

МАТЕМАТИЧЕСКИЕ МОДЕЛИ И ЗАКОНЫ В БИОЛОГИИ**Хайдар Раупович Расулов**Бухарский государственный
университетxrasulov71@mail.ru**Меҳринигор Хайдаровна Раупова**Бухарский государственный
университетm.h.raupova@buxdu.uz**АННОТАЦИЯ**

В данной статье приводится обзор нескольких математических моделей и законов, описывающих некоторые биологические процессы. Подробно изучены модели Мальтуса и Лотки – Вольтерры (хищник и жертва), закон Харди - Вайнберга (положение популяционной генетики), а также классическая модель распространения эпидемий Кермака–Маккендрика.

Ключевые слова: популяция, эволюция, модель, размножение, функция, динамика, численность.

MATHEMATICAL MODELS AND LAWS IN BIOLOGY**Khaydar Raupovich Rasulov**

Bukhara State University

xrasulov71@mail.ru**Mehrinigor Khaydarovna Raupova**

Bukhara State University

m.h.raupova@buxdu.uz**ABSTRACT**

This article provides an overview of several mathematical models and laws that describe some biological processes. The models of Malthus and Lotka - Volterra (predator and prey), the Hardy - Weinberg law (the position of population genetics), as well as the classical model of the spread of Kermak - Mackendrick epidemics have been studied in detail.

Keywords: population, evolution, model, reproduction, function, dynamics, number.

Каждая наука начинала свое существование как описательная. Даже такая абстрактная как математика. В древнем Египте или Вавилоне ученые знали довольно много математических фактов, которые мы сейчас назвали бы теоремами. Однако, для них это были просто наблюдения. Уже 4000 лет тому назад в египетских школах преподавали математику. Но эта наука не содержала доказательств и не представляла собой логической системы. Отдельные факты излагались как практические рецепты. Материал систематизировался на основе вполне конкретных задач («вычисление вместимости житниц», «вычисление

площади полей» и т.д.). Ученые древней Индии, высказав то или иное геометрическое утверждение, делали чертеж и говорили: «смотри». И лишь сравнительно поздно в математике возникла идея логической систематизации отдельных фактов.

Также, биология долго была описательной наукой, собранием более или менее систематизированных результатов наблюдений и экспериментов. По мере накопления этого фактического материала стали обнаруживаться глубокие связи между явлениями, которые прежде представлялись обособленными. Так, например, работа генетического аппарата клетки оказалась связанной с процессами синтеза белка, а вместе с тем и с процессами формирования организма. С другой стороны, генетические закономерности наряду с теорией естественного отбора легли в основу современных представлений об эволюции.

Таким образом, обмен веществ, наследственность, морфогенез и эволюция оказались тесно связанными, причем биология приблизилась к пониманию механизмов, лежащих в основе этих связей. Иными словами, сейчас достигнуты большие успехи в понимании основных биологических закономерностей. Эти успехи повысили интерес к общим проблемам биологии, усилили стремление выявить общие принципы функционирования биологических систем, понять сущность жизни. Все это и послужило предпосылками к созданию теоретической биологии, а вместе с тем и к проникновению в биологию математических методов, сыгравших такую большую роль в развитии теоретической физики, механики и астрономии.

Кроме этой главной причины возникновения теоретической биологии проникновение математики в биологию связано и с другими обстоятельствами. Одно из них - развитие новых дисциплин, лежащих на стыках разных наук. В биологии появляются новые разделы, граничащие с такими науками, где математика применяется давно и причем весьма успешно. Мы имеем в виду, прежде всего, биофизику, биохимию и молекулярную биологию - дисциплины, связывающие биологию с физикой и химией. Биологические задачи, изучаемые этими дисциплинами, часто удается сформулировать как (пусть весьма специфические) физико-химические задачи.

Если биологи надеются найти в теории информации, теории автоматического регулирования и других технических дисциплинах идеи и методы, пригодные для изучения биологических процессов управления, то инженеры, исследуя биологические процессы и системы, в свою очередь, стремятся найти новые принципы, которые можно было бы использовать в технике.

Таким образом, в результате развития «пограничных» наук (биофизики, биохимии, бионики), возникновения сходных направлений в

биологии и в технике (проблемы управления), а также развития инженерно-технических методов исследования биологических объектов биологам приходится работать бок о бок с физиками и химиками, инженерами и математиками.

Итак, само развитие биологии в последнее время делает естественным и необходимым все более широкое проникновение в нее математических методов. С другой стороны, в развитии современной математики появились новые направления, связанные с исследованием сложных систем и существенно увеличивающие возможности применения математических методов в биологии.

Начиная с 40-х гг. XX века математические методы проникают в медицину и биологию через кибернетику и информатику.

На протяжении многих лет идет дискуссия о путях и перспективах математизации биологии. Существует точка зрения, что прогресс невозможен без новых, биологических глав математики, полностью адекватных сущности моделируемых явлений. Противоположное мнение гласит, что современный математический аппарат достаточно развит и следует ограничиться поисками общих утверждений, объединяющих самые различные математические представления жизненных процессов. Попытки реализовать последний подход привели многих ученых в 90-е годы к выводу, что к биологическим законам плохо применимы методы физики и математики, так как до сих пор не удалось создать общую теорию живой материи, из которой следовали бы все специфические законы биологии.

Закон Харди - Вайнберга - положение популяционной генетики, гласящее, что в популяции бесконечно большого размера, в которой не действует естественный отбор, не идет мутационный процесс, отсутствует обмен особями с другими популяциями, не происходит дрейф генов, все скрещивания случайны - частоты генотипов по какому-либо гену (в случае если в популяции есть два аллеля этого гена) будут поддерживаться постоянными из поколения в поколение и соответствовать уравнению:

$$a^2 + 2ab + b^2 = 1,$$

где a, b – доли двух видов, $b = 1 - a$, т.е. другие виды не влияют на их скрещивание; $2ab$ – доля союзов и объединений между видами.

В медицинской генетике закон Харди - Вайнберга позволяет оценить популяционный риск генетически обусловленных заболеваний, поскольку каждая популяция обладает собственным аллелофондом и, соответственно, разными частотами неблагоприятных аллелей. Зная частоты рождения детей с наследственными заболеваниями, можно рассчитать структуру аллелофонда. В то

же время, зная частоты неблагоприятных аллелей, можно предсказать риск рождения больного ребёнка.

Первой содержательной математической моделью, описывающей биологические сообщества (если не считать исследований Фибоначчи популяции кроликов, приведших его к знаменитым числам, носящим его имя, а также исследований Мальтуса, приведших впоследствии к известному уравнению $x' = ax$ ($a > 0$) мальтузианского роста) была модель Лотки - Вольтерры.

Она описывает популяцию, состоящую из двух взаимодействующих видов. Первый из них, именуемый хищниками, при отсутствии второго вымирает по закону

$$x' = -ax \quad (a > 0), \quad (1)$$

а второй - жертвы - при отсутствии хищников неограниченно размножается в соответствии с законом Мальтуса.

Для наглядности сначала выводим уравнение (1), а потом продолжим исследование, учитывая второй взаимодействующий вид [1].

Отметим, что, само уравнение (1) в некоторых предположениях описывает динамику численности изолированной популяции, находящуюся в неизменных условиях и не подвергающуюся внешнему воздействию. Если нас интересует только временная динамика, то состояние системы можно полностью описать единственным числом - например, численностью популяции N . Модели, не учитывающие пространственную организацию популяции, называются локальными или с полным перемешиванием. В терминах популяционной биологии это означает два факта: во-первых, каждая особь популяции имеет одинаковый доступ к ресурсам, во-вторых, вероятность встретить другую особь постоянна и одинакова для всех пар популяции.

В качестве примера можно привести популяцию морских котиков. Вне зависимости от численности популяции плотность морских котиков на лежбищах (т.е. число особей на единицу площади) остается постоянной. Таким образом, при записи и анализе математических моделей с самого начала нужно хорошо понимать о каких единицах измерения идет речь.

Так как численность не может быть отрицательной, то пространство состояний в данном примере $X = R_+$, бунда $R_+ = \{x \in R: x \geq 0\}$. Здесь следует отметить, что если рассматривать численность как функцию времени, то очевидно, что эта функция целочисленна, т.е. $x(t) = \{x \in Z: x \geq 0\}$. Величина

$$\frac{x(t + \Delta t) - x(t)}{\Delta t}$$

описывает среднюю скорость роста в интервале времени $(t, t + \Delta t]$. Если численность популяции велика, то скачки, вызванные рождением и смертью

отдельных индивидуумов, выглядят пренебрежимо малыми на графике функции $x(t)$. Поэтому мы постулируем существование производной по времени

$$\frac{dx(t)}{dt} = \lim_{\Delta t \rightarrow 0} \frac{x(t + \Delta t) - x(t)}{\Delta t}$$

Здесь и далее будем обозначать производную по времени точкой над переменной:

$$\frac{dx(t)}{dt} \equiv \dot{x}.$$

Величина \dot{x}/x - показывает средний вклад одного индивидуума в популяционный рост.

Для упрощения задачи предположим, что скорость роста изолированной популяции пропорциональна численности этой популяции. В этом случае динамику рассматриваемой системы можно описать дифференциальным уравнением

$$\dot{x} = ax \tag{2}$$

где a - параметр задачи, темп роста популяции. В математической биологии это простое уравнение часто называют моделью Мальтуса в честь Томаса Мальтуса, который применил ее для описания численности населения Земли.

Интегрируя уравнение (2), получим

$$x(t) = x_0 e^{a(t-t_0)},$$

где x_0 - численность популяции в начальный момент времени t_0 . Если $a > 0$, то популяция растет с экспоненциальным ростом, если $a < 0$, то популяция вымирает. Интерпретируя решения уравнения (2), Мальтус утверждал, что в человеческом обществе существует абсолютный закон безграничного размножения особей. При этом рост населения идет в геометрической прогрессии, в то время как средства существования увеличиваются лишь в арифметической. «Человек, появившийся на свет, уже занятый другими людьми, если он не получил от родителей средств к существованию, если общество не нуждается в его труде, не имеет никакого права требовать для себя пропитания, ибо он совершенно лишний на этом свете. На великом пиршестве природы для него нет прибора. Природа приказывает ему удалиться, и если он не может прибегнуть к состраданию кого-либо из пирующих, она сама принимает меры к тому, чтобы ее приказание было приведено в исполнение».

Здесь следует отметить, что, абсолютизируя роль биологических факторов в воспроизводстве населения, Мальтус, основываясь на интерпретации экспоненциального роста решений задачи (2), не оценил должным образом ее адекватности, соответствия реальности.

Например, если предположить, что рост народонаселения всегда происходил с тем же коэффициентом размножения, что и в настоящее время

(удвоение за 40 лет), то получится, что человечество существует всего лишь 32 поколения, т.е. около 1300 лет. Замечательный факт состоит в том, что модель Мальтуса все же оказалась применима на определенных этапах к широкому классу динамических процессов, которые в основном наблюдались в лабораторных условиях.

Интересно, что более точно реальный рост народонаселения можно описать не экспоненциальной, а гиперболической кривой, если брать достаточно надежные оценки численности населения Земли в промежутке от 1500 до 2000 годов, которая задается выражением

$$x(t) = \frac{C}{(T - t)^k} \quad (3)$$

где $C \approx 2 \cdot 10^{11}$, $T = 2026$, $k \approx 1$.

Как показывает статистика, формула (3) с достаточно высокой точностью описывает рост населения Земли в течение последних 500 лет. Сам факт гиперболического роста достаточно удивителен, так как он означает, что с ростом населения скорость роста увеличивается, а не уменьшается, как было бы естественно предположить.

Формула (3) становится неприменимой при t , стремящемся к «критической дате» демографического взрыва, - 2026 году. Неприменима она и при $t \rightarrow -\infty$ поскольку оказывается, что во времена возникновения Вселенной уже существовало примерно 10 человек. Современные прогнозы, основанные на более точных моделях (которые, однако, включают в себя как составную часть модель гиперболического роста), показывают, что численность человечества в обозримом будущем стабилизируется на уровне $x_\infty \approx 12 \cdot 10^9$. Такой же прогноз дается ООН.

Продолжим исследование модели Лотки - Вольтерры. Так, взаимодействие двух видов моделируется следующим образом. Жертвы вымирают со скоростью, равной числу встреч хищников и жертв, которое в данной модели предполагается пропорциональным численности обеих популяций, т.е. равной dxy ($d > 0$). Поэтому

$$\dot{y} = by - dxy.$$

Хищники же размножаются со скоростью, пропорциональной числу съеденных жертв:

$$\dot{x} = -ax + cxy$$

($c > 0$). Система уравнений

$$\dot{x} = -ax + cxy,$$

$$\dot{y} = by - dxy,$$

описывающая такую популяцию хищник - жертва и называется системой (или моделью) Лотки - Вольтерры.

Теперь, покажем применение математики в медицине на примере простейшей математической модели эпидемии.

Отметим здесь же, что вышеописанные приложения дифференциальных уравнений в биологии и химии тоже имеют медицинский оттенок, поскольку в медицине важную роль играет исследование различных биологических популяций (например, популяции болезнетворных бактерий) и исследование химических реакций в организме (например, ферментативных). В модели описывается распространение инфекционного заболевания в изолированной популяции. Особи популяции делятся на три класса. Инфицированный класс численностью $S(t)$ (t - время) состоит из инфицированных (заболевших) особей, каждая из этих особей заразна (предполагается, что инкубационный период заболевания пренебрежимо короток). Второй класс численностью $I(t)$ составляют восприимчивые особи, т.е. особи, которые могут заразиться при контакте с инфицированными особями. И, наконец, третий класс состоит из невосприимчивых особей (приобретших иммунитет или погибших в результате заболевания). Его численность обозначается $R(t)$. Предполагается также, что общая численность популяции n постоянна (т.е. не учитываются рождения, естественные смерти и миграция). Две гипотезы, лежащие в основе модели таковы:

1) заболеваемость в момент времени t равна $S(t)I(t)$ (эта гипотеза основывается на правдоподобном предположении, что число заболевающих пропорционально числу встреч между больными и восприимчивыми особями, которое в свою очередь в первом приближении пропорционально $S(t)I(t)$); таким образом численность класса x растет, а численность класса y убывает со скоростью $aS(t)I(t)$ ($a > 0$);

2) численность становящихся невосприимчивыми особей (приобретших иммунитет или погибших) растет со скоростью, пропорциональной численности заболевших, т.е. со скоростью $bS(t)$ ($b > 0$).

Чтобы записать математическую модель распространения эпидемий, предположим, что все контакты равновероятны, скорость перехода инфицированных в класс получивших иммунитет есть заданная величина b . Тогда распространение эпидемии может быть описано следующей системой:

$$\begin{cases} \dot{S} = - aSI, \\ \dot{I} = aSI - bI, \\ \dot{R} = bI, \end{cases}$$

где a, b - положительные параметры. Эта система - классическая модель распространения эпидемий Кермака–Маккендрика (так называемая SIR модель, произносится «эс-ай-ар модель»).

Применение математических методов к изучению тех или иных явлений реального мира требует прежде всего создания соответствующих общих понятий, то есть построения математических моделей, описывающих в абстрактной форме основные свойства тех систем и процессов, которые изучаем. Мы упоминали и о трудностях построения таких моделей в биологии, обусловленных чрезвычайной сложностью биологических систем. Несмотря на эти трудности, «модельный» подход к биологическим проблемам сейчас успешно развивается и уже принес определенные результаты.

Хотя термин «модель» мы понимаем в абстрактном смысле - как некоторую систему логических понятий, а не как реальное физическое устройство, все же модель - это нечто существенно большее, чем простое описание явления или чисто качественная гипотеза, в которой еще остается достаточно места для разного рода неясностей и субъективных мнений.

Отметим, что при математическом моделировании сложных биологических процессов модели выражаются через систему обыкновенных нелинейных дифференциальных уравнений и уравнений с частными производными. Заметим, что разные задачи для нелинейных дифференциальных уравнений были исследованы в работах [2-12].

Известно, что гармонический оператор, также известный как лапласиан ∇^2 , является дифференциальным оператором. Дискретный гармонический оператор возмущенный одномерным потенциалом, в импульсном представлении можно рассматривать как модель Фридрикса в $L_2(T^d)$, где T^d - d -мерный тор. Напомним, что спектр модели Фридрикса и обобщенной модели Фридрикса широко применяются при изучении спектральных свойств модельных операторов, ассоциированный с системой трех частиц на d -мерной решетке [13-20] и операторных матриц в обрезанных подпространствах Фока [21-28], соответственно.

Изучение задач этих типов требует от исследователей (студентов) наличия знаний, навыков и компетенций, позволяющих самостоятельно обсуждать исследуемые задачи [29, 30].

REFERENCES

1. Расулов Х.Р., Раупова М.Х. Роль математики в биологических науках // Проблемы педагогики, 53:2 (2021), с. 7-10.
2. Расулов Х.Р., Яшиева Ф.Ю. Икки жинсли популяциянинг динамикаси хакида // Scientific progress, 2:1 (2021), p. 665-672.

3. Расулов Х.Р., Яшиева Ф.Ю. О некоторых вольтерровских квадратичных стохастических операторах двуполой популяции с непрерывным временем // Наука, техника и образование, 72:2-2 (2021) с.23-26.
4. Расулов Х.Р., Собиров С.Ж. Задача типа задач Геллерстедта для одного уравнения смешанного типа с двумя линиями вырождения // Scientific progress, 2:2 (2021), p. 42-48.
5. Расулов Х.Р. и др. О разрешимости задачи Коши для вырождающегося квазилинейного уравнения гиперболического типа // Ученый XXI века, международный научный журнал, 53:6-1 (2019), с.16-18 .
6. Расулов Х.Р. Об одной нелокальной задаче для уравнения гиперболического типа // XXX Крымская Осенняя Математическая Школа-симпозиум по спектральным и эволюционным задачам. Сборник материалов международной конференции КРОМШ-2019, с. 197-199.
7. Расулов Х.Р., Рашидов А.Ш. О существовании обобщенного решения краевой задачи для нелинейного уравнения смешанного типа // Вестник науки и образования, 97:19-1 (2020), С. 6-9.
8. Расулов Х.Р., Джуракулова Ф.М. Об одной динамической системе с непрерывным временем // Наука, техника и образование, 72:2-2 (2021) с.19-22.
9. Расулов Х.Р., Камариддинова Ш.Р. Об анализе некоторых невольтерровских динамических систем с непрерывным временем // Наука, техника и образование, 72:2-2 (2021) с.27-30.
10. Расулов Х.Р., Джуракулова Ф.М. Баъзи динамик системаларнинг сонли ечимлари хакида // Scientific progress, 2:1 (2021), p. 455-462.
11. Расулов Х.Р. Об одной краевой задаче для уравнения гиперболического типа // «Комплексный анализ, математическая Физика и нелинейные уравнения» Международная научная конференция Сборник тезисов Башкортостан РФ (оз. Банное, 18 – 22 марта 2019 г.), с.65-66.
12. Rasulov X.R., Qamariddinova Sh.R. Ayrim dinamik sistemalarning tahlili haqida // Scientific progress, 2:1 (2021), p. 448-454.
13. Расулов Т.Х., Расулов Х.Р. Ўзгариши чегараланган функциялар бўлимини ўқитишга доир методик тавсиялар // Scientific progress, 2:1 (2021), p. 559-567.
14. Bahronov B.I., Rasulov T.H. Structure of the numerical range of Friedrichs model with rank two perturbation // European science, 2-2:51 (2020), pp. 15-18.
15. Rasulov T.H., Bahronov B.I. Threshold eigenvalues and resonances of a Friedrichs model with rank two perturbation // Scientific reports of Bukhara State University, 3 (2020), pp. 31-38.
16. Хайитова Х., Ибодова С. Алгоритм исследования собственных значений модели Фридрихса // Наука, техника и образование, 2-2:77 (2021), с. 48-52.
17. Хайитова Х.Г. О числе собственных значений модели Фридрихса с двумерным возмущением // Наука, техника и образование, 8:72 (2020), с. 5-8.

18. Umirkulova G.H., Rasulov T.H. Characteristic property of the Faddeev equation for three-particle model operator on a one-dimensional lattice // *European science*, 2:51 (2020), pp. 19-22.
19. Kurbonov G.G., Rasulov T.H. Essential and discrete spectrum of the three-particle model operator having tensor sum form // *Academy*, 4:55 (2020), pp. 8-13.
20. Ҳайитова Ҳ.Ғ, Рахматова Д.С. Панжарадаги уч ўлчамли кўзғалишга эга биладельан операторига мос Фредгольм детерминанти ҳақида // *Scientific progress*, 1:2 (2021), 44-52 б.
21. Расулов Т.Х., Дилмуродов Э.Б. Бесконечность числа собственных значений операторных (2x2)-матриц. Асимптотика дискретного спектра // *ТМФ*, 3:205 (2020), с. 368-390.
22. Rasulov T.H., Dilmurodov E.B. Analysis of the spectrum of a 2x2 operator matrix. Discrete spectrum asymptotics // *Nanosystems: Phys., Chem., Math.*, 2:11 (2020), pp. 138-144.
23. Muminov M., Rasulov T., Tosheva N. Analysis of the discrete spectrum of the family of 3x3 operator matrices // *Comm. in Math. Analysis*, 1:11 (2019), pp. 17-37.
24. Расулов Т.Х., Дилмуродов Э.Б. Связь между числовым образом и спектром модели Фридрикса с двумерным возмущением // *Молодой ученый*, 9 (2015), с. 20-23.
25. Тошева Н.А., Исмоилова Д.Э. Явный вид резольвенты обобщенной модели Фридрикса // *Наука, техника и образование*, 2-2:77 (2021), с. 39-43.
26. Расулов Т.Х., Дилмуродов Э.Б. Исследование числовой области значений одной операторной матрицы // *Вестн. Самарск. госуд. техн. ун-та. Сер. Физ.-мат. науки.*, 35:2 (2014), с. 50–63.
27. Rasulov T.H., Tosheva N.A. Analytic description of the essential spectrum of a family of 3x3 operator matrices // *Nanosystems: Phys., Chem., Math.*, 5:10 (2019), pp. 511-519.
28. Расулов Т.Х., Дилмуродов Э.Б. Связь между числовым образом и спектром модели Фридрикса с двумерным возмущением // *Молодой ученый*, 9 (2015), с. 20-23.
28. Ахмедов О.С. Метод «диаграммы венна» на уроках математики // *Наука, техника и образование*, 8: 72 (2020), с.40-43.
29. Расулов Х.Р., Рашидов А.Ш. Организация практического занятия на основе инновационных технологий на уроках математики // *Наука, техника и образование*, 72:8 (2020) с.29-32.