

Казахский национальный университет им. Аль-Фараби
АО «Научный центр противоинфекционных препаратов»
Институт вычислительной математики
и математической геофизики СО РАН
Институт математики имени С.Л. Соболева СО РАН
Новосибирский государственный университет

проводят

международную научную конференцию

**МАТЕМАТИЧЕСКИЕ МОДЕЛИ
БИОЛОГИИ И МЕДИЦИНЫ:
ПОСТРОЕНИЕ,
ИССЛЕДОВАНИЕ И
ИДЕНТИФИКАЦИЯ**

Алматы, Казахстан, 8-12 декабря 2014 года

СБОРНИК ТЕЗИСОВ

Международный программный комитет

С.И. Кабанихин (председатель), А.И. Ильин (председатель), М.А. Бектемесов (председатель), Н.А. Колчанов, Ю.С. Аульченко, В.П. Голубятников, Г.В. Демиденко, Н.Г. Загоруйко, И.В. Коптюг, В.А. Лихошвай, М.П. Мошкин, Н.Л. Подколотный, А.М. Самсонов, В.Н. Снытников, М.П. Федорук, А.П. Чупахин, М.А. Шишленин, И.Г. Чёрных, О.И. Криворотько, Д.А. Воронов.

Организационный комитет

Д.Б. Нурсеитов (председатель), М.А. Шишленин (председатель), Б.Б. Шолпанбаев (председатель), Н.Л. Подколотный (зам. председателей), А.В. Пененко (зам. председателей), О.И. Криворотько (зам. председателей), Д.А. Воронов (ученый секретарь), А.Л. Карчевский, И.Г. Черных, И.М. Куликов, Н.С. Новиков, А.С. Плаксиенко, М.А. Каменщиков.

Содержание

Азимов А.А. Обратная задача лечения зараженного организма бактериостатическим антибиотиком	4
Anisimov M. P. Nucleation rate surfaces as a new tool for the nucleation kinetics description	5
Витвицкий А.А. Клеточно-автоматная модель процесса самоорганизации бактериальной системы белков MinCDE	6
Воронов Д.А. Численное решение прямых и обратных задач фармакокинетики	7
Демиденко Г.В. Уравнения с запаздывающим аргументом и уравнения с частными производными в задачах многостадийного синтеза вещества	8
Imomnazarov Kh.Kh. A mathematical model in biomechanics	9
Кабанихин С.И. ^{1,2} , Криворотько О.И. ^{1,2} Математические модели в иммунологии: прямые и обратные задачи	10
Kim J.Y., Reva O.N. Using molecular docking for modeling antibacterial activity of natural polyene antibiotics batumin/kalimantacin, mupirocin and bacillaene	11
Шишленин М.А. Математическое моделирование акустического томографа	13

**ОБРАТНАЯ ЗАДАЧА ЛЕЧЕНИЯ ЗАРАЖЕННОГО ОРГАНИЗМА
БАКТЕРИОСТАТИЧЕСКИМ АНТИБИОТИКОМ**

Азимов А.А.

*Казахский национальный университет им. аль-Фараби, Алматы
anvar.aa@mail.ru*

В работе рассматривается процесс лечения зараженного организма бактериостатическим антибиотиком. В системе наряду с основной популяцией бактерий, чувствительных к действию антибиотика, присутствуют бактерии-мутанты, на которые антибиотик не оказывает влияния. Этот процесс описывается следующей системой дифференциальных уравнений:

$$\dot{x}_1 = \left[\frac{ka_1}{x_1^\theta} - b_1(x_1 + x_2) \right] x_1,$$

$$\dot{x}_2 = \left[a_2 - b_2(x_1 + x_2) \right] x_2,$$

где x_1 и x_2 – численность основной популяции бактерий и бактерий-мутантов соответственно, a_1 и a_2 – приросты численности бактерий основной популяции и мутантов, параметры b_1 и b_2 характеризуют чувствительность обоих типов бактерий к ограниченности жизненного пространства, θ – эффективность антибиотика, k – его концентрация. Значения численностей бактерий обоих типов в начальный момент времени считаются известными:

$$x_1(0) = x_{10}, \quad x_2(0) = x_{20}.$$

Задача состоит в отыскании параметра k таким образом, чтобы советуемое ему решение системы удовлетворяло условиям:

$$x_1(t) = y_1(t), \quad x_2(t) = y_2(t),$$

где функции y_1 и y_2 считаются известными на интервале времени $[0, T]$ (результаты эксперимента).

Задача сводится к минимизации функционала

$$I(k) = \int_0^T \left[(x_1(t) - y_1(t))^2 + (x_2(t) - y_2(t))^2 \right] dt.$$

Данная задача решается градиентным методом. Расчеты показали, что значение неизвестного параметра k восстанавливается с точностью до тысячных.

Nucleation Rate Surfaces as a New Tool for the Nucleation Kinetics Description

M. P. Anisimov

Nanoaerosol Research Laboratory, FSBSI Technological Design Institute of Scientific Instrument Engineering SB RAS (TDSIE SB RAS, anisimovmp@mail.ru), 41 Russkaya Street, 630058, Novosibirsk, Russia

ABSTRACT

One can find in scientific literature a pretty fresh idea of the nucleation rate surfaces design over the diagrams of phase equilibria. That idea looks like profitable for the nucleation theory development and for various practical applications where predictions of theory have no high enough accuracy for today. The common thermodynamics has no real ability to predict parameters of the first order phase transition. Kinetics of that transition is complicate problem as well. It is known widely that many-body problem has no exact solution. The usual way of any theory is to reduce the many-body problem to one body in some field. The features of one body and the field are adjusted usually to get the reasonable compliance to the empirical results. Relation of the theoretical and empirical results is not good enough in case of the Nucleation Theory.

Nucleation experiment can be provided in very local nucleation conditions even the nucleation takes place from the critical conditions down to the absolute zero temperature limit and from zero nucleation rates at phase equilibria up to the spinodal conditions. Theory predictions have low reliability as a rule. It is well known that any phase diagram has several lines of phase equilibria. It is easy to show that each line of phase equilibria generates the nucleation rate surface in space of nucleation process parameters. It means that one has multi sheet nucleation rate surfaces in the common case. Each nucleation rate surface is related to one phase state generation, or it is related to a single channel of nucleation. Semiempirical design of the nucleation rate surfaces over diagrams of phase equilibria have a potential ability to provide a reasonable quality information on nucleation rate for each channel of nucleation. Consideration and using of the nucleation rate surface topologies to optimize synthesis of a given phase of the target material can be available when data base on nucleation rates over diagrams of phase equilibria will be created.

КЛЕТОЧНО-АВТОМАТНАЯ МОДЕЛЬ ПРОЦЕССА САМООРГАНИЗАЦИИ БАКТЕРИАЛЬНОЙ СИСТЕМЫ БЕЛКОВ MINCDE

Витвицкий А.А.

*Институт Вычислительной Математики и Математической Геофизики СО РАН,
Новосибирск
vitvit@ssd.sccc.ru*

Система белков MinCDE присутствует в бактериях *E. coli* и некоторых других видах. В естественных условиях, MinCDE предотвращает неправильное деление бактериальной клетки. В лабораторных экспериментах, MinCDE образует движущиеся белковые волны и некоторые другие пространственно-временные паттерны. Точные механизмы этого процесса самоорганизации до сих пор не ясны, однако, в [1] было сделано предположение, что самоорганизация в системе MinCDE возникает в результате двух противоположных механизмов: коллективное связывание белков MinD с мембраной, и их последующее открепление в результате гидролиза АТФ, ускоряющееся за счет накопления белков MinE на мембране. Кроме того, в [2] было предположено, что система MinCDE может чувствовать геометрию клетки. Основываясь на этих предположениях, мы разработали клеточно-автоматную модель процесса самоорганизации белков MinDE и протестировали ее на решетках с различной геометрией. В результате компьютерного моделирования были получены белковые волны и спирали, схожие с теми, что отображены на снимках, полученных при помощи покадровой микроскопии в лабораторных условиях.

Исследование выполнено по Программе фундаментальных исследований Президиума РАН, проект 15.9 (2014), а также поддержано грантом РФФИ 14-01-31425 mol a.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Loose M., Fischer-Friedrich E., Herold C., Kruse K., Schwille P. Min protein patterns emerge from rapid rebinding and membrane interaction of MinE. Nat. Struct. Mol. Biol. 2011. V. 18, P. 577-583.
2. Schweizer J, Loose M, Bonny M, Kruse K, Monch I, et al. Geometry sensing by self-organized protein patterns. 2012. PNAS 109: 15283–15288.

ЧИСЛЕННОЕ РЕШЕНИЕ ПРЯМЫХ И ОБРАТНЫХ ЗАДАЧ ФАРМАКОКИНЕТИКИ

Воронов Д.А.

*Новосибирский государственный университет, Новосибирск
Институт Вычислительной Математики и Математической Геофизики, Новосибирск
voronov-dima@mail.ru*

В докладе рассмотрено математическое моделирование фармакокинетических процессов. Продемонстрирован подход, при котором организм разбивается на конечное число камер. В каждой такой камере вещество "идеально-перемешано" и кинетически-однородно. Такой процесс описывается системой нелинейной системой дифференциальных уравнений. Анализ идентифицируемости параметров позволяет определить, какие из параметров модели могут быть определены из данных эксперимента. Рассматриваемые фармакокинетические модели в большинстве случаев являются неидентифицируемыми, что приводит к необходимости поиска подходящей замены переменных. Рассмотрены постановки прямой и обратной задачи фармакокинетики. Разработан алгоритм решения обратной задачи в случае произвольного количества камер в системе. Приведены результаты численных расчетов. Рассмотрен вопрос о выборе начальных приближений для итерационных методов

Работа проводилась при частичной поддержке Министерства образования и науки Российской Федерации, а также при поддержке гранта президента РФ для поддержки ведущих научных школ № НШ-5666.2014.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. *Audoly S., D'Angio L* On the identifiability of linear compartmental systems: a revisited transfer function approach based on topological properties. // *Math. Biosci.* - 66(2) - 1983 201-228.
2. *Rescigno Aldo* Foundations of pharmacokinetics. // Kluwer Academic Publishers, 2003, New York.
3. *Macheras Panos, Iliadis Athanassios* Modeling in Biopharmaceutics, Pharmacokinetics, and Pharmacodynamics. // Springer Science+Business Media, Inc., 2006, New York.

**УРАВНЕНИЯ С ЗАПАЗДЫВАЮЩИМ АРГУМЕНТОМ
И УРАВНЕНИЯ С ЧАСТНЫМИ ПРОИЗВОДНЫМИ В
ЗАДАЧАХ МНОГОСТАДИЙНОГО СИНТЕЗА ВЕЩЕСТВА**

Демиденко Г.В.

*Институт математики им. С.Л. Соболева СО РАН,
Новосибирский государственный университет, Новосибирск
demidenk@math.nsc.ru*

Рассмотрим задачу Коши для системы дифференциальных уравнений, моделирующей многостадийный синтез вещества:

$$\begin{cases} \frac{dx_1}{dt} = -\frac{n-1}{\tau}x_1 + g(t, x_n), \\ \frac{dx_j}{dt} = \frac{n-1}{\tau}x_{j-1} - \frac{n-1}{\tau}x_j, \quad j = 2, \dots, n-1, \\ \frac{dx_n}{dt} = \frac{n-1}{\tau}x_{n-1} - \theta x_n, \quad x|_{t=0} = x^0, \quad \theta \geq 0, \quad \tau > 0. \end{cases} \quad (1)$$

Размерность системы n определяется числом стадий, $x_j(t)$ — концентрация вещества на j -й стадии. В случае большого числа стадий возникает проблема нахождения конечного продукта $x_n(t)$. Способ решения этой “проблемы большой размерности” предложен в работах [1, 2]. Он заключается в сведении (1) к начальной задаче для некоторого уравнения с запаздывающим аргументом. При обосновании такого перехода автором доказан ряд предельных теорем, из которых, в частности, вытекают оценки аппроксимации $x_n(t) \approx y(t)$ при $n \gg 1$.

На основе предельных теорем предлагается находить приближенные значения $x_k(t)$, $k = 1, \dots, n-1$, в виде $u(t, z_k)$, $z_k = \frac{k-1}{n-1}$, где $u(t, z)$ — решение некоторой краевой задачи для параболического уравнения при $n \gg 1$:

$$\tau u_t + u_z - \frac{1}{2(n-1)}u_{zz} = 0, \quad t > 0, \quad z \in (0, 1).$$

Начальные условия при $t = 0$ определяются начальными данными из (1), а краевые условия при $z = 0$ и $z = 1$ определяются первым и последним уравнениями системы (1) с учетом предельных теорем и установленных оценок аппроксимации $x_n(t) \approx y(t)$, $n \gg 1$.

Работа проводилась при частичной поддержке РФФИ (проект № 13-01-00329) и СО РАН (междисциплинарный проект № 80).

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Лихошвай В.А., Фадеев С.И., Демиденко Г.В., Матушкин Ю.Г. Моделирование уравнением с запаздывающим аргументом многостадийного синтеза без ветвления // Сиб. журн. индустр. матем. 2004. Т. 7, № 1. С. 73–94.
2. Демиденко Г.В., Мельник И.А. Об одном способе аппроксимации решений дифференциальных уравнений с запаздывающим аргументом // Сиб. мат. журн. 2010. Т. 51, № 3. С. 528–546.

A MATHEMATICAL MODEL IN BIOMECHANICS

Imomnazarov Kh.Kh.

*The Institute of Computational Mathematics and Mathematical Geophysics Siberian Branch,
Russian Academy of Sciences, Novosibirsk, Russia*

imom@omzg.ssc.ru

The multiple-network poroelastic theory (MPET) was introduced in to geomechanics to simulate naturally fractured reservoirs having both storage and transport porosities. The MPET medium comprises a solid matrix permeated by low-porosity pores and high-porosity fissures that are in communication and fluid can transfer between them [1, 2].

The MPET models are a combination of conservation of mass and momentum principles, porous flow laws, stress-strain relationships and the Terzaghi effective stress principle.

It is observable from experiments that when a porous medium is subject to a uniform increase in fluid pressure, there is a relatively small deformation of the elastic matrix. This leads to the concept of the effective stress: $\sigma'_{ij} = \sigma_{ij} + \delta_{ij} p$ [1], where σ_{ij} and σ'_{ij} are, respectively the total and effective stresses in the solid matrix, p is the pore pressure.

The single-network poroelastic equations have been used successfully in the modelling of biomechanical processes: for instance, a poroelastic representation of brain has been utilized to demonstrate the qualitative information about the pathophysiology of acute and chronic hydrocephalus. The model proposed is a simplification of that from [2], where the parenchyma is considered to be a solid, deformable matrix permeated by a single network of interstitial pores filled with cerebrospinal fluid. When combined with the linear stress-strain relationship $\sigma'_{ij} = 2\mu \left(\varepsilon_{ij} + \frac{\tilde{\nu}\varepsilon}{1-2\tilde{\nu}} \delta_{ij} \right)$, where μ is the shear modulus of the tissue, ε is the volumetric strain and $\tilde{\nu}$ is the Poisson ratio, the single fluid-network poroelastic equations are obtained:

$$\frac{\partial^2 p}{\partial t^2} - \alpha \rho_l \Delta p - (K - \alpha \rho \rho_s) \operatorname{div} \frac{\partial \mathbf{u}}{\partial t} = 0,$$

$$\frac{\partial^2 \mathbf{u}}{\partial t^2} - \frac{\mu}{\rho_s} \Delta \mathbf{u} - \frac{\lambda + \mu - K^2 / (\alpha \rho^2)}{\rho_s} \nabla \operatorname{div} \mathbf{u} - \frac{K - \alpha \rho \rho_s}{\alpha \rho^2 \rho_s} \nabla \frac{\partial p}{\partial t} = 0.$$

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. *Tully B. Ventikos Y.* Cerebral water transport using multiple-network poroelastic theory: application to normal pressure hydrocephalus // *J. Fluid Mech.* 2011, v. 667, pp. 188-215
2. *Zhabborov N.M., Imomnazarov Kh.Kh.* Some initial boundary value problems of mechanics of two-velocity media. Tashkent, 2012. 212p (in Russian).

**МАТЕМАТИЧЕСКИЕ МОДЕЛИ В ИММУНОЛОГИИ:
ПРЯМЫЕ И ОБРАТНЫЕ ЗАДАЧИ**

Кабанихин С.И.^{1,2}, Криворотько О.И.^{1,2}

¹ *Институт вычислительной математики и*

математической геофизики СО РАН, Новосибирск;

² *Новосибирский государственный университет, Новосибирск, Россия*

krivorotko.olya@mail.ru, kabanikhin@sscc.ru

Математическое моделирование иммунологических систем основано на численном решении системы нелинейных обыкновенных дифференциальных уравнений (ОДУ). Коэффициенты ОДУ характеризуют иммунную систему, ее изменение при заболевании и т.д. Задачу определения этих параметров по дополнительной информации о течении болезни назовем обратной задачей иммунологии. В докладе предложен оптимизационный подход [1, 2] численного решения обратной задачи определения неизвестных параметров модели

$$\begin{cases} \dot{X} = P(X(t), \Theta), & t \in (0, T); \\ X(0) = X^0. \end{cases} \quad (1)$$

по экспериментальным данным, фиксированным в определенные моменты времени

$$X_n(t_k) = \Phi_n(t_k), \quad k = 1, \dots, K_n, \quad n = 1, \dots, N. \quad (2)$$

Здесь $X(t) = (X_1(t), \dots, X_N(t))^T$ – вектор переменных, $\Theta = (\Theta_1, \dots, \Theta_M)^T$ – вектор параметров модели, $P(X(t), \Theta) = (P_1(X(t), \Theta), \dots, P_N(X(t), \Theta))$, где функция P_n непрерывная, $n = 1, \dots, N$, $X^0 = (X_1^0, \dots, X_N^0)^T$ – вектор начальных данных задачи (1). Обратная задача (1)-(2) заключается в определении параметров и начальных данных $q = (\Theta, X^0)$ по данным анализа крови, мочи вида (2).

В докладе проведен обзор и анализ моделей иммунологии, приведен численный алгоритм решения обратной задачи (1)-(2) и результаты расчетов [3].

Работа поддержана Министерством образования и науки Российской Федерации и грантом Президента РФ для поддержки ведущих научных школ № НШ-5666.2014.5.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. *С.И. Кабанихин*. Обратные и некорректные задачи. Новосибирск: Сибирское научное издательство, 2009.
2. *С.И. Кабанихин, О.И. Криворотько*. Численные методы решения прямых и обратных задач иммунологии // Труды пятой международной конференции «Математическая биология и биоинформатика», г. Пущино, Россия, 19-24 октября 2014 г., стр. 144-145.
3. *А.И. Ильин, С.И. Кабанихин, О.И. Криворотько*. Об определении параметров биологических моделей, описываемых системами нелинейных дифференциальных уравнений // *СЭМИ*. - 2014. - Т. 11 - С. С4-С18.

USING MOLECULAR DOCKING FOR MODELING ANTIBACTERIAL
ACTIVITY OF NATURAL POLYENE ANTIBIOTICS
BATUMIN/KALIMANTACIN, MUPIROCIN AND BACILLAENE

Kim J.Y., Reva O.N.

*Bioinformatics and Computational Biology Unit, Dep. Biochemistry, University of Pretoria,
Pretoria, South Africa*

oleg.reva@up.ac.za

Staphylococcus aureus is a major human pathogen that is capable of causing a wide range of human diseases that result in significant morbidity and mortality in both community and hospital acquired infections. Methicillin-resistant *S. aureus* that have developed antibiotic resistance through the process of natural selection became especially problematic in hospitals. Several new prospective polyene antibiotics were isolated from different species of gamma-Proteobacteria which selectively suppressed growth of *S. aureus* including multi-drug resistant strains in concentration 0.05 µg/ml [1, 2, 3]. Among these reported antibiotics only mupirocin is widely used in medicine and multiple cases of resistance to this antibiotic have been reported. The molecular target of mupirocin is isoleucyl-tRNA-synthetase [4]. Surprisingly, for other polyene antibiotics several alternative mechanisms of action were proposed [5]. It gives us opportunities to optimize the treatment of antibiotic resistant *S. aureus* by combining several similar antibiotics inhibiting different target enzymes, but the designing of treatment regimens needs a deeper understanding of mechanisms of molecular interactions between antibiotics and their targets. In this work we used molecular docking techniques implemented in Accelrys Discovery Studio 4.0 to study interactions of 3 polyene antibiotics, - mupirocin, batumin and bacillaene, - with predicted molecular models of their target proteins isoleucyl-tRNA-synthetase and FabI, which were reported elsewhere in multiple publications. To study genetic encoding and mechanisms of biosynthesis of these antibiotics, complete chromosome of batumin producer *Pseudomonas batumici* UCMB-321 and bacillaene producer *Bacillus atrophaeus* UCMB-5137 have been sequenced. It was found that despite experimentally proved inhibition of the fatty acid biosynthesis in *S. aureus* by batumin [5], either this antibiotic or bacillaene cannot interact directly with FabI protein, but they do interact with isoleucyl-tRNA-synthetase showing an even stronger specificity to this protein than mupirocin does. It may explain the higher and broader antibacterial activity of these antibiotics and suggests possibility that in future they may replace mupirocin in medicinal practice. In the same time the contradictions in reports by different authors regarding the mode of action of these antibiotics suggests that there may exist more targets for these antibiotics in bacterial cells. We analyzed the 3D structure of the binding site in isoleucyl-tRNA-synthetase for these three antibiotics and identified interacting amino acid residues. As a result a consensus amino acid pattern of the active site and a pharmacophore model were designed that allowed us to perform a large scale search for possible alternative target proteins to explain the complexity of the antibiotic activity of polyene compounds. The work has been supported by the NRF Grant for Bioinformatics and Genomics 86941.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Kiprianova E.A., Klochko V.V., Zelena L.B., Churkina L.N., Avdeeva L.V. *Pseudomonas batumici* sp. nov., the antibiotic-producing bacteria isolated from soil of the Caucasus Black sea coast // Mikrobiol J, 2011, 73(5): 3-8.
2. Gurney R., Thomas C.M. Mupirocin: biosynthesis, special features and applications of an antibiotic from a gram-negative bacterium // Appl Microbiol Biotechnol, 2011 90(1):11-21.

3. Tokunaga T., Kamigiri K., Orita M., Nishikawa T., Shimizu M., Kaniwa H. Kalimantacin A, B, and C, novel antibiotics produced by *Alcaligenes* sp. YL-02632S. II. Physico-chemical properties and structure elucidation // *J Antibiot (Tokyo)*, 1996, 49(2):140-144.
4. Nakama T., Nureki O., Yokoyama S. Structural basis for the recognition of isoleucyl-adenylate and an antibiotic, mupirocin, by isoleucyl-tRNA synthetase // *J Biol Chem*, 2001, 276(50):47387- 47393.
5. Mattheus W., Gao L.J., Herdewijn P., Landuyt B., Verhaegen J., Masschelein J., Volckaert G., Lavigne R. Isolation and purification of a new kalimantacin/batumin-related polyketide antibiotic and elucidation of its biosynthesis gene cluster // *Chem Biol*, 2010, 17(2):149-159.

**МАТЕМАТИЧЕСКОЕ МОДЕЛИРОВАНИЕ
АКУСТИЧЕСКОГО ТОМОГРАФА**

Шишленин М. А.

*Институт математики имени С.Л. Соболева СО РАН, Новосибирск
Новосибирский государственный университет, Новосибирск
mshishlenin@ngs.ru*

Математическая модель медицинского томографа может быть описана следующей двумерной системой уравнений акустики:

$$\begin{aligned} u_t + \frac{1}{\rho} p_x &= 0, & v_t + \frac{1}{\rho} p_y &= 0, & (x, y) \in \Omega, & t \in (0, T); \\ p_t + \rho c^2 (u_x + v_y) &= \delta(x_k, y_k) A(t) \sin(\omega - \omega_0), & k &= 1, \dots, K; \\ u, v, p|_{t=0} &= 0; \\ u, v, p|_{\partial\Omega} &= 0. \end{aligned}$$

Здесь область $\Omega = \{x^2 + y^2 \leq R^2\}$, $c(x, y)$ — скорость звука, $\rho(x, y)$ — плотность среды, $u(x, y, t)$ — скорость среды по направлению x , $v(x, y, t)$ — скорость среды по направлению y , $p(x, y, t)$ — превышающее давление, (x_k, y_k) — точки, где расположены источники и приемники давления, K — число источников и приемников.

В докладе будут рассмотрены две задачи.

Задача продолжения: необходимо продолжить акустическое поле с границы области в сторону неоднородности.

Коэффициентная обратная задача: найти коэффициенты уравнений $c(x, y)$ и $\rho(x, y)$, если известна дополнительная информация

$$p(x_k, y_k) = f_k(t), \quad k = 1, \dots, K.$$

Исследована чувствительность данных обратной задачи к искомым параметрам. Исследована некорректность задачи продолжения на основе анализа убывания сингулярных чисел оператора [1]. Построен оптимизационный метод решения коэффициентной обратной задачи. Для решения прямой задачи применена схема С.К. Годунова [2]. Приведены результаты численных расчетов.

Работа выполнена при финансовой поддержке РФФИ 14-01-00208 и интеграционного проекта СО РАН № 14.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Shishlenin M.A. Continuation of the acoustic field in tomography // Abstracts of International conference “Mathematical Models and High Performance Computing in Bioinformatics, Biomedicine and Biotechnology”. Novosibirsk, Russia, June 24-27, 2014, p. 76.
2. Годунов С.К. и др. Численное решение многомерных задач газовой динамики. Москва, Наука, 1976.