

УДК 519.622

## МЕТОДЫ РЕДУКЦИИ В МОДЕЛИ МИКРОБИОЛОГИИ

Юдаев С. А., Щепакينا Е. А.

Самарский государственный аэрокосмический университет имени академика  
С. П. Королёва (национальный исследовательский университет), г. Самара

В работе рассматривается трёхмерная математическая модель парадокса обогащения в биосистеме «бактерии-вирусы». Исследование модели проводится на основе качественной теории интегральных многообразий. Исследуется вопрос о корректности методов редукции, используемых при анализе моделирующей системы. Показано, что не все методы редукции одинаково применимы, так как некоторые из них могут привести к потере важных свойств качественного поведения решений редуцированной системы. В частности, неудачный выбор метода редукции может привести к потере бифуркации, имеющей место в исходной модели.

Классическая система «хищник-жертва» описывает экологически здоровую окружающую среду, в которой поддерживается баланс популяции хищников и жертв. Однако парадокс обогащения гласит: популяция жертвы возрастает, но возросшая численность жертвы в закрытой экосистеме ведёт к возрастанию популяции хищника. Вместо того чтобы восстановить баланс, по сути, происходит обратное: популяция хищника настолько возрастает, что может полностью истребить жертву на данной территории, а потом исчезнет и сам хищник.

Математически данный парадокс может быть описан как следствие наличия в модели бифуркации Андронова-Хопфа. В данной работе рассматривается модель следующего вида [1]:

$$\begin{aligned} \dot{x} &= ax - bx(x + y) - axv, \\ \dot{y} &= axv - dy, \\ \dot{v} &= \bar{\sigma}y - \bar{m}v - axv. \end{aligned} \tag{1}$$

Модель содержит три переменные:  $x(t)$  – концентрация незаражённых бактерий-переносчиков вируса, т. е. здоровые бактерии, которые теоретически могут быть подвергнуты заражению;  $y(t)$  – концентрация заражённых бактерий;  $v(t)$  – свободные вирусы;  $a, b$  – коэффициенты репродукции для бактерий и вирусов, соответственно;  $\alpha$  – константа скорости контакта бактерий с вирусами. Предполагается, что популяция бактерий росла согласно логистическому уравнению; свободные вирусы появляются из заражённых бактерий в момент их гибели (примем  $\bar{\sigma} = Nd$ , где  $N$  – среднее число вирусов, порождаемое одной заражённой бактерией); заражение бактерий происходит согласно закону действующих масс; средние продолжительности жизни заражённой бактерии и свободного вируса равны  $1/d$  и  $1/\bar{m}$ , соответственно.

Установлено, что система (1) имеет устойчивый предельный цикл, см. рис. 1 (а), наличие которого означает, что популяции бактерий и вирусов находятся в хрупком равновесии. Число популяции может убывать или возрастать, но вымирания не происходит – бактерии и вирусы успешно сосуществуют. Однако, осуществив редукцию системы (1) с помощью нулевого приближения медленного интегрального многообразия [2], мы получим двумерную систему:

$$\begin{aligned} \dot{x} &= ax - bx(x + y) - \alpha x \sigma y / \bar{m}, \\ \dot{y} &= \alpha x \sigma y / \bar{m} - dy, \end{aligned} \tag{2}$$

положение равновесия которой всегда асимптотически устойчиво. Следовательно, в системе (2) не наблюдается бифуркация Андронова-Хопфа и предельного цикла не

существует ни при каких значениях параметров системы. Это означает, что система редуцированная таким образом не обладает теми же качествами, что и исходная трёхмерная модель.

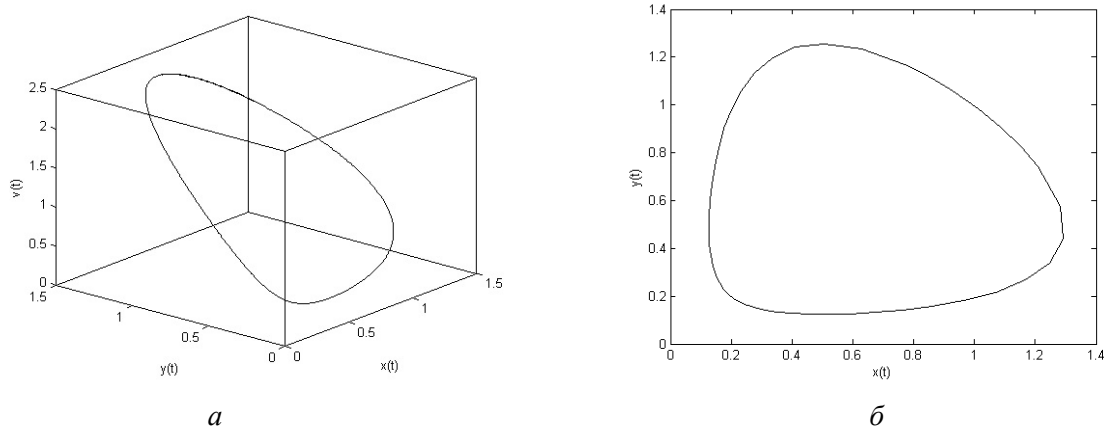


Рис. 1. Предельный цикл (а) системы (1) и (б) системы (3)  
при  $a = 1,0$ ,  $b = 0,029$ ,  $\alpha = 1,0$ ,  $d = 1,0$ ,  $\sigma = 2,0$ ,  $\varepsilon = 0,01$

Если же осуществить редукцию с помощью первого приближения медленного интегрального многообразия, построенного итерационным методом [2], то редуцированная система

$$\dot{x} = ax - bx^2 - \left( \frac{\alpha\sigma \left(1 + \frac{\varepsilon d}{\bar{m}}\right)x}{\bar{m} + \varepsilon\alpha \left(1 + \frac{\sigma}{\bar{m}}\right)x} + bx \right) y, \quad (3)$$

$$\dot{y} = \frac{\alpha\sigma \left(1 + \varepsilon d / \bar{m}\right)x}{\bar{m} + \varepsilon\alpha \left(1 + \sigma / \bar{m}\right)x} y - dy$$

сохраняет особенности качественного поведения исходной системы. Как видно из рисунка 1 (б), предельный цикл системы (3) является проекцией трёхмерного цикла системы (1) на плоскость  $Oxy$ . Таким образом, выбор метода редукции обусловлен требуемой степенью точности.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ 14-01-97018\_p.

#### Библиографический список

1. Sobolev V., Shchepakina E., Korobeinikov A.. Models order reduction and equivalence: paradox of enrichment is a 3-dim bacteriophages dynamics model as case study. – Preprint / Centre de Recerca Matemàtica. Preprint # 1201. – Bellaterra (Barcelona), 2014.– 12 p.

2. Соболев В. А., Щепакина Е. А. Редукция моделей и критические явления в макрокинетике. – М.: Физматлит, 2010. – 320 с.