

Dynamische Systeme in der Mikrobiologie

Verfasser/ innen: Furger Edy, Tomonaga Yuki, Ramelli Sandra
Betreuer: Roman Kälin

Wachstum in stetiger Zeit ohne Beschränkung (exponentielles Wachstum)

Das Wachstum einer Bakterienpopulation ist im allgemeinen proportional zur Grösse der vorhandenen Population, solange keine Begrenzungen, wie Nahrung, Raum usw. wirksam werden. Dabei gehen wir davon aus, dass für eine Population mit N Individuen, jedes Individuum die gleiche Chance hat, sich vermehren zu können. Wir definieren $N(t)$ als Anzahl Individuen zur Zeit t . Wir beobachten eine einzelne Zelle während einer bestimmten Zeiteinheit. Wir stellen fest, dass in dieser Zeiteinheit durch Zellteilung, sowie Teilung der Tochterzellen, insgesamt μ neue Individuen entstehen. Deshalb definieren wir μ als Wachstumsrate per Zeiteinheit. Betrachten wir die Population zu zwei nahe zusammen liegenden Zeitpunkten t und $t + \Delta t$, so erwarten wir folgende Beziehung:

$$N(t + \Delta t) = N(t) + \mu \cdot N(t) \cdot \Delta t$$

Durch Umformung erhalten wir

$$(N(t + \Delta t) - N(t))/(\Delta t) = \mu \cdot N(t)$$

Durch den Grenzübergang $\Delta t \rightarrow 0$ können wir nun die Gleichung approximieren durch die folgende gewöhnliche Differentialgleichung

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

Diese Gleichung zeigt exponentielles Wachstum und ist auch unter dem Namen Malthus' Gesetz bekannt. Die explizite Lösung zu dieser Differentialgleichung lautet:

$$N(t) = N_0 \cdot e^{\mu \cdot t}$$

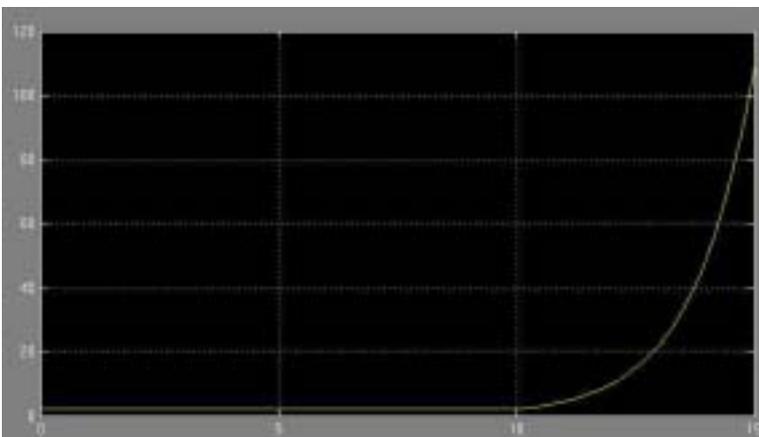


Abb.1: Exponentielles Wachstum

Wachstum mit Beschränkung in stetiger Zeit (logistisches Wachstum)

Der Lebensraum und die Umgebungsbedingungen begrenzen im allgemeinen das exponentielle Wachstum, sodass sich die Population nicht zu beliebig vielen Individuen entwickeln kann. Erreicht eine Population eine bestimmte Grösse, oder ändern sich umweltbedingt die Randbedingungen, so beginnen Begrenzungen wirksam zu werden. Diese können andauern oder nach einer gewissen Zeit wieder verschwinden. Mathematisch lassen sich die Begrenzungen als Kapazitätsgrenzen (k) ausdrücken. Liegt die Kapazitätsgrenze eines Habitats bei k Individuen, so kann durch den Faktor $(1 - N/k)$ ausgedrückt werden, welcher Teil der Population tatsächlich verfügbar ist. So erhalten wir dann die Differentialgleichung für das sogenannte logistische Wachstumsverhalten

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

Die Population stabilisiert sich nach dieser Gleichung beim Wert $N = k$. Bei kleinen Werten von N ($N \ll k$) zeigt sie praktisch exponentielles Wachstum.

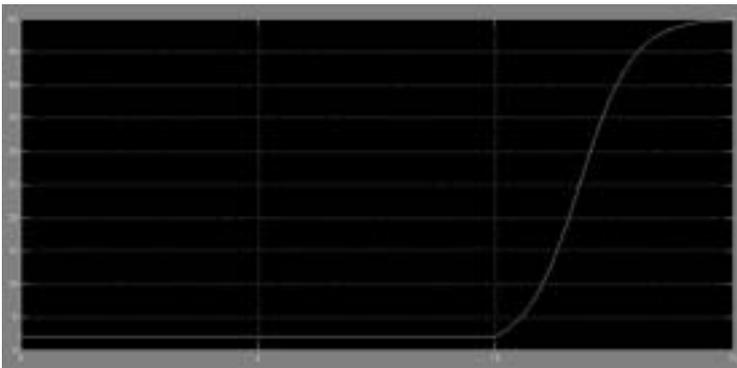


Abb.2: Logistisches Wachstum

Räuber-Beute-System: Klassisches Modell

Im Beispiel betrachten wir vorerst ein geschlossenes Habitat, in welchem die Prokaryoten den eukaryotischen Räubern als Beute dienen (z.B. im Pansen von Wiederkäuern). Die Ciliatenpopulation (Räuberpopulation X_2) ernähre sich ausschliesslich von den vorhandenen prokaryotischen Bakterien und Archäen (Beutepopulationen X_1), die eine unbegrenzte Nahrungsquelle darstellen. Die Beuteorganismen vermehren sich mit der Zuwachsrate a , wenn keine Räuberorganismen vorhanden sind. Der Bestand an Räuberorganismen (X_2) vermindert sich um die Rate b , wenn keine Beute vorhanden ist. Die Anzahl gefressener Beuteorganismen ist proportional zur Anzahl vorhandener Beuteorganismen und proportional zur Anzahl Räuberorganismen. Die Abnahmerate der Beuteorganismen durch Gefressenwerden betrage c und die Zunahmerate der Räuberorganismen durch das Fressen von Beuteorganismen betrage d . Das System lässt sich mit den folgenden Differentialgleichungen beschreiben:

$$dX_1/dt = a \cdot X_1 - c \cdot X_1 \cdot X_2 \quad (\text{Veränderung der Beutepopulation})$$

$$dX_2/dt = d \cdot X_1 \cdot X_2 - b \cdot X_2 \quad (\text{Veränderung der Räuberpopulation})$$

X_1 = Population der Beuteorganismen (Bakterien, Archäen), X_2 = Population der Räuberorganismen (Ciliaten)

Defaultwerte fürs Modell:

$$a = 0.1$$

$$b = 0.05$$

$$c = 0.000001$$

$$d = 0.0000001$$

Anfangsbestand:

$$X_{1,t=0} = 500\,000 \text{ Organismen/ml}$$

$$X_{2,t=0} = 80\,000 \text{ Organismen/ml}$$

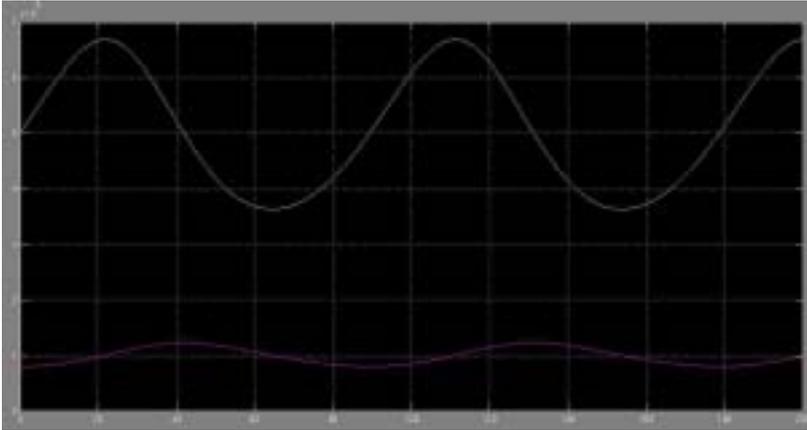


Abb.3: Räuber-Beute-System. gelb = Beute, lila = Räuber (klassisches Modell)

Das folgende Bild zeigt diesen Effekt im Zustandsdiagramm. (Ein Zustandsdiagramm zeigt die Abhängigkeiten der Populationsgrößen voneinander.)

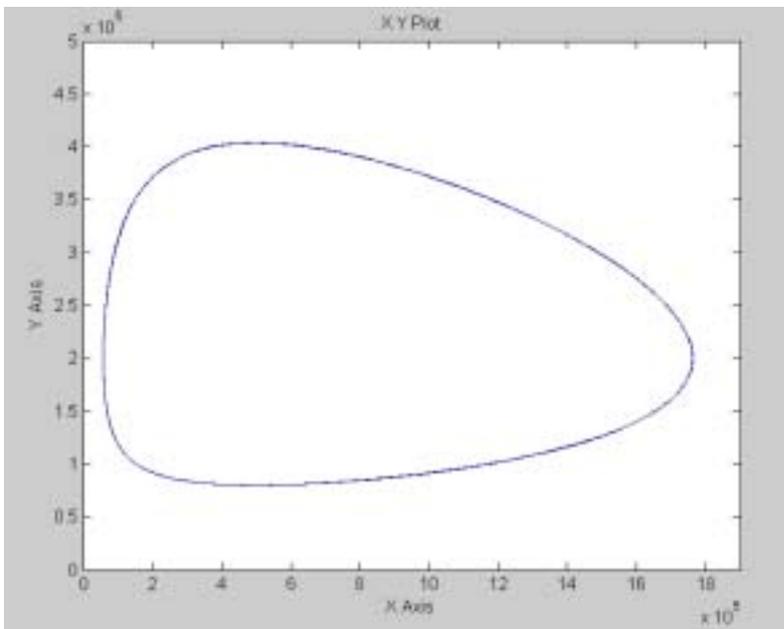


Abb.4: X-Y-Plot des Räuber-Beute-System. X-Achse Beute, Y-Achse Räuber

Man kann das klassische Räuber-Beute-System erweitern, indem eine weitere Räubergattung in das Modell integriert wird. Die entsprechenden Differentialgleichungen sehen so aus:

$$dX_1/dt = a \cdot X_1 - b_{12} \cdot X_1 \cdot X_2 - b_{13} \cdot X_1 \cdot X_3$$

$$dX_2/dt = b_{21} \cdot X_1 \cdot X_2 - a_2 \cdot X_2$$

$$dX_3/dt = b_{31} \cdot X_1 \cdot X_3 - a_3 \cdot X_3$$

wobei X_1 = Beute, X_2 = Räuber a, X_3 = Räuber b.

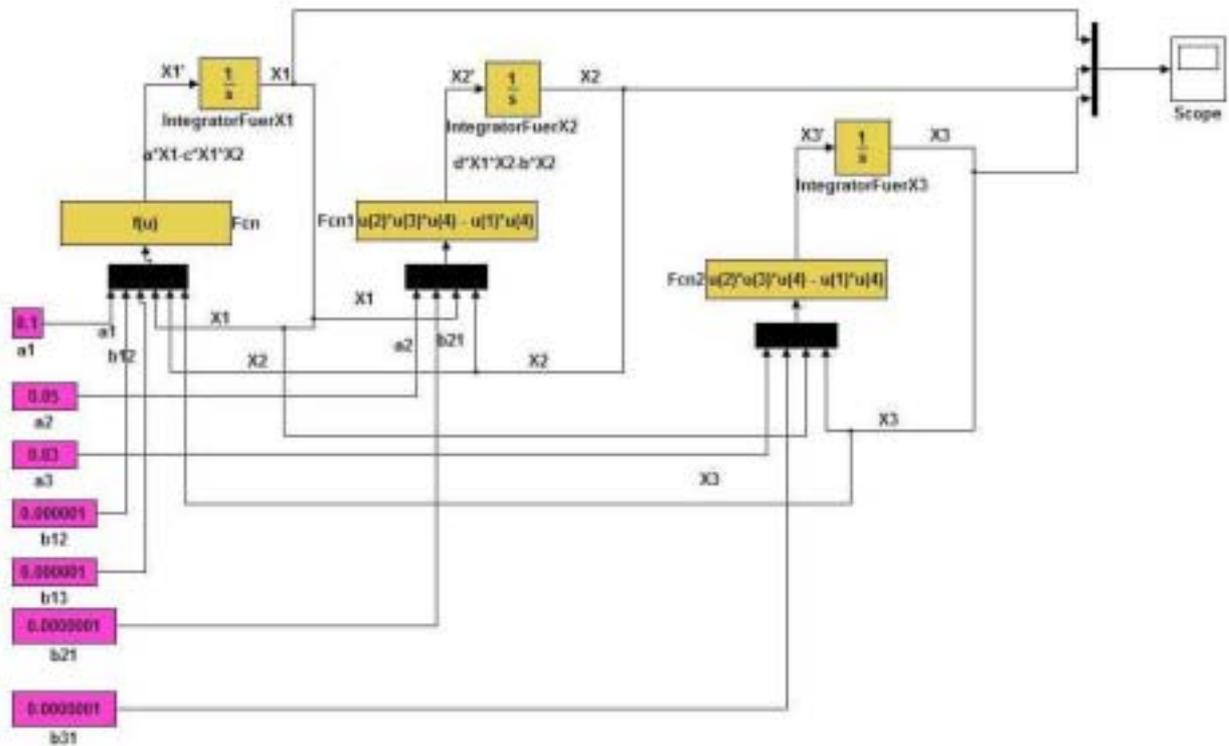


Abb.5: Simulink-Diagramm zum 2-Räuber-Beute-System

Die numerische Auswertung zu diesem Modell würde so aussehen:

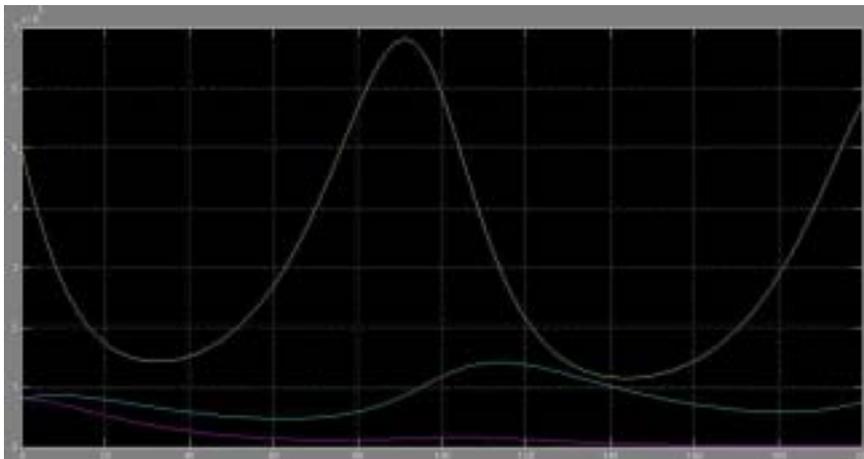


Abb.6: 2-Räuber-Beute-System, gelb = Beutepopulationen, lila und blau = Räuberpopulationen

Volterra-Prinzip

Im Pansen von Wiederkäuern sind die Bakterien und Archäen die Beuteorganismen für die Ciliaten (= Räuber). Beim Wechsel der sommerlichen Grasdät zur Heudät im Winter verändern sich beide Populationen mit der Rate e .

Das System mit

X_1 = Beutepopulation und

X_2 = Räuberpopulation

wird beschrieben durch die beiden Differentialgleichungen:

$$dX_1/dt = a \cdot X_1 - c \cdot X_1 \cdot X_2 - e \cdot X_1^2$$

$$dX_2/dt = -b \cdot X_2 + d \cdot X_1 \cdot X_2 - e \cdot X_2^2$$

Defaultwerte fürs Modell sind:

Koeffizienten

$$a = 0.1$$

$$b = 0.08$$

$$c = 5 \cdot 10^{-7}$$

$$d = 10^{-7}$$

$$e = 5 \cdot 10^{-3}$$

Anfangsbestände

$$X_{1,t=0} = 800\,000 \text{ Organismen/ml}$$

$$X_{2,t=0} = 100\,000 \text{ Organismen/ml}$$

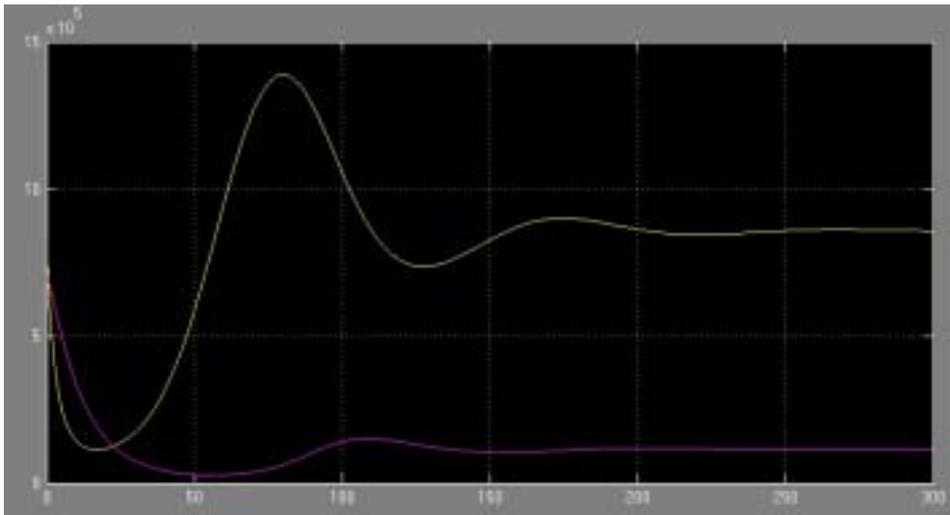


Abb.7: Räuber-Beute-System: Volterra-Prinzip gelb = Beute, lila = Räuber

Konkurrenzierende Populationen: Klassisches Modell

Zwei Populationen N_1 und N_2 beanspruchen dieselben Ressourcen, Nahrungsquelle, Lebensraum etc. Das System wird beschrieben durch die beiden Differentialgleichungen:

$$dX_1/dt = a \cdot X_1 - c \cdot X_1 \cdot X_2 - e \cdot X_1^2$$

$$dX_2/dt = b \cdot X_2 - d \cdot X_1 \cdot X_2 - f \cdot X_2^2$$

S-I-R-Epidemie-Modell

Ein einfaches aber nützliches Epidemie-Modell ist das **S-I-R-Modell**. Dieses Modell ist besonders für die Modellierung von stark infektiösen Krankheiten (z.B. Grippe) geeignet.

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 Epidemiekreislauf entfernte Individuen)

Die Individuen können gemäss dem Diagramm unten von einer Gruppe zur nächsten wechseln. Diese Wechsel finden mit den über den Pfeilen angegebenen Raten statt.

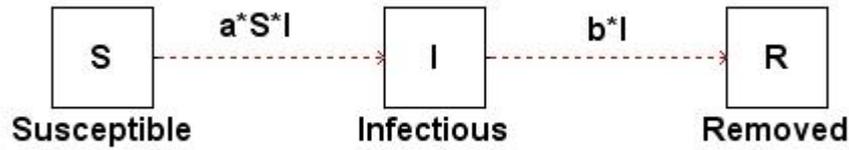


Abb.8: Ablaufdiagramm zu S-I-R-Modell mit zugehörigen Raten

Aus Abb.8 können wir die folgenden Differentialgleichungen herleiten:

$$dS/dt = - a \cdot S \cdot I,$$

$$dI/dt = a \cdot S \cdot I - b \cdot I,$$

$$dR/dt = b \cdot I.$$

Bemerkung: Weil $S + I + R = N = \text{const.}$, gilt $R = N - S - I$. R lässt sich direkt berechnen, wenn S und I bekannt sind. Deshalb genügt es, den Verlauf von S und I zu modellieren. Die Differentialgleichung für R wird im Differentialgleichungssystem unten nicht benötigt.

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

$$dS/dt = - a \cdot S \cdot I$$

$$dI/dt = a \cdot S \cdot I - b \cdot I$$

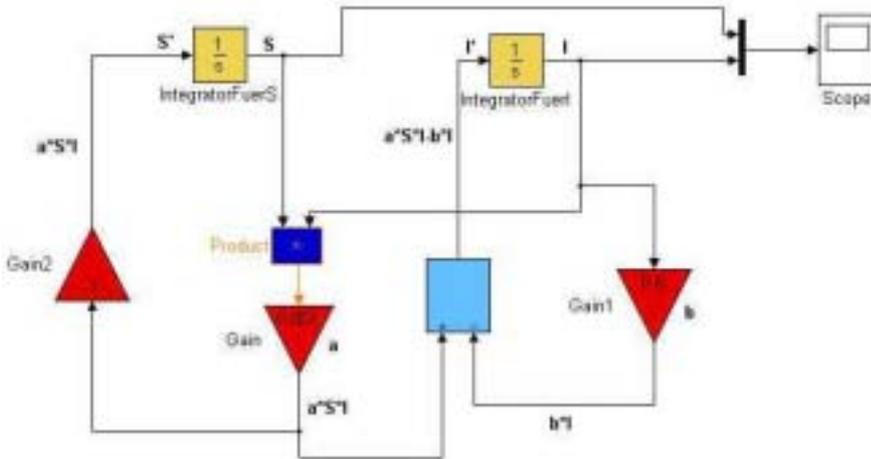


Abb.9: Simulink-Diagramm zum S-I-R-Epidemie-Modell

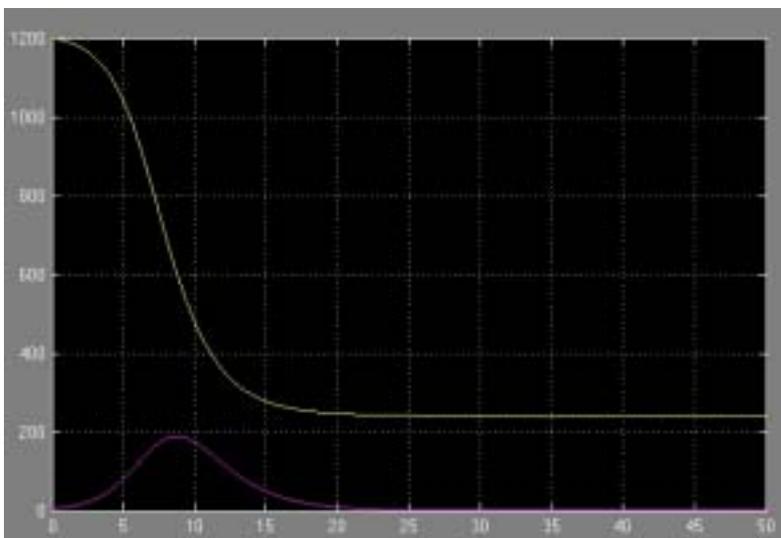


Abb.10: S-I-R-Epidemie-Modell gelb = krankheitanfälligen Individuen lila = infizierte, infektiöse Keime