

УДК 517.928

ИССЛЕДОВАНИЕ БЕГУЩИХ ВОЛН В НЕЛИНЕЙНОЙ ДИНАМИЧЕСКОЙ МОДЕЛИ ВИРУСОЛОГИИ

© Осипчук М.А., Щепаккина Е.А.

Самарский национальный исследовательский университет
имени академика С.П. Королева, г. Самара, Российская Федерация

e-mail: osipchuk.mariya@mail.ru

Настоящая работа посвящена исследованию математической модели эволюции – морских бактериофагов. Изучается потенциальное влияние особенностей системы «вирус – хозяин» и, в частности, механизмов размножения хозяина на эволюцию вируса.

Исследуемая модель строится на примере эволюции морских бактериофагов, предложенной Беретта – Куангом [1]. Модель Беретта – Куанга демонстрирует эффект обогащения, то есть потерю устойчивости и рост автоколебаний в ответ на увеличение пропускной способности окружающей среды.

В качестве основы для построения модели эволюции бактериофагов используется модель динамики литических морских бактериофагов Беретта – Куанга. Модель показывает, что восприимчивые к бактериофагам бактерии размножаются в соответствии с логистическим законом с коэффициентом размножения α и пропускной способностью окружающей среды C . Восприимчивые бактерии заражаются свободными бактериофагами с билинейной скоростью kSP . Инфицированные бактерии не размножаются и погибают со скоростью λ , высвобождая в момент гибели b свободных фагов. Свободные вирусы умирают со скоростью μ . Более того, модель также учитывает, что популяция свободных фагов уменьшается за счет тех фагов, которые заражают бактерии. Соответственно, модель имеет вид

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \alpha S \left(1 - \frac{S+I}{C}\right) - kSP, \\ \frac{dI}{dt} = kSP - \lambda I, \\ \frac{dP}{dt} = b\lambda I - kSP - \mu P. \end{cases} \quad (1)$$

В модели Беретта – Куанга (1) вирусный тип описывается четырьмя параметрами k , λ , μ и b , и, следовательно, непрерывное пространство фенотипов должно иметь размерность до 4. Поэтому предположим, что пространством фенотипов является

$$\Omega = R_{+^4} = (0, +\infty)^4 \text{ где } r \in \Omega,$$

где r – пространственная координата.

Модифицируем модель (1), определяя P как $P = P(t) = \int_{\Omega} p(r,t) dr$, где $p(r,t)$ – пространственное распределение плотности фенотипов; $I = I(t) = \int_{\Omega} i(r,t) dr$, где $i(r,t)$ – это распределение плотности инфицированной бактериальной популяции. Пусть далее $S(t)$ не зависит от вирусных фенотипов.

При этих предположениях непрерывная пространственная модель эволюции бактериофагов представлена следующей системой интегро-дифференциальных уравнений в частных производных:

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = \alpha S(t) \left(1 - \frac{1}{C} \left(S(t) + \int_{\Omega} i(r,t) dr \right) \right) - \int_{\Omega} k(r)p(r,t), \\ \frac{\partial i(r,t)}{\partial t} = k(r)p(r,t)S(t) - \lambda(r)i(r,t) + q i(r,t), \\ \frac{\partial p(r,t)}{\partial t} = -k(r)p(r,t)S(t) - \mu(r)p(r,t) + b(r)\lambda(r)i(r,t), \end{cases} \quad (2)$$

где q – коэффициент дисперсии и предполагается малым и постоянным.

Численное исследование (2) показывает формирование бегущей волны импульсного типа [3], движущейся в пространстве фенотипов, в направлении возрастания значения репродуктивного числа R_0 , где $R_0 = (b-1)kS/\mu$. Установлено, что скорость этой волны (а значит, и скорость эволюции) не является постоянной величиной, а зависит от текущего состояния вируса и количества восприимчивых клеток.

Библиографический список

1. Beretta E., Kuang Y. Modeling and analysis of a marine bacteriophage infection // *Mathematical Biosciences*. 1998. Vol. 149, Issue 1. P. 57–76. DOI: 10.1016/S0025-5564(97)10015-3.
2. Pagliarini S.A., Korobeinikov A. Mathematical model of marine bacteriophage evolution // *Royal society open science*. 2018. Vol. 5, Issue 3. P. 171661. DOI: 10.1098/rsos.171661.
3. Крауфорд Ф. Волны / пер. с англ. под ред. А.И. Шальникова и А.О. Вайсенберга. 3-е изд., испр. М.: Наука, 1984. 512 с.