

ИНСТИТУТ МАТЕМАТИКИ И МЕХАНИКИ УНЦ АН СССР
СВЕРДЛОВСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ ОРДЕНА ТРУДОВОГО КРАСНОГО
ЗНАМЕНИ МЕДИЦИНСКИЙ ИНСТИТУТ

ОБЩЕСТВО "ЗВАНИЕ" УНЦ АН СССР
СВЕРДЛОВСКИЙ ОБЛАСТНОЙ ДОМ ТЕХНИКИ НТО

Областная научно-практическая конференция

"МАТЕМАТИЧЕСКОЕ МОДЕЛИРОВАНИЕ В МЕДИЦИНЕ И
БИОЛОГИИ"

27-29 октября

Свердловск

1981

В материалах областной научно-практической конференции рассматривается вопрос, связанный с математическим моделированием процессов в организме в норме и патологии с применением математических методов в диагностике заболеваний. Ряд докладов посвящён применению математических методов при решении биологических и экологических задач.

Ответственный за выпуск кандидат физико-математических наук **В.А. САДКОВ**.

МЕТОД БИНАРНЫХ ОТНОШЕНИЙ В ОЦЕНКЕ СХОДСТВА БИОТИЧЕСКИХ СООБЩЕСТВ

Ю.А.Елькин, И.М.Хохуткин

Установление и оценка степеней сходства носит достаточно общий характер и применяется в различных разделах биологии (Preston, 1962 a, b; Старобогатов, 1970; Билекин, Шлейко, 1979; Сухнов, 1980 и др.). Одним из авторов настоящей работы уже была описана методика применения бинарных отношений для оценки морфологического сходства (Елькин, Ищенко, 1979). Применяя более строгие формальные посылки метода, по сравнению с существующими статистическими методиками, нам думается получить не столько более «адекватную», сколько более простую (но не менее точную) оценку данных по закономерностям формирования флоры регионов.

Для анализа взято распределение наземных моллюсков по ареалу двух надсемейств инфраотряда виноградных улиток (около 950 видов). Принимается существование в виде части биотических сообществ данных видов в Северной Америке, Европе, на Кавказе и в Крыму, в Средней Азии и на Алтае, на Дальнем Востоке, Филиппинах, в Австралии, Южной Америке, Индии и Таиланде. Каждый из рассматриваемых регионов характеризуется определенным количеством видов, обладающих той или иной (всего 5) категорией признаков.

Логика рассуждений при обработке полученных данных сводилась к следующему. Имеется конечное множество регионов: $H = \{M_i\}$, $i = 1, n$. Каждый регион характеризуется набором видов: $M_i = \{x_{i,j}\}$, $j = 1, m$, где $x_{i,j}$ — отдельные виды. Степень сходства между регионами оценивается количественно. Это означает, что мы должны построить функцию сходства на множестве H (Дэран, Одделл (1974) 1977, стр.19) следующим образом. Возьмем произвольную пару из H и будем рассматривать

объединение M множеств M_i, M_j , т.е. $M = M_i \cup M_j$. Тем самым мы получаем разбиение множества на пять (система признаков) не пересекающихся классов, т.е. по определению, данное разбиение дает бинарное отношение эквивалентности на множестве M , где каждый вид представляется как вектор, содержащий только нули (нет признака) и единицы (есть признак), т.е. бинарные данные. Бинарное отношение ψ на M является отношением эквивалентности, если оно 1.Рефлексивно, 2.Симметрично и 3. Транзитивно (Корн, Корн (1962), 1980, стр. 330).

Перейдем к построению функции сходства F на множестве H . Подсчитаем количество пар $S_{ij}(x_i \psi x_j)$, где x_i из M_i , x_j из M_j и отнесем к сумме пар S_{xy} , где x и y - виды, принадлежащие к одному из множеств M_i или M_j . Тогда $F(M_i, M_j) = \frac{S_{ij}}{S} = \frac{2 \sum_k f_{ki} \cdot f_{kj}}{\sum_k f_{ki}^2 + \sum_k f_{kj}^2}$, где f_{ki} (f_{kj}) - количество видов в регионе M_i (M_j), обладающих признаком k .

По значению функции сходства строим дерево с максимальной длиной ребер, вершинами которого являются рассматриваемые регионы. Под длиной ребра понимается значение функции сходства. Получаем граф (Бернс, 1958) центральной вершиной которого для всех рассматриваемых когорт признаков является Новый Свет. Значение коэффициентов сходства уменьшается по мере удалений регионов от Нового Света и относительно друг друга.

Таким образом, Новый Свет является центром расхождения когорт генетически детерминированных признаков фенотипа. Полученные выводы полностью соответствуют данным об истории формирования фауны в ареале рассмотренного инфраотряда.

МЕТОД БИНАРНЫХ ОТНОШЕНИЙ В ОЦЕНКЕ СХОДСТВА БИОТИЧЕСКИХ СООБЩЕСТВ

Ю.А. Елькин, И.М. Хохуткии

Установление и оценка степеней сходства носит достаточно общий характер и применяется в различных разделах биологии (Preston, 1962а, б; Старобогатов, 1970; Виленкин, Шилейко, 1979; Суханов, 1980 и др.). Одним из авторов настоящей работы уже была описана методика применения бинарных отношений для оценки морфологического сходства (Ельник, Ищенко, 1979). Применяя более строгие формальные посылы метода, по сравнению с существующими статистическими методиками, нам думается получить не столько более адекватную, сколько более простую (но не менее точную) оценку данных по закономерностям формирования биоты регионов.

Для анализа взято распределение наземных моллюсков по ареалу двух надсемейств инфраотряда виноградных улиток (около 950 видов). Принимается существование в виде части биотических сообществ данных видов в Северной Америке, Европе, на Кавказе и в Крыму, в Средней Азии и на Алтае, на Дальнем Востоке, Филиппинах, в Австралии, Южной Америке, Индии и Таиланде. Каждый из рассматриваемых регионов характеризуется определенным количеством видов, обладающих той или иной (всего 5) когортой признаков.

Логика рассуждений при обработке полученных данных сводилась к следующему. Имеется конечное множество регионов: $H = \{M_i\}$, $i=1, n$. Каждый регион характеризуется набором видов: $M_i = \{x_{i,j}\}$, $j=1, m$, где $x_{i,j}$ — отдельные виды. Степень сходства между регионами оценивается количественно. Это означает, что мы должны построить функцию сходства на множестве H (Дюран, Оделл (1974) 1977, стр. 19) следующим образом. Возьмем произвольную пару из H и будем рассматривать

объединение M множеств M_i, M_j , т.е. $M=M_i \cup M_j$. Тем самым мы получаем разбиение множества на пять (система признаков) не пересекающихся классов, т.е. по определению, данное разбиение дает бинарное отношение эквивалентности на множестве M , где каждый вид представляется как вектор, содержащий только нули (нет признака) и единицы (есть признак), т.е. бинарные данные. Бинарное отношение ϕ на M является отношением эквивалентности, если оно 1. Рефлексивно, 2. Симметрично и 3. Транзитивно (Корн, Корн (1962), 1960, стр. 330).

Перейдем к построению функции сходства F на множестве N . Подсчитаем количество пар S_{ij} ($x_i \phi x_j$), где x_i из M_i , x_j из M_j и отнесем к сумме пар $S_{x\phi y}$, где x и y — виды принадлежащие к одному из множеств M_i или M_j . Тогда

$$F(M_i, M_j) = \frac{S_{ij}}{S} = \frac{2 \sum_k f k_i \cdot f k_j}{\sum_k f^2 k_i + \sum_k f^2 k_j}, \text{ где } f k_i (f k_j) —$$

количество видов в регионе $M_i(M_j)$, обладающих признаком k .

По значению функции сходства строим дерево с максимальной длиной ребер, вершинами которого являются рассматриваемые регионы. Под длиной ребра понимается значение функции сходства. Получаем граф (Берне, 1958) центральной вершиной которого для всех рассматриваемых когорт признаков является Новый Свет. Значение коэффициентов сходства уменьшается по мере удалений регионов от Нового Света и относительно друг друга.

Таким образом, Новый Свет является центром расхождения когорт генетически детерминированных признаков фенотипа. Полученные выводы подлостью соответствуют данным об истории формирования фаун в ареале рассмотренного инфраотряда.