ლექცია 14

9. ბიოლოგიური პროცესების ზოგიერთი დიფერენციალური მოდელი. მარტივი დიფერენციალური განტოლებები

9.1. პოპულაციის რაოდენობის დინამიკის მოდელი

პოპულაციის რაოდენობის დინამიკა (ე. ი. ცოცხალ ინდივიდთა საერთო რაოდენობის ცვლილება პოპულაციაში შობადობისა და სიკვდილიანობის გათვალისწინებით) ერთ-ერთი უმნიშვნელოვანესი საკითხია პოპულაციის ეკოლოგიაში. თუ პოპულაციას იზოლირებულად, კვების რესურსებს განუსაზღვრელად, ხოლო ახალი თაობის ნაზრდს ზრდასრულ ინდივიდთა რაოდენობის პროპორციულად ჩავთვლით, მაშინ პოპულაციის რაოდენობის დინამიკა ხასიათდება

$$\frac{d\,x(t)}{dt} = \gamma\,x(t) \tag{9.1.1}$$

დიფერენციალური განტოლებით, სადაც

$$x = x(t)$$

პოპულაციის რაოდენობაა დროის t მომენტში, γ – პროპორციულობის კოეფიციენტი. (9.1.1) წარმოადგენს მარტივი დიფერენციალური განტოლების [რადგან უცნობი ფუნქცია დიფერენციალის (გაწარმოების) ნიშნის ქვეშაა, მას *დიფერენციალური განტოლება* ეწოდება] მაგალითს. ვთქვათ, x_0 პოპულაციის რაოდენობაა საწყის t_0 მომენტში, ე. ი.

$$x(t_0) = x_0 \tag{9.1.2}$$

და ვიპოვოთ პოპულაციის $x(t)$ რაოდენობა დროის $t > t_0$ მომენტში. (9.1.1)-დან გვექნება

$$\frac{1}{x(t)}\frac{d\,x(t)}{dt} = \gamma, \text{ ე. ი. } \frac{d\ln x(t)}{dt} = \gamma\,. \tag{9.1.3}$$

ვაინტეგროთ (9.1.3) t_0-დან t-მდე:

$$\int_{t_0}^{t} \frac{d\,\ln x(t)}{dt}\,dt = \int_{t_0}^{t} \gamma\,dt\,,$$

საიდანაც

$$\ln x(t) - \ln x(t_0) = \gamma \int_{t_0}^{t} dt\,.$$

ცხადია,

$$\ln\frac{x(t)}{x(t_0)} = \gamma(t - t_0)\,.$$

პოტენცირებით და (9.1.2)-ის გათვალიწინებით მივიღეთ, რომ

$$x(t) = x_0\,e^{\gamma(t-t_0)}\,. \tag{9.1.4}$$

(9.1.2) პირობას *საწყისი პირობა* ეწოდება, ხოლო (9.1.1), (9.1.2) ამოცანას – *კოშის ამოცანა*. ამრიგად, ამ უკანასკნელი ამოცანის ამონახსნი ვიპოვეთ (9.1.4) სახით.

9.2. ფერჰულსტის მოდელი პოპულაციის რაოდენობის დინამიკაში

პოპულაციის დინამიკის უფრო ზუსტ აღწერას იძლევა *ფერჰულსტის*[*)] *განტოლება*, რომელიც მიღებულია 1845 წელს. ის ითვალისწინებს პოპულაციაში შიდასახეობათა კონკურენციას, რომელიც პოპულაციის ზრდის სიჩქარეს აფერხებს, რაც ბევრი მიზეზით აიხსნება: ბრძოლით ადგილისა და საკვებისთვის, ინფექციის გავრცელებით და ა. შ.

ამ განტოლებას აქვს

$$\frac{dx}{dt} = \gamma x - \delta x^2$$

სახე, სადაც δ პოპულაციაში შიდაბრძოლის კოეფიციენტია, რომელიც სხვადასხვა პოპულაციისთვის სხვადასხვაა.

9.3. ეპიდემიათა თეორიის დიფერენციალური მოდელი

ვთქვათ, ინფექციის გადაცემის პროცესი ბევრად უფრო სწრაფია, ვიდრე ავადმყოფობის მიმდინარეობა. ჩვენ გვაინტერესებს ინფექციის გადაცემის პროცესის შესწავლა. ვუშვებთ, რომ დაავადებული ინდივიდები კოლონიიდან არ გადიან და ინფექციას ჯანმრთელ ინდივიდებს გადასცემენ.

ვთქვათ, a ინფიცირებულთა რაოდენობაა, ხოლო n არაინფიცირებულთა რაოდენობა საწყისი მომენტისთვის;

$$x = x(t)$$

– არაინფიცირებულთა რაოდენობა, ხოლო

$$y = y(t)$$

ინფიცირებულთა რაოდენობაა დროის t მომენტისთვის. ცხადია, ყველა მომენტისთვის $0 \le t \le T$[*)] შუალედიდან ადგილი აქვს

$$x + y = n + a. \qquad (9.3.1)$$

ტოლობას.

რადგანაც ინფექცია ინფიცირებულთა და არაინფიცირებულთა შეხვედრის დროს გადაეცემა, ამიტომ არაინფიცირებულთა რაოდენობა შეხვედრათა რაოდენობის, ე.ი. xy ნამრავლის პროპორციულად კლებულობს. ამიტომ არაინფიცირებულთა რაოდენობის შემცირების სიჩქარე

$$\frac{dx}{dt} = -\beta xy, \qquad (9.3.2)$$

სადაც $\beta > 0$ პროპორციულობის კოეფიციენტია. (9.3.1)-დან განვსაზღვროთ y-ის მნიშვნელობა და ჩავსვათ (9.3.2)-ში, მივიღებთ

$$\frac{dx}{dt} = -\beta x(n + a - x).$$

ჯერ გავიხსენოთ მოდელთან დაკავშირებული ზოგიერთი ცნება.

ბაქტერიები – უმეტესად ერთუჯრედიანი ორგანიზმების ჯგუფი. განეკუთვნება „ატომამდელ“ – ბირთვამდე მოლეკულურ ფორმებს – პროკარიოტებს. სფერული (კოკები), ღეროსებური (ბაცილები), ძაფისებური დაგრეხილი (ვიბრიონები), სპირალისებური; იკვებებიან სხვადასხვა

[*)] პიერ ფ. ფერჰულსტი (Verhulst) (1804-1849) – ბელგიელი მათემატიკოს-ბიოლოგი

[*)] $[0, T]$ შუალედი ერთი თაობის სიცოცხლის ხანგრძლივობაზე ნაკლები უნდა იყოს.

ორგანული ნივთიერებებით ან ქმნიან არაორგანულიდან ორგანულ ერთუჯრედიან ნივთიერებებს.

ვირუსები – მცირე ზომის არაუჯრედოვანი ნაწილაკები, რომლებიც შედგება ნუკლეინური (მაღალმოლეკულური ორგანული ნაერთები შედგება აზოტური საფუძვლის, ნახშირბადის და ფოსფორული მჟავეების ნარჩენებისგან) მჟავისაგან და ცილოვანი (ცილები – მაღალმოლეკულური ორგანული ნივთიერებები შედგება 20 ტიპის ამინომჟავისგან და წარმოადგენენ ორგანიზმების სიცოცხლისუნარიანობის პროცესების საფუძველს) გარსისაგან. ფორმა ღეროსებურია (ჩხირისებური) 10 დან-3000 ნანომეტრამდე და უფრო დიდებიც; უჯრედშიგა პარაზიტებია. იყენებენ მათ ფერმერტულ აპარატს და გარდაქმნიან მომწიფებული ვირუსების სინთეზად. იწვევენ დაავადებებს.

ისტორიიდან ცნობილია ფაქტები, როდესაც სხვადასხვა ეპიდემიური დაავადებისგან (ქოლერა, შავი ჭირი, გრიპი და სხვა) მრავალი ადამიანი იღუპებოდა. იმისთვის, რომ ეფექტურად ვებრძოლოთ ამ დაავადებათა გავრცელებას, საჭიროა, წინასწარ განისაზღვროს, თუ რა შედეგი მოჰყვება დაავადების საწინააღმდეგო ღონისძიებებს, ე.ი. საჭიროა მოხდეს სხვადასხვა ღონისძიების ჩატარების შედეგად ავადმყოფთა რაოდენობის დინამიკის პროგნოზირება. აქედან გამომდინარე, მივდივართ ისეთი მათემატიკური მოდელის შექმნის აუცილებლობამდე, რომელიც დაავადების გავრცელების გარკვეული პროგნოზირების საშუალებას იძლევა.

სიმარტივისთვის ჯერ განვიხილოთ სიტუაცია, როდესაც არაფერი კეთდება ამა თუ იმ ეპიდემიის გავრცელების წინააღმდეგ, ე.ი. მოვახდინოთ ეპიდემიის გავრცელების ბუნებრივი პროცესის პროგნოზირება.

ცხადია, მათემატიკური მოდელი ეპიდემიის გავრცელებაზე სხვადასხვა ფაქტორის გავლენას უნდა ითვალისწინებდეს. მაგალითად, გათვალისწინებული უნდა იყოს ის კანონები, რომელთა მიხედვითაც ხდება ამა თუ იმ ვირუსის გამრავლება, ცალკეული ადამიანის იმუნიტეტი ამა თუ იმ დაავადების მიმართ, ინფექციის მატარებელი ადამიანების შეხვედრის ალბათობა ჯანმრთელ ადამიანებთან და მრავალი სხვა ფაქტორი. სხვა სიტყვებით რომ ვთქვათ, ეპიდემიის ასე თუ ისე სრული მოდელი უნდა შეიცავდეს იმ კვლევის შედეგებს, რომელსაც მეცნიერების სულ ცოტა ოთხი დარგი მაინც აწარმოებს, კერძოდ, მიკრობიოლოგია, მედიცინა, ფარმაკოლოგია და სოციალური ფსიქოლოგია.

რადგან ჩვენი მიზანი მხოლოდ საილუსტრციო მოდელის შედგენაა, ამიტომ მათემატიკური მოდელის შედგენისას ბევრ ფაქტორს არ გავითვალისწინებთ. ამის მიუხედავად, ასეთი უხეში მოდელის საშუალებითაც კი შეიძლება ეპიდემიის გავრცელების მექანიზმის აღწერა მის გარკვეულ ეტაპზე.

ამრიგად, განვიხილოთ ადამიანების ჯგუფი, რომელიც N ინდივიდისგან შედგება. ვთქვათ, $t=0$ მომენტში ამ ჯგუფში მოხვდა ავადმყოფი N_0 ადამიანი (ინფექციის წყარო). ვიგულისხმოთ, რომ ამ ჯგუფისგან არც ერთი ავადმყოფის ჩამოშორება (მაგ., კარანტინის საშუალებით) არ ხდება, ასევე არ არის არც გამოჯანმრთელებისა და არც სიკვდილის შემთხვევები. ასეთი დაშვებები სრულიად ბუნებრივია ეპიდემიის დაწყებიდან დროის მცირე ინტერვალის განმავლობაში. ჩავთვალოთ აგრეთვე, რომ ნებისმიერი ადამიანი ინფექციის წყაროდ ითვლება მაშინვე, როდესაც ის დაავადდება.

აღვნიშნოთ t მომენტში დაავადებული ადამიანების რაოდენობა $x(t)$ სიმბოლოთი, ხოლო ჯერჯერობით ჯანმრთელი ადამიანების რაოდენობა – $y(t)$ სიმბოლოთი. ცხადია, ჩვენი დაშვებების პირობებში t-ს ნებისმიერი მნიშვნელობისთვის სამართლიანია

$$x(t)+y(t)=N \qquad (9.3.3)$$

ტოლობა. როდესაც $t=0$, მაშინ $x(0)=N_0$.

ცხადია, დაავადებული ადამიანების რაოდენობის ცვლილების სიჩქარე დამოკიდებულია ავადმყოფი და ჯანმრთელი ადამიანების შეხვედრაზე, ე.ი. შეიძლება ჩავთვალოთ, რომ ეს სიჩქარე $x(t)\cdot y(t)$ ნამრავლის პროპორციულია. ამ დაშვების საფუძველზე შეგვიძლია დავწეროთ

$$\frac{dx}{dt}=\alpha x(t)y(t)$$

ან, თუ $(9.3.3)$ ტოლობას გავითვალისწინებთ, ბერნულის[*)]

$$\frac{dx}{dt}=\alpha x(N-x) \tag{9.3.4}$$

განტოლება, სადაც $\alpha>0$ გარკვეული მუდმივია. მიღებული დიფერენციალური განტოლებისთვის განვიხილოთ კოშის ამოცანა

$$x(0)=N_0 \tag{9.3.5}$$

საწყისი პირობით.

$(9.3.4)$, $(9.3.5)$ წარმოადგენს ეპიდემიის გავრცელების უმარტივეს მოდელს, რომლის საშუალებითაც დროის ნებისმიერ t მომენტში დაავადებული ადამიანების რაოდენობის განსაზღვრა შეიძლება.

ამოვხსნათ ეს ამოცანა. ამ მიზნით შემოვიღოთ

$$U(t)=\frac{1}{x(t)}$$

აღნიშვნა, საიდანაც მივიღებთ, რომ

$$\frac{dU}{dt}=-\frac{1}{x^2(t)}\frac{dx}{dt}=-\frac{1}{x^2(t)}\alpha x(t)\left[N-x(t)\right]=-\frac{\alpha N}{x(t)}+\alpha=-\alpha NU(t)+\alpha.$$

თუ ამ უკანასკნელ ტოლობას გავითვალისწინებთ, $(9.3.4)$ განტოლება შეიძლება შემდეგი სახით ჩავწეროთ:

$$\frac{dU}{dt}=-\alpha NU+\alpha\,, \tag{9.3.6}$$

რადგან $x(0)=N_0$, ამიტომ $U(0)=\dfrac{1}{N_0}$.

ადვილად შეიძლება დავამტკიცოთ, რომ $U(0)=\dfrac{1}{N_0}$ საწყისი პირობების გათვალისწინებით $(9.3.6)$ განტოლების ამონახსნს წარმოადგენს შემდეგი ფუნქცია:

$$U(t)=\frac{(N-N_0)}{NN_0}e^{-\alpha N t}+\frac{1}{N}\,,$$

საიდანაც მივიღებთ, რომ

$$x(t)=\frac{NN_0}{N_0+(N-N_0)e^{-\alpha N t}}. \tag{9.3.7}$$

მართლაც, თუ გამოვიყენებთ $(3.1.13)$[*)] ფორმულას, გვექნება, რომ

[*)] ეს მოდელი მოყვანილია შემდეგ წიგნში: W.E. Boyce, R.C. DiPrima, Elementary Differential Equations and Boundary Value Problems, John Wiley & Sons, 2001, იხ. გვ. 87
N.T.J. Bailey, The Mathematical Theory of Infections Disiases and Applications, New York: Hafner Press, 1975

[*)] იხილეთ ნ. ჩინჩალაძე, გ. ჯაიანი. უმაღლესი მათემატიკა, ნაწილი II, დიფერენციალური მოდელები. თბილისის უნივერსიტეტის გამომცემლობა, 2009.

$$U(t)=e^{-\alpha N\int_0^t dt}\left(c+\int_0^t \alpha e^{\alpha N\int_0^t d\tau}dt\right)=e^{-\alpha Nt}\left(c+\alpha\int_0^t e^{\alpha Nt}dt\right)$$

$$=e^{-\alpha Nt}\left(c+\alpha\cdot\frac{1}{\alpha N}\int_0^t de^{\alpha Nt}\right)=e^{-\alpha Nt}\left[c+\frac{1}{N}\left(e^{\alpha Nt}-1\right)\right].$$

აქ ჩავსვათ $t=0$ და დავაკმაყოფილოთ საწყისი პირობა, მაშინ

$$U(0)=c=\frac{1}{N_0}.$$

ამრიგად,

$$U(t)=e^{-\alpha Nt}\left(\frac{1}{N_0}+\frac{e^{\alpha Nt}}{N}-\frac{1}{N}\right)=\frac{1-e^{-\alpha Nt}}{N}+\frac{e^{-\alpha Nt}}{N_0}=\frac{\left(1-e^{-\alpha Nt}\right)N_0+Ne^{-\alpha Nt}}{NN_0}.$$

საიდანაც, რადგან

$$x(t)=\frac{1}{U(t)},$$

გამომდინარეობს (9.3.7).

გავაანალიზოთ მიღებული ფორმულა. t-ს ზრდასთან ერთად წილადის მნიშვნელი მცირდება, ე.ი. $x(t)$ იზრდება. ეს შეესაბამება ჩვენს ვარაუდს, რომ ავადმყოფთა რაოდენობა შეიძლება მხოლოდ გაიზარდოს. ცხადია, $\lim\limits_{t\to\infty}x(t)=N$, ე.ი. ყველა დაავადდება.

საინტერესოა, გამოვიკვლიოთ, თუ როგორ იცვლება დაავადებული ადამიანების რაოდენობის ზრდის სიჩქარე. ამ საკითხის შესასწავლად უნდა გამოვიკვლიოთ $\frac{d^2x}{dt^2}$ სიდიდე.

(9.3.7)-ის ორჯერ გაწარმოებით მივიღებთ, რომ

$$\frac{d^2x}{dt^2}=\frac{d}{dt}\left(\frac{d\,x}{dt}\right)=\frac{d}{dt}\frac{\alpha N^2N_0(N-N_0)e^{-\alpha Nt}}{\left[N_0+(N-N_0)e^{-\alpha Nt}\right]^2}$$

$$=\frac{-\alpha N^3N_0(N-N_0)e^{-\alpha Nt}\left[(N-N_0)e^{-\alpha Nt}+N_0\right]^2+2\alpha^2N^3N_0e^{-2\alpha Nt}\left[(N-N_0)e^{-\alpha Nt}+N_0\right]}{\left[N_0+(N-N_0)e^{-\alpha Nt}\right]^4}$$

$$=\frac{\alpha^2N^3N_0(N-N_0)\left[(N-N_0)e^{-2\alpha Nt}-N_0e^{-\alpha Nt}\right]}{\left[N_0+(N-N_0)e^{-\alpha Nt}\right]^3}.$$

აქედან გამომდინარეობს, რომ $\frac{d^2x}{dt^2}=0$, როდესაც $t=\frac{\ln\frac{N-N_0}{N_0}}{\alpha N}$, მართლაც მრიცხველში კვადრატულ ფრჩხილებში მოთავსებულის ნულთან ტოლობიდან ($e^{-\alpha Nt}$ – ზე შეკვეცის შემდეგ) გვექნება, რომ $(N-N_0)e^{-\alpha Nt}=N_0$ აქედან $\frac{(N-N_0)}{N_0}e^{-\alpha Nt}=1$, ბოლო ტოლობის გალოგარითმების შემდეგ მივიღებთ $\ln\frac{(N-N_0)}{N_0}-\alpha Nt=0$, ამრიგად, $t=\frac{\ln\frac{(N-N_0)}{N_0}}{\alpha N}$.

კერძოდ, თუ $N_0=1$,

როდესაც*) $t = \dfrac{\ln(N-1)}{\alpha N}$;

თუ $t \in \left[0, \dfrac{\ln(N-1)}{\alpha N}\right]$, მაშინ $\dfrac{d^2x}{dt^2} > 0$;

თუ $t \in \left[\dfrac{\ln(N-1)}{\alpha N}, +\infty\right]$, მაშინ $\dfrac{d^2x}{dt^2} < 0$.

ამრიგად, $\dfrac{dx}{dt}$ ფუნქცია, რომელიც ავადმყოფთა რაოდენობის ზრდის სიჩქარეს გამოხატავს, $t = \dfrac{\ln(N-1)}{\alpha N}$ მომენტამდე იზრდება, ხოლო შემდეგ იკლებს. ეს შედეგი, უხეში მათემატიკური მოდელის მიუხედავად, საკმაოდ კარგად ეთანხმება ექსპერიმენტულ მონაცემებს, განსაკუთრებით ეპიდემიის საწყის ეტაპზე.

ექსპერიმენტი კომპიუტერზე. ეპიდემიის გავრცელების ანალიზი საქართველოში, თბილისში და რეგიონებში.

ჯერ ლოკაციისთვის დავადგინოთ ტემპი (rate) n დღისთვის (მაგალითად 7 დღისთვის).

კვლევის დაწყების დღეს შესაბამის ლოკაციაზე (ადგილზე) დაავადებულთა რაოდენობა მივიღოთ საწყის N_0 მნიშვნელობად. მომდევნო პირველ ($t_1 = 1$) დღეს დაავადებულთა რაოდენობა იმავე ლოკაციაზე ავღნიშნოთ N_1-ით. ეს მნიშვნელობა ჩავსვათ (9.3.7)-ის მარცხენა მხარეში და ვიპოვოთ α-ს მიმართ განტოლების α_1 ამონახსნი (მაგალითად, Maple-ის ან MatLab-ის გამოყენებით). მეორე ($t_2 = 2$) დღეს დაავადებულთა რაოდენობა აღვნიშნოთ N_2-ით. ეს მნიშვნელობა ჩავსვათ (9.3.7)-ის მარცხენა მხარეში, ხოლო N_1-ის მნიშვნელობა ჩავსვათ N_0-ის ნაცვლად (9.3.7)-ის მარჯვენა მხარეში α-ს მიმართ მიღებული განტოლების ამოხსნით მივიღებთ α_2-ს მნიშვნელობას და ა.შ.

$$N_n \equiv x(t_n) = \frac{N N_{n-1}}{N_{n-1} + (N - N_{n-1})e^{-\alpha_n N t_n}},$$

საიდანაც განტოლების α_n-ის მიმართ ამოხსნის შემდეგ მივიღებთ α_1, $\alpha_2, \ldots, \alpha_n$ მიმდევრობას

$$\alpha_n = -\frac{1}{N t_n} \ln \frac{(N - N_n) N_{n-1}}{(N - N_{n-1}) N_n}.$$

გამოვთვალოთ საშუალო არითმეტიკული

$$\alpha = \frac{\alpha_1 + \alpha_2 + \ldots + \alpha_n}{n}.$$

ამის შემდეგ α-ს მიღებული მნიშვნელობის, საწყის N_0 მნივნელობასთან ერთად, (9.3.7)-ის მარჯვენა მხარეში ჩასმით, (9.3.7)-ის ე.ი.

$$N_n^{з} = \frac{N N_0}{N_0 + (N - N_0)e^{-\alpha N t_n}}$$

გამოთვლის შემდეგ მივიღებთ n-ური დღის პროგნოზს.

---

*) მართლაც, $(N-1)e^{-2\alpha Nt} - e^{-\alpha Nt} = 0 \Rightarrow (N-1)e^{-2\alpha Nt} = e^{-\alpha Nt} \Rightarrow N-1 = e^{\alpha Nt} \Rightarrow \ln(N-1) = \alpha Nt$.

9.4. პოპულაციის მალთუსის დიფერენციალური მოდელი

მალთუსის მოდელს საფუძვლად უდევს მარტივი დებულება – პოპულაციაში ინდივიდების რაოდენობის ცვლილების სიჩქარე t მომენტში ინდივიდების $N(t)$ რაოდენობის პირდაპირპროპორციულია.

ვთქვათ, $N(t)$ რაიმე პოპულაციაში ინდივიდების რაოდენობას წარმოადგენს t მომენტში. თუ A იმ ინდივიდების რაოდენობაა, რომლებიც დროის ერთეულში იბადებიან, ხოლო B – იმ ინდივიდების რაოდენობა, რომლებიც დროის ერთეულში კვდებიან, მაშინ ბალანსის მეთოდის გათვალისწინებით შეგვიძლია დავასკვნათ, რომ არსებობს საკმაოდ სერიოზული საფუძველი იმისთვის, რათა $N(t)$ სიდიდის ცვლილების სიჩქარე შემდეგი

$$\frac{dN}{dt} = A - B \tag{9.4.1}$$

დიფერენციალური განტოლების საშუალებით განვსაზღვროთ, სადაც

$$A = \alpha N\,, \quad B = \beta N\,,$$

ხოლო

$$\alpha = \alpha(t, N)\,, \quad \beta = \beta(t, N)$$

შესაბამისად დაბადებისა და სიკვდილიანობის კოეფიციენტებს წარმოადგენენ. (9.4.1) განტოლება შეიძლება ასე გადაიწეროს

$$\frac{dN(t)}{dt} = \left[\alpha(t, N) - \beta(t, N)\right] N(t)\,. \tag{9.4.2}$$

9.5. „მტაცებელი – მსხვერპლის“ მათემატიკური მოდელი

§9.4-ში არსებით ცვლადად მივიღეთ ამა თუ იმ პოპულაციაში ინდივიდების რაოდენობა და შევეცადეთ, შეგვექმნა რომელიმე ერთი ცალკეული პოპულაციის განვითარების მათემატიკური მოდელი იმ პირობით, რომ პოპულაცია იზოლირებულია.

ახლა გადავდგათ შემდეგი ნაბიჯი და უფრო მეტად დავუახლოვდეთ რეალურ სიტუაციას.

განვიხილოთ ორი სახეობის ურთიერთქმედება. შევისწავლოთ ორი „იზოლირებული“ პოპულაციის განვითარების დინამიკა სხვადასხვა ფაქტორების გათვალისწინებით.

სხვადასხვა სახეობის ორ პოპულაციას შორის ურთიერთქმედების მექანიზმები შეიძლება სამ კატეგორიად დავყოთ:

ა) **კონკურენცია**, როდესაც ერთი სახეობის განვითარება დამთრგუნველ ზეგავლენას ახდენს მეორის განვითარებაზე;

ბ) **კომენსალიზმი**, როდესაც ერთი სახეობა მეორის განვითარების სტიმულირებას ახდენს;

გ) **მტაცებლობა**, როდესაც ერთი სახეობა („მტაცებელი“) მეორე სახეობით („მსხვერპლით“) იკვებება და, მაშასადამე, მისი რაოდენობის შემცირებას იწვევს, ხოლო „მსხვერპლი“ ხელს უწყობს „მტაცებლების“ რაოდენობის ზრდას.

ჩვენს მიზანს არ შეადგენს სახეობათა ურთიერთქმედების ამ მექანიზმების დეტალური განხილვა. შევეცდებით, მათემატიკური მოდელის საშუალებით აღვწეროთ ისეთი ორი სახეობის პოპულაციის განვითარების დინამიკა, რომლებიც ერთმანეთთან „მტაცებელი – მსხვერპლის“ პრინციპით ურთიერთქმედებენ.

მათემატიკური მოდელის შედგენისას ვიგულისხმებთ, რომ რომ მსხვერპლს ყოველთვის აქვს საკვების მოპოვების საშუალება, ხოლო ყოველი შეხვედრისას მტაცებელი აუცილებლად კლავს მსხვერპლს, რომელიც მისი ერთადერთი საკვებია. ცხადია, რომ ამ დაშვების შედეგად მივიღებთ საკმაოდ ,,იდეალიზებულ'' მოდელს, რომლის გამოყენებაც მხოლოდ ზოგიერთ შემთხვევაში შეიძლება, თუმცა ამ მოდელის საშუალებით შესაძლებელია ბევრი საინტერესო, პრაქტიკისთვის მნიშვნელოვანი დასკვნის გაკეთება.

თუ ამ სიტუაციას განვიხილავთ, ცხადი გახდება, რომ მტაცებლების რაოდენობა მანამ იმატებს, სანამ მათ საკმარისად აქვთ საკვები, ე. ი. სანამ მსხვერპლი საკმარისი რაოდენობითაა. ბოლოს და ბოლოს დადგება მომენტი, როდესაც მტაცებლების ზეგავლენით მსხვერპლის რაოდენობა იმდენად შემცირდება, რომ მტაცებლებს საკვები არ ეყოფათ და დაიწყება მათი რაოდენობის შემცირება. ეს იქამდე მიგვიყვანს, რომ მტაცებლების რაოდენობის შემცირების გამო დაიწყება მსხვერპლის რაოდენობის მატება. ეს კვლავ მისცემს სტიმულს მტაცებლების რაოდენობის ზრდას და ა. შ. ციკლი კვლავ განმეორდება. ,,მტაცებელი — მსხვერპლის'' ტიპის ურთიერთქმედება საკმაოდ ხშირად გვხვდება სხვადასხვა პრაქტიკული ამოცანის შესწავლისას. პრობლემის აქტუალურობის გამო მისი შესწავლა ბოლო პერიოდში როგორც ეკოლოგიის, ისე სხვა დარგის მეცნიერების, მათ შორის მათემატიკოსთა, ყურადღების ცენტრში მოექცა.

აღვნიშნოთ

$$x = x(t) \text{-თი და } \quad y = y(t) \text{-თი,}$$

შესაბამისად, მტაცებლისა და მსხვერპლის რაოდენობა t მომენტში. იმისთვის, რომ ჩამოვაყალიბოთ მათემატიკური მოდელი, რომელიც გარკვეულ მიახლოებაში აღწერს პოპულაციაში ინდივიდთა რაოდენობის ცვლილების დინამიკას, გავაკეთოთ რამდენიმე დაშვება, რომლებიც ამოცანას გაამარტივებენ. ჯერ ერთი, დავუშვათ, რომ იმ შემთხვევათა რაოდენობა, როდესაც მტაც-ებელი მსხვერპლს კლავს, დამოკიდებულია მათ შეხვედრათა სიხშირეზე. ჩავთვალოთ, რომ ეს სიდიდე xy ნამრავლის პროპორციულია. მეორე, უგულებელვყოთ ის დრო, რომელიც მტაცებელს მსხვერპლის შესაჭმელად სჭირდება. რაც შეეხება ბუნებრივი შობადობისა და სიკვდილიანობის პირობებში პოპულაციის რაოდენობის ცვლილებას, ის (9.4.2) სახის ლოჯისტური განტოლებების საშუალებით აღვწეროთ.

(9.4.2) სახის ლოჯისტური განტოლებების საშუალებით მივიღებთ, რომ ორივე პოპულაციაში ინდივიდთა რაოდენობის ცვლილება აღიწერება შემდეგი

$$\frac{dx}{dt} = -ax + bxy, \tag{9.5.1}$$

$$\frac{dy}{dt} = cy - d\,xy \tag{9.5.2}$$

დიფერენციალურ განტოლებათა სისტემის საშუალებით, სადაც a, b, c და d გარკვეული დადებითი მუდმივებია.

(9.5.1) და (9.5.2) განტოლებები პირველად გამოყვანილ იქნა 1925 წ. და ცნობილია *ლოტკა**) *-ვოლტერას***) განტოლებების სახელწოდებით.

---

*) ა.ჯ. ლოტკა (1880-1949) — ამერიკელი ბიოფიზიკოსი (დაიბადა უკრაინაში)

**) ვ. ვოლტერა (1860-1940) — იტალიელი მათემატიკოსი.