споживання їжі (відчуття голоду, ситості та насичення), оральну обробку та ковтальний і шлунковий рефлекс та їх взаємодію (рис. 2).

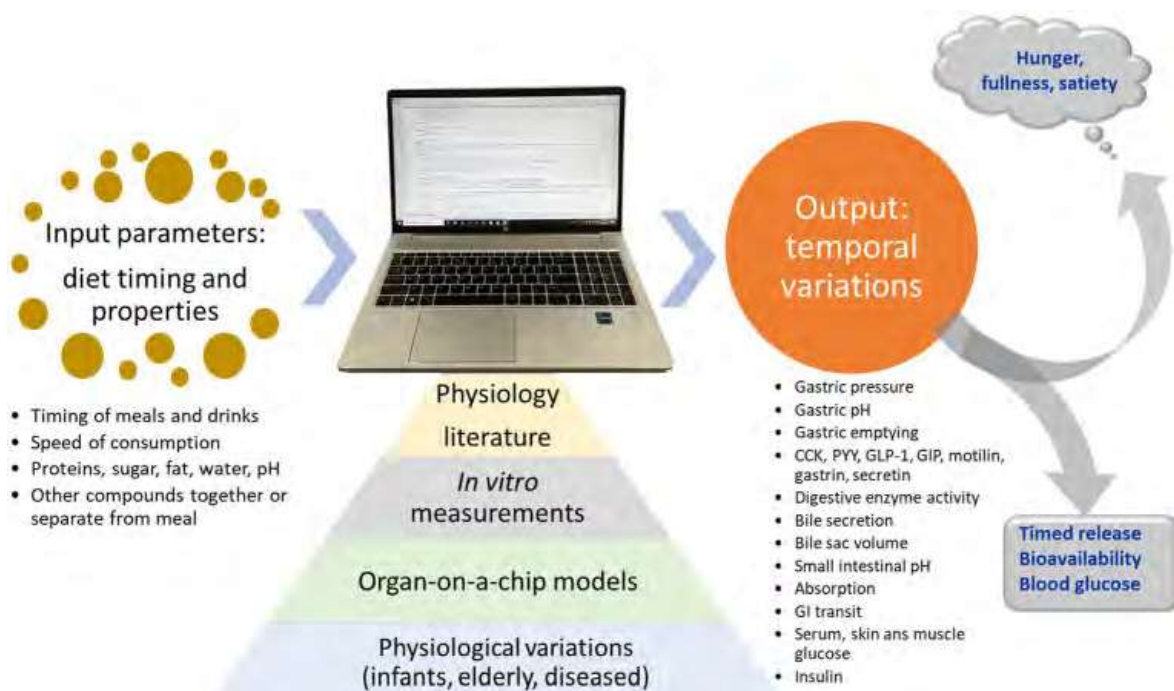


Рис. 1. Концепція моделі механістичного травлення (George A. van Aken [19])

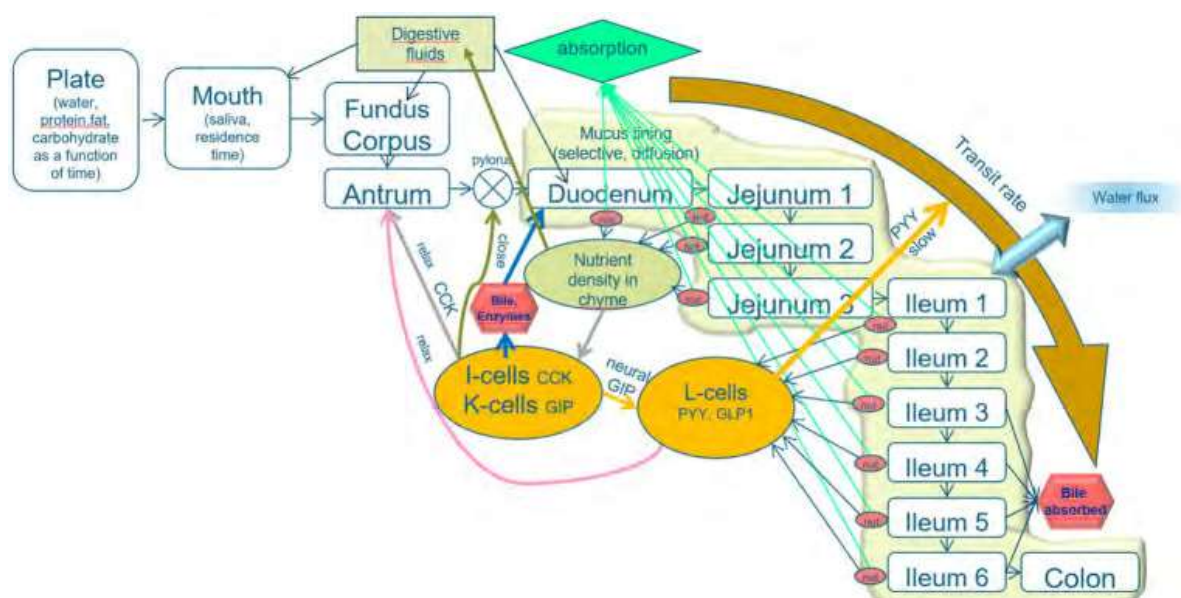


Рис. 2. Схематичне зображення механістичної моделі травлення (George A. van Aken [19])

Процес травлення у цій моделі включає такі компоненти: спожиту їжу, ротову порожнину, три відсіки шлунка (дно, тіло та антрум), пілоричний клапан, дванадцятипалу кишку (яка фактично поділяється на частини до та після сфінктера Одді, з якого виділяється жовч і панкреатичний сік), три відділи порожньої кишки, шість відділів клубової кишки, а також товсту кишку. Відділи кишечника вистелені слизовим шаром, який захищає епітеліальні тканини та діє як сито, що пропускає лише малі молекули. Потік води з просвіту до кишкового епітелію збільшує транспортування розчинених речовин до епітеліального шару. Шар епітеліальних клітин вміщає секреторні (виділяють ферменти) та рецепторні клітини. Властивості кишкових компартментів (товщина слизового шару, кількість різних рецепторних та адсорбційних клітин) змінюються вздовж компартментів кишечника. Сигнали від рецепторних клітин регулюють процеси

травлення, швидкість транзиту між компартментами та виділення травних рідин (включаючи слину, шлунковий сік, жовч, панкреатичний сік та сліз). Механістична модель травлення *in silico*, що описана тут, є спробою поєднати складну інформацію про механізми зворотного зв'язку, що регулюють процес травлення та дають на виході велику кількість фізіологічних маркерів, і характеристики середовища в травному тракті, явища транспорту, всмоктування, деякі постабсорбційні процеси, що беруть участь у травленні. Поточна програма знаходиться на ранній стадії розробки, тому необхідна оптимізація рівнянь та параметрів моделювання, однак, вона вже імітує кілька аспектів травлення *in vivo*. Подальше вдосконалення такої моделі вимагає співпраці між дослідниками з різних галузей науки (математики, харчування, мікробіології, медицини тощо) для обміну знаннями

та розширення моделі знаннями з експериментальних досліджень *in vivo*, *in vitro*, *ex vivo* та орган-на-чипі.

На основі використання безпроводникової капсульної ендоскопії науковцями кафедри комп'ютерних наук Норвезького університету науки і технологій запропоновано тривимірну (3D)-реконструйовану модель зображень товстого

кишечника [22]. Ця комп'ютерна модель разом із зображеннями дозволяє гастроентерологам візуалізувати внутрішні органи під різними кутами, допомагаючи у виявленні аномалій та полегшуючи точніше планування втручань та операцій. Клінічні результати показали, що 3D-моделі виявились ідентичними їх вихідним зображенням (рис. 3).

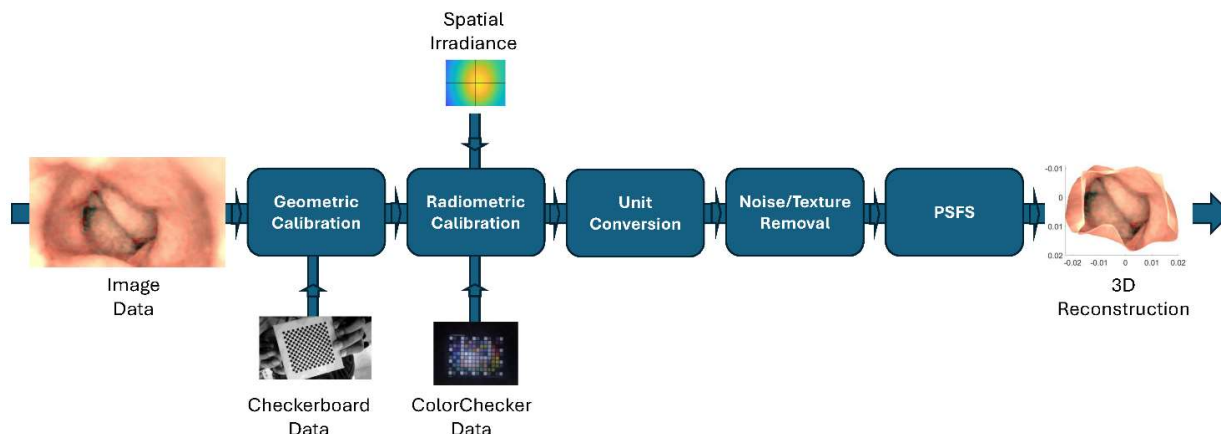


Рис. 3. Комплексний конвертер для 3D-реконструкції з використанням алгоритму PSFS (Bilal Ahmad et al. [22])

Технологія орган-на-чипі демонструє останні досягнення комп'ютерного моделювання біологічних систем. Цей підхід знайшов відображення в низці досліджень процесів травлення [23-25].

За визначенням авторів [23, 24] ..., «органи на чіпах (ОЧ) – це системи, що містять інженерні або природні мініатюрні тканини, вирощені всередині мікрофлюїдних чіпів. Щоб краще імітувати фізіологію людини, чіпи розроблені для контролю клітинного мікросередовища та підтримки тканинносPECIFIC функцій. Поєднуючи досягнення в тканинній та комп'ютерній інженерії, ОЧ викликали інтерес як експериментальна платформа прийдешнього

покоління для дослідження патофізіології людини та впливу терапевтичних засобів на організм...».

Орган на чіпі – це нова технологія, яка імітує орган у мікрофлюїдному чіпі для вирощування культури клітин. Сучасні дослідження клітинної біології зосереджені на культурах клітин *in vitro* через різні обмеження тестування *in vivo*. На жаль, культивування клітин *in vitro* не забезпечує точного відтворення мікросередовища, а культивування клітин *in vivo* є дорогавартісним й історично було джерелом етичних суперечок. ОЧ прагне подолати ці недоліки та забезпечити найкращі варіанти дослідження культури клітин як *in vivo*, так і *in vitro* [25] (рис. 4).

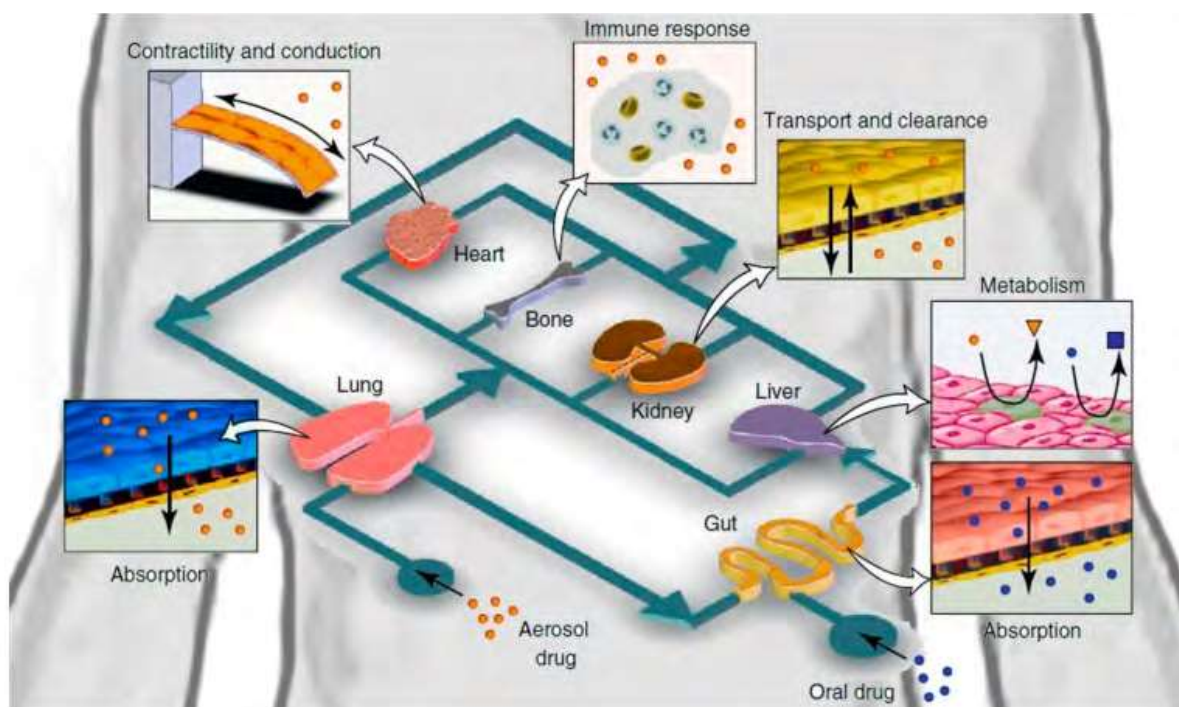


Рис. 4. Схема людини на чіпі. Це зображення взято з веб-сайту ELVESYS Group (elveflow.com) [25]

На думку Steven Le Feunteun та спів. [26], математичне моделювання та нові підходи до вивчення травлення *in vitro* є на сьогодні важливими взаємодоповнюючими методами. Математичні моделі можуть бути використані для відновлення повної картини явищ, що відбуваються під час статичних експериментів з травленням *in vitro* та вдосконалення наших можливостей моделювання погано вивчених механізмів.

Вкрай важливо, на думку [27], максимально точно відтворити або імітувати умови травної системи людини в модельних системах, щоб дані, пов'язані з перетравленням їжі, були максимально точними. Широке використання та вдосконалення цих моделей розширить наші знання про складну взаємодію харчової матриці та травної системи. Отже, можна буде розробляти продукти харчування прийдешнього покоління з підвищеною користю для здоров'я.

Висновки

У зв'язку з існуючими обмеженнями проведення досліджень на людях і тваринах, широкого розповсюдження набули досліди *in vitro*. Проте через їх чисельність та, у багатьох випадках суперечливу інтерпретацію отриманих результатів, виникає заплутаність схем, що утруднює їх сприйняття. Травлення *in vitro* та математичне моделювання є взаємодоповнюючими методами. В останні десятиріччя всебішнього значення набуває комп'ютерне моделювання процесів травлення *in silico*. Цей тип моделювання є потужним інструментом для кількісного порівняння кінетики травлення, дає змогу краще зрозуміти процеси гідролізу, перетворення та всмоктування поживних речовин, перевести спостереження *in vitro* в прогнози *in vivo*. Комп'ютерні моделі можуть стати альтернативою експериментальним дослідженням. Однак наведені нами моделі – це лише «верхівка айсбергу» можливостей штучного інтелекту у вивченні функцій живого організму.

Список літератури

1. Шигимага ВО, укладач. Загальні поняття в моделюванні біомедичних процесів та систем. Харків; 2023. 25 с.
2. Біокібернетика Миколи Амосова [Інтернет]. ІТ в Україні: історії та особистості. 2025[цитовано 2025 Чер 23]. Доступно: <https://uacomputing.com/stories/nikolay-amosovs-bio-cybernetics/>
3. de Graaf AA, Freidig AP, De Roos B, Jamshidi N, Heinemann M, Rullmann JA, et al. Nutritional systems biology modeling: from molecular mechanisms to physiology. PLoS Comput Biol [Internet]. 2009[cited 2025 Jun 23];5(11): e1000554. <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC2773333/pdf/pcbi.1000554.pdf> doi: 10.1371/journal.pcbi.1000554
4. Трокоз В. Іван Павлов – Нобелівський лауреат [Інтернет]. Національний університет біоресурсів і природокористування. 2019[цитовано 2025 Чер 20]. Доступно: <https://nubip.edu.ua/node/57721>
5. de Graaf AA, Venema K. Gaining insight into microbial physiology in the large intestine: a special role for stable isotopes. Adv Microb Physiol. 2008;53:73-168. doi: 10.1016/s0065-2911(07)53002-x
6. Hester RL, Ilescu R, Summers R, Coleman TG. Systems biology and integrative physiological modelling. J Physiol. 2011;589(Pt 5):1053-60. doi: 10.1113/jphysiol.2010.201558
7. van Schalkwijk DB, van Bochove K, van Ommen B, Freidig AP, van Someren EP, van der Greef J, et al. Developing computational

model-based diagnostics to analyse clinical chemistry data. Brief Bioinform. 2010;11(4):403-16. doi: 10.1093/bib/bbp071

8. Schulze K. Imaging and modelling of digestion in the stomach and the duodenum. Neurogastroenterol Motil. 2006;18(3):172-83. doi: 10.1111/j.1365-2982.2006.00759.x
9. Schulze KS, Clark E. Ink dispersion by sequential contractions in isolated segments of guinea pig ileum and duodenum. Neurogastroenterol Motil. 2008;20(12):1317-27. doi: 10.1111/j.1365-2982.2008.01200.x
10. Schulze KS. The imaging and modelling of the physical processes involved in digestion and absorption. Acta Physiol (Oxf). 2015;213(2):394-405. doi: 10.1111/apha.12407
11. Acharya S, Halder S, Kou W, Kahrilas PJ, Pandolfino JE, Patankar NA. A fully resolved multiphysics model of gastric peristalsis and bolus emptying in the upper gastrointestinal tract. Comput Biol Med [Internet]. 2022[cited 2025 Jun 21];143:104948. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC9014465/pdf/nihms-1784690.pdf> doi: 10.1016/j.combiomed.2021.104948
12. Li C, Xiao J, Chen XD, Jin Y. Mixing and emptying of gastric contents in human-stomach: A numerical study. J Biomech [Internet]. 2021[cited 2025 Jun 23];118:110293. Available from: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0021929021000737?via%3Dihub> doi: 10.1016/j.jbiomech.2021.110293
13. Li C, Xiao J, Chen XD, Jin Y. In Silico Studies of Fluid Flow, Digestion of Food and Drug Dissolution in Human Stomach. Food Eng Rev. 2025;17(2):450-64. doi: 10.1007/s12393-024-09393-3
14. Alokaily S, Feigl K, Tanner FX. Characterization of peristaltic flow during the mixing process in a model human stomach. Physics of Fluids. 2019;31(0):103105. doi: 10.1063/1.5122665
15. Palmada N, Cater JE, Cheng LK, Suresh V. Experimental and Computational Studies of Peristaltic Flow in a Duodenal Model. Fluids [Internet]. 2022[cited 2025 Jun 21];7(1):40. Available from: <https://www.mdpi.com/2311-5521/7/1/40> doi: 10.3390/fluids7010040
16. Palmada N, Cater JE, Cheng LK, Suresh V. Quantifying the Role of Duodenal Shape in Flow and Mixing: A Computational Fluid Dynamics Study on Anatomically Diverse Models. IEEE Trans Biomed Eng. 2025; PP. doi: 10.1109/tbme.2025.3569788
17. Костюк ГЯ, Костюк ОГ, Голубовський ІА, Бурков МВ, Трилок ОІ, Костюк ВГ, та ін. Теоретичне обґрунтування управління роботою підшлункової залози. Вісник Вінницького національного медичного університету. 2017;21(2):509-12.
18. Amigo L, Hernández-Ledesma B. Current Evidence on the Bioavailability of Food Bioactive Peptides. Molecules [Internet]. 2020[cited 2025 Jun 23];25(19):4479. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC7582556/pdf/molecules-25-04479.pdf> doi: 10.3390/molecules25194479
19. van Aken GA. Relating Food Emulsion Structure and Composition to the Way It Is Processed in the Gastrointestinal Tract and Physiological Responses: What Are the Opportunities? Food Biophysics. 2010;5(4):258-83. doi: 10.1007/s11483-010-9160-5
20. van Aken GA. Computer modeling of digestive processes in the alimentary tract and their physiological regulation mechanisms: closing the gap between digestion models and in vivo behavior. Front Nutr. [Internet]. 2024[cited 2025 Jun 21];11:1339711. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC11007706/pdf/fnut-11-1339711.pdf> doi: 10.3389/fnut.2024.1339711
21. Bohn T, Carriere F, Day L, Deglaire A, Egger L, Freitas D, et al. Correlation between in vitro and in vivo data on food digestion. What can we predict with static in vitro digestion models? Crit Rev Food Sci Nutr. 2018;58(13):2239-61. doi: 10.1080/10408398.2017.1315362

Website George A. van Aken insight FOOD inside – Home.

22. Ahmad B, Flor PA, Farup I, Andersen KF. Single-Image-Based 3D Reconstruction of Endoscopic Images. J Imaging [Internet]. 2024[cited 2025 Jun 21];10(4):82. Available from: [https://pmc.](https://pmc.Клінічна та експериментальна патологія. 2025. Т.24, № 2 (92)

- ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC11051210/pdf/jimaging-10-00082.pdf doi: 10.3390/jimaging10040082
23. Figeys D, Pinto D. Lab-on-a-Chip: A Revolution in Biological and Medical Sciences. *Anal Chem.* 2000;72(9):330A-5A. doi: 10.1021/ac002800y
 24. Leung CM, de Haan P, Ronaldson-Bouchard K, Kim GA, Ko J, Rho HS, et al. A guide to the organ-on-a-chip. *Nat Rev Methods Primers.* 2022;2:33. doi: 10.1038/s43586-022-00118-6
 25. Doost NF, Srivastava SK. A Comprehensive Review of Organ-on-a-Chip Technology and Its Applications. *Biosensors (Basel)* [Internet]. 2024[cited 2025 Jun 23];14(5):225. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC11118005/pdf/biosensors-14-00225.pdf> doi: 10.3390/bios14050225
 26. Feunteun SL, Verkempinck S, Floury J, Janssen A, Kondjoyan A, Marze S, et al. Mathematical modelling of food hydrolysis during in vitro digestion: From single nutrient to complex foods in static and dynamic conditions. *Trends in Food Science & Technology.* 2021;116:870-83. doi: 10.1016/j.tifs.2021.08.030
 27. Sensoy I. A review on the food digestion in the digestive tract and the used in vitro models. *Curr Res Food Sci.* 2021;4:308-19. doi: 10.1016/j.crf.2021.04.004
- ### References
1. Shyhymaha VO, ukladach. Zahal'ni poniattia v modeliuvanni biomedychnykh protsesiv ta system [General concepts in modeling biomedical processes and systems]. Kharkiv; 2023. 25 p. (in Ukrainian)
 2. Biokibernetika Mykoly Amosova [Biocybernetics of Nikolay Amosov] [Internet]. IT v Ukraini: istorii ta osobystosti. 2025[tsytovano 2025 Cher 23]. Dostupno: <https://uacomputing.com/stories/nikolay-amosovs-bio-cybernetics/> (in Ukrainian)
 3. de Graaf AA, Freidig AP, De Roos B, Jamshidi N, Heinemann M, Rullmann JA, et al. Nutritional systems biology modeling: from molecular mechanisms to physiology. *PLoS Comput Biol* [Internet]. 2009[cited 2025 Jun 23];5(11): e1000554. <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC2777333/pdf/pcbi.1000554.pdf> doi: 10.1371/journal.pcbi.1000554
 4. Trokoz V. Ivan Pavlov – Nobelivs'kyi laureat [Ivan Pavlov – Nobel laureate] [Internet]. Natsional'nyi universytet bioresursiv i pryrodokorystuvannia. 2019[tsytovano 2025 Cher 20]. Dostupno: <https://nubip.edu.ua/node/57721> (in Ukrainian)
 5. de Graaf AA, Venema K. Gaining insight into microbial physiology in the large intestine: a special role for stable isotopes. *Adv Microb Physiol.* 2008;53:73-168. doi: 10.1016/s0065-2911(07)53002-x
 6. Hester RL, Iliescu R, Summers R, Coleman TG. Systems biology and integrative physiological modelling. *J Physiol.* 2011;589(Pt 5):1053-60. doi: 10.1113/jphysiol.2010.201558
 7. van Schalkwijk DB, van Bochove K, van Ommen B, Freidig AP, van Someren EP, van der Greef J, et al. Developing computational model-based diagnostics to analyse clinical chemistry data. *Brief Bioinform.* 2010;11(4):403-16. doi: 10.1093/bib/bbp071
 8. Schulze K. Imaging and modelling of digestion in the stomach and the duodenum. *Neurogastroenterol Motil.* 2006;18(3):172-83. doi: 10.1111/j.1365-2982.2006.00759.x
 9. Schulze KS, Clark E. Ink dispersion by sequential contractions in isolated segments of guinea pig ileum and duodenum. *Neurogastroenterol Motil.* 2008;20(12):1317-27. doi: 10.1111/j.1365-2982.2008.01200.x
 10. Schulze KS. The imaging and modelling of the physical processes involved in digestion and absorption. *Acta Physiol (Oxf).* 2015;213(2):394-405. doi: 10.1111/apha.12407
 11. Acharya S, Halder S, Kou W, Kahrilas PJ, Pandolfino JE, Patankar NA. A fully resolved multiphysics model of gastric peristalsis and bolus emptying in the upper gastrointestinal tract. *Comput Biol Med* [Internet]. 2022[cited 2025 Jun 21];143:104948. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC9014465/pdf/nihms-1784690.pdf> doi: 10.1016/j.combiomed.2021.104948
 12. Li C, Xiao J, Chen XD, Jin Y. Mixing and emptying of gastric contents in human-stomach: A numerical study. *J Biomech* [Internet]. 2021[cited 2025 Jun 23];118:110293. Available from: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0021929021000737?via%3Dihub> doi: 10.1016/j.jbiomech.2021.110293
 13. Li C, Xiao J, Chen XD, Jin Y. In Silico Studies of Fluid Flow, Digestion of Food and Drug Dissolution in Human Stomach. *Food Eng Rev.* 2025;17(2):450-64. doi: 10.1007/s12393-024-09393-3
 14. Alokaily S, Feigl K, Tanner FX. Characterization of peristaltic flow during the mixing process in a model human stomach. *Physics of Fluids.* 2019;31(0):103105. doi: 10.1063/1.5122665
 15. Palmada N, Cater JE, Cheng LK, Suresh V. Experimental and Computational Studies of Peristaltic Flow in a Duodenal Model. *Fluids* [Internet]. 2022[cited 2025 Jun 21];7(1):40. Available from: <https://www.mdpi.com/2311-5521/7/1/40> doi: 10.3390/fluids7010040
 16. Palmada N, Cater JE, Cheng LK, Suresh V. Quantifying the Role of Duodenal Shape in Flow and Mixing: A Computational Fluid Dynamics Study on Anatomically Diverse Models. *IEEE Trans Biomed Eng.* 2025; PP. doi: 10.1109/tbme.2025.3569788
 17. Kostyuk GYa, Kostyuk OG, Golubovsky IA, Burkov MV, Trilyuk OI, Kostyuk VG, et al. Teoretychne obgruntuvannia upravlinnia robotoiu pidshlunkovoi zalozy [Theoretical substantiation management of pancreas]. Reports of Vinnytsia National Medical University. 2017;21(2):509-12. (in Ukrainian)
 18. Amigo L, Hernández-Ledesma B. Current Evidence on the Bioavailability of Food Bioactive Peptides. *Molecules* [Internet]. 2020[cited 2025 Jun 23];25(19):4479. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC7582556/pdf/molecules-25-04479.pdf> doi: 10.3390/molecules25194479
 19. van Aken GA. Relating Food Emulsion Structure and Composition to the Way It Is Processed in the Gastrointestinal Tract and Physiological Responses: What Are the Opportunities? *Food Biophysics.* 2010;5(4):258-83. doi: 10.1007/s11483-010-9160-5
 20. van Aken GA. Computer modeling of digestive processes in the alimentary tract and their physiological regulation mechanisms: closing the gap between digestion models and in vivo behavior. *Front Nutr.* [Internet] 2024[cited 2025 Jun 21];11:1339711. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC11007706/pdf/fnut-11-1339711.pdf> doi: 10.3389/fnut.2024.1339711
 21. Bohn T, Carriere F, Day L, Deglaire A, Egger L, Freitas D, et al. Correlation between in vitro and in vivo data on food digestion. What can we predict with static in vitro digestion models? *Crit Rev Food Sci Nutr.* 2018;58(13):2239-61. doi: 10.1080/10408398.2017.1315362
 22. Ahmad B, Flor PA, Farup I, Andersen KF. Single-Image-Based 3D Reconstruction of Endoscopic Images. *J Imaging* [Internet]. 2024[cited 2025 Jun 21];10(4):82. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC11051210/pdf/jimaging-10-00082.pdf> doi: 10.3390/jimaging10040082
 23. Figeys D, Pinto D. Lab-on-a-Chip: A Revolution in Biological and Medical Sciences. *Anal Chem.* 2000;72(9):330A-5A. doi: 10.1021/ac002800y
 24. Leung CM, de Haan P, Ronaldson-Bouchard K, Kim GA, Ko J, Rho HS, et al. A guide to the organ-on-a-chip. *Nat Rev Methods Primers.* 2022;2:33. doi: 10.1038/s43586-022-00118-6
 25. Doost NF, Srivastava SK. A Comprehensive Review of Organ-on-a-Chip Technology and Its Applications. *Biosensors (Basel)* [Internet]. 2024[cited 2025 Jun 23];14(5):225. Available from:

<https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC11118005/pdf/biosensors-14-00225.pdf> doi: 10.3390/bios14050225

and dynamic conditions. Trends in Food Science & Technology. 2021;116:870-83. doi: 10.1016/j.tifs.2021.08.030

26. Feunteun SL, Verkempinck S, Flourey J, Janssen A, Kondjoyan A, Marze S, et al. Mathematical modelling of food hydrolysis during in vitro digestion: From single nutrient to complex foods in static

27. Sensoy I. A review on the food digestion in the digestive tract and the used in vitro models. Curr Res Food Sci. 2021;4:308-19. doi: 10.1016/j.crfs.2021.04.004

Відомості про авторів:

Масікевич Ю. Г. – д.біол.н., професор кафедри фізіології імені Я. Д. Кіршенבלата, Буковинський державний медичний університет, м. Чернівці, Україна.

E-mail: yumasik1957@bsmu.edu.ua

ORCID ID: <https://orcid.org/0000-0002-0324-1171>

Ткачук С. С. – д.мед.н., професор, завідувач кафедри фізіології ім. Я. Д. Кіршенבלата, Буковинський державний медичний університет, м. Чернівці, Україна.

E-mail: tkachuk.svitlana14@bsmu.edu.ua

ORCID ID: <http://orcid.org/0000-0003-4237-1902>

Масікевич А. Ю. – д.техн.н., професор кафедри гігієни та екології, Буковинський державний медичний університет, м. Чернівці, Україна.

E-mail: masikevych.a@bsmu.edu.ua

ORCID ID: <https://orcid.org/0000-0001-5496-2596>

Information about the authors:

Masykevich Yu. G. – D. Biological Sci., Professor, Department of Physiology named after Ya. D. Kirshenblat, Bukovinian State Medical University, Chernivtsi, Ukraine.

E-mail: yumasik1957@bsmu.edu.ua

ORCID ID: <https://orcid.org/0000-0002-0324-1171>

Tkachuk S. S. – Doctor of Medical Sciences, Professor, Head of the Department of Physiology named after Ya. D. Kirshenblat, Bukovinian State Medical University, Chernivtsi, Ukraine.

E-mail: tkachuk.svitlana14@bsmu.edu.ua

ORCID ID: <http://orcid.org/0000-0003-4237-1902>

Masykevich A. Yu. – D. Technical Sci., Professor, Institution of Higher Education, Department of Hygiene and Ecology, Bukovinian State Medical University, Chernivtsi, Ukraine.

E-mail: masikevych.a@bsmu.edu.ua

ORCID ID: <https://orcid.org/0000-0001-5496-2596>

Стаття надійшла до редакції 15.05.2025
© Ю. Г. Масікевич, С. С. Ткачук, А. Ю. Масікевич

