

## Генетико-математическое моделирование взаимодействия популяций

А.Н. Волобуев , К.А. Адыширин-Заде , Т.А. Антипова 

Самарский государственный медицинский университет  
443099, Россия, г. Самара,  
ул. Чапаевская, 89

**Аннотация** – Представлено решение генетико-математической задачи взаимодействия человеческой популяции и вирусной популяции применительно к проблеме пандемии COVID-19. Отмечено, что вирус взаимодействует не со всем организмом человека как совокупностью сложных органов, а с отдельными его клетками. Использована математическая модель, основанная на законе Харди – Вайнберга, состоящая из двух линейных взаимозависящих дифференциальных уравнений относительно частоты аллеля с различной правой частью. Уравнения отражают временную динамику клеток человеческой и вирусной популяций в процессе их взаимодействия. В уравнении для вирусной популяции правая часть – постоянная величина, характеризующая гибель вирусов за счет иммунной системы человека. В уравнении для клеток человеческой популяции правая часть линейно зависит от частоты аллеля вирусной популяции. Правая часть в этом уравнении характеризует гибель клетки при встраивании в ее ДНК вируса для его размножения. Найдены решения дифференциальных уравнений и проанализированы результаты этих решений. Получена оценка длительности пандемии при использовании параметров клеток печени человека и вируса гриппа.

**Ключевые слова** – закон Харди – Вайнберга, популяции, клетки, вирусы, время жизни, длительность пандемии.

### Введение

Возникновение в мире пандемии COVID-19 поставило ряд научно-технических проблем. Это прежде всего практическая задача создания вакцины против коронавируса. Не вызывает сомнения, что эта задача будет успешно решена в ближайшее время, т. к. над созданием вакцины работают многие научные центры в развитых странах, выделяются достаточные средства для исследований.

Однако возникли и другие вопросы. В частности, представляет интерес прогноз, как долго может длиться пандемия, какие глобальные последствия возникнут из-за распространения заболевания. Не претендуя на исчерпывающие ответы на данные вопросы, заметим, что проблема определения длительности пандемии может быть частично решена на основе генетико-математического моделирования процесса взаимодействия двух популяций: человеческой и вирусной.

Прежде всего отметим, что вирусная популяция взаимодействует не с человеческой популяцией как совокупностью очень сложных организмов, а с популяцией отдельных клеток организма. Смерть человека при вирусной атаке является достаточно эксклюзивным событием, хотя именно по смертности оценивают распространение, например, коронавирусной инфекции, успешность борьбы с ней.

В реальности вирус взаимодействует с клеткой организма. В результате этого взаимодействия клетка может погибнуть, что обычно не приводит к гибели организма в целом. В процессе взаимодействия может погибнуть также и вирус вследствие функционирования иммунной системы человека, возникновения антител к вирусному антигену.

При моделировании задачи взаимодействия вируса и клетки какого-либо органа человека возникает две проблемы. Во-первых, нужно генетически обоснованно моделировать воздействие первой популяции (человеческой или, точнее, клеточной) на вторую популяцию (вирусную) и второй популяции на первую. Естественно, эти воздействия могут осуществляться по разным законам. Во-вторых, нужно учесть различный масштаб времени для обеих популяций, т. к. среднее время жизни клеток человеческих особей может существенно отличаться от среднего времени жизни вирусов. Эти факторы делают решение задачи взаимодействия популяций достаточно сложной.

### 1. Закон Харди – Вайнберга для взаимодействующих популяций

Если имеется некоторый мутагенный фактор  $D_{2,1}$ , действующий со стороны второй популяции на первую, то закон Харди – Вайнберга для первой популяции можно записать в виде [1]:

$$\frac{d^2 q_{f1}}{dn_1^2} + \ln 2 \frac{dq_{f1}}{dn_1} = D_{2,1}, \quad (1)$$

где  $q_{f1}$  – частота рецессивного женского аллеля первой популяции, подвергающегося воздействию со стороны второй популяции. В качестве первой популяции мы рассматриваем клетки органа человека, например клетки печени. Безразмерное время  $n_1 = \frac{t}{T_1}$ , где  $T_1$  – среднее время жизни клеток органа для особи первой популяции. Для клеток печени по разным источникам  $T_1 \approx 140$  суток [2–4].

Закон Харди – Вайнберга для второй популяции запишем аналогично:

$$\frac{d^2 q_2}{dn_2^2} + \ln 2 \frac{dq_2}{dn_2} = D_{1,2}. \quad (2)$$

При записи уравнения (2) мы предположили, что во второй популяции отсутствует разделение на мужские и женские особи, так что  $q_2$  – частота рецессивного аллеля, который подвергается воздействию, в геноме второй популяции. Например, такая ситуация характерна для бактериальной, микробной или вирусной популяций. Безразмерное время  $n_2 = \frac{t}{T_2}$ , где  $T_2$  – среднее время жизни особи второй популяции. Например, для вируса гриппа  $T_2 \approx 7$  суток [2–4]. Мутагенный фактор, действующий со стороны иммунной системы первой популяции на вторую, обозначен  $D_{1,2}$ .

Введем единое безразмерное время. Из условия  $n_1 T_1 = n_2 T_2$  находим  $n_2 = \frac{T_1}{T_2} n_1 = \frac{1}{\gamma} n_1$ , где постоянная  $\gamma = \frac{T_2}{T_1} \approx 0,05$ . Следовательно, уравнение (2) можно переписать в виде

$$\gamma^2 \frac{d^2 q_2}{dn_1^2} + \gamma \ln 2 \frac{dq_2}{dn_1} = D_{1,2}. \quad (3)$$

Рассмотрим мутагенные факторы. Предположим, что аллель в геноме второй популяции  $q_2$  при взаимодействии с первой популяцией встраивается в геном первой популяции с катастрофическими для клетки первой популяции последствиями. Следовательно, можно предположить, что мутагенный фактор  $D_{2,1} = \alpha_1 q_2$ , где  $\alpha_1 < 0$  – некоторый постоянный коэффициент.

Воздействие первой популяции на вторую заключается в уничтожении иммунной системой первой популяции особей (вирусов) второй популяции. Следовательно, можно предположить, что  $D_{1,2} = \alpha_2$ , причем величина  $\alpha_2 < 0$ .

Таким образом, уравнения (1) и (3) приобретают вид:

$$\frac{d^2 q_{f1}}{dn^2} + \ln 2 \frac{dq_{f1}}{dn} = \alpha_1 q_2, \quad (4)$$

$$\gamma^2 \frac{d^2 q_2}{dn^2} + \gamma \ln 2 \frac{dq_2}{dn} = \alpha_2. \quad (5)$$

В уравнениях (4) и (5) индекс у безразмерного времени опущен, т. к. осуществлен переход к единому безразмерному времени  $n = n_1$ .

## 2. Развитие вирусной популяции во время пандемии

Уравнение (5) для второй (вирусной) популяции при воздействии на нее иммунной системы первой популяции может быть решено относительно уравнения (4).

Интегрируем один раз уравнение (5):

$$\gamma^2 \frac{dq_2}{dn} + \gamma \ln 2 q_2 = \alpha_2 n + C_1, \quad (6)$$

где  $C_1$  – постоянная интегрирования.

Для решения уравнения (6) представим функцию  $q_2$  в виде произведения двух функций  $q_2 = uv$ . Тогда уравнение (6) переписывается в виде

$$\gamma^2 v \frac{du}{dn} + \gamma^2 u \frac{dv}{dn} + \gamma \ln 2 uv = \alpha_2 n + C_1. \quad (7)$$

Группируя слагаемые, найдем:

$$\gamma v \left( \gamma \frac{du}{dn} + \ln 2 u \right) + \gamma^2 u \frac{dv}{dn} = \alpha_2 n + C_1. \quad (8)$$

Выражение в скобках примем равным нулю:  $\gamma \frac{du}{dn} + \ln 2 u = 0$ . Интегрируя это равенство, найдем  $\ln u = -\frac{\ln 2 n}{\gamma} = -\ln 2^{\frac{n}{\gamma}}$ . Следовательно,  $u = 2^{-\frac{n}{\gamma}}$ .

Постоянную интегрирования принимаем равной нулю, т. к. имеется некоторый произвол в выборе функции  $u$ . Подставляя эту функцию в (8), получим:

$$\gamma^2 2^{\frac{n}{\gamma}} \frac{dv}{dn} = \alpha_2 n + C_1. \quad (9)$$

Решаем уравнение (9) относительно функции  $v$ , сначала находим:

$$dv = \left( \alpha_2 \frac{n}{\gamma} 2^{\frac{n}{\gamma}} + \frac{C_1}{\gamma} 2^{\frac{n}{\gamma}} \right) d \frac{n}{\gamma}. \quad (10)$$

Следовательно:

$$v = \int \left( \alpha_2 \frac{n}{\gamma} 2^{\frac{n}{\gamma}} + \frac{C_1}{\gamma} 2^{\frac{n}{\gamma}} \right) d \frac{n}{\gamma}$$

$$\begin{aligned}
 &= \frac{\alpha_2}{\ln 2} \int \left(\frac{n}{\gamma}\right) d2^{\frac{n}{\gamma}} + \frac{C_1}{\gamma} \frac{2^{\frac{n}{\gamma}}}{\ln 2} + C_2 = \\
 &= \frac{\alpha_2}{\ln 2} \left( \frac{n}{\gamma} 2^{\frac{n}{\gamma}} - \frac{2^{\frac{n}{\gamma}}}{\ln 2} \right) + \frac{C_1}{\gamma} \frac{2^{\frac{n}{\gamma}}}{\ln 2} + C_2 = \\
 &= \frac{\alpha_2 2^{\frac{n}{\gamma}}}{\ln 2} \left( \frac{n}{\gamma} - \frac{1}{\ln 2} \right) + \frac{C_1}{\gamma} \frac{2^{\frac{n}{\gamma}}}{\ln 2} + C_2.
 \end{aligned}
 \tag{11}$$

Таким образом, для частоты аллеля  $q_2$  найдем:

$$q_2 = uv = \frac{\alpha_2}{\ln 2} \left( \frac{n}{\gamma} - \frac{1}{\ln 2} \right) + \frac{C_1}{\gamma} \frac{1}{\ln 2} + C_2 2^{-\frac{n}{\gamma}}.
 \tag{12}$$

Используем следующие условия: при  $n=0$  частота аллеля  $q_2 = q_{20}$ , при  $\frac{n}{\gamma} = \frac{1}{\ln 2}$  частота аллеля  $q_2 = q_{2z}$ . Второе условие эквивалентно времени  $t = 1,443T_2$ , т. е. второе условие принимается для времени, примерно в полтора раза больше среднего времени жизни особи второй популяции.

Следовательно, по первому условию:

$$q_{20} = -\frac{\alpha_2}{\ln^2 2} + \frac{C_1}{\gamma} \frac{1}{\ln 2} + C_2,
 \tag{13}$$

по второму условию:

$$q_{2z} = \frac{C_1}{\gamma} \frac{1}{\ln 2} + C_2 2^{-\frac{1}{\ln 2}}.
 \tag{14}$$

Решая систему (13), (14), находим:

$$C_2 = \frac{q_{20} - q_{2z} + \frac{\alpha_2}{\ln^2 2}}{1 - 2^{-\frac{1}{\ln 2}}},
 \tag{15}$$

$$\frac{C_1}{\gamma} \frac{1}{\ln 2} = \frac{q_{2z} - q_{20} 2^{-\frac{1}{\ln 2}} - \frac{\alpha_2}{\ln^2 2} 2^{-\frac{1}{\ln 2}}}{1 - 2^{-\frac{1}{\ln 2}}}.
 \tag{16}$$

Подставляя (15) и (16) в (12), получим:

$$\begin{aligned}
 q_2 &= \frac{\alpha_2}{\ln 2} \frac{n}{\gamma} + \\
 &+ \frac{\left( q_{2z} - \frac{\alpha_2}{\ln^2 2} \right) \left( 1 - 2^{-\frac{n}{\gamma}} \right) + q_{20} \left( 2^{-\frac{n}{\gamma}} - 2^{-\frac{1}{\ln 2}} \right)}{1 - 2^{-\frac{1}{\ln 2}}}.
 \end{aligned}
 \tag{17}$$

Формулу (17) можно записать в виде суммы, отражающей размножение во второй (вирусной) популяции и воздействие на нее первой популяции:

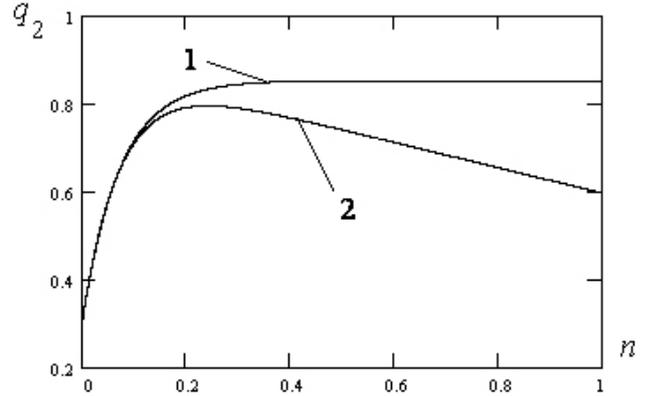


Рис. 1. Изменение частоты аллеля  $q_2$  со временем для второй (вирусной) популяции при отсутствии воздействия иммунной системы первой (человеческой) популяции, кривая 1 и при наличии воздействия, кривая 2. Параметры расчета:  $q_0 = 0,3$ ;  $q_{2z} = 0,65$ ;  $\gamma = 0,05$ ;  $\alpha_2 = -0,01$

Fig. 1. Change in the frequency of the  $q_2$  allele with time for the second (viral) population in the absence of exposure to the immune system of the first (human) population, curve 1 and in the presence of exposure, curve 2. Calculation parameters:  $q_0 = 0,3$ ;  $q_{2z} = 0,65$ ;  $\gamma = 0,05$ ;  $\alpha_2 = -0,01$

$$\begin{aligned}
 q_2 &= \frac{q_{2z} \left( 1 - 2^{-\frac{n}{\gamma}} \right) + q_{20} \left( 2^{-\frac{n}{\gamma}} - 2^{-\frac{1}{\ln 2}} \right)}{1 - 2^{-\frac{1}{\ln 2}}} + \\
 &+ \frac{\alpha_2}{\ln^2 2} \left( \frac{n}{\gamma} \ln 2 - \frac{1 - 2^{-\frac{n}{\gamma}}}{1 - 2^{-\frac{1}{\ln 2}}} \right).
 \end{aligned}
 \tag{18}$$

Отметим, что размножение вирусной популяции происходит не самостоятельно, а только при взаимодействии с клетками, например, человеческой популяции. Поэтому в первом слагаемом (18) присутствует величина  $\gamma = \frac{T_2}{T_1}$ , зависящая от среднего времени жизни клеток первой (человеческой) популяции. Второе слагаемое (18) отражает действие иммунной системы человека на вторую (вирусную) популяцию.

На рис. 1 показано изменение частоты аллеля  $q_2$  второй (вирусной) популяции со временем при отсутствии воздействия иммунной системы человека, кривая 1, и при наличии воздействия, кривая 2, со стороны иммунной системы первой популяции.

Из анализа графиков видно, что при отсутствии воздействия иммунной системы человеческой популяции на вирусную популяцию происходит постепенный рост частоты аллеля  $q_2$  со временем, приближение частоты аллеля  $q_2$  к равновесному значению. При наличии воздействия иммунной системы первой (человеческой) популяции рост  $q_2$

сменяется падением за счет гибели вирусов при действии иммунной системы первой популяции.

### 3. Развитие человеческой популяции во время пандемии

Наиболее интересный вопрос – это взаимодействие клеток органов человеческой популяции при взаимодействии их с вирусами. Некоторые результаты такого взаимодействия можно получить при решении уравнения (4).

Решение уравнения (4) принципиально можно получить, подставляя решение (18) в уравнение (4). Однако такой путь затруднен появлением сложной функции в правой части уравнения (4). Поэтому мы увеличим порядок уравнения, подставив функцию  $q_2$  из уравнения (4) в уравнение (5). В результате получим линейное дифференциальное уравнение четвертого порядка:

$$\gamma^2 \frac{d^4 q_{f1}}{dn^4} + \gamma(\gamma+1) \ln 2 \frac{d^3 q_{f1}}{dn^3} + \gamma \ln^2 2 \frac{d^2 q_{f1}}{dn^2} = \alpha_1 \alpha_2. \quad (19)$$

Интегрируя уравнение (19) дважды, находим:

$$\frac{d^2 q_{f1}}{dn^2} + \frac{(\gamma+1)}{\gamma} \ln 2 \frac{dq_{f1}}{dn} + \frac{1}{\gamma} \ln^2 2 q_{f1} = \frac{\alpha_1 \alpha_2}{\gamma^2} \left( \frac{n^2}{2} + C_3 n + C_4 \right), \quad (20)$$

где  $C_3$  и  $C_4$  – постоянные интегрирования.

Для решения уравнения (20) сначала найдем общее решение однородного уравнения. Запишем характеристическое уравнение:

$$k^2 + \frac{(\gamma+1)}{\gamma} \ln 2 k + \frac{1}{\gamma} \ln^2 2 = 0. \quad (21)$$

Решения квадратного уравнения (21) имеют вид:

$$k_1 = -\ln 2, \quad k_2 = -\frac{\ln 2}{\gamma}. \quad (22)$$

Следовательно, общее решение однородного уравнения:

$$q_{f1} = C_5 e^{k_1 n} + C_6 e^{k_2 n} = C_5 e^{-\ln 2 n} + C_6 e^{-\frac{\ln 2}{\gamma} n} = C_5 2^{-n} + C_6 2^{-\frac{n}{\gamma}}, \quad (23)$$

где  $C_5$  и  $C_6$  – постоянные интегрирования.

Частное решение уравнения (20) будем искать в виде полинома:

$$q_{f1} = An^2 + Bn + D, \quad (24)$$

где  $A$ ,  $B$  и  $D$  – постоянные коэффициенты.

Подставляя (24) в (20), найдем:

$$2A + \frac{(\gamma+1)}{\gamma} \ln 2 (2An + B) + \frac{1}{\gamma} \ln^2 2 (An^2 + Bn + D) = \frac{\alpha_1 \alpha_2}{\gamma^2} \left( \frac{n^2}{2} + C_3 n + C_4 \right). \quad (25)$$

Приравнивая коэффициенты при одинаковых степенях  $n$ , находим:

$$A = \frac{\alpha_1 \alpha_2}{2\gamma \ln^2 2}, \quad B = \frac{\alpha_1 \alpha_2}{\gamma \ln^2 2} C_3 - \alpha_1 \alpha_2 \frac{(\gamma+1)}{\gamma \ln^3 2}. \quad (26)$$

Постоянную  $D$  в (24) находить нет необходимости.

Таким образом, частное решение (24) уравнения (20) принимает вид:

$$q_{f1} = \frac{\alpha_1 \alpha_2}{\gamma \ln^2 2} \left( \frac{n^2}{2} + \left( C_3 - \frac{(\gamma+1)}{\ln 2} \right) n \right) + D. \quad (27)$$

Следовательно, решение уравнения (20) запишется как сумма (23) и (27):

$$q_{f1} = C_5 2^{-n} + C_6 2^{-\frac{n}{\gamma}} + \frac{\alpha_1 \alpha_2}{\gamma \ln^2 2} \left( \frac{n^2}{2} + \left( C_3 - \frac{(\gamma+1)}{\ln 2} \right) n \right) + D. \quad (28)$$

Примем начальное условие: при  $n = 0$  величина

$$q_{f1} = q_{f0}.$$

Следовательно:

$$q_{f0} = C_5 + C_6 + D. \quad (29)$$

Таким образом:

$$q_{f1} = q_{f0} + C_5 (2^{-n} - 1) + C_6 \left( 2^{-\frac{n}{\gamma}} - 1 \right) + \frac{\alpha_1 \alpha_2}{\gamma \ln^2 2} \left( \frac{n^2}{2} + \left( C_3 - \frac{(\gamma+1)}{\ln 2} \right) n \right). \quad (30)$$

Полученное решение (30) характеризует сумму двух процессов: размножение особей первой популяции – первые три слагаемых и воздействие на популяцию – четвертое слагаемое.

Отсутствие воздействия на первую популяцию возможно в двух случаях. Во-первых, при  $\alpha_1 = 0$ , т. е. вторая популяция не действует на первую; во-вторых, при  $\alpha_2 = \alpha_1 = 0$  – популяции развиваются независимо друг от друга; в-третьих, при нулевом значении выражения в скобках четвертого слагаемого (30).

Последний случай наиболее интересен. Он связан с вариантом, когда на первую популяцию, например человеческую, воздействие второй популяции, например вирусной, было, но затем оно

прекратилось, т. к. человеческая популяция выработала иммунитет к воздействию вирусной популяции.

Приравняем последнюю скобку (30) к нулю:

$$\frac{n}{2} + \left( C_3 - \frac{(\gamma+1)}{\ln 2} \right) = 0. \quad (31)$$

Уравнение (31) позволяет найти безразмерное время выработки иммунитета у первой популяции к воздействию второй популяции:

$$n_{\text{имм}} = 2 \left( \frac{(\gamma+1)}{\ln 2} - C_3 \right). \quad (32)$$

Размерное время равно:

$$t_{\text{имм}} = 2T_1 \left( \frac{(\gamma+1)}{\ln 2} - C_3 \right). \quad (33)$$

К сожалению, формула (33) содержит неопределенную постоянную величину  $C_3$ .

Постоянная  $C_3$  определяется, согласно (19), суммой начальных значений первых трех производных по времени от частоты аллеля  $q_{f1}$ . Интегрируя (19) один раз, при  $n = 0$  найдем:

$$\begin{aligned} \gamma^2 \left( \frac{d^3 q_{f1}}{dn^3} \right)_0 + \gamma(\gamma+1) \ln 2 \left( \frac{d^2 q_{f1}}{dn^2} \right)_0 + \\ + \gamma \ln^2 2 \left( \frac{dq_{f1}}{dn} \right)_0 = \alpha_1 \alpha_2 C_3. \end{aligned} \quad (34)$$

Будем считать  $\gamma = \frac{T_2}{T_1}$  очень маленькой величиной. Это возможно, т. к. среднее время жизни клеток человека обычно много больше среднего времени жизни вируса. В этом случае, согласно (34), постоянная  $C_3 \approx 0$ .

Формула (30) при  $C_3 \approx 0$  и  $\gamma \ll 1$  приобретает вид

$$\begin{aligned} q_{f1} = q_{f0} + C_5 (2^{-n} - 1) + C_6 \left( 2^{\frac{n}{\gamma}} - 1 \right) + \\ + \frac{\alpha_1 \alpha_2}{\gamma \ln^2 2} \left( \frac{n^2}{2} - \frac{(\gamma+1)}{\ln 2} n \right). \end{aligned} \quad (35)$$

При  $C_3 \approx 0$  безразмерное время затухания воздействия второй популяции на первую (32) равно  $n_{\text{имм}} = \frac{2}{\ln 2} \approx 2,9$ , размерное время (33) –  $t_{\text{имм}} = \frac{2}{\ln 2} T_1 \approx 2,9 T_1 \approx 400$  суток. Получившееся время возникновения коллективного иммунитета – почти 3 средних времени жизни клетки особи.

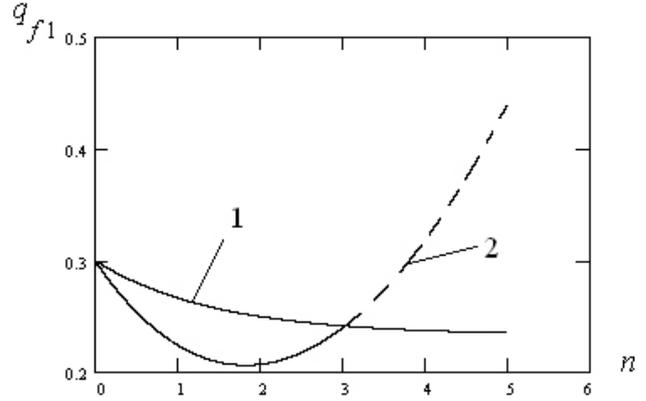


Рис. 2. Изменение частоты аллеля  $q_{f1}$  со временем у первой (человеческой) популяции при отсутствии воздействия второй (вирусной) популяции, кривая 1, и при наличии воздействия, кривая 2. Параметры расчета:  $q_{f0} = 0,3$ ;  $q_{m0} = 0,1$ ;  $\gamma = 0,05$ ;  $\alpha_1 = -0,1$ ;  $\alpha_2 = -0,01$

Fig. 2. Change in the frequency of the  $q_{f1}$  allele with time in the first (human) population in the absence of exposure to the second (viral) population, curve 1 and in the presence of exposure, curve 2. Calculation parameters  $q_{f0} = 0,3$ ;  $q_{m0} = 0,1$ ;  $\gamma = 0,05$ ;  $\alpha_1 = -0,1$ ;  $\alpha_2 = -0,01$

После окончания воздействия второй популяции на первую последнее слагаемое в (35) становится равным нулю. Происходит свободное размножение первой популяции. Учитывая также  $\gamma \ll 1$ , можно записать:

$$q_{f1} = q_{f0} + C_5 (2^{-n} - 1) - C_6. \quad (36)$$

Закон свободного размножения популяции имеет вид [1]:

$$q_{f1} = \frac{2q_{f0} + q_{m0}}{3} + \left( \frac{q_{f0} - q_{m0}}{3} \right) 2^{-n}, \quad (37)$$

где  $q_{f0}$  – начальная частота рассматриваемого рецессивного аллеля у женщины,  $q_{m0}$  – у мужчины.

Сравнивая (36) и (37), находим  $C_5 = \frac{q_{f0} - q_{m0}}{3}$ .

Как и следовало ожидать, получилось  $C_6 = 0$ , т. к.  $q_{f1}$  при свободном размножении особей не должно зависеть от величины  $\gamma$ . Поэтому формулу (35) можно переписать в виде

$$\begin{aligned} q_{f1} = q_{f0} + \left( \frac{q_{f0} - q_{m0}}{3} \right) (2^{-n} - 1) + \\ + \frac{\alpha_1 \alpha_2}{\gamma \ln^2 2} \left( \frac{n^2}{2} - \frac{(\gamma+1)}{\ln 2} n \right). \end{aligned} \quad (38)$$

На рис. 2 показано изменение частоты аллеля  $q_{f1}$  первой (человеческой) популяции со временем при отсутствии воздействия, кривая 1, и при наличии воздействия, кривая 2, со стороны второй (вирусной) популяции.

Из рис. 2 видно, что частота аллеля при отсутствии воздействия вирусной популяции постепенно падает, приближаясь к равновесному значению  $q_{f1} = \frac{2q_{f0} + q_{m0}}{3} = 0,23$ . При воздействии вирусной популяции частота аллеля, на который осуществляется воздействие, кривая 2, сначала падает очень быстро за счет гибели клеток и, соответственно, аллелей, но затем, по мере выработки иммунитета при  $n_{имм} = \frac{2}{\ln 2} \approx 2,9$  и размножения клеток, частота возрастает, достигая нормального уровня, соответствующего кривой 1. Дальнейший рост кривой 2, показанный пунктиром, по-видимому, биологического смысла не имеет.

### Заключение

Использованная генетико-математическая модель взаимодействия популяций, основанная на законе Харди – Вайнберга, позволяет рассчитать некоторые характерные особенности процесса взаимодействия популяций. Ее можно использовать при оценке длительности пандемии COVID-19.

Отмечено, что вирусная популяция взаимодействует не с человеческой популяцией как совокупностью очень сложных организмов, а с популяцией отдельных клеток органов человека. В качестве примера использованы клетки печени. Показано, что длительность процесса пандемии в этом случае составляет примерно 400 суток.

С помощью уравнений развития популяции показано, что клетки человеческой популяции сначала интенсивно гибнут под воздействием вирусов, но затем, при выработке иммунного ответа, за счет размножения клеток, орган человека восстанавливается до нормального уровня. Гибель особи (человека) при вирусной атаке является достаточно эксклюзивным событием, связанным с полным поражением уже заранее ослабленного по сопутствующим причинам органа.

Показана динамика развития вирусной популяции при взаимодействии ее с человеческой популяцией. Рассчитана интенсивность гибели вирусов, в частности гриппа как хорошо изученного заболевания, при действии иммунной системы человека.

### Список литературы

1. Математическая генетика / А.Н. Волобуев [и др.]. Самара: АНО «Издательство СНЦ», 2020. 140 с.
2. Основы общей биологии / под ред. Э. Либберта; пер. с нем. М.: Мир, 1982. 440 с.
3. Фогель Ф., Мотульски А. Генетика человека. Т. 1–3 / пер. с англ. М.: Мир, 1990. 312 с., 378 с., 366 с.
4. Ли Ч. Введение в популяционную генетику / пер. с англ. М.: Мир, 1978. 135 с.

### References

1. Volobuev A.N. et al. *Mathematical Genetics*. Samara: ANO «Izdatel'stvo SNTs», 2020, 140 p. (In Russ.)
2. *Fundamentals of General Biology*. Ed. by E. Libberta; Trans. from German. Moscow: Mir, 1982, 440 p. (In Russ.)
3. Fogel' F., Motul'ski A. *Human Genetics*. Vol. 1–3. Trans. from English. Moscow: Mir, 1990, 312 p. (In Russ.)
4. Li Ch. *Introduction to Population Genetics*. Trans. from English. Moscow: Mir, 1978, 135 p. (In Russ.)

---

## Physics of Wave Processes and Radio Systems 2020, vol. 23, no. 4, pp. 116–122

DOI 10.18469/1810-3189.2020.23.4.116-122

Received 2 October 2020  
Accepted 4 November 2020

### Genetic-mathematical modelling of the populations interaction

Andrey N. Volobuev , Kaira A. Adyshirin-Zade , Tatyana A. Antipova 

Samara State Medical University  
89, Chapayevskaya Street,  
Samara, 443099, Russia

*Abstract* – The solution of the genetic-mathematical problem of interaction between the human population and the virus population in relation to the problem of the COVID-19 pandemic is presented. It is noted that the virus does not interact with

the entire human body, as a set of complex organs, but with its individual cells. A mathematical model based on the Hardy-Weinberg law is used, consisting of two linear interdependent differential equations relatively to the frequency of an allele with different right sides. The equations reflect the time dynamics of human cells and virus populations during their interaction. In the equation for the virus population the right side is a constant value that characterizes the death of viruses due to the human immune system. In the equation for human cells population the right side depends linearly on the allele frequency of the virus population. The right side of this equation characterizes the death of a cell when a virus inserted in its DNA for its reproduction. Solutions of differential equations are found and the results of these solutions are analyzed. The duration of the pandemic was estimated using parameters of human liver cells and influenza virus.

*Keywords* – Hardy-Weinberg law, populations, cells, viruses, time of a life, duration of pandemic.

## Информация об авторах

**Волобуев Андрей Николаевич**, доктор технических наук, профессор, заведующий кафедрой медицинской физики, математики и информатики Самарского государственного медицинского университета, г. Самара, Россия.

*Область научных интересов:* волновые процессы в биофизике, нелинейная радиофизика.

*E-mail:* volobuev47@yandex.ru

*ORCID:* <https://orcid.org/0000-0001-8624-6981>

**Адыширин-Заде Каира Алимовна**, кандидат педагогических наук, доцент, завуч кафедры медицинской физики, математики и информатики Самарского государственного медицинского университета, г. Самара, Россия. Окончила Самарский государственный университет по специальности «Преподаватель физики».

*Область научных интересов:* методика преподавания физики в медицинских вузах.

*E-mail:* adysirinzade67@gmail.com

*ORCID:* <https://orcid.org/0000-0003-3641-3678>

**Антипова Татьяна Александровна**, кандидат физико-математических наук, доцент кафедры медицинской физики, математики и информатики Самарского государственного медицинского университета, г. Самара, Россия. Окончила Поволжскую государственную академию телекоммуникаций и информатики по специальности «Многоканальные телекоммуникационные системы».

*Область научных интересов:* информационные технологии в медицине.

*E-mail:* antipovata81@gmail.com

*ORCID:* <https://orcid.org/0000-0002-7003-5909>

## Information about the Authors

**Andrey N. Volobuev**, Doctor of Technical Sciences, professor, head of the Department of Medical Physics, Mathematics and Informatics, Samara State Medical University, Samara, Russia.

*Research interests:* wave processes in biophysics, nonlinear radio-physics.

*E-mail:* volobuev47@yandex.ru

*ORCID:* <https://orcid.org/0000-0001-8624-6981>

**Kaira A. Adyshirin-Zade**, Candidate of Pedagogical Sciences, docent, head teacher of the Department of Medical Physics, Mathematics and Informatics, Samara State Medical University, Samara, Russia. Graduated from Samara State University with specialty «Physics teacher».

*Research interests:* methods of teaching physics in medical universities.

*E-mail:* adysirinzade67@gmail.com

*ORCID:* <https://orcid.org/0000-0003-3641-3678>

**Tatyana A. Antipova**, Candidate of Physical and Mathematical Sciences, docent of the Department of Medical Physics, Mathematics and Informatics, Samara State Medical University, Samara, Russia. Graduated from the Volga State Academy of Telecommunications and Informatics with specialty «Multi-Channel telecommunications systems».

*Research interests:* information technologies in medicine.

*E-mail:* antipovata81@gmail.com

*ORCID:* <https://orcid.org/0000-0002-7003-5909>