

基于生态数学中非局部时滞的生物趋化模型研究

张忠文

(甘肃中医药大学 甘肃兰州 730000)

摘要: 生态数学中非局部时滞的生物趋化模型是生物有机体常见的聚集现象,生物的趋化性是自然界中生物进化过程中关键的生理反应之一,生物界绵羊的群居生活、斑马身体上的斑纹等都是生物体趋化运动的结果。自然科学技术的发展在很大程度上依赖于生物学、化学和物理学的进展和成就,而这些学科自身的精确化又是它们取得进展和成就的重要保证,学科的精确化往往是通过建立数学模型来实现的。数学模型的研究对自然科学技术的发展起着非常重要的作用,本文通过对生物趋化模型的深入研究,促进带有非线性扩散的生物趋化模型在生态数学中的创新发展。

关键词: 生态数学;非线性扩散;非局部时滞;趋化模型

前言:

基于生态数学中非局部时滞的生物趋化模型是建立在线性程度比较高现代生物学的理论基础之一。但是在生物学的研究过程中,由于生物机体的复杂性,而且受到的影响因素很多。因此,各种变量之间存在大量的非线性关系,例如,对激素的感受能力变化过程、种群增长规律药物效应变化过程、产蛋生长过程、泌乳、细菌增殖过程等都是比较典型的生物非线性关系。

1. 生态数学以及非线性数学模型的概念

1.1 生态数学

生态数学是用数学的方法去研究和解决生物学的问题,同时对与生物有关的数学方法进行理论的研究的一门学科。从生物学中提出的数学问题通常是很复杂的,生命现象也是非常复杂的,所以需要进行很多的计算工作,建立模型因此成了必需。数学模型可以定量地描述生物的现象,复杂的生物学问题通过数学模型能够转变成一个数学问题,再通过对数学模型的求解、运算和逻辑推理等等,获得的理论知识着眼于对生命或者非生命现象进行研究^[1]。

1.2 非线性数学模型

非线性模型是反映自变量与因变量之间的非线性数学关系的表达式,更具体一点,就是指用来描述某一种现象的本质的数学表达式。它相对于线性数学模型而言,因变量与自变量之间不能在坐标空间内表示为线性的对应关系。一般也称为曲线回归。它的一般形式为 $y = f(x, \beta) + \varepsilon$ 其中, $f(x, \beta)$ 表示的是某种情况下的函数,在不同的前提条件下存在差异。相较于线性数学模型,非线性数学模型更具有普适性,从广义上来说,线性数学模型可以看成是非线性数学模型中的特例。为了实验的简便性,线性数学模型得到了广泛的应用,但是在实际情况中,线性数学模型是难以概括很多复杂的现象的,事物之前存在各种各样、千变万化的相互联系和相互作用,极少数情况下能呈现出高度的线性相关性^[2]。

2. 生态数学中带有非线性扩散的生物趋化模型的模式形成

可以使用数学中的方法去分析一些比较复杂的生物趋化过程^[3]。趋化模型的建立最早可以追溯到 1970 年 Segel 和 Keller 提出的一般生物趋化系统:

$$\begin{cases} \frac{\partial u}{\partial t} + \nabla \cdot [\chi(u, v) \nabla v - \mu(u, v) \nabla u] = 0 \\ \frac{\partial v}{\partial t} + u f(v) + g(v) - v_0 \nabla^2 v = 0 \end{cases}$$

其中流量 $F = \chi(u, v) \nabla v - \mu(u, v) \nabla u$, 它包括趋化 $\chi(u, v) \nabla v$ 和扩散 $\mu(u, v) \nabla u$;

关于趋化最重要的现象是细胞聚合的质量,一种是静态的,另一种是动态的。在 1973 年 Nanjundiah 已经开始研究生物趋化模型的稳态解的存在性。而研究细胞聚集的另一种方法是利用尖峰稳态解,1988 年 Linetal 所研究的是趋化系统关于 Hillen 和 Painter 的综述,文章中已经证明了没有爆破解,所以我们更倾向于用尖峰稳态解来模拟细胞聚合^[4]。在 1999 年,桂长峰将变分方法与李雅普诺夫施密特方法相结合,得到了多峰值稳态解的存在性。与此同时,当趋化系数 χ 足够大时,运用 Helly 紧性定理,可以得到系统的稳态解收敛于一个峰值。根据以上生物趋化模型的研究,再利用相同的方法,建立生态数学中带有非线性扩散的生物趋化模型:

$$\begin{cases} (h(u) u' - x g(u) v')' = 0, & x \in (0, 1) \\ v'' - v + u = 0, & x \in (0, 1) \\ u'(0) = u'(1) = v'(0) = v'(1) = 0 \end{cases}$$

系统满足 Neumann 边界条件, $h(u)$ 为非线性扩散系数, x 为趋化现象参数。

3. 生态数学中带有非线性扩散的生物趋化模型的构建

本文在已有的模型、经验、实验数据等基础之上,构建一个含

$$\begin{cases} u_t = \Delta u_t - \nabla \cdot (u_t \chi(\omega) \nabla \omega) + \mu u_t (1 - \sum_{i=1}^n u_i) \\ \omega_t = \Delta \omega - \omega + \sum_{i=1}^n u_i \end{cases}$$

有 N 个物种趋化的新模型:

该模型能够解释生物的多样性,从而在原有的模型的基础上进行创新研究。从中可以体会到生态数学中生物趋化的非线性。非线性的数学模型其本身的特点就决定了其多元化,在处理非线性关系时,模型建立是关键因素。在不同的变量间,甚至于在相同的变量之间,但在不同的场合中,都有不同的非线性关系,因此,就需要用不同的适宜模型来处理,正确反映其内在的规律性。

3.1 推理模型

1837 年,logistic 方程由德国生物学家 Verhulst 提出其雏形,但未能引起重视。因此,通过具体的学科研究可以揭示出变量之间的相互关系,再应用数学分析的手段建立一个模型。1920 年 Pearl 等在研究美国人口自 1790 年以来的变化规律时总结出一般形式。他们考虑问题的出发点是人口的变化在无灾难性减少和生育控制时是一个不间断的增加过程,其变化速率和人口数量和剩余环境容量是成正比的。这是一种表现种群大小随时间变化的模型。

3.2 经验模型

在奶牛泌乳的曲线研究中,因为泌乳的机制十分复杂,现阶段很难从生物学的角度表示出泌乳变化的数学关系式。对那些可以经推理得到但过于复杂的关系,或者一些还无法用推理方法得到的关系,通常可以用适当的函数的形式直接拟合变量之间关系的表现形式,建立纯经验性的模型。现阶段,由于很多先进的数学方法(如随机过程)的引入,经验模型发展的很快,形式多样。

结束语

生物趋化模型描述了生态学中很常见的有机体的聚集现象,本文对非局部时滞的生物趋化模型应用非线性数学模型进行了深入研究,分析了生态数学中带有非线性扩散的生物趋化模型的模式形成。利用全局分支和局部分支理论得到非常数解的存在性,为生态数学中带有非线性扩散的生物趋化模型的模式形成提供了依据,提高了在生态学中非局部时滞的生物趋化模型中生物有机体常见的聚集现象的认知水平,为生物趋化性是自然界中生物进化过程中关键的生理反应研究提供了一定的理论依据。

参考文献

- [1] 生物数学中带有非线性扩散的生物趋化模型的模式形成[D]. 程明. 东北师范大学. 2019.05.01.(49)
- [2] 徐思奥,胡伟,张道祥. 一类具有扩散效应的生物数学模型的斑图[J]. 科技资讯. 2018.04.13.(79)
- [3] 聂大勇. 一种生物趋化模型的建立与求解[J]. 黄河水利职业技术学院学报. 2018.30(02):52-54.
- [4] 田莎莎,贺天兰. 一类生物趋化模型的李对称分析与行波解分支[J]. 河南科学. 2017.35(02):173-179.
- [5] 张映辉,李聪,王易. 一维生物趋化模型的初边值问题[J]. 湖南理工学院学报(自然科学版). 2016.29(03):4-7.