

УДК 51.76

ЧИСЛЕННЫЕ МОДЕЛИ В БИОЛОГИИ

Чередниченко А. В., к.т.н., доцент
Хамидулина Д. В., студентка группы ЭРб-171, I курс
Кузбасский государственный технический университет
имени Т. Ф. Горбачева
г. Кемерово

Жизнь – одно из самых прекрасных и сложных явлений на планете, изучением которого с начала XX века занимается не только одна биология. Физики, а затем и математики обнаружили, что некоторые биологические явления можно описать с помощью математического языка. Так родилась новая дисциплина – математическая биология, или биоматематика. Благодаря ей сегодня можно получить ответы на множество важных вопросов, касающихся биологии и биомедицины. Данная статья представляет собой обзор различных явлений, которые изучает биоматематика. Математическая биология внесла и продолжает вносить свой вклад в развитие биологии как посредством теоретического изучения динамических систем (мозга, муравейника или экосистем), так и благодаря решению практических задач в ходе изучения раковых заболеваний, эпидемий СПИДа или свиного гриппа.

Сегодня ответы на множество вопросов биологии и биомедицины можно дать с помощью математического анализа. Так, размножение раковых клеток в опухолях определенного типа описывается функцией Гомпертца. Во многих процессах в сфере биотехнологий при мониторинге биореакторов используются дифференциальные уравнения. Даже такие проблемы современности, как возможное изменение климата Земли, изучаются с помощью математических моделей, в частности климатической модели Лоренца.

Одной из важнейших тем биологии является эволюция, которой уделяется большое внимание и в математической биологии с момента ее зарождения в 1930-е годы. В целом эволюция – это физиологические и другие изменения, претерпеваемые живыми существами с течением времени. По прошествии миллионов лет в результате этих изменений, а также изменений окружающей среды одни виды выживают, другие – вымирают. Известно, что изменения живых существ вызваны определенными биологическими механизмами. Среди всех теорий, известных на сегодняшний день, наибольший успех имела теория естественного отбора Чарльза Дарвина, представленная им в 1859 году, в расцвет викторианской эпохи, в книге «Происхождение видов» [1].

Во второй половине XIX века, после публикации книги Дарвина, в Великобритании возникла английская биометрическая школа, к которой принадлежали такие видные ученые, как Фрэнсис Гальтон и Карл Пирсон. Представители этой школы впервые применили в биологии методы

статистики. Позднее, в 1930 году, Рональд Эйлмер Фишер, внесший огромный вклад в развитие биоматематики и биостатистики, сформулировал основную теорему естественного отбора, в которой дарвиновская теория эволюции путем естественного отбора объясняется на языке математики.

Согласно Фишеру, при определенных условиях и за определенное время t ритм или скорость, с которой повышается средняя приспособленность конкретного вида, равна разнообразию возможных значений генов. Обозначим средний рост приспособленности через $\Delta \bar{W}$, среднюю приспособленность – через \bar{W} , множество возможных значений генов (генных вариаций) – через σ_W^2 и получим обычную запись теоремы Фишера в математической биологии:

$$\Delta \bar{W} = \frac{\sigma_W^2}{\bar{W}}$$

Эта теорема – прекрасный пример того, сколь важную роль сыграла математика в последующем развитии биологии. Фишеру всего в одной формуле удалось точно выразить описанные выше идеи. В итоге биологические задачи начиная с 1930-х годов начали выражаться на языке математики, и развитие количественных методов биологии было уже не остановить. Еще одним важным событием для математической биологии стала модель, известная как модель «хищник – жертва» Лотки-Вольтерры [2] (ее предложил Альфред Джеймс Лотка в 1925 году и Вито Вольтерра годом позже). Это одна из самых ярких математических моделей математической биологии и одна из самых популярных моделей в экологии.

Система дифференциальных уравнений, описывающая взаимодействие «хищник – жертва», стала одной из первых и наиболее известных моделей математической биологии. Она применяется в экологии при восстановлении численности вида в регионе или при определении численности рыб, которые будут сосуществовать с хищниками, например с акулами, в океанариуме. Также модель применима в других областях: в иммунологии при изучении взаимодействия вируса или раковых клеток с иммунной системой, в паразитологии – при изучении взаимосвязи между паразитом и хозяином, в экономике – при изучении соотношения количества потребителей и ресурсов и так далее.

Изучив уравнение модели «хищник – жертва», описывающее, к примеру, изменение численности популяции волков и зайцев, можно понять предельную сложность окружающей среды: численность зайцев возрастает экспоненциально, и в то же время она уменьшается, поскольку зайцы – единственная добыча для волков. Чем больше зайцев – тем больше волков, но чем больше будет волков, тем меньше будет зайцев, в результате популяция волков станет уменьшаться, после чего все начнется сначала. Следовательно, траектории, определяемые этой системой на фазовой плоскости, будут периодическими орбитами (рис 1).

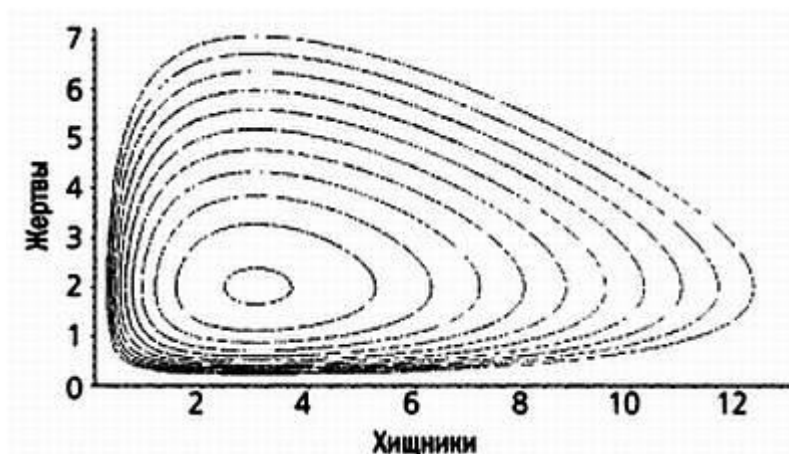


Рис. 1. Фазовая плоскость динамической системы «хищник – жертва».

Список литературы:

1. Лекции по математическим моделям в биологии. [Электронный ресурс] URL: <http://www.library.biophys.msu.ru/LectMB/lect09.htm>
2. Мир математики: в 40 т. Т.28: Рафаэль Лаос-Бельтра. Математика жизни. Численные модели в биологии и экологии / Пер. с исп. – М.: Де Агостини, 2014 –160 с.