

Dynamische Systeme in der Mikrobiologie

Gruppe G Mi: Severine Hurni, Esther Marty, Giulia Ranieri, Matthias Engesser, Nicole Konrad
 Betreuer: Roman Kälin

1. Einleitung

Ein dynamisches System ist ein System, in dem sich eine oder mehrere Grössen im Verlauf der Zeit ändern. Als Beispiele kann man das Wachstum einer Bakterienkultur, Wachstum allgemein, radioaktiver Zerfall, Wetter, Wind, Temperatur, ein See und vieles Weitere nennen. Man kann diese dynamischen Systeme mit Modellen beschreiben. Dies hat den Vorteil, dass sie mathematisch berechenbar, also vorhersehbar sind und man kann die Grafiken verschiedener solcher Systeme vergleichen. Viele Versuche sind am PC, also theoretisch durchführbar und so kann viel Zeit und Geld gespart werden. Komplexe Systeme werden mathematisch analysiert und können leichter verstanden werden.

Wir beschäftigen uns hier vor allem mit dem theoretischen Wachstum einer Population. Dazu beschreiben wir verschiedene Modelle zum Wachstum in einer diskreten oder stetigen Zeit und veranschaulichen sie mit Hilfe des Computerprogramms Simulink.

2. Wachstumsmodell in diskreter Zeit

Von diskreter Zeit sprechen wir, wenn eine Population zu regelmässigen, bestimmten Zeitpunkten wächst oder beobachtet wird. Für das Wachstum in diskreter Zeit kann man folgende Gleichung formulieren:

$$N_k = a^k \cdot N_0$$

N_k = Populationsgrösse nach k Zeiteinheiten

k = Zeiteinheiten

N_0 = Populationsgrösse zu Beginn

a = Wachstumsrate

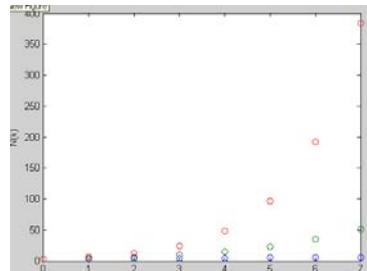


Abb. 2.1. Diskretes Wachstum

In dieser Gleichung als auch in der Graphik erkennen wir, dass je grösser die Wachstumsrate a ist, desto steiler steigt die Kurve des Wachstumsverlaufs.

Man kann auch eine Formel entwickeln, aus welcher wir die Verdoppelungszeit (t_d) berechnen können, und eine Formel mit welcher wir die Anzahl Populationsverdoppelungen (n_t) in einer gewissen Zeit t berechnen können:

$$t_d = (\log 2 / \log a) \quad n_t = (t \cdot \log a) / \log 2$$

3. Wachstumsmodell in stetiger Zeit

Wir betrachten $N(t)$ als stetig. Dies ist eine vernünftige Annahme, wenn die Population genügend gross ist, so dass der Zuwachs der einzelnen Individuen relativ kleine Änderungen im Vergleich zur Gesamtpopulation hervorruft. Oder wenn die einzelnen Zuwächse unabhängig voneinander sind, d.h. die einzelnen Teilungsraten in unterschiedlichem Rhythmus ablaufen. Durch $\Delta t \rightarrow 0$ wird die Gleichung approximiert und als folgende Differentialgleichung darstellbar.

$$dN/dt = \mu \cdot N$$

$$N(t + \Delta t) = N(t) + \mu \cdot N(t) \cdot \Delta t, \quad [N(t + \Delta t) - N(t)] / \Delta t = \mu \cdot N(t) \rightarrow dN/dt = \mu \cdot N$$

Diese Gleichung zeigt ein exponentielles Wachstum: Mit N = Anzahl Individuen und μ = Wachstumsrate. Umgeformt ergibt sie $N(t) = N(0) \cdot e^{\mu \cdot t}$

Um dies zu veranschaulichen arbeiten wir wieder mit Simulink und erstellen eigene Modelle:

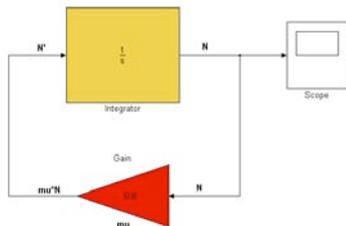


Abb. 3.1. Simulink-Modell zur numerischen Lösung der Differentialgleichung $dN/dt = \mu \cdot N$

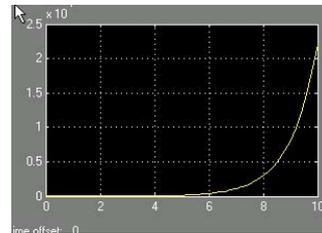


Abb. 3.2. Graphische Lösung

Diese Modelle kann man mit kleinen Veränderungen an bestimmte Gegebenheiten anpassen. Teilt

sich z.B. nur ein Teil der Individuen erhalten wir: $dN/dt = \mu \cdot p \cdot N$

mit p als tatsächlich teilbare Individuen in Prozent.

Sterben einige Individuen aus: $dN/dt = (\mu - \rho) \cdot N$

mit ρ = Sterberate.

4. Wachstum in stetiger Zeit mit Beschränkung (logistisches Wachstum)

Im Normalfall sind Lebensraum und Umgebungsbedingungen beschränkt. Erreicht die Population eine bestimmte Grösse oder ändern sich die Randbedingungen werden Begrenzungen wirksam.

Dies drücken wir mit einer Kapazitätsgrenze k aus:

$$dN/dt = \mu \cdot N \cdot (1 - [N/k])$$

Für kleine N ändert sich nicht viel: dN/dt bleibt $\mu \cdot N$. Sobald aber $N = k$ wird, erhalten wir einen Faktor = 0 und damit $dN/dt = 0$, d.h. N wird konstant. N kann somit in diesem Modell nicht über k hinauswachsen.

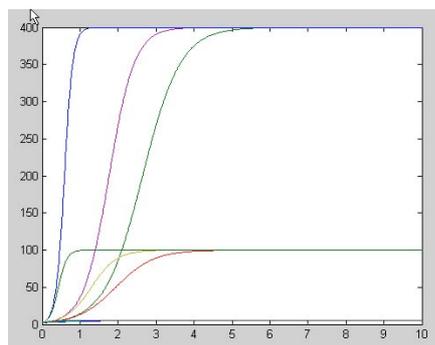


Abb. 4.1. Logistisches Wachstum

Logistisches Wachstum mit Zeitverzögerung:

Das Modell kann mit T erweitert werden, so simulieren wir eine zeitverzögerte Auswirkung der Kapazitätsgrenze:

$$dN/dt = \mu \cdot N \cdot (1 - [N(t - T)]/k) \quad \text{wobei } T = \text{verzögerte Zeit, } k = \text{Kapazitätsgrenze}$$

5. Räuber-Beute-System: Klassisches Modell (nach Volterra)

Wir betrachten den Pansen von Wiederkäuern als ein geschlossenes Habitat, in welchem die Prokaryoten den mikrobiellen Eukaryoten (v.a. Ciliaten) als unbegrenzte Nahrungsquelle zur Verfügung stehen.

Gesucht wird die zeitliche Entwicklung der Bestände von Prokaryoten und Eukaryoten, sowie das Diagramm der Abhängigkeiten von Beute und Räuber.

X_1 = Beutepopulation (Prokaryoten)

X_2 = Räuberpopulation (mikrobielle Eukaryoten)

a = Zuwachsrate der Beuteorganismen, wenn keine Räuberorganismen vorhanden sind

b = Verminderungsrate der Räuberorganismen, wenn keine Beute vorhanden ist

c = Abnahmerate der Beuteorganismen durch Gefressenwerden

d = Zunahmerate der Räuberorganismen durch das Fressen von Beuteorganismen

Das System lässt sich mit den folgenden Differentialgleichungen beschreiben:

$$dX_1/dt = a \cdot X_1 - c \cdot X_1 \cdot X_2 \quad \text{und} \quad dX_2/dt = d \cdot X_1 \cdot X_2 - b \cdot X_2$$

(Kontrolle: wenn $X_2 = 0$ dann nur Wachstum von X_1)

Ein zyklisches Verhalten ist sichtbar zwischen der Räuber- und Beutepopulation, welches sich im X-Y-Graph als geschlossene Kurve äussert.

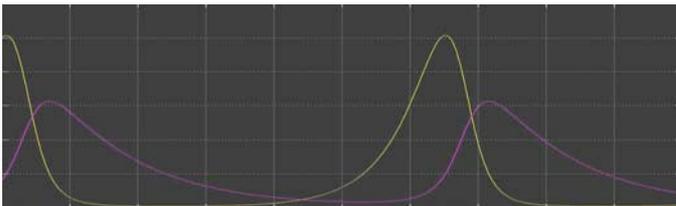


Abb. 5.1. Alternierende Beute – Räuber – Kurve
Gelb = Beute, Lila = Räuber

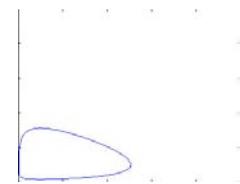


Abb. 5.2. X-Y – Graph, X – Achse = Beute,
Y-Achse = Räuber

Eine Beschränkung von X_1 (Beutepopulation) (bzw. X_2 (Räuberpopulation)) kann erreicht werden, wenn man die Differentialgleichungen mit dem Term $-e \cdot X_1^2$ (bzw. $-e \cdot X_2^2$) erweitert. Wir erhalten:

$$dX_1/dt = a \cdot X_1 - c \cdot X_1 \cdot X_2 - e \cdot X_1^2 \quad \text{und} \quad dX_2/dt = d \cdot X_1 \cdot X_2 - b \cdot X_2 - e \cdot X_2^2$$

Ist $e = 0$ liegt keine Veränderung zum ehemaligen Modell vor. Falls der e – Wert sehr klein ist, braucht das System länger, bis es den Gleichgewichtszustand erreicht hat.

6. Konkurrenz – Modell:

Zwei Populationen, welche den gleichen Lebensraum und die gleichen Nahrungsressourcen beanspruchen, beeinflussen sich gegenseitig:

$$dX_1/dt = a \cdot X_1 - c \cdot X_1 \cdot X_2 - e \cdot X_1^2 \quad \text{und} \quad dX_2/dt = -d \cdot X_1 \cdot X_2 + b \cdot X_2 - f \cdot X_2^2$$

Koexistenz ist nur möglich, wenn $a/b > c/f$ und $a/b < e/d$.

Mit dem Einführen einer zweiten Räuberpopulation verändert sich das Modell folgendermassen:
 $dX_1/dt = a \cdot X_1 - c \cdot X_1 \cdot X_2 - e \cdot X_1 \cdot X_3$, $dX_2/dt = d \cdot X_1 \cdot X_2 - b \cdot X_2$ und
 $dX_3/dt = f \cdot X_1 \cdot X_3 - g \cdot X_3$

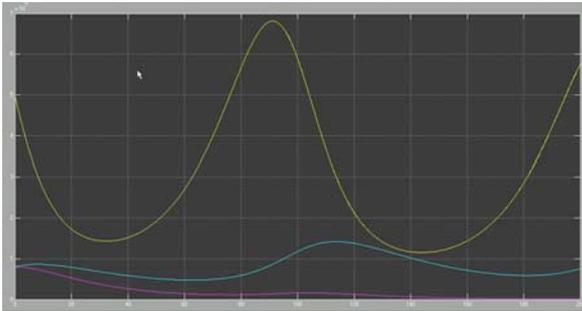


Abb. 6.1. Gelb = Beute, Lila = 1. Räuber, Blau = 2. Räuber

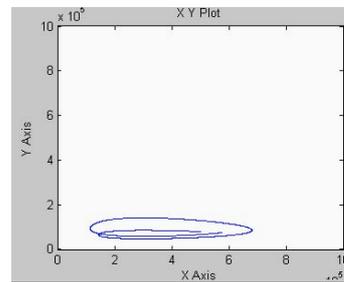


Abb. 6.2. X-Y – Graph, X-Achse = Beute, Y-Achse = Räuber

Stirbt ein Räuber aus, verhält sich das System wieder wie das 1 – Räuber – 1 – Beute – Modell.

Diese Modelle stimmen mit der Praxis recht gut überein, was sich z.B. an den Daten von Hasen – Luchs – Populationen zeigen lässt.

7. S-I-R-Epidemie-Modell

Das S-I-R-Epidemie-Modell ist ein einfaches, aber trotzdem sehr nützliches Modell, welches Anwendung in Krankheitsprognosen findet.

Eine Bevölkerung der Grösse N wird in 3 Gruppen unterteilt:

Gruppe S = Susceptible (gesunde, aber krankheitsanfällige Individuen)

Gruppe I = Infectious (infektiöse Individuen)

Gruppe R = Removed (aus dem Epidemiekreislauf entfernte Individuen, z.B. durch Krankheit immun, in Quarantäne oder gestorben)

Die Individuen können von einer Gruppe zur nächsten wechseln.

Das S-I-R-Modell lässt sich durch das folgende Differentialgleichungssystem ausdrücken:

$$dS/dt = -a \cdot S \cdot I \quad \text{und} \quad dI/dt = a \cdot S \cdot I - b \cdot I$$

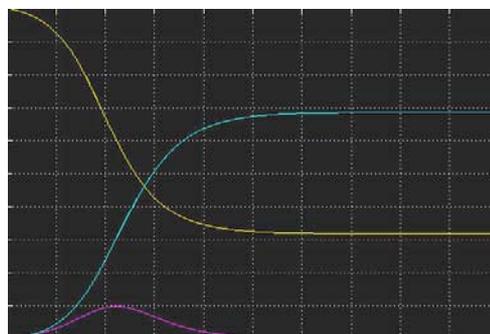


Abb. 7.1. S-I-R-Epidemie-Modell
 Gelb = S, Lila = I, Blau = R

Wenn 20 % der Individuen geimpft werden, welchen Einfluss hat dies auf den Epidemieverlauf?
 Diese und ähnliche Fragen finden Anwendung im S-I-R-Epidemie-Modell.

8. Quellenangabe

- www.simolife.unizh.ch
- M.T., J.M. Martinko and J. Parker, **BROCK, BIOLOGY OF MICROORGANISMS, 10. Auflage**, Prentice Hall (BBOM 10).